Zeitschrift: Schweizer Archiv für Tierheilkunde SAT : die Fachzeitschrift für Tierärztinnen und Tierärzte = Archives Suisses de Médecine Vétérinaire ASMV : la revue professionnelle des vétérinaires

Herausgeber: Gesellschaft Schweizer Tierärztinnen und Tierärzte

Band: 109 (1967)

Heft: 7

Artikel: Le polymorphisme biochimique et la recherche en paternité chez le cheval

Autor: Baer, A.

DOI: https://doi.org/10.5169/seals-589969

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Mehr erfahren

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. En savoir plus

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. Find out more

Download PDF: 11.12.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

Institut de Zootechnie de l'Université de Berne (Directeur: Prof. Dr. W. Weber)

Le polymorphisme biochimique et la recherche en paternité chez le cheval

Par A. Baer

Le polymorphisme est un phénomène très largement répandu dans la nature, puisque d'après Ford (1945) et Crow (1961), on peut le définir comme «La présence dans un même habitat de plusieurs formes discontinues d'une même espèce, et dont la fréquence et l'équilibre sont trop grands pour être maintenus par des mutations récurrentes». On peut donc admettre que Darwin déjà avait constaté l'existence de ce phénomène lors de ses observations sur les oiseaux des îles du Pacifique.

Au cours de ces dix dernières années, des méthodes nouvelles ont permis d'établir au sein d'un même groupe animal, «plusieurs formes discontinues» parmi l'hémoglobine, les protéines du sérum et du lait, et parmi certains enzymes (amylases et estérases surtout) qu'on a appelées, par extension, polymorphismes biochimiques. Le plus intéressant parmi ceux-ci est indiscutablement celui des protéines sériques dont la première observation fut possible grâce à la technique développée par Smithies (1955). Il s'agit d'une électrophorèse sur gel d'amidon qui est le support électrophorétique au plus grand pouvoir de résolution connu. En plus de la séparation purement électrophorétique due aux charges électriques des molécules, celles-ci ont une vitesse de migration inversement proportionnelle à leurs dimensions; c'est-à-dire qu'à charges électriques identiques, deux molécules de dimensions différentes migreront à des vitesses plus variables que ce n'est le cas des électrophorèses sur papier ou sur feuille de cellulose.

La possibilité d'identifier un ou plusieurs gènes responsables de ces polymorphismes ouvre un champ important d'applications pratiques: «marqueurs» dans les études de génétique pure, ils permettent aussi d'établir la stabilité de génotypes ou, au contraire, leur évolution adaptative et leur corrélation avec d'éventuelles caractéristiques zootechniques, ce qui peut être très utile à l'éleveur.

Comme on admet généralement que les polymorphismes sont provoqués par des allèles multiples d'un seul locus[1] (Smithies et Hickmann, 1958), et que plusieurs allèles sont présents au sein d'une même population, ils sont des auxiliaires précieux pour la recherche d'ascendance, surtout quand la détermination des groupes sanguins est insuffisante.

Enfin ils fourniront à l'anatomie comparée des compléments utiles dans les études philogénétiques où les degrés de parenté entre espèces contemporaines pourront être déterminés avec une plus grande précision.

Le but de la présente étude était de savoir si, à l'aide du polymorphisme

[1] La terminologie de «locus» a été préférée à celle de «lieu».

des protéines sériques uniquement, il est possible d'établir l'ascendance d'un cheval avec suffisamment de certitude pour le cas où une éventuelle recherche en paternité serait exigée. Cette étude paraissait d'autant plus justifiée que chez le cheval, le polymorphisme d'une β-globuline, la transferrine, représente 21 phénotypes possibles, et que les méthodes d'investigation sont bien plus simples que celles des groupes sanguins.

Matériel et méthodes

Les 320 chevaux de selle examinés étaient tous patients à la clinique de médecine interne de l'hôpital vétérinaire de Berne. Il s'agissait pour la plupart de demi-sang; aucune race n'était plus représentée qu'une autre, si ce n'est peut-être une légère prédominance de sang polonais.

La technique électrophorétique utilisée sur gel d'amidon horizontal et celle de la coloration des protéines par l'amido-black sont celles de Braend et Stormont (1964). La mise en évidence des haptoglobines par peroxydation de la benzidine fut réalisée selon Smithies (1955), et celle des céruloplasmines par oxydation de la P.P.D. (Paraphenylendiamine) selon Uriel (1963).

Notation et identification

Les différents allèles sont indiqués par des lettres (majuscules ou minuscules selon les espèces animales) placées exponentiellement au nom de la protéine polymorphique. Le tableau 1 indique les polymorphismes biochimiques des protéines sériques étudiés à ce jour.

En consultant ce tableau, on constate que le polymorphisme aux génotypes les plus nombreux est celui des transferrines, β_1-globulines qui déchargent la ferritine de son fer pour le transporter à l'hémoglobine (Riva, 1960). Comme notre étude est essentiellement basée sur des examens de routine, nous n'avons pas examiné systématiquement les préalbumines, les albumines et les postalbumines (ces dernières sont probablement des α_0-globulines) qui exigent des méthodes d'examens légèrement différentes de celles des transferrines.

Les hémoglobines n'ont pas été étudiées, car nous n'avons pu disposer que de sérums. Mais une autre étude d'une centaine d'hémoglobines a donné des résultats tous identiques, soit A_1-A_2 (Baer). Les autres possibilités sont rarissimes (Osterhoff, 1966).

Le seul polymorphisme qui puisse être utile pour une recherche simple en paternité est donc celui des transferrines.

Chaque gène est responsable de deux bandes de migration également espacées qui apparaissent lors de l'électrophorèse. Les 6 phénotypes homozygotes ont une vitesse de migration différente. Le plus rapide, Tf D/D se trouve juste derrière les α-globulines; le plus lent, Tf R/R juste devant les slow α_2-globulines. Les autres phénotypes, Tf F/F, Tf H/H, Tf M/M et Tf O/O sont intercalés entre Tf D/D et Tf R/R. Les 15 phénotypes hétérozy-

Tableau 1 Polymorphismes biochimiques chez le cheval

Protéines sériques	Locus	Allèles	Génotypes[1]	Auteurs
Préalbumines	Pa	Pa^A; Pa^B	3	Ashton 1958
Albumines	Al	Al^S; Al^F	3	Braend 1964
Postalbumines	Pa	Pa^S; Pa^F	3	Ashton 1958
Transferrines	Tf	Tf D; F; H; M; O; R	21	Braend et Stormont 1964
Haptoglobines	Hp	Hp	1	Braend et Efremov 1965
Céruloplasmines[2]	–	–	1	Hesselholt 1966
Hémoglobines[3]	Hb	HbA_1; HbA_2	3	Cabannes et Serain 1955, Osterhoff 1966

[1] Pour n allèles, il y a $n+o$, $5n$ $(n-1)$ génotypes possibles (Jamieson 1965).

[2] Sur une centaine d'examens des céruloplasmines, nous avons observé 3 fois un dédoublement de la bande de migration habituellement unique. Dans 6 cas, une seconde bande de migration très lente est apparue. Comme la question de la transmission héréditaire n'a pas pu être éclaircie, il serait prématuré de parler d'un polymorphisme, une simple polymérisation moléculaire étant aussi possible (Uriel 1963).

[3] Les dernières études du polymorphisme des hémoglobines chevalines ont montré l'apparition de phénotypes, notés A_1^+–A_2^- ou A_1^-–A_2^+, dont les allèles ne sont pas encore très bien identifiés (Osterhoff 1966).

gotes se traduisent par la combinaison des types homozygotes, soit 4 bandes. L'identification des différents types a été réalisée par comparaison avec des sérums obligeamment fournis par le Dr. M. Braend, à Oslo.

Résultats et discussion

Les résultats obtenus figurent dans le tableau 2. Le calcul de la fréquence des gènes a été réalisé, pour le gène Tf^D par exemple, selon la formule:

$$q_{Tf}D = \frac{2\,\text{Tf D/D} + \text{Tf D/F} + \text{Tf D/H} + \text{Tf D/M} + \text{Tf D/O} + \text{Tf D/R}}{2\,N}$$

où Tf D/D, Tf D/F, Tf D/H, etc. représentent les nombres d'individus de phénotypes Tf D/D, Tf D/F, Tf D/H rencontrés, et N est le nombre total d'individus examinés. Vu que N est relativement petit (320), les valeurs des fréquences des gènes ne peuvent pas être définitives. Pour cette même raison, les valeurs observées des différents phénotypes n'ont pas été comparées avec les valeurs théoriques qu'on pouvait attendre.

D'après le tableau 2, on constate que par leur fréquence élevée, les gènes Tf^D et Tf^F doivent se retrouver à eux seuls dans plus de 60% des 21 génotypes. C'est un grand désavantage pour les recherches en paternité, car les possibilités d'exclusion d'un géniteur suspect sont bien moins nombreuses qu'avec une répartition uniforme des fréquences géniques.

Dans les deux cas suivants[1], choisis parmi le seul élevage chevalin helvé-

[1] L'analyse des phénotypes de ces chevaux n'est pas comprise dans les résultats du tableau 2.

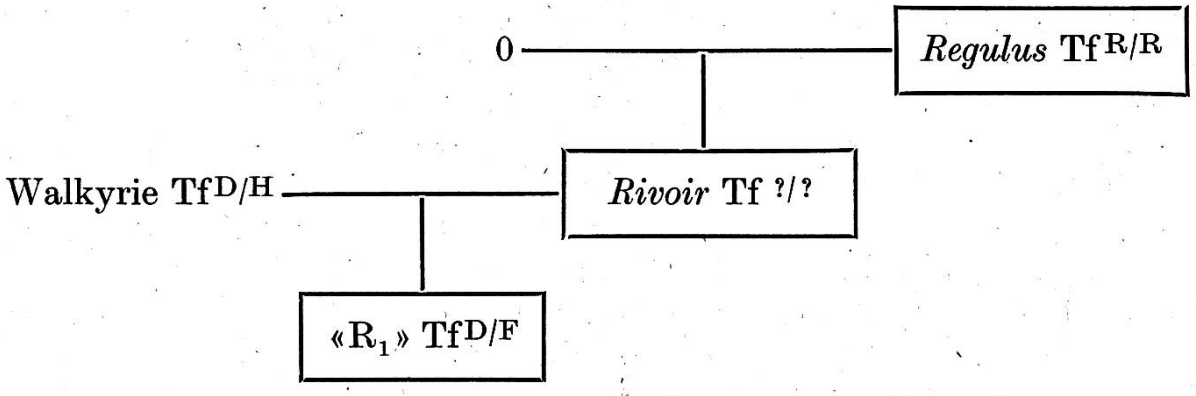
Tableau 2 Fréquences des phénotypes des 320 chevaux de selle examinés

Phénotypes	Nbres. rencontrés	Fréquence des phénotypes en %	Fréquence des gènes
Tf D/D	47	14,57	
Tf D/F	42	13,02	
Tf D/H	25	7,75	
Tf D/M	4	1,24	$p_{TfD} = 0,297$
Tf D/O	7	2,17	
Tf D/R	18	2,58	
Tf F/F	48	14,88	
Tf F/H	33	10,33	
Tf F/M	14	4,34	$q_{TfF} = 0,348$
Tf F/O	10	3,10	
Tf F/R	28	8,68	
Tf H/H	18	5,58	
Tf H/M	4	1,24	
Tf H/O	1	0,31	$r_{TfH} = 0,173$
Tf H/R	12	3,72	
Tf M/M	1	0,31	
Tf M/O	–	–	$s_{TfM} = 0,038$
Tf M/R	–	–	
Tf O/O	3	0,93	$t_{TfO} = 0,038$
Tf O/R	–	–	
Tf R/R	5	1,55	$u_{TfR} = 0,106$

tique digne de ce nom, celui du Cheval du Jura, on a cherché à établir dans l'exemple No 1, le génotype d'un étalon uniquement à l'aide de sa parenté directe au cas où on ne pourrait pas obtenir du sérum de l'animal (décès par exemple).

Dans l'exemple No 2, on a supposé qu'un autre étalon que *Rauraque* pouvait être le père du poulain «V_1» ou de la pouliche «c_1», et on a essayé d'établir la paternité légitime.

Exemple No 1: Rivoir est l'étalon dont on cherche à établir le génotype.

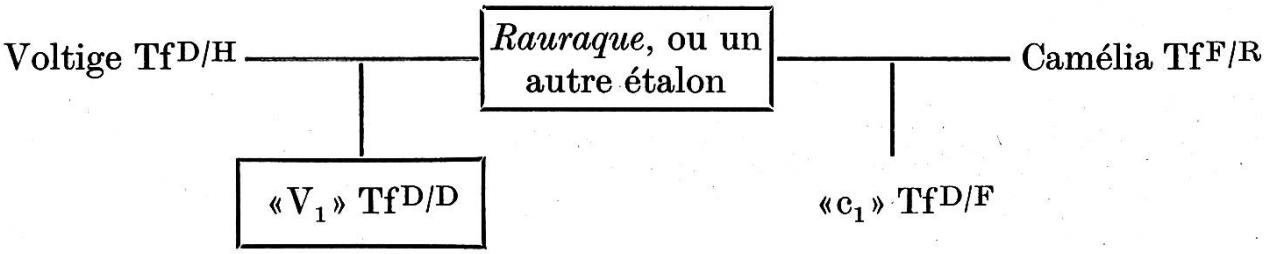


Regulus possède le génotype $Tf^{R/R}$, homozygote, dont au moins un gène Tf^{R} doit se retrouver chez *Rivoir*.

Le poulain «R_1» et sa mère ne possédant pas le gène Tf^R, on peut en conclure qu'il est au stade hétérozygote chez *Rivoir*.

Comme «R_1» possède le gène Tf^D hérité de sa mère, et le gène Tf^F que celle-ci ne possède pas, on peut assurer que le génôme de *Rivoir* contient le génotype hétérozygote $Tf^{F/R}$. Ainsi tout descendant direct de cet étalon doit posséder l'un de ces deux gènes (ou les deux selon le génotype de sa mère).

Exemple No 2



Le poulain «V_1» ne peut posséder le génotype homozygote $Tf^{D/D}$ que si son père possède le gène Tf^D qui se trouve au stade hétérozygote chez sa mère. Même conclusion à partir de la pouliche «c_1» qui possède le gène Tf^D, absent chez sa mère.

Donc le génôme des deux étalons doit posséder Tf^D, mais on ne peut pas en dire plus, le second gène pouvant aussi bien être Tf^D, Tf^F, Tf^H que Tf^M, Tf^O ou Tf^R. Même en connaissant le génotype de *Rauraque* ($Tf^{D/F}$), on ne peut pas affirmer qu'il est le père de «V_1» ou de «c_1».

Mathématiquement, si on connaît les génotypes des parents, il est possible de calculer les «fréquences théoriques d'exclusion»: impossibilité relative pour certains gènes de figurer au génôme des descendants de la première génération. Ces calculs sont basés sur la fréquence des gènes, *pour une population donnée* (Gahne, 1961). Il est ainsi possible d'estimer les exclusions géniques paternelles lorsque plusieurs étalons sont suspectés. Le tableau 3, établi d'après Gahne (1961) montre trois exemples (parmi les 406 combinaisons possibles de génotypes avec 6 allèles co-dominants), où

Tableau 3 Exemples d'accouplements pour calculer la «fréquence d'exclusion» génique paternelle

Jument		Etalon		Fréq. des accouplements	Diff. types de Tf. possibles	Exclusion génique paternelle		«Fréq. d'exclusion»
Tf.	Fréq.	Tf.	Fréq.			Tf.	Fréq.	
M/R	2su	M/M	s^2	$2sus^2$	M/M; M/R	D; F; H; O; 0,5R	p+q+r+t+o,5u	$2sus^2$ (p+q+r+t+o,5u)
D/D	p^2	D/F	2pq	$p^2$2pq	D/D; D/F	H;M;O;R	r+s+t+u	$p^2$2pq (r+s+t+u)
F/H	2qr	D/R	2pu	2qr 2pu	D/F; D/H F/R; H/R	F;H;M;O	q+r+s+t	2pu2qr (q+r+s+t)

p, q, r, s, t et u correspondent aux fréquences des gènes Tf^D, Tf^F, Tf^H, etc.

La somme des «fréquences d'exclusion» traduit d'une façon générale les possibilités d'éliminer un étalon suspect. Jamieson (1965) en a établi la formule pour n allèles:

$$P_n = \Sigma p\,(1-p)^2 - \sum_{i>j}(p_i p_j)^2 \cdot [4-3\,(p_i + p_j)]$$

Appliquée à la présente étude, P = 31,7%.

S'appuyant sur les résultats présentés ici, on pourrait penser que la diversité des races examinées fournit une moyenne des fréquences géniques utilisables pour généraliser la valeur de la «fréquence d'exclusion», soit environ 30%. Malheureusement, les fréquences géniques varient beaucoup d'une race à l'autre; il n'y a qu'à jeter un coup d'œil au tableau 4 pour s'en rendre compte.

Tableau 4 Comparaisons des fréquences géniques entre races

Races	Fréquences					
	p_{TfD}	q_{TfF}	r_{TfH}	s_{TfM}	t_{TfO}	u_{TfR}
Cheval d'Islande[1]	0,20	0,27	0,07	0,01	0,25	0,20
Cheval norvégien[2]						
Döle	–	0,234	0,075	–	0,020	0,668
Fjord	0,149	0,620	–	–	0,038	0,192
Cheval du Jura[3]	0,292	0,340	0,140	0,003	0,007	0,220
Chevaux de selle de races variées	0,297	0,348	0,173	0,038	0,038	0,106

[1] Hesselholt (1966)
[2] Braend (1964)
[3] Baer Valeurs provisoires: 140 chevaux seulement ont été examinés

Ainsi, sans être d'une très grande utilité pour la recherche en paternité *pour une population chevaline hétérogène*, le polymorphisme biochimique peut permettre d'établir les rapports entre différents écotypes. Mais nous pensons que sa plus grande utilité réside dans les possibilités qu'il peut fournir aux études des mutations génétiques. Les différentes molécules polymorphiques sont les résultats de mutations, qui ont agi au départ sur une seule molécule, de transferrine par exemple. En établissant la séquence des acides aminés de ces molécules, on peut établir leur «matrice», que porte l'acide désoxyribonucléique (A.D.N.), et en comparant les résultats avec ceux d'autres espèces animales on pourra mieux comprendre les phénomènes de l'évolution. Cela a déjà été le cas grâce aux études du polymorphisme des hémoglobines.

Résumé

Après une très succinte analyse des polymorphismes biochimiques du sérum équin pouvant être utiles à la recherche en paternité, l'auteur considère que seul celui des

transferrines peut être utilisé, car il se traduit par 21 phénotypes facilement déterminables par une technique de routine (amido-électrophorèse). L'examen des phénotypes de 320 chevaux de selle demi-sang de races très hétérogènes est rapporté; les fréquences géniques établies sont: $p_{Tf}D = 0{,}297$; $q_{Tf}F = 0{,}348$; $r_{Tf}H = 0{,}173$; $s_{Tf}M = 0{,}038$; $t_{Tf}O = 0{,}038$; $u_{Tf}R = 0{,}106$.

A l'aide de ces valeurs, les possibilités de résoudre un cas de paternité sont mathématiquement estimées. La «fréquence d'exclusion» est d'environ 30%. Mais les fréquences géniques étant propres à chaque race, l'auteur conclut qu'une telle valeur n'est valable qu'au sein d'une population homogène.

Zusammenfassung

Nach einer kurzen Analyse der für eine Vaterschaftsuntersuchung brauchbaren biochemischen Polymorphismen des Pferdeserums kommt der Verfasser zum Schluß, daß nur der Polymorphismus der Transferrine nützlich sein kann, weil er aus 21 Phenotypen besteht, deren Bestimmung durch eine Routinemethode leicht ist (Stärkeelektrophorese). Die Untersuchungsergebnisse der Phenotypen von 320 Reitpferden, Halbblut von ganz verschiedenen Rassen, werden angegeben. Die festgestellten Genfrequenzen sind folgende: $p_{Tf}D = 0{,}297$; $q_{Tf}F = 0{,}348$; $r_{Tf}H = 0{,}173$; $s_{Tf}M = 0{,}038$; $t_{Tf}O = 0{,}038$; $u_{Tf}R = 0{,}106$.

An Hand dieser Werte werden die Möglichkeiten einer zweifelhaften Vaterschaft mathematisch eingeschätzt. Die «Exclusionsfrequenz» beträgt etwa 30%. Da die Genfrequenzen für jede Rasse verschieden sind, stellt der Verfasser fest, daß solche Werte nur für eine homogene Population gültig sind.

Riassunto

Dopo una breve disamina dei poliformismi biochimici del siero di cavallo usabili per una ricerca di paternità, l'autore giunge alla conclusione, che solo il polimorfismo delle transferrine può esser utile, poiché si compone di 21 fenotipi, la cui identificazione, con un metodo di facile applicazione, è possibile (elettroforesi degli amidi). I risultati dell'esame dei fenotipi di 320 cavalli da sella, mezzosangue di varie razze, sono indicati. Le frequenze dei geni rilevate sono le seguenti: $p_{Tf}D = 0{,}297$; $q_{Tf}T = 0{,}348$; $r_{Tf}H = 0{,}173$; $s_{Tf}M = 0{,}038$; $t_{Tf}O = 0{,}038$; $u_{Tf}R = 0{,}106$.

Sulla scorta di questi valori si valutano matematicamente le possibilità di una dubbia paternità. La frequenza di esclusione corrisponde a circa il 30%. Poichè le frequenze dei geni sono diverse per ogni razza, l'Autore rileva che simili valori sono attendibili solo per una popolazione omogenea.

Summary

After having briefly described the biochemical polymorphisms of the equine serum that could be useful for the search of paternity, the author states that only the transferrins can be used because they express themselves in 21 phenotypes that are easily determinable by a routine method (Starchelectrophoresis).

320 phénotypes of half-bred horses from various origins have been examined. The frequences of the genes that were established are: $p_{Tf}D = 0{,}297$; $q_{Tf}F = 0{,}348$; $r_{Tf}H = 0{,}173$; $s_{Tf}M = 0{,}038$; $t_{Tf}O = 0{,}038$; $u_{Tf}R = 0{,}106$. With the aid of these values, the possibilities of solving a dubious case of parentage are mathematically estimated. The «frequency of exclusion» is about 30%. But as each breed has its own frequences of genes, the author concludes that such a value only holds good for a homogeneous population.

Bibliographie

Ashton G.C.: Nature *182*, 1029 (1958). – Braend M.: Nord. Vet. Med. *16*, 363 (1964). – Braend M. et Stormont C.: Nord. Vet. Med. *16*, 31 (1964). – Braend M. et Efremov G.: Proc. 9th. Eur. Anim. Blood Group Conf. 253 (1965). – Cabannes R. et Serain C. R.: Soc. Biol. Paris, *149*, 1193 (1955). – Crow F.F.: Amer. J. Hum. Genet. *13*, 137 (1961). – Ford E.B.: Biol. Rev. *20*, 73 (1945). – Gahne B.: Anim. Prod. *3*, 135 (1961). – Hesselholt M.: Acta Vet. scand. *7*, 206 (1966). – Jamieson A.: Heredity (Lond.) *20*, 419 (1965). – Osterhoff D.R.: Texte manuscript présenté au 10th. Eur. Anim. Blood Group Conf. Sous presse (1966). – Riva G.: Das Serumeiweißbild, 157. Huber Verlag. 2. Auflage (1960). – Smithies O.: Biochem. J. *61*, 629 (1955). – Smithies O. et Hickmann G.C.: Genetics *43*, 374 (1958). – Uriel J.: Ann. N.Y. Acad. Sc. *103*, 493 (1963).

Remerciements

Nous tenons à remercier particulièrement le Dr. M. Braend pour les sérums typisés qu'il a envoyés à notre institut.

Notre gratitude va également au Dr. B. Charmillot, qui nous a fourni les sérums des différentes lignées d'élevage de la région de Bellelay, ainsi qu'au Dr. H. Gerber qui a mis à notre disposition les sérums des 320 chevaux de selle.

Zur Beurteilung der hygienischen Qualität der Anlieferungsmilch mit Hilfe neuer Methoden. Von A. Tolle, H. Zeidler und W. Heeschen. Milchwiss. *21*, 757–763 (1966).

Die hygienische Qualität der Anlieferungsmilch läßt sich vor allem durch folgende drei Kriterien bestimmen: 1. den Zellgehalt der Milch als Ausdruck des Gesundheitszustandes des Euters; 2. den Keimgehalt als Indikator für die hygienischen Bedingungen bei der Gewinnung, Aufbewahrung und dem Transport der Milch; 3. den Gehalt an biologisch aktiven Fremdstoffen, vor allem an Antibiotika.

Die Verfasser beleuchten die ersten beiden Kriterien. Der Zellgehalt der Anlieferungsmilch stellt einen Ausdruck für die vom Euter bestimmte hygienische und technologische Qualität der Milch dar. Bisher fehlte eine rasche, exakte Methode zur Bestimmung des Zellgehaltes in der Milch. Die Verfasser überprüften deshalb die Brauchbarkeit der elektronischen Zellzahlbestimmung mittels *Coulter Counter* auf ihre Anwendbarkeit bei der Kontrolle der Anlieferungsmilch. Nach geeigneter Vorbereitung der Milch und Fixierung der Leukozyten mit Formalin können diese mit dem *Coulter Counter* sehr rasch und genau gezählt werden. Dieses Verfahren ist nicht nur bei Einzelmilchproben durchführbar, sondern auch bei Sammelmilchproben. Dabei muß allerdings der Grenzwert des Leukozytengehaltes zur Unterscheidung eines normalen und eines erhöhten Zellgehaltes etwas höher angesetzt werden. Die Verfasser schlagen für Sammelmilch einen Grenzzellgehalt von einer Million Zellen pro ml vor. Bei ihren Untersuchungen von 737 Beständen mußten 9,3% wegen erhöhten Leukozytengehaltes beanstandet werden.

Im Rahmen der Gütebewertung der Milch hinsichtlich ihres Keimgehaltes gelangen am häufigsten Reduktionsproben zur Anwendung. Diese Proben sind relativ einfach durchzuführen, können aber nur als sehr grobe Hinweise für den Keimgehalt der Milch bewertet werden. Das Kochsche Plattenverfahren – als klassische Methode zur Keimzahlbestimmung – liefert sehr genaue Resultate, ist aber mit erheblichem Zeit- und Kostenaufwand verbunden. Es wurde deshalb versucht, das Prinzip des Kochschen Plattenverfahrens mit der elektronischen Partikelzählung zu kombinieren. Da es sehr schwer ist, die individuellen Keime elektronisch zu zählen, wurden die Keime in Gußagar angezüchtet und die entstandenen Mikrokolonien nach entsprechender Fixierung als korpuskuläre Bestandteile elektronisch gezählt. Es ließen sich gute Übereinstimmungen zwischen den Resultaten der beiden Methoden zur Keimzahlbestimmung erzielen. Durch die elektronische Bestimmung des Zell- und Keimgehaltes von Anlieferungsmilch können innert kürzester Zeit Ergebnisse von hohem Aussagewert über die Qualität der Lieferantenmilch gewonnen werden. *G. Lott*, Zürich