

Das Körperwachstum erregte schon seit vielen Jahrzehnten Interesse, was zu umfangreichen Studien der endokrinen Regulationsmechanismen des Wachstumshormons führte. Beim Säuger und Vogel konnten alters- und geschlechtsabhängige Änderungen der STH-Plasmakonzentrationen nachgewiesen werden. Ein Geschlechtsdimorphismus der STH-Sekretion ließ sich bei Ratten mit pulsatilem Hormonsekretion der männlichen Tiere beobachten. Auch beim Huhn konnte an männlichen Broilern die pulsatile STH-Sekretion nachgewiesen werden. Darüber hinaus bestehen beim Huhn unterschiedliche STH-Plasmakonzentrationen in Abhängigkeit vom genetischen Wachstumspotential.

Daher wurden Mast- und Legehybriden beider Geschlechter und unterschiedlicher Altersstufen (Tag (D) D7 bis D56) gewählt, um die Genexpression des Wachstumshormons mittels *in situ* Hybridisierung und Northern Blot Analyse zu untersuchen. Eine *in vitro* transkribierte, radioaktiv markierte RNA-Sonde (800 bp), die für das STH des Huhnes spezifisch ist, diente dem Nachweis der STH-mRNA in der Adenohypophyse. Für die *in situ* Hybridisierung wurden Coronalchnitte der Hypophysen bei -16°C und einer Schnittdicke von $20\ \mu\text{m}$ hergestellt und nach Hybridisierung für 9 Tage bei 4°C exponiert. Dem mRNA-Nachweis mittels Northern Blot dienten Pools aus je 3 Hypophysen. Die Filter exponierten 24 h bei -80°C . Mittels RIA wurden die Plasmakonzentrationen von STH, IGF-1, T_3 und T_4 bestimmt.

Am markantesten sind die Unterschiede der STH-Genexpression sowie der STH- und IGF-1-Plasmakonzentrationen an D7, D21 und D56. Das mittels *in situ* Hybridisierung nachgewiesene Expressionsmuster unterscheidet sich zwischen den Mast- und Legehybriden durch die Dichte der an der Genexpression beteiligten Zellen. An D7 sind die somatotropen Zellen der Broiler dicht gelagert, bei den Legehybriden erscheinen viele Zellgruppen ohne nachweisbare STH-Genexpression. Bis D56 ändert sich das Verteilungsmuster der exprimierenden Zellen der Legelinie nur geringfügig, das Expressionsmuster der Broiler lockert sich auf. Während die Signaldichte an D7 bei den Broilern deutlich höher ist, kehrt sich das Bild an D56 zu Gunsten der Legelinie um. Geschlechtsunterschiede sind mittels *in situ* Hybridisierung nicht eindeutig nachweisbar.

Die über Northern Analyse ermittelten STH-mRNA-Gehalte lassen deutliche Unterschiede zwischen Mast- und Legehybriden vor allem an D56 erkennen, an dem der mRNA-Gehalt der Legelinie das Maximum erreicht, die mRNA der Broiler aber auf das Minimum gesunken ist. Maximale RNA-Gehalte wurden bei den Masthybriden an D21 gemessen. Es bestehen deutliche Geschlechtsdifferenzen an D21 und D35 (Legelinie), bei den Broilern auch an D56 mit stets höherer Genexpression der Hähne.

An D56 ist bei den Broilern ebenfalls das Minimum der STH-Plasmakonzentration zu beobachten, während an D14 ein Peak erreicht wird. Demgegenüber steigen die Plasmakonzentrationen der Legelinie von D7 bis D28 (Henne) bzw. D42 (Hahn) an. Die STH-Plasmakonzentrationen der Legelinie sind in den meisten Altersstadien höher als die der Broiler, während sich die IGF-1-Konzentrationen umgekehrt verhalten. Bei den Broilern wird der IGF-1-Peak im Alter von 28 Tagen erreicht, während die Plasmakonzentrationen der Legelinie mit zunehmendem Alter steigen.

Die Ergebnisse dieser Untersuchungen deuten auf wesentliche Unterschiede der STH-Genexpression zwischen Mast- und Legehybriden, den Geschlechtern und in verschiedenen Altersstufen hin. Anhand der Ergebnisse der *in situ* Hybridisierung sind unterschiedliche Typen somatotroper Zellen, die auf verschiedene Weise in ihrer Genexpression reguliert werden, zu vermuten.

Es zeichnen sich Unterschiede mit alters- und geschlechtsabhängigen Änderungen der STH-mRNA-Gehalte und der beteiligten Hormone in der Wachstumsregulation von Mast- und Legehybriden ab. An der Ausprägung der Geschlechtsdifferenzen sind sicher die Sexualsteroiden wesentlich beteiligt, die in folgenden Untersuchungen vermehrt Beachtung finden müssen. Ein wichtiger Faktor der Modulation der bei der STH-Genexpression und Sekretion beobachteten Besonderheiten ist wahrscheinlich der STH-Rezeptor, dessen Einfluß in der Zukunft weiter aufgeklärt werden muß.

Reiprich, K.

Investigations on growth hormone gene expression in the chicken

Body growth was investigated during the last decades leading to extensive studies about the mechanisms of growth hormone regulation. Age- and sex dependent changes in GH plasma concentrations could be found in mammalian species as well as in birds. GH secretion in the rat was demonstrated to be sexually dimorphic, with male rats having a pulsatile pattern of GH release. In male broiler chickens pulsatile GH secretion was detected as well. In addition, different GH plasma concentrations occur in chickens of genetically different growth potentials.

Meat- and laying-type chickens of both sexes and different ages (Day (D) D7 - D56) were chosen, to study GH gene expression by *in situ* hybridization and northern blot analysis. For detection of GHmRNA in the adenohypophysis, an *in vitro* transcribed radiolabeled RNA probe (800 bp) was used, which specifically hybridizes to chicken GHmRNA. For *in situ* hybridization the pituitaries were cut into coronal sections of 20 μm at -16°C , and exposed for 9 days at 4°C after hybridization. To detect GHmRNA by Northern blot analysis, pools of three pituitaries were used. Filters were exposed for 24 h at -80°C . The plasma concentrations of GH, IGF-1, T_3 and T_4 were determined by RIA.

The differences of GH gene expression and determination of GH and IGF-1 plasma concentrations are most obvious at D7, 21, 28 and 56.

The pattern of hybridization signals as revealed by *in situ* hybridization differs between meat- and laying-type chickens showing varying densities of GH expressing cells. These cells are densely packed in broilers at D7, whereas many groups of non-expressing cells appear in the layer line. Up to D56 the pattern of distribution of signals has not markedly changed in layers. In broilers the pattern of gene expression becomes more and more dispersed. The most dense signals are found in broilers at D7, while at D56 the situation has changed and densely packed signals appear in laying-type chickens. By *in situ* hybridization sex differences in pattern of expression are not obvious.

GHmRNA contents, as determined by Northern blot, show obvious differences between meat- and laying-type chickens at D56 when layers reach their maximal GH concentrations and broilers show their lowest GH content. Clear sex differences can be seen at D21 and D35 in layers and on D56 in broilers. In all groups males have higher gene expression than

females. GHmRNA peaks are reached at D21 in broilers and at D56 in layers. The lowest GH plasma levels have been detected at D56 in broilers, while they reach a peak at D14. In layers the GH levels increase from D7 to D28 (females) and D42 (males) respectively. In most stages GH plasma levels are higher in layers than in broilers, while IGF-1 levels show the contrary results. They are highest in broilers at D28, while IGF-1 concentration of the layer line increases up to D56.

The results point out essential differences in GH gene expression between laying-type and meat-type chickens. *In situ* hybridization revealed different types of somatotrophs in which GH gene expression is regulated in a different manner. Age- and sex-dependent variations of GHmRNA and related hormones have been measured in layers and broilers with respect to the regulation of growth. Gonadal steroids, which are thought to play an essential role for the observed sex differences should be further investigated in follow-up studies. An important factor in the modulation of GH gene expression and secretion observed is the growth hormone receptor. His exact influences should be investigated in the future.