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: 142 (2000)

Heft: 3

Artikel: Charakterisierung von Schweizer-Neuweltkamelidenrassen mittels Mikrosatelliten-Markern

Autor: Rieder, S. / Bärlocher, H.U. / Jörg, H.

DOI: https://doi.org/10.5169/seals-590225

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: 08.08.2025

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

Charakterisierung von Schweizer-Neuweltkameliden-rassen mittels Mikrosatelliten-Markern

Institut für Nutztierwissenschaften, Gruppe Züchtungsbiologie, ETH Zürich
S. Rieder, H.U. Bärlocher, H. Jörg, Ch. Hagger, G. Stranzinger

Zusammenfassung

Molekulare Marker ermöglichen in Tierpopulationen die Beschreibung und Verfolgung derer genetischen Varianz auf Stufe DNS, erlauben die Abstammungskontrolle, geben Hinweise zur Erbfehlerdiagnostik und bei epidemiologischen Fragen und dienen nicht zuletzt als unterstützendes Hilfsmittel zum Erreichen von Zuchtzielen. Eine Stichprobe von insgesamt 76 in der Schweiz gehaltenen Neuweltkameliden wurde mittels sechs Mikrosatelliten-Markern molekulargenetisch typisiert und die Abstammung der Einzeltiere überprüft. Die Analyse der Allelfrequenzen, des Heterozygotiegrads, des polymorphen Informationsgehalts, der Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht und die Ausschlusswahrscheinlichkeit der Marker ergaben, dass die genetische Varianz trotz relativ kleiner Population hoch ist. Damit wäre in der Schweiz eine Basis für züchterische Arbeit auf bestimmte Eigenschaften bei diesen Tieren vorhanden. Die geschätzte genetische Distanz zwischen den verschiedenen Kameliden-Arten und -Rassen bestätigte die erwarteten Abstammungsverwandtschaften aufgrund des gemeinsamen phylogenetischen Ursprungs.

Schlüsselwörter: Neuweltkameliden – Mikrosatelliten – Abstammungskontrolle – Populationsparameter – Phylogenese

Characterization of Swiss new-world camelide breeds by microsatellites

Molecular markers allow a characterization of animal populations on DNA level. They help to estimate the genetic variability, they are useful in paternity control, to diagnose hereditary diseases, in epidemiology and last but not least support traditional tools to take breeding decisions. Seventy-six new-world camelides in Switzerland were genetically typed for six microsatellite markers and their parentage controlled. Calculation of allele frequencies, heterozygosity, polymorphism information content, deviation from Hardy-Weinberg equilibrium and exclusion probability of markers showed a high genetic variability within the chosen populations. This will allow selection for certain traits. The estimated genetic distance between different camelide species and breeds was in accordance with their expected phylogenetic origins.

Key words: New-world camelides – microsatellites – parentage control – population parameters – phylogenesis

Einleitung

Die höckerlosen Kleinkamele oder Neuweltkamele (NWK) der Gattung Lama wurden bis vor kurzem fast ausschliesslich in Südamerika gehalten. Sie erfreuen sich aber zunehmender Beliebtheit ausserhalb ihrer Ursprungsgebiete. Die Gattung Lama umfasst vier Subspezies, wovon zwei domestizierte – Lama glama (Llama), Lama pacos (Alpaka) – und zwei Wildarten – Lama guanicoe (Guanako), Lama vicugna (Vicuña). Nach wie vor gibt die Abstammung der domestizierten Arten aus den Wildarten zu Diskussionen Anlass. Mitochondriale DNS-Untersuchungen deuten auf die alleinige Herkunft des Lamas aus dem Guanako. Alpakas andererseits dürften aus einer Kreuzung von Guanako und Vicuña hervorgegangen sein (Kessler, 1997). Lamas werden seit jeher zum Transport von Erzen und Salz in den Hochanden verwendet. Daneben dienen sie traditionell der Fleischnutzung und kulturellen Zwecken. Bei den Alpakas steht die Wollproduktion im Vordergrund. Vicuñas und Guanakos wurden ihres weichen Vlieses wegen von die indigenen Bevölkerung gefangen und nach der Schur wieder freigelassen. In Europa, insbesondere auch in der Schweiz, sehen viele Halter diese genügsamen Tiere als interessanten Zweig in der landwirtschaftlichen Nischenproduktion (z.B. Landschaftspflege, Spezialprodukte) oder als Freizeittiere im Bereich von Aktivitäten, wie man sie ansonsten etwa bei Pferden oder Hunden kennt (Rieder, 1995).

Der Aufbau von Populationen «exotischer» Tierarten stellt neue Herausforderungen und Fragen bezüglich, Haltung, Hygiene, Biologie, Diagnostik und Therapie solcher Spezies. Aus tierzüchterischer Sicht interessieren zudem Fragen der individuellen Identifikation, der Populationsstruktur bzw. der genetischen Varianz. Letztere sind Voraussetzung für die züchterische Bearbeitung einer Population.

Genetische Varianz lässt sich indirekt mit Hilfe von polymorphen (über verschiedene Allele verfügende) Markersystemen ermitteln (z.B. charakteristische Phänotypen, Farben, Blutgruppenpolymorphismen, biochemische Polymorphismen, Mikrosatelliten). Marker sind in der Regel nicht kausale Ursache für die Ausprägung eines biologischen Merkmals, sie stehen aber in einer bestimmten Beziehung zu diesem Merkmal (Assoziation, Kopplung). Sind die kausalen Ursächlichkeiten eines Merkmals nicht bekannt, ermöglicht demnach ein Markerallel, das jeweils zusammen mit dem Merkmal auftritt, einen indirekten Rückschluss auf dieses Merkmal.

Mikrosatelliten (MS) sind hochpolymorphe molekulare Markersysteme, deren Allele nach den Mendelschen Regeln vererbt werden. Routinemässig kommen sie in der Abstammungskontrolle aber auch zur Charakterisierung der genetischen Distanz und Variabilität zwischen Populationen und Individuen zur Anwendung (Fries et al., 1990; Bowling et al., 1997; Checa et al., 1998).

In der vorliegenden Arbeit wurden Schweizer NWK (d.h. in der Schweiz geboren oder in die Schweiz importiert) verschiedener Subspezies (Llama, Alpaka) mittels sechs MS molekulargenetisch typisiert und auf ihre Abstammung überprüft. Die dabei anfallenden Daten erlaubten die Berechnung folgender Populationsparameter: Die absolute Anzahl Allele (NA), die effektive Anzahl Allele (ENA), der Heterozygotiegrad (H), der polymorphe Informationsgehalt (PIC), die Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (H-W), die Ausschlusswahrscheinlichkeit (EP) sowie die kumulierte Ausschlusswahrscheinlichkeit (CEP). Die Breite der genetischen Basis dieser noch relativ neuen Schweizer Tierpopulation wie auch die genetische Distanz zwischen den einzelnen Subspezies werden dabei erstmals diskutiert.

Tiere, Material und Methoden

Untersuchte Tiere

Pedigreeinformation sowie individuelle Haarproben von insgesamt 91 NWK, unterteilt in die vier Arten und teilweise in Rassen, wurden im Rahmen einer Diplomarbeit an der ETH Zürich (Bärlocher, 1999) bei verschiedenen Tierhaltern in der Schweiz gesammelt. Innerhalb der Rassengruppen waren die Tiere teilweise verwandt (Familien). Hybride zwischen Rassen- oder gar Artgruppen kommen in der Stichprobe nicht vor. Die genauere Zusammensetzung der Stichprobe ist aus Tabelle 1 ersichtlich.

Tabelle 1: Neuweltkameliden-Populationsstichprobe.

Arten/Rassen	Llama	Alpaka	Guanako	Vicuña	Total
Wooly	38				38
Ccara Sullo	32				32
Huakaya		13			13
Suri		2			2
Guanako			4		4
Vicuña				2	2
Total	70	15	4	2	91

DNS-Isolation

DNS wurde aus Haarwurzelzellen von jeweils 5–8 Haaren nach folgendem Protokoll gewonnen: Zellen in 1-ml-Eppendorf-Tübchen mittels 50 µl 20 mM NaOH während 15 Minuten bei 95 °C denaturieren. Anschliessend Beigabe von 50 µl einer Lösung aus 200 mM HCl und 100 mM trisHCl mit pH 8.5 zwecks Ausfällung und Stabilisierung der DNS. Die Probe wird gemischt und jeweils ca. 3 µl für eine PCR-Reaktion verwendet. Die DNS kann in dieser Form bei 4 °C gelagert werden.

Amplifikation von Mikrosatelliten mittels PCR

Als Mikrosatelliten bezeichnet man repetitive nicht codierende DNS-Abschnitte (Introns). Häufig liegen sie in der Form (CA)n vor – variable Tandemabfolge der Kernbasen Cytosin und Adenin. Finden sich in einem solchen DNS-Abschnitt zwischen Tieren viele unterschiedlich lange Abfolgen von (CA)n, so ist der Mikrosatellit polymorph, d.h., er verfügt über verschiedene Allele. In jedem Tier werden an jedem Locus grundsätzlich zwei Allele erwartet – jeweils eines vom Vater und eines von der Mutter. Diese werden von den Elterntieren auf ihre Nachkommen gemäss den Mendelschen Regeln vererbt. Besitzen die Elterntiere, bezogen auf bestimmte Mikrosatelliten, nicht überall die gleichen Allelvarianten (Heterozygotie), kann die jeweils unterschiedliche Herkunft eines Allels (Vater oder Mutter) in einem Individuum aufgezeigt und damit die Abstammung dieses Individuums überprüft werden. Die Verwendung mehrerer möglichst nicht gekoppelter (nicht auf dem selben Chromosom liegend) Mikrosatelliten erhöht die Wahrscheinlichkeit, eine falsche Abstammung als solche zu erkennen.

Die Mikrosatelliten LCA5, LCA19, LCA23, LCA37 (Penedo et al., 1998) sowie YWLL08 und YWLL36 (Lang et al., 1996) wurden für diese Ar-

beit verwendet. Informationen bezüglich Primersynthese und PCR-Protokoll sind den Literaturangaben entnommen. Anfangsdenaturierung während 5 Minuten bei 95 °C gefolgt von 30 Zyklen – 30 Sekunden Denaturierung bei 95 °C, 30 Sekunden Annealing bei 56–58 °C, 30 Sekunden Extension bei 72 °C. Abgeschlossen wurde die PCR-Reaktion mit einer 7-minütigen Extension bei 72 °C. Das routinemässig verwendete 25-µl-Reaktionsgemisch setzte sich wie folgt zusammen: 3 µl DNS, 2.5 µl (10×) PCR-Puffer (15 mM $MgCl_2$, 500 mM KCl, 100 mM Tris-HCl – pH 9.0), 4 µl dNTP's (200 µM dATP, 200 µM dCTP, 200 µM dGTP, 200 µM dTTP), 0.5 µl (20 µM) Sense- bzw. Antisenseprimer, 0.5 µl (~1U) Taq-Polymerase (Pharmacia Biotech), 14 µl steriles H_2O. Der Senseprimer war jeweils am 5'-Ende mit einem bestimmten Fluoreszenzfarbstoff markiert (6JOE-grün, 5FAM-blau, 6TAMRA-gelb, 6ROX-rot-Grössenstandard). Dieser Farbstoff wurde durch die Amplifikation im Thermocycler (Hybaid) in das entstehende PCR-Produkt eingebaut und ermöglichte damit in der Folge die spezifische Erkennung einzelner Markerallele mittels Sequenator.

Genescan

Die 546 fluorochrommarkierten PCR-Produkte aus 6 Mikrosatellitenmarkern bei 91 Tieren wurden im ABI 373 (Perkin Elmer) in einem 5-%-Acrylamidgel (7M Harnstoff, Acrylamid, 10× TBE-Puffer, Ammoniumperoxydisulfat, TEMED, bidestilliertes H_2O) elektrophoretisch nach ihrer Grösse aufgetrennt. Während der Auftrennung im elektrischen Feld passieren die fluoreszenzmarkierten PCR-Produkte einen Laser. Dieser regt die Fluorochrome an. Das emmitierte Licht wiederum passiert im ABI 373 einen Filter, wird digitalisiert und von der Genescan-Software (672) an einem Apple-Computer erfasst und verarbeitet. Mit einer Genauigkeit von zwei Basenpaaren (bp) können so spezifische Fragmentlängen erkannt und als einzelne Allele ausgewiesen werden. Die Grösse eines Allels wird entsprechend in Anzahl bp angegeben. Die Genescan-Software kann die Allellänge im Verhältnis zu einem ebenfalls fluoreszenzmarkierten Grössenstandard, der während der Elektrophorese in jeder Probe mitläuft, berechnen.

Statistische Analysen

Anzahl Allelvarianten = Number of Alleles (n) wird durch Auszählen bestimmt.

Effektive Anzahl Allele = Effective Number of Alleles (ENA) = $1/\sum_{i=1}^{n} q_i^2$ (Kimura und Crow, 1964).

Die Allelvarianten (n) eines Markers (q) kommen i.d.R. nicht zu gleichen Teilen vor. Im Idealfall (bei einheitlicher Allelfrequenz) entspricht die ENA der (n). Unterscheiden sich die Frequenzen der einzelnen Allele, sinkt die ENA.

Heterozygotiegrad (H) = $1-\sum_{i=1}^{n} q_i^2$ (Ott, 1992).

Der Heterozygotiegrad lässt eine Aussage über die Variabilität eines Markers zu. Anzahl und Frequenz der Allele sind von Bedeutung. Je mehr Allele ein Marker aufweist und je gleichmässiger diese verteilt sind, desto grösser ist der Wert H.

Polymorpher Informationsgehalt = Polymorphism Information Content (PIC)

$= 1-(\sum_{i=1}^{n} q_i^2) - (\sum_{i=1}^{n-1}\sum_{j=i+1}^{n} 2q_i^2q_j^2)$ (Botstein et al., 1980).

Der PIC-Wert unterscheidet sich vom Heterozygotiegrad durch die Gewichtung der unterschiedlichen Allelfrequenzen eines Markers.

Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht = Deviation from Hardy-Weinberg-Equilibrium (H-W) = $(p + q + ...)^2 = 1$ (Falconer, 1984).

Vergleich der idealisierten Population im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht mit der effektiv vorgefundenen. Mit einem Chi-Quadrat-Test werden die ausgezählten Tiere (Genotypen bzw. Genotypfrequenzen) mit den aufgrund der beobachteten Allelfrequenzen erwarteten Genotypfrequenzen verglichen.

Ausschlusswahrscheinlichkeit für einen Marker bei der Abstammungskontrolle = Exclusion Probability (EP) = $\sum_{i}^{n} q_i(1-q_i)^2 - \sum_{i>j}^{n}(q_iq_j)^2[4-3(q_i + q_j)]$ (Jamieson, 1994).

Codominant-vererbte Loci eignen sich zur Überprüfung der Elternschaft. Verfügt ein Marker über einen hohen PIC, können damit leichter Tiere mit falscher Abstammung aus einer Population entdeckt werden, als wenn der Marker nur einen tiefen PIC ausweist. Ein Mass für die diesbezügliche Aussagekraft eines Markers bietet die EP.

Ausschlusswahrscheinlichkeit bei Abstammungskontrolle für mehrere Marker = Cumulated Exclusion Probability (CEP) = $1 - \prod_{i=1}^{k}(1-EP_i^{v})$ (Jamieson, 1994).

Durch das Kumulieren mehrerer hochpolymorpher Markersysteme (k) werden hohe Ausschlusswahrscheinlichkeiten erreicht.

Mittels der Allelfrequenzen einzelner Loci (Marker) können Verwandtschaftsbeziehungen zwischen Populationen dargestellt werden. (I) ist dabei die «normalisierte Identität» von Allelen zwischen den Populationen X und Y bezogen auf alle definierten Loci.

Genetische Distanz zwischen Populationen = Genetic Distance between Populations (D) = $-\log_e(I)$ (Nei, 1972).

Die (D)-Werte ermöglichen die graphische Darstellung der Verwandtschaftsbeziehungen (Phylogenese) in Form eines Dendrogramms – «single-linkage clustering» (Dunn und Everitt, 1982).

Resultate

Die DNS-Isolation aus Haarzellen war mit der verwendeten Standardmethode nicht bei allen Tieren erfolgreich. Von den insgesamt 38 Wooly-Llamas konnte bei 33 Tieren eine Allelgrössenbestimmung aus der gewonnenen DNS vorgenommen werden. Bei der Rasse Ccara-Sullo-Llama waren 32 von 33 DNS-Extraktionen erfolgreich, bei den Huakaya-Alpakas 9 von 11 und bei den Suri-Alpakas zwei. Mit den Haarproben der 4 Guanakos und 2 Vicuñas gelang die DNS-Isolierung ebenfalls nicht. Die dargestellten Resultate basieren deshalb auf der DNS von insgesamt 76 Tieren bestehend aus zwei Arten (Llama; Alpaka) mit je zwei Rassen (Wooly, Ccara Sullo, Huakaya, Suri).

Die errechneten Populationsparameter weisen auf eine hohe Heterogenität der in der Schweiz gehaltenen NWK-Arten und -Rassen hin (Tab. 2). Durchschnittlich fanden sich 4.25 effektive Allele/Marker mit einem polymorphen Informationsgehalt/Marker von 0.67. Dies erklärt sich vor allem dadurch, dass viele der in den letzten Jahren importierten NWK aus unterschiedlichsten Herkunftsländern stammen (u.a. Argentinien, Chile, Peru, Grossbritannien, Frankreich, Deutschland) und kaum verwandt sind. Weiter werden auch erst vereinzelt männliche Tiere überbetrieblich in der Zucht eingesetzt – ein allfälliger Einfluss auf die genetische Varianz von dieser Seite ist, falls überhaupt vorhanden, noch sehr gering. Aufgrund weitgehendst fehlender genetischer Studien zu den verschiedenen NWK-Populationen in deren Herkunftsländern ist allerdings eine Aussage resp. ein Vergleich bezüglich der Basisvariabilität schwierig (Vidal-Rioja et al., 1994).

Abbildung 1 zeigt, dass die Schätzung der Verwandtschaft zwischen den Rassen eine engere Beziehung unter den Lamatypen als unter den Alpakatypen ergab. Dies ist möglicherweise auf die weitaus geringere Anzahl getesteter Alpakas zurückzuführen. Interessant bleibt aber, dass trotz relativ kleiner Stichprobe die erwartete Phylogenese zwischen den beiden Arten mittels der molekularen Marker selbst auf dem Niveau der Rassen aufgezeigt werden konnte. Dies dokumentiert eindrücklich das Potenzial des molekularen Instrumentariums. Zu vergleichbaren Resultaten kommt auch Kessler 1997 in ihrer Studie über die NWK-Population in Deutschland.

Diskussion

Die Erfassung biologischer (genetischer) Daten drängt sich bei Kleinpopulationen geradezu auf. Dies gilt nicht nur im Bereich der domestizierten Arten, sondern findet heute unter dem Begriff «Conservation Biology» bei vielen Wildtierpopulationen, insbesondere bedrohter Arten und bei Zootieren, Verwendung (Smith und Wayne, 1996).

Die private Haltung verschiedenster, ursprünglich

Tabelle 2: Populationsgenetische Parameter.

Rasse/Art	Marker	n	ENA	H	PIC	H–W	EP	CEP
Wooly Llama	LCA 23	9	5.5	0.81	0.80		0.65	
	LCA 37	7	5.0	0.80	0.78		0.61	
	LCA 5	4	1.8	0.44	0.39	N.S.	0.23	
	LCA 19	5	1.6	0.39	0.37		0.22	
	YWLL 36	6	5.0	0.80	0.78		0.60	
	YWLL 08	12	6.7	0.85	0.84		0.73	99.1
Ccara Sullo Llama	LCA 23	7	3.5	0.71	0.69		0.52	
	LCA 37	12	7.9	0.88	0.87		0.81	
	LCA 5	3	2.2	0.54	0.44	N.S.	0.25	
	LCA 19	4	1.3	0.23	0.21		0.13	
	YWLL 36	7	5.1	0.81	0.79		0.62	
	YWLL 08	13	9.8	0.90	0.89		0.85	99.7
Huakaya Alpaka	LCA 23	7	5.1	0.80	0.78		0.62	
	LCA 37	6	4.4	0.77	0.75		0.57	
	LCA 5	4	2.9	0.66	0.60	N.S.	0.40	
	LCA 19	6	4.4	0.77	0.75		0.58	
	YWLL 36	6	3.9	0.74	0.71		0.53	
	YWLL 08	9	5.8	0.83	0.81		0.68	99.4
Suri Alpaka	LCA 23	4	4	0.75	0.75		0.56	
	LCA 37	3	2.7	0.63	0.56		0.35	
	LCA 5	3	2.7	0.63	0.56	N.S.	0.35	
	LCA 19	3	2.7	0.63	0.56		0.35	
	YWLL 36	4	4	0.75	0.75		0.56	
	YWLL 08	4	4	0.75	0.75		0.56	97.7

n – absolute Anzahl Allele; ENA – effektive Anzahl Allele; H – Heterozygotiegrad; PIC – polymorpher Informationsgehalt; H-W – Abweichung vom HWG-Gleichgewicht (nur für den Marker LCA 5 berechnet; N.S. – nicht signifikant); EP – Ausschlusswahrscheinlichkeit; CEP – kumulierte Ausschlusswahrscheinlichkeit.

nicht hier beheimateter Tierarten stellt neue Herausforderungen an Tierärzte, landwirtschaftliche Berater und natürlich an die Tierhalter selbst. Das in dieser Arbeit vorgestellte Instrumentarium – molekulare Marker, Abstammungskontrolle, Populationsparameter – ist ein erster Schritt hin zu einer integrierten Bestandeskontrolle sowohl auf Populationsebene wie auch am Einzeltier. Dabei werden neben Haltung, Hygiene, Fruchtbarkeit und Management auch die biologischen (genetischen) Eigenheiten einer Tiergruppe in die Diskussion mit einbezogen. Beispielsweise zeigen die gefundenen hohen Werte der Populationsparameter, dass die untersuchten Tiere kaum miteinander verwandt sind. Aufgrund der daraus abzuleitenden hohen genetischen Variabilität innerhalb der Schweizer Neuweltkamelidenpopulation kann in diesem Sinne sowohl eine hohe Anpassungsfähigkeit der Population insgesamt wie auch das Vorhandensein eines relativ breiten Niveaus an züchterisch bearbeitbaren Eigenschaften (z.B. Wollqualität, Farben, Grösse, Trainierbarkeit) erwartet werden.

Herdebuchwesen und korrekte Pedigreedaten bilden nach wie vor das Grundgerüst der Tierzucht. Dabei haben sich die Möglichkeiten zur Erfassung von Eigenschaften durch die Molekularbiologie stark verändert. Markersysteme, wie sie in der vorliegenden Arbeit verwendet wurden, erlauben Aussagen hinsichtlich der genetischen Variabilität einer Tiergruppe, decken die Segregation von Eigenschaften auf, typisieren damit indirekt Individuen auf diese Eigenschaft und eignen sich als Instrument in der Abstammungskontrolle. Beim Rind werden nach internationaler Übereinkunft z.B. Ausschlusswahrscheinlichkeiten für den Elternschaftsnachweis von > 99.8% als Standard betrachtet. Dazu braucht es in der Regel 9 bis 14 Markersysteme. Die sechs hier verwendeten Marker erreichen im Vergleich dazu, mit Ausnahme der Suri-Alpakas, bereits eine Ausschlusswahrscheinlichkeit von > 99%.

Der Aufbau von Datenbanken, die solche Informationen ergänzend zu den bereits bestehenden Herdebuchdaten erfassen, wird in Zukunft von entscheidender Bedeutung sein. Eine auf diese Weise zumindest grob genetisch charakterisierte Population kann effizienter erfasst und strukturiert werden. Tiere, die über bestimmte wünschenswerte Eigenschaften verfügen, sind womöglich auch durch ein typisches Markermuster gekennzeichnet. Trifft dies zu, können über das Markermuster die funktionellen Grundlagen der entsprechenden Eigenschaft gezielter angegangen werden, als wenn genetische Daten in einer Tierpopulation weitgehendst fehlen. Erbfehler, zunehmende Inzucht, Anfälligkeiten auf bestimmte Erreger oder Krankheiten (Epidemiologie) sind Anwendungen, die

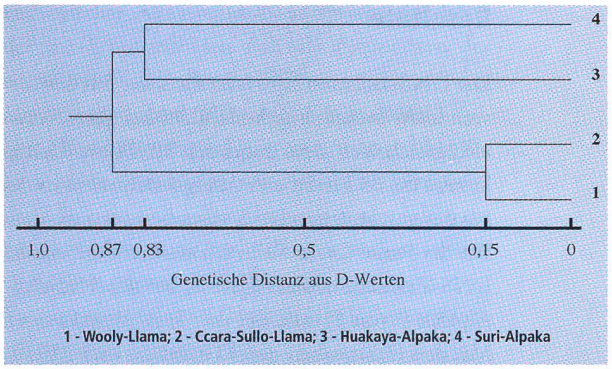

Abbildung 1: Dendrogramm aus D-Werten.

aufgrund von Markerinformation bzw. der Beziehung eines Markerallels zu einem bestimmten Merkmal erfolgversprechender bearbeitbar werden. Daneben bieten Daten genetischer Marker viel Ausgangsinformation für wissenschaftliche Fragestellungen aller Art und können damit insgesamt einen Beitrag zum Dialog zwischen Forschung und Praxis leisten (Joerg et al., 1996).

Dank

Allen Mitarbeitern der Gruppe Züchtungsbiologie am Institut für Nutztierwissenschaften der ETH Zürich für die Zusammenarbeit und Unterstützung. Den Haltern und Züchtern von NWK in der Schweiz für ihr Interesse und die Bereitstellung ihrer Tiere.

Literatur

Bärlocher H.U. (1999): Genetische Untersuchungen bei Neuweltkameliden. Diplomarbeit ETH Zürich.

Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W. (1980): Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Am. J. Hum. Gen. 32, 3, 314-331.

Bowling A.T., Eggleston-Stott M.L., Byrns G., Clark R.S., Dileanis S., Wictum E. (1997): Validation of microsatellite markers for routine horse parentage testing. Anim. Genet. 28, 247-252.

Checa M.L., Dunner S., Martin J.P., Vega J.L., Cañon J. (1998): A note on the characterization of a small Celtic pony breed. J. Anim. Breed. Genet. 115, 157-163.

Dunn G., Everitt B.S. (1982): An introduction to mathematical taxonomy. Cambridge University Press London.

Falconer D.S. (1984): Einführung in die quantitative Genetik. Verlag Ulmer, Stuttgart.

Fries R., Eggen A., Stranzinger G. (1990): The bovine genome contains polymorphic microsatellites. Genomics 8, 403-406.

Jamieson A. (1994): The effectiveness of using co-dominant polymorphic allelic series for (1) checking pedigrees and (2) distinguishing full-sib pair members. Anim. Genet. Suppl. 1, 25, 37-44.

Joerg H., Fries H.R., Meijerink E., Stranzinger G.F. (1996): Red coat color in Holstein cattle is associated with a deletion in the MSHR gene. Mam. Genome 7, 317-318.

Caractérisation de races camélides en Suisse avec des microsatellites

L'utilisation de marqueurs moléculaires pour la typification de populations animales permet une estimation de leur variabilité génétique au niveau de l'ADN. En plus, elle permet le contrôle de paternité, elle est un outil diagnostique en ce qui concerne les maladies héréditaires et épidémiologiques et soutient enfin les moyens de sélection traditionnelle. Un contrôle de soixante-seize camélides gardés en Suisse était typifié génétiquement par six microsatellites et leur descendence avait été vérifiée. Le calcul de la fréquence des allèles, l'hétérozygosité, le contenu d'information polymorphique, la déviation de l'équilibre Hardy-Weinberg et la probabilité d'exclusion de marqueurs montrent une variabilité génétique importante dans cette population. Une sélection de caractères différents serait donc possible. Le résultat de l'estimation de la distance génétique entre les différentes espèces et races de camélides était en accord avec les origines phylogénétiques attendues.

Caratterizzazione di razze di camelidi svizzeri del Nuovo Mondo tramite markers-microsatelliti

I markers molecolari rendono possibile la descrizione della popolazione animale e la ricerca della sua variazione genetica a livello del DNA, permettono il controllo della discendenza, danno indicazioni nella diagnostica degli errori genetici e sono mezzi ausiliari di appoggio nel raggiungimento dell'obiettivo dell'allevamento. Un campione di 76 camelidi del Nuovo Mondo tenuti in Svizzera è stato tipizzato dal punto di vista genetico-molecolare tramite markers-microsatelliti ed è stata verificata la discendenza dei singoli animali. L'analisi della frequenza degli alleli, del grado di eterozigotia, del contenuto polimorfo d'informazione, della deviazione dall'equilibrio Hardy-Weinberg e la probabilità d'esclusione dei markers hanno portato al risultato che la varianza genetica, malgrado la piccola popolazione esaminata, è alta. Quindi in Svizzera esiste una base per lavorare nell'allevamento basato su qualità specifiche di questi animali. La distanza genetica stimata tra le diverse specie e razze di camelidi ha confermato le parentele di discendenza che ci si aspettava dalla comune origine filogenetica.

Kessler M. (1997): Untersuchungen zur Abstammung der domestizierten Neuweltkameliden mittels mtDNS-Analysen sowie Struktur und Zusammensetzung der Neuweltkamelidenpopulation in Deutschland. Diss. Vet.-med., Giessen.

Kimura M., Crow J.F. (1964): The number of alleles that can be maintained in a finite population. Genetics 49, 725-738.

Lang K.D.M., Wang Y., Plante Y. (1996): Fifteen polymorphic dinucleotide microsatellites in llamas and alpacas. Anim. Genet. 27, 293.

Nei M. (1972): Genetic distance between populations. Am. Nat. 106, 949, 283-292.

Ott J. (1992): Strategies for characterizing highly polymorphic markers in human gene mapping. Am. J. Hum. Gen. 51, 283-290.

Penedo M.C.T., Cordova K.I., Anderson D.L., Millon L.V., Caetano A.R. (1998): Gene mapping in South American camelids: Eight linkage groups in alpacas. Anim. Genet. Suppl. 1, 29, 42.

Penedo M.C.T., Caetano A.R., Cordova K.I. (1998): Microsatellite markers for South American camelids. Anim. Genet. 29, 5, 411-412.

Rieder S. (1995): Möglichkeiten und Grenzen unkonventioneller Tierarten in der bäuerlichen Tierhaltung der Schweiz. Diplomarbeit ETH Zürich.

Smith T.B., Wayne R.K. (1996): Molecular Genetic Approaches in Conservation. Oxford University Press.

Vidal-Rioja L., Zambelli A., Semorile L. (1994): An assessment of the relationships among species of Camelidae by satellite DNA comparisons. Hereditas 121, 3, 283-290.

Korrespondenzadresse
Prof. Dr. G. Stranzinger,
Institut für Nutztierwissenschaften,
Gruppe Züchtungsbiologie,
ETH-Zentrum
Tannenstrasse 1
CH-8092 Zürich

Manuskripteingang: 8. Juli 1999
In vorliegender Form angenommen: 2. September 1999