

# Kurzhaar - LIPH ("Französisch Rex")

Assoziiertes Gen: LIPH (*Lipase Member H*)

Chromosom: OCU14

Vererbung: monogen; rezessiv (r1)

**Tabelle:** Bekannte Varianten des LIPH

Symbol deutsch (englisch)	Variante/ Mutation(en)		Funktion/ Mechanismus	Phänotyp	Rassen
	DNA	Protein			
R1 ( <i>Rex1</i> )	Wildtyp	Enzym bestehend aus 452 Aminosäuren <sup>1)</sup>	LIPH könnte eine Rolle im Anagen (Wachstumsphase des <a href="#">Haarzyklus</a> ) spielen <sup>2)</sup>	Normale Haarlänge	
r1 ( <i>rex1</i> )	<i>Frameshift</i> -Deletion 1362delA in Exon 9 ( <i>OryCun1</i> ) <sup>3)</sup>	Um 19 Aminosäuren verkürztes Protein <sup>4)</sup>	Reduzierte Expression (mRNA und Protein) von LIPH in den Haarfollikeln der Haut (und nur in der äußeren Haarwurzelscheide); reduzierte enzymatische Aktivität <sup>5)</sup>	Kurzhaar (Deck- und Grannenhaar verkürzt und strukturell verändert) <sup>6)</sup>	Rex (INRA, Frankreich) <sup>7)</sup>

## Geschichte

Die „*rex 1*“-Mutation wurde 1919 in Frankreich entdeckt.<sup>8)9)</sup> (S. 187)

Erste Vertreter kamen 1925 nach Deutschland (Nachtsheim, H. 1929. Tierheilkunde und Tierzucht. Sechster Band. Berlin, Wien. Hrsg.: Stang, V., Wirth, D. pp. 1-14.<sup>10)</sup>, S. 100, 143). Im Frühjahr 1926 brachte H. Nachtsheim die ersten Rex-Träger nach Amerika zu W. E. Castle, der mit Verpaarungen dieser Tiere untereinander einen rezessiven Vererbungsmodus bestätigte und weiters Experimente zur genetischen [Kopplung](#) durchführte.<sup>11)</sup>

Historisch bekannt sind auch die Faktoren „r2“ und „r3“, über deren potentiell weitere Verbreitung keine Erkenntnisse vorliegen:

- r2: „Deutsch-Kurzhaar“ oder „Wollrex“ – erstmals 1926 in Lübeck (Deutschland) beobachtet; „persianerartiges“, welliges Kurzhaar mit gekräuselten Haarspitzen; gekoppelt mit r1; vergleichbare Züchtung aus England: „Astrex“;
- r3: „Normannen-Kurzhaar“ – erste Tiere, hervorgegangen aus großen Russenkaninchen, 1927 aus Frankreich nach Deutschland verbracht; nicht gekoppelt mit r1 oder r2.<sup>12)13)</sup> (S. 192, 219-221)

Siehe auch: [Kaninchenrassen](#).

## Phänotypen (Beispiele)



## Assoziierte Signalwege und regulatorische Mechanismen

Bei der Entwicklung von Haarfollikeln kann das Cyclin CCNA2 (*Cyclin A2*) eine wichtige regulatorische Rolle spielen. Chen *et al.*, 2011<sup>14)</sup> identifizierten zwei SNPs – 129G>A und 1140G>C – im CCNA2-Gen, welche die Unterhaardichte bei chinesischen Rexkaninchen auffallend positiv beeinflussten.

Dagegen wiesen drei SNPs – Exon 5-26C/G, Exon 7-101C/T und Intron 10-6C/T – im MMP2- (*matrix metalloproteinase-2*) Gen keine signifikanten Zusammenhänge mit der Unterhaardichte auf.<sup>15)</sup>

Wu *et al.*, 2018<sup>16)</sup> zeigten, dass die Entwicklung der Haarfollikel in den ersten acht Lebenswochen eng mit der Expression der Gene IGF-I, EGF, BMP2, TGFβ-1, TGFβ-2, TGFβ-3, β-Catenin und Wnt10b zusammenhängt.

17)

---

3 6 1351

1) , 3) , 4) , 6)

Diribarne, M., Mata, X., Chantry-Darmon, C., Vaiman, A., Auvinet, G., Bouet, S., ... & Guérin, G. 2011. A deletion in exon 9 of the LIPH gene is responsible for the rex hair coat phenotype in rabbits (*Oryctolagus cuniculus*). PLoS One, 6(4), e19281.

2) , 5) , 7)

Diribarne, M., Mata, X., Rivière, J., Bouet, S., Vaiman, A., Chapuis, J., ... & Guérin, G. 2012. LIPH expression in skin and hair follicles of normal coat and Rex rabbits. PLoS One, 7(1), e30073.

<sup>8)</sup> <sup>12)</sup>

Castle, W. E., & Nachtsheim, H. 1933. Linkage interrelations of three genes for rex (short) coat in the rabbit. Proceedings of the National Academy of Sciences, 19(12), 1006-1011.

<sup>9)</sup> <sup>13)</sup>

Joppich, F. 1969. Das Kaninchen. Vierte, ergänzte Auflage. Berlin: VEB Deutscher Landwirtschaftsverlag.

<sup>10)</sup>

Möbes, W. K. G. 1946. Bibliographie des Kaninchens nebst Anhang. I. Das Frettchen. II. Das Meerschweinchen. Bd. 1. Akademischer Verlag Halle.

<sup>11)</sup>

Castle, W. E. 1929. The rex rabbit. Journal of Heredity, 20(5), 193-199.

<sup>14)</sup>

Chen, S. J., Liu, T., Liu, Y. J., Dong, B., Huang, Y. T., & Gu, Z. L. (2011). Identification of single nucleotide polymorphisms in the CCNA2 gene and its association with wool density in Rex rabbits. Genet Mol Res, 10(4), 3365-3370.

<sup>15)</sup>

Chen, S. J., Liu, Y. J., Liu, T., Chen, B. J., & Gu, Z. L. (2017). Polymorphisms of exon 5, exon 7 and intron 10 of MMP2 gene and their association with wool density in Rex rabbits. World Rabbit Science, 25(2), 181-184.

<sup>16)</sup>

Wu, Z., Sun, L., Liu, G., Liu, H., Liu, H., Yu, Z., ... & Qin, Y. (2018). Hair follicle development and related gene and protein expression of skins in Rex rabbits during the first 8 weeks of life. Asian-Australasian journal of animal sciences, 32(4), 477.

<sup>17)</sup>

Wu, J., Zhai, J., Jia, H., Ahamba, I. S., Dong, X., & Ren, Z. (2025). Whole-transcriptome analysis reveals the profiles and roles of coding and non-coding RNAs during hair follicle cycling in Rex rabbits. BMC genomics, 26(1), 74.

From:

<http://wikikanin.de/> - Wikikanin

Permanent link:

[http://wikikanin.de/doku.php?id=genetik:kurzhaar\\_liph&rev=1773176888](http://wikikanin.de/doku.php?id=genetik:kurzhaar_liph&rev=1773176888)

Last update: **2026/03/10 22:08**

