

7 Zusammenfassung

Die Rekonstruktion von Verwandtschaft ist in der Primatenethologie für die Untersuchung der Zusammenhänge zwischen Lebenslaufstrategien und der sozialen Struktur, sowie dem Dominanzrang und Reproduktionserfolg einzelner Individuen erforderlich.

Die Erhebung von molekulargenetischen Daten kann neben Freilandbeobachtungen als ein wesentlicher Bestandteil für die Rekonstruktion von Verwandtschaftsverhältnissen angesehen werden. Wenn eine Störung des Sozialverbandes und des Verhaltens der Tiere im Rahmen von ethologischer Freilandstudie vermieden werden soll, erlaubt dies nur eine nichtinvasive Probenentnahme. Die Anwendung molekularbiologischer Techniken auf das Probenmaterial Kot ermöglicht im Gegensatz zu den Materialien Blut und Speichel eine solche nichtinvasive Probenentnahme. Somit steht eine nichtinvasive Methode zur Verfügung, welche die störungsfreie Erhebung der molekulargenetischen Daten erlauben.

Im Rahmen dieser Arbeit wurde ein automatisiertes Extraktionsprotokoll für das Probenmaterial Kot für Orang-Utans entwickelt. Zudem wurde erstmalig der Versuch unternommen, die Genotypen von vier „Populationen“ von Orang-Utans unter Verwendung von humanen STR-Systemen zu bestimmen. Dazu wurden die Kotproben von 31 Orang-Utans (*Pongo pygmaeus* ssp.) aus den Zoologischen Gärten Berlin, Hamburg, Heidelberg und Köln ausgewählt.

Aus allen Kotproben der Orang-Utans konnte DNA durch ein automatisiertes Verfahren, die CTAB-Phenol-Chloroform-Extraktion, erfolgreich extrahiert werden. Somit konnte gezeigt werden, daß Kot prinzipiell als Probenmaterial für die Extraktion genomischer DNA aus Darmepithelzellen geeignet ist. Der methodische Zugang zur Bestimmung der Genotypen erfolgte über die Amplifikation der DNA-Extrakte mit neun humanspezifischen Primersystemen, die Bestandteil eines Mikrosatelliten-Multiplex Kits (AmpF/STR® Profiler Plus™) sind. Diese Vorgehensweise diente ebenfalls der Überprüfung, ob die humanspezifischen STR-Systeme auch auf aus nichtmenschlichen Kotproben extrahierter DNA anwendbar sind. Es zeigte sich nach DNA-Amplifikation und Analyse der PCR-Produkte mit Hilfe einer gelelektrophoretischen Auftrennung, daß fünf (D3S1358, D8S1179, D5S818, D13S317, FGA) der neun Multiplex-STR-Systeme mit DNA-Extrakten aus Kotproben eines phylogenetisch dem Menschen nahe verwandten Vertreters der

nichtmenschlichen Primaten reproduzierbare Ergebnisse und typisierbare Genotypen erbrachten. Die Ergebnisse zeigten, daß Orang-Utans wie auch Menschen in diesen fünf Systemen polymorphe Sequenzen aufweisen, die die Erstellung genetischer Fingerabdrücke und die darauf aufbauende biologische Verwandtschaftsrekonstruktion ermöglichen.

Basierend auf den genetischen Fingerabdrücken wurde in sieben Orang-Utan-Familien die Verwandtschaft untersucht. Es zeigte sich, daß die anhand von Zuchtbüchern aufgestellten Genealogien in vier Familien bestätigt werden konnten. Bei den zwei Fällen, in denen keine Bestätigung erfolgte, kann für die Inkongruenzen der Ergebnisse das Auftreten von Mutationen, *Allelic dropout* oder Kontaminationen durch gemeinsame Nutzung des Zoogeheges von 12 Orang-Utans in Betracht gezogen werden. In einem dritten Fall konnte eine Verwandtschaft nicht rekonstruiert werden, da die einzelnen Genotypen der Orang-Utans sehr ähnliche Ausprägungen besitzen und Individualdifferenzierungen daraus nicht möglich waren.

Weiterhin konnten die Allelverteilungen und -frequenzen für fünf STR-Systeme (D3S1358, D8S1179, D5S818, D13S317, FGA) an exemplarisch ausgewählten, nicht verwandten Orang-Utans ($n = 16$) ermittelt werden.

Die unter populationsgenetischen Gesichtspunkten gewonnenen Daten der Allelfrequenzen wiesen gegenüber denen der menschlichen *Outgroup* ($n = 25$) geringfügige Abweichungen auf. Die naheliegende Schlußfolgerung, daß diese Abweichungen als genetische Eigenart der Orang-Utans angesehen werden können, ist jedoch aufgrund der geringen Stichprobengröße nicht hinreichend statistisch abgesichert.

Zusätzlich wurde der Versuch unternommen, eine über die Befunde hinausgehende Betrachtung der Perspektiven der Extraktions- und Amplifikationsmethoden unter besonderer Berücksichtigung von ethologischen Fragestellungen und des *Wildlife Managements* durchzuführen.

Von der Entwicklung der DNA-Typisierung an Kotproben kann der Artenschutz profitieren. Mit Hilfe der erarbeiteten Methoden können populationsgenetische, ökologische, verhaltensphysiologische und phylogenetische Fragestellungen beantwortet werden. Weiterhin kann dieses Verfahren unterstützend bei ethologischen Fragestellungen sowie in Natur- und Umweltschutz-Projekten, so beispielsweise in Bereichen des *Wildlife Managements*, eingesetzt werden.