

Diversität Shar-Pei

Auswertung durch das Labor Feragen

Stand: August 2022

Die Hundezucht begleitet uns Menschen seit vielen Jahren. In den 1870ern wurde der erste Zuchtclub, der Kennel Club in England, gegründet. Seitdem veränderte sich viel, nicht nur bei unseren Hunden, sondern auch bei den Anforderungen an die Zucht. Genetische Flaschenhälse, hervorgerufen durch die folgenden Weltkriege, aber auch Zuchtstrategien, die auf starke Inzucht abzielten und das zum Teil heute noch tun, forderten ihre Tribute und führten zu einer Verarmung des genetischen Materials. Nicht nur Hunde einer Rasse wurden sich immer ähnlicher, auch das Erbgut. Das stellt heute viele Züchter vor große Herausforderungen, speziell dann, wenn es sich um Rassen mit einer kleinen Zuchtpopulation handelt. Hier ist es per se oft schon schwierig passende Zuchtpartner zu finden. Kommen dann auch noch gesundheitliche Einschränkungen hinzu, deren Ursache nicht vollständig geklärt ist, sind die Herausforderungen an die Zucht groß. Viele dieser Erkrankungen, mit denen wir aktuell konfrontiert sind, sind sehr komplex. Man denke an Autoimmunerkrankungen wie beispielsweise die Schilddrüsenunterfunktion oder hämolytische Anämien, die in manchen Rassen mittlerweile inflationär zu finden sind. Ganz zu schweigen von skelettalen Problemen und verschiedenste Formen von Krebs. Auch wenn die Ursachen vieler dieser Erkrankungen noch nicht vollständig geklärt sind, so haben sie dennoch eines gemeinsam, eine genetische Komponente. Ein hoher Grad an Inzucht, begünstigt zudem das Zusammentreffen von schadhaften Genen und den Ausbruch solcher Erkrankungen. Deshalb ist es wichtiger denn je, die genetische Vielfalt seiner Rasse im Auge zu haben und bereits früh ein vorausschauendes und vor allem rasseerhaltendes Zuchtmanagement zu installieren. Nur so kann langfristig das bestehende genetische Material erhalten werden.

Genetische Diversität ist mittlerweile ein Begriff, der in der Hundezucht Einzug gehalten hat. Per Definition bedeutet dies: *„Je mehr unterschiedliche Allele in einer Population vorkommen, umso besser ist die Anpassungsfähigkeit. Genetische Diversität ist die Grundlage für genetische Fitness, die Vitalität, Resistenz gegen Krankheitserregern und*

Fruchtbarkeit umfasst.“ Ein Verlust dieser Faktoren lässt sich in machen stark ingezüchteten Rassen beobachten: Hündinnen bleiben vermehrt leer, die Leistungsfähigkeit der Hunde nimmt ab, Allergien, Unverträglichkeiten und Infektionen stehen an der Tagesordnung. Zu den Faktoren, die die genetische Diversität beeinflussen zählen unter anderem die bereits erwähnte Inzucht, genetische Flaschenhälse, jede Form der Zuchtselektion aber auch der Einsatz von Popular Sires. Also von jenen Deckrüden, die übermäßig häufig und oft ohne Limitierung in der Zucht eingesetzt werden. Diese Rüden geben nicht nur ihre Gene in großem Ausmaß weiter, im schlechtesten Fall stellt sich heraus, dass sie zudem Vererber von Erkrankungen sind.

Doch was tun, wenn die genetische Diversität abnimmt? Wir sind heute in der glücklichen Lage verschiedenste Möglichkeiten zur Verfügung zu haben, mit denen wir genetische Diversität ermitteln und in der Zucht sinnvoll einsetzen können. So kann diese in Bezug auf einzelne Gene bestimmt werden oder unter Betrachtung des gesamten Erbguts eines Hundes.

Wenn wir uns auf bestimmte Gene fokussieren, so tun wie das bei der genetischen Diversität auf die sogenannten DLA-Gene (Dog Leukocyte Antigens). Ganz bestimmt haben Sie schon davon gehört. Diese Gene sind unerlässlicher Bestandteil des Immunsystems unserer Hunde und liefern den Bauplan für Greifarme auf der Oberfläche bestimmter Immunzellen. Diese Greifarme können Krankheitserreger erkennen, packen und zur Entsorgung bringen. Diese Gene legen aber auch fest, was in die Greifarme reinpasst, weshalb es viele verschiedene Varianten der Gene gibt. Das ist auch wichtig, denn nur so kann ein breites Spektrum unterschiedlicher Krankheitserreger erkannt werden. Es gibt 3 Gene, die einen wichtigen Teil des Bauplans bilden. Sie werden DLA-DRB1, DLA-DQA1 und DLA-DQB1 bezeichnet. Hunde erben diese Gene von ihren Eltern, und zwar immer in genau diesem Dreierpack, der aus unterschiedlichen Varianten wie ein Puzzle zusammgebaut wird. Im Grunde würde der Hund über sehr viele solcher Varianten verfügen. Zählt man alle Erscheinungsformen dieser 3 Gene zusammen so kommt man auf mehr als 300. Kombinationen aus diesen Genen werden auch als Haplotypen bezeichnet, und auch von diesen gibt es mehrere Hundert in bekannten Hunderassen, aber auch Mischlingshunden. Betrachtet man aber die Rassen einzeln, so ist das Bild meist deutlich ernüchternder. Studien haben gezeigt, dass eine Rasse

im Durchschnitt nur noch 7 solcher Haplotypen aufweist, obwohl hunderte grundsätzlich zur Verfügung stünden. Das heißt, viele Rassen zeigen eine starke Einschränkung der genetischen Diversität in den DLA-Genen. Im Umkehrschluss hat das zur Folge, dass das Spektrum an Krankheitserregern, das vom Immunsystem erkannt werden kann, auch eingeschränkt wird, wo wir wieder bei der Resistenz gegenüber Erregern angelangt wären. DLA-Gene haben aber eine weitere Besonderheit, die wir auch beim Menschen beobachten können. Bestimmte Kombinationen dieser Gene stehen auch im Zusammenhang mit Autoimmunerkrankungen. Das heißt, die Gene haben eine Art Zwitterfunktion. Sie sind notwendig, weil das Immunsystem ohne sie nicht funktionieren kann, wenn sie aber in einer bestimmten Konstellation vorkommen, können sie das Risiko in bestimmten Rassen für Autoimmunerkrankungen erhöhen. Viele dieser Erkrankungen konnten in unterschiedlichen Rassen mit solchen Risikohaplotypen bereits in Verbindung gebracht werden. Liegen diese Informationen vor, so kann dies dann in der Zucht auch entsprechend berücksichtigt werden.

Der Verlust von Genvarianten in den DLA-Genen einer Rasse stellt somit auch eine Art Indikator für den Verlust der genetischen Diversität durch Inzucht dar. Heterozygotie, also das Vorhandensein unterschiedlicher Genvarianten, ist auch ein Thema bei der Partnerwahl. Studien haben dies bei Fischen, Vögeln aber auch beim Menschen gezeigt. Weibchen wählen demnach ihre Fortpflanzungspartner so, dass diese möglichst unterschiedliche Gene aufweisen. Dies soll gewährleisten, dass die Nachkommen eine optimale genetische Ausstattung bekommen und deren Überleben somit gesichert wird. Vielleicht haben sie schon einmal vom Begriff des Heterozygotenvorteils gehört. Nein? Dieser besagt nichts anderes, als dass Lebewesen mit unterschiedlichen Genvarianten einen höheren Fortpflanzungserfolg haben als jene mit identen Genvarianten. Dieses Phänomen soll dazu beitragen, dass die genetische Diversität und somit ein Überlebensvorteil erhalten bleibt. In der Hundezucht wird aber genau diese Entscheidung vom Menschen übernommen und der Instinkt unserer Hunde oft vernachlässigt.

Es gibt also verschiedenste Gründe, die dafürsprechen, die Anzahl der DLA Haplotypen in seiner Rasse, aber auch bei den eigenen Hunden, zu kennen. Sie sind einerseits wichtig, damit das Immunsystem funktioniert, können aber andererseits mit bestimmten

Autoimmungenen assoziiert sein. Statistische Erhebungen in einer Rasse können dazu beitragen solche krankheitsbegünstigende Risikovarianten in den DLA zu erkennen und züchterisch zu berücksichtigen. Zudem kann durch geschickte Verpaarungen die genetische Variabilität in den Genen erhalten oder vielleicht sogar verbessert werden. Gerade was die Wahl der Zuchtpartner angeht, so liegt diese Entscheidung in den meisten Fällen in den Händen des Menschen. Umso wichtiger ist es, mit den zur Verfügung stehend Mitteln dafür zu sorgen, dass die bestmögliche genetische Ausgangslage in den Nachkommen geschaffen wird.

Betrachtet man die Rasse Shar-Pei so sind aktuell 10 verschiedene Haplotypen in der Rasse nachgewiesen worden (Abbildung 1). Diese Daten stammen aus Genotypisierungen die im eigenen Labor durchgeführt wurden. Zwei weitere Haplotypen sind noch nicht bestätigt und wurden in der Statistik dementsprechend nicht aufgeführt. Bedenkt man, dass laut wissenschaftlichen Studien durchschnittlich 7 Haplotypen in einer Rasse zu finden sind, wobei es hier selbstverständlich Ausreißer nach oben und unten gibt, so liegt der Shar-Pei über dem Durchschnitt. Häufig kann solche eine Diversität selbst in kleinen Rassen erhalten werden, wenn Tiere aus anderen geographischen Regionen für die Zucht eingesetzt werden. Wobei hier anzumerken ist, dass in anderen Regionen nicht zwingend oder ausschließlich gänzlich andere Haplotypen zu finden sind. Wie in den meisten Rassen gibt es auch beim Shar-Pei einen dominanten Haplotypen, also einen, der bei vielen getesteten Hunden vorkommt. Dieser liegt beim Shar-Pei bei 25 %. Das Vorkommen von 3 weiteren Haplotypen liegt zwischen 15 % und 17 %, gefolgt von seltenen Haplotypen, die nur vereinzelt zu finden sind. In der Berechnung wurden aktuell Daten von 20 Hunden berücksichtigt. Bei Testung einer größeren Anzahl ist es sehr wahrscheinlich, dass noch weitere Haplotypen dazukommen bzw. sich das Verhältnis dieser ändert und somit ein wesentlich besserer Überblick über die Rasse erreicht werden kann. Von den getesteten Hunden waren 60 % heterozygot, also mit 2 unterschiedlichen Haplotypen, 30 % homozygot mit 2 gleichen Haplotypen und 10 % partiell homozygot mit einem oder zwei identen Allelen (Abbildung 2). Der Anteil heterozygoter bzw. homozygoter Hunde ist von Rasse zu Rasse sehr individuell. So gibt es auch Rassen, die zwar eine sehr geringe Anzahl an Haplotypen nur noch vorzuweisen haben, dennoch verhältnismäßig viele heterozygote Tiere.

Genetische Diversität kann aber auch wesentlich globaler gesehen werden. Hier konzentrieren wir uns nicht auf einzelne Gene, sondern betrachten die gesamte DNA eines Hundes. Der Blick wird auf bestimmte Abschnitte im Erbgut gerichtet, die wir als genetische Marker bezeichnen. Wichtig dabei zu verstehen ist, dass es viele solcher Marker braucht, um herauszufinden wie die genetische Diversität eines Hundes einzustufen ist. Diese Diversitätstestung hat nichts zu tun mit DNA-Profilen von Hunden. Also jenen genetischen Analysen, die für Elternschaftsprüfungen verwendet werden. In der Regel bestehen solche Profile auch nur aus 21 Markern, was viel zu wenig ist, um eine Aussage zur genetischen Diversität eines Hundes zu machen. Gelegentlich wird genetische Diversität auch basierend auf 230 genetischen Markern angeboten. Hier wird auf ein anderes Markerset zugegriffen, das ebenfalls in der Elternschaftsprüfung Einsatz findet. Unabhängig davon, dass auch hier die Anzahl zu gering ist, so sind diese Marker schlicht und ergreifend für den Einsatz in der Diversität nicht geeignet. Die Anzahl der Marker und wie gut die DNA abgedeckt wird, ist also ausschlaggebend dafür, wie gut genetische Diversität in einem Hund bzw. einer Rasse bestimmt werden kann. In der Regel machen wir uns hierfür zwischen 60.000 und 230.000 Marker zu nutze. Sie sehen also, ein deutlicher Unterschied zu den oben genannten Zahlen. Dank dieser hohen Anzahl können wir sehr gut Inzuchtkoeffizienten eines Hundes auf genetischer Basis ermitteln, ohne jemals ein Pedigree der Hunde gesehen zu haben. Wir können feststellen wo ein Hund genetisch gesehen im Vergleich zu Hunden der gleichen Rasse steht oder wie stark sich unterschiedliche Rassen voneinander unterscheiden. Besonders spannend ist zudem die Ermittlung der genetischen Verwandtschaft von Hunden. Im praktischen Zuchteinsatz würde das bedeuten, dass die genetische Information einer Hündin mit verschiedenen Rüden verglichen wird und so ermittelt werden kann, welcher Rüde in Kombination zur Hündin sich am besten ergänzt. Oft besteht hier die Angst, dass sich herausstellen könnte, dass ein Rüde „schlecht“ ist. Diese Angst kann ich allerdings allen Rüdenbesitzern nehmen. Es gibt Verpaarungen in denen sich der eine Rüde als kompatibler darstellt als der andere. In Kombination mit einer anderen Hündin kann es aber genau umgekehrt sein. Nicht die Diskriminierung von Hunden ist Ziel dieser Testung, sondern möglichst viele Hunde optimal in der Zucht einsetzen zu können. So könnte sich vielleicht herausstellen, dass ein Rüde aus genetischer Sicht besonders geeignet wäre obwohl man diesen gar nicht so recht am Schirm hatte. Viele Züchter nehmen zudem weite Strecken für eine Deckung im Ausland in Kauf. Häufig mit dem Hintergedanken, dass sich dies positiv auf

die genetische Diversität seiner Zucht auswirken soll. Doch wer garantiert, dass der Rüde auch wirklich die erhoffte Diversität mit sich bringt. Denn weit weg bedeutet nicht automatisch genetisch unterschiedlicher. Dies haben wir in eigenen Untersuchungen festgestellt, in denen europäische und amerikanische Hunde einer Rasse basierend auf den genetischen Markern verglichen wurden. Es gab amerikanische Hunde, die der europäischen Population genetisch so ähnlich waren, dass sich eine Reise mit all ihren Strapazen nicht gelohnt hätte. Liegen also die genetischen Daten von ausländischen Deckrüden vor, so kann vorab festgestellt werden, ob man wegfährt, oder nicht doch der Rüde 50 km entfernt besser passen würde.

In Tabelle 1 sind genomische Inzuchtkoeffizienten einiger Rassen beispielhaft dargestellt. Auch diese Ergebnisse stammen aus Diversitätstestungen unseren Labors. Der Shar-Pei liegt hier bei einem Inzuchtkoeffizienten von 6,3 % noch hinter dem Rhodesian Ridgeback. Dieser Wert sollte allerdings mit Vorsicht betrachtet werden, da für die Berechnung lediglich 16 genotypisierte Shar-Peis zur Verfügung standen. Die IK-Werte aller anderen aufgelisteten Rassen beziehen sich auf mindestens 60 Hunde pro Rasse. Dementsprechend ist bei einer weiteren Testung von Shar-Peis von einer Anpassung dieses Wertes auszugehen, sodass dieser dann tatsächlich einen Durchschnitt der Rasse darstellt.

In den letzten Jahren hat sich im Bereich der genetischen Diversität viel getan und wir haben viel darüber gelernt. Verschiedenste Ansätze bieten uns die Möglichkeit, genetische Diversität in einzelnen Genen wie den DLA-Genen oder globaler in der gesamten DNA zu bestimmen. Liegen diese Informationen einer Rasse vor, so hat man all das in der Hand, das notwendig ist, um ein langfristiges und vorausschauendes Zuchtmanagement einer Rasse aufzubauen. Auch wenn dies vermeintlich kompliziert klingen mag, so ist der Einsatz in der Realität sehr einfach. Durch dieses Wissen können frühzeitig Inzuchtprobleme erkannt werden und mit entsprechenden Maßnahmen gegengesteuert werden. Eines sei am Ende dennoch erwähnt. Nicht die genetische Testung allein ist ausschlaggebend für die Zucht. Es ist auch die Erfahrung und das Wissen des Züchters notwendig. Die Genetik ist ein unterstützendes Tool, das als weitere Säule in der Zucht und der Erhaltung einer Rasse eingesetzt werden soll.

Genomische Inzuchtkoeffizienten

Rasse	Genomischer IK (6 Generationen)
Boxer	20,4 %
Leonberger	11,4 %
Großpudel	7,3 %
Rhodesian Rigeback	6,9 %
Shar-Pei	6,3 %

Tabelle 1: Beispiele für genomische Inzuchtkoeffizienten. Dargestellt sind die Mittelwerte der genomischen Inzuchtkoeffizienten verschiedener Rassen (mehr als 60 Hunde/Rasse, außer Shar-Pei). In der Berechnung wurden 6 Generationen berücksichtigt. Je höher die Werte desto höher der Inzuchtgrad. Berechnung für den Shar-Pei basierend auf 16 Hunden.

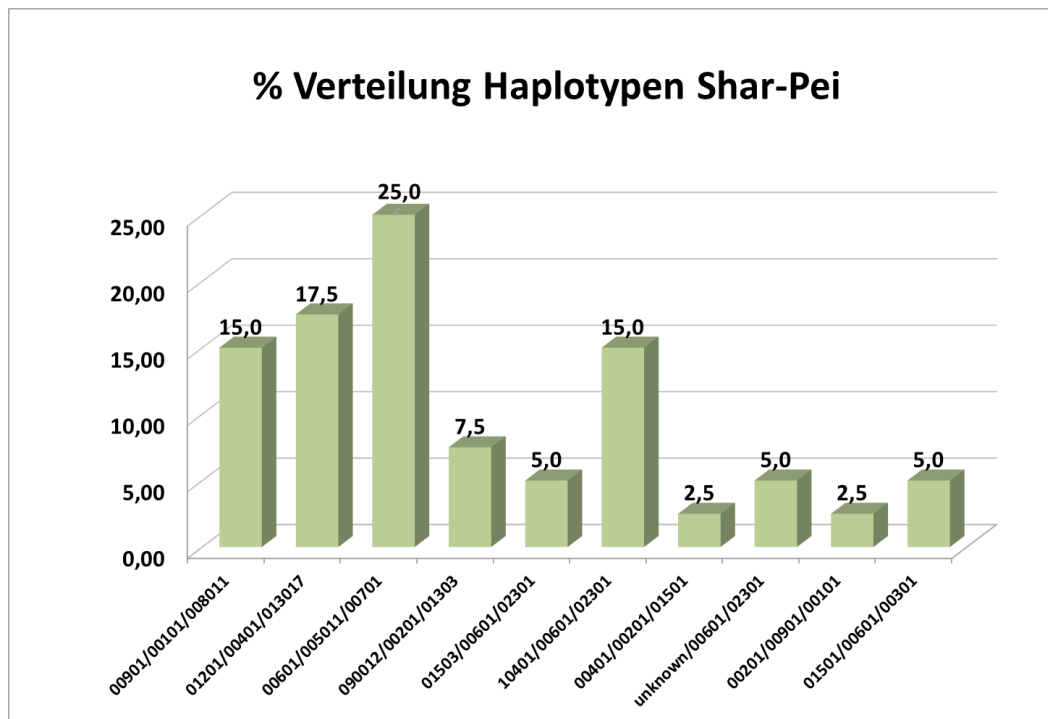


Abbildung 1: Verteilung der DLA-Haplotypen beim Shar-Pei basierend auf den DLA-Daten von 20 Hunden.

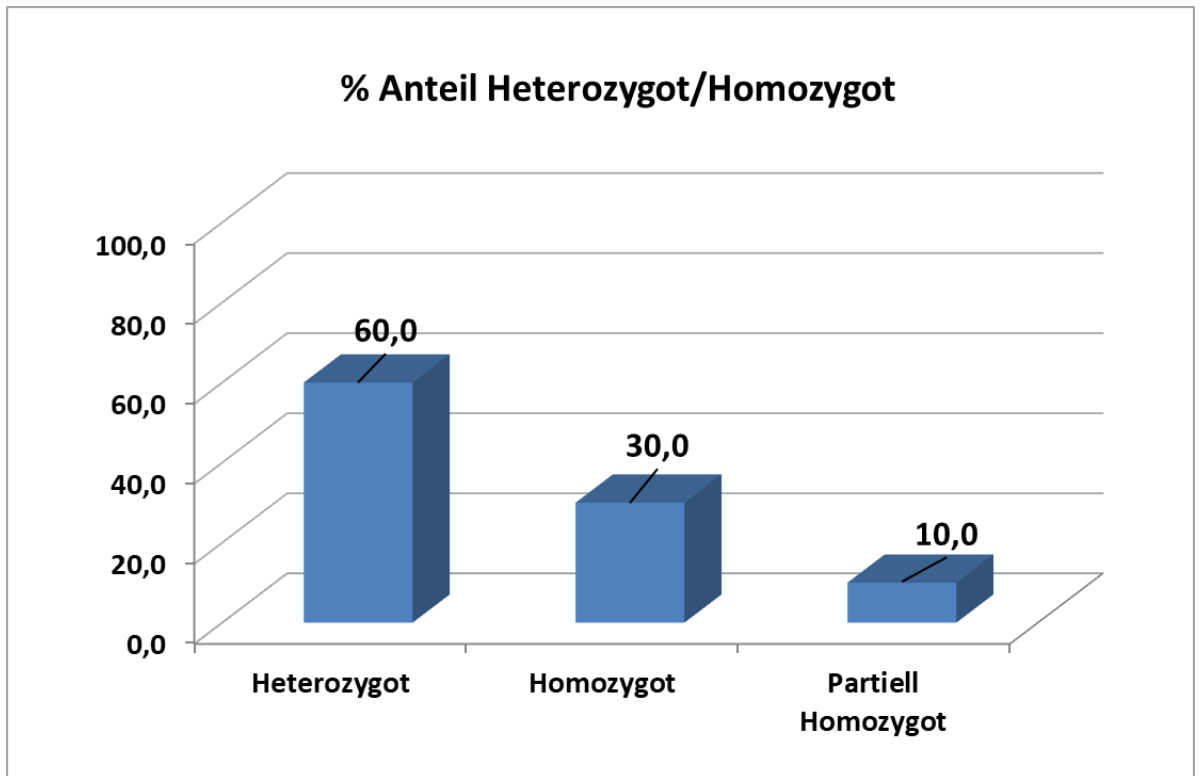


Abbildung 2: Prozentuale Verteilung von Hunden mit heterozygoten, homozygoten oder partiell homozygoten Haplotypen. Partiiell homozygot bedeutet ein oder zwei übereinstimmende Allele in den beiden Haplotypen.