

**WEISSE FLECKEN BEIM BRAUNVIEH IN DER SCHWEIZ:  
SIE GEHÖREN SCHON LANGE ZUR RASSE DAZU**

**Sonja Hofstetter<sup>1</sup>, Franz Seefried<sup>2</sup>, Irene Häfliger<sup>1</sup>, Cord Drögemüller<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>*Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, 3001 Bern*

<sup>2</sup>*Qualitas AG, 6300 Zug*

Präsentation: Sonja Hofstetter

E-Mail: [sonja.hofstetter@vetsuisse.unibe.ch](mailto:sonja.hofstetter@vetsuisse.unibe.ch)

**Zusammenfassung**

Weisse Flecken oder Abzeichen wurden schon in vielen anderen Spezies untersucht und man fand bis jetzt acht verschiedene Gene, die verantwortlich sind für entsprechende partielle Depigmentation oder Leucismus. Beim Rind sind die bekanntesten zwei Gene das KIT Gen auf Chromosom 6 und das MITF Gen auf Chromosom 22. Bei Varianten im codierenden Bereich des MITF Gens können die weissgefleckten Tiere zusätzlich an beidseitiger Taubheit sowie Augenanomalien leiden.

In letzter Zeit sind über den Zuchtverband immer mehr Braunviehtiere mit weissen Flecken gemeldet worden. Dabei handelt es sich um Tiere, die Flecken am Unterbauch, am Kopf und den Klauen aufweisen. Insgesamt wurden in dieser Studie 172 Braunviehtiere untersucht und das Ausmass der weissen Flecken, wenn möglich, mittels Fotos festgehalten.

Mit Hilfe einer genomweiten Assoziationsstudie sowie der Genomsequenzierung eines weiss gefleckten Braunviehtiers konnte eine assoziierte DNA-Variante im nicht-kodierenden Bereich vordem MITF-Gen auf dem Chromosom 22 ausfindig gemacht werden. Diese Region vor dem Gen hat einen regulatorischen Einfluss auf die Genexpression des MITF-Gens. Zudem handelt es sich bei dieser DNA-Variante um eine Braunvieh-spezifische Variation, die nicht in anderen Rassen sowie auch nicht beim Original Braunvieh vorkommt. Der jeweilige Genotyp der Tiere korreliert nicht perfekt mit dem Phänotyp, sprich dem Ausmass der Depigmentierung, was mit einer dominanten Vererbung mit unvollständiger Penetranz zu erklären ist. Mittels Pedigreeanalysen versuchte man ein Ursprungstier ausfindig zu machen. Dieser konnte jedoch auf Grund unvollständiger Abstammungsdaten aus der Zeit vor 1950 nicht gefunden werden, so dass anzunehmen ist, dass diese spezifische MITF-Variante bereits zuvor durch ein spontanes Mutationsereignis entstanden ist.