

FERAGEN

nachfolgend finden Sie eine ausführliche Erklärung, wie eine Rassebestimmung auf genetischer Basis durchgeführt wird – und warum dabei auch Ergebnisse von 100 % Reinrassigkeit erzielt werden können:

1. Wissenschaftliche Grundlagen der Rassebestimmung

Unsere Analysen beruhen auf der Untersuchung zahlreicher genetischer Marker, die als charakteristisch für bestimmte Hunderassen gelten. Dabei werden hunderte bis tausende Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) aus dem Genom eines Hundes extrahiert und mit einem umfangreichen Referenzdatensatz verglichen. Dieser Datensatz umfasst ausschließlich genetische Profile von Tieren, die als reinrassig anerkannt sind. Wird das genetische Profil eines Hundes vollständig mit diesem Referenzprofil übereinstimmen, resultiert dies in einem 100 %-igen Ergebnis – es handelt sich also um eine direkte Rassebestimmung, die über eine bloße Wahrscheinlichkeitszuordnung, wie sie viele Mitbewerber anbieten, hinausgeht.

2. Direkte Rassebestimmung versus Wahrscheinlichkeitszuordnung

Es gibt grundsätzlich zwei methodische Ansätze:

- **Direkte Rassebestimmung:** Hier wird das individuelle genetische Profil exakt den definierten Merkmalen einer Rasse gegenübergestellt. Eine 100 %-Übereinstimmung bedeutet, dass sämtliche analysierten genetischen Marker mit dem Referenzprofil übereinstimmen.
- **Wahrscheinlichkeitszuordnung:** In manchen Verfahren wird lediglich die Wahrscheinlichkeit berechnet, mit der ein Hund einer bestimmten Rasse zugeordnet werden kann. Dieser Ansatz ist weniger präzise, da er von statistischen Annahmen und unterschiedlichen Referenzdatenbanken abhängt.

3. Vergleichbarkeit der Ergebnisse zwischen verschiedenen Instituten

Ein wesentlicher Punkt ist, dass Ergebnisse aus unterschiedlichen Laboren nicht direkt vergleichbar sind, sofern sie nicht dieselben Referenzdatenbanken und Analysemethoden verwenden.

- Bei manchen Instituten wird primär berechnet, wie wahrscheinlich es ist, dass ein Hund einer bestimmten Rasse zugeordnet werden kann.
- Bei anderen wird hingegen eine direkte Rassebestimmung durchgeführt, die auf dem exakten Vergleich eines umfangreichen SNP-Panels mit einem validierten Referenzdatensatz beruht.

Diese Unterschiede können zu variierenden Ergebnissen führen – weswegen es entscheidend ist, stets die angewandte Methodik und die zugrunde liegenden Datenbanken zu berücksichtigen.

STR-Methode

Die STR-Methode verwendet in der Regel nur wenige genetische Marker (häufig nur 10 bis 20). Jeder Hund besitzt zwangsläufig einige dieser Merkmale, die sich mit mehreren Rassen überschneiden können, weshalb keine präzise Differenzierung zwischen nahen verwandten Rassen oder exakte Prozentangaben zuverlässig möglich sind. Daher liefert die STR-Methode oft nur grobe Aussagen und keine eindeutigen Ergebnisse.

Die SNP-Technologie, auf die wir setzen, geht hier wesentlich weiter:

- Wir untersuchen nicht nur wenige Marker, sondern tausende SNPs gleichzeitig. Jeder dieser Marker ist exakt dokumentiert und mit einer umfangreichen Datenbank abgeglichen, in der zahlreiche Referenzprofile ausschließlich von geprüften reinrassigen Hunden gespeichert sind.
- Diese Methode bietet daher nicht nur eine statistische Wahrscheinlichkeit, sondern eine direkte, genetische Zuordnung. Wenn wir also ein Ergebnis von 100 % Reinrassigkeit ermitteln, heißt das konkret, dass **alle untersuchten SNP-Marker exakt dem genetischen Profil dieser Rasse entsprechen**, und zwar nicht nur einzeln betrachtet, sondern auch in ihrer Gesamtkombination.

Mit freundlichen Grüßen

Ihr FERAGEN Team