

CO JEST ZAPISANE W CHROMOSOMIE Y O UDOMOWIENIU KONI?

Chromosom Y jest jednym z najbardziej ewolucyjnie odrębnych regionów w genomie ssaków, zarówno pod względem funkcjonalnym jak i strukturalnym. Uważa się, że chromosomy płci wyodrębniły się z autosomów ponad 300 milionów lat temu. Od tego czasu chromosom Y nabył funkcje determinujące płć i inne cechy samcze. Jest najmniejszym i najbardziej ubogim w geny elementem genomu ssaków. Z drugiej strony jest dobrym narzędziem do bezpośredniej oceny procesów ewolucyjnych, które zachodzą w linii ojca, w przeciwieństwie do badań na mtDNA, które dziedziczy się wyłącznie od matki. Porównano ze sobą pięć gatunków ssaków i wykazano, że u wilków i myszy polnych różnorodność w obrębie sekwencji nukleotydowej jest bardzo niska, natomiast u bydła, reniferów i rysi jej nie ma. Dotychczasowe badania w obrębie chromosomu (male specific region of Y -MSY) Y u koni nasuwają wniosek, że podczas procesu udomowienia tylko nieliczne wyselekcjonowane samce kryły większą grupę samic. Konie są przykładem na ekstremalnie różne poziomy różnicowania w obrębie markerów linii żeńskich i męskich. Zaproponowano wiele hipotez wyjaśniających tę rozbieżność.

Grupa badawcza pod kierownictwem G.Lindgren przebadła 52 osobników z 15 różnych ras koni pochodzących z różnych stron świata i wykazano brak

zmienności w obrębie analizowanych regionów chromosomu Y (u wszystkich ras za wyjątkiem jednej pochodzącej z Chin (domestic chinese horse). Żeby zdobyć wiedzę o minimalnej zmienności w chromosomie Y trzeba było wrócić do przodków koni z okresu przed udomowieniem. Lippold i wsp. przeanalizowali fragmenty chromosomu Y o wielkości 4kb (non coding sequence) pochodzące ze szczątków 9 koni. 8 osobników reprezentowało dzikie konie z okresu przed udomowieniem natomiast jeden udomowiony pochodził z okresu 2800 lat p.n.e. Wykazali oni pewien stopień zróżnicowania w obrębie analizowanej sekwencji u badanych osobników, co kontrastuje z brakiem jej zmienności u współczesnych koni.

Jedną z hipotez wyjaśniających to zjawisko jest sam proces udomowienia koni, gdzie jeden ogier krył większą ilość klaczy oraz fakt, że większość współczesnych ras koni wywodzi się z ograniczonej liczby osobników, co znacznie zmniejsza różnorodność w obrębie ras.

Źródło:

1. Lippold S. et al. Discovery of lost diversity of paternal horse lineages using ancient DNA. *Nat. Commun.* 2:450 doi: 10.1038/ncomms1447 (2011)

Monika Stefaniuk (Kraków)
m.k.stefaniuk@gmail.com