

Suomalaisissa Yorkshire-karjuissa esiintyvä siittiöiden puolihäntäsyndrooma

Anu Sironen¹, Magnus Andersson², Pekka Uimari³, Johanna Vilkki¹

¹ MTT/Eläinjalostus, 31600 Jokioinen, anu.sironen@mtt.fi

² Eläinlääketieteellinen tiedekunta, Helsingin Yliopisto, 04920 Saarentaus, magnus.andersson@helsinki.fi

³ Perinnöllisyystieteen osasto, PL 56, 00014 Helsingin Yliopisto, pekka.uimari@helsinki.fi

Siittiöiden puolihäntäsyndrooma on karjujen hedelmättömyyteen johtava sairaus, jolle on ominaista siittiöiden täydellinen liikkumattomuus ja puolihäntäisyys. Ongelma on havaittu ensimmäisen kerran suomalaisessa Yorkshire-kannassa 1987, mutta 90-luvun lopussa se yleistyi nopeasti ja lokakuuhun 2001 mennessä on havaittu 53 sairasta karjua. Oireen oletetaan johtuvan autosomaalisesta resessiivisestä mutaatiosta, joka on levinnyt yhdeltä esivanhemmalta koko populaatioon sukusiitosasteen kasvaessa.

Koska mutaation oletetaan syntyneen melko äskettäin ja periytyneen yhdeltä esivanhemmalta kaikille sairaille yksilöille, sairaiden karjujen pitäisi olla mutaation suhteen homotsygootteja ja homotsygotian pitäisi näkyä myös mutaation lähellä sijaitsevilla DNA-markkereissa. Geenivirhettä lähdeettiin paikantamaan homotsygotiakartoituksella vertaamalla yhdestätoista terveestä ja sairaasta yksilöstä koottuja DNA pooleja keskenään. Koko sian autosomaalinen kromosomisto kartoitettiin käyttäen 228 mikrosatelliittimarkkeria. Yksi markkeri (SW2411) sian kromosomissa 16 osoitti selvää heterogeenisyyden vähenemistä sairailta yksilöillä verrattuna terveisiin karjuihin. Tulos testattiin tyypittämällä yksilönäytteet karjuista ja lähes kaikki sairait karjut osoittautuivat homotsygooteiksi yhden alleelin suhteen, kun taas terveillä yksilöillä esiintyi useita alleeliyhdistelmiä.

Kyseistä kromosomialuetta lähdeettiin kartoittamaan tarkemmin kytkenäanalyysillä. Analyysiä varten etsittiin uusia markkereita markkerin SW2411 läheisyydestä ja kerättiin lisää näytteitä sairaiden karjujen vanhemmista ja sisaruksista. Perheaineisto tyypitettiin viiden lähekkään sijaitsevan markkerin suhteen. Nämä markkerit kattoivat 16 cM:n alueen kromosomissa 16 ja kolme näistä kytkettiin sairauteen (Kuva 1). Kytkenä- ja haplotyyppianalyysin avulla tautigeenin todennäköinen sijainti saatiin rajattua n. 3 cM:n alueelle sian kromosomissa 16.

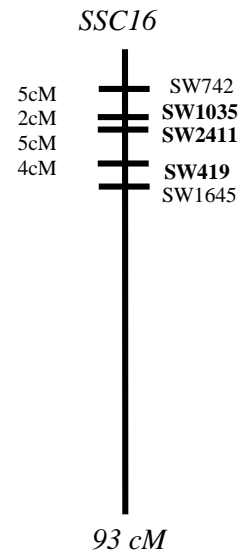
Tällä hetkellä pystytään oireeseen kytkettyjen markkerien haplotyyppin perusteella määrittämään, ovatko puolihäntäsiittiökarjujen sukulaiset tai tunnettujen kantajien jälkeläiset sairaita tai kantajia. Fabalabissa on aloitettu kantakokeeseen tulevien karjujen ja niiden vanhempien testaus puolihäntäsyndrooman poistamiseksi populaatiosta.

Kuva 1

Sian kromosomi 16 ja kytkenäkartoituksessa käytettyjen markkerien paikat, nimet ja etäisyydet toisistaan. Tummennetut markkerit kytkettyvät karjujen siittiöiden puolihäntäsyndroomaan. Faban puolihäntäanalyysissä käytetään markkereita SW2411 ja SW419.

Andersson M., Peltoniemi O., Mäkinen A., Sukura A. & Rodriguez-Martinez H. 2000. The hereditary 'Short tail' sperm defect – A new reproductive problem in Yorkshire boars. *Reprod Dom Anim* 35: 59-63.

Sironen A., Andersson M., Uimari P. & Vilkki J. Mapping of an immotile short tail sperm defect in Finnish Yorkshire on porcine Chromosome 16. *Painossa*.



Kuva 1