

Genetische Rassezuordnung von Hunden

Bärbel Gunreben, Stefanie Hölzer und Elisabeth Müller

In Kürze

Lange Zeit war die Feststellung der Rassezugehörigkeit eines Hundes nur anhand ersichtlicher Merkmale und/oder einer belegten Ahnentafel möglich und oft nicht eindeutig. Die genetische Zuordnung eines Hundes zu einer bestimmten Rasse (Kampfhundproblematik, Findlingshunde) oder die Bestimmung der Abstammung eines Mischlings von gewissen Rassen galt als nahezu undenkbar. Seit einigen Jahren können sog. Mikrosatelliten als molekulare Marker herangezogen werden, um sowohl die Abstammung eines Hundes als auch seine Rassezugehörigkeit auf genetischer Basis aufzuklären. Bei Mikrosatelliten handelt es sich um kurze, sich wiederholende DNA-Sequenzen, die in den meisten Fällen im nicht-codierenden Bereichen des Genoms vorkommen und in ihrer Länge hochvariabel sind. In der Praxis werden

verschiedene Mikrosatelliten-Loci in PCR-Reaktionen vervielfältigt. Als Material für die PCR wird genomische DNA eingesetzt, die zuvor aus den Zellen einer Blut- oder Speichelprobe isoliert wird. Universelle Primer binden dabei an konservierte DNA-Bereiche, welche die hochvariablen Regionen flankieren. Die Analyse der Fragmentlängen von mehreren Mikrosatelliten-Loci ergibt letztlich ein einzigartiges, individualspezifisches Muster: das DNA-Profil oder der „genetischer Fingerabdruck“. Die Wahrscheinlichkeit, dass zwei nicht verwandte Tiere das gleiche DNA-Profil zeigen, liegt bei 1 zu 1 Milliarde.

Methodik der genetischen Rassezuordnung:

Zur Erstellung eines DNA-Profiles werden autosomale Mikrosatelliten-Loci analy-

siert. In der Regel werden die Loci herangezogen, die von der „International Society for Animal Genetics (ISAG)“ empfohlen werden, und somit international anerkannt sowie vergleichbar sind. Das Labor Laboklin analysiert zusätzlich acht weitere intern evaluierte Abschnitte, so dass in die endgültige Auswertung 26 unterschiedliche molekulare Mikrosatelliten-Loci miteinbezogen werden. Eine Erweiterung der Anzahl an untersuchten Loci schlägt sich direkt in der Zuordnungswahrscheinlichkeit nieder. Bei Betrachtung der ermittelten Ergebnisse zeigen sich rassetypische Verteilungsmuster der erzielten Ergebnisse (Abb. 1).

Die Rassezuordnung basiert auf einer Wahrscheinlichkeitsberechnung, bei der das DNA-Profil eines Hundes mit einer Datenbank aus hinterlegten Rasse-Profilen abgeglichen wird (structure, GenAIEx). Grundlage ist daher das Vorliegen von Rasse-Profilen. Hierfür müssen DNA-Profile von Hunden erstellt werden, deren Reinrassigkeit eindeutig durch eine Zuchtbuch-

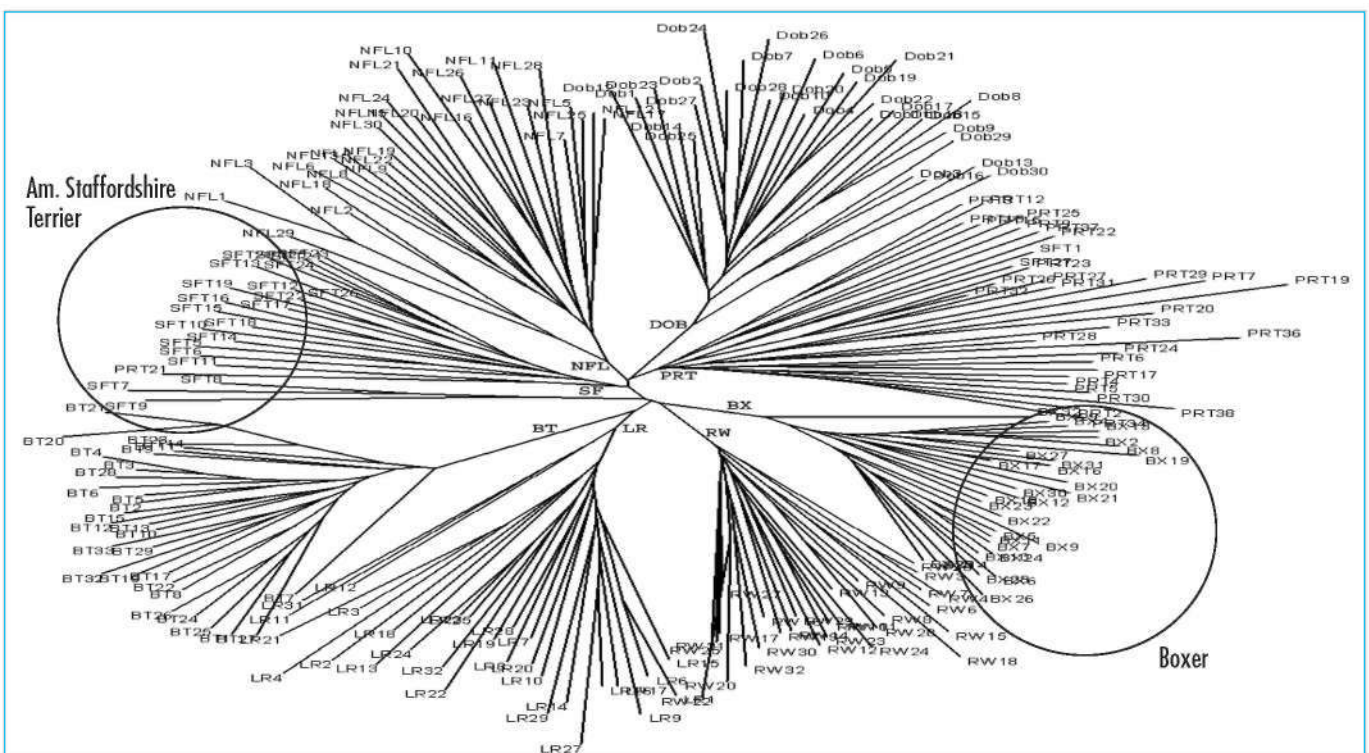


Abb. 1: Genetische Divergenz von Am. Staffordshire Terrier und Boxer (aus Diss. Hensel)

nummer belegt ist. Wichtig ist auch, dass die Tiere, deren DNA-Muster als Grundlage für diese Analytik gilt, nicht direkt verwandt sind und der Zuchtpopulation entsprechen, aus der das fragliche Tier kommt. Das Ergebnis der Rassezuordnung stellt dann eine Zuordnungswahrscheinlichkeit des fraglichen Hundes zu einer der im Datenpool befindlichen Rassen dar. Dabei wird für jede Rasse separat die Zuordnung bzw. der Ausschluss des zu testenden Tieres geprüft. Das Fehlen der Rasse von dem zu prüfenden Tier im Datenpool führt nicht zu einer Falschzuordnung, sondern resultiert in geringen Zuordnungswahrscheinlichkeiten. Eine Erweiterung der Rasseliste hat daher auf keinen Fall eine Veränderung der Zuordnungswahrscheinlichkeit einer einmal geprüften Rasse zur Folge. Wenn möglich, wird das erzielte Ergebnis zusätzlich durch eine phänotypische Analyse des spezifischen Hundes evaluiert bzw. untermauert das zunächst erstellte Gutachten aufgrund des Phänotyps.

Die Zuordnungswahrscheinlichkeit zu einer Rasse aufgrund des DNA-Profiles liegt bei reinrassigen Hunden zwischen 85 % und 100 %. Auch bei Tieren, bei denen ein Elternteil reinrassig ist, kann der DNA-Abgleich Auskunft über die Abstammung geben. Hier werden Zuordnungswahrscheinlichkeiten zwischen 40 % und 60 % für die Rasse des reinrassigen Elternteils erwartet. Zuordnungswahrscheinlichkeiten <30% sind nicht aussagekräftig und weisen darauf hin, dass es sich bei dem Hund weder um einen reinrassigen Hund der in der Datenbank hinterlegten Rassen handelt, noch um einen Mischling, bei dem ein Elternteil zu einer der untersuchten Rassen gehört. Die Berechnung einer likelihood ratio gilt als Maß für die Testsicherheit und Abgrenzung zu den anderen Rassen der Datenbank, und kann ab einer Zuordnungswahrscheinlichkeit von 30 % zusätzlich berechnet werden. Sie liegt rasseabhängig bei 10^2 bis 10^{20} und gibt an, um wie viel wahrscheinlicher ein getestetes Tier zu einer bestimmten Rasse gehört, als zu jeder der anderen Geprüften.

Die alltägliche Bedeutung der Rassezuordnung für das Schicksal von Mensch und Tier, insbesondere im Hinblick auf die Kampfhundproblematik, wird an folgendem Fallbeispiel erläutert:

Fallbeispiel:

Im Internet wird ein Wurf „reinrassiger“ American Staffordshire Terrier zum Verkauf angeboten. Die Polizei wird bei einer Routinekontrolle auf den Interneteintrag aufmerksam und leitet die Ermittlungen ein, da die Züchterin gemäß der Kampfhunde-Verordnung des Heimatbundeslandes keine Haltungserlaubnis besitzt. Weiterhin ist in Baden-Württemberg sowohl der Import (bundesweit), als auch die Zucht oder Vermehrung (landesabhängig) von „American Staffordshire Terrier“ untersagt und somit strafbar.

Bei den weiteren Ermittlungen stellt sich heraus, dass die „Züchterin“ Frau X die als „Mischling“ angemeldete Hündin des Vaters in dessen Abwesenheit mit ihrem ebenfalls als „Mischling“ angemeldeten Rüden belegt hatte. Die wenigen Tage alten Welpen werden im Internet als „reinrassige American Staffordshire Terrier“ angeboten.

Um der drohenden Strafe zu entgehen, zeigt Herr Y nun seine Tochter Frau X an, da alle Aktivitäten seiner Tochter (Deckung seiner Hündin und Verkaufsangebot von „reinrassigen“ Welpen) ohne seine Beteiligung und Zustimmung erfolgt sind.

Ein vom Ordnungsamt angefordertes Sachverständigengutachten ordnet die beiden Elterntiere aufgrund ihres Phänotyps, der Bewegung und des Verhaltens als „American Staffordshire Terrier“-Mischlinge der ersten Generation ein.

Die genetische Rassezuordnung ergibt, dass es sich bei dem Rüden mit 45 % „American Staffordshire Terrier“-Anteil eindeutig um einen Mischling der F1-Generation handelt. Die Likelihood Ratio für die Zuordnung zur Rasse American Staffordshire Terrier beträgt bei dem Rüden $8,3 \cdot 10^5$, d. h. es ist um 830.000 mal wahrscheinlicher, dass der Hund zur Rasse American Staffordshire Terrier zugeordnet wird, als zu einer anderen in der Datenbank befindlichen Rasse. Die Hündin zeigte einen genetischen „American Staffordshire Terrier“-Anteil von 32 % und liegt damit im Grenzbereich der Zuordnung zu einem Mischling der ersten Generation.

Da neben reinrassigen Listenhunden auch deren Kreuzungen untereinander, sowie

mit Hunden anderer Rassen der Kampfhunde-Verordnung unterliegen, wurden beide Hundebesitzer aufgrund der unerlaubten Haltung eines Kampfhundes sowie deren Vermehrung zu einer Geldbuße verurteilt.

Beide Hunde sowie deren Welpen wurden dem Tierheim übergeben.

Diskussion:

Das vorliegende Fallbeispiel zeigt, dass die Ergänzung (oder auch Widerlegung) eines phänotypischen Rassegutachtens durch eine genetische Rassezuordnung als wichtiges Beweismittel in der Rechtssprechung dienen kann.

Aufgrund verschiedener, teilweise tödlich endender Beißvorfälle, wurde vom Bund im Jahre 2001 ein „Gesetz zur Bekämpfung gefährlicher Hunde“ erlassen. Dieses Gesetz beinhaltete ein Verbot von unerlaubtem Halten, Import, Zucht und Handel von „gefährlichen Hunden“ („Kampfhunde“). Als gefährlich wurden bundesweit die Rassen American Staffordshire-Terrier, Staffordshire-Bullterrier, Bullterrier und Pitbull-Terrier (offiziell nicht als eigene Rasse anerkannt) und deren Nachkommen der ersten Generation eingestuft. Ein Verstoß gegen das Gesetz konnte mit bis zu 2 Jahren Freiheitsstrafe und einer Geldstrafe von mehreren tausend Euro geahndet werden. Im Jahre 2004 reagierte das Bundesverfassungsgericht auf die Klagen mehrere Züchter und überließ die Entscheidung über das Zuchtverbot gefährlicher Hunde den Ländern. Das Importverbot für die oben genannten Hunderassen und anderen Hunden, die nach Vorschrift des jeweiligen Landes als gefährlich eingestuft werden, blieb jedoch bestehen. Von welchen Hunden eine potenzielle Gefahr für den Menschen ausgeht, wird in den meisten Bundesländern durch eine sogenannte Rasseliste festgelegt. Die Bestimmungen (Züchterlaubnis, Haltungsverbot, Leinenzwang, Maulkorbpflicht, Sterilisation) im Bezug auf diese „Listenhunde“ sind ebenfalls landesspezifisch geregelt. Die Haltung eines „Listenhundes“ bedarf einer Erlaubnis der örtlichen Ordnungsbehörde und ist mit folgenden Voraussetzungen verbunden: Volljährigkeit, keine Vorstrafen (Führungszeugnis), Sachkun-



Abb. 2: Phänotyp Listenhund, Genotyp frei (Tierschutzverein Hamburg)

denachweis, Wesenstest für den Hund, Haftpflicht, Chipnummer. Als Strafmaß bei Verstoß gegen die jeweiligen Vorschriften können Freiheitsstrafen oder Geldbußen verhängt werden.

Wird der Halter eines vermeintlichen „Listenhundes“ vor Gericht angeklagt, muss in den meisten Bundesländern bewiesen werden, dass der Hund tatsächlich der gelisteten Rasse angehört und sich der Besitzer im Sinne der landesspezifischen Hundeverordnung strafbar gemacht hat. Liegt kein Abstammungsnachweis vor oder sind die Elterntiere nicht bekannt, entscheidet ein Sachverständigengutachten anhand rassespezifischer Merkmale wie Phänotyp, Wesen oder Bewegungsablauf über die Rassezugehörigkeit. Potentieller Streitpunkt ist, dass solche Gutachten natürlich subjektiv sind und von der Erfahrung des Gutachters abhängen. Viele Kritiker sind zudem der Auffassung, dass die



Abb. 3: Phänotyp Listenhund, Genotyp Listenhund (Tierschutzverein Hamburg)

Zuordnung zu einer Hunderasse aufgrund rein äußerlicher Merkmale nicht zweifelsfrei möglich ist (Abb. 2). Da jedoch die genetische Identifizierung einer Rassezugehörigkeit bislang ausgeschlossen war, spielte das phänotypische Gutachten eine große juristische Rolle. Ein genetisches Rassegutachten als ergänzendes Beweismittel ist für die Rechtsprechung von entscheidendem Vorteil. Im vorliegenden Fall lag eine Übereinstimmung des Sachverständigengutachtens mit der genetischen Analyse vor. Der Rüde von Frau X sowie die Hündin von Herrn Y wurden aufgrund beider Gutachten als „Kampfhund“ eingestuft mit entsprechenden Konsequenzen für beide Hundehalter. Bislang ist die Zulassung eines genetischen Gutachtens vor Gericht eine Einzelfallentscheidung und juristisch noch nicht festgelegt. Eine einheitliche Regelung zur Anerkennung von genetischen Rassezuordnungen wäre jedoch wünschenswert.

Genetische Rassezuordnungen können durchaus auch dem Wohl eines Tieres dienen. Als gefährlich eingestufte Hunde, die aufgrund des Phänotyps als „Listenhunde“ eingestuft werden und ins Tierheim kommen, sind meist schwer vermittelbar. Die verordneten Auflagen schrecken viele Tierliebhaber ab und dem Hund steht meist ein nicht wesensgerechtes Leben bevor. Findlingshunde, die ein kampfhundähnliches Aussehen besitzen, erleben oft ein ähnliches Schicksal. Ein genetisches Gutachten, welches die Zugehörigkeit eines Hundes zu einer als gefährlich eingestuften Rasse widerlegt, kann dem Tier die Chance auf ein besseres Leben ermöglichen.

Zusammenfassung:

Genetische Untersuchungen zur Rassezuordnung bei Hunden sind möglich und mit einer großen Testsicherheit behaftet, wenn mit einem aktuellen Datenpool gearbeitet wird, welcher der Population, aus der das fragliche Tier kommt, entspricht. Sie sind ein Hilfsmittel bei phänotypischer Rassezuordnung ohne Kenntnis der Elterntiere. Die Testsicherheit ist umso größer, je mehr Lokalisationen (Mikrosatelliten) für die Analyse herangezogen werden.

Als Resultat wird eine Zuordnungswahrscheinlichkeit des fraglichen Tieres für je-

de, der im Rassepool enthaltenen Rassen erwartet. Das Fehlen einer betreffenden Rasse im Datenpool führt nicht zu einer Fehlzuordnung sondern lediglich für alle geprüften Rassen extrem niedrige Zuordnungswahrscheinlichkeiten.

Literatur

1. Parker, H. G., Kim, L. V., Sutter, N. B., Carlson, S., Lorentzen, T. D., Malek, T. B., Johnson, G. S., DeFrance, H. B., Ostrander, E. A., Kruglyak, L. (2004): Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science* 304:1160-1164.
2. Fredholm, M., Wintero, A. K. (1995): Variation of short tandem repeats within and between species belonging to the Canidae family. *Mamm. Genome* 6:11-18.
3. Guyon, R., Lorentzen, T. D., Hitte, C., Kim, L., Cadieu, E., Parker, H. G., Quignon, P., Lowe, J. K., Renier, C., Gelfenbeyn, B., Vignaux, F., DeFrance, H. B., Gloux, S., Mahairas, G. G., Andre, C., Galibert, F., Ostrander, E. A. (2003): A 1-Mb resolution radiation hybrid map of the canine genome. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A* 100:5296-5301.
4. Hensel, C. (2007): Evaluierung von Multilokus-STR-Genotypen für die Rassediskriminierung beim Hund. *Diss. med. vet. Gießen*.
5. Neff, M. W., Broman, K. W., Mellersh, C. S., Ray, K., Acland, G. M., Aguirre, G. D., Ziegler, J. S., Ostrander, E. A., Rine, J. (1999): A second-generation genetic linkage map of the domestic dog, *Canis familiaris*. *Genetics* 151:803-820.
6. Parker, H. G., Kim, L. V., Sutter, N. B., Carlson, S., Lorentzen, T. D., Malek, T. B., Johnson, G. S., DeFrance, H. B., Ostrander, E. A., Kruglyak, L. (2004): Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science* 304:1160-1164.
7. Pritchard, J. K., Stephens, M., Donnelly, P. (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959.
8. Wayne, R. K., Ostrander, E. A. (1999): Origin, genetic diversity, and genome structure of the domestic dog. *BioEssays* 21:247-257.
9. Zajc, I., Mellersh, C. S., Sampson, J. (1997): Variability of canine microsatellites within and between different dog breeds. *Mamm. Genome* 8:182-185.

Korrespondenzadresse:

Dr. Elisabeth Müller,
Laboklin GmbH & Co KG,
Steubenstr. 4,
97688 Bad Kissingen