

Titel: Molekulargenetische Charakterisierung der Diversität der Alpaka-Populationen im deutschsprachigen Raum

[Molecular genetic characterization of alpaca population diversity in German-speaking countries]

Zusammenfassung

Hauptziel des Forschungsprojektes an der Justus-Liebig-Universität Gießen in Zusammenarbeit mit den Universitäten in Bern und Wien war die erstmalige Analyse der genetischen Diversität der Alpaka-Populationen im deutschsprachigen Raum (Deutschland, Österreich und der Schweiz), um einen möglichen Bedarf an züchterischen Maßnahmen zur Vermeidung von inzuchtbedingten Gesundheitsproblemen zu ermitteln. Die dabei gewonnenen Daten sollten auch dazu dienen, nach Möglichkeit eventuell vorhandene Kreuzungstiere zwischen den beiden „Rassen“ Huacaya und Suri zu identifizieren und die noch offene Frage zu klären, welche Genomregion(en) an der Ausprägung des Vliestyps beteiligt sind. Schließlich soll aufbauend auf den im Vorgängerprojekt gewonnenen Daten die Suche nach der vermutlich zweiten kausalen Genvariante für den *blue-eyed white* (BEW)-Phänotyp beim Alpaka fortgesetzt werden.

Im Rahmen des Projektes wurden erstmals umfassende SNP-Genotypisierungen von insgesamt 182 Alpakas (davon 41 Suris) aus Deutschland, Österreich und der Schweiz durchgeführt. Darüber hinaus konnten zusätzliche SNP-Daten von 151 weißen Huacaya-Alpakas aus sechs Farmen in Peru, die zuvor mit dem gleichen SNP-Chip untersucht worden waren, in die Analysen einbezogen werden. Parallel dazu wurden 18 Gesamtgenomsequenzen von Alpakas mit unterschiedlichen Vliestypen und Fellfarben generiert und analysiert.

Die Alpakapopulationen in Deutschland, Österreich und der Schweiz können als eine genetisch zusammenhängende Population betrachtet werden. Die Situation bezüglich der genetischen Vielfalt ist derzeit günstig und durchaus vergleichbar mit der Ursprungspopulation in Peru. Da jedoch die effektive Populationsgröße durch die Zucht in einer mehr oder weniger geschlossenen Population nachweislich abnimmt, sollten mittelfristig genetische Daten, z.B. genomweite SNP-Genotypen, genutzt werden, um die Diversität präzise und effizient kontrollieren zu können.

Die in diesem Projekt gewonnenen Ergebnisse bestätigen, dass Huacaya- und Suri-Alpakas nicht als eigenständige Rassen betrachtet werden sollten. Die für die Unterschiede im Vliestyp verantwortliche(n) Genvariante(n) liegen mit hoher Wahrscheinlichkeit insbesondere in einer Region auf Chromosom 16, die mehrere Keratin-Gene enthält. Weitere Untersuchungen dieser Genomregion sind geplant. Eine kürzlich von Autoren aus Italien vorgestellte Variante im *TRPV3*-Gen des Alpakas kann aufgrund der in diesem Projekt generierten Daten eindeutig als mögliche ursächliche Mutation für den Suri-Phänotyp ausgeschlossen werden und ist daher züchterisch nicht von Interesse. Ein mit den generierten Daten erstmals möglicher genomweiter Vergleich von weißen Tieren mit einfarbig braunen und schwarzen Tieren ergab eine signifikante Assoziation von SNPs im Bereich des *ASIP*-Gens, für das bei anderen Tierarten bekannt ist, dass es die Verteilung der Pigmentzellen bestimmt.

Die bisher nicht bekannte Genvariante, die allein oder in Kombination mit der Grey-Variante im *KIT*-Gen für den häufig mit Taubheit assoziierten BEW-Phänotyp bei Alpakas verantwortlich sein könnte, liegt mit relativ hoher Sicherheit ebenfalls im Bereich des *KIT*-Gens des Alpakas. Wir sind daher bestrebt, diese Genomregion bei weiteren BEW-betroffenen Alpakas zu analysieren.