

Aus dem Institut für Tierzucht und Tiervershalten Mariensee (FAL Braunschweig)¹, dem Allrussischen Forschungsinstitut St. Petersburg-Pushkin², Rußland und der Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen, Wittenhausen³

REINHARD FALGE¹, VALERI TERLETSKI², KAROLA STIER³,
JOSEPH W. CARNWATH¹ und HEINER NIEMANN¹

DNA-Fingerprintuntersuchungen bei 4 Ziegenrassen zur Auswertung populationsgenetischer Parameter - einschließlich bei der gefährdeten Thüringer Wald Ziege

Summary

Title of the paper: Investigations of population genetic parameters using multilocus DNA fingerprinting in 4 goat breeds in Germany

Conventional fingerprint banding patterns were produced by Southern blotting and digoxigenin labeled oligonucleotide probes (GTG)₈ and (GT)₈. Digitised images of the blots were analysed with the RFLPscan computer program. These probes produced more bands (20-39 distinct informative bands within each group) in these goat breeds than in sheep breeds. Typically, in individual goats, an average of 8 - 11 bands were detected in the range of 4.3-23 kb. Analysis of the polymorphic banding patterns showed that 4.5 to 8.3 genetic loci were represented by these probes. The analysis of pooled DNA samples (10-28 animals per lane) overestimated similarity values (S) between different breeds. Average similarity values within groups (based on RFLPs of individuals) range from 0.42-0.61, while similarity values between different groups range from 0.36-0.47. The results indicated that native Thüringer Wald Ziege are different from the Toggenburger goats. The Heterozygosity index (H) for each breed calculated from (GTG)₈ fingerprints (H = 0.42-0.62) were in good agreement (negative correlated) with band sharing value. These H values are lower than those obtained in a similar study of 19 sheep breeds in which the range was (0.68-0.82). The goat breed with the highest H value was the Bunte Deutsche Edelziege (H = 0,62). Ranking the breeds by heterozygosity index and by inversely band sharing index gives: BDE > German TOGG > WDE, TWZ > Swiss TOGG. The results are discussed with respect to breeding programs and the influence of small population size.

Key words: goat breeds, DNA fingerprinting, population genetic analysis

Zusammenfassung

Multi locus-Fingerprints der DNA mit der Mikrosatelliten-Sonde (GTG)₈, an 105 Herdbuchtieren von 4 einheimischen Ziegenrassen Bunte Deutsche Edelziege (BDE), Weiße Deutsche Edelziege (WDE), Thüringer Wald Ziege (TWZ) sowie Deutsche Toggenburger Ziege (Dt. TOGG) und einer Stichprobe von Schweizer Toggenburger Ziegen ergaben nach computergestützter Auswertung im 4,3 - 23 kb Fragmentlängenbereich: 20 - 39 Banden/Tiergruppe und 7 - 11 Banden pro Tier. Daraus wurden durchschnittlich 4,5 bis 8,3 Loci berechnet. Mit gemixten DNA-Proben von mehreren Tieren in einer Spur wurden die Ähnlichkeitsindizes (S) zwischen den Ziegenrassen aus Fingerprints von der (GTG)₈ und (GT)₈-Sonde analysiert. Hohe Ähnlichkeitsindizes mit Werten von 0,49 - 0,70 und eine geringe Bandenanzahl 59,9 % im Vergleich zu RFLPs (Restriktionsfragment-Längenpolymorphismus) von Einzeltierproben deuten auf überbewertete Werte mit dieser Methode hin. Fingerprints mit der (GTG)₈-Sonde von Einzeltierproben (ca. 15 Tiere/Gruppe) ergaben, daß innerhalb der Rassen die mittleren Ähnlichkeitsindizes für die BDE (S' = 0,42), für die WDE (S' = 0,47), für die Toggenburger Ziege (S' = 0,48) und für die Thüringer Wald Ziege (S' = 0,54) betragen. Zwischen den Rassen wurden dafür Werte von 0,36 - 0,47 bestimmt. Die heutige Thüringer Wald Ziege weist danach keine sehr enge Verwandtschaft zur Toggenburger mehr auf. Die genetische Varianz an den Loci dieser Rassegruppen analysierten wir anhand der mittleren Heterozygotie (H) von STEPHENS et al. (1992) in der Größenordnung von H = 0,48 - 0,62. Damit ist diese geringer als bei von uns zuvor untersuchten 19 Schafrassen. Bei Ranking anhand der H-Werte ist die genetische Varianz der Gruppen wie folgt zu bewerten: BDE > Dt. TOGG > WDE, TWZ > schw. TOGG. Auch

die mittleren Bandfrequenzen und die mittleren Ähnlichkeitsindizes sind in dieser Reihenfolge (negativ korreliert) entsprechend einzuordnen. Auswirkungen intensiver Zucht bzw. Einflüsse langfristig kleiner Herdengrößen auf die gemessenen Parameter werden diskutiert.

Schlüsselwörter: Ziegenrassen, DNA-Fingerprintuntersuchungen, populationsgenetische Parameter

1. Einleitung

Die Bestände von Ziegenrassen sind in der Verbreitung und Nutzung als landwirtschaftliches Nutztier zurückgegangen. Von den einheimischen Rassen wird die Thüringer Wald Ziege schon längere Zeit als bestandsgefährdet angesehen. Nach GALL (1982) und TRAUTWEIN (1994) ist dieser Rückgang besonders im Zeitraum von 1925-1930 und nach 1950 erfolgt. Die hier untersuchten veredelten Rassen wie die Weiße Deutsche Edelziege und die Thüringer Wald Ziege sind dabei aus Landziegen erst nach 1885 unter Einkreuzung der Schweizer Saanenziege, der Appenzeller bzw. der Toggenburger Ziegen herausgezüchtet worden. Besonders für die Thüringer Wald Ziege wurde die Eigenständigkeit gegenüber den Toggenburger Ziegen häufig konträr bewertet, weil für den Zeitraum zwischen 1905-1935 keine und danach mehr die Leistungsmerkmale zur Abgrenzung herangezogen worden sind (HOFMANN et al., 1959). Aber auch die heutige Farbzeichnung des Phänotyps dieser Rasse weist noch auf die engere Verwandtschaft zur eingekreuzten Toggenburger Ziege hin.

Die Nutzung besonders der bestandsgefährdeten, einheimischen Rassen ist sowohl ein Anliegen der Züchter als auch staatlicher Organisationen im Rahmen der Erhaltung tiergenetischer Ressourcen (SCHMIDT, 1990; STIER, 1992; FEILKE, 1992; FALGE et al., 1996; TRAUTWEIN, 1997). Neben den Bestandsgrößen, zuchthistorischer Entwicklung, charakteristischen Rassemmerkmalen und speziellen Leistungsniveaus (TRAUTWEIN, 1994; ADZ u. BDZ-INFORMATIONEN, 1994, 1996) sind auch populationsgenetische Parameter als Entscheidungshilfe für die weitere Zuchtarbeit und Erhaltung erforderlich. Beispielsweise liegen keine Distanzuntersuchungen durch biochemische Allelfrequenzbestimmungen oder molekulargenetische Methoden vor, wie für einige Rinder- und Schweinerassen (VERHORST et al., 1974; REENTS et al., 1991; GLODEK, 1992). Nur bei der Population der Thüringer Wald Ziege ist in Pedigreeanalysen ermittelt worden, daß diese ca. 10 % Genanteil der Toggenburger Rasse enthält (STIER, 1992), was aber keine Aussage direkt über die genetische Distanz oder einen Ähnlichkeitsgrad erlaubt.

Fingerprints von polymorphen Regionen in der DNA, welche mit hybridisierenden Mini- oder Mikrosatellitensonden dargestellt werden, gestatten es, neben Analysen zur Identifikation von Individuen und Verwandtschaftsstrukturen auch populationsgenetische Parameter an Nutztierassen zu ermitteln, um diese durch einen Ähnlichkeitsindex (Bandsharing-Index) oder Heterozygotiegrad zu charakterisieren. Innerhalb einer Population sind der Inzuchtgrad oder als allgemeine Größe die genetische Diversität von besonderer Bedeutung. Letztere kann näherungsweise durch den Heterozygotiegrad in polymorphen Regionen der DNS-Struktur bei Multi-locus-Fingerprintanalysen charakterisiert werden. Dazu haben GILBERT et al. (1991) und STEPHENS et al. (1992) theoretische und experimentelle Ergebnisse veröffentlicht und für den Heterozygotiegrad der DNA von wildlebenden Populationen (Füchse, Löwen) oder domestizierten

Hauskatzen Werte von $H = 0,1 - 0,88$ gefunden.

Bei Nutztieren, an einer englischen Schafrasse, analysierten LANNELUC et al. (1992) mit RFLPs die DNA und erhielten einen Heterozygotiegrad von $H = 0,88$. In eigenen DNA-Fingerprintanalysen mit repetitiver (GTG)₅- bzw. M13-Phagen-Sonde an Leineschafen und bei insgesamt 18 Landschaf- und einigen Leistungsrassen wurde für diesen Parameter $H = 0,80 - 0,88$ erhalten (FALGE et al., 1998; FALGE et al., 1999). Hinsichtlich der Schätzung des Inzuchtgrades aus RFLPs liegen beim Großvieh unseres Wissens noch keine Untersuchungen vor. Aber KUHNLEIN et al. (1990) haben über Resultate berichtet, die aus analysierten RFLPs von Geflügelgruppen (mit bekannten Inzuchtkoeffizienten) dafür eine entsprechende Schätzformel auf Basis der mittleren Allelfrequenz resp. Bandsharewerte ableiteten.

RFLPs-Analysen an Ziegenrassen zur Charakterisierung von Populationen sollten wie bei Wildtieren oder anderen Nutztieren (JEFFREYS und MORTON, 1987; GEORGES et al., 1988; GILBERT et al., 1991; STEPHENS et al., 1992; BAKER et al., 1993; TSURUGA et al., 1994) von Interesse sein, weil sich nach einschlägiger Literatur beispielsweise hier enge Zuchtprogramme bei den ausgeprägten Leistungsrassen oder kleine Bestandszahlen auf die genetische Varianz bei gefährdeten Rassen negativ auswirken können und durch verschiedene Parameter zu erfassen sind.

2. Tiere, Material und Methoden

Alle für die DNA-Untersuchungen einbezogenen 105 Tiere sind weibliche Herdbuchtiere von 4 Ziegenrassen, die jeweils nach Pedigreeunterlagen in der Elterngeneration untereinander nicht verwandt sind, und die zusammen mit den Landeszuchtverbänden¹ und den Züchtern ausgewählt wurden (Tab. 1). Die Blutproben für die DNA-Isolierung (10ml in EDTA) wurden aus der gestauten *Vena jugularis* gewonnen, sofort auf 0°C gekühlt und dann für 1-3 Monate bei -20°C bis zur späteren Untersuchung gelagert.

Tabelle 1

Anzahl und Herkunft der Herdbuch-Ziegen für die Untersuchungen (Number and origin of the animals for the investigation)

Rasse	Abk.	Herden (Herkunft) n	untersuchte Tiere n
Bunte Deutsche Edelziege	BDE	9 (a, c, e, f)	28
Weißer Deutsche Edelziege	WDE	6 (a, d, e, f)	21
Toggenburger Ziege	TOG	8 (a, b, c, f)	20
schweiz. Toggenburger Ziege	sTOG	1 (e)	10
Thüringer Wald Ziege	TWZ	10 (a, b, c, d, f)	26
Σ		34	105

HB - Tiere der Landesverbände: ^a LV Hannoverscher Ziegenzüchter e.V. /Hannover, ^b Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V. /Ruhlsdorf, ^c Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V. /Markkleeberg, ^d LV Thüringer Ziegenzüchter e.V. /Erfurt ^e LV der Ziegenzüchter Westfalen-Lippe e.V. /Münster, ^f LV der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V. /Koblenz

Die DNA wurde dann für die weitere Untersuchung mit einer bereits beschriebenen

Methode durch Proteinase *K* und nachfolgenden Phenol-Extraktionsschritten isoliert (FALGE et al., 1998). Die Menge und Qualität nichtdegradiierter DNA sind danach mit GeneQuant RNA/DNA Calculator (Pharmacia) festgestellt worden.

Fingerprintuntersuchungen wurden sowohl an der DNA von Einzeltieren als auch an gemixten DNA-Proben angestellt. Bei gemixten DNA-Proben ist die anteilig enthaltene DNA von jeweils 15 - 28 Einzeltieren in einer Gesamtmenge von 15 µg DNA untersucht worden. Bei Einzeltieruntersuchungen wurden 5 µg aufgereinigte DNA von jedem Tier eingesetzt. Die DNA wurde in den folgenden Arbeitsschritten mit Restriktionsendonuklease Hae III (New England Biolabs, Inc) gespalten und die DNA-Fragmente auf 30 cm Agarose-Gelplatten (0,8% Ultra Pure Agarose, Gibco BRL) in Tris-Borat-Pufferlösung bei 1,5 V/cm über 60 Std. aufgetrennt. Nach BLOTTE auf eine Nylonmembran (Amersham) unter alkalischen Bedingungen mit 0,4N NaOH in einem Druckplotter (PosiBlot, Stratagene) sind die DNA-Fragmentstrukturen dann für eine Stunde bei 80°C auf den Membranen immobilisiert worden. Auf den Spuren wurden die digoxigenierten Oligonukleotid-Sonden (GTG)₅ resp. (GT)₈ hybridisiert und die Farbreaktion eines Nitroblau-Tetrazoliumsals an den Komplexen mit spezifisch konjugiertem Antikörper für alkalische Phosphatase nach Versuchsprotokoll/Boehringer Mannheim ausgeführt (EPPLEN und ZISCHLER, 1991).

Die dargestellten Bandenstrukturen auf den Southern Blots wurden zur weiteren Auswertung anschließend mit einer CCD-Kamera in TIF-Dateien überführt und mit dem RFLPscan Plus computer program (Scanalytics) analysiert. Optimale Resultate mit diesem Auswertungsprogramm wurden im Fragmentlängenbereich zwischen 4.361 - 23.130 bp bei einem Toleranzniveau von 0,5 - 0,8% für die Bandenabgrenzung und "trace smoothing" Faktor 6 erreicht. Unterschiede einzelner Spuren bei der Wanderung der DNA-Fragmente auf den Gelplatten konnten in mehreren angelegten Standardspuren für 9 Marker mit definierten Molekulargewichten bzw. Basenzahl (bp) registriert und mit einer Korrekturfunktion des Computerprogrammes minimiert werden (Abb. 1, 2).

Auswertung genetischer Parameter

Zur Kalkulation der Ähnlichkeits- und Verwandtschaftskomponente aus den Multi-locus-Fingerprints sind hier die Werte für einen Ähnlichkeitsindex sowohl von gemixten DNA-Proben als auch von Einzeltieren jeweils auf den gleichen Southern Blots bestimmt worden. Die vereinfachte Auswertung mit gemixten DNA-Proben (bis zu 15 Individuen je Spur) geht auf populationsgenetische Untersuchungen von DUNNINGTON et al. (1991) und GRUNDER et al. (1994) zurück. Für den Formelansatz gilt dann:

$$S = \frac{2 n_{xy}}{n_x + n_y} \quad (1)$$

dabei ist: n_{xy} = Anzahl übereinstimmender Banden bei 2 verglichenen mixDNA/Proben $_{xy}$
 n_x, n_y = Anzahl aller Banden im gleichen kb-Längenbereich bei den Proben $_{xy}$

Bei den Einzeltieruntersuchungen wurden von den ausgewerteten Bandenstrukturen für

jedes Tier und Gruppe zunächst Datensätze gebildet und dann durch paarweisen Vergleich aller Tiere innerhalb der Gruppe ($\Sigma = n^2 - n / 2$) und auch zwischen verschiedenen Rassegruppen der mittlere Ähnlichkeits-Index (\bar{S}) ermittelt. Diese Berechnungen und statistischen Tests (Permutationstest) sind parallel dazu mit einem erstellten Data file im Statistikprogramm GELSTATS version 2.1 gerechnet worden (ROGSTAD and PELIKAN, 1996). Für die Schätzung einer genetischer Distanz (D_{ij}) zwischen Subpopulationen, hier speziell Rassegruppen, sind die ermittelten Werte in die folgende Formel (2) nach LYNCH (1990) eingegangen:

$$D_{ij} = 1 - \bar{S}_{ij} \quad \text{und} \quad \bar{S}_{ij} = 1 + \bar{S}_{ij} - (\bar{S}_i + \bar{S}_j / 2) \quad (2)$$

dabei ist: D_{ij} = Index für Dissimilarity, \bar{S}_i, \bar{S}_j = mittlerer Ähnlichkeitsindex in der Gruppe i und Gruppe j,

\bar{S}_{ij} = korrigierter- mittlerer Index zwischen den Gruppen ij, nach LYNCH (1990)

Um die genetische Diversität in den Rassengruppen zu bewerten, wurde hierfür der mittlere Ähnlichkeitsindex innerhalb der Gruppen herangezogen - durch paarweisen Vergleich aller Bandenpositionen der Einzeltiere und Berechnung nach der Formel (1) - und als zweite Größe die mittlere Heterozygotie (H) nach STEPHENS et al. (1992) verwendet:

$$H = \frac{2n}{2n-1} \left[1 - \frac{\sum_{k=1}^A x_k^2}{L} \right] \quad (3)$$

wobei bedeutet: n = Anzahl untersuchter Tiere/Gruppe, x_k = Allelfrequenz an der kten Bandenposition, L = Anzahl der Loci, A = Anzahl der Banden für poly- und monomorphe Positionen

Aus den Fingerprints wurde bei jeder Bandenposition hierzu die Bandenhäufigkeit (s_k) ausgewertet. Jede Bande ist als effektiv dominant anzusehen und die Allelfrequenzen (x_k -Werte) sind nach GILBERT et al. (1990), STEPHENS et al. (1992) aus der Bandenfrequenz s_k - bei unterstelltem Hardy-Weinberg-Gleichgewicht für diese Genorte in der Population - mit Formel (4) abzuleiten. Die Anzahl der Loci (L) errechnete sich durch Summation der x_k -Werte für den ausgewerteten Bandenbereich. Parallel hierzu wurden die Heterozygotiewerte, die Anzahl der Loci sowie weitere in den Tabellen angegebene Parameter auch mit GELSTATS Version 2.1 berechnet.

$$x_k = 1 - \sqrt{1 - s_k} \quad (4) \quad L = \sum_{k=1}^A x_k \quad (5)$$

(x_k = Allelfrequenz der kten Bande, L = Anzahl der Loci, A = Anzahl ausgewerteter Banden für mono- und polymorphe Positionen)

3. Ergebnisse

Die neue Nutzung der Fingerprintuntersuchungen bei der DNA von Ziegenrassen ergab mit der (GTG)₅- oder der (GT)₈-Sonde informative, polymorphe Bandenstruktu-

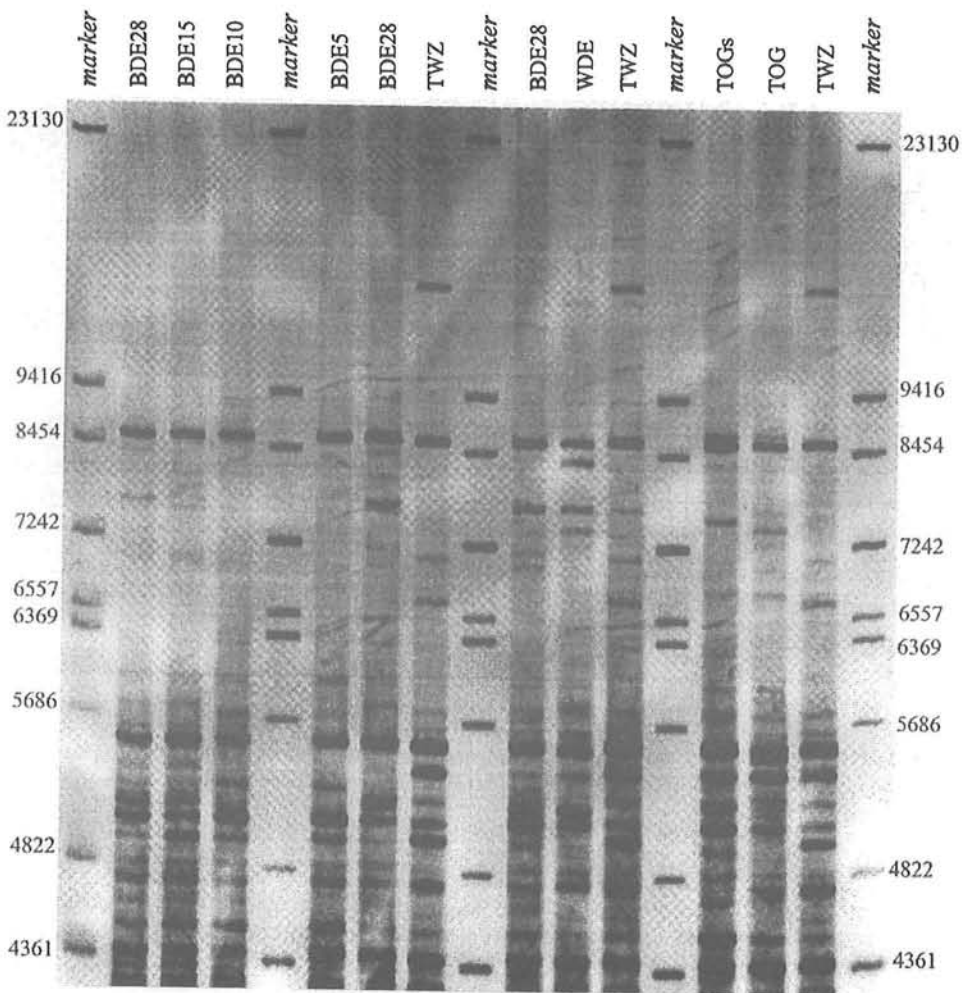


Abb. 1 Fingerprints (Restriktionsenzym *HaeIII*, Elektrophorese 30 cm, digoxigenierte GTG_3 -Sonde) mit gemixten DNA-Proben von 5-28 Tieren der Bunten Deutschen Edelziege, vgl. BDE 5, BDE 10, BDE 15, BDE 28. Die Spuren der Weißen Dt. Edelziege (WDE), Thüringer Wald Ziege (TWZ) und Toggenburger Ziege (TOG) enthalten gemixte DNA von je 15-28 Einzeltieren. Bei der gemixten DNA-Probe von Toggenburger Ziegen/Schweizer Herkunft ist DNA von 10 Einzeltiere enthalten. 5 Spuren (Marker) mit rechts und links angezeigten Positionen der Molekulargewichtsstandards und oben die verwendeten Rasseabkürzungen sind dargestellt. - Fingerprints from mixed DNA samples (restriction enzyme *HaeIII*, electrophoresis 30 cm, $(GTG)_3$ probe) for 5, 10, 15, 28 Bunte Deutsche Edelziege (see lanes BDE 5, BDE 10, BDE 15, BDE 28) and for 15-28 of Weiße Deutsche Edelziege (WDE), Thüringer Wald Ziege (TWZ), Toggenburger goat (TOG). The lane for Swiss Toggenburger goats (sTOG) represents 10 individuals. 5 lanes contain standards (marker) of known molecular weight as indicated on the right and left in base pairs (bp). For additional information on animals and breeds see text.

ren mit 25 - 39 Banden/Tiergruppe (Abb. 2, Tab. 5). Die RFLPs weisen bei der (GTG)₅-Sonde im Längenbereich von 4,36 - 23 kb nur 1 - 2 isomorphe Bandenloci auf. Unterhalb von 4,36 kb sind weitere Bandenpositionen, die aber nicht mehr korrekt abzugrenzen sind. Mit DNA-Proben von ca 15 Tieren der einzelnen Rassen und einer computergestützten Printauswertung sowie eines angewandten Programmes für statistische Testmethoden konnten mehrere eine Population charakterisierende Parameter ausgewertet werden (Tab. 4, 5).

Die Untersuchungsergebnisse für geeignete DNA-Anteile (Tieranzahl) in gemixten DNA-Proben sind in Tabelle 2 angegeben. Es wurden dafür Proben mit ansteigender Zahl von aliquoten DNA-Anteilen der Tiere in 15 µg DNA jeweils gegenüber einer DNA-Probe von 28 Tieren verglichen und die Werte des Ähnlichkeitsindex von jeweils zwei Spuren ausgewertet. Das ergab, daß innerhalb einer Spur die DNA-Anteile von ca. 15 Tieren zur verglichenen Kontrollspur (DNA-Probe von 28 Tieren) zu einem Wert von $\geq 0,94$ beim Ähnlichkeitsindex führten. Wird die Anzahl der DNA-Anteile weiter erhöht, führt das nicht zu mehr Banden, sondern erniedrigt die DNA-Konzentration der Einzeltiere in der 15 µg DNA-Probe. DNA-Fragmente mit geringer Frequenz sind dann nicht als Bande nachzuweisen. Die verglichene Bandenstruktur beider Sonden: (GTG)₅ und (GT)₈ nacheinander auf demselben Southern Blot ergab, daß die Resultate mit den beiden Sonden ähnlich sind und daß eine bessere Darstellung der Banden mit der (GTG)₅-Sonde zu erhalten ist, d.h. bei dieser sind unspezifische Farbreaktionen in den nichthybridisierten Bereichen geringer und besser abgegrenzt. Mit der (GT)₈-Sonde werden aber mehr Banden dargestellt.

Tabelle 2

Ähnlichkeitsindex bei gemixten DNA-Proben der Bunten Dt. Edelziege mit unterschiedlicher Tieranzahl
(Similarity index between mixed DNA samples of the Bunte Dt. Edelziege with different animal numbers)

Sonde	Tieranzahl in mix-DNA	Banden in Gruppe 1, 2 (n - n)	überein- stimmende Banden n	S-Index ³
(GTG) ₅ -Sonde	5 vs. 28	(13 - 20)	11	0,67
	10 vs. 28	(20 - 20)	18	0,90
	15 vs. 28	(18 - 20)	18	0,94
	28 vs. 28 *	(20/20/18-18/20/20)	18	0,98
(GT) ₈ -Sonde	5 vs. 28	(22 - 22)	18	0,82
	10 vs. 28	(26 - 22)	22	0,92
	15 vs. 28	(24 - 22)	22	0,96
	28 vs. 28 *	(22/22/18-18/26/20)	19	0,86

^{1,2} Bandenauswertung in Gruppe 1, 2 im Fragmentlängenbereich 4.361 - 23.130 bp. ³S-Werte von jeweils zwei mixDNA-Spuren nach Formel (1), * Auswertung von mehreren gemixten DNA-Proben und Print-Spuren

Die Untersuchungsergebnisse in Tabelle 3 zeigen die Werte für den Ähnlichkeitsindex zwischen verschiedenen Ziegenrassen anhand der Bandenstruktur von gemixten DNA-Proben. Es sind die Resultate von Fingerprints mit beiden Sonden ausgewiesen. Alle Bandenstrukturen sind auf demselben Southern Blot mit der (GTG)₅-Sonde (Abb. 1) und nach erneuter Hybridisierung auch mit der (GT)₈-Sonde ausgewertet worden.

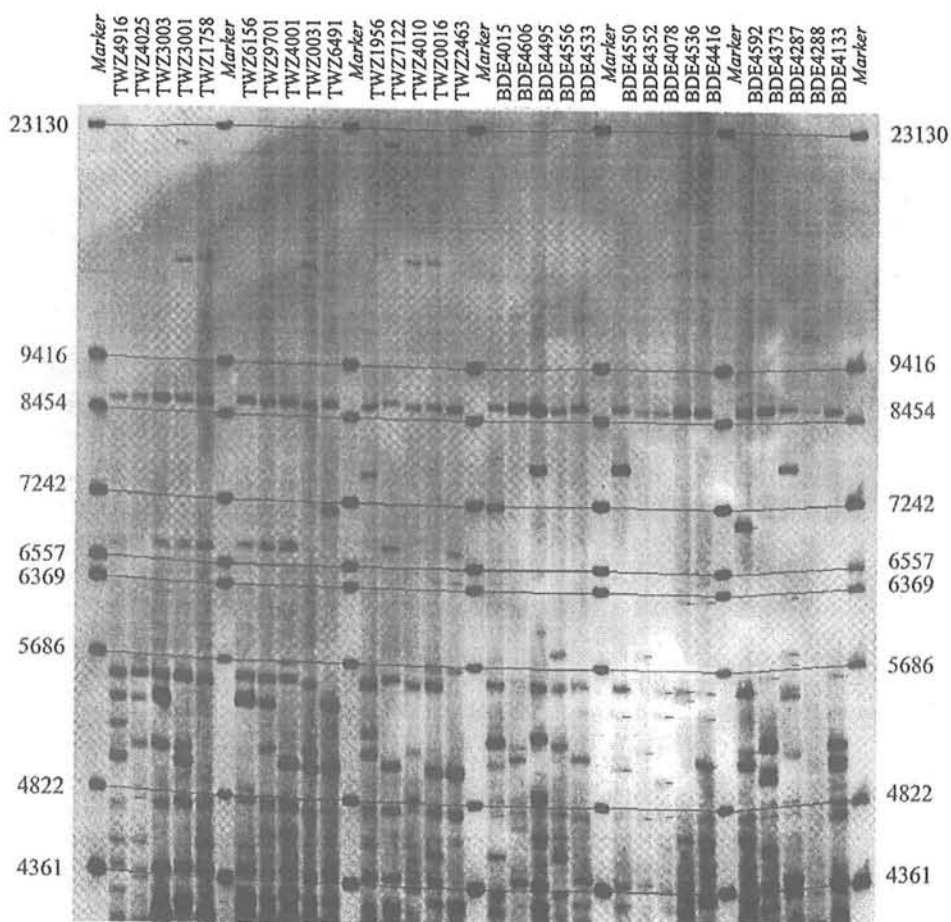


Abb. 2 Fingerprints von Einzeltierproben der Thüringer Wald Ziege (TWZ) und der Bunten Deutschen Edelziege (BDE) mit jeweils 15 Tieren (Restriktionsenzym *HaeIII*, Elektrophorese 30 cm, digoxigenierte $(GTG)_5$ -Sonde. Die Abkürzungen der Rassen und die Herdbuch Nr. für die Einzeltierproben sind oben dargestellt (vgl. Übersicht zum Tiermaterial). 7 Standardspuren (Marker) markieren rechts und links die Positionen der Molekulargewichtsstandards in Basenpaaren (bp). - Fingerprints (restriction enzyme *HaeIII*, electrophoresis 30 cm, $(GTG)_5$ probe) from 15 individual samples of Thüringer Wald Ziege (TWZ) and from 15 individual Bunte Deutsche Edelziege (BDE). Acronyms for breeds and individual herdbook numbers are written above the lanes. Seven lanes contain standards(marker) of known molecular weight as indicated on the right and left in base pairs (bp). For additional information on animals and breeds see text.

Innerhalb einer Rassegruppe zeigten die Resultate erwartungsgemäß die höchsten Werte für die Bandenstruktur bei den Proben: BDE-BDE und TWZ-TWZ von 0,98 - 1,00. Zwischen Proben von verschiedenen Rassen ergab sich die höchste Übereinstimmung bei den verglichenen Gruppen BDE-TWZ. Ein höherer Index von 0,66 ist auch zwischen den Stichproben der Toggenburger Ziegen aus Deutschland und Schweizer Herkunft gefunden worden. Dagegen wies die Gruppe Thüringer Wald Ziegen zur Toggenburger Ziege vergleichsweise einen Wert von nur 0,61 auf. Die niedrigsten Werte ergaben sich mit beiden Sonden in der Bandenstruktur der DNA zwischen den Proben der Thüringer Wald Ziegen und denen der Weißen Deutschen Edelziegen. Die analysierte Bandenstruktur mit der (GT)₈-Sonde auf dem selben Southern Blot ergab bei 6 von 9 Auswertungen, daß die Indexwerte zwischen den Rassen mit den Ergebnissen der (GTG)₅-Sonde direkt korrelierten.

Tabelle 3

Ähnlichkeitsindex bei gemixten DNA-Stichproben von 4 Ziegenrassen in Fingerprints mit der (GTG)₅- bzw. (GT)₈-Mikrosatellitensonde (Similarity index between mixed DNA samples of 4 breeds of goat in multi locus fingerprints produced with (GTG)₅ and (GT)₈ probe)

verglichene Rasse ¹ - Rasse ²	Tierzahl in mixDNA	(GTG) ₅ -Sonde			(GT) ₈ -Sonde		
		Banden in Gruppe ^{1,2} (n - n)	Banden überein- stimmend n	S-Index ³	Banden in Gruppe ^{1,2} (n - n)	Banden überein- stimmend n	S-Index ³
BDE - WDE	28/15	(18 - 19)	12	0,65	(18 - 26)	11	0,50
BDE - TWZ	28/28	(18 - 18)	12-13	0,70	(18 - 26)	13	0,59
BDE - TOGG	28/20	(18 - 18)	12	0,66	(18 - 30)	26	0,68
TWZ - TOGG	28/20	(18 - 18)	11	0,61	(26 - 30)	17	0,61
TWZ - WDE	28/15	(18 - 19)	9	0,49	(19 - 26)	11	0,49
WDE - TOGG	15/20	(19 - 18)	11	0,59	(26 - 30)	16	0,57
TOGG-sTOGG	20/10	(18 - 17)	12	0,66	(30 - 28)	23	0,79
BDE - BDE *	28/28	(20 - 20)	19	0,98	(18 - 20)	17	0,86
TWZ - TWZ *	28/28	(18 - 18)	18	1,00	(24 - 26)	18	0,72

^{1,2} Bandenauswertung in Gruppe 1, 2 im Fragmentlängenbereich 4.361 - 23.130 bp. ³ S-Werte zwischen je zwei mixDNA-Spuren nach Formel (1). *Auswertung mehrerer gemixter DNA-Proben und Print-Spuren der Stichproben einer Rasse

Die Resultate analysierter RFLPs von Einzeltieren zeigt Tabelle 4. Für die berechneten Werte des mittleren Ähnlichkeitsindex (\bar{s}) zwischen den Rassen sind die DNA-Spuren von 15 Tieren/Gruppe jeweils gegen alle Tiere der anderen Gruppe auf einem Southern Blot verglichen worden. Daraus ergaben sich 225 einzelne Werte, für welche die angegebenen Mittelwerte und Standardabweichungen berechnet und statistisch ausgewertet wurden. Die insgesamt 5 Versuchsansätze ergaben hier mittlere Indexwerte zwischen den Rassen von 0,36 - 0,47, diese waren vergleichsweise niedriger als mit den gemixten DNA-Proben (Tab. 3). In gemixten DNA-Proben wurden durchschnittlich nur 59% der bei den Einzeltieruntersuchungen gefundenen Bandenanzahl dargestellt (Tab. 3, 5). Es führt dazu, daß die S-Werte mit dieser Methode überbewertet sind.

Zwischen den Rassen ergab sich als Resultat, daß die größte Übereinstimmung in der

Bandenstruktur zwischen Toggenburger Ziegen aus einheimischer Population und denen Schweizer Herkunft besteht. Die Werte des Ähnlichkeitsindex der Thüringer Wald Ziege vs TOGG, Thüringer Wald Ziege vs WDE und auch zwischen BDE vs WDE sind gleich hoch einzuordnen. Die signifikant niedrigste Übereinstimmung ergab sich zwischen der Bunten Dt. Edelziege und Thüringer Wald Ziege. Wurde andererseits die genetische Distanz (D_{ij}) nach LYNCH (1990) kalkuliert, ergaben sich bei Ziegenrassen generell geringe Werte für den Dissimilarity-Index als bei Schafrassen (unveröffentl. RFLPs-Analysen). Der größte Unverwandtheitsgrad mit D_{ij} wurde zwischen den Rassen: BDE -TWZ sowie zwischen den Proben der deutschen und der Schweizer Toggenburger ermittelt. Einen hohen Verwandtheitsgrad (niedriger D_{ij} -Index) ergab dieses Distanzmaß zwischen den Rassen BDE-WDE.

Tabelle 4

Mittlerer Ähnlichkeitsindex und genetische Distanz zwischen den Ziegenrassen anhand der RFLPs mit der (GTG)₅-Sonde von Einzeltieranalysen (Average similarity and genetic distance between 4 breeds of goats calculated from DNA fingerprints of single animals)

verglichene Rassen / Versuchs-No ¹	Tiere/ Gruppe $n_1 - n_2$	mittlerer S-Index ² zwischen Rassen $\bar{x} \pm s$ (n)	D_{ij} ³
BDE-1 vs WDE-1	15 - 15	0,45 \pm 0,12 (225) **	0,005
BDE-2 vs TWZ-3	15 - 15	0,36 \pm 0,11 (225) *	0,070
WDE-2 vs TWZ-1	15 - 15	0,44 \pm 0,10 (225) **	0,065
TOG-2 vs TWZ-2	15 - 15	0,45 \pm 0,11 (225) **	0,051
TOG-1 vs sTOGG	20 - 10	0,47 \pm 0,11 (200) **	0,075

¹ Rasseabkürzungen und No des Versuchsansatzes, vgl. Material u. Methoden. ² Mittlerer Ähnlichkeitsindex aus paarweisem Vergleich aller Tiere zwischen beiden Gruppen, berechnet nach Formel (1). ³ genetische Distanz nach LYNCH (1990). ** Signifikant zur Gruppe a mit t-Test bzw. Mann-Whitney Rank Sum Test ($P < 0,005/0,001$)

Die Untersuchungen zur Schätzung genetischer Varianz in den Ziegenrassegruppen sind als Ergebnisse in Tabelle 5 dargestellt. Es wurden hierfür die mittlere Bandsharingrate und der mittlere Heterozygotiegrad der DNA von den Gruppen herangezogen und für die Auswertungen dieselben Fingerprints mit der (GTG)₅-Sonde von den Einzeltieren genutzt. Hierzu lagen mehrere Versuchsansätze (Southern Blots) für die Rassen der BDE, WDE, TOGG und TWZ vor und deshalb sind die Größen: mittlere Bandfrequenz/Gruppe, Loci, mittlerer Ähnlichkeitsindex und der mittlere Heterozygotiegrad bei diesen Gruppen mehrmals bestimmt worden.

Die Resultate weisen aus, daß die BDE-Gruppe den höchsten mittleren Heterozygotiegrad unter den untersuchten Gruppen hat. Entsprechend dazu waren bei der Untersuchungsgruppe auch die negativ korrelierten Parameter der mittleren Bandfrequenz und des mittleren Ähnlichkeitsindex niedrig (KUHNLEIN et al., 1991). Für den niedrigen Ähnlichkeitsindex war zu den anderen angegebenen Gruppen (TOGG, sTOGG, TWZ) ein signifikanter Unterschied nachzuweisen.

Der niedrigste Heterozygotiegrad ($H = 0,40$) wurde in der Gruppe Schweizer Toggenburger analysiert. Es standen dabei Proben von 10 unverwandten Tieren zur Verfügung. Auch hier war analog die mittlere Bandfrequenz und der mittlere Ähnlichkeitsindex gegenüber der BDE-Gruppe signifikant erhöht. Die Thüringer Wald Ziegen ergaben beim Heterozygotiegrad nicht einheitliche Analysewerte, in der Größenord-

Tabelle 5

Mittlere BS-Werte und mittlere Heterozygotie in der DNA bei den 4 Ziegenrassen aus Einzeltieranalysen mit multi-locus-Fingerprints (Average band frequencies, band sharing values and heterozygosity calculated from individual DNA fingerprints in goat breeds)

Rasse	Tiere	Banden ¹		mittlere ² Frequenz	Loci ³	Allele je Loci	Ähnlichkeitsindex ⁴ in Gruppe		Heterozygotie ⁵ in Gruppe
	n	gesamt n	je Tier \bar{x}		n	\bar{x}	$\bar{x} \pm s$	(n)	H
Bunte Deutsche	15	33	8,3	0,25 ^a	5,2	6,33	0,44± 0,11	(105) ^b	0,59 ^c
Edelziege (BDE)	15	34	7,1	0,21	4,5	7,69	0,41± 0,12	(105)	0,62 ^d
Weiß Deutsche	15	31	8,9	0,28	5,6	5,50	0,48± 0,13	(105)	0,54 ^e
Edelziege (WDE)	15	34	8,7	0,25	5,5	6,21	0,47± 0,12	(105)	0,56
Toggenburger	20	39	11,4	0,29	7,4	5,39	0,48± 0,11	(190)**	0,54 ^f
Ziege (TOGG)	15	35	10,0	0,28	6,6	5,36	0,46± 0,11	(105)	0,52 ^g
schweiz.Toggenb. Ziege (sTOGG)	10	26	11,7	0,45*	8,3	3,23	0,61± 0,10	(45)**	0,40 ^h
Thüringer Wald	15	25	7,1	0,30	4,8	5,29	0,53± 0,12	(105)**	0,51
Ziege (TWZ)	15	26	7,6	0,38*	5,4	3,76	0,57± 0,13	(105)**	0,43 ⁱ
	15	25	8,1	0,31	5,3	4,83	0,47± 0,16	(105)	0,50 ^j

¹ Banden im Bereich 4.361 - 23.130 bp, ² mittlere Bandfrequenz pro Gruppe, ³ Loci kalkuliert nach Formel (4),

⁴ mittlerer Ähnlichkeitsindex in den Tiergruppen, ⁵ Heterozygotie (H) nach STEPHENS et al. (1992),

*signifikant zu a (P = < 0,05/0,26), **signifikant zu b (P = < 0,001) t-Test bzw. Mann-Whitney Rank Sum Test, Permutationstest mit GELSTATS für (H), signifikante Differenzen (P=0,05): c > e, d > j, f > h, g > i

nung lagen sie unter der Gruppe WDE und der deutschen Toggenburger. Die erhöhten Werte bei der mittleren Bandfrequenz und bei der mittleren Bandsharingrate (vgl. Mittelwerte, Standardabweichung und statistischer Test) weisen auch auf eine geringere genetische Varianz in dieser Gruppe hin als bei den beiden oben genannten Gruppen. Mit einem weiteren statistischen Test (Permutationstest in GELSTATS Version 2.1) konnten die unterschiedlichen Heterozygotiewerte selbst geprüft werden (ROGSTAD und PELIKAN, 1996). Dieser Test vergleicht die Werte von ≈ 5000 Stichprobenkombinationen von den jeweils zwei Subpopulationen (n-2) eines analysierten Southern Blots gegeneinander. Bei Signifikanz eines unterschiedlichen Heterozygotiegrades zwischen den verglichenen Gruppen ist dieses in der Tabelle 5 angegeben.

4. Diskussion

Die Untersuchungen der DNA erstmals in dieser Art an Ziegen haben ergeben, daß die (GTG)₅-Sonde polymorphe Regionen mit 20 - 35 Banden pro Gruppe und 7 - 11 Banden pro Tier darstellen kann. Die erfaßten Loci berechneten sich zwischen 4,4 - 8,3 in den Gruppen. Dabei sind mittlere Band- und berechnete Allelfrequenzen in den Gruppen der Rassen zwischen 0,21 - 0,45 bzw. 0,13 - 0,27 zu finden.

Die Ähnlichkeitsindizes (Bandsharingwerte) zwischen Ziegenrassen anhand analysierter RFLPs mit gemixten DNA-Proben ergaben relativ hohe Werte (Tab. 3), wenn man Ergebnisse anderer Tierarten mit vergleichbarer mittlerer Bandfrequenz ($\approx 0,2 - 0,3$) aus der Literatur berücksichtigt (HERMANS et al., 1993). Nach HONMA und

ISHIYAMA (1990) hängt die Bandsharingrate stark von der Durchschnittshäufigkeit der Allele (q) ab, bei Nichtverwandtschaft und $q = 0,1$ sind theoretisch Werte von 0,19 zu erwarten. Unsere Resultate erklären sich teilweise dadurch, daß in der Bandenstruktur von den gemixten DNA-Proben vergleichsweise zu Einzeltierproben der gleichen Untersuchungsgruppen nur ca. 60 % der Bandenpositionen dargestellt sind, d.h. es werden bei den Prints gemixter DNA-Proben zahlenmäßig weniger Banden (solche mit relativ hoher Bandfrequenz) miteinander verglichen. Solche Werte des Ähnlichkeitsindex zwischen Rassegruppen sind dadurch überbewertet und bestätigen nicht die Befunde von GRUNDER et al. (1994) zur Vergleichbarkeit populationsgenetischer Parameter mit beiden Methoden.

Wurden die Werte zum Ähnlichkeitsindex zwischen den Rassen bei paarweisem Vergleich der RFLPs aller Einzeltieren von jeweils 2 Rassegruppen analysiert, berechneten sich dabei durchschnittlich Werte von 0,36 - 0,47. Der signifikant niedrigste Wert ergab sich hier zwischen Tieren der Bunten Dt. Edelziege und der Thüringer Wald Ziege. Die anderen Werte für die Ähnlichkeitsindizes (0,45 - 0,47) sind untereinander gleich hoch anzusehen, gleichwohl sagen sie aber aus, daß die Thüringer Waldziege zur Toggenburger Ziege keinen erhöhten mittleren Wert aufweist. LYNCH (1990) hat für die Distanzschätzung zwischen Populationen resp. Subpopulationen als Größe auch den Dissimilarity index (D_{ij}) eingeführt, der im Formelansatz sowohl die mittleren Bandsharingwerte zwischen als auch innerhalb der zwei verglichenen Gruppen berücksichtigt. Nach dieser Berechnung (D_{ij} , Tab. 4) ist zwischen den Rassen die Distanz bei der BDE - WDE am geringsten, während sich bei den anderen verglichenen Rassen gleiche Distanzen ergeben. Diese Distanzen zwischen den Ziegenrassen sind insgesamt gering einzustufen, wenn man z.B. die mittleren Bandsharingwerte für stark wachstumsselektierte Hühnerlinien von DUNNINGTON et al. (1991) und daraus zu kalkulierende maximale Werte für $D_{ij} \approx 0,7 - 0,8$ berücksichtigt.

Die Schätzung genetischer Diversität bzw. genetischer Varianz aus RFLPs ist besonders dann von Interesse, wenn wie bei den Wildtierpopulationen oder alten gefährdeten Nutztierassen keine oder gegebenenfalls nur unvollständige Abstammungsnachweise vorliegen und auch für andere Schätzverfahren die notwendigen Allelfrequenzmessungen an polymorphen Genorten fehlen. Nach HERMANS et al. (1993) haben sich die in den Tabellen aufgeführten Parameter (mittlere Bandfrequenz, mittlere *quasi*Allelfrequenz und mittlerer Ähnlichkeitsindex) als geeignete Indikatoren für die genetische Diversität bei Schafrassen erwiesen, während andere einschlägige Arbeiten dafür auch die mittlere Heterozygotie nach STEPHENS et al. (1992) genutzt haben (GILBERT et al., 1991; GATEI et al., 1991; BAKER et al., 1993; MATHUR et al., 1994; ROGSTAD and PELIKAN, 1996). Diese ist aber nicht dem Anteil heterozygoter Genotypen auf Ebene translaterter Proteinallele oder Merkmale gleichzusetzen. Aus methodischen Gründen sind auch wegen spezifischer Restriktionsenzymchnittstellen, spezifischer Hybridisationsorte der eingesetzten Sonden und der ausgewerteten Bandenbereiche die Resultate aus analysierten RFLPs mit anderen Untersuchungen häufig nicht vergleichbar.

Ziegen untersuchte man in dieser Hinsicht bisher nicht. Vergleichbar sind Ergebnisse

zum Screening einer größeren Gruppe von Schafrassen anhand der DNA-Fingerprints mit gleicher Methodik. Dabei erhielten wir für kleine Populationen der Landschaftsrassen für $H = 0,78 - 0,85$ und bei den Proben aus größeren, intensiver gezüchteten 5 Leistungsrassen $H = 0,68 - 0,89$ (FALGE et al., 1999). Zusammenfassend weisen die Ergebnisse bei den 4 Ziegenrassen aus, daß die Bunte Dt. Edelziege mit $H = 0,61$ den höchsten Heterozygotiegrad in der DNA enthält. Bei den drei anderen Rassen ist vergleichsweise dazu 88,4 %, 87,8 % und 79 % enthalten. Bei vergleichbarer Unverwandtheit aller untersuchten Tiere (Tab. 1) sind die Unterschiede wahrscheinlich auf zurückliegende Züchtungsprozesse oder auf eine verkleinerte Populationsgröße in der Vergangenheit und einen Bottleneck-Effekt zurückzuführen (NEI et al., 1975). Die verringerte genetische Varianz beim gefährdeten Rassebestand der Thüringer Wald Ziege ist aber begrenzt, wenn man den Heterozygotiegrad bei den anderen Rassen berücksichtigt und die Befunde über stark reduzierte Heterozygotiewerte isolierter Wildtierpopulationen heranzieht (GILBERT et al., 1990; GILBERT et al., 1991; RASSMANN und TAUTZ, 1994). Die Resultate sprechen dafür, die Erhaltung dieser Rasse unter dem Einsatz der vorhandenen Bocklinien verstärkt fortzusetzen.

Danksagung

Für die Projektförderung seitens des BML/Bonn und für die interessierte Mitarbeit und bereitgestellten geeigneten Zuchttiere sei an dieser Stelle dem BDZ/Bonn, den in Tabelle 1 aufgeführten Landesziegenzuchtverbänden und den insgesamt 28 Züchtern gedankt.

Literatur

ADZ-INFORMATIONEN:

Leistungsstand der deutschen Milchziegen. Deutsche Schafzucht 6 (1994), 135

BAKER, C. S.; GILBERT, D. A.; WEINRICH, M. T.; LAMBERTSEN, R.; CALAMBOKIDIS, J.; McARDLE B.; CHAMBERS, G. K.; O'BRIEN, S. J:

Population characteristics of DNA fingerprints in Humpback Whales (*Megaptera novaeangliae*). J. Heredity 84 (1993), 281-290

BDZ-INFORMATIONEN:

Herdbuch-Ziegenbestände und Leistungsdaten der Ziegenzucht in Deutschland. Deutsche Schafzucht 3 (1996), 57-63

DUNNINGTON, E. A.; GAL, O.; SIEGEL, P. B.; HABERFELD, A.; CAHANER, A.; LAVI, U.; PLOTSKY, Y.; HILLEL, J.:

Desoxyribonucleic acid fingerprint comparisons between selected populations of chickens. Poultry Science 70 (1991), 463-467

EPPLEN, T. J.; ZISCHLER, H.:

DNA-Fingerprinting mit Oligonukleotiden. Fresenius Diagnostik (1991)

FALGE, R.; EHLING, CH.; NIEMANN, H.:

Erhaltung genetischer Vielfalt bei Nutztieren durch biotechnologische Verfahren. Dtsch. tierärztl. Wschr. 103 (1996) 8-9, 336-340

FALGE, R.; TERLETSKI, V.; CARNWATH, J.; SCHMIDT, H.; HELBING, K.; NIEMANN, H.:

Untersuchungen zur genetischen Distanz, Verwandtschaft und des Heterozygotiegrades bei bestandsgefährdeten Leineschafen anhand DNA-Fingerprints mit digoxigenierter M13-Phagen-Sonde oder Oligonukleotid-Sonde (GTG). Züchtungskunde, Stuttgart 70 (1998) 1, 13-28

- FALGE, R.; TERLETSKI, V.; MENDEL, CH.; GRUMBACH, S.; GERDES, K.; CARNWATH, J.; NIEMANN, H:
Schätzung des mittleren Heterozygotiegrades aus Fingerprints bei einheimischen Landschaftsrassen des norddeutschen und süddeutschen Raumes. *Züchtungskunde*, Stuttgart 71 (1999) 2, 147-157
- FEILKE, E:
Grundsätzliche Gedanken zur Herdbuchziegenzucht. *Der Ziegenzüchter* 8 (1992) 1, 2-7
- GALL, CH.:
Ziegenzucht, (Tierzuchtbücherei, Hrsg. G. Comberg), Verlag E. Ulmer, Stuttgart (1982)
- GATEI, M. H.; CHEN, P. M.; DANIEL R. C. W.; LAVIN, M. F.:
DNA fingerprints of sheep using an M13 probe. *Animal Genetics* 22 (1991), 285-289.
- GEORGES, M.; LEQUARRE, A. S.; CASTELLI, M.; HANSET, R.; VASSART, G.:
DNA-fingerprinting in domestic animals using four minisatellite probes. *Cytogenet. Cell. Genet* 47 (1988), 127-131
- GILBERT, D. A.; REID, Y. A.; GAIL, M. H.; PEE, D.; WHITE, C.; HAY, R. J.; O'BRIEN, S. J.:
Application of DNA fingerprints for cell-line individualization. *Am. J. Hum. Genet.* 47 (1990), 499-514
- GILBERT, D. A.; PACKER, C.; PUSEY, A. E.; STEPHENS, J. C.; O'BRIEN, S. J.:
Analytical DNA fingerprints in lions: parentage, genetic diversity, and kinship. *J. Hered.* 82 (1991), 378-386
- GLODEK, P.:
Möglichkeiten der Unterscheidung zwischen Rassen. Vortragsveranstaltung der Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V. und Dt. Gesellschaft für Züchtungskunde e.V., Wittenhausen (1992), Sonderheft, 34-39
- GRUNDER, A. A.; SABOUR, M. P.; GAVORA, J. S.:
Estimates of relatedness and inbreeding in goose strains from DNA fingerprints. *Animal Genetics* 25 (1994) Supp. 1, 81-88
- HERMANS, I. F.; MORRIS, C. A.; CHAMBERS, G. K.; TOWERS, N. R.; JORDAN, T. W.:
Assessment of DNA fingerprinting for determining genetic diversity in sheep populations. *Animal Genetics* 24 (1993), 385-388
- HOFMANN, F.; LÖHLE, K.; WOHLFAHRT, P.:
Die Thüringer Waldziege - ein Beitrag über ihre Entwicklung, Verbreitung und Leistungen. *Archiv für Geflügelzucht und Kleintierkunde*, Berlin 8 (1959) 3, 203-213.
- HONMA, M.; ISHIYAMA, I.:
Hum. Hered. 40 (1990), 356
- JEFFREYS, A. J.; MORTON, D. B.:
DNA fingerprints of dogs and cats. *Anim. Genet.* 18 (1987), 1-15
- KUHNLEIN, U.; ZADWORNÝ, D.; DAWÉ, Y.; FAIRFULL, R. W.; GAVORA, J. S.:
Assessment of inbreeding by DNA fingerprinting: Development of a calibration curve using defined strains of chickens. *Genetics* 125 (1990), 161-165
- LANNELUC, I.; HOSPITAL, F.; CHEVALET, C.; ELSÉN, J. M.; GELLIN, J.:
Genetic analysis of fingerprints in Merino d'Arles x Boroola Merino crossbred sheep. *Animal Genetics* 23 (1992), 339-46
- LYNCH, M.:
The similarity index and DNA fingerprinting. *Mol. Biol. Evol.* 7, 5 (1990), 478-484
- MATHUR, P. K.; PONSUKSILI, S.; GROEN, A. F.; HORST, P.:
Estimation of genetic variability within and between populations using DNA fingerprints. *Proc. 5th world congress on genetics applied to livestock production*, Guelph, Canada, Vol. 21 (1994), 528-531
- NEI, M.; MARUYAMA, T.; CHAKRABORTY, R.:
The bottleneck-effect and genetic variability. *Evolution* 29, 1(1975), 1-10
- RASSMANN, K.; TAUTZ, W.:
Low genetic variability in a natural alpine marmot population (*Marmota marmota*, *Sciuridae*) revealed by DNA fingerprinting. *Mol. Ecol.* 3 (1994) 4, 347-353
- REENTS, R.; MEINIKMANN, H.; GLODEK, P.:
Erhaltung einer genetischen Reservepopulation des Deutschen Schwarzbunten Niederungsrindes (DSR). *Arch. Tierz., Dummerstorf* 35 (1991), 17-26

- ROGSTAD, S. H.; PELIKAN, S.:
A computer program for population genetics analyses using VNTR multilocus probe data. *Bio Techniques* 21 (1996) 6, 1128-1131
- SCHMIDT, H.:
Einsatzmöglichkeiten alter Haustierrassen in der Landwirtschaft. *NNA-Berichte* 3/1 (1990), 45-46
- STIER, K.:
Analyse der Population der Thüringer Waldziege im Hinblick auf ihre Erhaltung. Diplom-Arbeit, Univ. Gesamthochschule /Kassel (1992)
- STEPHENS, J. C.; GILBERT, D. A.; YUHKI, N.; O'BRIEN, S. J.:
Estimation of heterozygosity for single-probe multilocus DNA fingerprints. *Mol. Biol. Evol.* 9 (1992) 4, 729-743
- TRAUTWEIN, H.:
Wieviele Ziegen werden in Deutschland gehalten? *Deutsche Schafzucht* 6 (1994), 132-133
- TRAUTWEIN, H.:
Situation der Ziegenzucht und -haltung in Deutschland. Vortrag im DGfZ-Arbeitsausschuß zur Erhaltung der genetischen Vielfalt bei landwirtschaftlichen Nutztieren, 5/6 September (1997) in Leutenberg / Thüringen
- TSURUGA, H.; MANO, T.; YAMANAKA, M.; KANAGAWA, H.:
Estimate of genetic variations in Hokkaido brown bears (*Ursus arctos yesoensis*) by DNA fingerprinting. *Jpn. J. Vet. Res.* 42 (1994) 3 / 4, 127-136.
- VERHORST, D.; MEYER, J.-N.; GROENEVELD, E.; GLODEK, P.:
Genetic differentiation between lines of pigs using blood and enzyme polymorphism. *Proc. 1th world Congr. genetics applied to Livestock production, Madrid, (1974) pp. 275-281*

Eingegangen: 14.12.1998

Akzeptiert: 12.07.1999

Anschriften der Verfasser

Dr. rer. nat. REINHARD FALGE, Ph. D. JOSEPH WALLACE CARNWATH,
Prof. Dr. HEINER NIEMANN
Institut für Tierzucht und Tiervershalten, Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft /
Braunschweig (FAL)
Höltzstr. 10
D-31535 Neustadt

Dipl. agr. Ing. KAROLA STIER
GEH-Organisation
Am Eschenbornrasen 11
D-37202 Witzenhausen

Dr. VALERI TERLETSKI
Allrussisches Forschungsinstitut für Tiergenetik und -züchtung
Moscovskoje Ch. 55
St. Petersburg-Pushkin
Russia 189620

Veranstaltungshinweis

24. Kulmbacher Fortbildungstage

Die Bundesanstalt für Fleischforschung führt am 12. und 13. Oktober 1999 die 24. Kulmbacher Fortbildungstage zum Thema

Analytik bei Fleisch - Schnell-, Schätz- und Meßmethoden

durch. Zeit ist Geld - dies gilt in der chemischen Analytik in ganz besonderem Maße. Die technischen Innovationen im Laborbereich haben Möglichkeiten der Personal- und Zeiteinsparung geschaffen, die gerade Lebensmitteln mit geringer Haltbarkeit besonders zugute kommen. Anliegen der diesjährigen Fortbildungstage ist es, diesen technischen Fortschritt für Anwender der Fleischbranche aufzuarbeiten und verfügbar zu machen. Mit diesem Ziel werden insgesamt 11 Vorträge gehalten. Es werden zunächst die technischen Grundlagen der Schnellanalytik und der Probenahme angesprochen und nachfolgend konkret zu einer Reihe von modernen Schnell- und Meßmethoden übergegangen. Hierbei werden gentechnische, immunologische und mikrobiologische Methoden ebenso berücksichtigt wie die Analyse der nur in geringsten Mengen vorkommenden Kontaminanten von Fleisch. Die Tagung richtet sich an die Laborpraktiker der Fleischgewinnung und Fleischverarbeitung, an Überwachungsämter, an die Beratungsinstitutionen aber auch an die Studierenden der Lebensmitteltechnologie, der Ernährungswissenschaften und der Veterinärmedizin.

Die Tagung findet im Gebäude der Bundesanstalt statt.

Anmeldungen bis 20. September an die Bundesanstalt für Fleischforschung, E.C.-Baumann-Str. 20, 95326 Kulmbach.

Tel.: 09221/803-269

Fax: 09221/803-244

E-mail: BAFF@t-online.de