



Fakten zum Gen-Test auf HD

Interview mit Prof. Dr. Ottmar Distl vom Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung der Tierärztlichen Hochschule Hannover

Herr Professor Distl, unter Hundezüchtern wird jetzt überall von dem „HD-Gen“ gesprochen. Beschreiben Sie bitte kurz, was genau Sie entdeckt haben und was daran neu und sensationell ist.

Vornweg: Es geht hier nicht um *das* Gen. Wir haben auf bestimmten Bereichen der verschiedenen Gene, die beim Deutschen Schäferhund für die Hüftgelenksdysplasie verantwortlich sind, so genannte Marker gefunden. Dabei handelt es sich um Mutationen, also Veränderungen in der Abfolge der Basen, die die DNA bilden. Da können gegenüber dem Erbgut HD-freier Hunde einzelne Basen fehlen, vertauscht oder zusätzliche eingeschoben sein. Auf jeden Fall lässt sich für jeden Bereich der Zustand „HD-frei“ oder „Veranlagung für HD“ eindeutig festlegen.

Das für uns Interessante war, dass die verschiedenen Positionen, an denen Marker gefunden werden können, zusammenwirken, und zwar in der Weise, dass sich ihre Wirkung addiert: Je mehr Marker, also je mehr Veränderungen bei einem Hund vorhanden sind, desto größer ist das Risiko für eine HD. Ganz neu ist nun also, dass wir für jeden Hund, bei dem die Marker untersucht werden, das HD-Risiko individuell und mit einer relativ hohen Wahrscheinlichkeit vorhersagen können.

Das Suchen eines Markergens gleicht der Suche nach der berühmten Nadel im Heuhaufen. Wie ist es Ihnen so schnell gelungen, fündig zu werden?

Zum Glück war es kein Heuhaufen,

sondern das sehr gut sortierte Material des Vereins für Deutsche Schäferhunde. Wir hatten eine große Hundepopulation, darin große Familien, mit genauen Daten und Blutproben aus 10 Jahren zur Verfügung, aus denen wir uns die am besten geeigneten Hunde aussuchen konnten. Aus diesen wurden zwischen 500 und 600 Tiere aus 11 Familien ausgewählt. Zunächst haben wir die Genombereiche, also die Abschnitte der DNA, bestimmt, auf die es ankommt. Dann war die Suche nach den Markern an der Reihe. Dabei haben wir uns an dem orientiert, was beim Menschen bekannt ist, und schließlich 17 Marker herausgefiltert.

Wie viele Markergene sind beim Hund schon bekannt? Für welche Erkrankungen sind sie verantwortlich? Welche sind die wichtigsten?

Es gibt etwa 70 bis 80 Gentests, bei denen Markergene untersucht werden. Fast immer sind die Markergene nur für eine bestimmte Rasse festgelegt. Die bekanntesten Tests dürften die auf Progressive Retinopathie (PRA), Blutgerinnungsstörungen und Myopathien (Muskelkrankungen) sein. Allerdings handelt es sich dabei immer um monogen, das heißt über ein einziges Gen vererbte Krankheiten. Mit dem Test auf HD haben wir die erste polygen, also unter Beteiligung mehrerer Gene vererbte Erkrankung, die molekulargenetisch untersucht werden kann.



Prof. Dr. Ottmar Distl

Aufgrund von genomweiten Analysen bei Deutschen Schäferhunden kann nun eine Risikobewertung für die HD beim untersuchten Hund stattfinden. Wie genau ist die Vorhersage?

Für die Extremfälle – also HD-Freiheit auf der einen, schwere HD auf der anderen Seite – liegt die Genauigkeit bei sehr guten 60 bis 70 %. Dazwischen können wir immerhin von einer Genauigkeit von 35 % ausgehen. Diese Werte sind den Zahlen der bisherigen Zuchtwertschätzung weit überlegen. Zum Vergleich: Obwohl sich die Milchleistung eines Rindes durch Genmarker viel ungenauer vorhersagen lässt als jetzt die HD beim Deutschen Schäferhund, wird die Bewertung des Milchviehs in der Praxis vorrangig vom Gentest abhängig gemacht. Übrigens handelt es sich bei unseren Zahlen um Werte aus dem letzten Jahr. Inzwischen haben wir die Untersuchungsmöglichkeiten weiter verbessern können.





Neu ist die klare Trennung zwischen HD-Disposition und HD-Freiheit. Welche Vorteile und praktischen Auswirkungen hat sie?

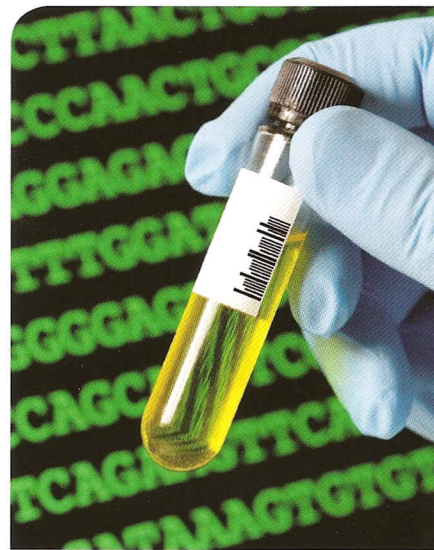
Erstens: Der Züchter kann Paarungen besser planen. Es ist dann ja eine – zumindest statistisch – genaue Vorhersage der Genverteilung an die Nachkommen möglich. Zum zweiten kann man einen Junghund entsprechend seiner genetischen Veranlagung ausbilden, trainieren, in Richtung Zucht bringen – aber auf der anderen Seite auch entsprechend ernähren und die Umweltfaktoren so gestalten, dass das Risiko für die HD minimiert wird. Bei allem dürfen wir ja den Bezug zum Tier nicht vergessen! Es darf nicht darum gehen, genetisch einwandfreie Hunde zu produzieren und den Rest einzuschläfern. Denn: Den genetisch perfekten Hund kann es gar nicht geben.

Wie sieht die Umsetzung Ihrer Entdeckung in die Praxis aus? Wird der Verein für Deutsche Schäferhunde die genomische Selektion in seine Zuchtstrategie miteinbeziehen?

Beim Verein für Deutsche Schäferhunde wird die Umsetzung zurzeit vereinsintern verhandelt. Wir halten den SV auf dem neuesten Stand, entschieden wird dort. Das betrifft auch die übrigen Zuchtvereine – letztlich sind es vereinsinterne Entscheidungen, zu denen ich nichts sagen kann.

Wird der Röntgenbefund zur Zuchtwertschätzung entfallen beziehungsweise überflüssig?

Auf Dauer wird das eine Entscheidung des VDH sein, wie nun verfahren wird. Zunächst kann sicher beides parallel laufen, der Gentest bietet eine wertvolle Ergänzung zum Röntgen. Außer bei ganz eindeutigen Genbefunden wie „HD-Freiheit“ ist die Beurteilung des Phänotyps weiterhin wichtig. Auch zur Diagnose und individuellen Behandlung von Hüft- und anderen Gelenksproblemen ist die Anfertigung von Röntgenaufnahmen natürlich unerlässlich. Was allerdings wegfallen kann und sollte, ist das Vorröntgen. Das wäre zusätzlich zum Gentest eine unnötige Belastung des Junghundes durch die Narkose.



Können Sie bereits prognostizieren, wann der Kampf gegen die HD gewonnen ist?

Nicht im Detail. Die Zuchtverbände werden Richtlinien vorgeben, innerhalb derer die Züchter Entscheidungsfreiheit haben. Und diese Entscheidungen bestimmen die Geschwindigkeit, mit der gegen die HD vorgegangen wird. Wenn die Züchter die Methodik anwenden, kann die HD absehbar zurückgedrängt werden. Nicht in einer Generation und auch nicht in fünf – aber doch mit jeder Generation ein bisschen mehr.

Welchen Genen sind Sie und Ihre Mitarbeiter im Moment auf der Spur? Mit welchen Entdeckungen dürfen wir demnächst rechnen?

Wir arbeiten an Genmarkern für Gelenk- und Augenerkrankungen, Epilepsie und Taubheit, außerdem für einige angeborene Anomalien. Das ganze für verschiedene Rassen – da gibt es genug zu tun!

Herr Professor Distl, vielen Dank für das Gespräch!

