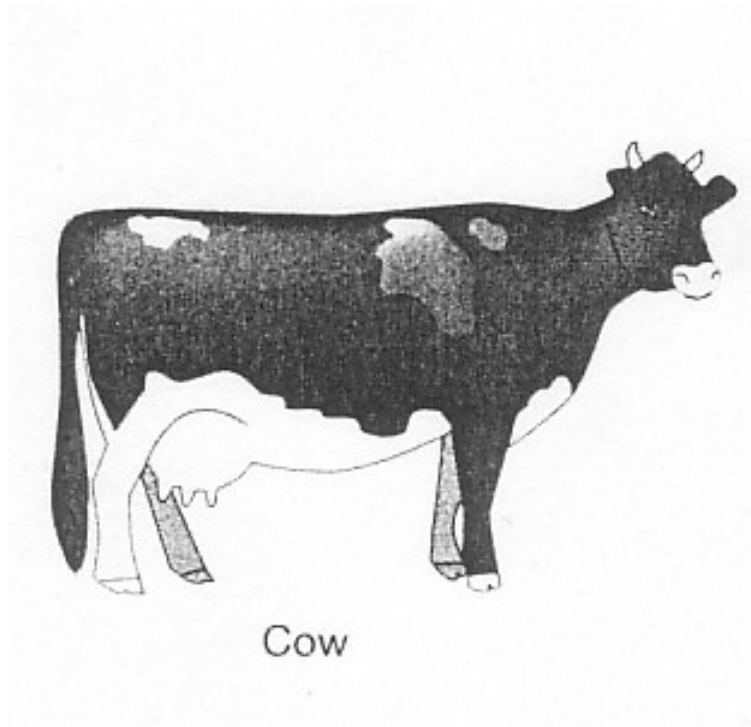


Viikon genetiikkateot

Genetiikka-alan ällistyttävimpiä suorituksia
peruskurssin motivaatiomausteeksi



Nauta on domestikoitu kolme eri kertaa; afrikkalainen puhveli on tappaja

Afrikan savannien eläimistä ei ole domestikoitu yhtäkään. Syynä mahtaa olla niiden asenne leijonia yms hiiviskelijöitä kohtaan! Metsästäminen on sitäpaitsi ollut yhtä tuottoisaa. Vertailuaineistona voi pitää pohjoisia peuroja ja karibuita sekä poroja. Ei suurta eroa muussa kuin saalispaineen kohtuullisuudessa.

26 April 2001

International weekly journal of science

nature

£5.45 €8.29 FF754 DM16 Lire16000

www.nature.com

Scientific literature

Adapting to the
online world

Quantum gravity

Characterization of
space-time foam

Mantle convection

Sluggish dynamics
at depth

Origins of modern cattle

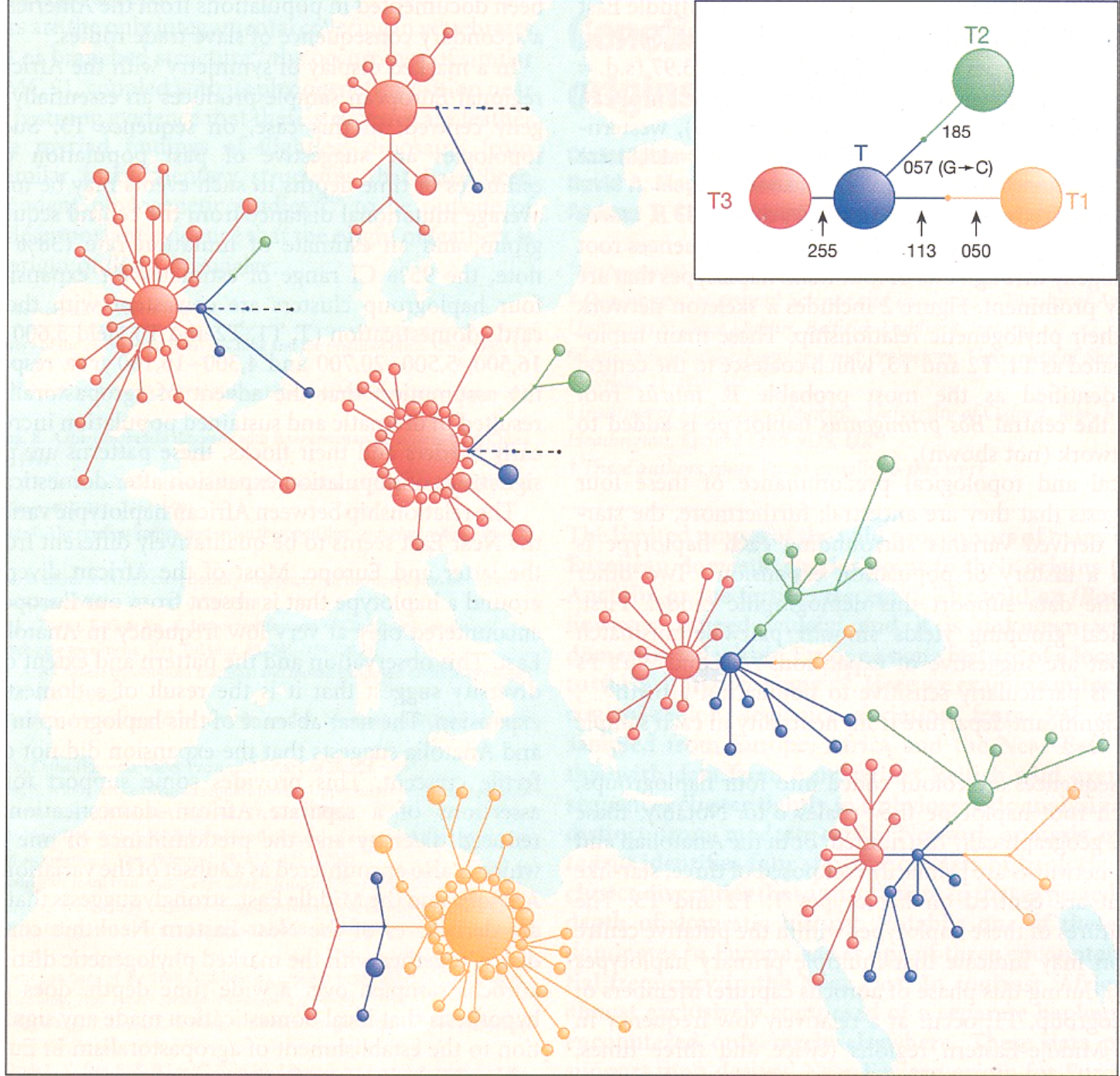
new on the market

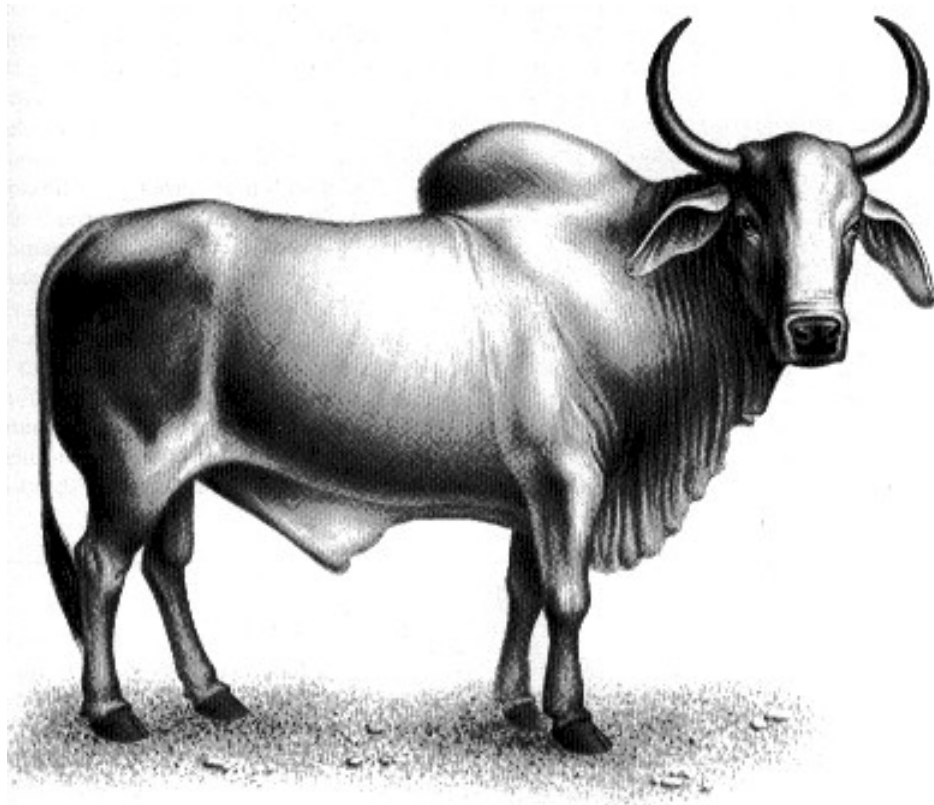
RNA/DNA preparation



Genetic evidence for Near-Eastern
origins of European cattle
CHRISTOPHER S. TROY, DAVID E.
MACHUGH, JILLIAN F. BAILEY,
DAVID A. MAGEE, RONAN T.
LOFTUS, PATRICK CUNNINGHAM,
ANDREW T. CHAMBERLAIN,
BRYAN C. SYKES & DANIEL G.
BRADLEY

Nature **410**, 1088-1091 (26 April 2001)



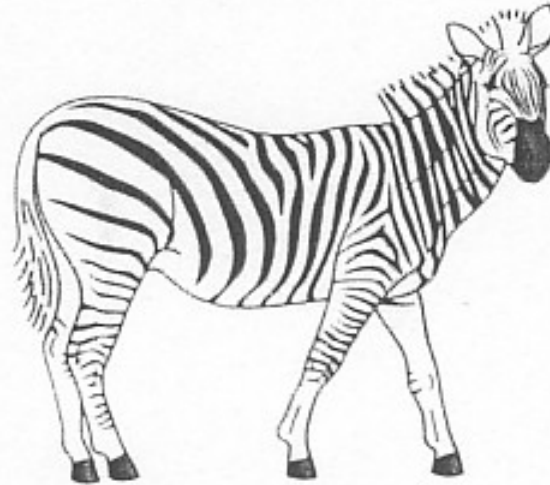


Bos indicus, Zebu





Horse



Zebra

Seepra ei ole kesytetty Hevonen on domestikoitu monissa paikoissa Eurasiassa.

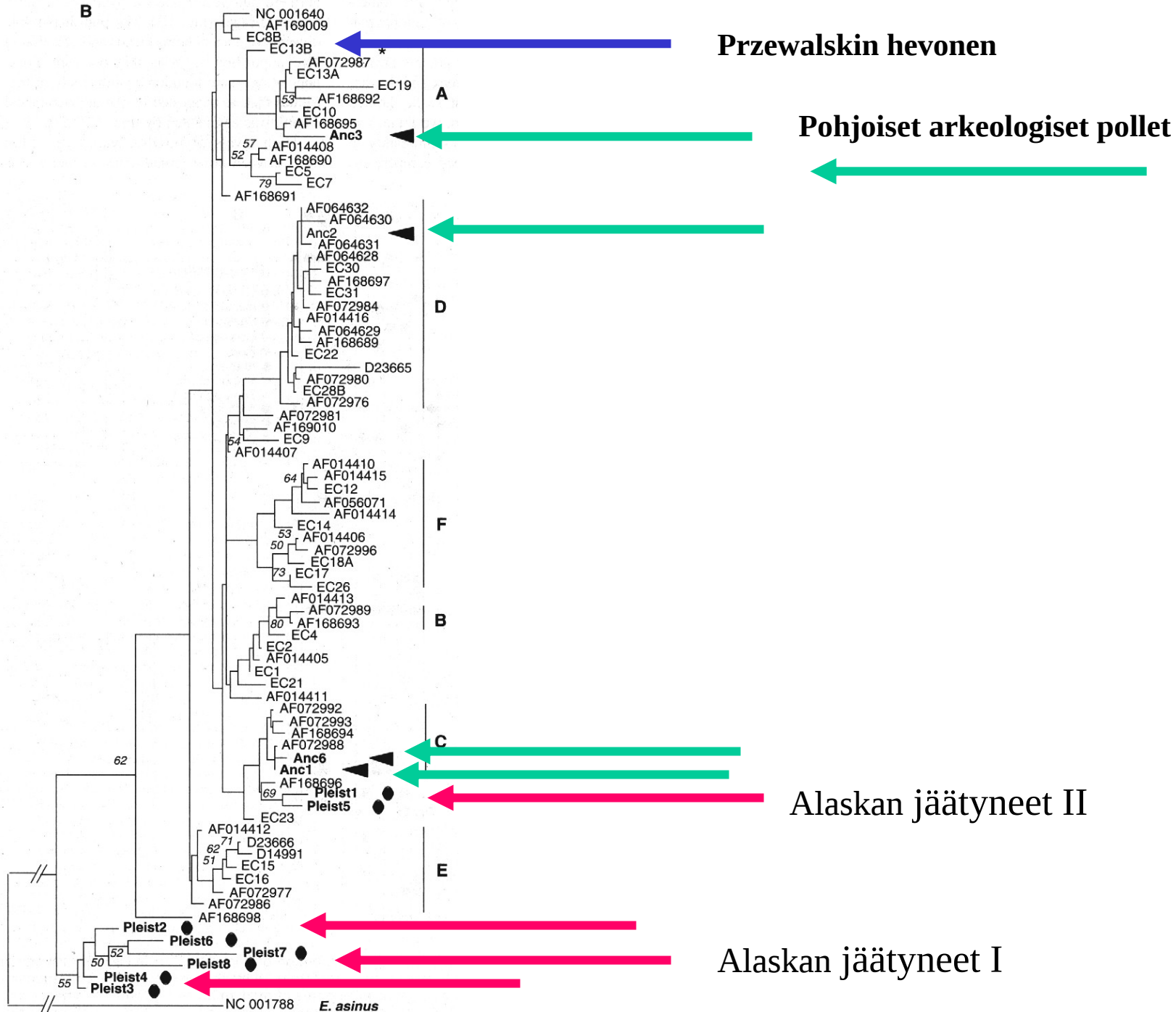


Vilá, Leonard, Götherström, Marklund, Sandberg, Lidén, Wayne & Ellegren (2001) Widespread origins of domestic horse lineages. - Science 291: 474-477

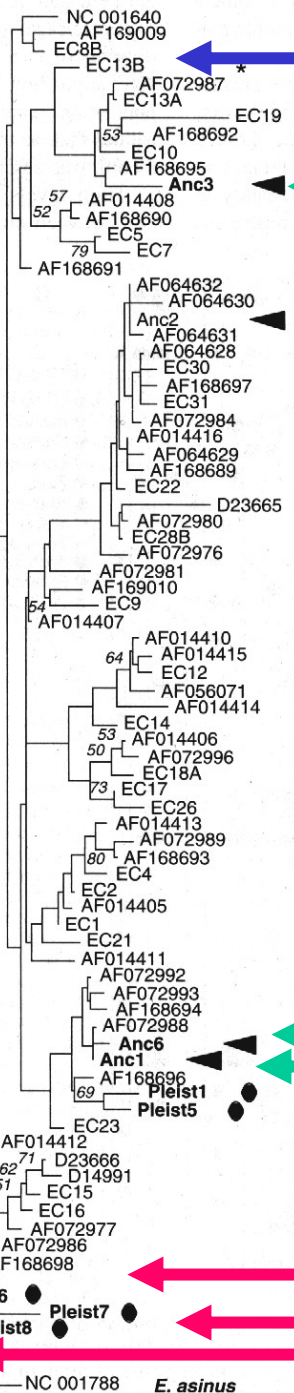
Uppsalan ryhmä tutki mtDNA:ta suuresta määrästä erilaisia hevosia. Aasin ja hevosen divergenssi 616 bp pätkällä kontrollialuetta (D-loop) on keskimäärin 16%, eri hevosnäytteiden divergenssi 0.2-5%.

Kaikkein erikoisimmat näytteet olivat 8 hevosta Alaskasta, Fairbanksin läheltä, jotka oli ajoitettu 12 000 - 28 000 vanhoiksi, ja toiset kahdeksan 1000 - 2000 vuotta vanhaa hevosta Ruotsin ja Eestin arkeologisista asuinpaikoista.

B



B



Przewalskin hevonen

Pohjoiset arkeologiset pollet

Tämä *fylogenia* on mitokondrioiden fylogenia. Useat nykyisistä hevosroduista sisältävät useita näistä maternaalisista linjoista.

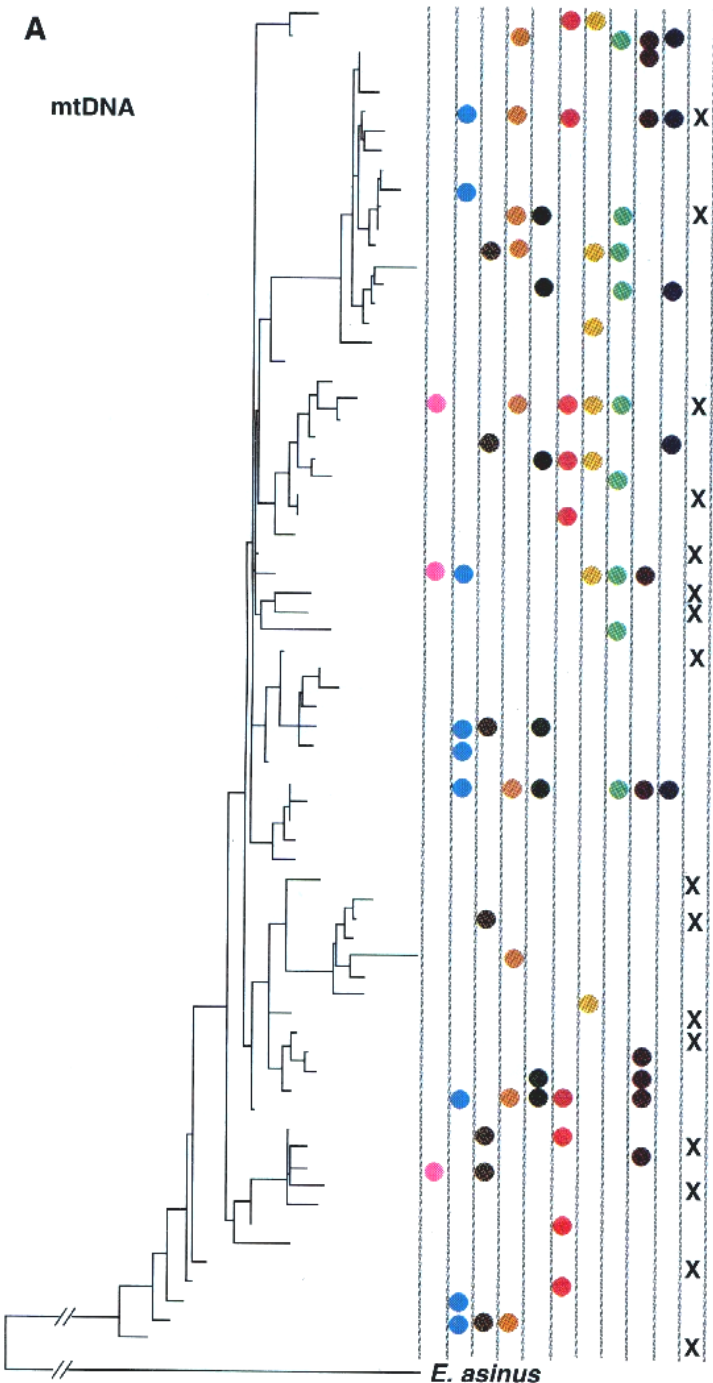
Ryhmät A, B, .. E ovat niin erilaisia, että on perusteltua ajatella, että ne edustavat niitä alkuperäisiä domestikoituja hevoskantoja

Alaskan jäätyneet II

Alaskan jäätyneet I

A

mtDNA



B

Microsatellites

- Gotland Russ
- Icelandic Pony
- Shetland
- Connemara
- Fjord
- Arabian
- Standardbred
- Thoroughbred
- Ardennes
- Exmoor
- X Oriental horses

Mitokondriofylogeniaan sijoiteltuna erilaiset nykyhevosrodut ovatkin kiinnostavalla tavalla kirjavia. Islanninhevon sisältää peräti yhdeksän maternaalista linjaa ja useimmat päähaarat.

Selitys: hevonen otettiin kotieläimeksi useissa eri paikoissa. Hevoset olivat yleisiä Euraasian aroilla 35 - 10 000 vuotta sitten, ja varmoja merkkejä ratsastuksesta on 6000 vuotta vanhoissa hampaissa (ja kuolaimissa, joita tehtiin aluksi kullasta).

Hevoskauppa oli vilkasta ja tammahevosen linja oli se joka oli pidettävä taloudessa.

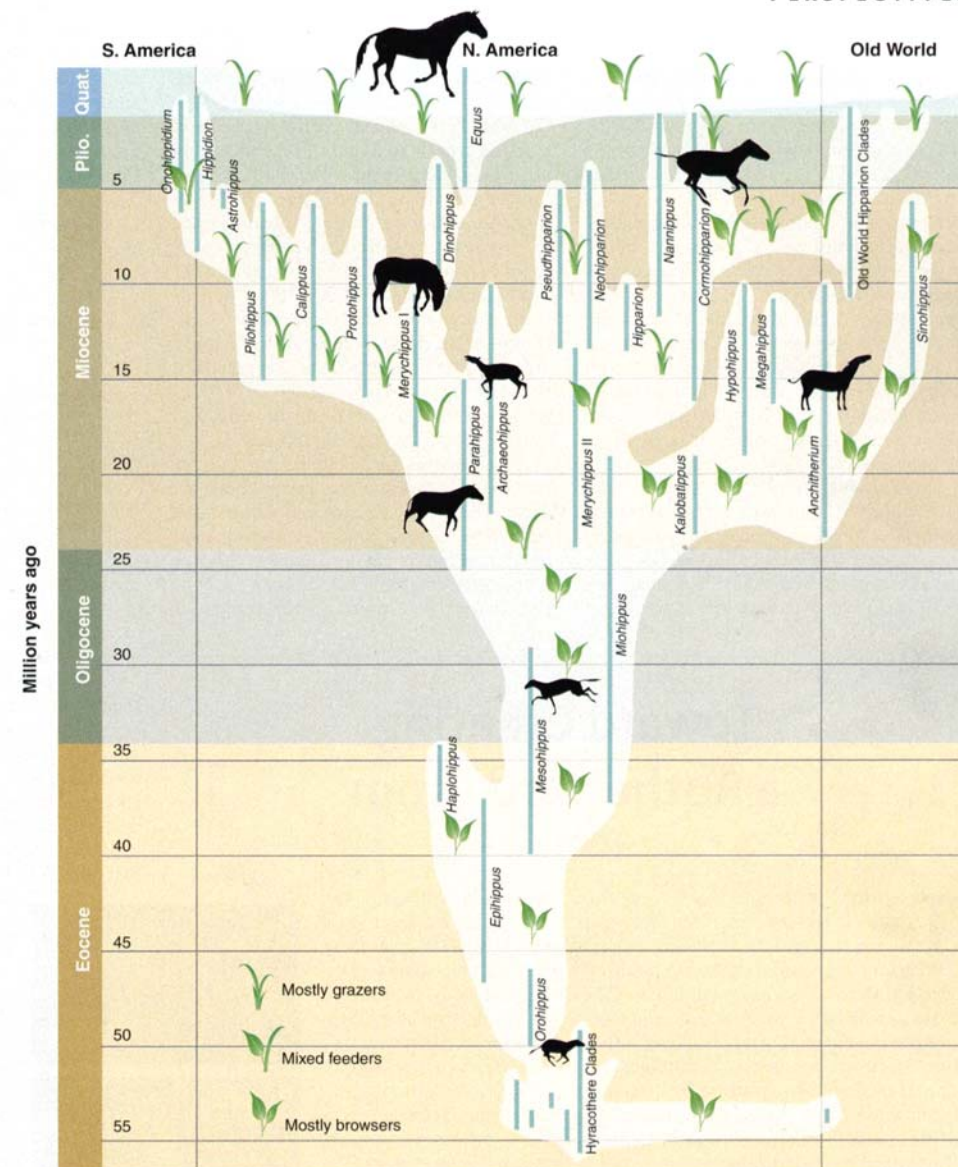
Limited number of patriline in horse domestication

Gabriella Lindgren¹, Niclas Backström¹, June Swinburne²,
Linda Hellborg¹, Annika Einarsson¹, Kaj Sandberg³, Gus Cothran⁴,
Carles Vilà¹, Matthew Binns² & Hans Ellegren¹

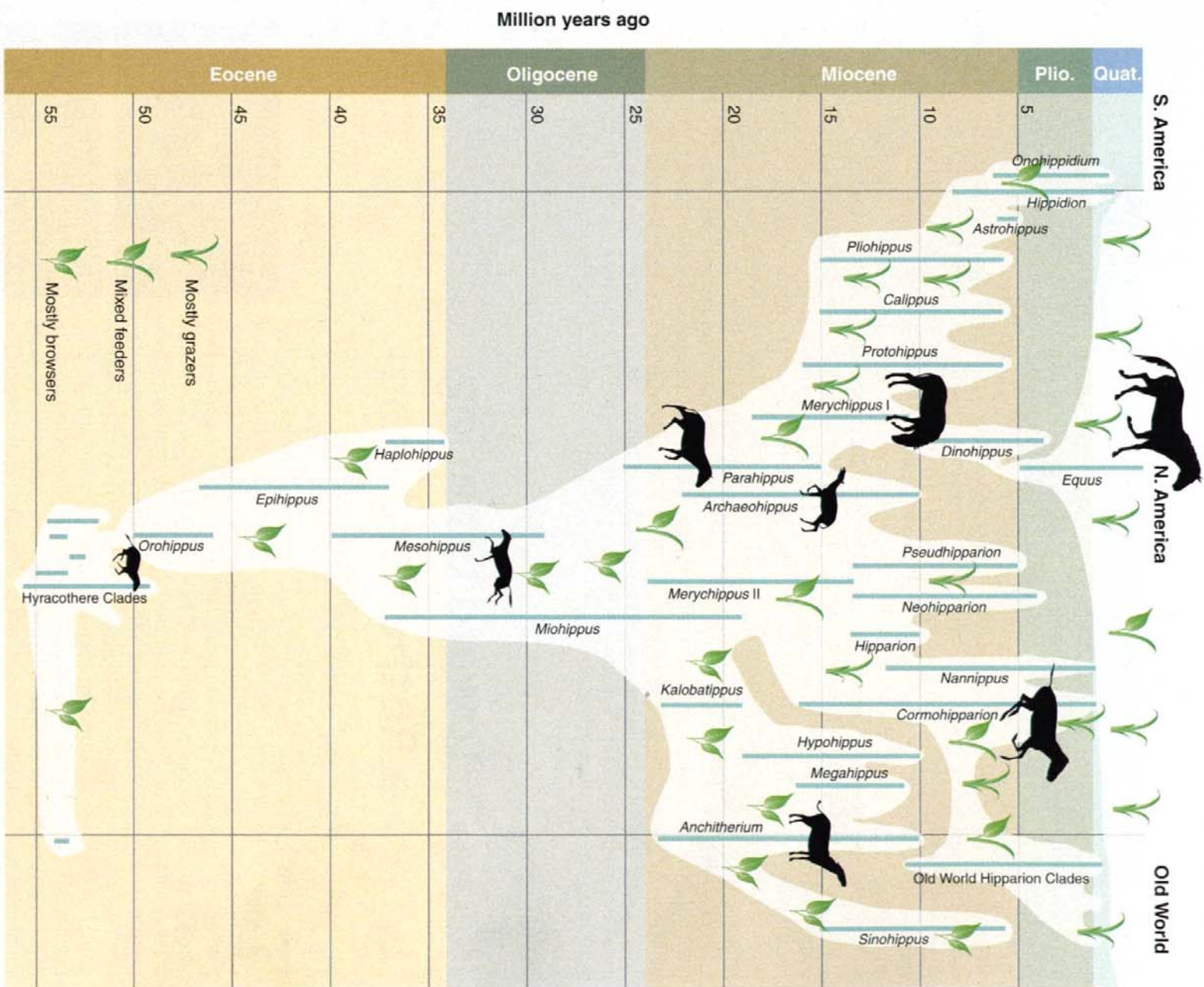
Genetic studies using mitochondrial DNA (mtDNA) have identified extensive matrilinear diversity among domestic horses. Here, we show that this high degree of polymorphism is not matched by a corresponding patrilinear diversity of the male-specific Y chromosome. In fact, a screening for single-nucleotide polymorphisms (SNPs) in 14.3 kb of noncoding Y chromosome sequence among 52 male horses of 15 different breeds did not identify a single segregation site. These observations are consistent with a strong sex-bias in the domestication process, with few stallions contributing genetically to the domestic horse.

Nature Genetics 36:335 (April 2004)

Fossiilihevosten historia



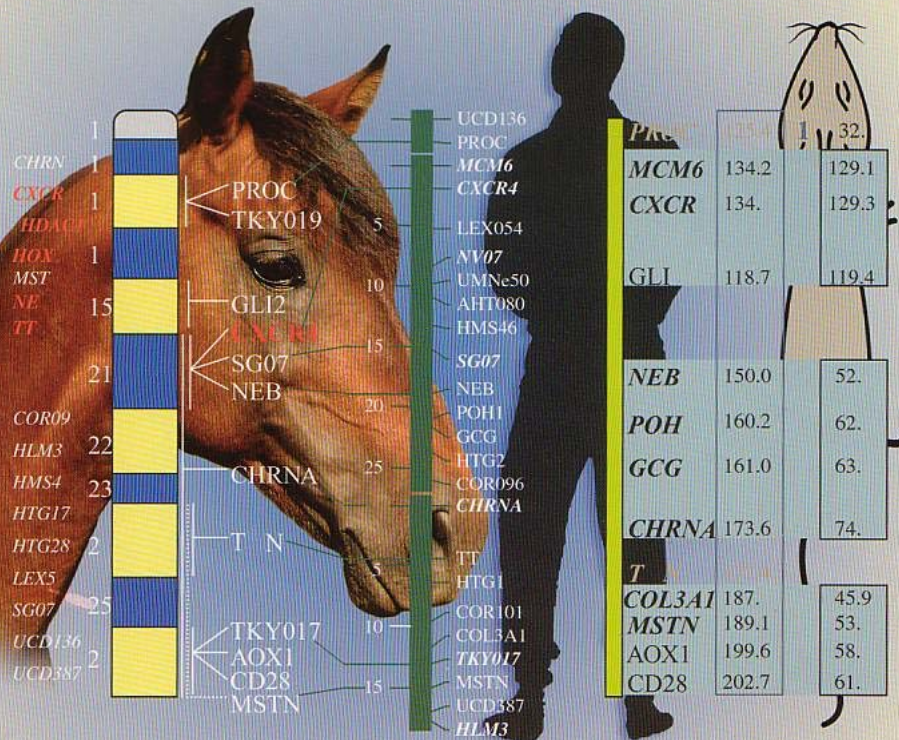
Adaptive radiation of a beloved icon. Phylogeny, geographic distribution, diet, and body sizes of the Family Equidae over the past 55 My. The vertical lines represent the actual time ranges of equid genera or clades. The first ~35 My (Eocene to early Miocene) of horse phylogeny are characterized by browsing species of relatively small body size. The remaining ~20 My (middle Miocene until the present day) are characterized by genera that are either primarily browsing/grazing or are mixed feeders, exhibiting a large diversification in body size. Horses became extinct in North America about 10,000 years ago, and were subsequently reintroduced by humans during the 16th century. Yet the principal diversification of this family occurred in North America. Although the phylogenetic tree of the Equidae has retained its "bushy" form since the 19th century [for example, see (2, 3)], advances in knowledge from fossils have refined the taxonomy, phylogenetic interrelationships, chronology, and interpretations of the ancient ecology of fossil horses.



April 2003

GENOME RESEARCH

Volume 13 Number 4



Hevosen genomien
sekvensointi etenee

Horse Whole-Genome Radiation Hybrid Map ♦ Canonical Protein
Structural Features Define Functional Specialization ♦ Large-Scale Multiple
Sequence Alignment Using LAGAN and Multi-LAGAN ♦ CTG Codon
Reassignment in *Candida* ♦ Genome-Wide Screen for Imprinted Genes

Hyvät hevossivut

<http://www.ansi.okstate.edu/breeds/HORSES/>

