

GENETISCHE VARIABILITÄT IN HERDEN DES
GEFÄHRDETEN LEINESCHAFES

V. P. Terletski, R. Falge, J. W. Carnwath, H. Niemann

Zusammenfassung

Das Leineschaf mit einem derzeitigen Zuchttierbestand von 830 Tieren (1995) gilt als gefährdete lokale Schafrasse. Es weist eine wechselvolle Zuchtgeschichte auf, die sich bis in die Gegenwart in Form verschieden ausgeprägter Nutzungstypen dokumentiert. Die Rasse entstand nach 1850. Die erste eingehende Beschreibung der Rasse stammt von Böhm (1878), die abgesehen von der damals geringen Rücken- und Keulenbemuskelung - mit der heutigen Rassebeschreibung dieser Schafe übereinstimmt. Das damalige Zuchtziel (von der Landwirtschaftskammer der Provinz Hannover 1906), die weitere Zuchtgeschichte und die ausführliche Rassebeschreibung sind anschaulich von Sambraus (1996) beschrieben worden. Der Tierbestand in den Zuchtgebieten wurde 1948 mit 66.272 Leineschafen angegeben. Sinkende Erlöse für Wolle und steigende Nachfrage nach Fleischlammern führten über das geänderte Zuchtziel und auch über begrenzte Einkreuzung sowohl von Texelschafen als auch Ostfriesischer Milchschafe zur Entstehung eines neuen Rassetyps (vgl. Leistungsdaten, Dt. Schafzucht 1994).

Mit dem Rückgang dieser Bestände und dem Interesse an der Erhaltung resp. Wiedereinbürgerung von alten Leineschafen im Eichsfelder Raum sind Tiere sowohl aus Polen reimportiert (zwischen 1954 und 1960 sind als Reparationszahlung ca. 1.500 Tiere des alten Zuchttyps von Niedersachsen nach Polen geliefert worden) als auch Restbestände des alten Leineschafes aus dem Zoo Erfurt und der Eichsfelder Region in 2 größere Herden eingebracht worden, die beim Wiederaufbau der Zuchtherden vom Landesschafzuchtverband Thüringen betreut werden. Für die relativ heterogenen Tierbestände (neue/alte Zuchtrichtung) liegen bisher keine molekulargenetischen Untersuchungen vor.

Die Darstellung hypervariabler Regionen in der DNA mit Hilfe von Mini- oder Mikrosatellitensonden gestattet es, neben Nachkommenprüfungen,

Rad je priopćen na 48th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Vienna, Austria, August 25-28, 1997.

V. P. Terletski, Russian Research Institute for Animal Genetic & Breeding, St. Petersburg-Pushkin, Moscovskoye sh. 55; R. Falge, J. W. Carnwath, H. Niemann, Institut für Tierzucht und Tierverhalten (FAL), Mariensee, D-31535 Neustadt, Germany.

Identifikation von Individuen auch Untersuchungen zu populationsgenetischen Kriterien in Tiergruppen vorzunehmen. Die DNA-Fingerprints werden vorwiegend für Untersuchungen der DNS beim Menschen oder im Tierbereich bei Hühnerrassen und deren Zuchtlinien eingesetzt, um z. B. dort den Verwandtschaftsgrad und Inzucht abzuschätzen (Kühnlein et al., 1989; Wetton et al., 1987). Für Schafe wurden diese Methoden erst in geringem Umfang genutzt. Gatei et al. (1991), Lanneluc et al. (1992) und Hermans et al. (1993) haben damit vergleichende Untersuchungen zu Hybridisierungsarten der Sonden in der DNA von Schafen und anderen Tierarten durchgeführt.

Die Zielsetzung unserer Untersuchungen mit der Fingerprintmethodik bestand darin, abzuklären, wieweit die zwei Leineschafzuchtstrichtungen untereinander abzugrenzen sind und die begrenzt vorgenommene Einkreuzung von 3 anderen Rassen nachzuweisen ist.

Einleitug

Das Leineschaf mit einem derzeitigen Zuchttierbestand von 830 Tieren (1995) gilt als gefährdete lokale Schafrasse. Es weist eine wechselvolle Zuchtgeschichte auf, die sich bis in die Gegenwart in Form verschieden ausgeprägter Nutzungstypen dokumentiert. Die Rasse entstand nach 1850. Die erste eingehende Beschreibung der Rasse stammt von Böhm (1878), die abgesehen von der damals geringen Rücken- und Keulenbemuskelung - mit der heutigen Rassebeschreibung dieser Schafe übereinstimmt. Das damalige Zuchtziel (von der Landwirtschaftskammer der Provinz Hannover 1906), die weitere Zuchtgeschichte und die ausführliche Rassebeschreibung sind anschaulich von Sambraus (1996) beschrieben worden. Der Tierbestand in den Zuchtgeieten wurde 1948 mit 66.272 Leineschafen angegeben. Sinkende Erlöse für Wolle und steigende Nachfrage nach Fleischlammern führten über das geänderte Zuchtziel und auch über begrenzte Einkreuzung sowohl von Texelschafen als auch Ostfriesischer Milchschafe zur Entstehung eines neuen Rassetyps (vgl. Leistungsdaten, Dt. Schafzucht 1994).

Mit dem Rückgang dieser bestände und dem Interesse an der Erhaltung resp. Wiedereinbürgerung von alten Leineschafen im Eichsfelder Raum sind Tiere sowohl aus Polen reimportiert (zwischen 1954 und 1960 sind als Reparationszahlung ca. 1.500 Tiere des alten Zuchttyps von Niedersachsen nach Polen geliefert worden) als auch Restbestände des alten Leineschafes aus dem Zoo Erfurt und der Eichsfelder Region in 2 größere Herden eingebracht worden, die beim Wiederaufbau der Zuchtherden vom Landesschafzuchtverband Thüringen betreut werden. Für die relativ heterogenen Tierbestände (neue/alte Zuchttrichtung) liegen bisher keine molekulargenetischen Untersuchungen vor.

Die Darstellung hypervariabler Regionen in der DNA mit Hilfe von Mini- oder Mikrosatellitensonden gestattet es, neben Nachkommenprüfungen, Identifikation von Individuen auch Untersuchungen zu populationsgenetischen Kriterien in Tiergruppen vorzunehmen. Die DNA-Fingerprints werden vorwiegend für Untersuchungen der DNS beim Menschen oder im Tierbereich bei Hühnerrassen und deren Zuchtlinien eingesetzt, um z. B. dort den Verwandtschaftsgrad und Inzucht abzuschätzen (Kühnlein et al., 1989; Wetton et al., 1987). Für Schafe wurden diese Methoden erst in geringem Umfang genutzt. Gatei et al. (1991), Lanneluc et al. (1992) und Hermans et al. (1993) haben damit vergleichende Untersuchungen zu Hybridisierungssorten der Sonden in der DNA von Schafen und anderen Tierarten durchgeführt.

Die Zielsetzung unserer Untersuchungen mit der Fingerprintmethodik bestand darin, abzuklären, wieweit die zwei Leineschafzuchtrichtungen untereinander abzugrenzen sind und die begrenzt vorgenommene Einkreuzung von 3 anderen Rassen nachzuweisen ist.

Material und Methoden

Die Blutproben (10ml in EDTA) wurden durch Punktion der gestauten V. jugularis vom Einzeltier gewonnen, sofort auf °C gekühlt und 1-3 Monate bei -23°C bis zur Aufarbeitung und DNA-Untersuchung gelagert. Dafür sind 117 weibliche Tiere nach Pedigree zusammen mit den Landesschafzuchtverbänden Niedersachsen und Thüringen als möglichst unverwandtes Tiermaterial aus 10 Zuchtherden ausgewählt worden.

Herkunft des Tiermaterials für die Untersuchungen (Schafassen, Zuchttypen)

Origin of the animal material for the investigation (sheep breeds, breeding types)

	Tiergruppen/ Herden - Nr.	Tiere (n)
Leineschafe - neue Zuchtichtung ^a	I	24
Leineschafe - neue Zuchtichtung ^a	II	10
Leineschafe - neue Zuchtichtung ^a	III	20
Leineschafe - neue Zuchtichtung ^a	IV	16
Ostfriesisches Milchscha ^a	V (Vergleichsgruppe)	14
Texelscha ^a	VI (Vergleichsgruppe)	10
Leineschafe - alte Zuchtichtung ^b	VII	30
Leineschafe - phänotypisch alte Zr ^b	VIII	11
Leineschafe - alte ZR (Zootiere) ^b	IX	6
Merino - Langwollschafe ^b	X (Vergleichsgruppe)	10

Für Tiermaterial und Mitarbeit bei der Blutentnahme bedanken wir uns bei den Züchtern und Schafzuchtverbänden Niedersachsen^a/Herrn Dr. Schmidt und Thüringen^b/ZL Herrn Dr. Heurich.

Für die DNA-Untersuchung sind die abzentrifugierten Blutzellen durch STE Pufferlösung (0.1 M Tris/HCL -0.1 M NaCL - 10 mM EDTA) aufgeschlossen und für die Spaltung mit Restriktionsendonukleasen ist Hae III eingesetzt worden. Nach weiteren Reinigungsschritten sind die DNA-Fragmente präzipitiert, davon 10ug in A. dest. gelöst und auf 0.7% Agarose-Gelplatten (30 cm) in der Elektrophorese über 60 h aufgetrennt und dann auf nylonmembran Hynbond N transferiert (Southern, 1975). Prähybridisations- und Hybridisationslösung enthielten 4xSSC-0.1% w/vN-Lauroylsarcosine - 0.1% (w/v) SDS - 1% Blockingreagenz (Boehringer, Mannheim). Digoxigenierte (GTG)₅-Sonden sind in Konzentrationen von 5pmol/ml bzw. 20ug/ml (M13phagen-Sonde) eingesetzt worden. Konjugierung des Antikörpers an das Digoxigeninhapten (vgl. Epplen und Zischler, 1991) auf den immobilisierten DNA-Fragmenten/Sonden und Farbreaktion wurde laut Protokoll von Boehringer (Mannheim) "DNA labeling and detection kit" durchgeführt.

Auswertung genetischer Parameter

Zur Schätzung der genetischen Distanz zwischen den unterschiedlichen Tiergruppen wurden die Banden der DNA-Blots der Einzeltiere einer Gruppe jeweils zu denen anderer Gruppen ausgewertet, woraus nach LEE et al. (1989) die modifizierte Rogers Distanz (MRD) berechnet ist.

$$MRD = \frac{\left[\sum_{k=1}^n (p_{ik} - p_{jk})^2 \right]^{1/2}}{(2n)^{1/2}} \quad (1)$$

wobei definiert ist: p_{ik} = Häufigkeit der kten-Bande in der "i" ten Gruppe
 p_{jk} = Häufigkeit der kten-Bande in der verglichenen Gruppe "j"
 n = Anzahl ausgewerteter Banden in verglichenen Tiergruppen i-j

Zur Kalkulation der Ähnlichkeit / Verwandtschaftskomponente zwischen den Gruppen sind auch die Bandsharing-Werte an gemixten DNA-Proben auf einer Gelplatte bestimmt worden (Dunnington et al. 1990).

$$BS = \frac{2 \sum x_i y_i}{\sum x_k + y_k} \quad (2)$$

dabei ist: $\sum x_i y_i$ = Summe der übereinstimmenden Banden und $\sum x_k / \sum y_k$ die Anzahl der ausgezählten Banden im gleichen kb Längenbereich der verglichenen Proben.

Um die genetische Diversität innerhalb der Gruppen zu schätzen, wurde dafür als Maß die mittlere Heterozygotie (H) nach Stephens et al. (1992) genutzt.

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

wobei die enthaltenen Größen bedeuten: n = Anzahl der untersuchten Tiere / Gruppe,
sk = Häufigkeit der kten Bande.
A = Anzahl ausgewerteter Banden

Resultate

Bei den Fingerprints mit dem Restriktionsenzym Hae III und den Sonden M13 oder (GTG)₅ ergaben sich bei den Schafrassen / Tiergruppen 28-32 auswertbare Bandenpositionen. Die (GTG)₅ - Oligonukleotidsequenz hybridisierte vorwiegend im Fragmentbereich 4.3-23 kb, wobei 35 Banden auswertbar waren und sich pro Tier 10.2+2.7 Banden ergaben. Die M 13-phagen-Minisatellitensonde ahte Bindugsorte vorwiegend im Bereich 6.5-23 kb. Hier waren in den untersuchten Tiergruppen 25-36 Banden (bis 5.16+1.14 Banden pro Tier) auseertbar.

Tabelle 1 zeigt die Ergebnisse zur Abschätzung des Verwandtschaftsgrades zwischen den Schafrassegruppen durch Bandsharingwerte. Jede der Gruppen I-X repräsentiert gemixte DNA (10µg) aus durchschnittlich 10 Einzeltierproben, die alle auf einer Gelplatte aufgetrennt und auf einem Southern Blot mit (GTG)₅ - Sonde hybridisiert worden sind (vgl. Abb. Fingerprint / Anlage).

Die gemixten NDA-Proben der Gruppen sind jeweils untereinander bezüglich übereinstimmender Banden und Banden insgesamt im Fragmentbereich von 4.3-23 kb ausgewertet und nach der Formel (2) berechnet worden. Hohe BS-Werte wie 0.60 zeigen z. B. eine sehr enge Verwandtschaft zwischen untersuchten Tiergruppen der Leineschafe neuer Zuchtrichtung (Niedersachen) an. Die Leineschafe neuer Zuchtrichtung (3 Gruppen) wurden gegenüber österröidvhrn Milchschafern verglichen und ergaben BS-Werte von 0.23-0.39. Gegenüber Texelschafern hatten sie - wie auch Leineschafe alter Zuchtrichtung - nur einen geringen BS-Wert von 0.26. Unter den Leineschafen alter Zuchtrichtung - nur einen geringen BS-Werte von 0.32 bzw. 0.36 und zwischen beiden Gruppen einen BS-Wert von 0.22. d. h. es zeigte sich eine gute Übereinstimmung mit dem Ergebnis bei gemixter DNA (vgl. Tabelle 1).

Tab. 1. - BANDSHARING-WERTE (BS) ZWISCHEN GEMIXTEN DNA-PROBEN VON LEINESCHAFERDEN UND ANDEREN SCHAFFRASSEN AUS GTG_s - FINGERPRINTS
 Table 1. - ESTIMATES OF BANDSHARING VALUES BETWEEN HERDS OF LEINESCHAF AND BETWEEN LEINESCHAF AND OTHER SHEEP BREEDS, USING POOLED DNA SAMPLES AND GTG_s FINGERPRINTS

Rassen resp. Zuchttypen	Verglichene Gruppen No ^a			Banden ^b	BS-Werte ^c
Leineschaf neu/neu	I	vs	III	(22+24)	0.60
Leineschaf neu/neu	II	vs	III	(19+24)	0.37
Leineschaf neu/alt	I	vs	VII	(22+27)	0.20
Leineschaf neu/alt	III	vs	VII	(24+27)	0.23
Leineschaf neu/alt	IV	vs	VII	(21+27)	0.37
Leineschaf neu - Ostfr. M. schaf	I	vs	V	(22+24)	0.39
Leineschaf neu - Ostfr. M. schaf	II	vs	V	(19+24)	0.23
Leineschaf neu - Ostfr. M. schaf	III	vs	V	(23+24)	0.34
Leineschaf neu - Texel	IV	vs	VI	(21+17)	0.26
Leineschaf alt/alt	VIII	vs	IX	(23+22)	0.31
Leineschaf alt - Texel	VII	vs	VI	(27+17)	0.23
Leineschaf alt - Texel	VIII	vs	VI	(23+17)	0.25
Leineschaf alt - Texel	IX	vs	VI	(22+17)	0.10
Leineschaf alt - Merino	VIII	vs	X	(23+21)	0.55
Leineschaf alt - Merino	IX	vs	X	(22+21)	0.23

^a vgl. Übersicht Tiermaterial im Text

^b ausgewertete Banden im Längenbereich (4-23kb)

^c Berechnung nach Formel (2)

Die mittlere Heterozygotie (Tabelle 2) wurde aus Fingerprints mit M13-phagen - Sonden ausgewertet. Die Berechnungen für eine multi-locus Analyse innerhalb einer Tiergruppe sind nach Formel (3) erfolgt. Einige Gruppen (III, VI, VIII) konnten auf den Southern - Blot - Membranen mehrmals analysiert werden. Die mittlere Heterozygotie in polymorphen Bereichen der DNA kennzeichnet als Parameter allgemein die genetische Diversität und charakterisiert als Größe - wie der Inzuchtkoeffizient - die Populationsstrukturen wildlebender oder gezüchteter Tiere. Leineschafe in den verschiedenen Gruppen zeigen (bis auf Gruppe I) einen Heterozygotiegrad von $\geq 0,8$ und weisen damit vergleichbare Werte wie Merino-Kreuzungstiere mit 0.88 auf (LANNELUC et. al. 1992). Bei den auch untersuchten Texel und Ostfriesischen Milchschaften ist ein Heterozygotiegrad von 0.66-0.71 berechnet worden.

Tab. 2: - SCHÄTZUNG MITTLERER HETEROZYGOTIE BEI LEINESCHAFGRUPPEN UND ANDEREN RASSEN AUS DNA FINGERPRINTS MIT M13 PHAGEN-SONDE
 Table 2. - ESTIMATION OF MEAN HETEROZYGOSITY IN LEINESCHAF AND OTHER BREEDS FROM DNA FINGERPRINTS PRODUCED WITH THE M13-PHAGE PROBE

Rasse / Zuchttyp / Gruppe ^a	Tiere n		Banden ^b n	Loci n	Heterozygotie (H)	
Leineschaf neu	I	12	I	35	1.92	0.67
Leineschaf neu	II	9	I	28	2.34	0.86
Leineschaf neu	III	14/16	I	28/35	2.08	0.80/0.84
Leineschaf neu	IV	16	I	25	1.57	0.83
Leineschaf alt	VII	12/19	I	35/32	2.95	0.80/0.82
Leineschaf alt	VIII	11	I	36	2.27	0.86
Leineschaf alt	IX	6	I	36	3.39	0.87
Tewel	VI	9/10	I	36/25	2.53	0.66/0.71
Ostfr. Milchschaaf	V	12	I	28	2.39	0.69
Merinolangwollschaf	X	10	I	36	2.74	0.79

^avgl. Übersicht/tiermaterial im Text

^bAusgewertete Banden im Kb-Bereich 6-23 zur Bestimmung von sk, xk für die Größen L und H nach Formel (3)-(5)

Diskussion und Schlußfolgerung

Unsere Ergebnisse zeigen, daß relativ wenige Hybridisationsorte der M13-phagen-Sonde im DNA-Fragmentbereich von 4-23 kb bei den untersuchten Schafrassen nachzuweisen sind, was die Befunde von Gatei et. al. (1991) und Lanneluc et. al. (1992) bestätigt. Der kb-Bereich von 6-23 ist aber hochpolymorph und für die Tiergruppen ergaben sich dadurch 25-35 auswertbare Bandenpositionen. Nach Stephens et al. (1992) berechneten wir dafür 2 polymorphe Loci. Die (GTG)₃-Sonde hingegen hybridisierte über einen größeren Fragmentbereich an polymorphen und monomorphen Bandenloci.

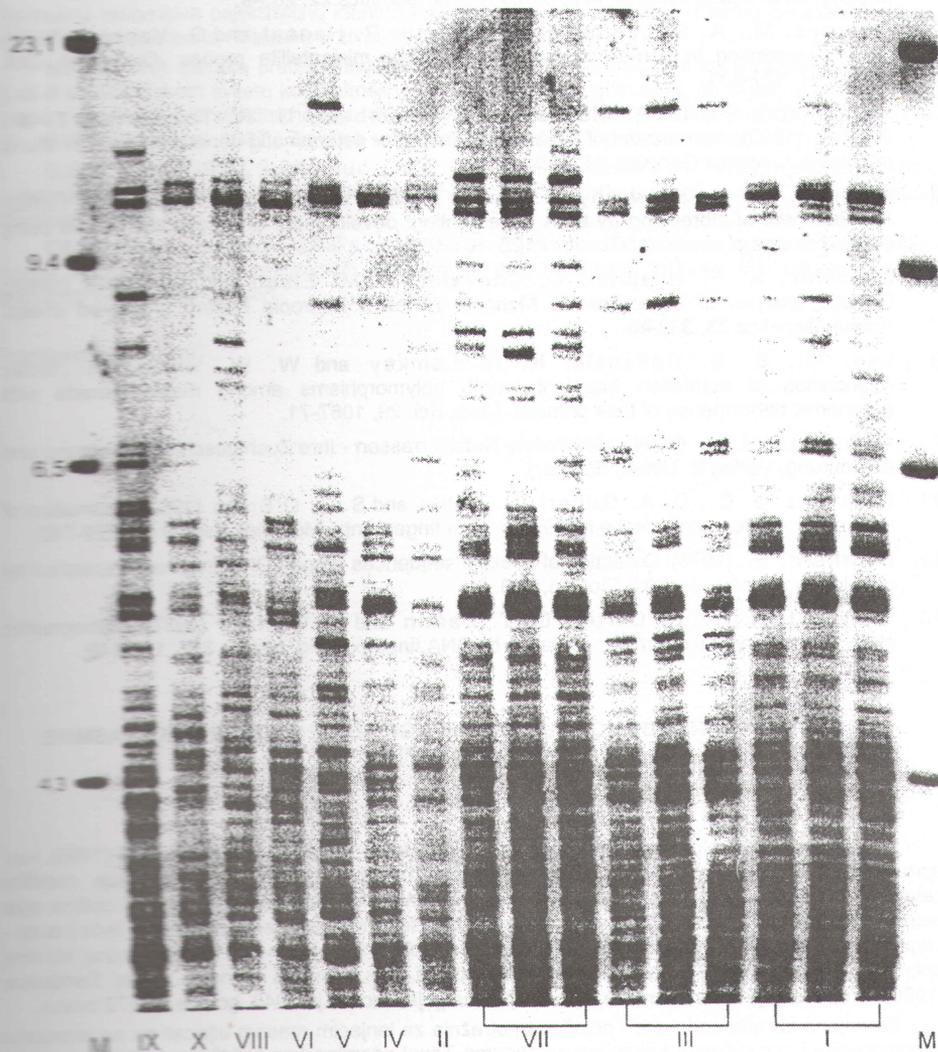
Für die Untersuchung der genetischen Distanz dienten bei Schafen erstmals gemixte DNA-Proben und die Bandsharingwerte zwischen Zuchtrichtungsgruppen der Leineschafe und anderen Schafrassen. Es konnte zunächst nachgewiesen werden, daß mit randomisiertem DNA-Probenmaterial von 10 Tieren das gleiche Bandenmuster wie von DNA-Proben mit 20/32 Tieren zu erhalten ist (vgl. Printabb, Gruppen VII, III, I) und deshalb auch kleinere Gruppen mit 10 Tieren aussagekräftige Resultate liefern können. Im vorliegenden Fall, bei einem durchschnittlichem BS-Wert* $\geq 0,32$ innerhalb der Tiergruppe, kann eine geringe Wahrscheinlichkeit $P = (1-BS^*)^{10} = 0.02$ dafür kalkuliert werden, daß 1 Bande im Bandenmuster der gemixten DNA-Probe von 10 Tieren nicht enthalten ist.

Die Resultate bei Vergleich der Leineschafe/neu (Gruppe I-III) untereinander zeigten, daß die Herden - nach den Bandsharingwerten (0.3-0.6) bewertet - heterogen sind. Gegenüber der größten Leineschafherde alter Zuchttrichtung (Gruppe VII) waren 2 von 3 dieser Gruppen relativ unverwandt (Tab. 1). Zwischen den Leineschafen im niedersächsischen Raum (Gruppe I-III) und den Ostfriesischen Milchschaften wurde nur dort ein hoher Wert ermittelt, wo eine verstärkte Einkreuzung dieser Rasse in Gruppe I über Zuchtbuch belegt ist. Der Einfluß der früher eingekreuzten Texelschafe in diese Herden hat nach vorliegenden Bandsharingwerten im untersuchten polymorphen Bereich der Fingerprints der DNA nicht zu einem hohen Verwandtschaftsgrad geführt (vgl. Gruppe IV-VI). Unter den Leineschafen/alt konnte ferner eine relativ enge Verwandtschaft der Herde VIII zu den Merinolangwollschafen gefunden werden. Diese Herde bzw. die Tiere zurückliegender Generationen sind längere Zeit ohne Herdbuch im Eichsfelder Raum gehalten worden und eine unkontrollierte Einkreuzung des dort weit verbreiteten Merinolangwollschafes war im Zeitraum von 1960-1990 (im Gegensatz zu den Zootieren in Gruppe IX) generell nicht ausgeschlossen.

Die mittlere Heterozygotie nach Stephens et al. (1992) dient zur Einschätzung der Diversität im Genom. Bei verschiedenen domestizierten Tierarten hatten Georges et al. (1988) die DNA-Proben wie wir nach Restriktionsenzymabbau mit Hae III und Fingerprints mit M13 phagen-Sonden untersucht und durchschnittliche Heterozygotiewerte von 0.79-0.89 im ausgewerteten Bandenbereich ermittelt. Nach anderen Ergebnissen an 3 untersuchten Schafrassen kann eine mittlere Heterozygotie von ca. 0.88 bei unverwandten Tieren erwartet werden (Lanneluc et al., 1992). Wobei höhere Werte bei Kreuzungstieren als bei Reinzuchtung gefunden wurden. Wir erhielten in den Tiergruppen Leineschafe alter Zuchttrichtung relativ hohe Heterozygotiewerte von 0.82-0.87 (Tab. 3), unerwartet auch bei der Tiergruppe IX, die als Zootiere längere Zeit in einem sehr kleinen Restbestand erhalten worden ist. Tiergruppen der Leineschafe neuer Zuchttrichtung wiesen - mit einer Gruppe als Ausnahme - ebenfalls relativ hohe Werte von 0.80-0.86 auf. Bei mehr durchgezüchteten Rassen (Texel, Ostfriesisches Milchschaaf) war der Heterozygotiegrad im untersuchten Bandenbereich geringer.

Für die Erhaltungsaktivitäten des Leineschafes im alten Typ ergeben diese Untersuchungen folgende Schlußfolgerung: Der erneut begonnene Aufbau der Leineschafe im alten Zuchttyp im Eichsfeld erscheint am günstigsten auf Basis der Herde VII und mit Tieren von Gruppe IX (vgl. genet. Distanz und Heterozygotiegrad). Nach den Distanzuntersuchungen könnten auch Tiere aus einigen Herden des niedersächsischen Zuchtgebietes dazu einbezogen werden, wobei unsere Untersuchungen aber keine direkten Rückschlüsse auf rassetypische Merkmale und Aussagen über Einzeltiere zulassen.

Abb. Fingerprints von gemixten DNA-Proben (Restriktionsenzym Hae III, Elektrophorese 30 cm, GTG₅-Sonde) bei verschiedenen Tiergruppen der Leineschafzuchttrichtungen und Vergleichsrassen: Leineschaf neue Zuchttrichtung (I-IV), Leineschaf alter Zuchttrichtung (VII-IX), Ostfries. Milchschaf (V), Texel (VI) und Merinolangwollschaf (X). Proben von Gruppe VII, III, I enthalten auch randomisierte DNA-Proben von 10 Tieren aus der jeweiligen Tiergruppe. Marker (M) sind in Kilobasen (kb) rechts und links registriert.



LITERATUR

1. Bohm, I. (1878): Die Schafzucht, Verlag Wiegandt, Hempel und Parey, Berlin.
2. Dunnington, A. O., Gal, P. B., Siegel, A., Habersfeld, A., Cahaner, U., Lavi, Y., Plotsky and J. Hillel (1991): Deoxyribonucleic acid fingerprint comparisons between selected populations of chickens. *Poultry Science* 70, 463-7.
3. Eppelen, T. J. and H. Zischler (1991): DNA-Fingerprinting mit Oligonukleotiden. Fresenius Diagnostik, Oberursel.
4. Gatei, M. H., P. M. Chen, R. C. W. Daniel and M. F. Lavin (1991): DNA fingerprints of sheep using an M13 probe *Animal Genetics* 22, 285-9.
5. Georges, M., A. S. Lequarre, M. Castelli, R. Hanset and G. Vassart (1988): DNA-fingerprinting in domestic animals using four minisatellite probes. *Cytogenet. Cell. Genet.* 47, 127-131.
6. Hermans, I. F., C. A. Morris, G. K. Chambers, N. R. Towers and T. W. Jordan (1993): Assessment of DNA fingerprinting for determining genetic diversity in sheep populations. *Animal Genetics* 24, 385-8.
7. Kühnlein, U., D. Zadworny, Y. Dawe, R. W. Fairfull and J. S. Gavora (1990): Assessment of inbreeding by DNA fingerprinting: development of a calibration curve using defined strains of chickens. *Genetics* 125, 161-165.
8. Lanneluc, I., F. Hospital, C. Chevalet, J. M. Elsen and J. Gellin (1992): Genetic analysis of fingerprints in Merinos d'Arles x Booroola Merino crossbred sheep. *Animal Genetics* 23, 339-46.
9. Lee, M., E. B. Godshalk, K. R. Lamkey and W. W. Woodman (1989): Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronomic performance of their crosses. *Crop. Sci.* 29, 1067-71.
10. Sambras, H. H. (1994): Gefährdete Nutztierassen - Ihre Zuchtgeschichte, Nutzung und Bewahrung, Verlag E. Ulmer, Stuttgart.
11. Stephens, J. C., D. A. Gilbert, N. Yuhki and S. J. O'Brien (1992): Estimation of heterozygosity for single-probe multilocus DNA fingerprints. *Mol. Biol. Evol.* 9 (4), 729-743.
12. Southern, E. (1975): Detection of specific sequences among DNA-fragments separated by gel electrophoresis. *J. Mol. Biol.* 98, 503.
13. Wetton J. H., R. E. Carter, D. T. Parkin and D. Walters (1987): Demographic study of a wild house sparrow population by DNA fingerprinting. *Nature* 327, 147-149.

GENETSKA VARIJABILNOST U STADIMA UGROŽENE OVCE LEINSKE PASMINE (LEINESCHAF)

Sažetak

Ovca leinske pasmine važi uz sadašnje brojno stanje rasplodnih životinja 830 (1995) kao ugrožena lokalna vrsta. Ona se ističe promjenljivim tokom uzgoja, koji se očituje različito karakteriziranim tipovima do današnjih dana. Ta pasmina je nastala nakon 1850. Prvi opširni opis pasmina potječe od Bohma (1878) koji - izuzevši tadašnju malo izraženu mišičavost leđa i buta - odgovara današnjem opisu tih ovaca. Tadašnji cilj uzgoja - Zuchtziel - (od Poljoprivredne komore pokrajine Hannover 1906), daljnji tok uzgoja i opširni opis pasmina zorno je naveo Sambras (1996). Brojno stanje leinskih ovaca u područjima uzgoja iznosilo je 1948. godine 66.272 ovaca.

Smanjena zarada kod vune i pojačana potražnja za janječim mesom utjecali su na promjenu uzgojnog cilja i ograničenim križanjem sa ovcama Texel pasmine kao i istočno-frizijskom ovcu

(Milchschaft) doveli su do nastanka novog tipa (usp. podatke o rezultatima - "Dt. Schafzucht", 1994).

Zbog smanjenog broja ovaca a i zbog interesa da se održe t. j. ponovo udomaće stare vrste leinskih ovaca na području Eichsfeld re-importirane su životinje iz Poljske (1.500 ovaca starog uzgojnog tipa isporučeno Poljskoj između 1954. i 1960. kao reparaciono plaćanje). Također su preostali primjerci stare vrste leinskih ovaca dovedeni iz zoološkog vrta Erfurt i regije Eichsfeld u dva veća stada za koje se brine Regionalni savez uzgajivača ovaca Thüringen u svrhu obnove uzgojnih stada (Zuchtherde). Za ramjerno heterogene životinje (Tierbestand) novog i starog smjera uzgoja ne postoje dosad molekularno genetska istraživanja.

Prikaz hipervariabilnih regija u DNA uz pomoć mini - ili mikrosatelitskih sonda omogućuje uz ispitivanje potomstva pojedinačnu identifikaciju i provedbu istraživanja u svrhu genetskih kriterija (populationsgenetische Kriterien) u životinjskim grupama.

Metoda DNA otisaka prstiju (Fingerprints) pretežno se primjenjuje za istraživanje DNS kod ljudi ili u životinjskom svijetu kod kokoških vrsta i njihovih uzgojnih linija, da bi se na pr. ustanovio stupanj srodnosti (Verwandtschaftsgrad) i oplodivanje unutar iste porodice (Inzucht) (Kühnlein et. al., 1989. Wetton et al. 1987.) Za ovce se te metode koriste tek u malom opsegu.

Gatei i sur. (1991), Lanneluc i sur. (1992) i Hermans i sur. (1993) proveli su time usporedna istraživanja o mjestima križanja (Hybridisierungsorten) sonde u DNA ovaca i ostalih životinjskih vrsta.

Cilj istraživanja metodom otisaka prstiju bio je razjasniti koliko se dva uzgojna smjera leinskih ovaca treba međusobno razgraničiti a koliko se može dokazati križanje triju ostalih pasmina poduzeto u ograničenoj mjeri.

Primljeno: 20.11.1997.