

MARTIN ERNST & JOSEF FEUEREISEL, Brno

Problematik der genetischen Diversität in Gehegehaltungen am Beispiel des Polymorphismus des Genes *LEP* beim Schwarzwild (*Sus scrofa* L.)

Schlagworte/key words: Schwarzwild, Polymorphismus, Genetik, Gen *LEP*, genetische Diversität, wild boar, polymorphism, genetics, *LEP* gene, genetic diversity

1. Einleitung

Der durch die Jagdausübung in den Wildgehegen realisierte Wahlabschuss könnte bei den isolierten Gehegepopulationen zu einer allmählichen Verarmung ihrer genetischen Diversität führen. Das Ziel des mit der Hege verbundenen Wahlabschlusses ist die Gewinnung von qualitativ guten Trophäen bei gleichzeitiger Aufrechterhaltung eines guten Gesundheitszustandes des Wildes, der Fruchtbarkeit und Lebensfähigkeit der Population. In dieser Studie wird am Beispiel des Polymorphismus des Genes *LEP* der mögliche Selektionseinfluss auf die genetische Diversität bei drei Populationen des Schwarzwildes (*Sus scrofa* L.) demonstriert. Allgemein ist bekannt, dass je mehr Heterozygoten in der Population vorkommen, desto lebensfähiger und anpassungsfähiger ist sie. Das Ziel der Arbeit war die drei untersuchten Schwarzwildpopulationen mit einander zu vergleichen und auf die möglichen Risiken der Reduktion des Anteiles der Heterozygoten im Zusammenhang mit genetisch nicht kontrollierter Selektion in geschlossenen Wildhaltungen hinzuweisen.

2. Stand der gelösten Problematik

Bei dem Hausschwein ist das Gen *LEP* auf dem 18. Chromosom lokalisiert (SASAKI et al., 1996) und seine Sequenz, inklusive 3 Exonen, 5920 bp bilden (BIDWELL et al., 1997).

Von 4 polymorphen Stellen befinden sich zwei in der kodeschaffenden Sequenz auf den Positionen 3469 bp und 3714 bp. Sie können mit Hilfe der Restriktion-Endonuklease *Hinf*I und *Pst*I identifiziert werden (JIANG et al., 1999).

Das Produkt von diesem Gen ist das Protein Leptin, welches an der Regulation der Nahrungsaufnahme beteiligt ist und seine Expression einen hohen Korrelationswert mit dem Fettanteil im Körper und mit der Größe von Fettzellen hat (HOUSEKNECHT et al., 1998).

Bei den Hybriden vom Berliner Miniaturschwein und der DU-Rasse hatten HARDGE et al. (1998) nachweisbare Assoziationen zwischen *LEP* – *Hinf*I Polymorphismus und den Kenngrößen des Durchwachsens von Fettgewebe festgestellt.

Aufgrund der aufgeführten Angaben wird das Gen *LEP* als mögliches Kandidaten-Gen

für eine Selektion mit Hilfe der genetischen Marker (MAS) bei den gezüchteten Schweine-rassen gehalten.

3. Material und Methodik

In der Arbeit haben wir den Polymorphismus bei 70 Stück von frei lebenden Wildschweinen (*Sus scrofa* L.) aus Norddeutschland, dem Riesengebirge, aus Mähren und der mittleren Slowakei (im Weiteren als FWS bezeichnet), 40 Stück aus dem Wildgehege „Sedlice“ in Südböhmen (im Weiteren als SWS bezeichnet) und 40 Stück aus dem Wildgehege „Osoblaha“ in Nordböhmen (im Weiteren als OWS bezeichnet), untersucht.

Ins Wildgehege „Osoblaha“ hat man, mit dem Ziel der Blutauffrischung und Trophäenqualitäts-erhöhung der Keiler, Wild aus dem Gehege „Sedlice“ hinzugesetzt.

Die Hegeeingriffe sind auf die Selektion der Einzelstücke mit der Herkunft vom Wild aus „Sedlice“ ausgerichtet.

Die Blutprobenentnahme von dem Schwarzwild erfolgte von erlegtem Wild aus der Brust durch das Durchschneiden des Zwerchfells, meistens sofort, höchstens aber bis zu 30 Minuten nach der Erlegung. Ungefähr von einem Drittel des SWS- und OWS-Wildes wurde das periphere Blut aus der jugularen Vene von lebendem Wild entnommen.

Alle Proben wurden zuerst mit einer Antikoagulantlösung (150 µl 0,5 M EDTA / 5 ml Blut) gründlich durchgeschüttelt und wurden dann in der DNA-Datenbank im Institut für Schutz der Wälder und Jagdwesen in einer Tiefgefrierbox bei einer Temperatur von -56°C gelagert.

Die einzelnen Genotypen des untersuchten Gens *LEP* wurden mit Hilfe der Methoden PCR und RFLP unter Anwendung der Restriktion-Endonuklease *HinfI* (ERNST, 2005) identifiziert.

4. Resultate und Diskussion

Bei der Variabilitätsauswertung des Gens *LEP* wurde bei 40 Einzelstücken SWS nur die Anwesenheit der Allele im homozygoten Genotyp *TT* gefunden und das genetische System hat sich als monomorph erwiesen. Bei der Popu-

lation SWS (n = 40) lag die nachgewiesene Frequenz des Allels „T“ bei $1,00 \pm 0,00$. In der Population FWS (n = 70) betrug die Frequenz des Allels „T“ $0,75 \pm 0,04$ und des Allels „C“ $0,25 \pm 0,04$. Bei der Population OWS (n = 40) war die nachgewiesene Frequenz des Allels „T“ $0,97 \pm 0,03$.

In den untersuchten Populationen haben wir in der absoluten Frequenz der Genotypen statistisch nachweisbare Unterschiede festgestellt (Tabelle 1).

Den höchsten Heterozygotenanteil haben wir bei der frei lebenden Population FWS festgestellt. Es folgte die Population SWS und der niedrigste Anteil war bei der Population OWS. Die PIC-Werte waren für FWS = 0,3097, OWS = 0,0583 und SWS = 0,0000 (Tabelle 2). Die Resultate unserer Untersuchungen könnten wir leider nicht mit den Arbeiten von anderen Autoren vergleichen, da uns keine einschlägige Literatur verfügbar ist.

5. Schlussfolgerungen

Aus den Resultaten ist ersichtlich, dass alle bei OWS festgestellten Werte sich SWS nähern und das Vorkommen der heterozygoten Einzelstücke am höchsten bei der frei lebenden Population FWS ist.

Dank der Migration des Wildes in der freien Wildbahn besteht hier die bessere Möglichkeit eines Austausches der genetischen Information zwischen entfernten Populationen und in dessen Folge zu höherer Anzahl der Heterozygoten als bei den isolierten Populationen. In den geschlossenen Wildhaltungen empfehlen wir die genetische Variabilität des Wildes zu kontrollieren, da aufgrund der gewonnenen Resultate haben wir einen möglichen Einfluss der Wildselektion auf die genetische Diversität festgestellt haben.

Eine Rolle wird hier selbstverständlich auch das interne Population-Inbreeding spielen, welches der Gegenstand von unseren weiteren Untersuchungen mit Hilfe der Mikrosatelliten-Analysen sein wird.

Tabelle 1 Die absolute Frequenz der Genotypen und Frequenz des Allels

| Population | Gens | Genotype | n | Frequenz der Genotypen | Frequenz des Allels |
|------------|------|----------|----|------------------------|------------------------------------|
| FWS | LEP | CC | 1 | 0,02 | C = 0,25 ± 0,04 T = 0,75 ± 0,04 |
| | | CT | 33 | 0,47 | |
| | | TT | 36 | 0,51 | |
| SWS | LEP | CC | 0 | 0,00 | C = 0,00 ± 0,00 T = 1,00 ± 0,00 |
| | | CT | 0 | 0,00 | |
| | | TT | 40 | 1,00 | |
| OWS | LEP | CC | 0 | 0,00 | C = 0,03 ± 0,03 T = 0,97 ± 0,03 |
| | | CT | 2 | 0,05 | |
| | | TT | 38 | 0,95 | |

Tabelle 2 Anteil der Heterozygoten (H) und polymorphen Informationsinhalt (PIC)

| Population | n | H | PIC |
|------------|----|----------|----------|
| | | Gens LEP | Gens LEP |
| FWS | 70 | 0,38 | 0,31 |
| SWS | 40 | 0 | 0 |
| OWS | 40 | 0,06 | 0,06 |

6. Danksagung

Diese Publikation wurde mit Unterstützung des Forschungsvorhabens des Ministeriums für Schulwesen der Tschechischen Republik, Projekt Nr. 6215648902 und im Auftrag des Schulforstbetriebes „Masarykforst Krtiny“ (Aufgabe Nr. 071-418) erstellt.

7. Zusammenfassung

In dieser Studie wird am Beispiel des Polymorphismus des Gens *LEP* der mögliche Selektionseinfluss auf die genetische Diversität bei drei Populationen des Schwarzwildes (*Sus scrofa L.*) demonstriert.

Bei der Population SWS (n = 40) war die nachgewiesene Frequenz des Allels „T“ 1,00 ± 0,00. In der Population FWS (n = 70) betrug die Frequenz des Allels „T“ 0,75 ± 0,04 und des Allels „C“ 0,25 ± 0,04. Bei der Population OWS (n = 40) lag die nachgewiesene Frequenz des Allels „T“ bei 0,97 ± 0,03.

Aus den Resultaten ist ersichtlich, dass alle bei OWS festgestellten Werte sich SWS nähern und die Anzahl der heterozygoten Einzelstücke am höchsten in der frei lebenden Population FWS ist.

Summary

Genetic diversity in polymorphism of the gene *LEP* of wild boar (*Sus scrofa L.*) in enclosures

This study advert the possible influence of selection to genetic diversity in three wild boar populations at the example *LEP* gene polymorphism.

The frequency of allele „T“ was detected 1,00 ± 0,00 in SWS population (n = 40). In FWS population (n = 70) the frequencies of alleles were as follows: T = 0,75 ± 0,04 and C = 0,25 ± 0,04, respectively. In OWS population (n = 40) the frequency of allele „T“ was found 0,97 ± 0,03.

From result is evident, that all detected values of OWS were approximating to the SWS and the highest heterozygous individualum distribution was found in the free-living animals (FWS).

Literatur

BIDWELL, C.A.; JI, S.; FRANK, G.R.; CORNELIUS, S.G., WILKIS, G.M.; SPURLOCK, M.E. (1997): Cloning and expression of the porcine obese gene. – Anim. Biotechnology 8: 191–206.

- ERNST, M. (2005): Genetická variabilita a diverzita *Sus scrofa scrofa*, *Sus scrofa atilla* a *Sus scrofa domesticus*. Doktorská disertační práce. MZLU v Brně.
- HARDGE T.; KÖPKE K.; WIMMERS K.; LEUTHOLD G. (1998): Association between polymorphism of the leptin gene (*LEP*) and performance traits in a porcine resource family and in commercial outbreed populations. – Anim. Genet. **29** (Suppl. I): Abstr. E046, 70.
- HOUSEKNECHT K.L.; BAILE C.A.; MATTERI R.L.; SPURLOCK M.E. (1998): The biology of leptin: a review. – J. Anim. Sci. **76**: 1405–1420.
- JIANG, Z.-H.; GIBSON, J.P. (1999): Genetic polymorphisms in the leptin gene and their association with fatness in four pig breeds. – Mammalian Genome **10**: 191–193.
- SASAKI, S.; CLUTTER, A.C.; POMP, D. (1996): Assignment of the porcine obese (leptin) gene to chromosome 18 by linkage analysis of a new PCR-based polymorphism. – Mamm. Genome **7** (6): 471–472.

Anschrift der Verfasser:

Dipl. Forst. Ing. MARTIN ERNST
Ph.D. und Doz. Dipl. Forst.-Ing.
JOSEF FEUEREISEL
Mendel-Universität für Land- und Forstwirtschaft in Brno
Forst- und Holzwirtschaftliche Fakultät
Institut für Schutz der Wälder und Jagdwesen
Zemědělská 3
613 00 Brno
Tschechische Republik
E-Mail: ernst@email.cz; feuer@mendelu.cz

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Beiträge zur Jagd- und Wildforschung](#)

Jahr/Year: 2007

Band/Volume: [32](#)

Autor(en)/Author(s): Ernst Martin, Feuereisel Josef

Artikel/Article: [Problematik der genetischen Diversität in Gehegehaltungen am Beispiel des Polymorphismus des Genes LEP beim Schwarzwild \(*Sus scrofa* L.\) 345-348](#)