

Hinweise zur Durchführung des Genomtests auf Langlebigkeit, Hüftgelenkdysplasie (HD) und Ellbogengelenkdysplasie (ED) für den Berner Sennenhund beim Schweizer Sennenhund-Verein für Deutschland e. V. (SSV) in Zusammenarbeit mit der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo)

Der Genom-Test kann nur über EDTA-Blutproben erfolgen.

Der Genom-Test kann für alle Berner Sennenhunde aus Deutschland und dem Ausland angefordert werden und wird ausschließlich über den SSV in Zusammenarbeit mit der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo) abgewickelt.

SSV-Mitglieder erhalten Sonderkonditionen für den Genomtest. Für Hunde aus dem SSV sind bereits EDTA-Blutproben an der TiHo eingelagert. Für diese Hunde ist ein Untersuchungsantrag ohne beigelegte EDTA-Blutprobe ausreichend.

Für Berner Sennenhunde mit einem nachgewiesenen Lebensalter von 12 und mehr Jahren kann eine kostenfreie Genotypisierung erfolgen.

Das gleiche gilt für Berner Sennenhunde mit einem nachgewiesenen histiozytärem Sarkom (maligne Histiozytose, MH), sowie Hunde mit HDund/ oder ED- Befunden. Bitte kontaktieren Sie hierzu Dr. N. Bachmann

Entnahme von EDTA-Blutproben

1. Die Entnahme des Blutes soll möglichst steril erfolgen
2. Das Probenröhrchen muss einen Gerinnungshemmer, und zwar **EDTA**, enthalten. Sehr günstig ist die Verwendung von EDTA-K Monovetten.
3. Es sollten mindestens **5-8 ml Blut** vom Tierarzt entnommen werden. Das Blut darf nicht geronnen sein.
4. Bitte die Probe mit der Identität des Hundes (Zuchtbuchnummer, Name) beschriften und das dazugehörige Merkblatt **vollständig** ausfüllen.
5. Der Versand sollte möglichst **umgehend** erfolgen. **Keinesfalls** jedoch am Freitag oder Samstag. In diesem Fall bitte das Blut bis Montag im Kühlschrank (ca. 4o C) lagern und erst dann versenden.
6. Falls der Test aufgrund unzureichender Qualität der Proben nicht durchführbar ist, werden Sie umgehend informiert, und um die Einsendung einer neuen Probe gebeten.
7. Eine Kopie der Ahnentafel des Hundes muss der Probe beigelegt werden. Bei Welpen, für die noch kein entsprechendes Dokument ausgestellt wurde, muss Rücksprache mit dem SSV bzw. dem zuständigen Zuchtverein gehalten werden.
8. Bei Blutentnahmen von Welpen müssen die Tiere vorher gekennzeichnet (Chip, Tätowienummer, Zuchtbuchnummer) und -falls SSV-Zucht- im Zuchtbuch registriert worden sein.

Versand der Proben bitte an:

Prof. Dr. Ottmar Distl
SSV-Genomtest
Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung
Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover
Bünteweg 17p
30559 Hannover
Fax: 0511-953-8582
E-Mail: ABGLab@tiho-hannover.de

Untersuchungsantrag ohne Versand von EDTA-Blutproben

Für die beim SSV zur Körung vorgestellten Hunde wurden bereits EDTA-Blutproben an der TiHo eingelagert. In diesen Fällen senden Sie bitte nur den ausgefüllten und unterschriebenen Einsendebogen (Untersuchungsantrag) an uns. Auf dem Einsendebogen kreuzen Sie bitte in der Rubrik „EDTA-Blutprobe“ EDTA-Blutprobe bereits eingelagert an. Wir überprüfen dann Ihre Angaben und Sie bekommen anschließend von uns die Rückmeldung, dass die EDTA-Blutprobe vorhanden ist und die erforderliche Qualität aufweist. Falls die Probe den Erfordernissen nicht genügen sollte, bitten wir Sie um die Einsendung einer neuen EDTA-Blutprobe.

Eingangsbestätigung und Rechnungsstellung

Sofort nach Eingang der Proben erfolgt zusammen mit der Eingangsbestätigung die Rechnungsaufforderung an den Tierbesitzer.

Kosten für den Genomtest (Langlebigkeit, Hüftgelenksdysplasie, Ellbogendysplasie, SSV Pretest Histiocytares Sarkom, Degenerative Myelopathie (Exon 1) pro Tier:

- 180,- € für Hunde im Besitz von SSV-Mitgliedern

- 230,- € für alle anderen Hunde

Wahlweise kann eine Untersuchung auf Degenerative Myelopathie (Exon 2, Untersuchung durchgeführt durch die Firma Laboklin, Übermittlung der Ergebnisse durch den SSV) erfolgen.

- Zusatzkosten 60,- €

Überweisung an den SSV

Für die Durchführung des Tests ist eine Vorab-Bezahlung des Rechnungsbetrags per Überweisung an den SSV erforderlich. Den Betrag für den Genomtest überweisen Sie bitte auf folgendes Konto:

Kontoverbindung:

Schweizer Sennenhund-Verein

KTN: 313267379

BLZ: 25551480

SPK. Schaumburg

Stichwort „Genomtest/ Name des Hundes/ Zuchtbuchnummer“

BIC-/SWIFT-Code: NOLADE21SHG

IBAN: DE13 2555 1480 0313 2673 79

Rückfragen:

Dr. med. vet. Norbert Bachmann

SSV- Projektleiter, Genomtest beim Berner Sennenhund

Hülsenbrink 14

31749 Auetal

Telefon: 05753-92002 (Beste Erreichbarkeit: Montag bis Freitag 13-14 Uhr)

E-Mail: bachmann@ssv-ev.de

Testergebnisse

Für die Durchführung des Tests und die anschließenden Auswertungsarbeiten ist im Schnitt eine Zeitspanne von etwa vier (sechs) Monaten notwendig. Sollte das Testergebnis früher vorliegen, werden die Besitzer sofort nach Vorliegen der Ergebnisse informiert. Bitte beachten Sie jedoch, dass der Testzeitraum variieren kann, wenn eine Probe nicht die erforderliche Qualität aufweist.

Die Ergebnisse werden dem Einsender schriftlich übermittelt. Der SSV erhält die Ergebnisse auf einem elektronischen

Datenträger. Der Einsender erklärt sich damit einverstanden, dass Testergebnisse in der SSV-Datenbank veröffentlicht werden (Dogbase, SSV-Zuchtbuch) können.

Der Untersuchungsauftrag schließt eine wissenschaftliche Verwertung der Ergebnisse mit ein. Bei Verwendung der Daten für wissenschaftliche Zwecke werden alle Angaben anonymisiert, so dass keine Rückschlüsse auf die Identität des Hundes, des Besitzers und des Züchters möglich sind. Auch wird der SSV darüber informiert, wenn die Daten für wissenschaftliche Zwecke verwendet werden. Dem SSV werden alle Ergebnisse der wissenschaftlichen Untersuchungen zur Verfügung gestellt.

Darstellung der Testergebnisse und Interpretation der Ergebnisse

Sie erhalten für jeden getesteten Hund je einen Genomischen Zuchtwert für die Merkmale Langlebigkeit, Hüftgelenkdysplasie (HD) und Ellbogengelenkdysplasie (ED).

Die Genomischen Zuchtwerte für Langlebigkeit werden auf einer Skala mit einem Mittelwert von 100 und einer Standardabweichung von 10 Punkten dargestellt.

Hunde mit Genomischen Zuchtwerten von 96-105 für die Langlebigkeit haben Erbanlagen für das Merkmal in der mittleren und gewünschten Ausprägung.

Die Genomischen Zuchtwerte für HD und ED werden auf einer Skala mit einem Mittelwert von 85 und einer Standardabweichung von 10 Punkten dargestellt.

Hunde mit Genomischen Zuchtwerten für HD und ED um 85 haben Erbanlagen für HD-freie bzw. ED-freie Tiere.

Langlebigkeit

Hunde mit Genomischen Zuchtwerten für Langlebigkeit um 100 tragen Erbanlagen für eine mittlere Lebenserwartung von 8 Jahren. Tiere mit Erbanlagen für ein besonders langes Leben haben Genomische Zuchtwerte von über 110 und Hunde mit Erbanlagen für eine kürzere Lebenserwartung Genomische Zuchtwerte von unter 90.

Die Genomischen Zuchtwerte stellen die mittleren Erwartungen nach den Genotypisierungsergebnissen dar und deshalb kann das einzelne Tier in seinem Genomischen Zuchtwert von diesem Erwartungswert abweichen. Die Zuverlässigkeit für den Genomischen Zuchtwert für Langlebigkeit beträgt 70%.

Die Genomischen Zuchtwerte für Langlebigkeit sind für die Zuchtplanung und nicht als Vorhersagewerte für die individuelle Lebensdauer vorgesehen, da Umweltereignisse die Lebensdauer eines Tieres auf nicht vorhersagbare Weise positiv wie negativ beeinflussen können. Unerwartete und zufällige Ereignisse mit Einfluss auf die Lebensdauer sind nicht vorhersagbar und damit stets unkalkulierbar.

Die Genomischen Zuchtwerte für Langlebigkeit werden in Beziehung zu den phänotypischen Erwartungswerten gesetzt, um aufzeigen, in welche Richtung die Genomischen Zuchtwerte eine Verbesserung für die reale Lebensdauer erwarten lassen. Der mögliche Zuchtfortschritt hängt wesentlich davon ab, wie eng diese Beziehung ist. Bitte beachten Sie, dass die mittleren phänotypischen Erwartungswerte eine mittlere Streuung von 18 Monaten aufweisen.

In Tabelle 1 sind die Genomischen Zuchtwerte in Wertebereiche von 5 Punkten eingeteilt und die dazugehörigen mittleren Erwartungswerte für die Lebensdauer angegeben. Diese Erwartungen für die Lebensdauer dienen dem Züchter zur Orientierung über die züchterischen Möglichkeiten mit den Genomischen Zuchtwerten.

Für die Zuchtplanung ist es wichtig, für die zukünftigen Nachkommen erwartete Genomische Zuchtwerte von 96-100 und höher für die Langlebigkeit anzustreben. Dazu können Ausgleichspaarungen durchgeführt werden, indem ein Genomischer Zuchtwert unter 96 eines Paarungspartners durch einen Genomischen Zuchtwert von über 100 des anderen Paarungspartners ausgeglichen wird. Besser ist es jedoch, wenn beide Paarungspartner Genomische Zuchtwerte von 96-100 aufweisen, um möglichst viele günstige Genvarianten bei den zukünftigen Nachkommen anzureichern. Im letzten Fall sind bei den Nachkommen mehr Tiere mit Genomischen Zuchtwerten von über 95 zu erwarten als bei der Ausgleichspaarung. Bei Ausgleichspaarungen ist die Streuung der Genomischen Zuchtwerte bei den Nachkommen höher als bei positiven Paarungskombinationen (Genomische Zuchtwerte der beiden Paarungspartner von über 95). Bei beiden Anpaarungsszenarien kann ein Zuchtfortschritt erreicht werden und es wird empfohlen bei Hündinnen mit Genomischen Zuchtwerten von unter 96 mit sorgfältig ausgewählten Paarungspartnern zu züchten, um die Vielfalt der Rasse aufrechtzuerhalten und da in der Folgegeneration bereits weibliche Tiere mit Genomischen Zuchtwerten von 96-100 und höher auftreten können.

Tabelle 1.

Genomische Zuchtwerte für die Lebensdauer beim Berner Sennenhund und deren Bewertung für die erwartete Lebensdauer. Der Bezugswert liegt bei einem Lebensalter von ca. $7,5 \pm 1,5$ (6-9) Jahren.

Genomische Erwartung Erwartung für die Lebensdauer Zuchtwerte für die Lebensdauer Mittlere erwartete Abweichung in Monaten und deren mittlere Streuung

75-80 Deutlich vermindert -45 ± 18

81-85 Vermindert -35 ± 18
86-90 Gering vermindert -25 ± 18
91-95 Mittel -12 ± 18
96-100 Mittel Bezugswert: 90 ± 18 Monate
101-105 Erhöht $+12 \pm 18$
106-110 Deutlich erhöht $+25 \pm 18$
111-115 Deutlich erhöht $+35 \pm 18$
116-120 Überdeutlich erhöht $+40 \pm 18$
121-125 Überdeutlich erhöht $+45 \pm 18$

Hüftgelenkdysplasie (HD)

Hunde mit Genomischen Zuchtwerten für HD um 85 tragen Erbanlagen, wie sie im Mittel bei Berner Sennenhunden, die frei von HD sind, vorkommen. Tiere mit Erbanlagen für eine deutlich geringere Anfälligkeit für HD haben Genomische Zuchtwerte von unter 75 und Hunde mit Erbanlagen für eine höhere Anfälligkeit für HD weisen Genomische Zuchtwerte von über 95 auf.

Die Genomischen Zuchtwerte für HD stellen die mittleren Erwartungen nach den Genotypisierungsergebnissen dar und deshalb kann das einzelne Tier in seinem Genomischen Zuchtwert von diesem Erwartungswert abweichen. Die Zuverlässigkeit für den Genomischen Zuchtwert für HD beträgt 85%.

Hunde mit Genomischen Zuchtwerten für ED um 85 tragen Erbanlagen, wie sie im Mittel bei Berner Sennenhunden, die frei von ED sind, vorkommen. Tiere mit Erbanlagen für eine deutlich geringere Anfälligkeit für ED haben Genomische Zuchtwerte von unter 75 und Hunde mit Erbanlagen für eine höhere Anfälligkeit für ED weisen Genomische Zuchtwerte von über 95 auf.

Die Genomischen Zuchtwerte für ED stellen die mittleren Erwartungen nach den Genotypisierungsergebnissen dar und deshalb kann das einzelne Tier in seinem Genomischen Zuchtwert von diesem Erwartungswert abweichen. Die Zuverlässigkeit für den Genomischen Zuchtwert für ED beträgt 85%.

Berechnung der Genomischen Zuchtwerte

Das Verfahren für die Genomischen Zuchtwerte setzt die Kenntnis der Referenzgenomsequenz und der genetischen Varianten für diese Tierart sowie eine Hochdurchsatztechnologie für die Genotypisierung dieser genetischen Varianten voraus. Die Genomischen Zuchtwerte werden nach Genotypisierung von ca. 173.662 über das gesamte Genom (Erbanlagen) gleichmäßig verteilten genetischen Varianten (SNPs, Veränderung eines einzelnen Bausteins der Erbanlagen, single nucleotide polymorphisms) anhand eines Schätzverfahrens berechnet. Von den insgesamt 173.662 genetischen Varianten werden ca. 100.000 für die Schätzung der Genomischen Zuchtwerte verwendet. Für jedes Tier ergeben sich aus diesen genetischen Varianten die individuell ererbten Genotypen. Genotypen sind die jeweiligen individuellen Kombinationen für die jeweilige ererbte väterliche und mütterliche genetische Variante und somit in der Kombination über das gesamte Genom einmalig für jedes Individuum. Das Schätzverfahren beruht auf diesen individuellen Genotypen, den dazu gehörigen phänotypischen Merkmalswerten der Tiere, der Verwandtschaftsmatrix aller genotypisierten Tiere, berechnet über die genetischen Varianten der Tiere, der Populationsstruktur und dem Geschlecht des Tieres. Unter Berücksichtigung dieser Größen werden die genetischen Effekte aller ca. 100.000 individuellen Genotypen auf das jeweilige Zielmerkmal geschätzt. Diese Werte werden anschließend für die Berechnung der Genomischen Zuchtwerte aus den individuellen Genotypen des einzelnen Tieres verwendet. Die Genomischen Zuchtwerte basieren somit auf den individuellen Genotypen der einzelnen Tiere und sind daher unabhängig von der Information verwandter Tiere. Verwandte Tiere sind jedoch in ihren genetischen Varianten einander ähnlich. Jedoch können sich bereits Vollgeschwister in ihren Genotypen komplett unterscheiden, wenn die Eltern jeweils zwei verschiedene Genvarianten tragen. Eng verwandte Tiere unterscheiden sich deshalb in ihren Genomischen Zuchtwerten, je nachdem wie ähnlich oder unähnlich sich die Tiere in ihren Genotypen sind. Im Gegensatz dazu erhalten bei dem herkömmlichen BLUP-Zuchtwertschätzverfahren alle Vollgeschwister zunächst identische Zuchtwerte und erst nach Vorliegen weiterer Daten von dem Tier selbst oder naher Verwandter verändern sich die BLUP-Zuchtwerte in die eine oder andere Richtung.

Die festgestellten Genotypen ändern sich nicht, jedoch können aufgrund der ständigen statistischen Auswertungen innerhalb der Population Updates mit geänderten Zuchtwerten werden. Die aktuellen Werte erscheinen dann in dogbase, werden dem Besitzer aber nicht neu mitgeteilt. Genomische Zuchtwerte sind dann von Vorteil, wenn ein Merkmal erst spät im Leben eines Tieres erfasst werden kann oder die Erhebungskosten sehr hoch sind. Liegen für die Tiere die Genotypisierungsergebnisse vor, dann können weitere Merkmale auf ihre Eignung zur Berechnung von Genomischen Zuchtwerten getestet werden. Für neue Merkmale ist keine erneute Genotypisierung der Tiere notwendig. Bei Gentests hingegen müssen die Tiere jeweils neu untersucht werden.

Stand Februar 2022