

KRÜGER, K. (2003)

Vergleichende molekulargenetische Untersuchungen zur Phylogenese der Equiden, unter besonderer Berücksichtigung von *E. hemionus kulan* und *E. hemionus onager*

Comparative Molecular Genetic Analysis on the Phylogeny of Equids with Special Reference to *Equus hemionus kulan* and *Equus hemionus onager*

Dissertation

113 Seiten

Institut für Nutztierwissenschaften der ETH Zürich und der Veterinärmedizinischen Fakultät der Universität Zürich

Leitung: Dr. Stefan Rieder

Wildpark Langenberg, Leitung C. Stauffer, und andere Zoos und Tierpärke

Zusammenfassung:

Phylogenese und Evolution der Equiden standen im Mittelpunkt der vorliegenden Arbeit. Daneben kam auch die Problematik des Artenschutzes zur Sprache. Von zentraler Bedeutung war die Frage, ob sich Individuen und Populationen von *E. hemionus onager* und *E. hemionus kulan* mittels Mikrosatelliten-Markern differenzieren liessen.

31 Mikrosatelliten, verteilt auf alle autosomalen Chromosomen des Pferdes ($2n=64$), ergänzt durch einen Marker auf dem X-Chromosom, dienten als Grundlage für diese Studie. Anhand der Marker wurden 120 Equiden aus 11 verschiedenen Populationen genotypisiert (3840 Genotypen). Die 11 Populationen verteilten sich auf drei Gruppen von *E. asinus asinus*, eine Gruppe von *E. africanus somaliensis*, vier Populationen der Asiatischen Wildesel (*E. hemionus* sbsp. und *E. kiang*), sowie je eine Gruppe von *E. burchelli*, *E. ferus przewalskii* und *E. caballus caballus*. Die erhaltenen Multilocus-Genotypen wurden mit speziell für Phylogenese-Fragen entwickelten Statistik-Programmen ausgewertet. Die Analyse nach dem ?Allele Sharing? Ansatz ergab klare Klassierungen zwischen allen getesteten Spezies. Phylogenetische Untersuchungen mittels (___)___ wiesen Divergenzzeiträume für die Populationen aus, die vergleichbar waren mit bereits veröffentlichten Daten basierend auf mitochondrialer DNA und fossilen Funden. Die Durchführung einer multivariaten Korrespondenzanalyse bestätigte die aus ?Allele Sharing? erhaltenen Resultate und liess die Gruppierungen der einzelnen Populationen ebenfalls deutlich erkennen. Die Hypothese eines alleinigen genetischen Ursprungs aller domestizierten Esel aus dem Afrikanischen Wildesel bestätigte sich mehrfach aus den erarbeiteten Daten.

Die Ergebnisse der Zuweisungsmethoden nach Bayes deuten darauf hin, dass grundsätzlich grössere Stichproben nötig sind, um auch Zweifelsfälle eindeutig einer Population zuzuordnen. Allerdings konnten in der vorliegenden Studie trotz relativ limitierter Anzahl von Equiden etwa 83% der Tiere mit sehr hoher Sicherheit richtig klassiert werden. Es zeichnete sich ab, dass auf

Ebene der Mikrosatelliten Marker Unterschiede zwischen E.h.onager und E.h.kulan bestehen, die zur Identifizierung von Einzeltieren aus der jeweiligen Subspezies bei grösserem und repräsentativerem Probenumfang ausreichen.

Abstract:

The phylogeny and evolution of equids were at the center of this study. In addition, the problems of conservation were discussed. The essential question was whether individuals and populations of *E. hemionus onager* and *E. hemionus kulan* could be differentiated by means of microsatellite markers.

31 microsatellites, distributed on all autosomal chromosomes of the horse ($2n=64$) and completed with a marker on the X-chromosome, served as the base for this study. Through those markers, 120 equids from 11 different populations were genotyped (3840 genotypes). The 11 populations belonged to three groups of *E. asinus asinus*, one group of *E. africanus somaliensis*, four populations of Asiatic wild asses (*E. hemionus sbsp.* and *E. kiang*), as well as one group each of *E. burchelli*, *E. ferus przewalskii* and *E. caballus caballus*. The generated multilocus genotypes were analysed with statistical programs developed especially for questions of phylogeny. The analysis used the 'allele-sharing' approach, which resulted in clear differentiations between all tested populations. Phylogenetic analyses by means of (___) showed periods of divergence for populations that were comparable to already published data based on mitochondrial DNA and fossils. The application of a multivariate correspondence analysis confirmed the results obtained from 'allele sharing' and made the single populations' groupings clearly discernible. The hypothesis of the exclusive genetic origin of all domesticated donkeys from the African wild donkey was confirmed repeatedly from the acquired data.

The results of the assignment methods according to Bayes suggest that generally, bigger random samples are necessary in order to definitely assign even unclear cases to a population. However, about 83% of the animals could be assigned correctly with a high degree of certainty in this study, in spite of a relatively limited number of equids. On the whole, it became apparent that there are differences on the level of microsatellite markers between *E. h. onager* and *E. h. kulan* which are sufficient to identify single animals from the respective subspecies in a bigger and more representative sample.