

Struktura genetyczna populacji koni śląskich pod względem umaszczenia

Anna Stachurska¹, Antoni Brodacki², Anna Klimorowska¹

¹Akademia Rolnicza w Lublinie, Katedra Hodowli i Użytkowania Koni,
ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin

²Akademia Rolnicza w Lublinie, Katedra Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej,
ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin

Konie śląskie są gniade lub kare, rzadko siwe i kasztanowate, choć tych ostatnich obecnie nie dopuszcza się do hodowli. Celem pracy było zbadanie struktury genetycznej populacji koni śląskich pod względem umaszczenia oraz wpływu, jaką ma na nią selekcja skierowana przeciw maści kasztanowatej. Materiał badawczy stanowiło 3507 koni wpisanych do Księgi Stadnej Koni Śląskich oraz ich rodzice. Frekwencję alleli w loci A, E i G, kontrolujących wymienione maści, określono na podstawie liczebności fenotypów recesywnych oraz w loci E i G – na podstawie wyników kojarzeń testowych. Wśród koni śląskich wpisanych do księgi stadnej 75,6% stanowią konie gniade, 21,8% – kare, 1,7% – kasztanowate i 0,9% – siwe. Częstość recesywnych alleli a, e i g w populacji koni wpisanych do księgi, obliczona według pierwszego sposobu, wyniosła odpowiednio: 0,4735; 0,1289 i 0,9922. Rozkład alleli w locus E, określony zgodnie z wynikami kojarzeń testowych, był podobny, zatem selekcja prowadzona przeciw allelowi e o niskiej frekwencji nie spowodowała jak dotąd zasadniczej zmiany w tym zakresie. Wyniki analizy potwierdzają faworyzowanie ciemno umaszczonych koni śląskich, szczególnie karych, oraz ograniczanie dostępu do hodowli koni kasztanowatych. Dobór koni do kojarzeń pod względem rodzaju umaszczenia jest losowy.

SŁOWA KLUCZOWE: konie / struktura genetyczna / frekwencja alleli / maści

W hodowli koni śląskich umaszczenie nie było uznawane za ścisłe kryterium selekcji, choć w opisie modelu konia tej rasy w 1988 r. wymieniano maść gniadą, skarogniadą i karą [13]. Dopiero „Program hodowli koni śląskich” z 1999 r. i z 2004 r. precyzują, że konie śląskie są gniade i kare oraz że dopuszcza się maść siwą, natomiast inne maści eliminują konia z hodowli [10]. Tak więc obecnie prowadzona jest selekcja przeciw maści kasztanowatej. Jak stwierdzają Geringer i Jodkowska [3] oraz Jodkowska i Walkowicz [5], pojawienie się wśród koni śląskich maści kasztanowatej i siwej jest związane z dolewem krwi koni oldenburskich i pełnej krwi angielskiej.

Za powstanie maści podstawowych, jakimi są gniada, kara i kasztanowata, odpowiedzialne są loci A (ASIP, Agouti) i E (MC1R, Extension) [1, 9]. Locus A leży na chromosomie ECA22, natomiast locus E na chromosomie ECA3 [11]. Genotyp A_E_ warunkuje maść gniadą, aaE_ karą i __ee kasztanowatą. Genetyczne podłoże odcieni maści gniadej i kasztanowatej dotąd nie jest dostatecznie poznane. Prawdopodobnie na pojawienie się określonego odcienia maści gniadej ma wpływ homozygotyczność lub heterozygotyczność alleli w loci A i E [16, 20]. Wzór siwy uzależniony jest od działania dominującego genu G z locus G (Grey) [12], znajdującego się na chromosomie ECA25 [4, 8, 21]. Gen G jest epistatyczny w stosunku do A i E, a zatem genotyp A_E_G_ warunkuje maść gniado-siwą, aaE_G_ – karo-siwą i __eeG_ – kasztanowato-siwą. Maść będąca podłożem wzoru siwego nie jest odnotowywana w dokumentacji, gdyż z wiekiem koń staje się zupełnie siwy.

Struktura genetyczna pod względem umaszczenia większości populacji ras koni w Polsce, tzn. małopolskiej, wielkopolskiej, szlacheckiej półkrwi, koników polskich, koni czystej krwi arabskiej i kuców felińskich, została przeanalizowana [2, 14, 15, 17, 18, 19]. Określone są dotychczasowe zmiany frekwencji alleli zachodzące w tych populacjach oraz istniejące tendencje. Znajomość częstości alleli umożliwia m.in. szacowanie prawdopodobieństwa urodzenia się źrebięcia danej maści z różnych rodzajów kojarzeń. Dzięki niej można również określić skuteczność selekcji przeciw niepożądanym allelom występującym w populacji. Okazuje się, że w hodowli większości ras przy selekcji i doborze par do kojarzeń w większym lub mniejszym stopniu uwzględnia się cechę umaszczenia, mimo że oficjalnie nie mówią o tym programy hodowlane.

Celem pracy było zbadanie struktury genetycznej populacji koni śląskich pod względem umaszczenia oraz wpływu, jaką ma na nią selekcja skierowana przeciw maści kasztanowatej.

Materiał i metody

Materiał badawczy stanowiło 3507 koni wpisanych do siedmiu opublikowanych tomów Księgi Stadnej Koni Śląskich [7] oraz ich rodzice. Były to konie gniade, kare, kasztanowate i siwe. Liczebność koni o różnych odcieniach maści gniadej (skarogniady, ciemnogniady, gniady i jasnogniady) oraz kasztanowatej (ciemnokasztanowaty, kasztanowaty, jasnokasztanowaty i brudnokasztanowaty) uwzględniono jedynie w analizie struktury umaszczenia populacji. W analizie genetycznej wzięto pod uwagę 3301 kojarzeń, w których maść obojga rodziców była znana, a maść źrebięcia odpowiadała regułom dziedziczenia.

Jak wspomniano, kwestia umaszczenia koni rasy śląskiej do niedawna nie była jasno zdefiniowana, a wśród koni wpisanych do księgi stadnej występują obok typowych osobników gniadych i karych, również kasztanowate i siwe. W analizie częstości alleli w loci A i E wyłączono wyniki kojarzeń koni siwych między sobą i siwych z niesiwymi, wychodząc z założenia, że frekwencja alleli w tej grupie powinna być zbliżona do frekwencji w populacji koni nie kojarzonych z końmi siwymi. Ponadto liczebność kojarzeń siwy x siwy oraz siwy x niesiwy stanowiła jedynie 1,9% wszystkich kojarzeń,

a zatem nie powinna istotnie wpłynąć na uzyskane wyniki. Frekwencję alleli określono na podstawie liczebności fenotypów recesywnych wśród koni wpisanych do kolejnych tomów księgi [6]. W przypadku locus A wzięto dodatkowo pod uwagę częstość alleli A i a wśród koni kasztanowatych, oszacowaną zgodnie z procedurą przedstawioną w pracy Stachurskiej i Brodackiego [14]. W podobny sposób obliczono frekwencję w całej generacji rodziców oraz w całej generacji koni wpisanych do księgi z uwzględnieniem płci. Frekwencję alleli u koni obojga płci łącznie określono jako średnią nieważoną. Określono błąd standardowy frekwencji alleli δ [6].

Dla zbadania rzeczywistej frekwencji genów w populacji rodziców obliczono częstość alleli w loci E i G na podstawie wyników kojarzeń testowych, odpowiednio koni eumelanicznych (E₋) z feomelanicznymi (ee) oraz siwych (G₋) z niesiwymi (gg). Uzyskane frekwencje alleli w kojarzeniach testowych przeliczono na całą populację i porównano z wcześniej obliczoną (na podstawie liczebności fenotypów recesywnych) częstością genów u koni z wszystkich kojarzeń.

Na podstawie częstości gamet (wyliczonej z frekwencji alleli uzyskanej z liczebności fenotypów recesywnych bez uwzględnienia locus G) oszacowano oczekiwaną częstość genotypów i fenotypów u ojców i matek koni wpisanych do księgi stadnej. W celu sprawdzenia, czy prowadzona selekcja istotnie wpływa na zmianę częstości umaszczeń u koni wpisanych do księgi, porównano z nią obserwowaną liczebność fenotypów. Dla zbadania, czy dobór koni do kojarzeń był losowy pod względem maści określono, czy odsetek klaczy o różnych maściach krytych przez ogiery o danym umaszczeniu odbiegał od ogólnej struktury umaszczenia klaczy w populacji.

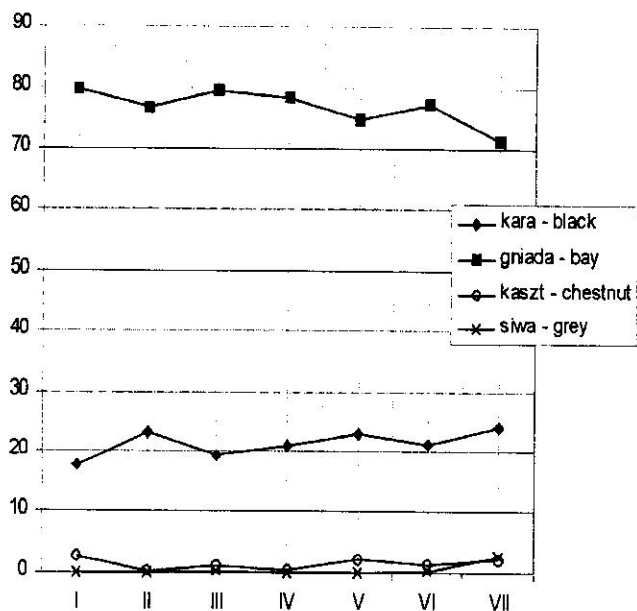
Istotność różnic w rozkładach fenotypów, alleli i genotypów określono za pomocą testu χ^2 .

Wyniki i dyskusja

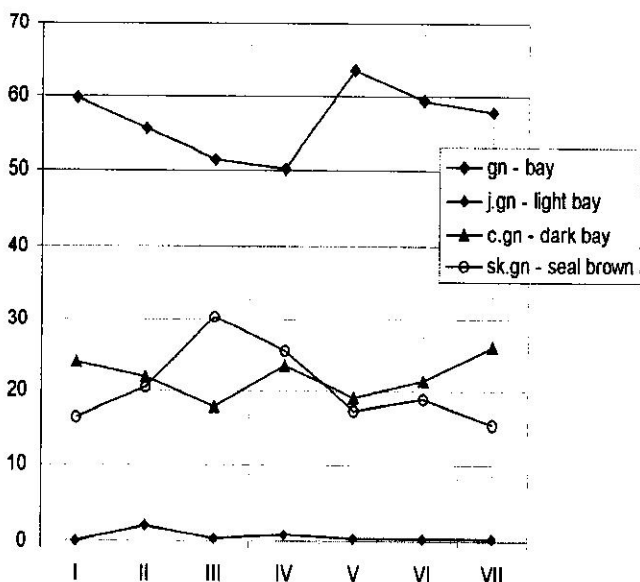
Struktura umaszczenia koni śląskich. Struktura umaszczenia koni wpisanych do kolejnych tomów księgi przedstawiona jest na rysunku 1. Jak widać, w populacji tej, oprócz koni gniadych i karych (odpowiednio 75,6% i 21,8%), niewielki udział miały konie kasztanowate (1,7%) i siwe (0,9%). Rozkład maści u koni wpisanych do kolejnych tomów księgi nie ulegał zasadniczym zmianom. Istotną różnicę stwierdzono jedynie między tomem VI i VII ($P \leq 0,05$). Zauważalna jest jednak tendencja wzrostu udziału koni karych (17,6% w tomie I, 24,0% w tomie VII) kosztem koni gniadych (79,6% w tomie I, 71,2% w tomie VII) oraz pojawienie się koni siwych.

Wśród koni gniadych przeważały te o odcieniu gniadym (58,5%), ponad dwukrotnie mniej było ciemnogniadych i skarogniadych (23,0% i 18,0%), a jasnogniade należały do rzadkości (0,5% – rys. 2). Pomiędzy końmi kasztanowatymi najwięcej miało odcień kasztanowaty (78,3%), znacznie mniej ciemnokasztanowaty (16,7%), a pojedyncze osobniki brudnokasztanowaty (3,3%) bądź jasnokasztanowaty (1,7%).

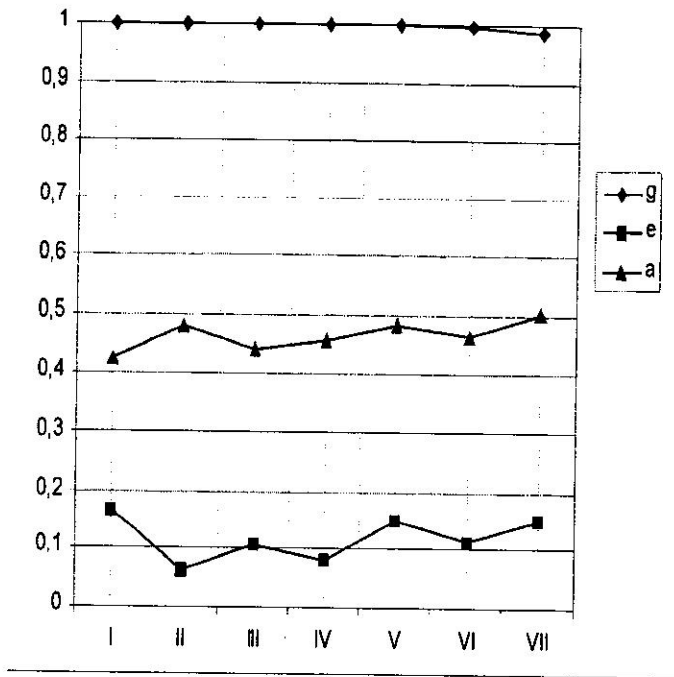
Frekwencja genów umaszczenia. Na rysunku 3 zilustrowano frekwencję alleli recesywnych u koni wpisanych do poszczególnych tomów księgi stadnej. Częstość genu a oscylowała między wartością 0,4254 (tom I) a 0,5018 (tom VII). Frekwencja genu



Rys. 1. Udział koni (%) maści podstawowych oraz siwej wpisanych do kolejnych tomów księgi stadnej
 Fig. 1. Percentage of basic and grey colours in horses registered in successive volumes of the stud book



Rys. 2. Udział koni (%) o różnych odcieniach maści gniadej wpisanych do kolejnych tomów księgi stadnej
 Fig. 2. Percentage of various bay colour shades in horses registered in successive volumes of the stud book



Rys. 3. Frekwencja genów recesywnych a, e i g u koni wpisanych do kolejnych tomów księgi stadnej
 Fig. 3. Frequency of recessive a, e and g alleles in horses registered in successive volumes of the stud book

e zmieniała się w granicach od 0,0600 (tom II) do 0,1670 (tom I), przy czym w tomie VII wyniosła 0,1514. Częstość genu g jedynie u koni wpisanych do tomu III, VI i VII nie osiągnęła jedności; w tomie VII zmalała do 0,9868.

Średnie frekwencje alleli w generacji koni wpisanych do księgi stadnej oraz generacji ich rodziców przedstawiono w tabeli 1. Frekwencja allelu a u ogierów była wyższa niż u klaczy w obu pokoleniach, natomiast nie różniła się między rodzicami a potomstwem. W locus E było odwrotnie: frekwencja allelu e w obu generacjach była niższa u ogierów niż u klaczy, a nie uwzględniając płci – niższa w potomstwie niż u rodziców. W przypadku allelu g jego częstość była niższa u ojców niż u matek, natomiast u ogierów i klaczy w potomstwie nie różniła się. Łącznie w potomstwie była mniejsza niż u rodziców.

Stwierdzone wysoko istotne różnice w rozkładach alleli w loci A i E zarówno między końmi obojga płci, jak i między rodzicami a potomstwem wskazują, że w pewnym stopniu faworyzuje się ogiery ciemno umaszczone: z recesywnym genem a i dominującym E. Klaczom stawia się mniejsze wymagania pod tym względem. W przypadku locus G nie widać podobnych tendencji. Wyższa frekwencja allelu G w pokoleniu potomnym w porównaniu z generacją rodziców jest wynikiem szerszego dopuszczenia do

Tabela 1 – Table 1
Frekwencja alleli w generacji rodziców i potomstwa określona na podstawie liczebności fenotypów recesywnych
Allele frequency in parental and offspring generations calculated according to recessive phenotype frequency

Grupa koni Horse group	n	Locus A			Locus E			Locus G					
		A	a	δ	P	E	e	δ	P	G	g	δ	P
Ojcowie Sires	3301	0,5105	0,4895	0,0062	A	0,8757	0,1243	0,0041	B	0,0070	0,9930	0,0010	C
Matki Dams	3301	0,5632	0,4368	0,0061	A	0,8251	0,1749	0,0047	B	0,0030	0,9970	0,0007	C
Razem rodzice Parents in total	6602	0,5368	0,4632	0,0043	-	0,8504	0,1496	0,0031	F	0,0050	0,9950	0,0006	G
Ogiery Stallions	1419	0,5058	0,4942	0,0094	D	0,8895	0,1105	0,0059	E	0,0081	0,9919	0,0017	-
Klaczce Mares	1882	0,5473	0,4527	0,0081	D	0,8528	0,1472	0,0058	E	0,0075	0,9925	0,0014	-
Razem potomstwo Offspring in total	3301	0,5265	0,4735	0,0061	-	0,8711	0,1289	0,0041	F	0,0078	0,9922	0,0011	G

P – grupy oznaczone tą samą literą różnią się rozkładem alleli dominujących i recesywnych w poszczególnych loci przy $P \leq 0,01$ – groups marked with the same letter differ in the distribution of dominant and recessive alleles in particular loci at $P \leq 0,01$
 δ – błąd standardowy frekwencji alleli – standard error of allele frequency

hodowli potomstwa wprowadzonych siwych ogierów oldenburskich i pełnej krwi angielskiej [3, 5].

Wyniki kojarzeń testowych koni eumelanicznych i siwych przedstawiono w tabeli 2. Frekwencja alleli u rodziców E_{-} wyniosła tu: $p_E = 0,8689$ i $q_e = 0,1311$. Po przeliczeniu na całą populację rodziców osiągnęła ona wartość $p'_E = 0,8489$ i $q'_e = 0,1511$. Uzyskany rozkład alleli jest podobny do obliczonego na podstawie częstości fenotypów recesywnych, wymienionego w tabeli 1 ($P > 0,05$). Skoro frekwencja alleli w locus E u koni użytych do kojarzeń testowych nie różni się od istniejącej w całej populacji, zatem pod względem homozygotyczności/heterozygotyczności dobór koni do różnego rodzaju kojarzeń jest losowy. Równocześnie uzyskany wynik oznacza, że prowadzona selekcja przeciw recesywnemu allelowi e o niskiej frekwencji nie powoduje zasadniczej zmiany częstości alleli w locus E. Gdyby populacja była w równowadze genetycznej, rozkład alleli byłby taki sam. Populacja zachowuje się tak, jak gdyby nie było selekcji i kojarzenia były losowe.

Analogicznie frekwencja alleli u rodziców siwych użytych do kojarzeń testowych wyniosła $p_G = 0,8000$ i $q_g = 0,2000$, co daje w przeliczeniu na całą populację rodziców $p'_G = 0,0080$ i $q'_g = 0,9920$. Rozkład ten w porównaniu z rozkładem uzyskanym na podstawie częstości fenotypów recesywnych (tab. 1) okazuje się jednak odmienny ($P \leq 0,01$). Frekwencja allelu G obliczona na podstawie wyników kojarzeń testowych jest wyższa niż uzyskana na podstawie liczebności fenotypów recesywnych. Może to wskazywać, że osobniki siwe są rzadziej wpisywane do księgi stadnej, niż wskazywałaby na to częstość ich genotypów, choć i tak potomstwo frekwencją allelu G przewyższa rodziców. Należy również wziąć pod uwagę fakt, że konie tej maści były bardzo nieliczne, co mogło mieć wpływ na pojawienie się niezgodności rozkładów.

Oczekiwana frekwencja genotypów. Jak przedstawiono w tabeli 3, rzeczywista częstość genotypów w pokoleniu potomnym różni się od częstości oczekiwanej oszacowanej na podstawie frekwencji gamet u ojców i matek (wyliczonej z frekwencji alleli

Tabela 2 – Table 2
Wyniki kojarzeń testowych
Results of test matings

Rodzice Parents	Potomstwo Offspring			Częstość genotypów rodziców Parental genotype frequency
Eumelaniczni x feumelaniczni Eumelanic x pheumelanic	Ee	Ee	E_{-}	EE/ee
EE x ee	107	0	107	0,7379
Ee x ee	19	19	38	0,2621
Razem – Total	126	19	145	1,0000
Siwi x niesiwi Grey x nongrey	Gg	Gg	G_{-}	GG/Gg
GG x gg	36	0	36	0,6000
Gg x gg	12	12	24	0,4000
Razem – Total	48	12	60	1,0000

Tabela 3 – Table 3

Oczekiwany i rzeczywisty rozkład genotypów koni wpisanych do księgi stadnej
 Expected and observed genotype distribution in horses registered in the stud book

Częstość oczekiwana Expected frequency			Częstość rzeczywista Observed frequency			P
A_E_	aaE_	_ee	A_E_	aaE_	_ee	
0,7690	0,2092	0,0218	0,7594	0,2230	0,0176	*

P(*) – różnica między rozkładem oczekiwanym a rzeczywistym istotna przy $P \leq 0,05$

P(*) – difference between the expected and observed distribution significant at $P \leq 0.05$

Tabela 4 – Table 4

Rozkład maści u klaczy matek pokrytych przez ogiery reproduktory danej maści
 Colour distribution in dams covered by sires of particular colour

Ogiery reproduktory Sires	Klacje matki – Dams										P
	gniade bay		kare black		kasztanowate chestnut		siwe grey		razem total		
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	
Gniade Bay	1874	76,9	466	19,1	84	3,4	13	0,5	2437	100,0	–
Kare Black	622	81,0	129	16,8	13	1,7	4	0,5	768	100,0	–
Kasztanowate Chestnut	44	88,0	4	8,0	2	4,0	0	0,0	50	100,0	nb
Siwe Grey	34	73,9	9	19,6	0	0,0	3	6,5	46	100,0	nb
Klacje matki ogółem Dams in total	2574	78,0	608	18,4	99	3,0	20	0,6	3301	100,0	

P(-) – brak istotnych różnic między rozkładami maści klaczy matek krytych przez ogiery danej maści a rozkładem maści u klaczy matek ogółem – lack of significant differences between the colour distribution in dams covered by sires of particular colour and the total colour distribution in all dams

nb – nie badano – not determined

określonej na podstawie liczebności fenotypów recesywnych). W potomstwie odnotowano wyższą liczebność koni karych i zbyt niską kasztanowatych, w porównaniu z wartościami oczekiwanymi. Fakt ten jest zgodny z wcześniej wspomnianą wyższą frekwencją genu e w generacji rodziców w porównaniu z potomstwem oraz wskazuje, że również w przeszłości kasztanowate konie śląskie miały ograniczony dostęp do hodowli, natomiast kare były bardzo chętnie do niej kwalifikowane.

Dobór par do kojarzeń. Rozkład umaszczenia klaczy pokrytych przez ogiery danej maści nie odbiegał od rozkładu maści u wszystkich klaczy matek (tab. 4). Można zatem stwierdzić, że przy doborze koni śląskich do kojarzeń nie uwzględnia się cechy rodzaju umaszczenia.

Podsumowanie. Wyniki analizy potwierdzają faworyzowanie ciemno umaszczo-nych koni śląskich, szczególnie karych, oraz ograniczanie dostępu do hodowli koni kasztanowatych. Dobór koni do kojarzeń pod względem rodzaju umaszczenia jest losowy.

Selekcja prowadzona przeciw recesywnemu allelowi e o niskiej frekwencji spowodowała niewielkie zmniejszenie jego częstości u koni wpisanych do księgi stadnej w porównaniu z generacją rodziców. Równocześnie rozkład genotypów w populacji odpowiada rozwiniętemu kwadratowemu dwumianowi z frekwencji genów, charakteryzującemu populację w stanie równowagi genetycznej. Kasztanowate konie śląskie występują rzadko i stąd wyłączenie ich z hodowli nie powoduje wyraźnego obniżenia częstości allelu e. Chcąc zwiększyć efektywność selekcji należałoby rozważyć nie dopuszczanie do hodowli gniadych, karych i siwych nosicieli tego allelu, szczególnie osobników przedstawiających mniejszą wartość hodowlaną również pod względem innych cech podlegających selekcji.

PIŚMIENNICTWO

1. ADALSTEINSSON S., 1974 – Inheritance of the palomino color in Icelandic horses. *Journal of Heredity* 65, 15-20.
2. BRODACKI A., STACHURSKA A., 2000 – Genetic structure of Wielkopolski horse population with respect to basic coat colours. *Annals of Animal Science* 27 (4), 9-19.
3. GERINGER H., JODKOWSKA E., 1998 – Silesian Horse. Zjazd EFZ, Warszawa (maszyno-
pis).
4. HENNER J., PONCET P.A., GUERIN G., HAGGER CH., STRANZINGER G., RIEDER S., 2002 – Genetic mapping of the (G)-locus, responsible for the coat colour phenotype „prog-
ressive greying with age” in horses (*Equus caballus*). *Mammalian Genome* 13, 535-537.
5. JODKOWSKA E., WALKOWICZ E., 2000 – Charakterystyka ogierów rasy śląskiej i ich
użytkowanie w SO SP Książ w latach 1949-1999. *Zeszyty Naukowe Przeglądu Hodowlanego*
50, 229-238.
6. JORDE P.E., RYMAN N., 1990 – Allele frequency estimation at loci with incomplete co-
dominant expression. *Heredity* 65, 429-433.
7. KSIĘGA STADNA KONI ŚLĄSKICH: T. I, II, III, V, VI, VII; 1961, 1966, 1971, 1983, 1992,
1999 – Polski Związek Hodowców Koni; T. IV; 1977 – Państwowe Tory Wyścigów Konnych
Warszawa-Służewiec, Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne, Warszawa.
8. LOCKE M.M., PENEDO M.C.T., BRICKER S.J., MILLON L.V., MURRAY J.D., 2002 –
Linkage of the grey coat colour locus to microsatellites on horse chromosome 25. *Animal
Genetics* 33, 329-337.
9. MARKLUND L., MOLLER M.J., SANDBERG K., ANDERSSON L., 1996 – A missense
mutation in the gene for melanocyte-stimulating hormone receptor (MC1R) is associated with
the chestnut coat color in horses. *Mammalian Genome* 7, 895-899.
10. Program hodowli koni śląskich, 1999, 2004. Polski Związek Hodowców Koni, Instytut Zoo-
techniki w Balicach (maszynopis), www.izoo.krakow.pl/formularze/Slaski.rtf.
11. RIEDER S., TAOURIT S., MARIAT D., LANGLOIS B., GUERIN G., 2001 – Mutations in
the agouti (ASIP), the extension (MC1R), and the brown (TYRP1) loci and their association
to coat color phenotypes in horses (*Equus caballus*). *Mammalian Genome* 12, 450-455.
12. SALISBURY G.W., 1941 – The inheritance of equine coat color. The basic colors and patterns.
Journal of Heredity 32, 235-240.

13. SOBCZAK Z., ANDRZEJEWSKI A., NOWAKOWSKA B., REBKOWSKA A., 1988 – Model konia śląskiego. *Koń Polski* 2, 2-3.
14. STACHURSKA A., BRODAKCI A., 2000 – Genetic structure of Małopolski horse population with respect to basic coat colours. *Annals of Animal Science* 27 (2), 9-18.
15. STACHURSKA A., BRODAKCI A., 2000 – Struktura genetyczna populacji koni szlacheckich półkwi pod względem umaszczenia. *Folia Universitatis Agriculturae Stetinensis* 212, Zootechnica 40, 47-53.
16. STACHURSKA A., BRODAKCI A., SOCHACZEWSKA M., 2002 – Dziedziczenie odcieni maści gniadej u koni. *Roczniki Naukowe Zootechniki* 29 (1), 19-31.
17. STACHURSKA A., BRODAKCI A., 2003 – Selection of Polish Konik horses for coat colour and the ways to improve its effectiveness. *Electronic Journal of Polish Agricultural Universities*, Series of Animal Husbandry 6, 1, <http://www.ejpau.media.pl/series/volume6/issue1/animal/art-04.html>.
18. STACHURSKA A., BRUŚNIAK A., 2003 – Struktura genetyczna polskiej populacji koni czystej krwi arabskiej pod względem umaszczenia. *Zeszyty Naukowe Przeglądu Hodowlanego* 68(5), 91-100.
19. STACHURSKA A., ZIĘBA G., PIĘTA M., BRODAKCI A., MATUSKA J., BRUŚNIAK A., 2003 – The issue of some bay colour character inheritance in Małopolski horses. *Annales Universitatis Mariae Curie-Skłodowska*, sectio EE, 21, 351-357.
20. STACHURSKA A., BRUŚNIAK A., KOLSTRUNG R., 2003 – Frekwencja genów odpowiedzialnych za umaszczenie w populacji kuców felińskich. *Roczniki Naukowe Zootechniki* 30 (2), 243-251.
21. SWINBURNE J.E., HOPKINS A., BINNS M.M., 2002 – Assignment of the horse grey coat colour gene to ECA25 using whole genome scanning. *Animal Genetics* 33 (5), 338-342.

Anna Stachurska, Antoni Brodacki, Anna Klimorowska

Genetic structure of Silesian horse population with regard to the coat colour

S u m m a r y

Silesian horses are bay or black, rarely grey and chestnut, though the latter actually are not included in the breeding. The aim of the study was to analyze the genetic structure of the Silesian horse population with regard to the coat colour and how the structure is influenced by the selection directed against the chestnut colour. 3507 horses registered in the Silesian Horse Stud Book and their parents were examined. Allele frequency in A, E and G loci (which control the appearance of these colours) was determined on the basis of the recessive phenotype number, as well as in E and G loci basing on the test mating results. The bay, black, chestnut and grey horses constitute 75.6%, 21.8%, 1.7% and 0.9% of horses registered in the Stud Book, respectively. The frequency of recessive a, e and g alleles in this population calculated according to the first method amounts to 0.4735, 0.1289 and 0.9922, respectively. The allele distribution in E locus determined on the basis of the test mating results is similar which indicates that the selection performed against e allele of a low frequency has not caused a considerable change of the distribution, so far. The analysis results confirm that the dark coloured Silesian horses, mainly black are favoured and the access of the chestnut horses to the breeding is limited. The horses are randomly mated with regard to the coat colour.