

Hämophilie A beim Havaneser - Ursächliche Mutation gefunden

Die Hämophilie A gehört zu den wichtigsten vererbaren Blutgerinnungsstörungen in der Rasse Havaneser. Die Erkrankung ist auf einen Mangel bzw. eine reduzierte Aktivität des Faktors VIII zurückzuführen, der eine Schlüsselfunktion in der Blutgerinnungskaskade hat. Je nach Ausprägung des Faktor VIII-Mangels kommt es zu leichter bis schwerer Blutungsneigung. Anzeichen einer Hämophilie sind größere Hämatome, Nasenbluten, Haut-, Muskel- und Gelenksblutungen. Schwere Verläufe nach größeren Verletzungen oder Operationen können ohne Therapie oder Prophylaxe tödlich verlaufen.

Die Erkrankung wird X-chromosomal, also an ein Geschlechtschromosom gebunden, rezessiv vererbt. Daraus folgt: Rüden sind wesentlich häufiger betroffen als Hündinnen, da Rüden nur ein X-Chromosom besitzen. Der Besitz eines veränderten Chromosoms wird daher beim Rüden zur Erkrankung führen. Konduktorinnen erkranken selbst nicht, geben das betroffene Allel aber an ihre Nachkommen weiter. 50 % der männlichen Nachkommen einer Trägerhündin erkranken. Theoretisch können auch Hündinnen erkranken, diese müssen dann aber auf beiden X-Chromosomen mit der Mutation behaftet sein.

LABOKLIN konnte vor kurzem in Kooperation mit Prof. Dr. Reinhard Mischke von der Tierärztlichen Hochschule Hannover und Prof. Dr. Thomas Dandekar von der Universität Würzburg die für die Hämophilie A beim Havaneser verantwortliche Mutation im Faktor VIII Gen ausfindig machen. Mit einer Patentanmeldung konnte sich LABOKLIN auch die Exklusivrechte zur Durchführung dieses Tests sichern. Mittels des Gentests ist eine frühzeitige Erkennung von betroffenen Tieren und vor allem von Überträgerinnen möglich, die mittels klassischer Gerinnungstests nicht oder nur schwer erkannt werden können. Basierend auf den Ergebnissen des Gentests kann versucht werden, die Häufigkeit des betroffenen Gens und somit der Erkrankung in der Population der Havaneser zu reduzieren.

GR_PRA1 beim Golden Retriever

Die Progressive Retina Atrophie (PRA) ist eine Erkrankung der Netzhaut (Retina), die durch kontinuierliches Fortschreiten immer zur Erblindung führt. Dabei werden die Photorezeptoren des Auges im Laufe der Zeit zerstört. Zuerst verlieren die Stäbchenzellen ihre normale Funktion, was zu fortschreitender Nachtblindheit sowie dem Verlust der Anpassung des Sehvermögens an das Dämmerlicht führt. Durch die Zerstörung der Zapfenzellen kommt es schließlich zur völligen Erblindung des Hundes.

Neben der bereits beim Golden Retriever bekannten prcd PRA konnten Genetiker des AHT (Animal Health Trust) und der Universität von Uppsala eine weitere Mutation identifizieren, die mit der Entstehung der PRA beim Golden Retriever assoziiert ist. Diese wurde GR_PRA1 genannt. Ein Gentest zum Nachweis dieser Mutation ist seit geraumer Zeit auch bei LABOKLIN verfügbar. Es wird diskutiert, dass mindestens eine weitere Mutation im Zusammenhang mit der PRA-Genese beim Golden Retriever stehen muss. Dazu laufen derzeit Forschungen.

Die GR_PRA1 wird autosomal-rezessiv vererbt. Das bedeutet, dass ein Hund nur erkrankt, wenn er je ein betroffenes Gen von Vater und Mutter erhalten hat. Es müssen also sowohl Vater- als auch Muttertier das mutierte Gen tragen. Träger, d.h. Tiere mit nur einem betroffenen Gen, können zwar selbst nicht erkranken, geben aber die Erbanlage mit einer Wahrscheinlichkeit von 50% an ihre Nachkommen weiter. Bei der Verpaarung von zwei Trägern besteht die Gefahr, dass die Nachkommen von der Erkrankung betroffen sind.

Rassezuordnung beim Hund

Lange Zeit war die Feststellung der Rassezugehörigkeit eines Hundes nur anhand ersichtlicher Merkmale und/oder einer belegten Ahnentafel möglich. Und dennoch ist diese Art der Zuordnung oft nicht eindeutig. Die genetische Zuordnung eines Hundes zu einer bestimmten Rasse wird durch modernste molekularbiologische Methoden sowie statistische Auswertungen ermöglicht. Seit einigen Jahren erlaubt die Analyse mehrerer sog. Mikrosatelliten als molekularer Marker die Erstellung eines einzigartigen, individuenspezifischen Musters: das DNA-Profil oder „genetischer Fingerabdruck“.

Dieses DNA-Profil kann zur eindeutigen Identifizierung eines Hundes, zur Abstammungsanalyse und eben für eine Rassezuordnung genutzt werden. Die Rassezuordnung basiert dabei auf einer Wahrscheinlichkeitsberechnung, bei der das DNA-Profil eines Hundes mit einer Datenbank aus hinterlegten Rasse-Profilen abgeglichen wird. Die Datenbank stellt dabei das Herzstück dar. In ihr sind DNA-Profile zweifelsfrei reinrassiger, nicht verwandter Hunde hinterlegt. Der Datenpool wird dabei laufend erweitert. Das Ergebnis der Rassezuordnung stellt dann eine Zuordnungswahrscheinlichkeit des fraglichen Hundes zu einer der im Datenpool befindlichen Rassen dar. Die Zuordnungswahrscheinlichkeit zu einer Rasse aufgrund des DNA-Profiles liegt bei reinrassigen Hunden zwischen 80% und 100%.

So stellt die Rassezuordnung mittels dieses genetischen Tests eine Erweiterung der klassischen Testmöglichkeiten wie phänotypische Begutachtung dar. Sie erlaubt eine sehr zuverlässige Aussage über die Zugehörigkeit eines Hundes zu einer bestimmten Rasse.

Es ist so beispielsweise auch möglich, die Reinrassigkeit eines Hundes zu bestätigen, wenn eines oder beide Elterntiere für ein Abstammungsgutachten nicht zur Verfügung stehen – vorausgesetzt die fragliche Rasse ist in der Datenbank enthalten.

Hämophilie A beim Havanese

GR_PRA1 beim Golden Retriever

Rassezuordnung beim Hund

Tierartendifferenzierung



Tierartendifferenzierung

Mittels molekularbiologischer Methoden ist es uns seit neuestem möglich, bei außergewöhnlichen Fragestellungen die Tierart aus Materialien wie Kot, Haaren oder Blutspuren zu bestimmen. Gerade wenn es sich nur um Spuren handelt, ist eine auf der Untersuchung von DNA basierende Tierartendifferenzierung Mittel der Wahl. Denn mit bloßem Auge oder mit Hilfe gängiger Labormethoden können nur selten Rückschlüsse auf die Herkunft der Probe gezogen werden. Mit Methoden der Forensik etablierten wir einen genetischen Test, der nach Isolation der DNA aus den unterschiedlichsten Materialien die Herkunft der Spuren klären kann. Eine molekularbiologische Tierartendifferenzierung ermöglicht eine Vielzahl von Anwendungen und kann Antworten auf die verschiedensten Fragen geben. Die Liste der Tierarten, die wir mit Hilfe dieser Methode identifizieren können, wird laufend erweitert. Daher stehen wir Ihnen im Vorfeld einer Untersuchung gerne für ein beratendes Telefongespräch zur Verfügung.

Eine Tierartendifferenzierung kann zum Beispiel helfen, wenn unklar ist, ob ein Verkehrsunfall durch ein Wildtier oder aber ein Haustier verursacht wurde. Das kann von Interesse sein, wenn die Versicherung aufgrund der ungeklärten Frage die Schadensregulierung verweigert. Zur Klärung des „Schadenverursachers“ genügen meist einige wenige z.B. von der Stoßstange asservierte Haare.