

LATVIJAS ŠKIRNES ZIRGU ĢENĒTISKĀ DAUDZVEIDĪBA

LATVIAN WARMBLOD HORSE GENETIC DIVERSITY STUDY

Agnese Viluma¹, Dace Smiltina², Daina Jonkus³

¹Zviedrijas Lauksaimniecības zinātņu universitāte, Zviedrija

²LLU LF Molekulārās ģenētikas pētījumu laboratorija, Latvija

³LLU LF Agrobiotehnoloģijas institūts, Latvija

¹Department of Animal Breeding and Genetics SLU, Sweden

²LUA, Laboratory of Molecular Genetic Researches, Faculty of Agriculture, Latvia

³LUA, Faculty of Agriculture, Latvia

agnese.viluma@slu.se

Šobrīd pastāv uzskats, ka nākotnes vajadzībām, kuras mēs nevaram prognozēt, ir jāparedz pietiekoša dzīvnieku daudzveidības rezerve. Latvijas zirgu šķirne ar savām unikālajām īpašībām ir pasaules ģenētisko resursu bioloģiskās daudzveidības sastāvdaļa. Lai veiktu padziļinātus ģenētiskos pētījumus (piem., rezistences, iedzimto slimību, eksterjera kļūdu un produktivitātes/darbspēju ietekmējošu mutāciju izpēti) Latvijas zirgu šķirnes populācijā sākotnēji ir jāveic tās ģenētiskās daudzveidības raksturojums un struktūras pētījumi. Populācijas ģenētiskā stāvokļa tiešai novērtēšanai ir nepieciešams šķirnes molekulārās daudzveidības apsekojums, nosakot šai šķirnei raksturīgās alēles, to frekvences un alēļu daudzveidību dažādos lokusus.

Šī pētnieciskā darba mērķis – ar DNS mikrosatelītu marķieru metodi izpētīt Latvijas šķirnes ģenētisko resursu programmā iekļauto zirgu (šķirnes kodola) ģenētisko daudzveidību.

Kā darba materiāls izmantoti LF MGPL esošie ģenētisko resursu zirgu asins paraugi, kas pārstāv 13 Latvijā sastopamās šīs šķirnes ģenealoģiskās līnijas. DNS izdalīšana veikta LF MGPL ar „Fermentas” komerciālo kitu un QIAcube DNS izdalīšanas iekārtu izmantojot DNeasy Blood & Tissue reaģentus. Iegūtās DNS amplificēšana veikta ar StockMarks[®] Applied Biosystems komerciālo kitu. Paraugi sekvenēti LVMI „Silava” Laboratorijā un iegūtie dati ar genotipēto alēļu garumiem analizēti ar brīvi pieejamām programmām Genalex6.

Visas populācijas ģenētiskās daudzveidības raksturošanai izmantoti 16 mikrosatelītu lokusi, kas atbilst HV vienādojumam. Alēļu daudzveidības rādītājs dažādos lokusus variē no 6 līdz 14 alēlēm lokusā, savukārt, efektīvo alēļu skaits ir mazāks 1.78 līdz 7.82 alēles. Noteikts populācijas vidējais alēļu skaits lokusā 8.63 ± 0.54 (izslēdzot retās alēles), vidējā novērotā (0.690 ± 0.021) un sagaidāmā (0.782 ± 0.016) heterozigotāte.

Visi analizētie 17 mikrosatelītu lokusi Latvijas šķirnes ģenētisko resursu populācijā ir polimorfī, taču tikai 16 marķieri ir piemēroti turpmāku aprēķinu veikšanai. Visaugstākais alēļu daudzveidības rādītājs konstatēts lokusiem aht5, asb2, ca425 (pārsniedzot 10 alēles), savukārt efektīvais alēļu skaits visaugstākais ir lokusus hms2, asb2, aht5 (pārsniedzot 6 alēles). Pamatojoties uz iegūtajiem rezultātiem latvijas zirgu šķirne ir pieskaitāma pie daudzveidīgākajām Eiropā sastopamajām zirgu populācijām.

Darbs tapis pateicoties projekta Eiropas Sociālā fonda (ESF) projekta “Atbalsts LLU maģistra studiju īstenošanai”, Vienošanās Nr. 2009/0165/1DP/1.1.2.1.1/09/IPIA/VIAA/008 atbalstam.