

Genetisk sammenligning av hesterasen Mezenhesten fra Mezen, Arkhangelsk fylke i Russland og de norske hesterasene.

Kort rapport om et arbeid utført ved Norges veterinærhøgskole, seksjon for genetikk, ved Knut H. Røed og i samarbeid med Alslaget for lyngshest i Troms ved Birgit Dorothea Nielsen og Arkhangelsk vitenskapelige forskningsinstitutt for jordbruk ved Irina Jurijeva.

Målsetting: Sammenligne genetisk variasjon og slektskap hos mezenhesten og de norske hesterasene.

Materiale. Prøver fra 30 mezenhester fra Mezen, Arkhangelsk fylke i Russland er analysert for variasjon i 16 DNA markører (mikrosatellitter) og den genetiske variasjonen er sammenlignet med variasjonen i hesterasene dølahest, fjordhest, nordlandshest/lyngshest, kaldblodstraver og varmbloodstraver. Sammenligningsmateriale var alle hester fra Norge og bestod av 40 hester fra hver rase. Mikrosatellitter som ble analysert er VHL20, HTG4, AHT4, HMS7, HTG6, AHT5, HMS6, ASB23, HTG10, HTG7, HMS3, HMS2, ASB17, HMS1 og CA425. Alle mikrosatellittene som er påkrevet brukt i internasjonalt godkjent avstammings- og identitetskontroll av hest er innebefattet blant de 16 markørene.

Resultater: Mezenhesten hadde betydelig variasjon i alle markørene som ble testet og grad av genetisk variasjon ble målt til å være høy ved sammenligning av de norske hesterasene (Tabell 1). Middelerdien for antall alleler registrert over de 16 markørene var 6.50 som er det samme som registrert hos fjordhest og som gjennomgående er høyere enn for de andre hesterasene. Middelerdien for forventet heterozygositet, som er et annet uttrykk for grad av genetisk variasjon, viste tilsvarende verdier. Den relativt betydelige graden av genetisk variasjon i Mezenhesten tilsier at denne rasen ikke har vært utsatt for faretruende små populasjonsstørrelser hvor det foregår betydelig tap av genetisk variasjon og innavl. Hvis dette har foregått så må rasen ha fått tilført nytt genetisk materiale i ettertid.

Dølahesten ble målt å ha den laveste graden av genetisk variasjon (Tabell 1), noe som tyder på at den effektive populasjonen av denne rasen er bekymringsfullt liten. Noe av det samme kan også sies om nordlandshest/lyngshesten som hadde middelerdi for antall alleler på 5.19 som er betydelig lavere enn det som ble registrert hos mezenhesten.

Tabell 1. Grad av genetisk variasjon hos ulike hesteraser målt som middelvei for antall alleler og middelvei for forventet heterozygositet (\pm standard feil, SE) med bruk av 16 mikrosattelitt loci.

Rase	Middel antall alleler (\pm SE)	Middel heterozygositet (\pm SE)
Mezenhest	6.50 (0.044)	0.718 (0.028)
Dølahest	4.69 (0.45)	0.565 (0.048)
Fjordhest	6.50 (0.50)	0.701 (0.030)
Nordland/Lyngshest	5.19 (0.39)	0.646 (0.029)
Kaldblodstraver	5.69 (0.41)	0.650 (0.039)
Varmblodstraver	6.31 (0.36)	0.694 (0.028)

Grad av genetisk differensiering mellom rasene ble regnet ut som F_{ST} -verdier som uttrykker hvor stor grad av den totale variasjonen som uttrykkes som variasjon mellom rasene. Lave verdier uttrykker liten grad av differensiering (genetisk like) og høye verdier uttrykker høy grad av differensiering (genetisk forskjellige). Mezenhesten viste størst genetisk slektskap med fjordhest ($F_{ST}=0.039$) og til dels også kaldblodstraver ($F_{ST}=0.051$) og var mest forskjellig fra dølahest, nordland/lyngshest og varmbloodstraver. Varmbloodstraveren var som ventet den rasen som skilte seg mest ut fra de andre.

Tabell 2. Grad av genetisk differensiering uttrykt som F_{ST} -verdier mellom ulike hesteraser med bruk av 16 mikrosattelitt loci.

	Mezen	Døl	Fjord	Nordl./Lyng.	Kaldblods
Mezen					
Dølahest	0.079				
Fjordhest	0.039	0.080			
Nordland/Lyngshest	0.071	0.134	0.078		
Kaldblods traver	0.051	0.063	0.053	0.089	
Varbloodstraver	0.078	0.151	0.086	0.102	0.113

Knut H. Røed

Oslo, 27.01.2012

Norges veterinærhøgskole