

E t x a b e r

Begoña Jugo / Andone Estonba

mamalioren genoma (zeluletan kokatzen den informazio genetikoaren multzoa) tipikoak 3.000 milioi nukleotido-pare ditu, sekuentzia lineal batean antolatuta eta informazio-eduki izugarria du. Espezie bereko indibiduen artean dagoen aldakortasun genetiko ere izugarria da. Indibiduo baten genoma osoa ezagutuko bagenu eta beste indibiduo batea irakurri, gutxienez milioi bat nukleotido desberdin aurkituko genituzke!


ko sekuentzia oso laburrez (2, 3 edo 4 nukleotidokoak) osaturiko mikrosateliten edo STR (Short Tandem Repeat) izeneko sekuentziak aurki daitezke. STRak oso polimorfikoak (aldakorrak) dira eta, hortaz, oso baliagarriak dira populazioen biologiaren zenbait aplikaziotan, geroago ikusiko dugunez.

Gure lan-taldea esperientzia handia du markatzaileen bidezko etxabereen populazioen aldakortasun genetikoaren analisi eta ebaluazioan. Izan ere, Euskal Herriko ezaugarri orografikoengatik batetik, eta hemengo baserriar eta abeltzainen bertako arrazak mantentzeko egin duten esfortzuarri esker bestetik, bertako arrazak mendeetan mantendu izan dira gure ingurunean. Bertako 15 arraza ditugu, hauetatik 6 arriskuan eta 7 egoera kritikoan kontserbazioari dagokiola. Bestalde, hauetako arraza batzuetan, hauen ekoizpena handitzeko helburuarekin, Hasle Elkarrekin Hobekuntza Planak burutzen ari dira, Aldundien eta Jaurlaritzaren laguntzaz. Hobekuntza Plan guztiak genealogia eta ekoizpen-datuetan oinarrituta daude, hautespenarekiko erantzuna gutxituko luketen akats genealogikoak saihestea ezinbestekoa da. Hortaz, gure arrazen Kontserbazio eta Hobekuntza Planetan baliagarria izango den sistema genetiko baten garapena planteatu genuen STR izeneko markatzaile genetiko polimorfikoetan oinarrituta.

Lan hau aurrera eramateko STRen hautaketa modu errazean azal daiteke. Sekuentzia labur hauek PCR (Polimerasaren erreazio kateatua) bidez aplikatu daitezke, DNA kuantitate txiki batekiko sekuentzia hauen oso kopuru handia lortuz. Honek ondorengo analisi guztiak asko erraztuko ditu. PCR teknikak bestalde, STR bat baino gehiago aldi berean aplikatzeko aukera ematen du. Hortaz, genomaren eskualde (locus) desberdinetako informazioa aldi berean eskura-

tzeko bidea ematen digu. Gainera, azkeneko urteetan garatu den teknologiarri esker, fluorokromo desberdinekin markatutako DNA-zati edo aleloen (locus jakin batean indibiduo desberdinek izan ditzaketen sekuentzia desberdinak) aldi-bereko detekzioa baimentzen duten aparatua garatu dira. Gure kasuan ABI-Prism 310 izeneko analizatzaile genetiko, alelo desberdinen bereizmenarako elektroforesi kapilarra burutzen duen, eta laserraren bidez alelo desberdinak detektatzeko gai den aparatua erabiltzen dugu. Aparatu honek modu informatizatuan aurkeztu ditu emaitzak. Honek guztiak analisisen abiadura, estandarizazioa eta batez ere kalitatea bermatzen du.

Puntako teknologia honekin STR bidezko bereizmen handiko sistema garatzea da gure helburua, animalien identifikatzearen kontrol eraginkor baten bila. Honek batez ere aitatasunaren determinazioarako itzelezko abantaila esan nahi du. Lehen esandakoaren arabera STRak oso aldakorrak dira (5-10 alelo locus-ko), eta erabilitako teknologia 11-12 locus aldi-bereko azterketarako bidea ematen digu. Hortaz, indibiduo desberdinak genetikoki identifikatzeko ahalmen handia izango dugu eta kume batek ar jakin bat aitatzat duen probabilitate handiz baieztatzeko modua. Bestalde, indibiduo hauek osotutako populazioen aldakortasuna kuantifikatzeko gai izango gara. Azkenik populazio desberdinak erkatuz gero, hauen arteko erlazioak aztertzeko gai izango gara, ezagutza hau oso garrantzitsua izan baitaiteke gure arrazen historia ebolutiboa ezagutzeko.

Gure asmoa ondokoa da: ahal den heinean gure zerbitzuekin abeltzainen beharrezan erantzuna ematea eta gure emaitzak lehenengo mailako sektorearen garapenerako baliagarriak izatea. 

Proiektuaren izenburua:

Euskal Autonomi Erkidegoko bertako ardi- eta zaldi-arrazen identifikaziorako eta aitatasunaren determinaziorako bereizmen handiko sistema genetiko baten garapena.

Helburua:

Bertako ardi- eta zaldi-arrazen buruak banaka identifikatzeko eta genealogien edo famili harremanen kontrolerako baliagarria izango den DNA mikrosateliten (STR) bidezko sistema genetiko baten garapena. Bai identifikazio indibiduala zein genealogien kontrola nahitaezkoak dira Hobekuntza- eta Kontserbazio-programetan inplikaturiko animalien maneiu zuzenerako.

Finantzazioa:

Eusko Jaurlaritzako Industria Saila, EHU.

Zuzendaria:

Andone Estonba

Ikerketa-taldea:

Irakasleak: Andone Estonba eta Begoña Jugo.
Bekadunak: Ainhoa Solis eta Fernando Rendo.

Departamentua:

Animali Biologia eta Genetika Saila.

Fakultatea:

Leioako Zientzi Fakultatea.

Genez (hots, produktu bat, adib. proteina bat, emateko irakurtarau bat osotzen duten sekuentziez) aparte, genomaren eskualde batzuetan guretzat inolako esanahirik ez duten sekuentziak agertzen dira. Sekuentzia hauen funtzio-eza abantaila bihurtu daitezke batzuetan, indibiduotik indibiduora desberdintasunak izan baititzakete, eta hortaz indibiduen markatzaile espezifikoak har baitaitezke. Sekuentzia hauen artean tandemean (bata besteari jarraian) kokaturik