

## Neues gkf-Projekt

# Geboren für den Job

*Während andere Hunde Verhaltensweisen wie das Hüten oder das Vorstehen nur selten, wenig ausgeprägt oder gar nicht zeigen, sind Hüte- und Vorstehhunde für ihre jeweiligen Jobs geradezu geboren: Sie präsentieren entscheidende Handlungsmuster aus ihren Berufen auch ohne spezielles Training. Diese sind ihnen also offensichtlich angeboren. Doch welche Gene kodieren für diese Fähigkeiten? Denis A. Akkad und seine Kollegen von der Ruhr-Universität Bochum sind aktuell auf der Suche danach.*

Die jahrhundertlange gezielte Zucht prägte nicht nur das Erscheinungsbild von Rassehunden auch bestimmte Verhaltensweisen sind systematisch verstärkt oder verringert worden. Diese Eigenschaften sind in den jeweiligen Rassen genetisch verankert. Man schätzt, dass Hunde etwa 19.000 Gene haben. Sie sind Bestandteile der DNA und liegen bei der Zellteilung verteilt auf 78 Chromosomen (Menschen haben 46 Chromosomen). Die gesamte Erbinformation wird dabei von nur vier verschiedenen Basen kodiert. Im Doppelstrang der DNA treten diese Basen immer paarweise auf. In der Hunde-DNA sind rund 2,4 Milliarden Basenpaare vorhanden.

Neben Merkmalen, die nur von einem einzigen Gen kodiert werden (monogener Erbgang), gibt es auch erbliche Eigenschaften,

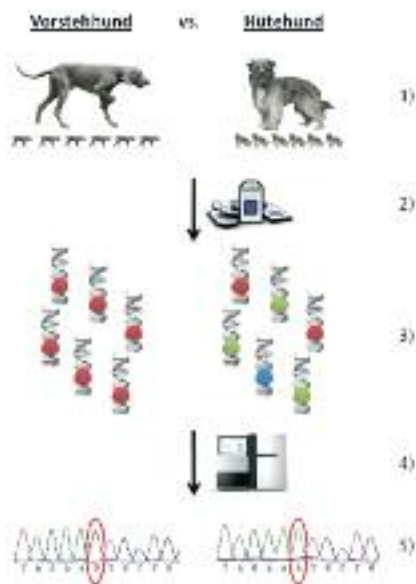
die sich nur entwickeln, wenn mehrere Gene aktiviert werden (polygener Erbgang). Bei komplexen Eigenschaften wie Verhaltensweisen kann man davon ausgehen, dass sie wahrscheinlich über mehrere Gene vererbt werden.

Die Gene sind dabei vergleichbar mit Bauplänen. Genauso wie ein Bauplan erst gelesen und ausgeführt werden muss, damit ein Gebäude entsteht, müssen auch Gene erst abgelesen und aktiviert werden. Die Ableitung und Aktivierung von Genen wird von regulatorischen Abschnitten in der DNA gesteuert. Diese können dafür sorgen, dass ein Gen besonders häufig oder auch gar nicht gelesen wird.

## Nadeln im Heuhaufen

Akkad und seine Kollegen möchten sowohl die kodierenden als auch die regulatorischen Abschnitte für die Verhaltensweisen finden, die jeweils bei Hütehunden beziehungsweise Vorstehhunden besonders ausgeprägt sind. Da die Suche im gesamten Genom einer Suche in einem Heuhaufen gleichkäme, grenzte Akkad in einer Vorstudie das Untersuchungsgebiet von 2,4 Milliarden Basenpaaren ein.

In der Vorstudie verglich er das Erbgut von je 13 Hunden aus den vier Rassen Weimara-



Arbeitsprogramm zur Identifizierung von genetischen Unterschieden zwischen Vorsteh- und Hütehunden. 1) DNA-Aufreinigung für die genetischen Analysen bei zahlreichen Vorsteh- und Hütehunden. 2) Die DNA jedes Hundes wird anhand von Einzel-Nukleotid-Varianten (SNP)-chips analysiert. 3) Die vergleichende Auswertung zeigt, dass bestimmte Genom-Regionen bei allen Vorstehern einheitlich (rote Kreise) vorliegen, bei den Hütehunden sind diese Regionen variabel (unterschiedlich gefärbte Kreise). 4) Next-Generation Sequenzieren (NGS). 5) Das Überprüfen der Ergebnisse mit klassischer DNA-Sequenzanalyse bestätigt die einheitlichen Befunde der Vorsteh- im Gegensatz zur Variabilität der Hütehunde.

Bild: Weimaraner ©Eva-Maria Krämer / Bild: Berger des Pyrénées ©Michael Ave

ner (W) und Großer Münsterländer (GM) als Vertreter der Vorstehhunde sowie den Hütehunden Schapendoes (SD) und Berger des

Pyrénées (BPD). Dabei war er auf der Suche nach homozygoten (reinerbigen) Regionen, die ausschließlich bei Vorstehhunden vorkamen. Denn bei der strengen Selektion auf das Vorstehen in den entsprechenden Rassen war davon auszugehen, dass die „Vorsteh-Gene“ bei den Vorstehhunden in reinerbiger Form vorkommen, während sie bei den Hütehunden mischerbig auftreten. Tatsächlich konnte Akkad feststellen, dass alle untersuchten Vorstehhunde in einer rund 900.000 Basenpaaren großen Region Homozygotie aufwiesen, während sich diese Region bei den Hütehunden uneinheitlich präsentierte.

Akkad überprüfte das Ergebnis, indem er die gleiche Region bei weiteren 5 Vorstehhund-Rassen (insgesamt 144 Hunden) mit der von 175 Hütehunden aus 5 Rassen und 15 Wölfen verglich. Bei dieser Überprüfung bestätigte sich, dass die Region nur bei Vorstehhunden ein einheitliches Bild ergab - bei allen anderen Tieren zeigte sich die Region hingegen bunt gemischt.

## Entschlüsselung des Codes

Um die Region, in der sich die entscheidenden Gene wahrscheinlich befinden, weiter einzugrenzen, wird die Abfolge der Basenpaare (Sequenz) der interessanten Region bei je sechs Vorsteh- und Hütehunden komplett ermittelt und miteinander verglichen.

Die Sequenzierung der 900.000 Basenpaare erfolgt mit einem neuen Verfahren, der Next-Generation-Technologie (NGS-Technologie), die wesentlich schneller und kos-

tengünstiger arbeitet, als ältere Methoden. Dabei werden für die weitere Untersuchung jene Genorte herausgefiltert, bei denen die Sequenzen bei allen Vorstehhunden gleichen, sich aber von jenen der Hütehunde unterscheiden.

Die Sequenzen dieser Genorte vergleichen Akkad und sein Team dann mit den Sequenzen bereits bekannter Gene, die in einer Gen-Datenbank archiviert sind. Nach Ausschluss aller bekannten Gene sollten dann sogenannte Kandidatengene übrigbleiben, bei denen die Wahrscheinlichkeit hoch ist, dass sie für das Vorstehen kodieren. Schließlich werden die Ergebnisse erneut anhand der DNA Proben von rund 300 Hunden überprüft und verifiziert.

Die gesamte Studie wird in etwa neun Monate dauern, vier Monate entfallen dabei

auf die Vorbereitung und Sequenzierung der zwölf Proben. Weitere vier Monate veranschlagt Akkad für die Auswertung der Sequenzierung und die Verifizierung der Kandidatengene anhand der 300 Proben.

*(Barbara Welsch)*

### **Titel des Forschungsvorhabens** **Identifikation von Verhaltens- und Leistungs-Genen in Vorsteh- und Hütehunden**

#### **Kontakt**

Dr. Denis A. Akkad  
Abteilung für Humangenetik,  
Ruhr-Universität-Bochum  
Universitätsstr. 150  
Amer.Akkad@rub.de



Gesellschaft zur Förderung Kynologischer Forschung e. V.

**gkf** Forschung für den Hund

Postfach 14 03 53  
53058 Bonn  
Service-Telefon (0180) 334 74 94  
www.gkf-bonn.de

Volksbank Bonn · BLZ 380 601 86 · KTO 100 10 10 014

UNTERSTÜTZEN SIE DIE GKF!