

А.И. GERMAN, A.N. RUDAK

**ПОРОДОСПЕЦИФИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ  
МИКРОСАТЕЛЛИТОВ ДНК ВЕРХОВЫХ ЛОШАДЕЙ,  
РАЗВОДИМЫХ В БЕЛАРУСИ**

*Научно-практический центр Национальной академии наук  
Беларуси по животноводству, г. Жодино, Республика Беларусь*

Молекулярно-генетическая идентификация генов в коневодстве даёт проводить целенаправленное формирование генетической структуры популяции лошадей верховых пород, что позволит существенно повысить эффективность селекционной работы. В статье представлены материалы работы, а которой изучались породоспецифических особенностей микросателлитов ДНК верховых лошадей, разводимых в Беларуси. Установлено, что более высокий уровень генетического разнообразия по сравнению с животными ганноверской породы присущ полукровным спортивным лошадям, в генотипах которых был протипирован 131 аллель. Лошади ганноверской породы характеризовались несколько меньшим аллельным разнообразием, но имели своеобразный генетический профиль, при этом у них были обнаружены редкие аллели в тринадцати локусах. Таким образом, данные о генетическом разнообразии позволят более обоснованно подойти к проблеме комплектования хозяйств животными с разными аллелями с целью поддержания характерной для определённой породы генетической структуры.

**Ключевые слова:** лошади верховых пород, локусы микросателлитов ДНК, аллель, генотип, полиморфизм

A.I. HERMAN, A.N. RUDAK

**BREED-SPECIFIC FEATURES OF MICROSATELLITE DNA OF  
RIDING HORSES BRED IN BELARUS**

*Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences  
of Belarus for Animal Breeding, Zhodino, Republic of Belarus*

Molecular-genetic identification of genes in horse breeding allows the targeted formation of the genetic structure of the population of horses of riding breeds, which will significantly improve the efficiency of selection work. The article presents the materials of the work in which the breed-specific features of microsatellite DNA of riding horses bred in Belarus were studied. It has been found that a higher level of genetic diversity compared to animals of the Hanoverian breed is inherent in half-breed sport horses, in the genotypes of which 131 alleles were typed. Hanoverian

horses were characterized by somewhat lower allelic diversity, but had a distinctive genetic profile, with rare alleles at thirteen loci detected. Thus, the data on genetic diversity will allow a more reasonable approach to the problem of stocking farms with animals with different alleles in order to maintain the genetic structure characteristic of a particular breed.

**Keywords:** riding horses, microsatellite DNA loci, allele, genotype, polymorphism.

**Введение.** Дальнейшая интенсификация коневодческой отрасли в спортивном направлении, её конкурентоспособность в современных условиях находятся в прямой зависимости от эффективности селекционно-племенной работы с верховыми породами в республике [1].

В отличие от ряда других отраслей животноводства, в которых широко практикуется крупномасштабная селекция, при племенной работе в коннозаводстве применяется индивидуальная система отбора и подбора, что является важной предпосылкой для внедрения методов маркерной селекции в повседневную коневодческую практику [2, 3]. ДНК-маркеры разных типов используются при решении многих фундаментальных и прикладных задач биологии и биотехнологии, таких как геномное картирование, характеристика генетической структуры популяции и степени инбредности, оценка генетических расстояний между линиями, породами и популяциями и т. д. Современные генетико-молекулярные методы изучения генома обусловили реальную возможность вести системный поиск генов и участков хромосом, связанных с хозяйственно-полезными качествами лошадей, что представляет несомненный интерес для коннозаводства. Молекулярно-генетическая идентификация генов в коневодстве даёт возможность дополнить традиционную селекцию новыми методами и позволяет вести отбор и подбор не только на фенотипическом, но и на генотипическом уровне [4, 5, 6, 7]. Всё это даёт возможность осуществлять целенаправленное формирование генетической структуры популяции лошадей верховых пород, обеспечивающей высокий уровень их хозяйственно-полезных качеств, что позволит существенно повысить эффективность селекционной работы [3].

Целью работы являлось изучение породоспецифических особенностей микросателлитов ДНК верховых лошадей, разводимых в Беларуси.

**Материал и методика исследований.** Исследования проводились в ведущих хозяйствах по разведению верховых лошадей – учреждении «РЦОПКС и К» Минского, ОАО «Полочаны» Молодечненского и КСУП «Тепличное» Гомельского районов.

Для выполнения ДНК-анализа в указанных хозяйствах проводили отбор проб биоматериала (не менее 20 волос с луковичками) от каждой

лошади. Образец помещали в индивидуальный бумажный конверт с указанием клички животного.

Пробы исследовали в лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству» согласно методике мультиплексного генотипирования образцов ДНК лошадей по 17 микросателлитным локусам, рекомендованным ISAG: AHT4, AHT5, ASB2, ASB17, ASB23, CA425, HMS1, HMS2, HMS3, HMS6, HMS7, HTG4, HTG7, HTG6, HTG10, VHL20, LEX3.

Процедуру генотипирования лошадей проводили в несколько этапов, включающих выделение ДНК из биологического материала, амплификацию необходимых для анализа участков ДНК с использованием полимеразной цепной реакции (ПЦР), электрофорез продуктов амплификации и интерпретацию полученного STR-профиля.

Препараты ДНК экстрагировали перхлоратным методом из образцов волосяных луковиц животных. Концентрацию и степень чистоты препаратов ДНК оценивали с использованием спектрофотометра Gene Quant 1300 (Healthcare).

Для амплификации ДНК использовали термоциклер Sure Cyclor 8800 (Agilent Technologies), ПЦР проводили в реакционной смеси объемом 20 мкл, включающей: 100 нг ДНК, праймеры в количестве 1-12 пМ, по 200 мкМ каждого из дНТФ, 1х буфер (10 мМ трис pH 8,6, 50 мМ KCl, 0,1 % tween-20), 2,0 мМ MgCl<sub>2</sub> и 1,3 ед. акт. ArtStart ДНК-полимеразы (ООО «АртБиоТех»). В ПЦР использовали олигонуклеотидные праймеры, модифицированные по 5'-терминальным нуклеотидам четырьмя различными флуоресцентными красителями: FAM, TMR, R6G, ROX. ПЦР амплификации ДНК микросателлитных локусов проводили в следующем режиме: начальная денатурация – 2 мин. при 95 °С; 30 циклов: денатурация – 30 сек. при 95 °С, отжиг праймеров – 30 сек. при 59 °С, элонгация – 60 сек. при 72 °С; финальная элонгация – 1 ч. при 72 °С. Электрофоретическое фракционирование продуктов ПЦР осуществляли в генетическом анализаторе Genetic Analyzer 3500 (Applied Biosystems) в капиллярах длиной 50 см, заполненных полимером POP-7, в режиме фрагментного анализа. Перед загрузкой амплифицированных образцов в генетический анализатор их смешивали с 9 мкл формамида и 0,3 мкл внутреннего стандарта размера GeneScan 600 LIZ Size Standard (Applied Biosystems) в расчёте на 1 мкл образца. Проводили денатурацию полученной смеси в течение 5 мин. при 95 °С, смесь охлаждали на льду в течение 3 мин.

Анализ полученных в результате электрофоретического фракционирования фрагментов ДНК данных и определение размеров выявленных аллелей исследуемых локусов и соответствующих генотипов животных

проводили с использованием программного обеспечения Gene Mapper 4.1 (Applied Biosystems) [8].

Особенности полиморфизма микросателлитных локусов лошадей верховых пород определялись по следующим показателям:

- количество специфических для популяции аллелей – «приватных»;
- частота встречаемости генотипов изученных локусов микросателлитов ДНК по формуле (1):

$$P_{AA} = \frac{nAA}{N}, \quad (1)$$

где  $P$  – частота в долях единицы определенного генотипа;  $nAA$  – количество животных с генотипом  $AA$ ;  $N$  – общее количество животных.

- частота аллелей изученных локусов по формуле максимального правдоподобия (2):

$$pA = \frac{2nAA + nAa + \dots}{2N} \quad (2)$$

где  $p$  – частота определяемого аллеля полиморфного локуса;  $2nAA$  – число животных, гомозиготных по определенному аллелю;  $nAa$  – число животных, гетерозиготных по определенному аллелю;  $N$  – общее число исследованных животных.

Статистическая ошибка для частоты аллеля определялась по формуле (3):

$$Mq = \pm \sqrt{\frac{q(1-q)}{2N}}, \quad (3)$$

где  $Mq$  – ошибка частоты аллеля;  $q$  – частота аллеля;  $N$  – количество животных [9].

**Результаты эксперимента и их обсуждение.** В результате проведенных исследований полиморфизма 17 локусов микросателлитной ДНК установлено, что лошади верховых пород имеют определённый генетический профиль, обусловленный различными генотипическими сочетаниями аллелей и различной частотой их встречаемости.

Анализ частоты встречаемости генотипов в изученных локусах позволил установить, что локусы HMS3, HTG10, VHL20 и LEX3 в популяции лошадей ганноверской породы насчитывают более 15 различных генотипических сочетаний аллелей (от 15 в локусе HTG10 и до 20 – в локусах HMS3 и LEX3). В указанных наиболее полиморфных локусах преобладали генотипы IJ, KL, IM (частота встречаемости в долях единицы составляет 0,200) и LM (0,167) соответственно.

У полукровных спортивных лошадей наибольшим полиморфизмом отличались локусы микросателлитов HMS3, HTG6, LEX3 и VHL20, в которых выявлено от 15 до 24 различных генотипических сочетаний. Так, локусы HMS3, HTG10 и LEX3 насчитывают более 20 различных сочетаний генотипов. В локусе HMS3 наиболее распространённым был генотип IP (частота встречаемости составила 0,145), в локусе HTG10 –

гетерозиготные генотипы МО и КО (0,109), в локусе LEX3 – гомозиготный генотип LL (0,164).

В локусе АНТ4 у лошадей ганноверской породы выявлено 9 различных генотипических сочетаний, наиболее многочисленными являются лошади с генотипом JO (частота в долях единицы составляет 0,300), а также с гетерозиготным генотипом HJ (0,167). Частота встречаемости генотипов КО и JK – 0,033, они являются наиболее редкими в указанном локусе.

В популяции полукровных спортивных лошадей в локусе АНТ4 выявлено 9 различных генотипов. Высокой частотой встречаемости отмечены генотипы JO (0,309) и HO (0,218). Редкими являются генотипы LO, KP и HH (0,018).

Локус АНТ5 у лошадей ганноверской породы представлен 14 различными генотипическими сочетаниями. Наиболее распространёнными из них являются JM и KM (частота встречаемости составляет 0,133). Реже встречаются лошади с генотипами KN, MO, OO, LO, IK, II (0,033). У полукровных спортивных лошадей в указанном локусе идентифицировано 16 генотипов, из которых преобладают JK (частота 0,182) и KK (0,146). Менее распространены в генофонде лошадей указанных пород генотипические сочетания KL, JM, LO, NO и JO (частота встречаемости – 0,018).

У лошадей ганноверской породы генофонд локуса ASB17 представлен 14 различными сочетаниями. Животные с генотипами OR (0,167) встречались наиболее часто. Около 8 генотипических сочетаний представлены единичными особями (частота встречаемости в долях единицы составляет 0,033).

Установлено, что среди лошадей ганноверской породы по локусу ASB23 наиболее часто встречались животные с генотипами JU (0,200), у лошадей полукровных пород – животные с генотипами KU (0,200), IK и KS (0,127).

По локусу CA425 среди лошадей ганноверской породы преобладали животные с гомозиготным генотипом NN (0,233), полукровных пород – со следующими генотипами: гетерозиготными LN (0,200) и NO (0,109), гомозиготным NN (0,146).

Выявлено, что микросателлитные локусы HTG4 и HTG7 в популяции лошадей ганноверской породы характеризовались относительно невысоким уровнем генетического разнообразия (от 5 генотипических сочетаний в локусе HTG7 и до 6 – в локусе HMS7). В локусе HTG4 идентифицировано 3 гомозиготных (OO, MM, KK) и 3 гетерозиготных генотипа (KM, MP, KN). Наиболее многочисленными являются животные с гетерозиготным генотипом KM, частота встречаемости которого составляет 0,567.

Невысоким генетическим разнообразием в популяции полукровных спортивных лошадей отличались локусы микросателлитов HMS1, HTG4 и HTG7 (от 7 генотипических сочетаний в локусе HMS1, до 8 – в локусах HTG7 и HTG4). 43,6 % лошадей по локусу HTG7 имеют гетерозиготный генотип КО. Также наиболее распространёнными в данном локусе были генотипические сочетания KN (0,218), NO (0,146). Меньше всего животных отмечено с генотипами МО, MN и KM (частота встречаемости – 0,018).

Таким образом, более высокий уровень генетического разнообразия по сравнению с ганноверанами был присущ полукровным спортивным лошадям, в микросателлитных локусах которых было выявлено более 20 различных аллельных сочетаний.

Генотипирование лошадей позволило установить, что аллелофонд популяции, характерный для верховых пород лошадей, имеет широкое разнообразие структуры изученных локусов. Общее количество аллелей составило: 111 – у ганноверской породы, 131 – у полукровных спортивных, с колебаниями по локусам в интервале 5-10 (данные приведены в таблице).

Таблица – Генетический спектр аллелей 17 микросателлитных локусов ДНК лошадей различных верховых пород

Локус	Кол-во аллелей в локусе	Ганноверская порода (n=30)			Полукровные спортивные лошади (n=55)		
		Общее число выявленных аллелей	Типичные аллели породы	Приватные и редкие аллели	Общее число выявленных аллелей	Типичные аллели породы	Приватные и редкие аллели
1	2	3	4	5	6	7	8
АНТ4	11	5	O, J, H	K, L	6	O, J, H	K, L, P
АНТ5	15	7	J, K, M, N, O	I, L	6	J, K, M, N, O	L
ASB2	14-16	7	K, N, O, Q	B, M, P	8	K, M, N, Q	I, O, P, R
ASB17	12-19	8	G, M, N, O, R	F, P, S	9	G, M, N, O, R	F, I, J, K
ASB23	9-16	6	I, J, K, L, S, U	-	6	I, J, K, L, S, U	-
CA425	11	8	I, L, N, O	H, J, G, M	9	J, H, I, L, N, O	F, G, M
HMS1	8	5	I, J, M, L	N	5	I, J, M, L	N
HMS2	13	7	H, K, L, M, R	I, J	7	H, K, L, M	I, N*, R

Продолжение таблицы

1	2	3	4	5	6	7	8
HMS3	14	10	I, J, M, N, O, P, Q, R	K, S	10	I, J, M, N, P, Q	K, O, R, S
HMS6	14	5	K, M, O, P	L	8	K, M, O, P	H, J*, L, N
HMS7	11	5	J, L, M, N, O	-	7	J, L, M, N, O	I*, P
HTG4	12	5	K, M	N, O, P	8	K, M	H, J*, L, N, O, P
HTG6	13	7	G, J, O	I, M, N, R	9	G, J, M, O	H, I, K, N, R
HTG7	8- 10	3	K, N, O	-	5	K, N, O	H, M
HTG10	14	8	I, K, L, M, O	Q, R, S	10	I, K, L, M, O, R	N, P, Q, S
LEX3	14	7	H, I, K, L, M, O, P	-	9	H, I, L, M, O, P	K, N, R
VHL20	13	8	I, L, M, N, Q	H, P, R	9	I, L, M, N, Q	H, O, P, R
Всего:	-	111	-	-	131	-	-

Примечание: \* - приватные аллели

Наиболее полиморфными у полукровных спортивных лошадей были локусы микросателлитов HMS3 и HTG10 (10 аллелей из 14 зарегистрированных). Меньшим уровнем генетического разнообразия отличались локусы HMS1, HMS6 и HTG7 (5 аллелей из 10 зарегистрированных). У лошадей ганноверской породы локус HMS3 оказался наиболее полиморфным и насчитывал 10 аллелей из 14 зарегистрированных. В локусе HTG7 обнаружено меньше всего вариантов аллелей – 3 из 10.

В локусе АНТ4, насчитывающем 11 размерных вариантов, число аллелей колебалось от 5 у ганноверских, до 6 – у полукровных спортивных. При этом во всех исследованных популяциях лошадей были достаточно широко распространены аллели J, O и H, реже встречались аллели K, L и P.

Аллелофонд в локусе АНТ5 был представлен практически одинаковыми вариантами J, K, L, M, N, O, которые присутствовали в генотипах лошадей всех исследуемых пород. Достаточно редким в этом локусе был аллель I, идентифицированный у лошадей ганноверской породы, частота встречаемости которого составила  $0,033 \pm 0,02$ .

В локусе ASB17 у протестированных лошадей зарегистрировано от 8 до 9 аллелей. В генотипах лошадей всех исследуемых пород чаще всего встречаются аллели N ( $0,154 \pm 0,03$ – $0,267 \pm 0,06$ ), M ( $0,150 \pm 0,05$ – $0,209 \pm 0,04$ ) и R ( $0,167 \pm 0,05$ – $0,300 \pm 0,04$ ). Наиболее редким по частоте

встречаемости у лошадей ганноверской породы является аллель S ( $0,017 \pm 0,02$ ), у полукровных спортивных лошадей – аллели F, I, J и K ( $0,009 \pm 0,01$ ).

Наиболее характерными для локуса ASB23 у лошадей всех исследуемых пород являются аллели I, J, K, S, L, U, при этом редких или приватных аллелей в указанном локусе не выявлено.

Установлено, что в локусе HMS1 было протипировано 5 аллелей, из которых все являлись типичными для исследуемых пород лошадей. Среди них явно доминировал аллель M, частота встречаемости которого варьировала в пределах от  $0,567 \pm 0,06$  у ганноверанов и до  $0,682 \pm 0,04$  у полукровных спортивных.

Особый интерес у полукровных спортивных лошадей представляют локусы микросателлитов HMS2, HMS6, HMS7 и HTG4, где обнаружены приватные аллели N, I и J с различной частотой встречаемости.

Микросателлитный локус HMS3 у лошадей всех исследуемых пород отличался высоким уровнем генетического полиморфизма. По частоте встречаемости наиболее распространёнными являлись аллели I, J, M, N, P, Q, среди которых явно доминировал аллель I ( $0,246 \pm 0,04$ – $0,317 \pm 0,06$ ).

В локусе HTG6 было описано от 7 до 9 вариантов аллелей. Аллели I, G, J, M, N, O, R были характерны для лошадей всех исследуемых популяций лошадей. Локусы микросателлитов HTG4 и HTG6 у полукровных спортивных лошадей отличались высоким уровнем генотипического разнообразия по сравнению с ганноверскими. Для локуса HTG4 наиболее редкими являются аллели H, N, O, P, для HTG6 – аллели K и N с частотой встречаемости  $0,009 \pm 0,01$ .

Сравнительно невысокий уровень генетического разнообразия, при наличии 3-х действующих аллелей – K, N, O, определён в локусе HTG7 у всех исследуемых лошадей. Лишь два редких аллеля H и M выявлено у полукровных спортивных с частотой встречаемости  $0,009 \pm 0,01$ – $0,018 \pm 0,01$ . У ганноверанов указанный локус оказался наименее полиморфным из всех исследованных локусов. В то же время, высокий уровень генетического разнообразия был выявлен в локусе HTG10, где зарегистрировано от 8 до 10 вариантов аллелей у лошадей ганноверской породы и полукровных спортивных. Среди них наиболее распространёнными у лошадей ганноверской породы были аллели K ( $0,300 \pm 0,06$ ) и L ( $0,217 \pm 0,05$ ). У полукровных спортивных преобладали аллели K ( $0,264 \pm 0,04$ ), O ( $0,245 \pm 0,05$ ) и M ( $0,127 \pm 0,03$ ). Реже других в указанном локусе у ганноверанов встречался аллель Q ( $0,017 \pm 0,02$ ), у полукровных спортивных лошадей – аллели N и P ( $0,009 \pm 0,010$ ).

Микросателлитный анализ локуса LEX3 позволил установить, что здесь у лошадей исследуемых пород обнаружено 9 аллелей из 14 возможных (7 – у лошадей ганноверской породы, 8 – у полукровных

спортивных). Интересно отметить, что общими были 7 аллелей – Н, I, K, L, M, O, P с различной частотой встречаемости, а у полукровных спортивных лошадей в указанном локусе обнаружено два редких аллеля N ( $0,045 \pm 0,02$ ) и R ( $0,036 \pm 0,02$ ).

Аллелофонд исследуемых пород в локусе VHL20 был представлен достаточно широким и практически одинаковым спектром аллелей – Н, I, L, M, N, P, Q, R. Только у полукровных спортивных лошадей здесь выявлен редкий аллель O с частотой встречаемости  $0,018 \pm 0,01$ .

**Заключение.** В результате проведённых исследований полиморфизма 17 локусов микросателлитной ДНК было установлено, что более высокий уровень генетического разнообразия по сравнению с ганноверами был присущ полукровным спортивным лошадям, в генотипах которых был протипирован 131 аллель. Лошади ганновской породы характеризовались несколько меньшим аллельным разнообразием, но имели своеобразный генетический профиль, при этом у них также были обнаружены редкие аллели в тринадцати локусах.

Таким образом, полученные данные позволят более обоснованно подойти к проблеме комплектования хозяйств животными с разными аллелями с целью поддержания характерной для данной породы генетической структуры и достаточно высокого уровня генетического разнообразия [10].

#### Литература

1. Дракина, Т. В. Белорусское коневодство : состояние и перспективы / Т. В. Дракина // Белорусское сельское хозяйство. – 2018. – № 10. – С. 5-8.
2. Храброва, Л. А. Использование ДНК-технологий в коневодстве / Л. А. Храброва // Эффективное животноводство. – 2015. – № 6 (115). – С. 13-17.
3. Гавриличева, И. С. Стратегия использования маркерной селекции в коневодстве / И. С. Гавриличева, Л. А. Храброва, А. М. Зайцев // Материалы VIII Московского Международного Конгресса / ЗАО «Экспо-биохим-технологии», РХТУ им. Д.И. Менделеева. – Москва, 2015. – С. 459-460.
4. Зайцева, М. А. Породоспецифические особенности микросателлитов ДНК лошадей заводских и местных пород : автореф. дис. ... канд. с.-х. наук : 06.02.07 / М. А. Зайцева ; ВНИИК. – Дивово, 2010. – 23 с.
5. Генетическая экспертиза происхождения лошадей с применением микросателлитов ДНК / Л. А. Храброва [и др.] // Коневодство и конный спорт. – 2015. – № 6. – С. 25-27.
6. Mickelson, J. R. Genetic variation in horse breeds derived from whole genome SNP data / J. R. Mickelson, J. L. Petersen, M. E. McCue // Book of Abstracts of the 63<sup>rd</sup> Annual Meeting of the European Federation of Animal Science (Bratislava, Slovakia) / Wageningen Academic Publishers. – Wageningen, 2012. – No 18. – P. 326.
7. Мельник, О. В. Генетическая дифференциация некоторых пород лошадей Украины по 12 локусам микросателлитам ДНК / О. В. Мельник, В. В. Дзицюк, В. Г. Спиридонов // Известия Оренбургского ГАУ. – 2013. – № 6(44). – 128-131.
8. Технология генотипирования лошадей по микросателлитным локусам ДНК : мет. рекомендации / И. П. Шейко [и др.]. – Жодино, 2016. – 18 с.
9. Методы генетической сертификации лошадей по полиморфным системам крови : мет. указания / ГНУ ВНИИК ; сост. Л. А. Храброва [и др.]. – Дивово, 2010. – 70 с.

*Поступила 27.02.2022 г.*

УДК 636.1.082.2(476)

<https://doi.org/10.47612/0134-9732-2022-57-1-78-86>

М.А. ГОРБУКОВ, Ю.И. ГЕРМАН, А.И. ГЕРМАН, А.Н. РУДАК,  
В.И. ЧАВЛЫТКО

## **ОЦЕНКА СЕЛЕКЦИОНИРУЕМЫХ ПРИЗНАКОВ И ИХ ИЗМЕНЧИВОСТЬ У ПЛЕМЕННЫХ ЛОШАДЕЙ ОСНОВНЫХ ПОРОД БЕЛАРУСИ**

*Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси  
по животноводству, г. Жодино, Республика Беларусь*

Конкурентоспособность отечественного коневодства возможно обеспечить только при соответствии направленной племенной работы, важнейшим звеном которой является проведение исследований по совершенствованию системы оценки генетической ценности лошадей на основе прогнозирования их продуктивности по расширенной базе данных предков с привлечением всех имеющихся источников информации в родословной. В статье представлены результаты оценки селекционируемых признаков и их изменчивость у племенных лошадей основных пород Беларуси: белорусской упряжной, русской тяжеловозной, трактененской и ганноверской. Установлено, что за 10-летний период использования программ совершенствования лошадей указанных пород показатели оценки жеребцов и кобыл в основном достигли намеченного уровня, в том числе по промерам. Они превышают требования породных стандартов, особенно в русской тяжеловозной породе, где лошади по развитию близки к параметрам крупных типов. Установлена положительная динамика изменений высоты в холке и обхвата груди оцененных кобыл на протяжении двух поколений предков преимущественно с материнской стороны родословной. Исследованные лошади отличаются сравнительной однотипностью экстерьерно-конституциональных характеристик, но высокой вариабельностью показателей работоспособности.

**Ключевые слова:** лошади, породы, селекционируемые признаки, динамика, работоспособность.