

HOXB13 Genotypisierung als Alternative zum Schwanzkupieren?

Mitchell Roger Zwyer, Institut für Genetik, Universität Bern
e-mail: mitchell.zwyer@students.unibe.ch

Wohnort: Gisfluestrasse, Buchs
Jahrgang: 1996
Ausbildungsziel: med. vet.

Zusammenfassung

Nach der Annahme der Motion «Kein Schwanzkupieren ohne Betäubung» wird intensiv nach Alternativen zum Kupieren von Schaflämmern gesucht. Dabei könnten kürzlich entdeckte genetische Varianten im *HOXB13*-Gen des Merinolandschafs eine Lösung bieten, da sie die Zucht von Schafen mit natürlichen Kurzschwänzen ermöglichen könnten. Dies könnte das Kupieren in Zukunft überflüssig machen.

In einer Pilotstudie wurde erstmals untersucht, ob die beim Merinolandschaf gefundenen *HOXB13*-Genotypen auch bei Schweizer Schafen Einfluss auf die Schwanzlänge haben. Erste Ergebnisse zeigen, dass diese Genvarianten möglicherweise auch bei Schweizer Schafrassen auftreten, jedoch nur sehr selten. Bei wenigen Weissen Alpenschafen und Engadinerschafen wurden Trägartiere entdeckt, die im Vergleich zu Tieren ohne dieses Gen etwas kürzere Schwänze aufwiesen. Ein Engadinerschaf mit zwei Kopien des Kurzschwanzigkeits-Allels (SL-2) hatte beispielsweise einen um 4 cm kürzeren Schwanz als mischerbige Tiere (SL-1) und einen um fast 6 cm kürzeren Schwanz als Tiere ohne das Allel (SL-0).

Die Verbreitung dieser Genvarianten wurde anschließend bei 192 Tieren der vier Schweizer Hauptschafrassen Weisses Alpenschaf (WAS), Schwarznasenschaf (SN), Schwarzbraunes Bergschaf (SBS) und Braunköpfiges Fleischschaf (BFS) untersucht. Das seltene Vorkommen von SL-1-Tiere bei WAS und SBS (jeweils etwa 5%) sowie das Fehlen von der mit Kurzschwanzigkeit-assoziierten-*HOXB13*-Varianten bei SN und BFS zeigen die Herausforderungen bei der Zucht auf kürzere Schwänze.

Obwohl die Identifizierung versteckter Anlageträger über *HOXB13*-Genotypisierung zunächst vielversprechend erschien, zeigt sich, dass aufgrund der geringen Häufigkeit dieses Allels diese Methode nicht so realistisch ist, wie ursprünglich angenommen. Dennoch könnte sie je nach Rasse einen Beitrag zur Lösung leisten und bietet insbesondere bei den Engadinerschafen, wo eine vergleichsweise höhere Anzahl Trägartiere identifiziert werden konnte, nach weiterer Validierung der Assoziation zur Schwanzlänge eine vermutlich mögliche Alternative. Insgesamt steht die Schwanzlängenvariation bei Schweizer Schafen im Einklang mit der komplexen Vererbung des Merkmals, bei dem das *HOXB13*-Gen gewiss nur einen Teil der Variation erklärt, da es sich um ein polygenes Merkmal handelt.