Fellhaarfarbe

Die Farbe der Haut, des Fellhaars und der Augen von Säugetieren wird durch das Vorhandensein von Melanin-Pigmenten, bzw. durch das Zusammenspiel der Pigmenttypen Eumelanin (dunkelbraun oder schwarz) und Phäomelanin (rot oder gelb) bestimmt, deren Biosynthese im Inneren von reifen Pigmentzellen erfolgt.

Melanozyten

Pigmentzellen (Melanozyten; Abbildung 1, A) der Haut entstehen bei Säugetieren aus Zellen der embryonalen Neuralleiste. Während der Entwicklung des Embryos (Embryogenese) wandern Melanozyten-Vorläuferzellen (Melanoblasten) entlang der dorsolateralen Bahn nach außen in Richtung ihres Zielgewebes: Haut und Haarfollikel. Ihre Differenzierung und Migration werden durch verschiedene Signale aus der intrinsischen und extrazellulären Umgebung gesteuert – beteiligt sind neben anderen Faktoren der Transkriptionsfaktor MITF und die Rezeptor-Tyrosinkinase KIT mit ihrem Liganden KITL (Synonym SCF).[1)]
Die Melanoblasten differenzieren schließlich zu Melanozyten um Pigment zu produzieren. Einige der Melanoblasten verweilen als Melanozyten-Stammzellen im oberen Teil der Haarfollikel, im sogenannten Haarwulst, um während des zyklischen Haarwachstums zur Neubildung von Melanozyten beizutragen. Ausgereifte Melanozyten exprimieren neben weiteren Genen TYR und TYRP1, wobei MITF und KITL/KIT weiterhin als wichtige Vermittler dienen.[2)3)4)]

Melanozyten der Haut können indirekt auch aus nervenassoziierten Schwann-Zell-Vorläuferzellen entstehen.[5)]

Während auch die vordere Schicht der Iris, das Stroma, und die Aderhaut der Augen mit Melanozyten besiedelt sind, die aus der Neuralleiste stammen, werden Melanozyten des retinalen Pigmentepithels (RPE) direkt aus dem optischen Neuroepithel, bzw. dem Augenbecher im Bereich des Vorderhirns gebildet; Melanozyten des RPE sind in Folge an der Bildung des Irispigmentepithels (hintere Schicht der Iris) beteiligt.[6)]

„Individuelle Unterschiede in der Irisfarbe werden in der Regel auf den Melaningehalt im Stroma und im Pigmentepithel der Iris zurückgeführt. Bei Albino-Augen fehlt das Pigment vollständig, bei Augen in verschiedenen Blautönen sind die Pigmentzellen auf das Pigmentepithel beschränkt, während bei grauen, braunen und schwarzen Augen Pigment auch in den Zellen des Stromas vorkommt.“[7)]

Haarzyklus und Melanintransfer

Die Haarfollikel durchlaufen nach der Geburt zahlreiche Wachstumszyklen, die sich in eine hochaktive Wachstumsphase (Anagen), eine Übergangs- oder Rückbildungsphase (Katagen) und eine Ruhephase (Telogen) gliedern lassen.[8)]

Im Anagen wird das Haarwachstum durch Teilung von Epithel-Stammzellen an der Basis der Haarfollikel, der sogenannten Haarzwiebel, eingeleitet. Die Stammzellen ummanteln die dermale Papille, welche das wachsende Haar mit Nährstoffen versorgt und als zentraler Signalgeber eine maßgebliche Rolle für den Haarzyklus spielt. Aus dem Haarwulst werden Melanozyten-Stammzellen

aktiviert, die sich schnell teilen und zu Melanozyten heranreifen. Die Melanozyten sitzen der Papille kappenförmig auf und produzieren Melanin, welches sie als Pigmentkörnchen über ihre verästelten Ausläufer (Dendriten) an die vorbeiwandernden, reifen Epithelzellen (Keratinozyten), bzw. an das wachsende Haar abgeben. Beendet wird der Wachstumsprozess eines Haars mit dem Eintritt ins Katagen: Die Aktivität der Zellen in der Haarzwiebel wird reduziert, der untere Teil des Haarfollikels bildet sich zurück (Apoptose, d.h. programmierter Zelltod, der Matrixzellen), und das Haar wird von der Papille abgestoßen. Im abschließenden Telogen verhornt das Haar, während es zunächst im oberen Teil des Follikels verbleibt. Die Haarzwiebel regeneriert sich, um eine neue Runde des Haarwachstums einzuleiten. Das vollständig ausgebildete Haar („Kolbenhaar“) kann unabhängig von dem im darunter liegenden Follikel stattfindenden Zyklus ruhen, d.h. neues Haar kann bereits wachsen, bevor altes ausfällt (Exogen).[9)10)11)12)13)]

Die Morphogenese und zyklische Regeneration der Haarfollikel werden durch mehrere Signalwege reguliert.

Die Dauer der einzelnen Phasen, die Länge und die Beschaffenheit der Haare können außerdem je nach anatomischer Lage, Ernährungs- und Hormonstatus oder Alter variieren.[14)]

Bei Angorakaninchen erstreckt sich das Haarwachstum über einen deutlich längeren Zeitraum als bei normalhaarigen Kaninchen.[15)16)]
In der Arbeit von Ding *et al*., 2019[17)] verblieben Haarfollikel von langhaarigen (Angora-)Kaninchen (*n* = 3) während der gesamten Beobachtungszeit von acht Wochen im Anagen, während die Haarfollikel kurzhaariger (Rex-)Kaninchen (*n* = 3) bereits nach sechs Wochen schrumpften (Katagen) und nach 8 Wochen verkümmert waren (Telogen). In Zhao *et al*., 2019[18)] dauerte die Anagenphase bei 6-Monate alten Angora („*Wanxi*“) etwa 16 Wochen, und in Ding *et al*., 2020[19)] verblieben Haarfollikel bei 1,5-jährigen Angora (*Wan Strain*) sogar für eine Dauer von 20 Wochen im Anagen.

Bei Mäusen wurde gezeigt, dass die KITL/KIT-Signalgebung, nach der Embryogenese, für die Proliferation (Wachstum, Vermehrung) und Differenzierung der Melanozyten im Rahmen des postnatalen Haarzyklus erforderlich ist.[20)]
Passend dazu ergab eine Untersuchung von Hautproben verschiedenfarbiger Rexkaninchen (4x *black*, 4x *white*, 4x *chinchilla*, 4x *brown*, 4x *gray* und 4x *gray-yellow*), dass die Expression von KIT die Melanozyten-Proliferation fördert und deren Apoptose hemmt (Hu *et al*., 2020[21)]; Regulatoren der Melanogenese).

Melanogenese

Die Biosynthese von Haarpigmenten (Melanogenese) während der Anagenphase des Haarzyklus findet in speziellen Organellen der Melanozyten, den Melanosomen, und über mehrere Stoffwechselschritte statt. Eine zentrale Rolle spielt dabei das kupferhaltige Enzym Tyrosinase; zwei konservierte Sequenzmotive, die als CuA und CuB bezeichnet werden, sind entscheidend für seine katalytische Aktivität.
Die Melanogenese von Eumelanin und Phäomelanin unterscheidet sich durch einige Schritte, und auch die Struktur der jeweiligen Melanosomen ist unterschiedlich: Eumelanosomen sind oval und enthalten eine faserige Matrix, während Phäomelanosomen überwiegend rund sind und eine kugelförmige Matrix enthalten.

Pigmenttyp-Umschaltung – Agouti-Melanocortin-Signalweg

Die Melonogenese wird in erster Linie durch die beiden Genorte „Extension“ und „Agouti“ gesteuert, deren Genprodukte miteinander wechselwirken. „Extension“ codiert den Melanocortin-1-Rezeptor, der sich an der Außenwand der Pigmentzellen befindet und als „Türschloss“ dient. Dockt ein passender Schlüssel (Agonist) an, so wird der Rezeptor aktiviert und die Pigmentproduktion im Inneren der Zelle gestartet. Im Falle des Agonisten α-MSH (Melanozyten-stimulierendes Hormon) wird dunkles Eumelanin gebildet. Wird α-MSH durch den Antagonisten Agouti-Signal-Protein am Andocken gehindert und die α-MSH/MC1R-Signalübertragung gestört, resultiert eine verminderte Produktion von Eumelanin, d.h. es wird vorrangig Phäomelanin produziert.

Bei neugeborenen Kaninchen „*setzt die Bindenbildung ziemlich genau 4 Tage nach der Geburt ein*“.[22)]

Der Übergang von Schwarz nach Gelb oder umgekehrt erfolgt nicht in allen Melanozyten eines Haarfollikels gleichzeitig, sondern beginnt bei unten liegenden Melanozyten, während Melanozyten im Bereich der Papillenspitze erst später umschalten.[23)]

Das ASIP-Gen wird neben der Haut (Transkripte 1A und 1C) auch in anderen Geweben exprimiert, wie Gehirn, Herz, Lunge, Niere, Leber, Milz oder Muskeln (Transkripte 1dv und 2Long), dort allerdings mit bislang nicht vollständig geklärter Funktion.[24)25)]

Melanin-Synthese in den Melanosomen

Die Anfangsphase des Melanin-Stoffwechsels ist für Eumelanine und Phäomelanine gleich: Die Aminosäure L-Tyrosin wird durch Tyrosinase in zwei aufeinanderfolgenden Schritten über L-Dihydroxy-Phenylalanin (DOPA) zu L-Dopachinon umgewandelt. In weiterer Folge werden über verschiedene Zwischenprodukte entweder – mittels Tyrosinase-verwandter Enzyme (TYRP1 oder TYRP2/ Synonym DCT, Dopachrom-Tautomerase) – Eumelanine oder – unter Einbezug der schwefelhaltigen Aminosäure Cystein – Phäomelanine produziert. (Abbildung 1, B)

Auch die Melanogenese wird von MITF und KITL/KIT beeinflusst. Hu *et al.*, 2020[26)] stellten bei den untersuchten Hautproben verschiedenfarbiger Rexkaninchen weiters unterschiedliche Expressionslevel für KIT (mRNA und Protein) fest, wobei das höchste Level bei schwarzem, und das niedrigste bei weißem Fellhaar beobachtet wurde. Außerdem fanden sie signifikant positive Korrelationen zwischen der Transkription von KIT und der Transkription von Genen wie TYR, MITF, PMEL oder TYRP2/ DCT sowie dem Melaningehalt in den Melanozyten.
MITF dient bei Säugetieren als Transkriptionsfaktor für TYR und seine Verwandten (DCT, TYRP1) und ist an der Reifung der Melanosomen beteiligt.[27)28)29)] (Regulatoren der Melanogenese)

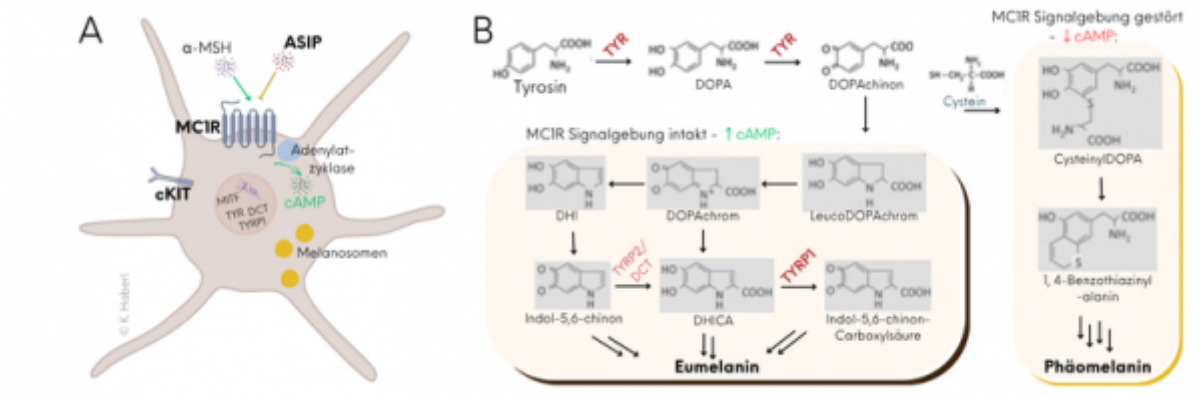


Abb. 1: Schematische Darstellung der Melanogenese (B verändert nach Wolf Horell *et al*., 2016[30])

Weißscheckung und Leuzismus

Gene oder Regulationsmechanismen, die weiße Abzeichen verursachen, sind direkt oder indirekt an der Entwicklung, Migration oder Differenzierung der pigmentbildenden Zellen beteiligt. Beim Kaninchen sind das unter anderem Dominante Weißscheckung (KIT), Plattenscheckung oder Vienna White.

Epistatische Wechselwirkungen

Fontanesi *et al*., 2010[31] wiesen, mittels Kreuzung zwischen einem *Champagne d'Argent*-Rammler (*EEaa*, deutsch: BBgg) und einer Thüringer-Häsin (*eeaa*, bbgg), epistatische Wechselwirkungen für die Loki MC1R und ASIP nach. (Der MC1R-Lokus ist epistatisch gegenüber dem Agouti-Lokus.)

Zur tiefergehenden Charakterisierung von Genen, welche zur phänotypischen Variabilität bei russenfarbigen Kaninchen beitragen, sequenzierten Demars *et al*., 2022[32] das Genom von Kalifornierkaninchen, die sie in sechs verschiedene Gruppen sortierten (P1 bis P6, von vollständig weiß bis intensiv dunkler Färbung der Ohren und der Nase; insgesamt 686 Kaninchen; Referenzgenom OryCun2.0).
Am epistatischen Netzwerk, welches sich auf die Intensität und Ausbreitung der Farbe bei Kalifornern auswirkte, waren beteiligt: Varianten auf Chromosom 1 (einschließlich TYR), KIT (beeinflusst durch eine *copy number variation*, CNV), MC1R(/-ANKRD11), ASIP, prozessierte ribosomale Pseudogene (RPS14, RPS20) oder auch Regionen, welche die Gene HPS5, POT1, TTC8, SPATA7 oder CERKL umfassen.

---

1 5 2515

1) , 27)
Thomas, A. J., & Erickson, C. A. (2008). The making of a melanocyte: the specification of melanoblasts from the neural crest. Pigment cell & melanoma research, 21(6), 598-610.
2) , 5) , 8) , 28)
Cui, Y. Z., & Man, X. Y. 2023. Biology of melanocytes in mammals. Frontiers in Cell and Developmental Biology, 11, 1309557.
3) , 21) , 26)
Hu, S., Chen, Y., Zhao, B., Yang, N., Chen, S., Shen, J., ... & Wu, X. 2020. KIT is involved in melanocyte

proliferation, apoptosis and melanogenesis in the Rex Rabbit. PeerJ, 8, e9402.
[4], [29]

Hu, S., Bai, S., Dai, Y., Yang, N., Li, J., Zhang, X., ... & Wu, X. 2021. Deubiquitination of MITF-M regulates melanocytes proliferation and apoptosis. Frontiers in Molecular Biosciences, 8, 692724.
[6]

Bharti, K., Nguyen, M. T. T., Skuntz, S., Bertuzzi, S., & Arnheiter, H. 2006. The other pigment cell: specification and development of the pigmented epithelium of the vertebrate eye. Pigment cell research, 19(5), 380-394.
[7]

Davis-Silberman, N., & Ashery-Padan, R. (2008). Iris development in vertebrates; genetic and molecular considerations. Brain Research, 1192, 17-28.
[9]

Schwanitz, J. (1938). Untersuchungen zur Morphologie und Physiologie des Haarwechsels beim Hauskaninchen. Zeitschrift für Morphologie und Ökologie der Tiere, 33(4), 496-526. Dissertation.
[10], [22], [23]

Cleffmann, G. (1953). Untersuchungen über die Fellzeichnung des Wildkaninchens. Ein Beitrag zur Wirkungsweise des Agutifaktors. Zeitschrift für Induktive Abstammungs- und Vererbungslehre, 85(1), 137-162. Dissertation.
[11]

Schneider, M. R., Schmidt-Ullrich, R., & Paus, R. 2009. The hair follicle as a dynamic miniorgan. Current biology, 19(3), R132-R142.
[12]

Slominski, A., Wortsman, J., Plonka, P.M., Schallreuter, K.U., Paus, R., and Tobin, D.J. 2005. Hair follicle pigmentation. J. Invest Dermatol. 124, 13–21.
[13], [14]

Stenn, K. S., & Paus, R. 2001. Controls of hair follicle cycling. Physiological reviews.
[15]

Wucherer, E. (1925). Ueber den Charakter des Angorahaares. Zeitschrift für Tierzüchtung und Züchtungsbiologie einschließlich Tierernährung, 4(1-2), 119-143.
[16]

Fraser, A. S. (1953). A note on the growth of the rex and angora coats. Journal of Genetics, 51(2), 237-242.
[17]

Ding, H., Zhao, H., Cheng, G., Yang, Y., Wang, X., Zhao, X., ... & Huang, D. 2019. Analyses of histological and transcriptome differences in the skin of short-hair and long-hair rabbits. Bmc Genomics, 20, 1-12.
[18]

Zhao, B., Chen, Y., Hu, S., Yang, N., Wang, M., Liu, M., ... & Wu, X. (2019). Systematic analysis of non-coding RNAs involved in the angora rabbit (Oryctolagus cuniculus) hair follicle cycle by RNA sequencing. Frontiers in Genetics, 10, 407.
[19]

Ding, H., Cheng, G., Leng, J., Yang, Y., Zhao, X., Wang, X., ... & Zhao, H. 2020. Analysis of histological and microRNA profiles changes in rabbit skin development. Scientific Reports, 10(1), 454.
[20]

Botchkareva, N. V., Khlgatian, M., Jack Longley, B., Botchkarev, V. A., & Gilchrest, B. A. 2001. SCF/c-kit signaling is required for cyclic regeneration of the hair pigmentation unit. The FASEB Journal, 15(3), 645-658.
[24], [31]

Fontanesi, L., Forestier, L., Allain, D., Scotti, E., Beretti, F., Deretz-Picoulet, S., ... & Oulmouden, A. 2010. Characterization of the rabbit agouti signaling protein (ASIP) gene: transcripts and phylogenetic analyses and identification of the causative mutation of the nonagouti black coat colour. Genomics, 95(3), 166-175.
[25]

Yang, C., Ge, J., Chen, S., Liu, Y., Chen, B., & Gu, Z. 2015. Sequence and gene expression analysis of the agouti signalling protein gene in Rex rabbits with different coat colours. Italian Journal of Animal Science, 14(3), 3810.
30)

Wolf Horrell, E. M., Boulanger, M. C., & D'Orazio, J. A. 2016. Melanocortin 1 receptor: structure, function, and regulation. Frontiers in genetics, 7, 95.
32)

Demars, J., Labrune, Y., Iannuccelli, N., Deshayes, A., Leroux, S., Gilbert, H., ... & Riquet, J. 2022. A genome-wide epistatic network underlies the molecular architecture of continuous color variation of body extremities. Genomics, 114(3), 110361.

From:
https://www.wikikanin.de/ - **Wikikanin**

Permanent link:
https://www.wikikanin.de/doku.php?id=physiologie:fellhaarfarbe&rev=1786988303

Last update: **2026/08/17 19:38**