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: 137 (1995)

Heft: 8

Artikel: DNS-Fignerprinting in Wildequiden- und Poitouzuchten

Autor: Werner, P. / Siegfried, J.-P. / Hübscher, U.

DOI: https://doi.org/10.5169/seals-593007

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: 09.12.2025

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

Institut für Veterinärbiochemie [1] der Universität Zürich und Präsident der Gesellschaft Schweizerischer Tierärzte [2]

DNS-Fingerprinting in Wildequiden- und Poitouzuchten

P. Werner [1], J.-P. Siegfried [2], U. Hübscher [1]

Seit 1970 trägt die Stiftung zur Erforschung der Tier- und Pflanzenwelt in Oberwil zur Erhaltung mehrerer Wildequiden bei, die vom Aussterben bedroht sind. Eines der Hauptziele ist es, durch die Zucht dieser Tiere eine Wiederansiedlung in neue Reservate zu ermöglichen. Ein erster Erfolg wurde bereits in der Lieferung eines Onager Hengstes nach Saudi-Arabien erzielt. In diesem Rahmen konzentriert sich die Zucht auf Tiere der Gattung Pferde (Equus), mit den Untergattungen Zebras, Grévyzebras, Halb- oder Pferdeesel, Esel und Wildpferde, wobei hauptsächlich Przewalskipferde, Onager, Grévy-Zebra, Somali- und Poitou-Esel gezüchtet werden. Die Zucht der Grévy-Zebras wurde jedoch aufgrund schlechter Reproduktion aufgegeben (Siegfried, 1991).

Die Pferde gehören zur Familie der Einhufer oder Pferdeverwandte (Equidae), welche die einzige Gruppe der Pferdeartigen (Untergattung Hippomorpha) ist, die bis heute überlebt hat. Die Einhufer haben wie alle Unpaarhufer ihren stammesgeschichtlichen Höhepunkt bereits überschritten. Sie gehören zu einer sterbenden Gruppe, die nur noch durch eine Tierart, das Steppenzebra mit drei Unterarten, in freier Wildbahn vertreten wird. Trotz vieler Zähmungsversuche hat der Mensch bei der Umwandlung zum Haustier nur beim Esel, als Abkömmling des Afrikanischen Wildesels und beim Pferd, als Abkömmling des Urwildpferdes, Erfolg gehabt.

Von den Wildpferden, die im Ältest- beziehungsweise Altquartär auftraten, lebt heutzutage nur doch das Przewalskipferd, auch als östliches Steppenwildpferd bezeichnet. Es ist in freier Wildbahn bereits ausgerottet und kann nur noch durch die Zucht in Tiergärten erhalten werden. Als Zuchtbasis dienten dabei 53 Tiere, die um die Jahrhundertwende nach Europa eingeführt wurden und wahrscheinlich wiederum Abkömmlinge nur eines Hengstes und vier Stuten sind.

Von den drei Unterarten des Afrikanischen Wildesels, der einzigen Art der Untergattung Esel, überlebte nur der Somali-Wildesel. Diese Unterart ist heute jedoch auch vom Aussterben bedroht, und es wird angenommen, dass nur noch wenige Tiere in Somalia und vielleicht in der Danakil Wüste (Äthiopien) leben.

Um das Überleben der Somali-Wildesel zu sichern, werden sie heute in Zoos gezüchtet, wobei die meisten dieser Tiere von Einfuhren der dreissiger Jahre stammen. Eine weitere Unterart der Wildesel, der heute ausgestorbene Nubische Wildesel, gilt neben den zwei anderen Unterarten als Hauptahne der heutigen Hausesel. Einer der grössten unter diesen Hauseseln ist der Poitou-Esel, eine Haustierart, die heute ebenfalls vom Aussterben bedroht ist.

Der Onager, eine Unterart des Asiatischen Wildesels, gehört zu der Untergattung der Halbesel oder Pferdeesel, ein eselähnlicher Einhufer mit pferdeartigen Merkmalen. Heute ist der Onager in seiner nordpersischen Heimat stark gefährdet. Die Tiere, die heute in den Zoos zu finden sind, stammen vorwiegend von einer Gruppe gefangener Wildesel aus dem Jahre 1954 ab, die aus elf erwachsenen und neun Fohlen bestand (Volf, 1972).

Da bei allen diesen gefährdeten Pferden die Zuchten in den Zoos auf einer sehr schmalen genetischen Grundlage beruhen, besteht die Gefahr einer steigenden Inzucht. Durch neue molekulargenetische Untersuchungsverfahren können die Tiere auf der genetischen Basis miteinander verglichen werden. Das heisst, je enger die Verwandtschaft der einzelnen Tiere, desto grösser die Übereinstimmung in den genetischen Mustern.

Bei der Erforschung von mehreren Genen entdeckte man repetitive Sequenzen (Jeffreys et al., 1985), bei denen sich herausstellte, dass ähnliche Sequenzen über das gesamte Genom relativ regelmässig verteilt sind. Individuelle Unterschiede zeigen sich jedoch in der Anzahl der repetitiven Sequenzen, was zu verschieden langen Allelen eines bestimmten Genlokus führt. Schneidet man nun diese Allele aus, trennt sie mit Hilfe eines Agarosegels der Länge nach auf und markiert sie, erhält man das klassische Fingerprintmuster (Schelling et al., 1991). Die einzelnen Banden, resp. Minisatellitenallele, werden nach den klassischen Mendelschen Regeln vererbt, das heisst, der Nachkomme erhält je ein Allel vom Vater und eines von der Mutter. Steigt nun die Verwandtschaft innerhalb einer Population an, sinkt der Polymorphismus, das heisst, die Vielfalt der Minisatellitenallele. Man kann deshalb sagen, je ähnlicher das DNS-Muster ist, desto grösser die genetische Verwandtschaft. Diese Ähnlichkeit lässt sich mit Hilfe eines Index (band-sharing) feststellen, der aus der Anzahl gemeinsamer Banden zweier

Individuen berechnet wird (Wetton et al., 1987; Lynch, 1990). Daraus lässt sich nun wiederum die Verwandtschaft innerhalb einer Population schätzen (Piper und Rabenold, 1992).

Als Unterstützung der Zucht von kleinen isolierten Populationen kann mit Hilfe des DNS-Fingerprintings der Grad der Verwandtschaft unter den Tieren ermittelt und damit Paarungen zusammengestellt werden, die eine

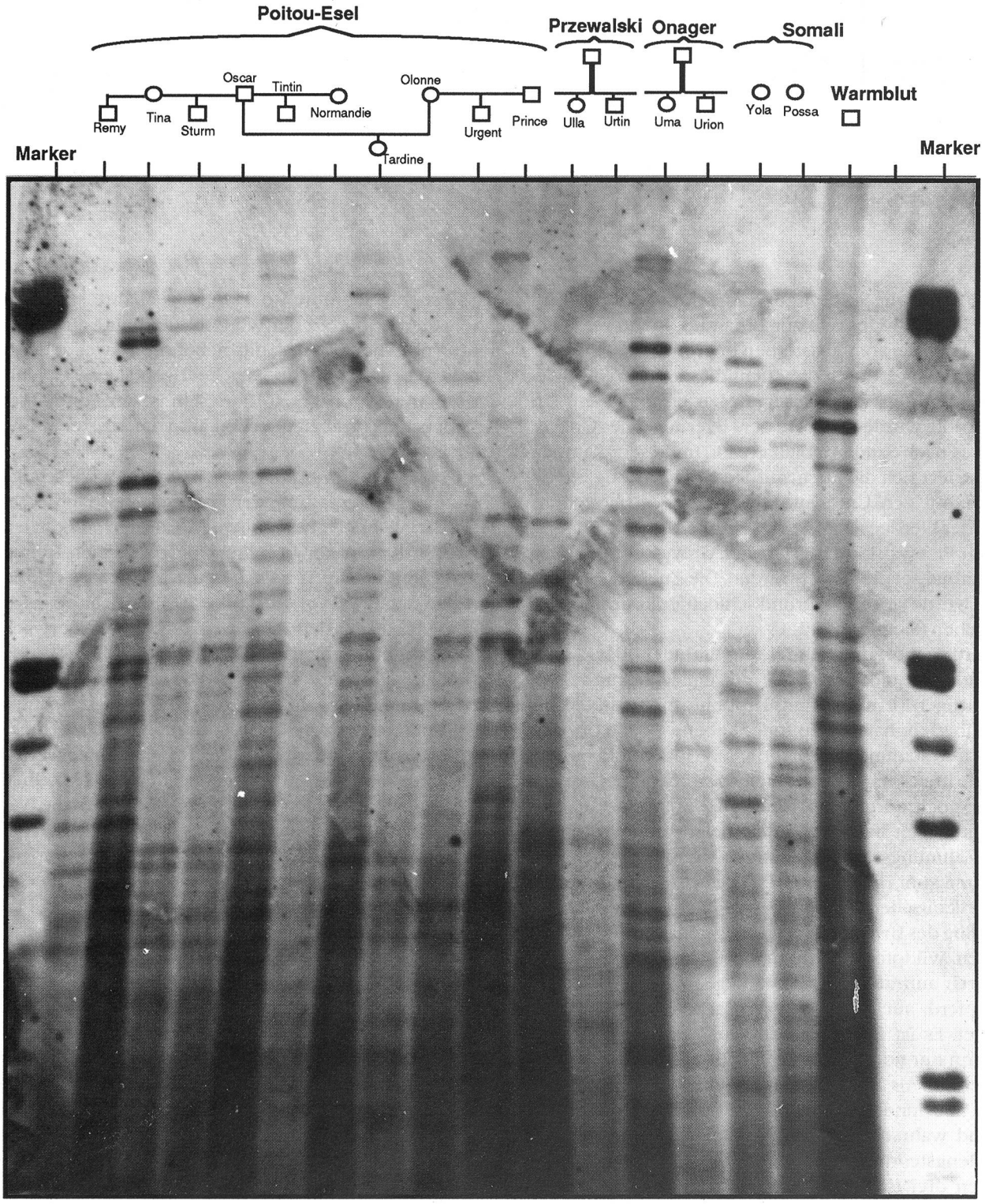

Abbildung 1: DNS-Fingerprint von verschiedenen Wildequiden, Poitou-Eseln und als Vergeich ein Warmblüter. Die DNS-Extraktion, die Verdauung mit HaeIII, die Agarosegel-Elektrophorese, der Transfer auf eine Nylonmembran und die anschliessende Hybridisierung wurden durchgeführt, wie im Detail in einer kürzlich erschienenen Dissertation beschrieben (Werner, 1994). Im Unterschied dazu, wurde hier ein nicht radioaktives Oligonukleotid $(GTG)_5$ als Sonde verwendet. Das Markieren der Banden wurde mit Chemilumineszenz (Epplen, 1991) durchgeführt.

breite genetische Basis innerhalb der Population erhalten. Diese Methode eignet sich auch um die Vaterschaft bei den Nachkommen zu ermitteln.

In Abbildung 1 ist ein solcher DNS-Fingerprint dargestellt, in dem einzelne Tiere der seltenen Pferde- und Eselsarten getestet wurden. Dabei wurden kleine Familien von Poitou-Eseln und je zwei Tiere, zum Teil Geschwister, der Somali-Wildesel, der Onager und der Przewalski-Wildpferde der Stamm-Stiftung getestet. Als Vergleich wurde zusätzlich ein Warmblüter getestet. Die DNS wurde mit dem Oligonukleotid $(GTG)_5$ hybridisiert und anschliessend mit Hilfe von Chemilumineszenz sichtbar gemacht (Epplen, 1991). Man beachte bei dieser nicht radioaktiven Methode, dass die Banden sehr scharf sind, dass leider aber auch stärkere Hintergrundsignale auftauchen.

Es ist ein deutlicher Unterschied in den Bandenmustern zwischen den einzelnen Arten erkennbar. Die Genmuster der Wildequiden variieren deutlich vom Muster der Warmblutpferde. Würde man eine grössere Anzahl Tiere je Art testen, was sich leider in dieser Arbeit als unmöglich erwies, liesse sich mittels dieser Methode die Verwandtschaft zwischen den einzelnen Arten ermitteln, was mit ähnlichen Methoden bereits durchgeführt wurde (Bowcock et al., 1994).

Die Bandenmuster innerhalb der Arten variieren nicht so stark, aber es lassen sich trotzdem Unterschiede erkennen. Es ist deutlich zu sehen, dass die Bandenmuster bei den Geschwistern der Onager und Przewalski-Pferde eine geringere Variation aufweisen als bei den Somali-Wildeseln, was auf die Verwandtschaft zurückzuführen ist. In den Familien der Przewalski-Pferde lässt sich die Mendelsche Vererbung der einzelnen Allele gut verfolgen. Das Fehlen von Bandenmustern bei drei der Tiere entsteht durch eine zu geringe Menge an DNS, so dass die einzelnen Banden zu schwach und deshalb nicht sichtbar sind.

Zusammenfassend kann man sagen, dass das DNA-Fingerprinting zur Unterstützung in der Zucht eingesetzt werden kann, um eine möglichst breite genetische Basis einer Zuchtpopulation zu erhalten.

Literatur

Bowcock A. M., Ruiz-Linares A., Tomfohrde J., Minch E., Kidd J. R., Cavalli-Sforza L. L. (1994): High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. Nature *368*, 455–457.

Epplen J. T. (1991): Paper Symposium: DNA Fingerprinting. Electrophoresis *12*, 103–230.

Jeffreys A. J., Wilson V., Thein S. L. F. (1985): Hypervariable minisatellite regions in human DNA. Nature *314*, 67–73.

Lynch M. (1990): The similarity index and DNA fingerprinting. Mol. Bio. Evol. 7, 478–484.

Piper W. H., Rabenold P. P. (1992): Use of fragment-sharing estimates from DNA fingerprinting to determine relatedness in a tropical wren. Molecular Ecology *1*, 69–78.

Schelling C. P., Thomann P. E., Hübscher U. (1991): DNA Diagnostik in der Tiermedizin: 1. DNA Fingerprinting. Schweiz. Arch. Tierheilk. *133*, 13–22.

Siegfried J.-P. (1991): Wildequidenhaltung und Zucht in der Stamm-Stiftung Oberwil. Der praktische Tierarzt *9*, 772–774.

Volf J. (1972): Einhufer oder Pferdeverwandte. In Grzimeks Tierleben, B. Grzimek, Kindler Verlag AG, Zürich. 541–574.

Werner P. (1994): Anwendung molekulargenetischer Analysemethoden beim Berner Sennenhund und beim Neufundländer. Inaugural-Dissertation der Veterinärmedizinischen Fakultät, Universität Zürich.

Wetton J. H., Royston E. C., Parkin D. T., Walters D. (1987): Demographic study of a wild house sparrow population by DNA fingerprinting. Nature *327*, 147–149.

Korrespondenzadresse: Prof. U. Hübscher, Institut für Veterinärbiochemie, Winterthurerstrasse 190, CH-8057 Zürich

Manuskripteingang: 16. Februar 1995