

N B B

die neue
brehm
bücherei

Rolf Gattermann
Peter Fritzsche
Karsten Neumann

Der Goldhamster



Der Goldhamster

Mesocricetus auratus

Rolf Gattermann †
Peter Fritzsche
Karsten Neumann

Die Neue Brehm-Bücherei Bd. 646

VerlagsKG Wolf · 2021



VerlagsKG**Wolf**

Zitiervorschlag des Verlags: Fritzsche, P., Neumann, K. & R. Gattermann (2021): Der Goldhamster *Mesocricetus auratus* NBB 646. VerlagsKG Wolf. Magdeburg.

Haftungsausschluss: Dieses Buch enthält Links zu Webseiten Dritter, auf deren Inhalte Herausgeber, Autoren und Verlag keinen Einfluss haben. Deshalb können Herausgeber, Autoren und Verlag für diese fremden Inhalte keine Gewähr übernehmen. Für die Inhalte der verlinkten Seiten ist stets der jeweilige Anbieter oder Betreiber der Seiten verantwortlich. Die verlinkten Seiten wurden zum Zeitpunkt der Verlinkung auf mögliche Rechtsverstöße überprüft. Rechtswidrige Inhalte waren zum Zeitpunkt der Verlinkung nicht erkennbar. Eine permanente inhaltliche Kontrolle der verlinkten Seiten ist jedoch ohne konkrete Anhaltspunkte einer Rechtsverletzung nicht zumutbar. Bei Bekanntwerden von Rechtsverletzungen wird der Verlag derartige Links entfernen.

mit 186 Abbildungen und 35 Tabellen

Titelbild: Goldhamster in einem Linsenfeld bei Elbeyli (Südtürkei).

Foto: PETER FRITZSCHE

Alle Rechte vorbehalten, insbesondere die der fotomechanischen Vervielfältigung oder Übernahme in elektronische Medien, auch auszugsweise.

1. Auflage

© 2021 VerlagsKG Wolf · Magdeburg · www.vkgw.de

ISSN: 0138-1423

ISBN: 978-3-89432-282-3

Satz und Layout: ISM Satz- und Reprostudio GmbH

Druck und Bindung: Publikum d. o. o., Belgrad

2 Systematik und evolutionärer Ursprung

2.1 Systematische Position und taxonomische Gliederung der Unterfamilie Cricetinae

Die Hamster gehören zur Säugetierordnung der Rodentia (Nagetiere) und bilden als Cricetinae eine eigene Unterfamilie innerhalb der Familie Cricetidae (Wühler) (MUSSEY & CARLETON 2005). Ihre heutige Verbreitung beschränkt sich ausschließlich auf Europa und Asien in der paläarktischen Region. Der Afrikahamster (*Mystromys albicaudatus*) und die westasiatischen Maushamster der Gattung *Calomyscus* zählen nicht zu den Cricetinae, sondern repräsentieren eigenständige Nagerfamilien (Nesomyidae und Calomyscidae).

Fossilien belegen, dass Hamster in Europa, Asien und dem nördlichen Afrika bereits in verschiedenen Phasen des Miozäns existierten. Man geht davon aus, dass sich die Cricetinae stammesgeschichtlich aus einer bislang noch nicht bekannten Gruppe oligozäner Cricetidae außerhalb Europas entwickelten. Dagegen stellen die ehemals weitverbreiteten Cricetodontini wahrscheinlich keine Vorläufer der Hamster dar (FAHLBUSCH 1969; CHALINE 1977; CHALINE & MEIN 1979). Miozäne Cricetinae oder Cricetini bilden nicht nur den evolutiven Ursprung der heutigen Hamster, sondern auch den Ausgangspunkt für andere, ökologisch sehr erfolgreiche Unterfamilien wie die Arvicolinae (Wühlmäuse). In Abb. 21 ist ein mögliches Szenario für die stammesgeschichtliche Entwicklung der modernen Hamster dargestellt. Eine besonders große Artenvielfalt zeigten die Hamster im mittleren und späten Miozän. In diesem Zeitabschnitt vollzogen sich mehrere umfassende Faunenwandel in der nördlichen Hemisphäre (WEBB & OPDYKE 1995; JANIS et al. 2000). So führten u. a. tektonische Verschiebungen zur Hebung des Himalayas, was ein deutlich trockeneres Klima zur Folge

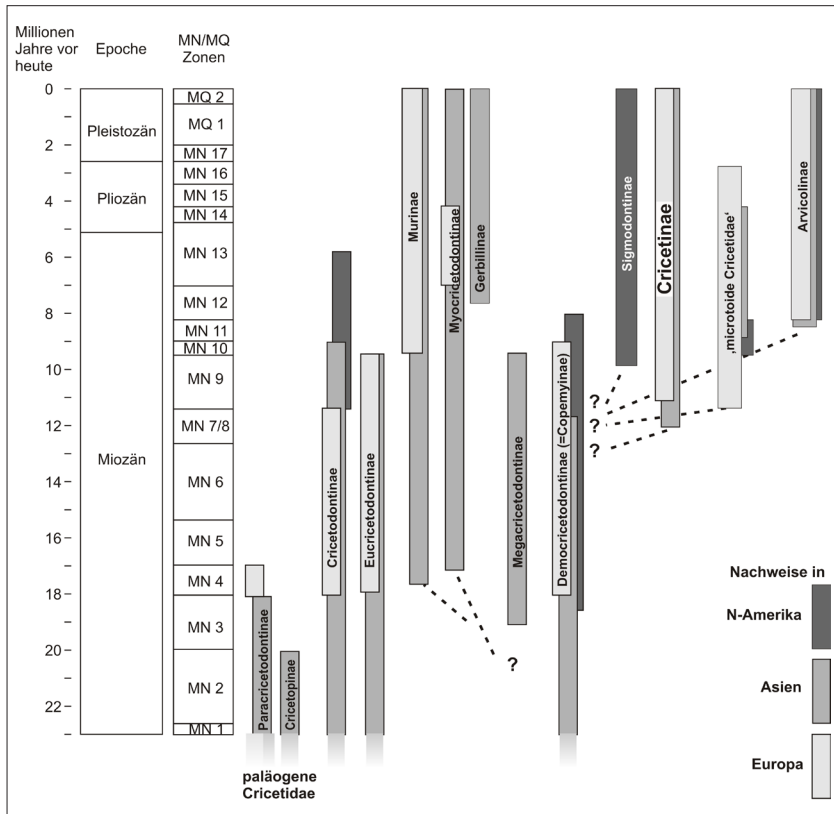


Abb. 21: Erdgeschichtliches Auftreten verschiedener Hamstergruppen und ihrer Abkömmlinge (einschließlich der modernen Cricetinae) im Neogen und Quartär. Nach McKenna & Bell (1997), Kálin (1999), Mein (2003), Lindsay (2008), Fejfar et al. (2011), kompiliert von L. C. Maul.

hatte. Dieses begünstigte die Ausbreitung offener Landschaften mit weiten Süßgrassteppen. Arten, die an solche Steppenbedingungen gut angepasst waren, fanden jetzt optimale Lebensbedingungen (CERLING et al. 1997; AGUSTÍ et al. 1999; FORTELIUS et al. 2002). McKenna & Bell (1997) listen 15 fossile Hamstergattungen auf, die zum großen Teil aus dem Miozän in Europa und Asien bekannt sind. Inwieweit sie als direkte Vorläufer unserer rezenten Arten infrage kommen, bleibt offen.

2.3 Die Gattung *Mesocricetus*

Die Vertreter der Hamstergattung *Mesocricetus* liegen mit etwa 130–280 mm Körperlänge und 80–320 g Gewicht im mittleren Größenbereich der Hamster, wovon sich sowohl die lateinische als auch die deutsche Bezeichnung »Mittelhamster« ableitet.

Zu den charakteristischen Merkmalen der *Mesocricetus*-Arten zählen auffällige Flankendrüsen, ein nicht verkalkter Penisknochen (Baculum) und 6–8 Zitzenpaare. Gegenüber anderen Hamstern ($2n = 20\text{--}22$) ist der diploide Chromosomensatz erweitert: *M. newtoni* ($2n = 38$), *M. brandti* ($2n = 42$), *M. auratus* ($2n = 44$) und *M. raddei* ($2n = 44$). *Mesocricetus*-Hamster besitzen wie alle Wühler ein Gebiss mit 16 Zähnen. Die Zahnformel lautet: Incisivi 1/1, Canini 0/0, Prämolaren 0/0, Molaren 3/3.

Die *Mesocricetus*-Arten repräsentieren eine eigenständige evolutionäre Linie innerhalb der Cricetinae, die ihren Ursprung nach derzeitiger Kenntnis im oberen Miozän vor etwa 8–10 Mio. Jahren oder etwas früher hat. Anhand von Fossilfunden scheint gesichert, dass sich die Gattung im ost-mediterranen Raum entwickelte (DE BRUIJN et al. 1970; STORCH 2004). Damit wären die *Mesocricetus* die wahrscheinlich einzigen Nachkommen der miozänen Hamster in Westeurasien. Bisher konnte aber noch keine fossile Hamstergruppe identifiziert werden, von der sich die Gattung direkt ableiten lässt.

Die ältesten Funde, die sicher als *Mesocricetus*-Hamster identifiziert wurden, sind als *Mesocricetus primitivus* bzw. *M. aff. primitivus* beschrieben. Sie treten im Zeitraum spätes Miozän/frühes Pliozän (MN13–MN15) in Griechenland (Chalkidike, Kessani, Rhodos) und der Türkei auf (DE BRUIJN et al. 1970; Ünay & DE BRUIJN 1998; SEN et al. 1998; VASILEIADOU et al. 2003; SUATA-ALPASLAN 2010; VASILEIADOU et al. 2012). *M. primitivus* gilt als Vorläufer aller modernen *Mesocricetus*-Arten. Frühpleistozäne *M. aff. primitivus* sind noch aus der Türkei und Israel (1,6 Mio BP) bekannt (SUATA-ALPASLAN 2009; TCHERNOV 1986; BELMAKER mdl. 2014). Mit Beginn des Pleistozäns erscheinen die ersten Hamster vom *M. auratus*/*M. brandti*-Typ (GÜLEÇ et al. 1999). Den Höhepunkt ihrer Verbreitung erreichte die Gattung im späten Pleistozän. Aus dieser Zeit stammen die bisher südlichsten Fossilnachweise von *Mesocricetus* in Israel sowie der westlichste (*M. cf. newtoni*) bei Triest im Nordosten Italiens (TCHERNOV 1975; BERTO & RUBINATO 2013). Mit den Veränderungen des Klimas und der Vegetation im Holozän begann das Verbreitungsgebiet von *Mesocricetus* wieder zu schrumpfen. Noch unklar ist die verwandtschaftliche Zuordnung einiger fossiler *Mesocricetus* wie *M. arameus* oder *M. rathgeberi*. *M. arameus* repräsentiert eine kleine Mittelhamsterart, die von Fundstellen des mittleren und späten Pleistozäns



Abb. 23: Die vier *Mesocricetus*-Arten: *M. newtoni* (links oben, Foto: Christian KERN), *M. brandti* (links unten, Foto: Christian KERN), *M. auratus* (rechts oben, Foto: PETER FRITZSCHE), *M. raddei* (rechts unten, Foto: PETER FRITZSCHE).

aus Israel bekannt ist und gegen Ende dieses Zeitabschnittes wieder verschwand (TCHERNOV 1968). Als *M. arameus* oder *M. aff. arameus* klassifizierte Hamsterfossilien wurden auch auf Kalymnos/Griechenland (Unteres Pleistozän) und im Suluova Basin (Eraslan Formation/Mittelpleistozän) in Nordanatolien gefunden (KUSS & STORCH 1978; ERTURAÇ et al. 2019). *M. rathgeberi* wurde anhand eines Schädelfundes auf der ägäischen Insel Armathia (Griechenland) als große holozäne, *M. raddei* ähnliche Art beschrieben. Fossilien der Art wurden auch auf Kasos gefunden. Sie starb wohl erst im Holozän aus (PIEPER 1984; KOTSAKIS 1990).

Zu den rezenten Vertretern der Gattung *Mesocricetus* gehören neben dem Goldhamster noch drei weitere Arten (Abb. 23).

Schwarzbrusthamster *Mesocricetus raddei* (NEHRING, 1894)

M. raddei besiedelt insbesondere die Kaukasusregion im Südwesten Russlands (Dagestan, Donregion, Asowsches Meer) und ein kleines Gebiet in Georgien. Drei nicht unumstrittene Unterarten des Schwarzbrusthamsters sind beschrieben (GROMOV & ERBAEVA 1995). Die größeren (bis 280 mm Körperlänge) montanen Unterarten *M. r. raddei* und *M. r. avaricus* bewohnen vor allem die Hochtäler am Nordhang des Kaukasus. Sie lassen sich wahrscheinlich nur durch die geringfügig grauere Unterseite bei *M. r. raddei* äußerlich unterscheiden. *M. r. nigriculus* ist eine kleinere, etwas über goldhamstergröße Form, die in die nördlich des Kaukasus angrenzenden russischen Steppen vordringt. Einige Autoren (z. B. HAMAR & SCHUTOWA 1966) geben *M. nigriculus* sogar Artstatus.

Rumänischer Hamster *Mesocricetus newtoni* (NEHRING, 1898)

Der Rumänische Hamster ist mit 140–170 mm etwa so groß wie ein Goldhamster. Das kleine Verbreitungsareal liegt vor allem in Nordbulgarien mit isolierten Vorkommen südlich des Balkans und reicht bis in die Dobrudscha im Südosten Rumäniens (COROIU & VOHRALÍK 2008). Die Art besiedelt natürliche Steppenhabitats und Grasland. Besonders häufig ist sie auf Feldern (Getreide, Luzerne) und angrenzendem Brachland zu finden. Die Bestandsentwicklung erscheint rückläufig, obwohl über aktuelle Vorkommen und Populationsdichten nur wenig bekannt ist. *M. newtoni* besitzt gegenwärtig einen europäischen Schutzstatus.

Türkischer Hamster *Mesocricetus brandti* (NEHRING, 1898)

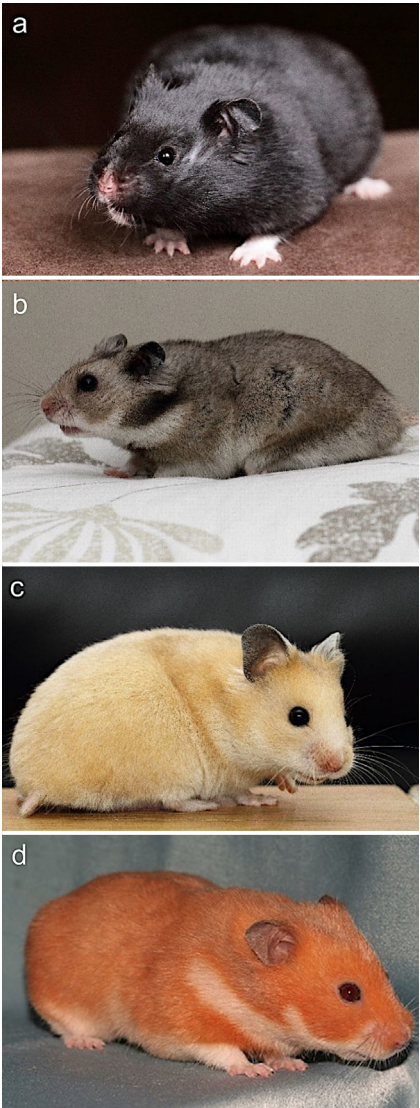
Der Türkische oder Brandt's Hamster ist die mit Abstand am weitesten verbreitete Mittelhamsterart. Ihr Areal reicht vom Transkaukasus (Aserbaidshan, Georgien, Armenien) über die Türkei in den Nordwesten Irans. In Dagestan existiert eine isolierte ciskaukasische Population. Hier überlappt möglicherweise die Verbreitung mit *M. raddei*. Der Türkische Hamster besiedelt bevorzugt die Trockensteppen im Flachland und im Gebirge bis zu 2 600 m. Obwohl die Art auch im Kulturland vorkommt, ist sie selten direkt auf Feldern anzutreffen. Morphologische und genetische Studien (YİĞİT et al. 2000; NEUMANN et al. 2018) zeigen eine starke Substrukturierung der Art. Es sind bisher keine Unterarten beschrieben.

Tab. 28: Ausgewählte Infektionserkrankungen des Menschen, für die der Goldhamster (Goha) ein etabliertes Referenzmodell darstellt.

Erreger	Erkrankung	Goldhamstermodell	Referenz
Parasiteninfektionen			
<i>Trypanosomatidae:</i> <i>Leishmania</i> ssp.	Leishmaniose ist eine durch Protozoen der Gattung <i>Leishmania</i> verursachte Erkrankung mit unterschiedlicher Manifestation. Überträger sind meist Sandfliegen (Phlebotominae). Besonders gefährlich ist die innere oder viszerale Leishmaniose (<i>L. infantum</i> , <i>L. donovani</i>).	Wichtigstes Infektionsmodell. Verschiedene <i>Leishmania</i> -Stämme zeigen vergleichbares Krankheitsgeschehen zum Menschen. Testung und Entwicklung von Vakzinen.	MELBY et al. 2001 GARG & DUBE 2006 GUPTA & NISHII 2011 OSORIO et al. 2012 ESPITIA et al. 2014 DAS DORES MOREIRA et al. 2016
<i>Trypanosomatidae:</i> <i>Trypanosoma cruzi</i>	Chagas-Krankheit (Südamerikanische Trypanosomiasis). Erreger wird durch Raubwanzen übertragen.	Goha zeigt ähnliche Verläufe wie Mensch.	RAMIREZ et al. 1994 BILATE et al. 2003
<i>Sarcocystidae:</i> <i>Toxoplasma gondii</i>	<i>T. g.</i> kann Toxoplasmose (Zoonose) beim Menschen auslösen. Infektionen während der Schwangerschaft können schwere Schäden beim ungeborenen Kind hervorrufen.	Modell zur Erforschung der Transmission auf den Fötus. Aufklärung immunologischer Schutzmechanismen.	FREYRE et al. 2009
<i>Babesiidae:</i> <i>Babesia</i> spec.	Babesiosis ist eine malariaähnliche Erkrankung. Wird durch Zecken übertragen. Erreger sind Protozoen der Gattung <i>Babesia</i> .	Modelltier für Krankheitsverlauf und Therapie. Die Erreger befallen und verändern die Erythrozyten der Hamster.	DAO & EBERHARD 1996 WITTNER et al. 1996
<i>Rhizopoda:</i> <i>Entamoeba histolytica</i>	Einzelliger Parasit, löst die Amöbenruhr aus.	Wichtigstes Experimentalmodell für ein Krankheitsbild mit Leberbefall.	VILLALBA-MAGDALENO et al. 2011
<i>Trematoda:</i> <i>Schistosoma</i> spec.	Pärchenegel der Gattung <i>Schistosoma</i> verursachen Schistosomiasis (Bilharziose).	Eines der wichtigsten Nicht-Maus-Modelle für Bilharziose. Aufklärung Infektionsmodus, Krankheitsverlauf und Therapie (z. B. Chemotherapie).	VUONG et al. 1996 XIAO et al. 2011

<i>Trematoda:</i> <i>Opisthorchis viverrini</i>	Der Befall mit dem Saugwurm gilt als Risikofaktor für ein Cholangiokarzinom, insbesondere in Südostasien.	Infizierte Goha, die mit Dimethylnitrosamin behandelt werden, entwickeln zu 93 % ein Karzinom.	THAMAVIT et al. 1987; 1993
<i>Cestoda:</i> <i>Taenia spec.</i>	Bandwürmer sind natürliche Endoparasiten des Menschen.	Modell zum Studium der Bandwurmentwicklung im Darm. Entwicklung von Nachweistests (z. B. ELISA-basiert).	VERSTER 1974 MONROY-OSTRIA et al. 1993 OCHOA-SANCHEZ et al. 2011
<i>Ancylostomatidae:</i> <i>Ancylostoma ceylanicum</i>	Hakenwurminfektionen sind sehr häufig in den Tropen- und Subtropen. Massenbefall kann zu schweren inneren Blutungen führen.	Modell zum Studium eines Hakenwurmbefalls. Infektion kann mit Eiern oder adulten Würmern erfolgen.	MENDEZ et al. 2005 GHOSH et al. 2006 HELD et al. 2006
<i>Ascaridida:</i> <i>Toxocara spp.</i>	Spulwürmer bei Hunden und Katzen, für die der Mensch als Fehlwirt fungiert.	Infektionsmodell	DA SILVA et al. 2015
Bakterieninfektionen			
<i>Spirochaetaceae:</i> <i>Treponema pallidum</i>	Bakterium, dessen Unterarten verschiedene Formen der Syphilis auslösen, u. a. <i>T. p. pallidum</i> = venerische S., <i>T. p. pertenue</i> und <i>T. p. endemicum</i> = nicht-venerische Formen	Inzuchtstamm LSH ist sehr gut infizierbar. Dient Studium der Immunreaktion, Krankheitsmechanismen und Therapie. Wenige Alternativmodelle.	SCHELL et al. 1980 ALDER et al. 1993
<i>Mycoplasma</i> <i>pneumoniae</i>	Verursacht neben der atypischen Pneumonie eine ganze Reihe verschiedener Erkrankungen.	Modell für atypische Pneumonie und andere <i>M. p.</i> induzierte Erkrankungen. Bedeutung ist rückläufig.	BARILE et al. 1988 CIMOLAI et al. 1995
<i>Leptospiraceae:</i> <i>Leptospira spec.</i>	Die Erreger lösen Leptospirosen aus (u. a. Weilsche Krankheit).	Ausgezeichnetes Infektionsmodell. Testung von Vakzinen und antibiotischen Therapien (z. B. Azithromycin).	HAAKE 2006 MOON et al. 2007
<i>Clostridiaceae:</i> <i>Clostridium difficile</i>	Typische Krankheitsbilder sind Darmentzündung und Diarrhoe. Hauptverursacher der Antibiotika assoziierten Form.	Goha wichtigstes Modell für C.-d.-Erkrankung. Orale Infektion vorbehandelter Tiere führt zu gleichen Symptomen wie menschliche Erkrankung.	DOUCE & GOULDING 2010 BUCKLEY et al. 2013

Farbvariante	Allelname/ Symbol	Vererbung/ Genotypen	Farbphänotyp	Weitere Geneffekte, Kopplung	Referenzen
Mottled White	<i>Mottled white</i> Mo	X-chromosomal dominant <i>Momo</i>	Fell heterozygoter Weibchen mit individuell sehr variabler Aus- prägung der Weißfleckung	Nur heterozygote Weibchen sind lebensfähig. Das Allel hat negative Effekte u. a. auf Wachstum, Größe, Fellstruktur, Stress- und Brutpflegeverhalten sowie Lebensdauer.	erstmalig 1949 an der Bucknell-Universität (USA) aufgetreten MACALHAES 1954a
Yellow	<i>Tortoiseshell</i> <i>To</i> <i>Sex-linked</i> <i>yellow</i> <i>Sly</i>	X-chromosomal semi-dominant <i>ToTo</i> , <i>Toho</i> , <i>ToY</i>	Homozygote Weibchen und he- mizygoten Männchen sind gelb- orange. Heterozygote Weibchen zeigen Schildpattmuster (Tor- toiseshell).		seit 1962 bekannt ROBINSON 1966



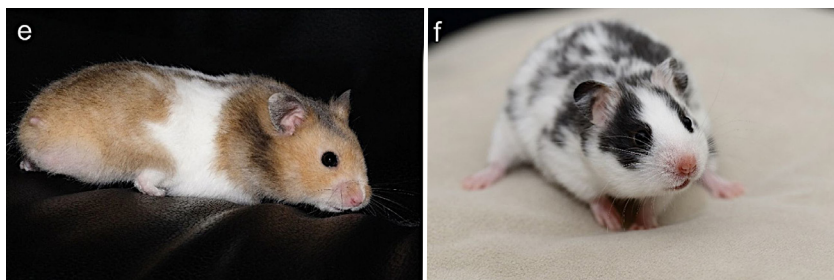


Abb. 171: Farbmutationen des Goldhamsters: a) Black, b) Dark Grey, c) Yellow, d) Pink-Eyed Dilution, e) Banded, f) Dominant Spot. Fotos: MARTIN BRAAK.

11.2.2 Genetische Grundlagen der Fell(Haar)-Varianten

Das Fell spielt bei Säugetieren eine wesentliche Rolle bei der Thermoregulation, als mechanischer Schutz und Barriere für UV-Strahlung. Dementsprechend hoch ist der Selektionsdruck auf die verantwortlichen Gene. Infolge dessen werden Fellstrukturmutationen in natürlichen Populationen nur sehr selten beobachtet.

Aberrante Fellmorphen bei Säugern beruhen auf Veränderungen der Haarbildung, des Haarwachstums, der Haardichte sowie der Haarstruktur (OSTRANDER 2012). Eine entscheidende Rolle für die Fellausprägung kommt dabei dem eigentlichen Haarzyklus zu, der aus drei Phasen besteht: dem Haarwachstum (anagene Phase), der Regression oder Übergangsphase (catagene Phase) und der Ruhephase. Die einzelnen Zyklusabschnitte werden durch verschiedene Gen- und Umweltfaktoren gesteuert. Fibroblast growth factor 5 (*Fgf5*) und Keratin 71 (*Krt71*) sind zwei Schlüsselgene, die bei Säugern die Wachstumsphase der Haare stark beeinflussen. Bisher ist aber noch relativ wenig über die molekularen Mechanismen der Fellbildung bekannt. Vergleiche zwischen Arten gestalten sich aufgrund der Komplexität der zugrunde liegenden Mechanismen schwierig (SCHLAKE 2007). Man nimmt an, dass mehr als 100 Gene die Entwicklung der Haare bei Säugern kontrollieren.

Neben der typischen Shorthaired(Kurzhaar)-Variante werden drei Fellvarianten des Goldhamsters gezüchtet: Longhaired (Langhaar-Hamster), Rex (Rexfell-Hamster) und Satin (Satinfell-Hamster). Dazu finden sich auch selten gehaltene Nackthamster. Über die molekularen Grundlagen der Fellvarianten beim Goldhamster existieren bisher kaum Daten. Tab. 30 liefert eine Zusammenfassung der bisher beschriebenen Fellmutationen und Abb. 172 zeigt Beispiele für bekannte Fellmorphen in Goldhamsterzuchten.