

Eesti hobusetõugude geneetiline mitmekesisus ja sugulus teiste tõugudega



Erkki Sild, EMÜ VLI tõuaretuse ja biotehnoloogia õppetool

erkki.sild@emu.ee

Sissejuhatus

- Hobuste otstarve on oluliselt muutunud: töö-, sõja- ja transpordihobuselt meelelahutusloomaks.
- Vajadus hobuste järele on viimase 70 aastaga vähenenud.
- Atraktiivsete globaalsete tõugude eelistamine aretustöös põhjustab kohalike tõugude genofondi kadumist.

Eesmärk

Uuringu eesmärgiks on selgitada eesti hobusetõugude geneetiline mitmekesisus ja seotus teiste hobusetõugudega, nii Eestis kasvatavatega kui ka välismaa tõugudega.

Tulemused ja kokkuvõte

- Tori tõugu hobune on geneetiliselt sarnane teiste Eesti kohalike hobusetõugudega ja ka Kesk-Euroopa soojavereliste kiirushobuste tõugudega (joonis 1 ja 2).
- mtDNA uuring näitas kõrget mitmekesisust Eesti hobusetõugude emaliinides (tabel 1).
- Y-kromsoom (isaliinid) näitas olematut mitmekesisust
- Eesti hobuse pärimist Põhja-Euroopa metshobusest näitab joonis 2.
- Tajima's D analüüs näitas, et aretustöö tõttu ei ole tõud läbinud suunatud evolutsiooni.
- Eesti hobuste tõud on tarvilik kirjeldada suurema arvu markeritega, kasutades SNP kiipe, kus on kümneid tuhandeid või sadu tuhandeid markerid.
- „Vanema liinide“ uuringuks tuleks täielikult genotüpiseerida nii Y-kromosoom kui mtDNA.

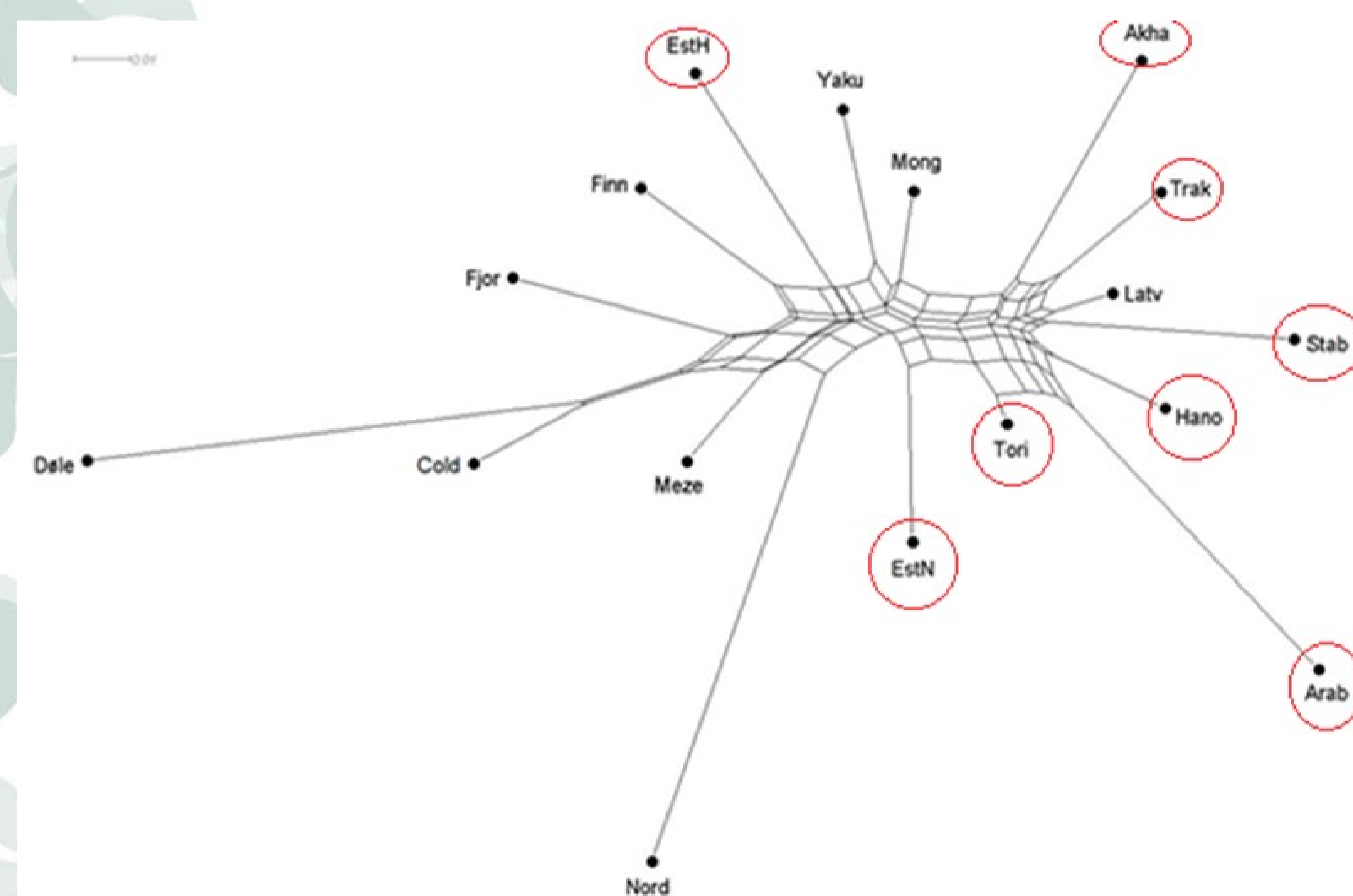
Meetodid

- 544 hobusel 17 tõust genotüpiseeriti 16 somaatilist mikrosatelliidi (STR) markerit.
- mtDNA-st genotüpiseeriti 9 tõust 259 hobusel (tabel 1) D-lingu osast 509 aluspaari pikkune DNA fragment ja Y-kromosoomist 5 mikrosatelliiti.
- Tõugude segunemis- (*admixture*) ehk klasteranalüüs.
- Tõugude paariviisiline geneetiline distantsi (Nei D_A) analüüs.

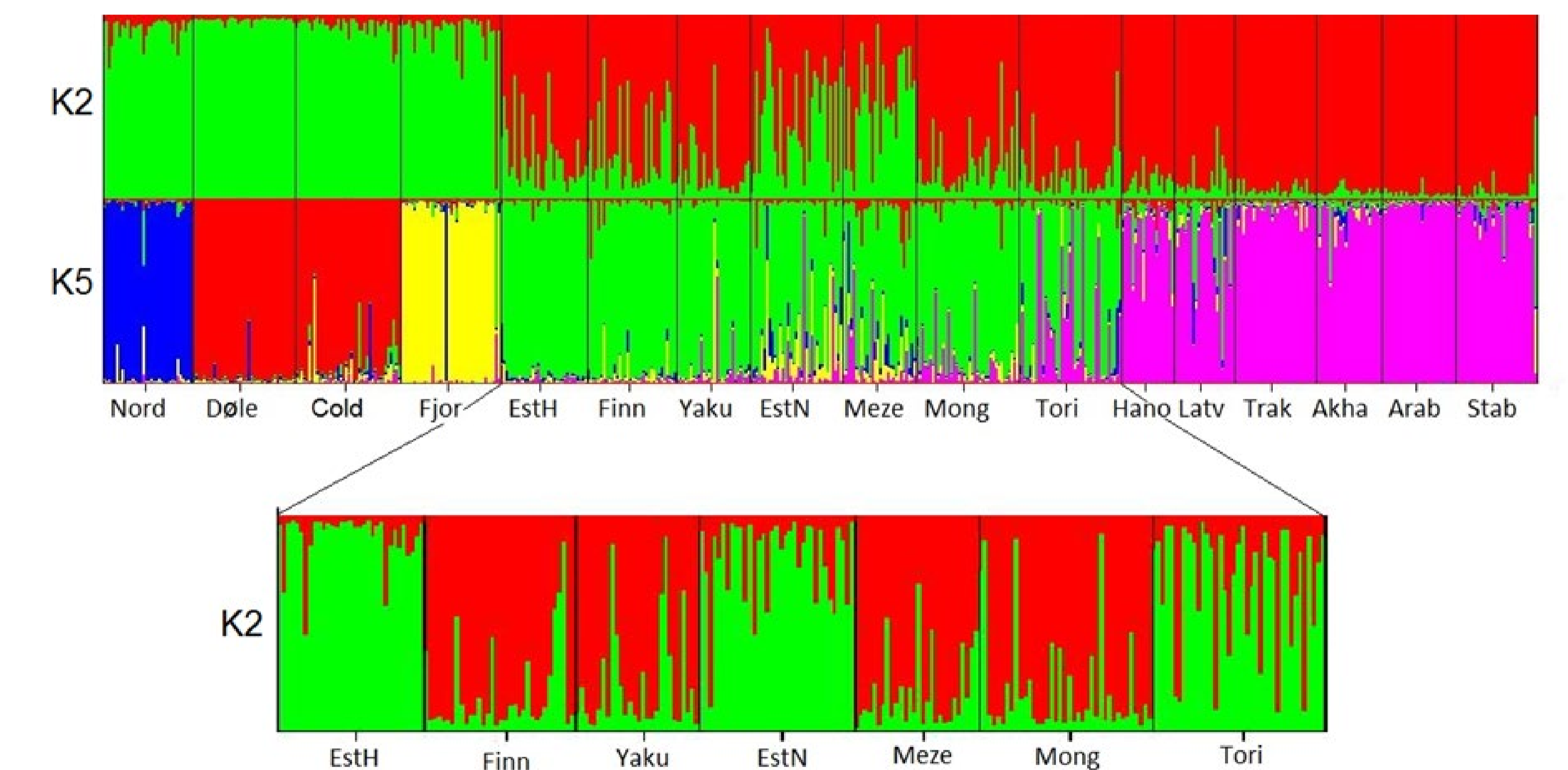
Tabel 1. mtDNA mitmekesisuse näitajad

tõug	N	N σ	n $_H$	n $_{unique}$	h	π	Tajima's D	lühend
altai hobune	11	9	7	3	0.909	0.017	0.03	Alta
araabia täisvereline hobune	29	19	9	1	0.882	0.016	0.64	Arab
eesti raskeveo hobune	30	12	13	3	0.871	0.011	-0.66	EstH
eesti hobune	40	31	19	6	0.947	0.016	0.43	EstN
soome hobune	37	17	18	6	0.926	0.016	-0.04	Finn
läti hobune	22	7	17	8	0.978	0.018	0.15	Latv
tori	40	27	25	8	0.969	0.015	-0.08	Tori
trakeen	23	17	16	5	0.964	0.016	0.24	Trak
jakuudi hobune	27	13	11	6	0.789	0.012	-0.13	Yaku

N – loomade arv, N σ - täkkude arv n $_H$ – haplotüüpide arv, n $_{unique}$ – unikaalsete haplotüüpide arv, h - haplotüüpide diversiteet, π - nukleotiidide diversiteet.



Joonis 1. Hobusetõugude geneetiline võrgustik (Nei D_A distantsi alusel). Punase ringiga on lisaks Eesti kohalikele tõugudele märgitud ka Eestis kasvatatavad teised hobusetõud.



Joonis 2. Hobuste geneetiline struktuur klasteranalüüsi (*admixture*) põhjal. Esitatud on hobuste jaotus kaheks (K2) ja viieks (K5) klastriks. Lisaks on esitatud Eesti ja Eesti tõugudega grupeerunud tõugude K2 klasteranalüüs. Iga vertikaalne tulp tähistab üht hobust ja tulba erinevalt värvunud osa näitab tema genotüüpide ühte või mõnda teise klastrisse kuulumise tõenäosust.