

Neues aus der Kynologie

Molekulargenetische Untersuchung zur genetischen Variabilität in Hunderassen

Zum gemeinsamen Genpool, d.h zur Gesamtheit aller Genvariationen tragen alle Individuen einer biologischen Art bei. Bezogen auf die weltweit FCI-anerkannten Hunderassen sind molekulargenetische Untersuchungen interessant um herauszufinden, ob sich Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den einzelnen Hunderassen klären lassen. Erste Untersuchungen 2004 durch Parker wiesen bereits nach, dass die asiatischen Rassen Akita, Chow Chow, Shar Pei und Shiba Inu dem Wolf am nächsten stehen und somit als ursprüngliche Rassen gelten.

Im Rahmen einer Studie durch die Gesellschaft zur Förderung kynologischer Forschung wurden 12 verschiedene Hunderassen mit jeweils mindestens 50 Hunden mittels Molekulargenetik untersucht: Deutscher Schäferhund, Deutscher Boxer, Hovawart, Tibet Terrier, Schnauzer (drei Schläge) Deutscher Pinscher, Weimaraner, Akita, Chow Chow und Shar Pei. Von den Tieren wurden Blut- und Speichelproben mit Hilfe von 19 unterschiedlichen Variabilitätsmarkern (Mikrosatelliten) charakterisiert.

Ergebnisse

Bisher galt der Grad an Heterozygotie (die genetische Vielseitigkeit des Rassehundes) als Maßstab für die vorhandene genetische Variabilität. In der Studie zeigte sich aber, dass sich die mittleren Heterozygotieraten bei den untersuchten Hunderassen erstaunlich ähnelten und zwischen 0,61 und 0,76 variierten. Die niedrigsten Werte wurden von den Weimaranern, Deutschen Boxern, Akitas und Mittelschnauzern erreicht, die höchste mit 0,76 bei den Tibet Terriern. Die anderen sechs Hunderassen wiesen durchschnittlich eine Heterozygotierate von 0,67 auf. Erstaunlich, dass die Heterozygotie von der Populationsgröße unabhängig ist. Shar Pei und Chow Chow gelten als „kleine Rassen“ mit Welpenzahlen von 63 bzw 166 Welpen pro Jahr und weisen die gleiche Heterozygotierate auf wie der Deutsche Schäferhund mit 21904 Welpen pro Jahr.

Erstaunlich auch, dass die Leistungszucht keine höhere Heterozygotierate aufweist. Die individuellen Werte der einzelnen untersuchten Hunde wichen allerdings teils deutlich von den Durchschnittswerten ab.

Die Studie kommt zu dem Schluß:

„Mittlere Heterozygotie-Werte sind kein Maß zur Charakterisierung der genetischen Variabilität in der Rassehundezucht, da sie weder Informationen über die Anzahl verschiedener Allele (Allel = Gene am gleichen Genort) , noch über die Frequenz in der Population liefern. Betrachtet man jedoch die individuellen Heterozygotien in einer Rasse, so treten zum Teil sehr starke Abweichungen von der mittleren Heterozygotien-Rate der jeweiligen Rasse auf.

Ferner zeigen Heterozygotie-Werte und Inzuchtkoeffizienten keine Korrelation, da die Berechnung letzterer sehr ungenau und ganz entscheidend von der Anzahl der Generationen abhängig ist.“

Ferner zeigte die Studie, dass es durch die Molekularuntersuchung zukünftig möglich sein wird Rassen zu differenzieren, wobei die asiatischen Rassen die meisten charakteristischen Allele aufweisen, was wiederum ein Hinweis auf deren große genetische Vielfalt ist.

Die Methode des Mikrosatellitenvergleichs kann helfen herauszufinden, welche Allele welches Tier trägt. In der Hundezucht sollte es immer darum gehen, eine möglichst große

genetische Vielfalt innerhalb der Population zu bewahren, aber die charakteristischen Merkmale, die für die Identität der Rasse spezifisch sind, zu schützen.

Insgesamt ist dieses Projekt höchst interessant mit vielen neuen Erkenntnissen für die Rassehundezucht. Wer sich mit diesem Thema ausführlich beschäftigen möchte, hier die Quellenangabe

Gesellschaft zur Förderung Kynologischer Forschung Info.26, Dezember 2007

Grundwissen: Dr. Helga Eichelberg: Hundezucht