

## Blutproben einschicken, um die Entwicklung von zukünftigen Gentests zu fördern

Leider sind in fast allen Hunderassen bestimmte gesundheitliche Probleme bekannt, die sehr oft genetisch bedingt sind. Mit einem Gentest könnte eine einfache und zuverlässige Diagnostik entwickelt werden, um zukünftige Zuchthunde für bestimmte Merkmale zu testen und Anlageträger zu erkennen. Dies würde eine Zuchtplanung ermöglichen, bei der die Geburt betroffener Welpen vollständig vermieden werden könnte.

Bis ca. Mitte 2006 war es technisch nur möglich, anhand von einem grossen vollständigem Familienmaterial (mindestens 10 vollständige Familien = ganze Würfe inklusive deren Eltern) über Kandidatengene die Regionen herauszufinden, wo evtl. Mutationen stattgefunden haben. Waren die Kandidatengene bekannt, konnte nach der Region gesucht werden, in der die Mutation passiert ist. Die Möglichkeiten zur Aufklärung von Gendefekten ist heute um Etliches erfolgversprechender: Das Hundegenom wurde sequenziert und steht öffentlich zur Verfügung und die Technik zur genomweiten Assoziationsstudie lässt sich seit 2006 beim Hund besonders wirkungsvoll einsetzen. Hierfür werden gleichzeitig ca. 30'000 variable Stellen (SNPs) im Genom eines Hundes analysiert und die Genotypen an diesen Stellen bestimmt. Anschliessend vergleicht man die Genotypfrequenzen der 30'000 untersuchten SNPs zwischen den betroffenen und den nicht-betroffenen Hunden. Dabei ist zu erwarten, dass einige wenige der 30'000 SNPs, welche in unmittelbarer Nachbarschaft zur kausalen Mutation im Genom liegen, deutliche Unterschiede in den Genotypfrequenzen zeigen, während alle anderen Marker ähnliche Genotypfrequenzen zwischen betroffenen und nicht-betroffenen Hunden zeigen. Mit dieser Technik kann man die Position der kausalen Mutation im Genom sehr genau feststellen. Typischerweise beträgt die assoziierte Region weniger als 0.1 % des gesamten Genoms. Einen derartigen Bereich kann man innerhalb eines überschaubaren Zeitraums (einige Monate) auf Mutationen analysieren, so dass heute im günstigsten Fall ein Gentest für eine monogen vererbte Krankheit innerhalb von ein bis zwei Jahren entwickelt werden kann.

Wenn eine Erbkrankheit in einer Rasse auftritt, scheitern Forschungsprojekte leider häufig daran, dass noch keine oder viel zu wenig Blutproben von betroffenen Hunden vorliegen. Im Nachhinein die Blutproben von erkrankten Hunden zu beschaffen, ist meistens sehr teuer und oft sogar unmöglich, weil wichtige Hunde nicht mehr leben. Das Institut für Genetik der Vetsuisse Fakultät Bern betreibt deshalb für die Clubs gratis ein Blutproben-Archiv. In diesem Archiv werden von allen Rasse-Hunden EDTA-Blutproben gelagert. Es ist wichtig, dass pro Hund eine genügend grosse Menge EDTA-Blut (5 ml, bei kleinen Welpen ausnahmsweise 2 ml) vorliegt. Aus diesen Blutproben kann vom jeweiligen Hund die DNA isoliert werden, die für die Untersuchungen nötig ist. Parallel dazu werden die Abstammungsdaten des Hundes in einer Datenbank erfasst.

Auf diese Weise ist es möglich, bei neu auftretenden Erbkrankheiten zusammen mit dem Rasseclub schnell ein entsprechendes Forschungsprojekt auf die Beine zu stellen.

Professor Dr. Tosso Leeb, Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät Bern

[tosso.lee@itz.unibe.ch](mailto:tosso.lee@itz.unibe.ch)

[www.genetics.unibe.ch](http://www.genetics.unibe.ch)