

## Genomweite Assoziationsstudie zu Genorten für Taubheit und Epilepsie

Dies sind die Ergebnisse einer genomweiten Assoziationsstudie (Definition s.u.), wie sie auf einer Sitzung der American Border Collie Association als finanzierender Auftraggeberin der Studie vorgetragen wurden. Die Studie wurde vom Molekulargenetiker Dr. Neff durchgeführt, die Zusammenfassung wurde von Mark Billadeau erstellt, die Übersetzung von Dr. Viola Hebeler.

Ergebnisse bezüglich Epilepsie:

Es wurde das Genom (Erbinformation) 104 epilepsiekranker Hunde und 104 gesunder Hunde in 174.000 Genorten verglichen.

Es wurde keine Genregion gefunden, die mit Epilepsie in Zusammenhang zu bringen ist. Das bedeutet, dass kein Gentest möglich sein wird.

Der genetische Anteil von Epilepsie beim Border Collie ist so komplex (polygene Vererbung), dass Dr. Mark Neff nicht glaubt, dass sie aus dem Genpool herausgezüchtet werden kann.

Basierend auf diesen Ergebnissen wird empfohlen, Paarungen, die epileptische Nachkommen erbrachten, nicht zu wiederholen. Es gibt kein wissenschaftliches Indiz, dass den Ausschluss der Eltern von der Zucht rechtfertigen würde.

Die bereits bezahlten Ergebnisse der Genomanalyse der 204 (208? Anmerk. Übersetzerin) Hunde kann weiterhin verwendet werden, um andere genetisch bedingte Faktoren (Verhalten, Gesundheit, etc.) zu untersuchen und mögliche Genorte zu finden. (Findet man bestimmte Genorte, die für ein bestimmtes Merkmal verantwortlich sind, kann man einen Gentest herstellen. Anm.Übers.) Die ABCA wird mit Dr. Neff eine Liste in Frage kommender Eigenschaften erstellen, um die erlangten Daten weiter zu nutzen.

Definition genomweite Assoziationsstudie:

Eine genomweite Assoziationsstudie (GWAS, engl. Genome-wide association study) ist eine [epidemiologische](#) Untersuchung der [genetischen Variation](#) des [Genoms](#) – ausgelegt, um einen bestimmten [Phänotyp](#) (meist eine Krankheit) – mit bestimmten [Haplotypen](#) (bzw. [Allelen](#)) zu assoziieren.

Das Ziel von GWAS ist es also letztlich, die [Allele](#) (eine bestimmte Ausprägung eines [Gens](#)) zu identifizieren, welche gemeinsam mit einem Merkmal (bzw. einer Krankheit) auftreten. Dabei werden heute noch nicht die Gene direkt untersucht – v.a. aus ökonomischen Gründen nicht – sondern wohldefinierte Marker ([SNP](#), Single Nucleotide Polymorphism).