

Premium SNP DNA-Profil /Heterozygotie

Die genetische Information eines Hundes ist in seinem Erbgut (DNA) gespeichert und liegt in jeder Körperzelle als zweifacher Chromosomensatz vor. Jeweils ein Chromosomensatz wird von mütterlicher bzw. väterlicher Seite an den Nachkommen vererbt, er trägt folglich genetische Informationen beider Elternteile in sich. Auf diesen Chromosomen liegen einerseits ca. 19.000 Gene, die für Proteine codieren, sowie nicht codierende Bereiche ohne Information. Grundbaustein der DNA sind vier unterschiedliche Basen (Nukeotide): Adenin (A), Thymin (T), Cytosin (C) und Guanin (G).

Der genetische Fingerabdruck



Ein DNA-Profil stellt den genetischen Fingerabdruck eines Individuums dar und ermöglicht eine lebenslange, zweifelsfreie Identifikation des Tieres. Es kann nicht durch Alter oder Krankheit beeinflusst oder manipuliert werden, was seine Überprüfbarkeit bis nach dem Tod sicherstellt. Das DNA-Profil ändert sich niemals und ist somit sicherer als alle anderen Markierungsmöglichkeiten (z.B. Mikrochips oder Tattoos).

Bei der Erstellung eines DNA-Profiles werden verschiedene Marker im Erbgut analysiert, deren Kombination den individuellen genetischen Fingerabdruck des Hundes ergibt. Das Arbeiten nach internationalen Standards (ISAG, International society for animal genetics) ermöglicht hierbei die Vergleichbarkeit von DNA-Profilen, die in unterschiedlichen Laboratorien erstellt wurden.

Basierend auf dem internationalen ISAG Standard aus dem Jahr 2006 werden bisher 21 Mikrosatelliten-Marker und ein Geschlechtsmarker analysiert. Diese Mikrosatelliten-Marker (short tandem repeats, STRs) sind repetitive Sequenzen im nicht codierenden Bereich des DNA-Strangs, die diesen bestimmten Bereich anhand seiner Länge beschreiben. In Fällen unklarer Abstammung können die STR DNA-Profile des Nachkommens und der Mutterhündin mit denen potentieller

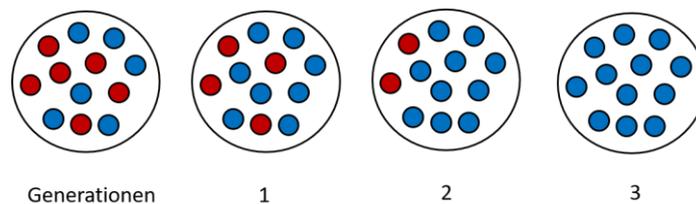
Vatertiere für die Erstellung von Abstammungsgutachten verwendet werden. Die Testsicherheit liegt hierbei bei 99,99 %.

Das neue SNP DNA-Profil

In diesem Jahr wurde eine neue ISAG Richtlinie für DNA-Profile erhoben, die auf der Verwendung von Einzelnukleotid-Polymorphismen (single nucleotide polymorphisms, SNPs) als Marker basiert. SNPs sind Punktmutationen an bestimmten Stellen der DNA und stehen somit für einzelne Nukleotide, die sich zwischen Individuen unterscheiden können. Als Marker für das DNA-Profil wurden SNPs verwendet, die nur zwei unterschiedliche Ausprägungen besitzen können. Alle Individuen tragen an einer bestimmten Stelle der DNA beispielsweise die Basen Cytosin (C) oder Thymin (T), während die Basen Adenin (A) oder Guanin (G) an dieser Stelle nicht vorkommen können. Es wurden zwei unabhängige Datensätze bestehend aus 112 bzw. 118 SNP -Markern mit jeweils einem Geschlechtsmarker entwickelt, die bereits einzeln betrachtet eine eindeutige Identifikation des Tieres ermöglichen. Diese Marker liegen im gesamten Genom verteilt, sodass jedes Chromosom mit mehr als einem Marker abgebildet wird. Diese SNPs geben keine Auskunft über Anlagen für Erbkrankheiten, Fellfarben o.ä. und dienen einzig der Identifikation des Tieres. SNP DNA-Profile können, wie auch STR DNA-Profile, für Abstammungsbegutachtungen herangezogen werden. Zukünftig ermöglicht das SNP DNA-Profil auch die Entwicklung von Tests für Abstammungsgutachten ohne das Vorliegen des DNA-Profils des zweiten Elterntieres. SNP und STR DNA-Profile sind untereinander jedoch nicht vergleichbar, da die analysierten Marker nicht identisch sind.

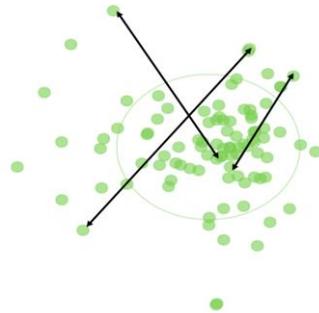
Möglichkeiten zur erweiterten Analyse - Heterozygotie und genetische Diversität

Gerade für kleine Zuchtpopulationen stellen die negativen Effekte, die mit der genetischen Verarmung der Zuchtpopulation einhergehen, eine große Herausforderung für die Zucht dar.



Manchmal können errechnete Werte wie der Ahnenverlustkoeffizient oder der Inzuchtkoeffizient dem Züchter oder den Verbänden Hilfestellung für eine genetisch möglichst breit aufgestellte nächste Generation an Zuchthunden bieten. Darüber hinaus ist es durch die neuen genomweiten Analysemöglichkeiten zum Beispiel auf Basis des neuen SNP-DNA Profils mittlerweile möglich, individuelle genetische Daten der Zuchthunde zu nutzen und erweiterte Betrachtungen zur genetischen Diversität der Rasse anzustellen. Durch die Analyse hunderter oder gar tausender

genetischer Marker und Populationsdaten können Aussagen dazu getroffen werden, ob die Gene eines bestimmten Hundes mehr oder weniger variabel ausgeprägt sind. Diese genetische Variabilität nennt sich Heterozygotiegrad. Die Heterozygotieanalyse einer Rasse kann dabei helfen Verpaarungspartner so zu wählen, dass die Rasse genetisch möglichst divers erhalten bleibt und somit negative Effekte der genetischen Verarmung einer Rasse abgeschwächt oder gestoppt werden. Zusätzlich kann mit den Vergleichsdaten einer gesamten Population von Zuchthunden auch die Verteilung der genetischen Bandbreite dieser Rasse grafisch dargestellt werden.



Hunde, die für die Rasse seltene oder ungewöhnliche Markerkombinationen tragen, stehen hier weiter Außen und sollten bei der Zucht berücksichtigt werden, um einer genetischen Verarmung entgegen wirken zu können. In Kombination mit den bestehenden genetischen Tests, die die Möglichkeit bieten Träger für rezessiv vererbte Erkrankungen zu erkennen, ergeben sich so Möglichkeiten um neue Strategien für die Zucht zu entwickeln und anzuwenden.

Für weitere Auskünfte steht Ihnen unser Molekularbiologie-Team gerne zur Verfügung:
LABOKLIN GmbH und Co.KG, Steubenstraße 4, D-97688 Bad Kissingen,
Tel. (+49)971 /72020 oder Fax: (+49)971 / 7202995 oder Email labogen@laboklin.com

Bild 1

Ein DNA-Profil gleicht dem genetischen Pfotenabdruck eines Hundes. Es stellt eine einmalige Kombination an Markern dar und macht ihn eindeutig identifizierbar.

Bild 2

Schematische Darstellung des Effekts des genetischen Drifts. Über die Generationen verliert eine kleine Zuchtpopulation automatisch an genetischer Diversität. Durch den Verlust an Heterozygotie können Effekte wie Inzuchtdepression entstehen.

Bild 3

Darstellung einer genetischen Distanzmatrix. Jeder Hund der Datenbank stellt einen Punkt der

Gesamtpopulation dar. Eng gezogene Linien stehen sich nahe. Durch gezielte Verpaarung der Hunde, die seltene genetische Eigenschaften besitzen und damit weiter Außen in der Grafik zu finden sind, wird die genetische Bandbreite erhalten und Diversität innerhalb der Rasse gefördert.

Bad Kissingen, 26.06.2020

Dr. Christine Schmitt und Hubert Bauer