

Ergebnisse zu Untersuchungen zu Rutenfehlern beim Berger des Pyrénées

Dr. Nina Janßen
TG-Verlag, Gießen

Neben umweltbedingt erworbenen Rutenfehlern stellen genetisch bedingte Ursachen eine zentrale Rolle beim Merkmalskomplex der Rutenanomalien dar.

Insbesondere nach Ende des Kupierens werden Knickruten oder Rutenverkürzungen auffällig und züchterisch relevant. Knickruten oder Rutenverkürzungen treten bei fast allen Hunderassen auf.

In einer Untersuchung beim Teckel von Ost (1982) wurde die Erbllichkeit durch hochsignifikante Familienhäufungen der Knickruten bestätigt. Hier wurde ein autosomal rezessiver Erbgang angenommen weil die Häufigkeit nahe der Mendelschen Erwartung lag. Das Gen soll bei variabler Expressivität eine unvollständige Penetranz besitzen.

Bobtail oder Welsh Corgi sind Rassen bei denen der Stummelschwanz zum Rassestandard gehört und einem dominant/rezessiven Erbgang unterliegen soll. Beim Welsh Corgi ist das Gen rassetyisch fixiert.

Auch beim Entlebucher Sennenhund wird die Reduktion der Schwanzwirbelzahl durch Erbfaktoren verursacht. Es herrscht allgemein die Ansicht vor, Kurzschwanzigkeit sei dominant oder unvollkommen dominant über Langschwanzigkeit und in seiner homozygoten Anlage sei das Gen für Stummelschwanz als Letalfaktor zu betrachten (Räber, 1993).

Ziel der vorliegenden Untersuchung war, den Erbgang von Rutenfehlern in der Population Berger des Pyrénées zu untersuchen und zu prüfen, welche Verfahren zur genetischen Charakterisierung der Einzeltiere anzuwenden sind.

Aus der Datenbank des CBP wurden Daten von 2996 Tieren exportiert. Alle Tiere vor 1990 wurden bezüglich des Rutenstatus als unbekannt angesehen. Als Rutenfehler wurden vier Merkmale differenziert: Rutenlosigkeit, Stummelrute, Blockbildung und Knickrute. Tiere nach 1990 ohne Angabe von Rutenfehlern wurden als nicht betroffen behandelt, unter der Annahme, dass die Ruten bei der Wurfabnahme palpirt werden.

Alle Zuchttiere wurden als informativ für die Verwandtschaftsbeziehungen verwendet. Daraus ergaben sich insgesamt 2023 informative Tiere in Bezug auf Rutenstatus und Verwandtschaft.

Deskriptive Statistik:

Insgesamt waren 143 Tiere (7,07 %) mit Rutenfehlern registriert. 30 Tiere (1,48 %) hatten eine verkürzte Rute, davon 24 (1,29 %) Tiere eine Stummelrute (SR) und 6 Tiere (0,30 %) waren rutenlos (RL). Wirbelveränderungen kamen bei insgesamt 113 Tieren (5,59 %) vor, davon 108 (5,34 %) mit der Diagnose Knickrute (KR) und 5 Tiere (0,25 %) mit der Diagnose Blockbildung (BB).

Für die Analysen wurden nach ihrer Genese zwei Merkmalskomplexe gebildet, Stummelrute (inklusive Rutenlosigkeit) und Wirbelfehler (Knickrute und Blockbildung).

Genetische Analysen:

In einem ersten Ansatz wurde eine Varianzkomponentenschätzung vorgenommen, in der genetische Unterschiede zwischen den Tieren quantifiziert wurden. Der relative Anteil der additiv wirkenden genetischen Varianz wird als Erblichkeit bzw. Heritabilität (h^2) bezeichnet.

Genetische Korrelationen von 1,000 zwischen SR mit RL und BB mit KR wurden in bivariaten Berechnungen festgestellt und rechtfertigen die Definition der Merkmalkomplexe SR/RL und BB/KR.

In der nachfolgenden Tabelle sind die Heritabilitäten der Einzelmerkmale sowie der zusammengefassten Komplexe dargestellt.

Tabelle 1: Heritabilitäten und Standardfehler der Einzelmerkmale und Merkmalskomplexe

	Merkmal	N	h^2		se	
Univariat	SR	2023	0,977		± 0,012	
	RL	2023	0,124		± 0,040	
	KR	2023	0,272		± 0,037	
	BB	2023	0,000		± 0,000	
	SR/RL	2023	0,988		± 0,007	
	KR/BB	2023	0,264		± 0,037	
Bivariat	SR/RL	2023	0,988	-0,076	± 0,007	± 0,066
	KR/BB	2023		0,264		± 0,033

SR = Stummelrute, RL = Rutenlosigkeit, KR = Knickrute, BB = Blockbildung

Das Merkmal Knickrute unterliegt einer mittleren Erblichkeit, die züchterisches Handeln erlaubt und mit Hilfe von Zuchtwerten einen Züchtungserfolg erwarten ließe.

Die genetische Korrelation, das heißt der Zusammenhang zwischen den Merkmalen (Wirbelveränderungen und verkürzte Rute) wurde mit - 0,076 bei einem Standardfehler von 0,066 geschätzt. Die Größenordnung liegt im zufälligen Bereich eines Stichprobenfehlers (nicht signifikant). So kann man davon ausgehen, dass die Merkmalskomplexe unabhängig voneinander sind.

Aufgrund der Varianzkomponentenschätzung (Tabelle 1) ergibt sich, dass das Merkmal Stummelrute allein sowie der Gesamtmerkmalskomplex SR/RL nahezu vollständig erblich bedingt ist. Bei der Betrachtung einiger informativer Familien entstand kein Widerspruch zur Hypothese einer autosomal rezessiven Vererbung von SR/RL. Allerdings kann auch (wie bei anderen Rassen) ein dominanter Erbgang mit unvollständiger Penetranz und letaler Embryonalentwicklung bei homozygoten Tieren zu gleichen Frequenzen führen. Die Abgrenzung kann nur durch gezielte Paarungsversuche in Verbindung mit einer Fruchtbarkeitsanalyse vorgenommen werden.

Der Parameter, der bei monogenen Merkmalen der Heritabilität gleichzusetzen ist, ist die Genfrequenz. Sie beträgt bei Annahme des rezessiven Erbgangs für SR/RL 0,191 in der Gruppe der informativen Tiere. Die Genfrequenz ist eine wichtige Maßzahl für möglichen Zuchtfortschritt. Bei einer Genfrequenz von 20 % ist eine wirkungsvolle Selektion möglich. Bei abnehmender Genfrequenz ist das Auftreten von Merkmalsträgern immer seltener, wodurch dann das Erkennen von Anlageträgern auch immer problematischer wird.

Ausblick:

Wegen der hohen Genfrequenz und Erbllichkeit, der passenden Frequenz zum rezessiven Erbgang in informativen Familien und der zukünftig eindeutigen Merkmalerfassung ist in dieser Vorstudie eine Prüfung von Alternativmodellen zunächst nicht nötig. Es ist derzeit auch nur schwer möglich, da über die Ahnen von betroffenen Tieren zum großen Teil keine Merkmalsinformationen vorliegen.

Insgesamt ist als nächster Schritt zu empfehlen, die Merkmalszuordnung zu den einzelnen Tieren zu überprüfen, insbesondere zu unterscheiden, ob ein Tier frei oder unbekannt in Bezug auf Stummelrute ist. Die derzeitige grobe Einteilung nach dem Geburtsjahr (vor 1990 ist im Rutenstatus unbekannt), kann dazu führen, dass das Wissen der Züchter im Widerspruch zu den geschätzten Genotypwahrscheinlichkeiten liegt.

Um das Rutenproblem insgesamt anzugehen, könnten Genotypwahrscheinlichkeiten für Stummelrute/Rutenlosigkeit und eine Zuchtwertschätzung für Knickrute/Blockbildung gerechnet werden. Für einen bestimmten Zeitraum könnten die gemeldeten Rutenfehler mit den Vorschätzungen verglichen werden. Bei ausreichender Übereinstimmung des erwarteten und beobachteten Auftretens von Rutenfehlern könnten dann im darauf folgenden Dogbase besagte Berechnungen Anwendung finden.

Literatur:

Ost, P. (1982): Zum Problem der Rutenfehler der Teckel. Eine Untersuchung zur Röntgendiagnostik und Populationsstatistik. Diss, Gießen.

Räber, H. (1993): Enzyklopädie der Rassehunde. Band 1. Kosmos, Stuttgart.