

KONIE I GENY

Od niepamiętnych czasów konie towarzyszą człowiekowi i zajmują szczególne miejsce w społecznościach ludzkich. Pełniły i nadal pełnią wiele ważnych funkcji, które od początku udomowienia zmieniały się znacząco. Wykorzystywano je jako zwierzęta juczne oraz mobilną spiżarnię (mięso i mleko). Służyły jako środek transportu, źródło rekreacji. Obecnie, w sporcie często bywają również przyczynkiem spekulacji finansowych.

W związku z tym nic dziwnego, że stały się obiektem zainteresowań genetyków. Najnowsza literatura podaje nowe informacje dotyczące genetycznej historii udomowienia koni.

Zespół Achillego badał różnorodność mitochondrialnego genomu dziedziczonego od matki. MtDNA to materiał genetyczny w postaci kolistego DNA znajdujący się w macierzy mitochondrium. Co ciekawe u ssaków mtDNA dziedziczy się wyłącznie po matce. Udowodniono, że mitochondria pochodzące od ojca niszczone są we wczesnych fazach rozwoju zygoty. W wyniku prac przeprowadzonych przez ten zespół sklasyfikowano współczesne konie w 17 głównych haplogrupach rozłożonych w różnych obszarach geograficznych (Azja, Europa, Ameryka i Bliski Wschód). Co ciekawe wszystkie te haplogrupy zostały zidentyfikowane u koni z Azji. Ustalenia te wraz z innymi publikacjami sugerują, że niewielka ilość linii żeńskich była zaangażowana w udomowienie koni na stepach Eurazji około 5–7 tysięcy lat przed naszą erą. Takie znaczne zróżnicowanie mtDNA ostro kontrastuje z brakiem różnorodności genetycznej sekwencji chromosomu Y u współczesnych koni, co oznaczałoby, że wszystkie współczesne konie wywodzą się od jednej linii męskiej. Nasuwa się więc pytanie czy taki stan rzeczy jest konsekwencją siły płci, czy też bioróżnorodność chromosomu Y była już zmniejszona u przodków koni współczesnych?

Wydaje się, że odpowiedzią na to pytanie są badania zespołu Lippoda. Poprzez analizę archeologicznego DNA dzikich przodków koni z Syberii i Północnej Ameryki datowanych na 47–16 tysięcy lat temu oraz jednego udomowionego ogiera sprzed 2,8 tys. lat przed naszą erą wykazali znaczną zmienność ówczesnego chromosomu Y oraz zasugerowali, że brak ojcowskiej zmienności genetycznej jest wynikiem procesu udomowienia.

Kolejnym obszarem zainteresowań genetyków było źródło genetycznej historii szybkości koni pełnej krwi angielskiej, jednej z najcenniejszych ras koni na świecie. Wcześniejsze badania wykazały, że

zamiana C na T pojedynczego nukleotydu w intronie MSTN (gen kodujący miostatynę, u bydła odpowiada za podwójne umięśnienie) wpływa na szybkość u koni tej rasy.

Zespół Bowera wykazał, że allel T jest konserwatywny, a jego wprowadzenie przez lokalną klacz było fundamentem w hodowli koni pełnej krwi. Okazało się, że frekwencja allelu C była niska w populacji koni pełnej krwi w XVIII i XIX w. Jego ekspansja rozpoczęła się przez ogiera Neartic (1954) ojca najslawniejszego ogiera współczesnego Northern Dancer (1961).



Ryc. 1. George Robinson na koniu pełnej krwi angielskiej – Rogillii, zdobywca Caulfield Cup Australia w 1932 roku. Źródło: http://pl.wikipedia.org/wiki/Plik:ROGILLA_1932_VATC_CAULFIELD_CUP_GEORGE_ROBINSON.jpg.

Innym aspektem wzbudzającym duże zainteresowanie badaczy jest umaszczenie koni. W badaniach archeologicznego DNA przodków koni z okresu plejstocenu, mezolitu, neolitu ery miedzi z obszarów Euroazji i Azji zidentyfikowano geny odpowiadające za maść gniadą, karą oraz allele odpowiadające za maść tarantową. Interesujące jest to, że wszystkie te typy były na malowidłach naskalnych z okresu paleolitu.

Źródło:

Kayser:Editors'Pick: Of Horses and Genes. *Investigative Genetics* 2012 3:4.

Mgr inż. Monika Stefaniuk
E-mail: m.k.stefaniuk@gmail.com