

Fellfarbe und Fitness beim Damwild

Schriftenreihe, Heft 13/2024



Analyse des molekulargenetischen Hintergrundes der Fellfarbe und Beziehungen zur Fitness beim Damwild

Dr. Monika Reißmann,

Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät,

Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Molekularbiologisches Zentrum;

Dr. Evelin Ullrich und Dr. Uwe Bergfeld

Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie

Dietmar Wein und Torsten Wein

Landwirtschaftliche Wildhaltung Wechselburg

Im Auftrag des Sächsischen Landesamtes für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie

Einen besonderen Dank an die gesamte Projektarbeitsgruppe für die freundschaftliche Arbeitsatmosphäre, viele wertvolle Anregungen und stete Hilfsbereitschaft, die somit wesentlich zum Gelingen dieses Projektes beigetragen hat.

Wir möchten der Familie Wein aus Wechselburg/OT Nöbeln danken, dass sie über die vielen Jahre hinweg so gewissenhaft die Tiere in ihrer Gatterwildhaltung registriert, gewogen und farblich eingestuft hat. Ohne diesen nachhaltigen Einsatz wäre das Projekt nicht möglich gewesen. Unser Dank gilt ebenso Frau Dorothea Schemmel vom Molekularbiologischen Zentrum der Humboldt-Universität zu Berlin für die zuverlässige und akkurate Umsetzung der umfangreichen Laborarbeiten.

Inhaltsverzeichnis

1	Bedeutung der Fellfarbe	6
1.1	Fellfarbe bei Wild- und Haustieren	6
1.2	Pleiotrope Beziehungen der Fellfarbe	7
1.3	Fellfarbe beim Damwild	7
2	Genetischer Hintergrund der Fellfarbe	9
2.1	Schwarze Fellfarbe	9
2.2	Weiß-/creme- und porzellanfarbene Damwildtiere	9
3	Material und Methode	11
3.1	Tiermaterial.....	11
3.2	Molekulargenetische Untersuchungen	11
3.2.1	<i>ASIP-Gen</i>	11
3.2.2	<i>MC1R-Gen</i>	11
3.2.3	<i>SLC45A2- und TYR-Gen</i>	11
3.2.4	Genanalytische Methoden	12
3.3	Leistungsdaten	12
4	Ergebnisse und Diskussion	13
4.1	Genetischer Hintergrund der Schwarzfärbung	13
4.2	Ursache der Porzellan- und Weiß-/Cremefarbe	13
4.3	Beziehungen zwischen Fellfarbe und Fitness	14
5	Zusammenfassung und Ausblick	16
	Literaturverzeichnis	17

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Übersicht über Geburtsgewichte und Anzahl der verendeten Tiere bis zum Ende des ersten Lebensjahres insgesamt und nach Fellfarben getrennt	14
Tabelle 2: Übersicht über die Schlachtgewichte insgesamt und nach Fellfarben getrennt	15

Abkürzungsverzeichnis

ASIP	Agouti-Signalprotein
MC1R	Melanocortin-1-Rezeptor
SLC	Solute carrier family
SLC45A2	Solute carrier family 45, member 2
SNP	Single Nucleotid Polymorphism
TYR	Tyrosinase

1 Bedeutung der Fellfarbe

Die Säugetiere präsentieren sich hinsichtlich ihrer Fellfarbe und -musterung in einer riesigen Vielfalt. Daher ist es erstaunlich, dass diese bunte Palette lediglich durch zwei Hauptpigmenten gebildet wird. Bei diesen beiden Farbpigmenten handelt es sich einerseits um das dunkelbraun-schwarze Eumelanin, das als festes, kaum lösliches, länglich geformtes Pigmentkörnchen vorliegt, und andererseits um das gelbrote Phäomelanin, welches eine rundliche Form besitzt und sich relativ leicht lösen lässt. Neben diesen Pigmenten, die Haut, Haare und Augen anfärben, kann es natürlich durch das komplette Fehlen von Farbpigmenten zu farblosen und damit weiß erscheinenden Haaren sowie rosafarbener Haut und hellen Augen kommen. Über eine unterschiedliche An- bzw. Abwesenheit und Verteilung der Pigmente entsteht die individuelle Färbung, die eine vielschichtige Bedeutung für das jeweilige Tier besitzt. Zu ihren Aufgaben gehören sowohl das arttypische Aussehen als auch die individuelle Markierung, wenn Musterungen vorliegen. Sie dient weiterhin der Tarnung, dem Schutz vor UV-Licht oder kann Aussagen zur reproduktiven Potenz ihres Trägers machen.

1.1 Fellfarbe bei Wild- und Haustieren

Wildlebende Säugetiere zeigen eine arttypische Fellfärbung, die in ihren Grundzügen in der Regel relativ einheitlich ausfällt und selbst bei Musterungen nur über eine geringe individuelle Schwankungsbreite verfügt. Grundsätzlich sichert dieses gleichartige Aussehen neben Geruch und Verhalten die Aufnahme eines Individuums in den Schutz der Gruppe sowie das Akzeptieren als Paarungspartner.

Trotzdem gibt es zahlreiche innerartliche Unterschiede, die je nach Species vor allem zwischen den Geschlechtern (Geschlechtsdimorphismus, männliche Tiere zeigen häufig eine dunklere oder farbenprächtigere Variante), zeitlich begrenzt zwischen juvenilen und erwachsenen Tieren (schlichte Tarnfärbung für Jungtiere) bzw. zwischen dem Prachtkleid in der Paarungssaison im Vergleich zum schlichteren Aussehen während des restlichen Jahres oder in der individuellen Entwicklung (Ausbildung einer schwarzen Mähne beim Löwen deutet, da wahrscheinlich testosteronabhängig, auf höhere Fitness hin) auftreten. Neben diesen im Verlaufe der Evolution entstandenen Phänotypen entstehen durch neue Mutationen in den zahlreichen Farbgenen immer wieder Varianten, die – wenn sie sich im Bestand manifestieren können – zu einer zusätzlichen Farbvielfalt innerhalb einer Art beitragen können. Immer wieder werden bei Wildtieren Weißlinge (Leuzismus oder Albinismus) oder Schwärzlingen (Melanismus) beobachtet. Solche drastischen Veränderungen im Phänotyp, die die oben angesprochenen arttypischen Grenzen deutlich überschreiten, stellen sich jedoch oft als Nachteil heraus. Besonders weiße Tiere finden oft keine Akzeptanz, da sie die Aufmerksamkeit von Predatoren auf sich und die Gruppe lenken, und werden daher häufig verstoßen. Von Schwärzlingen gibt es diesbezüglich keine nachteilige Aussagen. Nicht alle Farbmutationen führen jedoch gleich zu so starken Veränderungen im Phänotyp. Häufiger entstehen nur neue Schattierungen, die sich bei passenden Umweltbedingungen durchaus dauerhaft etablieren (Rote Leoparden in Südafrika: TENSEN et al. 2022) und bei zusätzlicher geographischer Trennung sogar zu neuen Unterarten führen können. Hier besteht die Tendenz, dass die Vertreter der offenen Steppen eher ein helleres, die der Wälder eher ein dunkleres Aussehen entwickeln (Graue und schwarze Wölfe in Nordamerika: MUSIANI et al. 2007, SCHWEIZER et al. 2016). Grundsätzlich bleiben jedoch nur bezüglich der Überlebenschancen und der Artakzeptanz relativ neutrale Mutationen als Sonderfarbe in Wildbeständen erhalten.

Für domestizierte Arten ist es im Vergleich zu Wildtieren dagegen typisch, dass sie grundsätzlich eine sehr breite Palette an Farben und Mustern aufweisen, die bei Säugetieren von weiß bis schwarz unter Einbeziehung aller Braunstufen (beige – gelb – rot – braun) reicht und außerdem durch das Auftreten von weißen (farblosen) Haaren verschiedene Scheckungsformen zeigen kann. Bei dieser Zunahme der Farbvielfalt handelt es sich um ein klassisches Domestikationsmerkmal. Mutationen in Genen, die für die Fellfarbe verantwortlich sind, können sich aufgrund des Schutzes durch den Menschen im Hausstand deutlich besser halten bzw. werden sogar gefördert und zielgerichtet verbreitet. Außerdem scheint die Züchtung auf Zähmheit direkt zu einer Erhöhung der farblichen Diversität zu führen, wie entsprechende Versuche bereits mehrfach zeigen konnten (Albert et al. 2009, Trut et al. 2009).

1.2 Pleiotrope Beziehungen der Fellfarbe

Für die Produktion der Farbpigmente und farbiger Haare sind zahlreiche Reaktionsschritte erforderlich, die teilweise von wichtigen Schlüsselenzymen gesteuert werden. Da diese Enzyme auch in anderen Stoffwechselabläufen eine bedeutende Rolle spielen, bestehen zwischen der Farbausbildung und weiteren Merkmalen sogenannte pleiotrope Beziehungen. Das heißt, dass Mutationen, die Veränderungen in der Fellfarbe hervorrufen, auch andere Eigenschaften über die veränderte Genarchitektur beeinflussen. Damit wird die Farbe eines Tieres zu einem direkten Marker für bestimmte Eigenschaften. Da die Lebewesen in ihrer genetischen Ausstattung durch die Evolution optimal an die vorherrschenden Bedingungen angepasst sind, führen solche Änderung in den meisten Fällen zu negativen Effekten. Besonders Mutationen, die zu Aufhellungen oder Scheckungen führen, sind in zahlreichen Fällen mit Funktionsausfällen, die teilweise sogar zum Tod führen, gekoppelt (REISSMANN und LUDWIG 2013). Sie kommen regelmäßig sowohl bei Wild- als auch Haustieren vor. Allerdings verschwinden im Wildtierbereich nachteilige Mutationen infolge der natürlichen Selektion wieder relativ schnell aus dem Bestand. Im Haustierbereich können sie durch die Obhut des Menschen dagegen auch bei Selektionsnachteil überdauern und sogar eine ansteigende Allelfrequenz zeigen (CIESLAK et al. 2011).

1.3 Fellfarbe beim Damwild

Das Damwild, das sich als Gatterwild an der Schwelle zur Domestikation befindet, zeigt fünf relativ klar abgrenzbare Fellfarben. Neben der bräunlichen Originalfarbe treten schwarze, reh-, porzellan- sowie weiß-/cremefarbene Exemplare auf. Da von Jägern das Auftreten dieser Färbungen auch im Wildbestand des Damwildes berichtet wird, scheinen die dafür verantwortlichen Mutationen schon älter und nicht erst beim Gatterwild im Zuge der Domestikation entstanden bzw. erhalten geblieben zu sein. Aufgrund dieser Gegebenheit ist zu vermuten, dass die unterschiedliche Färbung keine deutlich negativen Folgen für die Existenz bzw. Fitness ihres Trägers hat und damit nicht einer verstärkten natürlichen Auslese unterliegt. Allerdings gibt es Beobachtungen, dass andersfarbige Tiere nicht immer vollständig vom Rest der Population akzeptiert werden. So wurde in einer Wildpopulation beobachtet, dass ein original braun gefärbter Bock ein hochbrünstiges schwarze Damtier trotz dessen aktiven Bemühens nicht decken wollte. Hier könnte die andersartige Fellfarbe der Grund für das Verhalten des Bockes gewesen sein (HÄGER 2021). Aus Gatterwildbestände sind solche Beobachtungen nicht bekannt.

Um einen tieferen Einblick in die Farbvererbung beim Damwild, die Häufigkeit der verschiedenen Fellfarben und ihren genetischen Hintergrund sowie einen möglichen Farbeinfluss auf Leistungsparameter zu erhalten, sollen in einer Damwildpopulation in Gatterhaltung Kandidatengenen für die verschiedenen Färbungen auf Mutationen, die möglicherweise ursächlich für die Farbgebung sind, untersucht werden. Ziel ist es neben den Genotypfrequenzen anhand der Marker auch die Allelfrequenzen für die verschiedenen Färbungen und ihrer Erbgänge zu ermitteln. In einem zweiten Schritt sollen Leistungsdaten aus diesem Bestand anhand des Farbphänotyps bzw. der genetischen Grundlage der Fellfärbungen zusammengefasst werden, um erste Aussagen zu einer möglichen Beziehung beim Damwild machen zu können.

2 Genetischer Hintergrund der Fellfarbe

Nach dem gegenwärtigen Kenntnisstand wird die Fellfarbe von etwa 380 Genen beeinflusst. Gelegentlich wird sogar von 600 Farbgenen gesprochen. Die Funktion dieser Gene reicht von der grundsätzlichen Festlegung der Pigmentart über das Hervorbringen klarer Muster- bzw. Farbverteilungen bis hin zu kleinen, modifizierenden Effekten. Dazu kommt noch eine modulierende Wirkung durch die Umwelt, wie beispielsweise durch Jahreszeit und Sonneneinstrahlung.

2.1 Schwarze Fellfarbe

Die Farbpalette, die beim Damwild zu finden ist, lässt sich auch bei anderen Wild- bzw. Haustieren beobachten. Schwärzlinge, wie die bekannten Schwarzen Panter, schwarze Wölfe oder schwarze Rehe, sind relativ häufig vorzufinden und kommen sowohl bei Wild- als auch Haustieren vor. Sie scheinen sich von braun gefärbten Tieren hinsichtlich Leistung, Reproduktion und Fitness nicht grundlegend zu unterscheiden.

Für die Grundfarben der Säugetiere sind zwei Gene verantwortlich. Dabei ist das *Melanocortin-1-Rezeptor-(MC1R)-Gen* für die Art des Pigmentes zuständig. Im Wildtyp wird schwarzes Eumelanin produziert und in die Haut bzw. die wachsenden Haare abgegeben. Diese Pigmentproduktion wird durch den intakten Rezeptor stimuliert. Sollte dieser Rezeptor jedoch – beispielsweise durch eine Mutation – ausfallen, springen die Reaktionswege der Zelle auf die Herstellung des gelb-roten Phäomelanins um. Das zweite Gen ist das *Agouti-Signalprotein-(ASIP)-Gen*, das eine Art Gegenspieler zum MC1R darstellt. Das von diesem Gen gebildete Protein wirkt lokal am Ort seiner Entstehung und ist in der Lage, den MC1R zu blockieren, wodurch er funktionsunfähig wird. Durch diese Fähigkeit nimmt das Agouti-Signalprotein Einfluss auf die Verteilung der verschiedenen Farbpigmente am Körper. Dadurch ist es möglich, dass ein Tier, das genetisch für schwarzes Fell veranlagt ist, trotzdem rotbraunes Fell bzw. braun-schwarze Muster aufweisen kann. Im Falle einer Mutation, die das Protein verändert und damit unwirksam macht, kann die durch den MC1R bestimmte Farbgebung jedoch vollständig zum Tragen kommen. Das bedeutet, dass im Falle des schwarzen Wildtyps am gesamten Tier auch schwarzes Pigment gebildet wird. Mutationen, die für diese Art von Melanismus verantwortlich sind, wurden bereits bei zahlreichen Arten gefunden (Pferd: RIEDER et al. 2001, Esel: ABITBOL et al. 2015; Reh: REISSMANN et al. 2020). In der Regel folgt diese Schwarz- bzw. Dunkelfärbung einem rezessiven Erbgang. Auch für partielle Schwärzungen sind bereits mehrere Single-Nucleotid-Polymorphismen (SNPs) in diesem Gen bekannt (Rind: TRIGO et al. 2021, Hund: BELYAKIN et al. 2022).

Aufgrund der beschriebenen Charakteristik des *ASIP-Gens* ist es ein wichtiger Kandidat für schwarzes Damwild. Eine ursächliche Mutation im *MC1R-Gen* ist eher unwahrscheinlich, da die Schwarzfärbungen ja unter der Beteiligung von schwarzem Pigment entstehen. Typisch rote Tiere wie beim Pferd (Haflinger), Hund (Irish Setter) oder Rind (Angler) gibt es beim Damwild scheinbar bisher nicht.

2.2 Weiß-/creme- und porzellanfarbene Damwildtiere

Im Gegensatz zu der sehr klaren Beeinflussung der Art und Verteilung der Grundpigmentierung sind an der Farbaufhellung deutlich mehr Gene beteiligt und das Farbspektrum weist zahlreiche Schattierungen auf, wodurch sich sowohl eine Abgrenzung zwischen verschiedenen Färbungen als auch Hinweise auf das möglich ursächliche Gen schwierig gestalten. Am bekanntesten ist das *Tyrosinase-(TYR)-Gen*, das bei einer gestörten Funktion zu den echten Albinos, also Tieren, die keine Farbpigmente produzieren können, führt. Meist nicht ganz so drastisch sind die Farbverdünnungen, die durch Mutationen in Genen der

große *SLC*-Gruppe hervorgerufen werden, wobei an verschiedenen Stelle der Farbbildung meist geringfügige Störungen hervorgerufen werden, die dann zu einer reduzierten Pigmentproduktion führen. Ein wichtiger Vertreter dieser Gengruppe ist das *Solute carrier family 45, member 2-(SLC45A2)-Gen*, bei dem schon in verschiedenen Tierarten farbbeeinflussende Mutationen nachgewiesen werden konnten (weiße Tiger: XU et al. 2013, helle Hunde: CADUFF et al. 2017, cremefarbene Pferde: HOLL et al. 2019, blonde Mangalitza Schweine: BĂLTEANU et al. 2021). Hier kommt es nicht zu einem kompletten Ausfall der Farbproduktion, sondern nur zu einer mehr oder weniger starken Reduzierung der Pigmentbildung. Das *SLC45A2-Gen* wirkt in Abhängigkeit von der jeweiligen Mutation sowohl partiell dominant, d. h. die heterozygoten Tiere nehmen eine helle Mittelstellung ein und die homozygot mutierten sind sehr hell mit meist ebenfalls aufgehellter Haut, als auch rezessiv, wo die Mutation nur im homozygoten Zustand zum Tragen kommt. Für das Pferd sind hier bereits vier Mutationen bekannt, die partiell dominant als auch rezessiv wirken.

Im Gegensatz zu Varianten in der intensiven Grundpigmentierung sind Tiere mit Aufhellungen hinsichtlich der Fitness und Überlebensfähigkeit ihrer Träger kritischer zu betrachten. Sie werden nicht immer von ihren Artgenossen akzeptiert und besitzen in zahlreichen Fällen einen Selektionsnachteil. Bei Aufhellungen sind vor allem die Sehkraft bzw. die Empfindlichkeit der Augen und der unzureichende UV-Schutz als Probleme anzusehen. Besonders die echte Albinos zeigen hier erhebliche Ausfälle und sind daher meist anfällig für Umwelteinflüsse.

Aufgrund der Ähnlichkeit der Farbausprägung und dem möglichen Erbgang der weiß-/creme- und porzellanfarben aufgehellten Damwildtiere im Vergleich mit anderen Arten erscheint das *SLC45A2-Gen* ein prominenter Kandidat für eine Mutation zur Ausbildung dieser Phänotypen.

3 Material und Methode

3.1 Tiermaterial

Aus der Gatterwild-Population der Familie Wein in Nöbeln wurden 738 Tiere in die Untersuchungen einbezogen, die entweder im Bestand geboren wurden ($n = 634$) oder durch Zukauf ($n = 98$) in den Bestand gelangten. Außerdem wurden 6 ältere Deckhirsche, die sich schon im Bestand befanden, berücksichtigt. Diese Tiere vertreten 575 wildgefärbte (braune), 88 porzellanfarbene, 44 schwarze und 31 weiß-/cremefarbene Exemplare. Rehfarbene Tiere lagen im Probenstet nicht vor.

3.2 Molekulargenetische Untersuchungen

Für das Damwild existieren noch keine umfassenden Aussagen zum Genom, wie das bereits für viele Haus- und Wildtierarten der Fall ist. Lediglich einige Einzelsequenzen, die vor allem Mikrosatelliten bzw. einzelne SNPs als Marker charakterisieren sind in den Genbanken zu finden. Um die gewünschten Gene sequenzieren zu können, wurde für das Primerdesign zunächst das Rehgenom genutzt. Da für das Reh zwar das Gesamtgenom vorliegt, dieses aber noch nicht annotiert wurde, wurden zur Bestimmung der Genstruktur mit ihren Exon-Intron-Grenzen und der Aminosäuresequenz die Kenntnisse vom Schaf genutzt. Diese Übertragung in aufgrund der relativ hohen Übereinstimmung zwischen Säugetieren im Genbereich möglich gewesen.

3.2.1 *ASIP-Gen*

Das *ASIP-Gen* ist relativ kurz und besitzt lediglich drei kleine Exons, die beim Schaf ähnlich wie bei anderen Säugetieren 133 Aminosäuren codieren. Für diese drei Exons wurden Primerpaare entwickelt, die diese Exons und die angrenzenden Intronbereiche gut abdecken. Mit diesen Primerpaaren wurden fünf typisch braune und fünf schwarze Damwildtiere sequenziert. In diesem Gen konnten zwei Mutationen gefunden werden, die mittels KASP-Genotypisierungstest bzw. Sequenzierung des entsprechenden Bereiches typisiert wurden. Mit diesen Tests wurden die Allelfrequenzen und die Genotypen in der gesamten Population ermittelt und mit dem farblichen Phänotyp verglichen.

3.2.2 *MC1R-Gen*

Das *MC1R-Gen* besitzt zwar nur ein Exon, dieses codiert jedoch 317 Aminosäuren. Auch in diesem Gen konnten zwei Mutationen ermittelt werden. Für beide Mutationen wurden ebenfalls KASP-Genotypisierungstests entwickelt, um die gesamte Population zu untersuchen.

3.2.3 *SLC45A2- und TYR-Gen*

Das *SLC45A2-Gen* ist mit sieben Exons, die für 576 Aminosäuren verantwortlich sind, das längste der hier untersuchten Gene. Auch in diesem Fall konnten anhand des Rehgenoms erfolgreich Primerpaare erstellt werden. Damit wurden jeweils fünf braune, porzellan- und weiß-/cremefarbene Damtiere sequenziert. Erstaunlicherweise trat in keinem der sieben Exons oder in den umgebenen Intronbereichen eine Mutation auf. Auch das Nachsequenzieren von jeweils drei Tieren pro Farbe, unter denen sich auch drei schwarze befanden, führte nicht zum Erfolg. Gleiches traf auch auf des *TYR-Gen* mit seinen fünf Exons zu, das in ähnlicher Art und Weise wie das *SLC45A2-Gen* untersucht wurde.

3.2.4 Genanalytische Methoden

Für die oben angeführten Tiere stand bereits DNA aus einem Projekt zur Vaterschaftsbestimmung zur Verfügung (Typisierung züchterisch wertvoller Tierbestände: 130100). Für das Primerdesign wurde die freie Software Primer3Plus (<https://www.primer3plus.com>) genutzt. Die Produktion der Primer selbst erfolgte bei der Firma Merck (Taufkirchen, Deutschland). In einer Standard-PCR mit einer FIREPol DNA Polymerase von Solis BioDyne (Tartu, Estland) wurde ein Fragment erstellt, das mittels HighPrep-Lösung der Firma MagBio Genomics Europe GmbH (Kraichtal, Deutschland) für die Sequenzierung bei LGC Genomics (Berlin, Deutschland) vorbereitet. Für die Genotypisierung der Population für die verschiedenen Mutationen wurde das KASP-Verfahren der Firma KBioscience (LGC Genomics, Berlin, Deutschland) nach Standardprotokoll genutzt. Weitere Details zu den genutzten Methoden sind der Publikation REISSMANN et al. (2024) zu dieser Problematik zu entnehmen.

3.3 Leistungsdaten

Im Gegensatz zu Haustieren, besonders zu Nutztieren, die im Zuchtprozess stehen und für die über Leistungsprüfungen zahlreiche Daten erhoben werden, sind Leistungsaussagen bei Gatterwild schwierig und bilden daher die Ausnahme. In der hier vorgestellten Haltung wurden allerdings einige Eigenleistungsdaten erhoben. Dazu zählt die Erfassung des Geburts- und des Schlachtgewichtes sowie die Aufzeichnung von Abgängen. Mit diesen Daten wurde eine erste, vorsichtige Einschätzung des Zusammenhanges zwischen den Fellfarben und Leistungsparametern, die hier vor allem den Komplex Fitness betreffen, angegangen.

Für die Kalkulationen standen die Geburtsgewichte von 634 Kälbern mit klarer Farbzuordnung (486 braune, 81 porzellanfarbene, 31 weiß-/cremefarbene und 36 schwarze) sowie Daten von Kälbern, die innerhalb des ersten Lebensjahres verendet waren, zur Verfügung. Zusätzlich lagen die Schlachtgewichte von 420 Tieren (324 braune, 52 porzellanfarbene, 20 weiß-/cremefarbene und 24 schwarze Tiere), die im Alter zwischen 450 und 600 Lebenstagen geschlachtet wurden, vor. Zur Bewertung der Deckleistungen konnten insgesamt 498 Kälber 13 Hirschen, die sich zwischen zwei und acht Deckjahren im Bestand befanden, eindeutig als Nachkommen zugeordnet werden.

Die Untersuchung auf signifikante Unterschiede wurde mittels t-Test durchgeführt.

4 Ergebnisse und Diskussion

4.1 Genetischer Hintergrund der Schwarzfärbung

Die erste im *ASIP-Gen* liegende Mutation (ASIP-M-E2) stellt eine Substitution von G zu A dar und befindet sich an einer Stelle, die das richtige Splicen zwischen Exon 2 und Intron 2/Exon 3 mit hoher Wahrscheinlichkeit verhindert. Die Folge eines veränderten Splicens ist eine völlig andere Aminosäuresequenz und anschließend ein vorzeitiger Abbruch der Proteinbildung. Die zweite Mutation (ASIP-M-E3) führt durch eine fünf Basen betreffende Insertion/Deletion im Exon 3 zu einer Verschiebung des Leserasters beim Aufbau der Aminosäurekette. Auch hier sind nähere Ausführungen der Publikation REISSMANN et al. (2024) zu entnehmen.

In der untersuchten Gesamtpopulation liegt eine Allelfrequenzen für die ASIP-M-E2 Mutation von 81,4 % für das Allel G und von 18,6 % für das Allel A von. Bei 35 Tieren tritt das A-Allel reinerbig auf und diese Tiere weisen alle einen schwarzen Phänotyp auf. Für die Mutation ASIP-M-E3 liegt die Allelfrequenz der Deletion bei 95,8 % und die der Insertion bei 4,2 %. Zwei zugekaufte Tiere, die diese Mutation reinerbig ausweisen, zeigen ebenfalls eine schwarze Fellfarbe. Interessanterweise treten die Mutationen alternativ auf. Bei sieben Tieren, die jeweils eine Mutation mischerbig besitzen, ist ebenfalls eine klare Schwarzfärbung zu verzeichnen. Für beide Mutationen scheint ein rezessiver Erbgang vorzuliegen. Dies ist mit den ähnlichen Verhältnissen beim Reh (REISSMANN et al. 2020) oder beim Pferd (RIEDER et al. 2001) vergleichbar. Damit erklären die beiden Mutationen im *ASIP-Gen* die Schwarzfärbung bei allen Tieren. Genetisch gesehen existieren drei Varianten: Homozygot Mutation ASIP-M-E2 mit Allel A (Variante A), homozygot für Mutation ASIP-M-E3 mit Insertions-Allel (Variante B) und heterozygot für beide Mutationen (Variante C). Der schwarze Phänotyp ist insgesamt mit 6,0 % vertreten, wobei für die Genotypen 4,7 % auf die Variante A, 0,3 % auf die Variante B und 1,0 % auf die Variante C entfallen.

4.2 Ursache der Porzellan- und Weiß-/Cremefarbe

Während weder im *SLC45A2-Gen* noch im *TYR-Gen* trotz mehrfacher Sequenzierung aller Farbvarianten eine Mutation gefunden werden konnte, zeigten sich im *MC1R-Gen* gleich zwei Mutationen (MC1R-M1 Substitution von T zu C sowie MC1R-M2 Substitution von G zu A), die beide zu einem Aminosäureaustausch führen. Die Mutation MC1R-M1 wurde auch schon von Reiner et al (2020) mit Hilfe eines genomweiten Scans gefunden und in homozygotem Zustand des C-Allels mit dem weiß-/cremefarbenen Phänotyp assoziiert. Dies bestätigen die eigenen Untersuchungen vollumfänglich. Alle 31 weißen/cremefarbenen Tiere sind homozygot für das C-Allel. Die Mutation MC1R-M2 dagegen ist mit dem porzellanfarbenen Phänotyp verbunden. Beim homozygoten Auftreten des A-Allels treten die Tiere porzellanfarben auf. Dieser Phänotyp wird gleichfalls beim Vorliegen der beiden Mutationen in heterozygotem Zustand sichtbar. Auch hier scheint ein alternatives Auftreten der beiden MC1R-Mutationen, wie bei den beiden Mutationen im *ASIP-Gen*, gegeben zu sein. Damit können die beiden Mutationen im *MC1R-Gen* die beiden Aufhellungen vollständig erklären. Auch hier gibt es drei Varianten bei allerdings zwei unterschiedlichen Phänotypen: Homozygot MC1R-M1 für das C-Allel (weiß-/cremefarben), homozygot für das A-Allel in der Mutation MC1R-M2 (porzellanfarben, Variante A) und heterozygot für beide Mutationen (porzellanfarben, Variante B). Die Allelfrequenz für das Allel-T der MC1R-E1-Mutation liegt bei 81,4 %, die des C-Allels bei 18,6 %. Bei der Mutation MC1R-M2 ist das Allel G mit 79,3 % vertreten, während es beim A-Allel 20,7 %

sind. Für die Phänotypen bedeutet dies, dass der weiße Phänotyp und ebenso der dazugehörige Genotyp in 4,2 % existiert, die Phänotypfrequenz der porzellanfarbenen Tiere liegt bei 10,9 % und teilt sich genotypisch mit 3,5 % für die Variante A und 7,4 % für Variante B auf. Die unterschiedlichen Allel-, Genotyp- und Phänotypfrequenzen besitzen allerdings keine weiterreichende Bedeutung, da sie das Ergebnis des gezielten Zuchteinsatzes verschieden gefärbter Böcke ist.

4.3 Beziehungen zwischen Fellfarbe und Fitness

Die Analyse des möglichen Einflusses der Fellfarbe auf das Geburtsgewicht bzw. die Fitness des Kalbes im ersten Lebensjahr wurde anhand der Genotypen und der Daten in der Datenbank vorgenommen. Die Tabelle 1 zeigt, wie sich die Fellfarben bei den in Nöbeln geborenen Kälbern verteilen und welche durchschnittlichen Geburtsgewichte für die einzelnen Farben vorliegen. Die schwarze Variante B war bei den Kälbern nicht vertreten.

Tabelle 1: Übersicht über Geburtsgewichte und Anzahl der verendeten Tiere bis zum Ende des ersten Lebensjahres insgesamt und nach Fellfarben getrennt

Farbe	Tierzahl N		Geburtsgewicht (kg)	Verendet bis 395. LT	
	Stück	%		Stück	%
Gesamt	634	100,0	4,28 ± 0,500	79	100,0
- Braun	486	76,7	4,29 ± 0,506	61	77,2
- Porzellanfarben	81	12,8	4,23 ± 0,512	14	17,7
- Variante A	23	3,6	4,06 ± 0,473	5	6,3
- Variante B	58	9,2	4,30 ± 0,514	9	11,4
- Weiß/Creme	31	4,9	4,30 ± 0,470	1	1,3
- Schwarz	36	5,6	4,37 ± 0,423	3	3,8
- Variante A	30	4,7	4,37 ± 0,459	2	2,5
- Variante C	6	0,9	4,35 ± 0,175	1	1,3

Zwar konnten weder das Geburtsjahr noch der Vatoreinfluss aufgrund der zu geringen Anzahl bei dieser Kalkulation berücksichtigt werden, aber es gibt keine Hinweise auf deutliche Unterschiede zwischen den vier Farben. Die durchschnittlichen Geburtsgewichte liegen so nahe beieinander, dass sie sich vollkommen im Streubereich der jeweils anderen Farben befinden und sich nicht signifikant unterscheiden. Für die verschiedenen Genotypen, die zu den einzelnen Farben führen, war eine Differenzierung infolge des noch kleinen Probenumfangs ebenfalls nicht möglich. Es ist lediglich eine ganz leichte Tendenz zu erkennen, dass die porzellanfarbenen Kälber der Variante A eher etwas leichter bei der Geburt waren, während sich die schwarzen Kälber unabhängig von der Variante im oberen Gewichtsbereich liegen.

Auch bei den Zuchthirschen liegen keine Anhaltspunkte vor, dass die Fruchtbarkeit farbbeeinflusst sein könnte. So brachten die braunen Hirsche zwischen 2 und 73, die porzellanfarbenen zwischen 2 und 111 und der schwarze Hirsch nachweislich 37 Kälber. Für die Anzahl der Nachkommen waren dabei vor allem das Alter der Hirsche, selbstverständlich die Dauer des Deckeinsatzes, der sehr unterschiedlich ausgefallen ist, sowie die Anzahl der zur Decksaison in der Herde befindlichen Hirsche entscheidend. Ein weiß-/cremefarbener Deckhirsch befand sich nicht in der Population.

Für Gesundheit und Fitness sprechen auch Daten der individuellen Entwicklung. Daher wurden die Schlachtgewichte von Tieren, die zwischen 450 und 600 Lebenstagen geschlachtet wurden, für diese Auswertung herangezogen (Tabelle 2). Aufgrund der geringen Anzahl der Datensätze war es auch hier nicht möglich, den Vatoreinfluss oder das Geburts- bzw. Schlachtjahr für eine Varianzanalyse mit einzu- beziehen.

Tabelle 2: Übersicht über die Schlachtgewichte insgesamt und nach Fellfarben getrennt

Farbe	Tierzahl N		Schlachtgewicht (kg)
	Stück	%	$\bar{x} + SD$
Gesamt	420	100,0	19,6 + 3,060
- Braun	324	77,1	19,6 + 3,059
- Porzellanfarben	52	12,4	19,0 + 2,854
- Variante A	14	3,3	18,6 + 1,752
- Variante B	38	9,0	19,2 + 3,172
- Weiß/Creme	20	4,8	19,4 + 3,678
- Schwarz	24	5,7	20,2 + 2,968
- Variante A	21	5,0	20,2 + 3,184
- Variante C	3	0,7	20,6 + 2,155

Auch bei den Schlachtgewichten lässt sich kein deutlicher Farbeinfluss nachweisen. Allerdings ist auch hier eine leichte Tendenz zu erkennen, wobei die porzellanfarbenen Tiere der Variante A mit einem Kilogramm Schlachtgewicht unter dem Durchschnitt, die schwarzen Tiere (vor allem der Variante C) aber über dem Durchschnitt liegen. Allerdings sind die nutzbaren Tierzahlen insgesamt sehr gering und die Streuung hoch. Da die weißen/cremefarbenen Tiere im sowohl bei den Geburts- als auch bei den Schlachtgewichten im Durchschnitt liegen, wäre nur das A-Allel der Mutation MC1R-M2 nachteilig zu bewerten. Allerdings kann es sich hier natürlich ebenso gut um einen Vatoreffekt handeln. Dies müsste an einer deutlich größeren Tierzahl überprüft werden.

Der Fakt, dass die schwarzen Tiere im oberen und Tiere einer helleren Variante im unteren Gewichtsbe- reich liegen, ist trotzdem interessant. Insgesamt wird stärker pigmentierten Tieren durchaus eine höhere Fitness zugeschrieben, da sie gut mit Pigmenten, die für zahlreiche Sinnes- und Stoffwechselprozesse erforderlich sind, versorgt sind. Einschränkungen infolge pleiotroper Wirkmechanismen werden eher bei hellen Tieren vermutet und teilweise auch gefunden (REISSMANN und LUDWIG 2013). Im Gegensatz dazu, wurde bei Untersuchungen in Nordamerika beobachtet, dass graue Wölfinnen mehr überlebende Welpen als schwarze aufwiesen (STAHLER et al. 2013). Hier scheint also die stärker pigmentierte Färbung zumin- dest keinen sichtbaren Vorteil zu erbringen.

5 Zusammenfassung und Ausblick

Die Untersuchungen zur Fellfarbe des Damwildes hat gezeigt, dass diese Tierart – trotz ihrer grundsätzlich kleinen Ausgangspopulation und der damit verbundenen hohen Homozygotie – eine deutliche Farbvielfalt besitzt. Trotz der relativ kleinen Tierzahl, die außerdem noch verschiedenen Einflüssen der Zucht unterworfen war, konnten einige Resultate verzeichnet werden.

- Die Schwarzfärbung beim Damwild ist mit zwei Mutationen im *ASIP*-Gen (*ASIP*-M-E2 sowie *ASIP*-M-E3) assoziiert. Alle Tiere, die für eine dieser Mutationen homozygot sind, zeigen ein schwarzes Fell. Dies gilt auch für Tiere, die gleichzeitig beide heterozygot aufweisen.
- Das *MC1R*-Gen zeigt zwei Mutationen (*MC1R*-M1 sowie *MC1R*-M2) von denen die Mutation *MC1R*-M1 homozygot zu weiß-/cremefarbenen Tieren führt. Porzellanfarbene Tiere entstehen, wenn die Mutation *MC1R*-M2 homozygot vorliegt. Beim gleichzeitigen Vorhandensein beider Mutationen in heterozygotem Zustand kommt es ebenfalls zu porzellanfarbenen Tieren.
- Sowohl im *SLC45A2*-Gen als auch im *TYR*-Gen konnte keine Mutation gefunden werden.
- Es gibt bisher keine Hinweise darauf, dass die vorhandenen Fellfarben (braun, schwarz, porzellanfarben, weiß-/cremefarben) zu deutlichen Einschränkungen oder Behinderungen bei den Tieren führen. So traten keine signifikanten Unterschiede bei den Geburtsgewichten, der Überlebensrate der Kälber oder den Schlachtgewichten auf. Lediglich die Mutation *MC1R*-M-E2 weist in homozygotem Zustand eine leichte Tendenz zu geringeren Geburts- und Schlachtgewichten auf, während schwarze Tiere dagegen eher über dem Gewichtschnitt liegen. Die unterschiedliche Fellfarbe der Deckhirsche scheint beim Gatterwild keinen Einfluss auf den Zuchterfolg zu besitzen. Um hier genauere Aussagen treffen zu können, müsste allerdings die Untersuchungsbasis deutlich vergrößert und das betrachtete Merkmalspektrum erweitert werden.

Literaturverzeichnis

- ABITBOL, M., LEGRAND, R., TIRET, L. (2015): A missense mutation in the agouti signaling protein gene (ASIP) is associated with the no light points coat phenotype in donkeys. In: *Genet Sel Evol.* 47(1):28. doi: 10.1186/s12711-015-0112-x.
- ALBERT, F.W., CARLBORG, O., PLYUSNINA, I., BESNIER, F., HEDWIG, D., LAUTENSCHLÄGER, S., LORENZ, D., MCINTOSH, J., NEU-MANN, C., RICHTER, H., ZEISING, C., KOZHEMYAKINA, R., SHCHEPINA, O., KRATZSCH, J., TRUT, L., TEUPSER, D., THIERY, J., SCHÖNEBERG, T., ANDERSSON, L., PÄÄBO, S. (2009): Genetic architecture of tameness in a rat model of animal domestication. In: *Genetics.* 182(2):541-54. doi: 10.1534/genetics.109.102186.
- BĂLTEANU, V.A., CARDOSO, T.F., AMILLS, M., LUIGI-SIERRA, M.G., EGRSZEGI, I., ANTON, I., ZSOLNAI, A. (2021): Red and blond Mangalitza pigs display a signature of divergent directional selection in the SLC45A2 gene. In: *Anim Genet.* 52(1):66-77. doi: 10.1111/age.13031.
- BELYAKIN, S.N., MAKSIMOV, D.A., POBEDINTSEVA, M.A., LAKTIONOV, P.P., VORONOVA, D. (2022): ASIP Promoter Variants Predict the Sesame Coat Color in Shiba Inu Dogs. *Vet Sci.* 3;9(5):222. doi: 10.3390/vetsci9050222.
- CADUFF, M., BAUER, A., JAGANNATHAN, V., LEEB, T. (2017): A single base deletion in the SLC45A2 gene in a Bullmastiff with oculocutaneous albinism. In: *Anim Genet.* 48(5):619-621. doi: 10.1111/age.12582.
- CIESLAK, M., REISSMANN, M., HOFREITER, M., LUDWIG, A. (2011): Colours of domestication. In: *Biol Rev Camb Philos Soc.* 86(4):885-99. doi:10.1111/j.1469-185X.2011.00177.x.
- HÄGER, A. (2021): persönliche Mitteilung.
- HOLL, H.M., PFLUG, K.M., YATES, K.M., HOEFS-MARTIN, K., SHEPARD, C., COOK, D.G., LAFAYETTE, C., BROOKS, S.A. (2019): A candidate gene approach identifies variants in SLC45A2 that explain dilute phenotypes, pearl and sunshine, in compound heterozygote horses. In: *Anim Genet.* 50(3):271-274. doi: 10.1111/age.12790.
- MUSIANI, M., LEONARD, J.A., CLUFF, H.D., GATES, C.C., MARIANI, S., PAQUET, P.C., VILÀ, C., WAYNE, R.K. (2007): Differentiation of tundra/taiga and boreal coniferous forest wolves: genetics, coat colour and association with migratory caribou. In: *Mol Ecol.* 2007 16(19):4149-70. doi: 10.1111/j.1365-294X.2007.03458.x.
- REINER, G., WEBER, T., NIETFELD, F., FISCHER, D., WURMSER, C., FRIES, R., WILLEMS, H. (2020): A genome-wide scan study identifies a single nucleotide substitution in MC1R gene associated with white coat colour in fallow deer (*Dama dama*). In: *BMC Genet.* 21:126. doi.org/10.1186/s12863-020-00950-3.
- REISSMANN, M., LUDWIG, A. (2013): Pleiotropic effects of coat colour-associated mutations in humans, mice and other mammals. In: *Semin Cell Dev Biol.* 24(6-7):576-86. doi: 10.1016/j.semcdb.2013.03.014.
- REISSMANN, M., LUTZ, W., LIECKFELDT, D., SANDOVAL-CASTELLANOS, E., LUDWIG, A. (2020): An Agouti-Signaling-Protein Mutation is Strongly Associated with Melanism in European Roe Deer (*Capreolus capreolus*). In: *Genes (Basel).* 11(6):647. doi: 10.3390/genes11060647.
- REISSMANN, M., ULLRICH, E., BERGFELD, U., LUDWIG, A. (2024): Four mutations are associated with coat color variations in fallow deer (*Dama dama*). In: *Genes.* 15:1055. doi: org/10.3390/genes15081055.

- RIEDER, S., TAOURIT, S., MARIAT, D., LANGLOIS, B., GUÉRIN, G. (2001): Mutations in the agouti (ASIP), the extension (MC1R), and the brown (TYRP1) loci and their association to coat color phenotypes in horses (*Equus ca-ballus*). In: *Mamm Genome*. 12(6):450-5. doi: 10.1007/s003350020017.
- SCHWEIZER, R.M., VON HOLDT, B.M., HARRIGAN, R., KNOWLES, J.C., MUSIANI, M., COLTMAN, D., NOVEMBRE, J., WAYNE, R.K. (2016): Genetic subdivision and candidate genes under selection in North American grey wolves. *Mol Ecol*. 25(1):380-402. doi: 10.1111/mec.13364.
- STAHLER, R., MACNULTY, D.R., WAYNE, R.K., VON HOLDT, B., SMITH, D.W. (2013): The adaptive value of morphological, behavioural and life-history traits in reproductive female wolves. *J Anim Ecol*. 82(1):222-34. doi: 10.1111/j.1365-2656.2012.02039.x.
- TENSEN, L., POWER, J., CAMACHO, G., GODINHO, R., JANSEN VAN VUUREN, B., FISCHER, K. (2022): Molecular tracking and prevalence of the red colour morph restricted to a harvested leopard population in South Africa. *Evol Appl*. 15(6):1028-1041. doi: 10.1111/eva.13423.
- TRIGO, B.B., UTSUNOMIYA, A.T.H., FORTUNATO, A.A.A.D., MILANESI, M., TORRECILHA, R.B.P., LAMB, H. NGUYEN, L., ROSS, E.M., HAYES, B., PADULA, R.C.M., SUSSAI, T.S., ZAVAREZ, L.B., CIPRIANO, R.S., CAMINHAS, M.M.T., LOPES, F.L., PELLE, C., LEEB, T., BANNASCH, D., BICKHART, D., SMITH, T.P.L., SONSTEGARD, T.S., GARCIA, J.F., UTSUNOMIYA, Y.T. (2021): Variants at the ASIP locus contribute to coat color darkening in Nellore cattle. *Genet Sel Evol*. 53(1):40. doi: 10.1186/s12711-021-00633-2.
- TRUT, L., OSKINA, I., KHARLAMOVA, A. (2009): Animal evolution during domestication: the domesticated fox as a model. In: *Bioessays*. 2009 Mar;31(3):349-60. doi: 10.1002/bies.200800070.
- XU, X., DONG, G.X., HU, X.S., MIAO, L., ZHANG, X.L., ZHANG, D.L., YANG, H.D., ZHANG, T.Y., ZOU, Z.T., ZHANG, T.T., ZHUANG, Y., BHAK, J., CHO, Y.S., DAI, W.T., JIANG, T.J., XIE, C., LI, R., LUO, S.J. (2013): The genetic basis of white tigers. In: *Curr Biol*. 23(11):1031-5. doi: 10.1016/j.cub.2013.04.054.

Herausgeber:

Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie
(LfULG)

Pillnitzer Platz 3, 01326 Dresden

Telefon: + 49 351 2612-0

Telefax: + 49 351 2612-1099

E- Mail: Poststelle.LfULG@smekul.sachsen.de

www.lfulg.sachsen.de

Autor:

Dr. Monika Reißmann

Humboldt-Universität zu Berlin, Albrecht Daniel Thaer-Institut für
Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Molekularbiologisches Zentrum
Unter den Linden 6, 10099 Berlin

Telefon: + 49 30 2093 49892

Telefax: + 49 30 2093 13 49892

E-Mail: monika.reissmann@hu-berlin.de

Redaktion:

Dr. Evelin Ullrich

Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie
(LfULG), Abteilung Landwirtschaft

Referat 74 Tierhaltung

Am Park 3 04886 Köllitsch

Tel.: +49 34222 46 2218, Fax: +49 34222 46 2099

E-Mail: evelin.ullrich@smekul.sachsen.de

Fotos:

Reißmann, Humboldt-Universität zu Berlin

Redaktionsschluss:

06.09.2024

ISSN:

1867-2868

Hinweis:

Die Broschüre steht nicht als Printmedium zur Verfügung, kann aber
als PDF-Datei unter <https://publikationen.sachsen.de> heruntergeladen
werden.

Verteilerhinweis

Diese Informationsschrift wird von der Sächsischen Staatsregierung im
Rahmen ihrer verfassungsmäßigen Verpflichtung zur Information der
Öffentlichkeit herausgegeben.

Sie darf weder von Parteien noch von deren Kandidaten oder Helfern
zum Zwecke der Wahlwerbung verwendet werden. Dies gilt für alle
Wahlen. Missbräuchlich ist insbesondere die Verteilung auf Wahlver-
anstaltungen, an Informationsständen der Parteien sowie das Einle-
gen, Aufdrucken oder Aufkleben parteipolitischer Informationen oder
Werbemittel. Untersagt ist auch die Weitergabe an Dritte zur Verwen-
dung bei der Wahlwerbung.

*Täglich für
ein gutes Leben.*

www.lfulg.sachsen.de