

Leitfaden für die Anforderungen eines Maßnahmenprogramms gemäß § 44 Abs. 17 Tierschutzgesetz

Hilfestellung für Hundezüchter/innen



Inhalt zusammengestellt von der Abteilung Naturschutz
in Zusammenarbeit mit der NÖ Tierschutzombudsstelle und Mag.^a Ursula Aigner
AMT DER NÖ LANDESREGIERUNG, ABTEILUNG NATURSCHUTZ
JUNI 2021

Inhalt

1	Einführung	2
2	Inhalt dieses Leitfadens	4
3	Notwendige Grunduntersuchungen	6
4	Zuchtziele und rassespezifische Zuchtstrategien (Zuchtprogramme).....	7
4.1	Allgemeine Zuchtziele:.....	7
4.2	Rassespezifische Zuchtprogramme bzw. Zuchtordnungen	8
4.3	Populationsanalyse bzw. rassespezifische Sachverhaltsdarstellung – Kriterien.....	9
4.4	Strategische Zuchtplanung (Selektionsstrategien und Paarungsstrategien).....	17
5	Genetische Grundlagen für die Zucht von Hunden.....	21
5.1	Genetische Grundbegriffe.....	21
5.2	Populationsgenetik	23
5.3	Faktoren, die genetische Verarmung bewirken:.....	26
5.3.1	Die genetische Drift.....	26
5.3.2	Inzucht.....	27
5.3.3	Selektion	30
5.4	Zuchtwertschätzung.....	33
5.5	Zuchtverfahren, die die genetische Varianz erweitern	35
6	Quellenangaben:	38

1 Einführung

Mit diesem Leitfaden wollen wir Züchterinnen und Züchtern eine Anleitung in die Hand geben, wie sie ein Maßnahmenprogramm entwickeln können, das für Ihre Zuchthunde zugeschnitten ist und durch welches die gesundheitlichen Beeinträchtigungen (Qualzuchtmerkmale) der Nachkommen reduziert oder ganz beseitigt werden können. Gemäß § 44 Absatz 17 des Tierschutzgesetzes hat jede Züchterin und jeder Züchter von Rassen, bei denen Qualzuchtmerkmale (oder anders formuliert: Übertypisierungen) auftreten, züchterische Maßnahmen dagegen zu setzen und diese auch laufend zu dokumentieren.

Für eine Abkehr von Extremmerkmalen und um gesunde Hunde zu züchten, ist es unabdingbar, dass Zuchtprogramme/Zuchtordnungen nicht starr über Jahre oder Jahrzehnte gleichbleiben, sondern flexibel an den IST-Zustand der Zuchtpopulation angepasst werden. Zuchtziele dürfen Gesundheit, Körperbau, Leistungsfähigkeit sowie Verhalten der Elterntiere und Nachkommen nicht negativ beeinflussen.

Dies zu beachten, ist noch bedeutender, wenn es um die Zucht von Rassen geht, die Qualzuchtmerkmale aufweisen. Gerade im Falle des Ausstiegs aus der Qualzucht bedeutet das, dass sich die zu treffenden Maßnahmen abgestimmt auf die Rasse bzw. auf die Population so verändern müssen, dass die Nachkommen nicht leiden müssen.

Qualzuchtmerkmale

Im Folgenden werden die klinischen Symptome bei Hunden angeführt, die im Zusammenhang mit genetischen Anomalien bei Nachkommen auftreten können und die es zu verhindern gilt (siehe dazu § 5 Abs. 2 Punkt 1 Tierschutzgesetz):

- × Atemnot:
 - Brachycephalie (zu kurze Nase und zu kurzer Oberkiefer)
 - Luftröhrenkollaps
- × Bewegungsanomalien:
 - Skelettanomalien (z.B. Schwanzlosigkeit)
 - Extremausbildung rassetypischer Merkmale
 - Stellungsanomalien von Gelenken (extrem wenig oder extrem stark gewinkelte Hinterextremität, Hüftgelenksdysplasie, Kniescheibenluxation vor allem bei kleinen Rassen)
- × Lahmheiten bzw. schmerzhafte Beeinträchtigung der Bewegung im Zusammenhang mit extremen Körperformen:
 - chronisch degenerative Gelenkserkrankungen
 - Dackellähmung
 - Verknöcherung der Wirbelsäule

- Riesenwuchs
- Zwergwuchs
- × Entzündungen der Haut:
 - übermäßige Faltenbildung (Brachycephalie; akromegaler Riesenwuchs, bei dem die Körperspitzen wie Kopf oder Pfoten im Verhältnis zum übrigen Körper unproportional vergrößert sind; dicht behaarte lange und tief angesetzte Hängeohren), erhöhte Feuchtigkeit in Kombination mit Wärme in den Falten
- × Haarlosigkeit
 - Probleme mit Temperaturregulation
 - fehlende Zähne
 - bei Homozygotie (Reinerbigkeit) Letalfaktor
- × Entzündungen der Lidbindehaut und/oder der Hornhaut:
 - zu große Lidspalten und lose Kopfhaut ("Karo-Auge")
 - zu große Lidspalte und Brachycephalensyndrom
 - Lidfehlstellungen
 - Rolllid
- × Blindheit:
 - Verpaarung zweier Tiere mit Merle-Faktor
 - Progressive Retinaatrophie (PRA)
 - Glaukom
 - Collie eye anomaly (CEA) u.a.
- × Exophthalmus (Hervortreten des Augapfels):
 - bei brachycephalen Rassen in Zusammenhang mit zu großer Lidspalte und Einrollen der Lider
 - zu enge Lidspalte bei Zwergrassen und kleinen brachycephalen Rassen
 - erhöhte Verletzungsgefahr für den Augapfel
 - Neigung zur Austrocknung der Hornhaut durch gestörte Funktionalität des Lidschlags
- × Taubheit:
 - sensorineurale Taubheit bei weißer Farbe bzw. Scheckung
 - Verpaarung zweier Tiere mit Merle-Faktor
- × Neurologische Symptome:
 - Missbildungen der Schädeldecke
 - Missbildungen der Wirbelsäule
 - Pigmentanomalien
 - Dermoidsinus (Hautmissbildung im Bereich der Wirbelsäule) bei Hunden mit einem Ridge
 - Epilepsie
 - Narkolepsie

- × Fehlbildungen des Gebisses:
 - Fehlen von funktionell(!) wichtigen Zähnen (Funktionsstörungen in Lebensbereichen wie Körperpflege und Reproduktion)
 - Unterkieferverkürzung
 - Caninusengstand bei brachycephalen Hunden
- × Missbildungen der Schädeldecke:
 - zu dünne oder nicht vollständig ausgeformte Schädeldecke
 - Knochenlücke in Schädeldecke (Zwerghunde)
- × Körperformen, bei denen mit großer Wahrscheinlichkeit anzunehmen ist, dass natürliche Geburten nicht möglich sind:
 - Missverhältnis zwischen mütterlichem Beckendurchmesser und bestimmten Körpermaßen des Fetus (unverhältnismäßig große Welpen, einzelne Körperpartien überdimensioniert zB bei Brachycephalie)
 - kleine Würfe bei Zwerghunderassen

2 Inhalt dieses Leitfadens

Dieser Leitfaden hilft Ihnen bei der Erstellung des gesetzlich geforderten Maßnahmenprogrammes für die Zucht von Hunden. Die Dokumentation des Maßnahmenprogrammes ist schriftlich zu führen und der zuständigen Bezirksverwaltungsbehörde zu übermitteln. Das bereitgestellte Formular „Dokumentation des Maßnahmenprogrammes für Hunde“ kann dazu verwendet werden und – für brachycephale Rassen gemeinsam mit dem „Untersuchungsbogen zur Beurteilung von Qualzuchtmerkmalen bei brachycephalen Hunden“ – der Behörde ausgehändigt werden. In den Formularen sind alle notwendigen Informationen für die Veterinärbehörde enthalten.

Das Formular „Dokumentation des Maßnahmenprogrammes für Hunde“ ist in 3 Abschnitte unterteilt:

- Block A: allgemeine Angaben zu den Zuchttieren
- Block B: Angaben zu den Zuchtzielen und den rassespezifischen Zuchtstrategien (Populationsanalyse und Selektionsstrategien)
- Block C: Tierärztliche Beurteilung der Zuchttiere (Grunduntersuchung und festgestellte Qualzuchtmerkmale)

In den weiteren Kapiteln dieses Leitfadens gibt es zu diesen Punkten nähere Erläuterungen. Zum Thema „rassespezifische Zuchtstrategien“ dürfen wir freundlicherweise die Ausführungen aus dem Buch von Frau A. Univ. Prof. Dr. med. vet. Irene Sommerfeld-Stur „Rassehundezucht – Genetik für Züchter und Halter“ (Verlag Müller-Rüschlikon, 2016) mit Genehmigung des Verlages abdrucken. Die dem Buch entnommenen Passagen sind im Folgenden *kursiv* dargestellt.

In einem weiteren Teil werden die für eine verantwortungsvolle Zucht notwendigen genetischen Grundlagen überblicksmäßig erklärt. Diese sollten das Basiswissen für jeden Züchter/jede Züchterin darstellen und können im Kapitel 5 nachgelesen werden. Verwenden Sie die am Ende angeführte Literatur für einen umfassenderen Einblick in die Populationsgenetik.

Wir ersuchen um Verständnis, dass trotz regelmäßiger Aktualisierung dieses Leitfadens möglicherweise der eine oder andere Internet-Link nicht mehr aktuell sein wird. Zudem wird ständig an neuen Erkenntnissen zum Thema Qualzucht gearbeitet und geforscht, weshalb wir empfehlen, selbstständig weitere Recherchen durchzuführen.

3 Notwendige Grunduntersuchungen

Laut § 20 Abs. 2 des Tierschutzgesetzes sind gehaltene Tiere (also auch Zuchttiere) in solchen Abständen zu kontrollieren, dass Schmerzen, Leiden, Schäden oder schwere Angst möglichst vermieden werden. Da bei Tieren mit Qualzuchtmerkmalen in vielen Fällen das Erkennen von Schmerzen, Leiden usw. durch den Tierhalter schwer möglich ist (beispielsweise Bewegungsanomalien, Taubheit etc.), erachten wir es als notwendig, dass bei Zuchttieren eine jährliche Grunduntersuchung durch den Betreuungstierarzt/die Betreuungstierärztin durchzuführen ist.

Diese Grunduntersuchung umfasst folgende Punkte:

Allgemein (jährliche Untersuchung)	<p>Ausführliche klinische Untersuchung (Augenmerk auf Qualzuchtmerkmale, siehe oben) zB:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Impfstatus, Parasiten (-Prophylaxe) • Ernährungszustand (inkl. Body Condition Score; BCS = 1/5 – 5/5) • Habitus (Entwicklungszustand) • Pflegezustand • Augen, Ohren, Maul • Haltung (Körperhaltung, Kopfschiefhaltung) • Verhalten / Bewusstsein • Atemfrequenz • Temperatur • Puls- und Herzfrequenz • Schleimhäute • kapillare Füllungszeit (KFZ) • Lymphknoten • Hautveränderungen • Veränderungen der äußeren Genitalorgane • Husten, Nasenausfluss, Stridor/Atemgeräusche, Stimmveränderungen/Heiserkeit, Dyspnoe/Maulatmung/Hecheln, Zyanose • Nase, Nebenhöhlen, Larynx/Trachea, Thorax • Maul-/Rachenhöhle, obere Halsgegend, Hals/Ösophagus, Abdomen, Perianalregion, rektale Untersuchung • Bewegungsapparat, Lahmheiten, Ataxie, Haltungs- und Stellreaktionen • Allgemeinbefinden (zusammenfassende Beurteilung der Befunde der allgemeinen Untersuchung)
Augenuntersuchung (max. 1 Jahr vor jedem Zuchteinsatz, wenn nicht anders in der Zuchtordnung festgehalten)	Durch geprüfte Untersucher, die die Bögen des European College of Veterinary Ophthalmology (ECVO) verwenden dürfen.
Patella-Ultraschall (einmalig)	Tiere mit Schulterhöhe bis zu 45 cm (Mindestalter 1 Jahr)
ED/HD-Röntgen (einmalig)	Tiere mit Schulterhöhe größer als 45 cm (mind. 1 Jahr alt)

4 Zuchtziele und rassespezifische Zuchtstrategien (Zuchtprogramme)

4.1 Allgemeine Zuchtziele:

Jeder verantwortungsvolle Züchter steckt sich das Ziel, gesunde, agile, langlebige und leistungsfähige Tiere zu züchten. Irene Sommerfeld-Stur stellt in ihrem Buch „Rassehundezucht – Genetik für Züchter und Halter“ fest, dass es jedoch für die Bekämpfung von Erbfehlern notwendig ist, nicht nur auf das Einzeltier zu achten, sondern in Populationen zu denken:

Züchten heißt in Populationen zu denken –
Züchten heißt in Generationen zu denken

Entscheidungen, die in Hinblick auf den Zuchteinsatz eines Hundes getroffen werden, betreffen nicht nur diesen einen Hund, sondern alle Hunde der Rasse. Die Folgen dieser Entscheidung können noch viele Generationen später in der Population zu spüren sein. So kann der Zuchteinsatz eines einzigen Hundes mit einem rezessiven Defektgen dazu führen, dass dieses Defektgen sich in der Population verbreitet und einige Generationen später zu einem explosionsartigen Auftreten einer genetischen Erkrankung in der Population führt. Umgekehrt kann der Zuchtausschluss eines einzigen Hundes dazu führen, dass ein oder mehrere Gene, die nur dieser Hund trägt, der Population unwiderruflich verloren gehen.

Diese simplen Grundregeln der Tierzucht werden leider in der Hundezucht wenig berücksichtigt. Das liegt zum Großteil an der sehr stark individualistisch ausgerichteten Struktur der Hundezucht.

(aus Sommerfeld-Stur, 2016, Rassehundezucht – Genetik für Züchter und Halter, Seite 172)

Im Gutachten zur Auslegung des §11b des Deutschen Tierschutzgesetzes (Verbot von Qualzuchtungen) bestimmt die Sachverständigengruppe Tierschutz und Heimtierzucht (A. Herzog et al.) allgemeine Zuchtziele folgendermaßen:

- Gesundheit, Krankheitsresistenz
- Langlebigkeit
- normaler Geburtsverlauf (keine Schweregeburten)
- geringe Nachkommenverluste
- Lebenserwartung

Um die allgemeinen Zuchtziele zu erfüllen, ist die Auswahl (Selektion) der Paarungspartner genauso wichtig wie die gesundheitliche Überprüfung der eigenen Tiere. Eine gute begleitende Dokumentation bildet die Grundlage für ein verantwortungsvolles Zuchtgeschehen.

Gemäß § 5 der „Verordnung betreffend Ausnahmen von der Meldepflicht für die Haltung von Tieren zum Zweck der Zucht und des Verkaufs“ sind bei der Zucht folgende Punkte verpflichtend zu dokumentieren:

- Verpaarungen,
- Geburten,
- Würfe – einschließlich der Totgeburten (nach § 21 TSchG) und Missbildungen bei Welpen
- alle medizinischen Behandlungen und
- diagnostische Maßnahmen, die gesetzt werden, um Qualzucht zu vermeiden (z.B. Röntgendiagnosen, Belastungstests, molekulargenetische Diagnostik).

Irene Sommerfeld-Stur betont in ihren Ausführungen über die Hundezucht, dass ein langfristiger Informationsaustausch zwischen Züchter/innen und Käufer/innen der Welpen optimal wäre, um Rückmeldung zu bekommen über gesundheitliche Probleme und Verhaltensauffälligkeiten der Nachkommen. Dies sei wichtig für die weitere Zuchtarbeit, um Defekte schon früh bekämpfen zu können, noch bevor sie sich übermäßig in der Population weiterverbreiten.

4.2 Rassespezifische Zuchtprogramme bzw. Zuchtordnungen

Für jede einzelne Hunderasse macht es Sinn, eigene Zuchtziele und Zuchtprogramme festzulegen und diese auch laufend auf ihre Ergebnisse hin zu überprüfen.

Je nach Rasse sind unterschiedliche Untersuchungen erforderlich, um festzustellen, ob das Einzeltier zur Zucht geeignet ist. Im Rahmen des Projekts „Konterqual“ des Österreichischen Kynologenverbandes (ÖKV) wurde mit Unterstützung des Bundesministeriums für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz (BMSGPK) eine Liste erstellt, in der man je nach Rasse sowohl die unbedingt erforderlichen als auch die zusätzlich empfohlenen Screening-Verfahren nachschlagen kann. Diese Liste befindet sich im „Leitfaden zur Beurteilung von Qualzuchtmerkmalen bei Hunden“, der auf der Seite der Fachstelle für tiergerechte Tierhaltung und Tierschutz veröffentlicht ist (Link: <https://www.tierschutzkonform.at/wp-content/uploads/Leitfaden-zur-Beurteilung-von-Qualzuchtmerkmalen-bei-Hunden-Vollzug.pdf>). Die Ergebnisse dieser Screenings führen entweder zu der Erkenntnis, dass mit diesem Tier gezüchtet werden darf oder dass eine Zucht nicht sinnvoll ist.

Rassespezifische Zuchtstrategien

Der folgende Text wurde aus dem Buch „Rassehundezucht – Genetik für Züchter und Halter“ von Irene Sommerfeld-Stur übernommen (Seite 272):

„Die zum Teil massive Häufung von genetischen Defekten in Rassehundepopulationen macht eine effiziente züchterische Bekämpfung dieser Defekte notwendig, will man nicht mit den Erkrankungen leben müssen. Dabei ist allerdings zu berücksichtigen, dass in den Rassepopulationen beim Hund sehr unterschiedliche genetische Voraussetzungen vorliegen. Die streng isolierte Reinzucht führt dazu, dass sich in verschiedenen Rassen durch Selektion und genetische Drift sehr unterschiedliche Gene anhäufen können. Durch das zum Großteil recht hohe Inzuchtniveau in vielen Rassen hat sich die genetische Vielfalt meistens bereits sehr stark reduziert. Das ist insofern von Bedeutung, als durch jede Selektionsmaßnahme die genetische Varianz weiter verringert wird. Dazu kommt, dass in vielen Rassen nicht nur ein einziger genetischer Defekt der Selektion bedarf, sondern mehrere, die in zum Teil recht hoher Frequenz in der Population aufscheinen. Auch die Selektion auf rassespezifische Formwert- und Leistungsmerkmale sollte nicht vernachlässigt werden. Selektionsmaßnahmen sollten daher in Anpassung an die jeweilige Populationssituation durchgeführt werden. Das Ziel jeder Selektionsstrategie sollte dabei ein größtmöglicher Selektionserfolg für jedes bei der Selektion berücksichtigte Merkmal bei größtmöglichem Erhalt der genetischen Varianz sein.“

4.3 Populationsanalyse bzw. rassespezifische Sachverhaltsdarstellung – Kriterien

Populationsanalyse:

Der folgende Text wurde aus dem Buch „Rassehundezucht – Genetik für Züchter und Halter“ von Irene Sommerfeld-Stur übernommen (Seiten 272 – 274 und 277 – 283):

„Um die individuellen Gegebenheiten jeder Population zu erfassen, sollte daher vor jeder Planung einer Selektionsstrategie eine Populationsanalyse stehen. Das ist allerdings leichter gesagt als getan, denn wie schon öfter angemerkt, ist die dafür notwendige Offenheit und Transparenz bei Hundezüchtern eher selten zu finden. Nichtsdestoweniger ist die Basis jeder rassespezifischen Zuchtstrategie eine ehrliche Auseinandersetzung mit den populationsspezifischen Gegebenheiten. Dabei sollten in jedem Fall die folgenden Fragen beantwortet werden:

- *Welche Erkrankungen kommen in der Population vor?*
- *In welcher Häufigkeit kommen diese Krankheiten vor?*
- *Gibt es etablierte Screening-Verfahren zur Feststellung der Merkmalsträger?*
- *Gibt es molekulargenetische Diagnoseverfahren, wenn ja, welche Aussagekraft haben diese?*
- *Welchen Krankheitswert haben die in der Population auftretenden Erkrankungen?*
- *Welche Zuchtziele sind in der Population sonst noch zu beachten?*
- *Wie hoch ist die Heritabilität der einzelnen bei der Selektion berücksichtigten Merkmale?*
- *Wie groß ist die Population?*

Welche Erkrankungen kommen vor?

Diese Frage sollte an sich recht leicht zu beantworten sein, denn ein Züchter, der seine Rasse halbwegs kennt, weiß auch, welche Erkrankungen auftreten. Allerdings kommt es immer wieder zum Auftreten neuer Erkrankungen bzw. treten in anderen Populationen der gleichen Rasse auch andere Erkrankungen auf. Für Tierärzte, die Züchter oder Zuchtverbände züchterisch beraten, lässt sich die Frage auch über entsprechende Datenbanken beantworten. Gute Informationsquellen über genetische Erkrankungen in bestimmten Rassen sind z.B. die Datenbank IDID der University of Cambridge (<http://www.vet.cam.ac.uk/idid/>)

[Anmerkung Abteilung Naturschutz, 2021: dieser Link ist mittlerweile leider nur mehr für Universitätsangehörige der University of Cambridge zugänglich.]

die Datenbank LIDA der University of Sidney (<http://sydney.edu.au/vetscience/lida/dogs/>)

[Anmerkung Abteilung Naturschutz, 2021: diese Seite existiert nicht mehr, Sie finden die Sammlung der University of Sidney nunmehr jedoch unter <https://omia.org/home/>]

oder die Datenbank CIDD der University of Prince Edward Island (<http://ic.upei.ca/cidd/>).

[Anmerkung Abteilung Naturschutz, 2021: diese Seite existiert nicht mehr, Sie finden die Ausführungen der University of Prince Edward Island nun unter <https://cidd.discoveryspace.ca/>].

Bei jeder Erkrankung findet man mehr oder weniger ausführliche Angaben zu Symptomen, Diagnose und Therapie. Bei allen Datenbanken muss man berücksichtigen, dass diese nicht immer auf dem neuesten Stand sein können, da die Wartung solcher Datenbanken mit einem nicht unerheblichen Aufwand verbunden ist.

Was die genannten Datenbanken nicht leisten können, sind Angaben zur Häufigkeit von Erkrankungen. Selbst wenn diese angegeben ist, dann gilt sie nur für die Population, aus der Informationen in die Datenbank eingeflossen sind – das sind entweder die jeweils lokalen Zuchtpopulationen oder, wenn die Angaben aus Publikationen stammen, die Populationen, die der entsprechenden Studie zugrunde liegen.

Informationen über genetische Erkrankungen findet man heute auch auf den Webseiten fast jedes Zuchtverbandes oder auch Einzelzüchters. Diese Seiten sind vor allem für Hundekäufer wichtig und wertvoll. Dort findet man zumindest die aktuell bekannten Erkrankungen einer Rasse. Hundekäufer sind in jedem Fall gut beraten, sich vor dem Kauf eines Hundes ausführlich über die rassetypischen Gesundheitsrisiken zu informieren.

In welcher Häufigkeit kommen Erkrankungen vor?

Die Häufigkeit einer Erkrankung, auch als Krankheitsprävalenz bezeichnet, ist eine wichtige Grundlage der Erarbeitung von Zuchtstrategien. Je nach der Prävalenz, vor allem im Vergleich mit anderen Erkrankungen der Rasse, werden Selektionsmaßnahmen mehr oder weniger vordringlich einzusetzen sein. Die Frage nach der Häufigkeit einer Erkrankung in einer Zuchtpopulation ist allerdings nicht mehr ganz so leicht zu beantworten, denn hier ist man auf die Kooperation bzw. auf die Informationen von zahlreichen Hundebesitzern angewiesen. So sind z.B. in Großbritannien die Prävalenzen von nur 1% aller genetisch bedingten Erkrankungen bei Rassehunden bekannt (O'Neill et al., 2014). Allerdings machen es die Möglichkeiten, die uns heute das Internet bietet, etwas leichter an die notwendigen Daten zu kommen. Dabei gibt es grundsätzlich zwei Möglichkeiten der Datenerhebung.

- *Besitzerbefragungen*
- *Klinik- oder Versicherungsarchive*

Gibt es etablierte Screening-Verfahren zur Feststellung der Merkmalsträger?

Ein zuverlässiger Zuchtausschluss aller Merkmalsträger im Rahmen einer Massenselektion kann die Häufigkeit von genetischen Defekten relativ schnell auf ein sehr niedriges Niveau reduzieren. Das ist aber nur möglich, wenn es Möglichkeiten gibt, Merkmalsträger vor dem ersten Zuchteinsatz eindeutig von Nichtmerkmalsträgern zu unterscheiden. Bei vielen Erkrankungen ist das nicht möglich oder erst zu einem Zeitpunkt, zu dem der betroffene Hund seinen Zuchteinsatz bereits hinter sich hat. So ist z.B. aus diesem Grund Epilepsie einer der am schwierigsten zu bekämpfenden Erkrankungen. Denn außerhalb eines Anfalls gibt es keine Möglichkeit einen Epileptiker als solchen zu erkennen. Immerhin gibt es inzwischen zumindest für eine der genetisch bedingten Formen der Epilepsie einen molekulargenetischen Nachweis. Es ist dies die juvenile Epilepsie beim Lagotto Romagnolo (Seppälä et al., 2011). Auch bei anderen Rassen laufen Studien zur Suche nach verwendbaren Gentests (Seppälä et al., 2012). Versuche über ein Elektroenzephalogramm (EEG) oder andere klinische Parameter Epilepsie außerhalb eines Anfalls als solche zu diagnostizieren sind bisher erfolglos geblieben. Im Rahmen der kurativen Praxis bleibt Epilepsie nach wie vor eine Ausschlussdiagnose. Die Diagnose „Epilepsie“ wird also erst dann gestellt, wenn alle anderen Möglichkeiten ausgeschlossen worden sind. Epilepsie lässt sich daher auch nicht über die Berücksichtigung von Verwandten züchterisch in den Griff bekommen. Denn hier kann die bei vielen Züchtern übliche Verschwiegenheitstaktik voll zuschlagen. Wenn man eine Erkrankung nicht feststellen kann, dann redet man am besten auch nicht drüber und man hört allenfalls gerüchteweise von einzelnen Fällen. Es wäre aber genauso verhängnisvoll, wenn ein Hund auf Grund von unbewiesenen Gerüchten als Epileptiker festgelegt wird.

Gibt es Screening-Verfahren für eine Erkrankung einer Rasse, sollte eine verbandseinheitliche Regelung über deren Einsatz getroffen werden. Zu empfehlen ist dabei jedenfalls, die Ergebnisse der Screening-Untersuchungen möglichst allen Interessierten zugänglich zu machen. Zu den Interessierten gehören dabei nicht nur Züchter der Rasse, sondern auch Interessenten am Kauf eines Welpen der Rasse. Die ideale Lösung dabei wäre eine sogenannte „Open Registry“, also eine für alle zugänglich Datenbank. Wenn diese totale Offenheit nicht gewünscht wird, gibt es auch Kompromisslösungen. Eine davon stellt eine sogenannte „Weißliste“ dar. Das ist eine öffentlich zugängliche Liste von Hunden, die für einen definierten Defekt negativ getestet worden sind. Eine solche Liste wird z.B. vom Deutschen Boxer Klub geführt (<http://bk-muenchen.de/service/publikationen/zucht-und-ausstellungswesen/statistische-daten.html>). Dort findet man u.a. eine Auflistung von Hunden, die frei von Herzfehlern befundet worden sind. Eine solche Liste ist zur Einschätzung einzelner Hunde fast genauso hilfreich wie eine Open Registry, da man mit einer gewissen Wahrscheinlichkeit unterstellen kann, dass Zuchthunde, die auf dieser Liste nicht aufscheinen eben nicht frei von Herzfehlern sind. Zur Einschätzung der Populationssituation in Hinblick auf die Abschätzung der Häufigkeit eines Defektes ist eine Weißliste allerdings nicht brauchbar.

Gibt es molekulargenetische Diagnoseverfahren, wenn ja, welche Aussagekraft haben diese?

Für viele der bei Hunden bekannten genetisch bedingten Erkrankungen werden heute bereits molekulargenetische Nachweisverfahren angeboten. Nicht alle sind in gleicher

Weise züchterisch nutzbar. Es ist daher wichtig, sich vor einem systematischen Einsatz über die Aussagekraft des jeweiligen Gentests zu informieren.

Auch für molekulargenetische Diagnoseverfahren sollte eine verbandseinheitliche Regelung festgelegt werden. Wichtig dabei ist, dass Probeentnahmen für züchterisch eingesetzte Gentests von einem Tierarzt bei gleichzeitiger Identitätskontrolle des untersuchten Hundes vorgenommen werden.

Welchen Krankheitswert haben die in der Population auftretenden Erkrankungen?

In vielen Rassen gibt es nicht nur eine züchterisch zu bekämpfende Erkrankung, sondern mehrere. Dazu kommt noch der Aspekt, dass ja neben der Erbfehlerbekämpfung auch noch andere Zuchtziele im Auge behalten werden sollen. Das Zuchtverfahren, mit dem die Problematik ideal zu lösen ist, die Indexselektion, wurde bereits im Kapitel Populationsgenetik ausführlich besprochen. Eine der Kernkriterien eines Selektionsindex ist die Gewichtung der einzelnen Merkmale, die im Index verknüpft werden sollen. In der Nutztierzucht, in der die Indexselektion seit Langem ihren festen Platz hat, wird die Gewichtung auf der Basis marktwirtschaftlicher Aspekte durchgeführt. Diese spielen in der Hundezucht ja keine wesentliche Rolle, was beim Hund aber wichtig ist, ist seine Gesundheit und Lebenserwartung. Gewichtungen im Rahmen des Selektionsindex sollten daher auf der Basis des Krankheitswertes durchgeführt werden.

Der Krankheitswert ist recht einfach zu definieren. Er ist zu verstehen als die Bedeutung, die ein einzelnes Merkmal für die Gesundheit, die Lebensqualität und die Lebenserwartung eines Hundes hat. Der Krankheitswert sollte im Rahmen der Indexselektion nicht nur für Krankheiten, sondern für jedes bei der Selektion berücksichtigte Merkmal eingeschätzt werden.

Die Grundüberlegungen zum Krankheitswert ergeben sich daraus, dass sich nicht jede Krankheit in gleicher Weise auswirkt und dass bei mehreren züchterisch relevanten Erkrankungen daher Prioritäten in der Intensität der Selektion gesetzt werden müssen. Aspekte, die bei der Festlegung des Krankheitswertes bedacht werden müssen, sind die direkten Auswirkungen auf den Hund (Schmerzen, Behinderungen, Lebenserwartung) aber auch die Auswirkungen auf den Besitzer (Möglichkeiten und Kosten verfügbarer Therapien, Möglichkeiten der Haltung bzw. Betreuung eines chronisch kranken Hundes).

Asher et al. (2009) haben zur Einschätzung des Krankheitswertes des „Generic Illness Severity Index für Dogs“ (GISID) erarbeitet:

Kriterien/Bewertung	0	1	2	3	4
Prognose	Kurze Krankheit – völlige Gesundung	Längere Erkrankung oder wiederholte kurze Erkrankungen – völlige Gesundung	Ausgedehnte Erkrankung mit völliger Gesundung oder wiederholte kurze Erkrankungen mit längerfristiger Beeinträchtigung	Chronische Erkrankung mit schwer-wiegender langfristiger Beeinträchtigung	Erkrankung mit direkter oder indirekter (Euthanasie) Todesfolge
Behandlung	Behandlung nicht notwendig	Geringfügige Behandlung ohne Nebenwirkungen	Kurzfristige (einmalige) konservative oder chirurgische Behandlung mit geringfügigen Nebenwirkungen	Langfristige oder wiederholte konservative oder chirurgische Behandlung mit deutlichen Nebenwirkungen und behandelbaren Schmerzen	Keine Behandlung oder nur palliative Behandlung möglich oder Behandlung nur mit schweren Nebenwirkungen. Chronische nicht behandelbare Schmerzzustände
Komplikationen	Keine	Geringfügige	Moderate	Schwerwiegende	Katastrophale
Auswirkungen auf die folgenden Verhaltensweisen: -Komfortverhalten - Fressverhalten - Ausscheidungsverhalten - Sozialverhalten - Bewegung	Keine der genannten Verhaltensweisen ist beeinträchtigt	Eine der genannten Verhaltensweisen ist beeinträchtigt	Zwei der genannten Verhaltensweisen sind beeinträchtigt	Drei der genannten Verhaltensweisen sind beeinträchtigt	Vier oder fünf der genannten Verhaltensweisen sind beeinträchtigt

Die für jedes einzelne Kriterium vergebenen Punkte werden addiert und ergeben den GISID. Was bei der Beschreibung des GISID noch fehlt, aber m.E. auch mit berücksichtigt werden muss, sind die finanziellen Auswirkungen einer Erkrankung. Es gibt zwar heute in der Veterinärmedizin für fast jede Erkrankung wirkungsvolle therapeutische Möglichkeiten, diese müssen aber vom Besitzer auch finanziert werden können. Aufwändige Behandlungen wie z.B. eine Hüftgelenksendoprothese oder die Korrektur der Verengung der Atemwege bei brachycephalen Rassen schlagen schnell mal mit mehreren tausend Euro zu buche. Dabei beschränken sich die Kosten insbesondere bei osteosynthetischen Maßnahmen nicht nur auf die Operation, auch die physiotherapeutische Nachbehandlung ist langwierig und kostspielig. Langwierige Behandlungen kosten nicht nur Geld, sie kosten auch Zeit, die der Besitzer aufwenden muss. Auch die Stressbelastung für den Besitzer eines kranken Hundes sollte bei der Einschätzung des Krankheitswertes mit berücksichtigt werden. Es leidet bei einer Erkrankung ja nicht nur der Hund, der Besitzer leidet ebenfalls. Eine chronische schwerwiegende Erkrankung oder der frühe Tod eines Hundes ist für jeden Hundebesitzer eine traumatische Erfahrung. Es liegt somit auch in der

Verantwortung der Züchter, dass die Käufer ihrer Hunde solche Erfahrungen nach Möglichkeit nicht machen müssen.

Ohne die doch recht aufwändige Berechnung des GISID hier beispielhaft durchzuführen, möchte ich doch die Überlegungen zur Einstufung der züchterischen Priorität einer Erkrankung auf der Basis des Krankheitswertes mit einem kleinen Beispiel verdeutlichen. Nehmen wir eine fiktive Zuchtpopulation an, in der Dilatative Cardiomyopathie (DCM) und Entropium auftreten. DCM ist eine Erkrankung mit hohem Krankheitswert, bei der durch die Leistungsschwäche des überdehnten Herzens plötzliche Todesfälle in recht jungem Alter möglich sind und für die auch keine wirklich effektive Therapie gibt. Entropium ist ein Defekt, bei dem die Einrollung des Augenlids mit einer relativ einfachen chirurgischen Maßnahme saniert werden kann. Die Selektionspriorität liegt somit eindeutig bei der DCM. Das heißt nicht, dass gegen Entropium überhaupt nicht selektiert werden sollte. Was dabei mitberücksichtigt werden muss, ist die Häufigkeit der Defekte in der Population. Wenn DCM in der Population sehr häufig ist, wäre bei einem Hund, der frei von DCM ist ein Entropium allenfalls zu tolerieren.

Die angestellten Überlegungen zeigen sehr deutlich, dass die Basis jeder züchterischen Strategie eine gründliche und populationsspezifische Analyse sein muss. Nur dann hat man die Voraussetzungen um die in der Population auftretenden Erkrankungen effizient bekämpfen zu können.

Schönheitsfehler

Was im Zusammenhang mit dem Krankheitswert noch zu bedenken ist: Schönheitsfehler haben einen Krankheitswert von „Null“. Leider werden immer noch viel zu viele Hunde wegen Schönheitsfehlern aus der Zucht ausgeschlossen. Was als Schönheitsfehler anzusehen ist, bedarf allerdings auch einer kritischen Betrachtung. Nicht jeder scheinbare Bagatellfehler ist tatsächlich ohne Krankheitsrelevanz. Als Beispiel seien die bei manchen Rassen recht häufig auftretenden Knickruten genannt. Auf den ersten Blick ist eine Knickrute ein reiner Schönheitsfehler, der für den betroffenen Hund ohne jede Auswirkung auf sein Wohlbefinden ist. Die Frage ist allerdings, was für eine anatomische Veränderung hinter einer Knickrute steckt. So kommen nach einer Übersichtsarbeit von Schawalder et al. (2010) als Ursache für eine Knickrute eine ganze Reihe von Veränderungen der Wirbel oder der Weichteile im Bereich der Schwanzwirbelsäule in Frage. Krankheitsrelevant sind diese Veränderungen aber nur dann, wenn es sich um Missbildungen der Wirbelkörper um Sinn von Block- oder Keilwirbeln handelt. Denn diese können auch in anderen Bereichen der Wirbelsäule auftreten, wo sie sowohl für den betroffenen Hund als auch für seine Nachkommen gesundheitliche Auswirkungen haben können. Hat daher ein für die Zucht vorgesehener Hund eine Knickrute, empfiehlt sich die Anfertigung einer Röntgenaufnahme, zunächst der Schwanzwirbelsäule, bei Vorliegen eines Block- oder Keilwirbels auch der übrigen Wirbelsäule. Wenn der Knickrute kein Block- oder Keilwirbel zugrunde liegt bzw. wenn die übrige Wirbelsäule keine Wirbelmissbildungen zeigt, kann der Hund zur Zucht eingesetzt werden.

Ein häufiger Zuchtausschlussgrund ist auch ein unvollständiges Gebiss. Auch hier ist zu überlegen ob bzw. wie sich das Fehlen der betroffenen Zähne auf die Gesundheit des Hundes auswirkt. Nach aktuellem tierärztlichem Wissensstand ist das Fehlen von einem oder mehreren P1 für den betroffenen Hund ohne Bedeutung (Tölle et al., 2004). Der Zuchtausschluss von sonst guten Hunden nur auf Grund fehlender P1 ist somit im populationsgenetischen Sinn als züchterische Verschwendung anzusehen. Diese Erkenntnis hat inzwischen sogar die FCI umgesetzt, die in ihrem Modellstandard

<http://www.fci.be/de/FCI-Standardkommssion-72.html>) im November 2014 die Empfehlung formuliert hat, fehlende P1 bzw. M3 nicht mehr als zuchtausschließenden genetischen Defekt zu sehen, sondern als normale evolutionsbedingte Veränderung.

Das Fehlen anderer Zähne, insbesondere der funktionell wichtigen Reiß- oder Eckzähne ist hingegen ein gesundheitlich relevanter Fehler mit geringem bis mittlerem Krankheitswert, bei dem, je nach der sonstigen Populationssituation, ein Zuchtausschluss gerechtfertigt ist.

Gesundheitlich ohne jede Relevanz sind häufige Zuchtausschlussgründe wie unerwünschte weiße Flecken, zu helle Augen oder Wechselnasen. Einen Hund wegen eines solchen Bagatellfehlers aus der Zucht auszuschließen grenzt an genetische Verschwendung. Leider kommt es viel häufig vor, dass ein Hund wegen einem Schönheitsfehler aus der Zucht ausgeschlossen wird, während in der gleichen Population tatsächlich gesundheitsrelevante Merkmale billigend in Kauf genommen werden.

Welche Zuchtziele sind in der Population sonst noch zu beachten?

In der Rassehundezucht sollte Gesundheit eine hohe Priorität haben. Diese wird auch nach außen hin sowohl von Zuchtverbänden als auch von Züchtern immer wieder kommuniziert. Leider liegt in der Praxis die höchste Priorität in den meisten Fällen auf dem Formwert. Ausstellungserfolge sind nach wie vor das höchste Ziel vieler Züchter und die Freude über ein Championat des eigenen Hundes ist sehr oft größer als die Freude über einen günstigen Screening-Befund. Die Berücksichtigung von Formwertmerkmalen hat natürlich ihre Berechtigung in der Rassehundezucht, denn diese definiert sich nun mal nach den äußeren Alleinstellungsmerkmalen einer Rasse. So darf, bei aller Bedeutung von Gesundheitsmerkmalen, die züchterische Berücksichtigung von Rassemerkmalen nicht ganz vernachlässigt werden. Dazu gehören nicht nur Formwertmerkmale, sondern auch, je nach Rasse, Leistungs- bzw. Wesensmerkmale.

Bei Formwertmerkmalen ergibt sich leider oft das Problem, dass eine typgerechte Ausbildung der Rassemerkmale direkt einen ungünstigen Einfluss auf die Gesundheit der Hunde hat. Davon wird im Kapitel Qualzucht noch ausführlich zu berichten sein. Aber auch dort, wo der Rassestandard gesundheitskonform ist, sollte eine übermäßige Gewichtung des Formwertes vermieden werden. Eines ist klar – der alte Spruch „nobody is perfect“ gilt auch in der Hundezucht. Jeder Hund hat kleinere oder größere Fehler, aber auch kleinere und größere Vorzüge. Und je mehr Merkmale gleichzeitig züchterisch bearbeitet werden sollen, umso unwahrscheinlicher ist es, dass ein Hund in allen Merkmalen vorzüglich ist. Es ist also in vielen Rassen gar nicht anders möglich, als in einzelnen Merkmalen Abstriche zu machen. Dabei sollte man die Sache auch ein wenig aus der Sicht der Hunde und ihrer späteren Besitzer betrachten, Wohl jeder Hund und wohl auch die meisten Besitzer würden lieber mit einem Formwertfehler als mit einer gesundheitlichen Beeinträchtigung leben.

Dort wo auch Wesensmerkmale bei der Selektion berücksichtigt werden sollen, ist zu bedenken, dass Wesen und Verhalten eines Hundes zu einem sehr großen Teil von der Umwelt geprägt werden. Dazu kommt, dass Wesenstests, die als Grundlage einer Selektionsentscheidung dienen, aus genetischer Sicht Schwachpunkte aufweisen, wie im Kapitel Verhaltensgenetik bereits ausführlich diskutiert wurde.

Die Berücksichtigung von Leistungsmerkmalen hingegen ist in Hinblick auf die Gesundheit in jedem Fall positiv zu sehen. Bei einem Hund, der die geforderte körperliche Leistung erbringt, kann bereits ein Teil der sonst häufigen Gesundheitsprobleme ausgeschlossen werden. Dabei sollte eine gute Leistung auf jeden Fall höher gewichtet werden als ein guter Formwert.

Wie hoch ist die Heritabilität der einzelnen bei der Selektion berücksichtigten Merkmale?

Eine wichtige Voraussetzung für den Selektionserfolg für ein bestimmtes Merkmal ist die Höhe der Heritabilität. Je höher die Heritabilität eines Merkmals ist umso größer der mögliche Selektionserfolg. Im Umkehrschluss heißt das aber, dass bei Merkmalen mit niedriger Heritabilität auch kein großer Selektionserfolg zu erwarten ist. Wenn also mehrere Merkmale gleichzeitig züchterisch bearbeitet werden sollen, macht es wenig Sinn, solche mit niedriger Heritabilität mit hoher Priorität mit zu berücksichtigen. Wie oben erwähnt sind z.B. Wesensmerkmale bzw. Ergebnisse von Wesenstests eher niedrig heritabel. Im Rahmen eines Selektionsindex sollten solche Merkmale daher niedrig bzw. in Anpassung an populationsspezifisch ermittelte Heritabilitätswerte gewichtet werden.

Wie groß ist die Population?

Die Größe einer Population steht in direkter Relation zu der möglichen Selektionsintensität. Dabei ist die Größe der effektiven Zuchtpopulation entscheidend, also die Zahl der tatsächlich zur Zucht zur Verfügung stehenden Rüden und Hündinnen. Leider gehen sehr viele Hunde der Zucht verloren, weil die Besitzer kein Interesse oder keine Möglichkeit haben mit ihrem Hund zu züchten. Die effektive Zuchtpopulation ist daher immer sehr viel kleiner als die Gesamtzahl der Hunde einer Rasse. Die oft als Maß für die Populationsgröße angegebene Zahl der pro Jahr eingetragenen Welpen sagt somit nicht viel über die effektive Zuchtpopulation aus.

Ein häufiges Problem der Rassehundezucht ist die Reduzierung der effektiven Zuchtpopulation durch den übermäßigen Einsatz einzelner Rüden. Die damit verbundene Reduzierung der genetischen Varianz reduziert in den Folgegenerationen die Möglichkeiten der Selektion.

Der Zusammenhang zwischen Populationsgröße und Selektion ist somit ganz klar. Je größer eine Population ist, umso intensiver kann selektiert werden, In einer großen Zuchtpopulation können somit auch mehrere Merkmale gleichzeitig züchterisch bearbeitet werden. In einer kleinen Zuchtpopulation ist das in den meisten Fällen nicht mehr möglich. Allerdings führt auch in großen Zuchtpopulationen Selektion zwangsläufig zu einer Reduzierung der genetischen Vielfalt. Intensive Selektionsmaßnahmen sind daher immer nur als vorübergehende Maßnahme geeignet.“

4.4 Strategische Zuchtplanung (Selektionsstrategien und Paarungsstrategien)

Der folgende Text wurde aus dem Buch „Rassehundezucht – Genetik für Züchter und Halter“ von Irene Sommerfeld-Stur übernommen (Seite 283 – 288):

„Strategische Zuchtplanung betrifft sowohl Überlegungen zur Selektion einzelner Zuchttiere als auch Überlegungen zur gezielten Anpaarung:

Selektionsstrategien

Die rassespezifische Vorgehensweise zur Festlegung einer effizienten Selektionsstrategie ergibt sich aus der Analyse der vorher diskutierten Punkte. Im Idealfall führen diese Überlegungen zur Erstellung eines Selektionsindex, in dem die einzelnen Merkmale entsprechend ihrem Krankheitswert, ihrer Prävalenz und ihrer Heritabilität gewichtet werden. Dabei sind Merkmale mit hohem Krankheitswert, mit hoher Heritabilität und hoher Prävalenz entsprechend hoch zu gewichten. Bedacht werden muss in jedem Fall, dass bei Berücksichtigung von mehreren Merkmalen bei der Selektion der Selektionserfolg für jedes einzelne Merkmal sinkt. Sinnvollerweise sollten daher nur oder vorwiegend Merkmale mit ausreichend hoher Heritabilität berücksichtigt werden. Die gleichen Überlegungen gelten auch, wenn kein rechnerischer Selektionsindex erstellt wird.

Was Hundezüchtern nicht oft genug ans Herz gelegt werden kann, ist die Empfehlung, bei der Selektion gesundheitsrelevante Merkmale sowie körperliche Leistungsfähigkeit höher zu gewichten als reine „Schönheitsmerkmale“. Es ist züchterische Verschwendung, gesunde Hunde, die dem Rassebild grundsätzlich entsprechen, wegen Bagatellfehlern aus der Zucht zu nehmen. Genauso ist es aber kaum zu verantworten, Hunde mit tatsächlich krankheitsrelevanten Merkmalen in der Zucht einzusetzen. Wenn Rassehunde wegen einem fehlenden P1 ein Zuchtverbot bekommen, gleichzeitig aber Hunde mit leichter HD in der Zucht eingesetzt werden, dann läuft in der Hundezucht etwas gewaltig schief.

Ein weiterer wichtiger Punkt bei der Selektion ist die Frage, mit welcher Sicherheit eine Differenzierung zwischen zuchttauglichen und nicht tauglichen Hunden getroffen werden kann. Verfügbare Screening-Methoden sollten daher auf ihre Aussagesicherheit überprüft werden. Wenn molekulargenetische Diagnoseverfahren verfügbar sind, sollten sie auch genutzt werden. Es ist fast als fahrlässig anzusehen, wenn für einen in der Population prävalenten Defekt ein aussagesicherer Gentest verfügbar ist und dieser vom Zuchtverband nicht genutzt wird.

Um eine möglichst effiziente Selektion zu ermöglichen, macht es Sinn nicht nur den Phänotyp der Zuchttiere als Selektionsgrundlage heranzuziehen. Die Berechnung von Zuchtwerten auf der Basis der Phänotypen verwandter Tiere erlaubt eine Einschätzung der genetischen Belastung von Zuchttieren. Die Verwendung von Zuchtwerten im Rahmen der Selektion macht aber nur dann Sinn, wenn diese Zuchtwerte auch eine aussagekräftige Information liefern. Das setzt voraus, dass zur Berechnung der Zuchtwerte ausreichend viele und nicht vorselektierte Informationen von verwandten Tieren verfügbar sind. Auch ohne die aufwändige Berechnung von Zuchtwerten können Informationen von Verwandten zur Abschätzung der genetischen Belastung verwendet werden. Tritt z.B. in einem Wurf ein Nachkomme mit einem bestimmten Defekt auf, sind, je nach dem Erbgang, die Eltern als genetisch belastet anzusehen. Ein weiterer Zuchteinsatz der Eltern von kranken Nachkommen bedeutet eine bewusste Inkaufnahme des Auftretens

weiterer Krankheitsfälle bei den nächsten Nachkommen. Wenn überhaupt, sollte ein weiterer Zuchteinsatz in diesem Fall zumindest mit einem anderen, möglichst wenig verwandten Paarungspartner erfolgen.

Paarungsstrategien

Die Auswahl des richtigen Paarungspartners ist neben der Selektionsentscheidung für oder gegen einen einzelnen Hund ein weiteres Standbein des züchterischen Erfolges. Denn beide Paarungspartner tragen je zur Hälfte zum Genotyp der Nachkommen bei. Nach den heutigen Erkenntnissen der Epigenetik sind es zudem nicht nur die Gene des Paarungspartners, die die Nachkommen mitformen, auch seine positiven und negativen Erfahrungen tragen einen Teil zur Entwicklung der Nachkommen bei.

Zunächst ist es wichtig, dass für den Paarungspartner diejenigen Informationen vorliegen, die die Zuchtordnung des jeweiligen Zuchtverbandes vorschreiben. Das ist bei Rüden aus dem gleichen Zuchtverband im Normalfall kein Problem. Will man aber einen Rüden aus einem anderen Zuchtverband oder aus einem anderen Land einsetzen, kann das schwierig sein. Die Probleme der oft fehlenden internationalen Vergleichbarkeit von Screening-Befunden, speziell im Zusammenhang mit der HD-Diagnostik, wurden ja schon an anderer Stelle ausführlich besprochen.

Probleme gibt es aber auch immer dann, wenn der eigene Zuchtverband eine bestimmte Untersuchung vorschreibt, der ausländische Verband, bei dem der Wunschrüde eingetragen ist, aber nicht.

Es wäre somit ein Anliegen zumindest an die FCI, die Bedingungen für Screening-Untersuchungen in den Rasseverbänden der Mitgliedsländer so weit zu vereinheitlichen, dass eine sinnvolle Nutzung von Paarungspartnern aus verschiedenen Ländern möglich ist. Im Sinne des Erhaltes bzw. der Erweiterung der genetischen Varianz der Rassepopulationen ist ja der Einsatz fremder Rüden absolut begrüßenswert.

Bei der Wahl des Paarungspartners sollte immer auch die Gesamtpopulation im Auge behalten werden. So verständlich der Wunsch eines Züchters ist, den besten Rüden für die eigene Hündin einzusetzen, so verhängnisvoll für die Population ist dieser Wunsch, wenn ihm viele Hündinnenbesitzer nachkommen. Denn dann ist die Grundlage für einen Popular Sire mit allen negativen Konsequenzen für die Population gegeben. Zur Erinnerung: Ein Popular Sire ist ein im Übermaß eingesetzter Rüde. Das Popular Sire-Syndrom bezeichnet die Konsequenzen des zu häufigen Zuchteinsatzes einzelner Rüden und umfasst einen Anstieg des Inzuchtniveaus sowie die Gefahr der Verbreitung rezessiver Defektgene. In diesem Zusammenhang muss man sich bewusst sein, dass so gut wie jeder Hund ein oder mehrere rezessive Defektgene trägt. Das können alte Mutationen sein, die oft über viele Jahre oder Jahrzehnte unerkannt in der Population von einer Generation an die nächste weitergegeben worden sind, oder auch neuere, die erst vor kurzer Zeit stattgefunden haben. Wird ein Träger einer solchen Mutation häufig zur Zucht verwendet, verbreiten sich solche Mutationen so rasch in der Population, dass es nach relativ kurzer Zeit dazu kommt, dass zwei Anlageträger miteinander verpaart werden und die ersten Merkmalsträger auftreten. Da die entsprechende Mutation inzwischen eine hohe Frequenz in der Population hat, treten die Krankheitsfälle dann oft, zum Schrecken der Züchter, explosionsartig auf. Dieses in letzter Zeit immer wieder in Hunderassen beobachtete überraschende und häufige Auftreten von „neuen“ genetischen Defekten hätte sich verhindern lassen, wenn in früheren Generationen der Einsatz von Popular

Sires vermieden worden wäre. Es liegt somit auch im Verantwortungsbereich jedes einzelnen Züchters bei der Suche nach einem passenden Rüden, die bisherige Verwendung des Wunschrüden zu beachten und Abstand zu nehmen, wenn dieser Rüde bereits zahlreiche Nachkommen hat.

Viele Zuchtverbände haben bereits in der Zuchtordnung eine Decklimitierung für Rüden vorgesehen – eine sinnvolle und effektive Maßnahme im Kampf gegen einen zu hohen Anstieg des Inzuchtniveaus und gegen eine zu starke Verbreitung von Defektgenen. Die praktische Umsetzung der Decklimitierung setzt allerdings voraus, dass genügend für die Zucht geeignete Rüden zur Verfügung stehen. Das wiederum setzt voraus, dass genügend Rüdenbesitzer bereit sind, ihre Rüden zum Decken zur Verfügung zu stellen. Anders als die Besitzer von Hündinnen, die ja für ihren Einsatz auch mit dem Erlebnis der Welpenaufzucht belohnt werden, bleibt dem Rüdenbesitzer neben der Decktaxe allenfalls der emotionale Stolz darüber, dass sein Rüde Vater wird. Eine Motivation, die oft zu schwach ist, um die Mühen der Zuchtzulassung auf sich zu nehmen. Es ist zugegebenermaßen schwierig, hier einen goldenen Mittelweg zwischen konsequenter Selektion einerseits und akzeptablen Ansprüchen an Zuchtrüden zu finden.

Die Auswahl des Paarungspartners sollte sich nach dem erwünschten Phänotyp bzw. Genotyp der Nachkommen richten. Dabei sollte aber nicht das häufig eingesetzte Prinzip „Champion mal Champion ergibt Champion“ die Grundlage der Überlegungen sein. Abgesehen davon, dass diese Rechnung nur in den wenigsten Fällen aufgeht, liegt es auf der Hand, dass es nicht nur Champions geben kann. Das Ziel sollte vielmehr sein, die grundsätzlich dem Rassestandard entsprechen, und die keine gesundheitlichen Probleme haben. Der Rassestandard bezieht sich dabei auf körperliche Merkmale einerseits aber andererseits auch auf rassetypische Verhaltensmerkmale. Hunde zu züchten, die in Bezug auf ihre körperlichen Merkmale im Rahmen des Rassestandards liegen, ist kein besonderes Problem. Körperliche Merkmale sind im Allgemeinen hoch heritabel und Hunde einer Rasse in den meisten Fällen in Bezug auf die Formwertmerkmale so weit durchgezüchtet, dass bei der Paarung von zwei standardkonformen Hunden Nachkommen zu erwarten sind, die ebenfalls grundsätzlich dem Rassestandard entsprechen. Bei Verhaltensmerkmalen ist die Sache nicht mehr ganz so einfach. Rassetypische Leistungsmerkmale, wie z.B. Vorstehen, Apportieren, Hüten, Spurlaut etc. sind im Allgemeinen ebenfalls in der jeweiligen Rasse genetisch weitgehend fixiert. Allgemeinere Merkmale, wie die unter dem Begriff Sozialverhalten zusammengefassten Verhaltensmerkmale, zeigen innerhalb der Rassen eine größere Varianz, und sind auch zu einem großen Teil von Umwelteinflüssen abhängig.

Hier sind es vor allem Erkenntnisse aus dem Bereich der Epigenetik, die sich in praktische züchterische Empfehlungen umsetzen lassen. Denkt man an die bereits an anderer Stelle zitierte Studie über die Angstkonditionierung von männlichen Mäusen, deren Nachkommen auch ohne vorherige Konditionierung Angstreaktionen auf bestimmte Geruchsreize zeigten (Dias and Ressler, 2014), dann zeigt sich die enorme Wichtigkeit, die dem Haltungsumfeld der Hündin aber auch des Rüden vor und um den Zeitpunkt des Deckaktes zukommt. Bei der Wahl eines Deckrüden sollte somit, neben seinen sonstigen Merkmalen auch die Haltung des Rüden Beachtung finden.

Der Schwerpunkt bei der Wahl des Paarungspartners sollte wiederum auf dem Aspekt der Gesundheit der Nachkommen liegen. Hier bieten moderne Verfahren sowohl aus dem Bereich der Populationsgenetik als auch der Molekulargenetik die Möglichkeit, für eine Hündin den am besten passenden Rüden auszuwählen. In vielen Rassen ist es schon seit

längerer Zeit üblich, Anpaarungsempfehlungen auf der Basis des Inzuchtkoeffizienten (IK) bzw. des Ahnenverlustkoeffizienten (AVK) zu geben. Das ist eine sinnvolle und nützliche Methode, sie sollte allerdings nicht als einziges Entscheidungskriterium genutzt werden. Beachtet werden sollte dabei zudem, dass eine ausreichende Anzahl an Ahnengenerationen für die Schätzung berücksichtigt wird. Auch molekulargenetische Marker lassen sich im Rahmen der Auswahl von Paarungspartnern einsetzen, sie ermöglichen sogar eine genauere und individuellere Einschätzung des Homozygotiegrades als die Berechnung von Inzucht- oder Ahnenverlustkoeffizient (Kardos et al., 2015).

Eine weitere Möglichkeit der gezielten Auswahl eines passenden Paarungspartners bietet die Zuchtwertschätzung auf der Basis von Verwandteninformationen. Vorausgesetzt für die Zuchtwertschätzung steht eine repräsentative Stichprobe der Verwandten zur Verfügung, lassen sich damit optimale Paarungen für verschiedene Merkmale ermitteln. Auch die in Zukunft wohl an Bedeutung gewinnende genomische Zuchtwertschätzung kann nicht nur im Rahmen der Selektionsentscheidung bei Einzeltieren eingesetzt werden, sondern ist auch eine gute Möglichkeit zur Auswahl eines passenden Paarungspartners.

Bei Merkmalen, für die ein einzelner DNA-Test angeboten wird, bietet dieser ebenfalls eine gute Möglichkeit zur richtigen Anpaarung. Sei es, dass eine rezessive kausale Mutation eines genetischen Defekt nachgewiesen werden kann, sei es, dass für ein Merkmal der Farbe oder der Fellqualität der Genotyp ermittelt werden kann. Mit Hilfe von Gentests lassen sich Paarungen so planen, dass bei den Nachkommen ein unerwünschter Genotyp auszuschließen ist. Dabei müssen nicht unbedingt beide Paarungspartner homozygot für das erwünschte Allel sein. Ist zumindest einer der beiden Paarungspartner homozygot für das dominante Normalgen, kann der andere Paarungspartner jeden beliebigen Genotyp haben, ohne dass für die Nachkommen die Gefahr besteht, dass Merkmalsträger eines Defektes oder einer unerwünschten Haar- oder Farbvariante auftreten. Im Sinne der Erhaltung der genetischen Varianz kann es somit, speziell bei Defektgenen mit hoher Frequenz in der Population, durchaus sinnvoll sein, vorübergehend auch heterozygote Anlageträger, oder, falls medizinisch vertretbar, sogar homozygote Merkmalsträger in der Zucht einzusetzen und so zu verpaaren, dass bei den Nachkommen keine Merkmalsträger auftreten können.

Nicht zuletzt erscheint es auch sinnvoll den beteiligten Hunden selbst ein gewisses Mitspracherecht bei der Verpaarung einzuräumen. Wie z.B. von Spatzen bekannt (Griggio et al., 2011) suchen Weibchen ihre Paarungspartner nach Unterschieden in den immunologisch so wichtigen MHC-Genen aus. Bedenkt man die Häufung von immunologischen Erkrankungen in den zum Teil hoch ingezüchteten Hundepopulationen, so wäre eine Berücksichtigung dieses Gensystems bei der Paarung, entweder auf der Basis molekulargenetischer Untersuchungen oder der Sympathie zwischen Rüden und Hündin zu empfehlen.“

5 Genetische Grundlagen für die Zucht von Hunden

Genetische Grundlagen und Fachbegriffe werden hier kurz erklärt und auch manche Zusammenhänge beschrieben. Wenn die Informationen über allgemein bekanntes Grundwissen hinausgehen, erfolgt eine Quellenangabe - wegen der besseren Lesbarkeit mit einer Hochzahl/Fußnote am Ende der Textpassage. Die jeweilige Hochzahl ist am Ende dieses Dokuments im Kapitel 6 (Quellenverzeichnis) mit einer Literaturangabe verknüpft. Lesen Sie daher bei Interesse in den zitierten Büchern weiter.

5.1 Genetische Grundbegriffe

Die **Zelle** ist die kleinste Bau- und Funktionseinheit im Organismus aller höher entwickelten Lebewesen. Im **Zellkern** ist die gesamte von den Eltern übertragene Erbinformation vorhanden. Diese liegt auf den **Chromosomen**, die aus der chemischen Grundsubstanz DNA bestehen und immer in gerader Anzahl vorliegen. Die Hälfte der Chromosomen eines Individuums stammt von der Mutter, die andere Hälfte vom Vater. Der Hund besitzt 39 Chromosomenpaare, die bis auf 1 Paar (das das Geschlecht des Tieres festlegt) in Form und Größe einander entsprechend (gleich) sind. Die Einheit auf dem DNA-Strang ist ein **Gen**, das Grundinformationen für die Entwicklung von Eigenschaften eines Individuums enthält.

Nicht nur die Chromosomen, auch die Gene darauf sind immer paarweise anzutreffen. Zu jedem Gen gehört auf einem **Genort** (Genlocus) ein ihm entsprechendes, zugehöriges Gen (auch „Partnergen“ oder „**Allel**“ genannt). Sind die beiden Allele identisch, dann spricht man von einem **homozygoten** (reinerbigen) Genort, sind sie unterschiedlich, dann handelt es sich um einen **heterozygoten** (mischerbigen) Genort. Die Kombination von zwei Allelen an einem Genort wird als **Genotyp** bezeichnet. Im Unterschied dazu bezeichnet der **Phänotyp** die sichtbare Ausprägung eines einzelnen Genortes bzw. ein körperliches Merkmal eines Individuums.

(Anm.: Im Buch von Ingrid Hansen „Vererbung beim Hund – Das Handbuch für Züchter und Halter“³⁾ findet man eine detaillierte Darstellung der Kombinationsmöglichkeiten für den Genort der Nachkommen, je nach Rein- oder Mischerbigkeit der Elterntiere, auf den Seiten 31-36.)

Obwohl es an einem Genort immer nur zwei Allele geben kann, können insgesamt doch mehr als zwei verschiedene Allele in einer Population vorkommen und sich vielfältig kombinieren (immer 2 von ihnen). Man nennt diese dann „**multiple Allele**“.

„Unterdrückt“ ein Allel sein Partnergen, sodass das andere phänotypisch nicht zur Wirkung kommen kann, dann bezeichnet man es als „**dominant**“. Das unterdrückte Partnergen wird „**rezessiv**“ genannt (z.B. wird ein Hund bei einem Allel für Kurzhaarigkeit und einem Allel für Langhaarigkeit immer kurzhaarig sein, weil das Kurzhaar-Gen dominant ist).

Die Verteilung der Gene vom Mutter- und vom Vatertier an die Nachkommengeneration erfolgt nach bestimmten, festen Gesetzmäßigkeiten, die von den **Mendelschen Regeln** beschrieben werden: ³⁾

Die Uniformitätsregel (1. Mendelsche Regel):

Alle Nachkommen sind gleich, wenn die Elterntiere homozygot sind (wobei ein Elternteil homozygot dominant sein muss, der andere Elternteil homozygot rezessiv).

Eltern: **WW** (homozygot dominant) und **ww** (homozygot rezessiv)

Alle Nachkommen: **Ww** (heterozygot)

Praktische Anwendungen in der Hundezucht sind z.B. die Linienzucht und die genetisch fixierten Rassemerkmale oder auch das Prinzip der Designerdogs. ⁶⁾

Die Spaltungsregel (2. Mendelsche Regel):

Wenn man die heterozygoten Nachkommen der F1-Generation untereinander verpaart, so verteilen sich die Merkmale der beiden Elternteile in einem bestimmten Zahlenverhältnis - (1 : 2 : 1) in der F2-Generation.

Alle Elterntiere: **Ww** (heterozygot)

Nachkommen: 25% **WW** (homozygot dominant)

50% **Ww** (heterozygot)

25% **ww** (homozygot rezessiv)

Einerseits zeigt dieses Gesetz, dass man aus heterozygoten Hunden reinerbige Rassen herauszüchten kann³⁾, andererseits birgt es aber auch eine Tücke in sich, dass nämlich aus zwei gesunden Elterntieren Nachkommen mit einem Defektgen geboren werden können. ⁶⁾

Die Unabhängigkeitsregel (3. Mendelsche Regel):

Werden Hunde gekreuzt, die sich in mehr als einem Merkmal unterscheiden, so werden die einzelnen Merkmale unabhängig voneinander und nach dem 1. + 2. Mendelgesetz vererbt. Es kommt daher zu Neukombinationen der Gene (bei etwa 20.000 Genorten beim Hund sind dies unzählige Kombinationsmöglichkeiten). Diese Regel hat Bedeutung bei der Neuzüchtung von Rassen.³⁾

Man spricht von **Rückkreuzungen**, wenn man die heterozygote Nachkommengeneration F1 (der 1. Mendelschen Regel) wieder mit Tieren, die dieses Merkmal homozygot tragen, paart. Die Hälfte der Tiere ist dann heterozygot, die andere Hälfte homozygot (dominant oder rezessiv, je nach Elterntier).

Obwohl der Genaustausch bei der geschlechtlichen Fortpflanzung (auch „**Crossing over**“) einem reinen Zufallsprinzip folgt, ist die Wahrscheinlichkeit einer Neukombination dabei doch vom physikalischen Abstand zwischen 2 Genen entscheidend. Bei Genen, die nahe beieinanderliegen (man spricht dann von „**gekoppelten Genen**“), ist die Wahrscheinlichkeit eines Crossing over gering, sie werden praktisch immer miteinander vererbt.

Als **Polygene** wiederum werden Gene bzw. Allele benannt, die sich gegenseitig ergänzen und dabei zu quantitativen Veränderungen von Merkmalen führen. Die Polygenie ist umso ausgeprägter, je mehr Gene für die Eigenschaft bzw. das Merkmal vorhanden sind.⁵⁾⁶⁾

Die **Heritabilität** ist derjenige Anteil von Merkmalen, der allein auf die Genwirksamkeit zurückzuführen ist (im Unterschied zum Einfluss der Umwelt). Die Heritabilität ist also ein Maß für den genetischen Anteil an der phänotypischen Ausprägung eines Merkmals oder anders ausgedrückt – ein Maß für die Erbllichkeit von Eigenschaften. Sie wird mit h^2 abgekürzt und in Prozent angegeben (0-100% bzw. 0-1).

Eine hohe Heritabilität haben alle Merkmale des Körperbaus, z.B. das Größenwachstum ($h^2 > 0,45$), eine geringe Heritabilität haben z.B. die Fruchtbarkeit oder i.d.R. auch Wesensmerkmale ($h^2 < 0,15$). Die Maßzahl ist keine Naturkonstante, sondern kann von Population zu Population variieren und gilt auch nur für den Zeitpunkt der Schätzung (für eine Generation).⁵⁾⁶⁾

5.2 Populationsgenetik

Als **Population** wird eine Gruppe von Tieren bezeichnet, die gemeinsam züchterisch bearbeitet werden (diese wird auch Zuchtbasis genannt). Die Auswirkungen der genetischen Veränderungen durch die Zucht sind umso ungünstiger, je kleiner und abgeschlossener die Population ist.⁵⁾

In **offenen** Zuchtpopulationen findet immer wieder ein Austausch/eine Einkreuzung mit anderen Populationen (Rassen) statt (wie z.B. in der Pferdezucht), in **geschlossenen** Zuchtpopulationen ist dies nicht der Fall. (i.d.R. in der Hundezucht). Der Genpool wird noch weiter eingengt, wenn es bei einer Rasse in den spezifischen Zuchtpopulationen der Länder große Unterschiede in den Zuchtregeln gibt oder wenn z.B. nur ganz konkrete Farbschläge in einer Rasse vorkommen sollen.⁵⁾

Die Zuchtbasis einer Hunderasse darf nicht zu klein sein, da sonst die Existenz der Rasse gefährdet und ein Weiterbestand nicht möglich ist.³⁾ Dabei sind in der Zuchtbasis nicht alle Tiere einer Rasse gleich relevant, sondern nur die zur Zucht eingesetzten Tiere („**effektive Zuchtpopulation**“) und hier ist v.a. der Anteil der Rüden bestimmend. Als Faustformel gilt, dass die genetisch effektive Population nie größer als viermal die Zahl der Deckrüden ist (ganz egal, wie viele Hündinnen auch gedeckt werden).⁶⁾ Dazu hat Sewall Wright 1931 eine Formel entwickelt:

$$N_{\text{eff}} = 4 * (n_m * n_w) / (n_m + n_w)$$

N_{eff} = effektive Zuchtpopulation

n_m = Zahl der Rüden

n_w = Zahl der Hündinnen

* bedeutet „mal“ (Multiplikation)

/ bedeutet „durch“ (Division)

Übersichtstabelle: effektive Populationsgröße in Abhängigkeit von der Zahl der Zuchtrüden und Zuchthündinnen.⁶⁾

Anzahl Rüden	1	5	10	20	50	100
Anzahl Hündinnen						
5	3	10				
10	4	13	20			
20	4	16	27	40		
30	4	17	30	48		
50	4	18	33	57	100	
100	4	19	36	67	133	200
200	4	20	38	73	160	267
500	4	20	39	77	182	333
1000	4	20	40	78	190	364

Quelle: Sommerfeld-Stur, Rassehundezucht (2016)

Die effektive Zuchtpopulation ist dabei ein Maß für die **genetische Varianz**. Diese beschreibt die Bandbreite der phänotypischen Ausprägungen eines Gens bei Lebewesen - im weiteren Sinne auch die Bandbreite der genetischen Vielfalt und deren Ausprägungen innerhalb einer Population und somit die Fähigkeit einer Population, auf sich verändernde Umwelteinflüsse zu reagieren. Neben anderen Gesichtspunkten soll bei der Verpaarung zumindest auf die Aufrechterhaltung oder besser auf die Erweiterung der genetischen Varianz geachtet werden. Wichtig ist dabei eine vernünftige Steuerung des Einsatzes von Deckrüden, um einer genetischen Verarmung entgegenzuwirken.⁵⁾

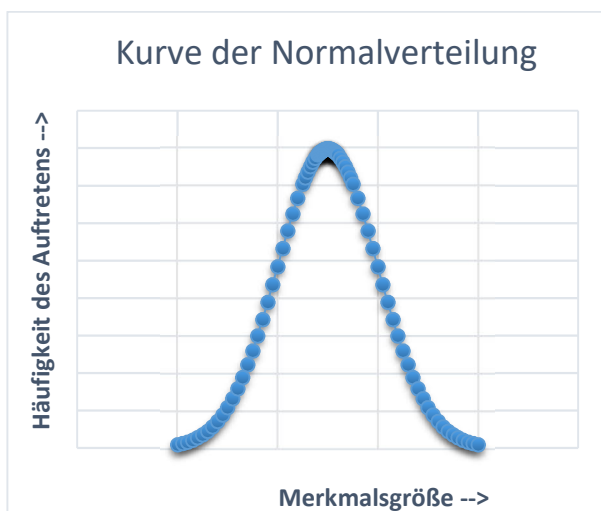
Die effektive Populationsgröße wird vermindert durch:

- „Popular Sire-Syndrom“
Das ist der übermäßige Einsatz einzelner Rüden. Für den Teil der Hündinnen, die von diesen Rüden gedeckt werden, ist die effektive Populationsgröße max. nur viermal die Anzahl der Rüden (siehe oben). Verstärkt wird das Problem noch, wenn die Söhne von „Popular Sires“ ebenfalls sehr häufig zur Zucht verwendet werden.⁶⁾
- Zu kleine Population:
Eine Population ist nur dann langfristig überlebensfähig, wenn die effektive Zuchtpopulation mindestens 50 Tiere umfasst. Dies ist die untere Schranke, in diesem Fall kann die Population noch saniert werden, allerdings müssen mindestens 13 Rüden – gleichmäßig - eingesetzt werden.⁶⁾
- Genetischer Flaschenhals:
Die Zahl der zur Zucht eingesetzten Tiere wird drastisch reduziert (zB: war dies der Fall nach den Weltkriegen). Damit sinkt auch wieder die genetische Varianz, die sich nicht mehr vergrößern lässt in einer geschlossenen Population.⁶⁾
- Founder Effect:
Aus einer kleinen Anzahl an Tieren wird eine neue Rasse gegründet, die genetische Varianz der Gründertiere ist alles, was den weiteren Generationen zur Verfügung steht.⁶⁾

Eine Verbesserung der genetischen Situation kann erreicht werden durch:

- Eine konsequente Beschränkung des Deckeinsatzes der Rüden:
Junge Rüden sollten zu Beginn nur eine geringe Anzahl von Deckeinsätzen absolvieren und erst nach einer angemessenen Nachkommen-Überprüfung mit positivem Ergebnis für weitere (wenige) Deckakte verwendet werden dürfen.¹⁾ Auf einen Rüden sollten nicht mehr als etwa 5% der Welpen einer Generation zurückgehen.⁶⁾
- Doppelung von Ahnen:
Werden in der Zuchtpartnerwahl in den ersten drei Generationen keine doppelt auftretenden Ahnen zugelassen, kann auch das die genetische Situation wesentlich und dauerhaft verbessern.¹⁾

Hinsichtlich der Merkmale im Phänotyp kann man zwischen quantitativen und qualitativen Merkmalen unterscheiden. **Quantitative Merkmale** sind zählbar und messbar und es gilt die Annahme, dass kontinuierliche Merkmale (z.B. die Größe) „normalverteilt“ sind. Durch den Mittelwert und die Streuung (Standardabweichung) kann eine Normalverteilung vollständig beschrieben werden.⁹⁾



Die meisten Merkmalswerte liegen um den Mittelwert in der Population, die Häufigkeit der Werte nimmt mit dem Abstand vom Mittelwert immer mehr ab. Liegt der Großteil der Werte sehr eng um den Mittelwert, bedeutet das, dass die Population bezogen auf dieses Merkmal viel mehr durchgezüchtet ist (als z.B. eine andere Population mit einer weiteren Verteilung) und daher eine geringe phänotypische und genetische Varianz aufweist. Eine Veränderung durch züchterische Maßnahmen ist in diesem Fall viel schwieriger.

Qualitative Merkmale haben entweder zwei Ausprägungsmöglichkeiten (im Hund vorhanden oder eben nicht) oder mehrere Ausprägungsmöglichkeiten (z.B. verschiedene Fellfarben).⁶⁾

5.3 Faktoren, die genetische Verarmung bewirken:

Jede Form von Selektion führt zu Veränderungen der genetischen Zusammensetzung einer Population, zu Veränderungen der Genfrequenzen, der Genotypen-Frequenzen, der Häufigkeit von qualitativen Merkmalen und von Mittelwert und Varianz von quantitativen Merkmalen. Selbst in einer Population, in der keinerlei Selektion stattfindet, kommt es zu Veränderungen in Form der genetischen Drift.⁶⁾

5.3.1 Die genetische Drift

Als genetische Drift werden die rein zufälligen Schwankungen in den Allelhäufigkeiten bezeichnet. Die Elterntiere können immer nur eines ihrer beiden Allele weitergeben, dieses wird „rein zufällig“ ausgewählt. Bei großen Populationen wird sich dieser Zufall „ausgleichen“, es wird also zu 50% das eine Allel weitergegeben werden und zu 50% das andere Allel. Je kleiner allerdings die effektive Zuchtpopulation ist, desto eher werden Abweichungen von dieser 50/50-Aufteilung auftreten. Das kann sogar so weit gehen, dass ein Allel eines Allelpaares ganz verloren geht und nur mehr das andere vorhanden ist (homozygoten Allelpaar; man nennt dies auch „Fixierung“). Allelverlust bedeutet daher Inzucht-Anstieg durch vermehrte Homozygotie.⁷⁾

Den **relativen Anstieg des Inzuchtniveaus** kann man aus der Anzahl der weiblichen und männlichen Zuchttiere berechnen (dies ist ebenfalls eine Formel von Wright, 1931):⁶⁾

$$\Delta F = (1/8) \cdot n_m + (1/8) \cdot n_w$$

ΔF = relativer Anstieg des Inzuchtniveaus

n_m = Anzahl der Rüden

n_w = Anzahl der Hündinnen

* bedeutet „mal“ (Multiplikation)

Übersichtstabelle: Relativer Inzuchtanstieg in Abhängigkeit von der Zahl der Rüden und Hündinnen ⁶⁾

Anzahl Rüden	1	5	10	20	50	100
Anzahl Hündinnen						
5	15,00%	5,00%				
10	13,75%	3,75%	2,50%			
20	13,13%	3,13%	1,88%	1,25%		
30	12,92%	2,92%	1,67%	1,04%		
50	12,75%	2,75%	1,50%	0,88%	0,50%	
100	12,63%	2,63%	1,38%	0,75%	0,38%	0,25%
200	12,56%	2,56%	1,31%	0,69%	0,31%	0,19%
500	12,53%	2,53%	1,28%	0,65%	0,28%	0,15%
1000	12,51%	2,51%	1,26%	0,64%	0,26%	0,14%

Quelle: Sommerfeld-Stur, Rassehundezucht (2016)

Aus der Tabelle ist der deutliche Inzuchtanstieg in Abhängigkeit von der Anzahl der Rüden erkennbar. Daraus lässt sich ableiten:⁶⁾

- Auch noch so viele Hündinnen können die Wirkung des Einsatzes von nur wenigen Rüden nicht kompensieren. Die übermäßige Verwendung einzelner Rüden ist somit eine der Hauptursachen für einen Inzuchtanstieg in Rassepopulationen.
- Ein einzelner „Popular Sire“ lässt das Inzuchtniveau für seine Nachkommen pro Generation um mindestens 12,5% ansteigen.
- Als maximal akzeptabler Inzuchtanstieg pro Generation wird ein Wert von 0,5-1% angesehen (das entspricht einer effektiven Populationsgröße von 50-100, das wären 20-50 Rüden, die gleichmäßig eingesetzt werden).

In letzter Konsequenz tendieren Allele immer dazu, verloren zu gehen oder ihr Gegenstück, das andere Allel völlig zu verdrängen. Die Heterozygotie würde daher mit der Zeit verschwinden, sofern keine Einkreuzung vorkommt oder eine Selektion auf Heterozygotie stattfindet. Das Vorhandensein von mehreren Allelen lässt den Hund besser mit Anforderungen der Umwelt umgehen, bedeutet aber auch weniger Risiko, an einer Erbkrankheit zu leiden.⁷⁾

5.3.2 Inzucht

Nicht nur die genetische Drift, auch aktive Inzucht führt zu einem Anstieg der Homozygotie bzw. des Inzuchtniveaus. Als **Inzucht** bezeichnet man das Verpaaren verwandter Tiere, welches zu einer Vereinheitlichung der Erbsubstanz führt.⁵⁾ Da aber recht viele Hunderassen auf nur wenige Ausgangstiere zurückgehen und daher „irgendwie“ miteinander verwandt sind, passt eine allgemeinere Definition besser: „Inzucht ist die gezielte Verpaarung von Hunden, die näher miteinander verwandt sind als der Durchschnitt der Rasse und deshalb gemeinsame Vorfahren besitzen.“³⁾

Inzucht (Homozygotie) darf nicht generell verdammt werden, denn mit ihr kann man schon nach wenigen Generationen ein gewünschtes Merkmal phänotypisch etablieren. Doch leider bilden sich mit ihr auch unerwünschte Gene in homozygotem Zustand heraus („Erbfehler“, rezessive Defektgene).¹⁾ Die genetische Vielfalt wird eingeschränkt, was eine **Inzuchtdepression** begünstigen kann. Typische Folgen sind z.B. Immunschwächen, ein geringer Belegungserfolg und ganz allgemein ein Rückgang von Fitness und Vitalität.¹⁾

Das Inzuchtniveau kann auf drei verschiedene Arten bestimmt werden und zwar mittels:

- i. Inzuchtkoeffizient (IK)
- ii. Ahnenverlustkoeffizient (AVK)
- iii. genetischer Marker (Mikrosatelliten, SNPs)

Sowohl IK, AVK als auch molekulargenetische Marker sind dazu geeignet, Informationen zum Inzuchtniveau der Nachkommen für eine Auswahl von Paarungspartnern zu liefern.

i. Inzuchtkoeffizient (IK)

Anhand des Inzuchtkoeffizienten kann man berechnen, um wie viel Prozent die Heterozygotie ab- und die Homozygotie eines Hundes gegenüber dem Rassedurchschnitt zugenommen hat.³⁾ Zu dieser Wahrscheinlichkeitsangabe hat wiederum der amerikanische Wissenschaftler Sewall Wright (1931) eine Formel aufgestellt⁶⁾:

$$IK = \sum ((1/2)^{n1 + n2 + 1} * (1 + IKA))$$

IK = Inzuchtkoeffizient

n1 = Anzahl der Generationen zwischen dem Vater eines Hundes und dem gemeinsamen Ahnen

n2 = Anzahl der Generationen zwischen der Mutter eines Hundes und dem gemeinsamen Ahnen

IKA = Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen

Irene Sommerfeld-Stur erklärt in ihrem Buch auf Seite 191 die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten anschaulich anhand eines Beispiels.⁶⁾

In der folgenden Aufstellung sind exemplarisch Inzucht-Koeffizienten aus verschiedenen Paarungen angeführt (Tabelle angelehnt an Malcolm B. Willis¹⁰⁾):

Inzucht-Koeffizienten aus verschiedenen Paarungen

Art der Paarung	gemeinsamer Vorfahre	Abstand Generationen von den Nachkommen zum gemeinsamen Vorfahren in der väterlichen Linie/in der mütterlichen Linie *)	Inzucht-Koeffizient (%)
Vater/Tochter	Vater	1/2	25,0
Mutter/Sohn	Mutter	2/1	25,0
Bruder/Schwester	Großvater oder Großmutter	2/2	25,0
Halbgeschwister väterlich	Großvater	2/2	12,5
Halbgeschwister mütterlich	Großmutter	2/2	12,5
Vater mit Enkelin	Vater	1/3	12,5
Cousins ersten Grades	Großvater oder Großmutter	3/3	6,3
	ein gemeinsamer Vorfahre	4/4	0,78
	ein gemeinsamer Vorfahre	2.3/2.3	28,13
	ein gemeinsamer Vorfahre	3.3/3.3	12,50
	ein gemeinsamer Vorfahre	3.4/3.4	7,03
	ein gemeinsamer Vorfahre	5.5.5.5/5.5.5.5	3,13
	ein gemeinsamer Vorfahre	4.4/4.4	3,13

*) Die Eltern sind immer die Generation 1.

1/3 bedeutet, dass der gemeinsame Vorfahre auf Seiten des Vattertieres in der 1. Generation steht (Vater selbst) und bei der Mutter in der 3. Generation (hier wäre der Vater der Großvater).

2.3/2.3 bedeutet, dass der gemeinsame Vorfahre in der väterlichen Linie einmal in der 2. und einmal in der 3. Generation und ebenso in der mütterlichen Linie einmal in der 2. und einmal in der 3. Generation vorkommt.

Der Inzuchtkoeffizient gibt die Wahrscheinlichkeit an, mit der Gene an die Nachkommen weitergegeben werden (z.B. bei gleichem Großvater an die Enkel: 12,5%).

Heute stehen Computerprogramme für die Berechnung des IK zur Verfügung, anhand derer man viel mehr Generationen miteinbeziehen kann als das bei einer händischen Berechnung möglich wäre. Dies macht bei Hunden (im Gegensatz zu landwirtschaftlichen Nutztieren) auch Sinn, da es aufgrund der wenigen Ausgangstiere einer Rasse oder durch

einen „Flaschenhalseffekt“ viele gemeinsame Ahnen gibt und die Summe der IKAs rechnerisch ins Gewicht fällt.⁶⁾ Ein Vergleich von IKs (z.B. für Anpaarungsempfehlungen) macht nur Sinn, wenn die Anzahl der berücksichtigten Generationen gleich hoch ist und die gleiche Berechnungsmethode herangezogen wurde (Anm.: es gibt auch noch die Berechnung nach Meuwissen, 1992)⁶⁾.

Hier finden Sie einen Link zu einem möglichen Berechnungsprogramm:
<http://www.sobczyk.eu/inb/?lng=en> .

ii. Ahnenverlustkoeffizient (AVK)

Den Ahnenverlustkoeffizienten zu berechnen, ist wesentlich einfacher, wenn er auch nicht so genau ist - für die züchterische Praxis ist dies aber ausreichend.¹⁾ Berechnet wird der „relative Ahnenanteil“ eines Tieres. Wenn keine Inzucht vorliegt, kommen sämtliche Ahnen nur einmal vor. Kommt ein Ahne doppelt vor, wird „1“ abgezogen, kommt ein Ahne drei Mal vor, wird „2“ abgezogen, usw. Die Berechnung lautet wie folgt:

$$\text{AVK} = \frac{\text{tatsächliche Ahnen}}{\text{maximal mögliche Ahnen}}$$

(tatsächliche Ahnen = maximal mögliche Ahnen abzüglich der Anzahl der Ahnen, die mehrfach vorkommen)

Je mehr Ahnen im Stammbaum mehrfach vorkommen, desto kleiner ist der Zähler des Bruchs und damit der AVK und desto höher ist der Inzuchtgrad.¹⁾ Oder anders ausgedrückt: Je mehr unterschiedliche Ahnen im Pedigree eines Hundes vorhanden sind, desto mehr genetische Varianz steht zur Verfügung.⁶⁾

Der AVK berücksichtigt – im Gegensatz zum IK – sogar ein hohes Inzuchtniveau von Eltern, die aber untereinander nicht verwandt sind. Bei der Berechnung des IK käme man in diesem Fall zum Ergebnis „IK = 0“, der AVK zeigt allerdings einen (kleinen) Wert an, weil ja in diesem Fall die genetische Varianz ebenfalls verringert und der Grad der Homozygotie erhöht ist.⁶⁾

iii. Genetische Marker (Mikrosatelliten, SNPs)

Mit der Erfindung des PCR-Verfahrens können nun auch bei Hunden molekulargenetische Untersuchungen in vertretbarem Rahmen durchgeführt werden. Mit Hilfe dieser Sequenzierungstechniken kann die exakte Reihenfolge der Basen in bestimmten Bereichen der DNA bestimmt und damit spezielle Mutationen nachgewiesen werden. Für viele dieser genetischen Defekte gibt es bereits einen Gentest.⁶⁾ Bei einem Gentest wird nicht ein Wahrscheinlichkeitswert wie bei den beiden zuerst beschriebenen Methoden zur

Bestimmung des Inzuchtniveaus angegeben, sondern durch ihn wird die individuelle Situation eines Einzelindividuums abgebildet. Sie sind deshalb am genauesten.

Bei der direkten Gendiagnostik ist das (Defekt-)Gen selbst bekannt und kann nachgewiesen werden. Beim indirekten Gentest werden Marker nachgewiesen, die im benachbarten Bereich des Gens liegen.¹⁾ Durch diese direkte Nähe findet üblicherweise kein „Crossing over“ statt und die geerbten Allele werden gemeinsam weitergegeben. Die Anwesenheit des Allels des Markers lässt auf die Anwesenheit des gesuchten (krankheitsverursachenden) Allels schließen.

Solche genetischen Marker sind zum Beispiel „Mikrosatelliten“, es handelt sich dabei um kurze, sich wiederholende DNA-Abschnitte. Sie werden auch heute noch für Routinefragestellungen wie Abstammungskontrolle, Identitätskontrolle sowie die Zuordnung eines Hundes zu einer bestimmten Rasse eingesetzt.⁶⁾ In anderen Bereichen wurden die Mikrosatelliten allerdings von den „Single Nucleotid Polymorphisms“ (SNPs, sprich: Snipes) abgelöst. Mit ihnen werden Unterschiede in einzelnen Basenpaaren festgestellt. Sie werden z.B. für die im vorhergehenden Absatz beschriebenen Kopplungsanalysen zum Nachweis einer kausalen Mutation oder für Studien zur genetischen Vielfalt von Rassepopulationen verwendet.⁶⁾

Werden SNPs über das gesamte Genom hinweg analysiert, spricht man von „genomweiten Assoziationsanalysen“ (GWAS), die in der Methode der genomischen Zuchtwertschätzung zum Einsatz kommen (siehe weiter unten).

5.3.3 Selektion

Im Gegensatz zur natürlichen Selektion, die die Grundlage der Evolution darstellt, legt bei der **züchterischen Selektion** der Mensch fest, welche Tiere in einer Population zur Weiterzucht zugelassen werden. Die Selektion ist entweder die Förderung erwünschter Merkmale und Eigenschaften oder die Zurückdrängung von unerwünschten Merkmalen und Eigenschaften.³⁾ Sie ist ein wichtiges Grundelement des Zuchtfortschritts, allerdings reduziert sie dabei auch die genetische Vielfalt.

Man kann nach einem Merkmal nur selektieren, wenn in der Population Unterschiede in der Merkmalsausprägung vorliegen (z.B. müssen die Tiere unterschiedlich groß sein, wenn man die Größe durch Selektion verändern will). Allerdings wird man, um einen Selektionserfolg zu erreichen, einen Teil der Hunde von der Zucht ausschließen (z.B. bei Selektion auf die Größe eine Mindestgröße einführen) und damit die effektive Zuchtpopulation bzw. die genetische Varianz reduzieren. Damit reduziert man in Folge – aufgrund der reduzierten genetischen Varianz in der 1. Nachkommen-Generation - den Selektionserfolg in den weiteren Nachkommen-Generationen. Dieser ist in der ersten Generation am größten und wird von Generation zu Generation geringer (ein „Selektionsplateau“ wird erreicht).⁶⁾

Den **Selektionserfolg** kann man berechnen.³⁾⁶⁾⁷⁾

$$SE = SD * h^2$$

SE = Selektionserfolg (Differenz zwischen dem Mittelwert eines Merkmals in der Ausgangspopulation und dem Mittelwert dieses Merkmals bei den Nachkommen)

SD = Selektionsdifferenz (Differenz zwischen dem Mittelwert des Merkmals in der Ausgangspopulation und dem Mittelwert dieses Merkmals bei den daraus selektierten Tieren (den Zuchttieren).

* = mal (Multiplikation)

h^2 = Heritabilität

Irene Sommerfeld-Stur erklärt die Berechnung anschaulich anhand eines Beispiels in ihrem Buch auf den Seiten 204/205.⁶⁾

Die genetische Varianz wird durch die Selektion im Lauf der Generationen reduziert und geht schließlich unwiderruflich verloren. Sie lässt sich nicht mehr rückgängig machen. Zum Beispiel haben Mopszüchter nun kaum mehr die Möglichkeit, durch einfache Selektionsmaßnahmen die „erfolgreiche“ Verkürzung des Gesichtsschädels mit all den Nebenwirkungen der Brachycephalie allein durch Selektion rückgängig zu machen.⁶⁾

Durch die Selektion werden nicht nur die Gene, die die erwünschten Merkmale kodieren, häufiger (bzw. kommt es zur Homozygotierung dieser Gene), sondern es häufen sich gleichzeitig - durch Kopplung – auch unerwünschte Gene/Merkmale und rezessive Defektgene.³⁾

Bei der Selektion zu beachten ist zudem, dass das zu selektierende Merkmal erblich, d.h. die Heritabilität dieses Merkmals ausreichend groß sein muss. Merkmale und Eigenschaften mit geringer Heritabilität lassen (auf Grund des hohen Umwelteinflusses dieser Merkmale) nur einen geringen Selektionserfolg erwarten.⁵⁾ Durch die reduzierte genetische Varianz aufgrund von Selektion ist jedoch auch bei hoch heritablen Merkmalen zu beachten, dass der Heritabilitätswert in den Nachkommen-Generationen immer niedriger wird – bis das Selektionsplateau erreicht ist und eine Selektion nicht mehr möglich ist.⁶⁾ Ebenfalls zu niedrigen Heritabilitätswerten führen nicht standardisierte Diagnoseverfahren, daher sollte besonders auf die Qualifikation der Prüfer, standardisierte Prüfbedingungen, Prüfverfahren mit hoher Wiederholbarkeit und Gültigkeit geachtet werden.⁶⁾

Obenstehende Formel für den Selektionserfolg gilt für **quantitativ** verteilte Merkmale. Es lassen sich auch selektionsbedingte Veränderungen von Genfrequenzen bzw. Genotypenfrequenzen für **qualitative** Merkmale berechnen. Wie schnell sich diese Frequenzen ändern können, hängt vom Erbgang des selektiv bevorzugten Merkmals, vom Anteil der Zuchttiere sowie von der Ausgangsfrequenz ab. Weitergehende Informationen dazu finden Sie im Buch von Irene Sommerfeld-Stur auf den Seiten 208-210.⁶⁾

Man hat bisher zudem zwischen positiver und negativer Selektion unterschieden. **Positive Selektion** bedeutet die Auswahl und Zuchtverwendung der besten Zuchttiere.³⁾ Allerdings

ist die Verwendung des Adjektivs „positiv“ in diesem Zusammenhang irreführend, da dieser Zuchtansatz den unwiederbringlichen Verlust von Genen, die die anderen („weniger guten“ Tiere einer Population) tragen, mit sich bringt. „Nur das Beste für die Zucht“ ist aus populationsgenetischer Sicht kontraproduktiv, weil es genetische Enge und die Anhäufung unerwünschter Gene begünstigt.⁶⁾

Vernünftiger ist daher das Motto „nur das Schlechteste aus der Zucht“.⁶⁾ Bei der auch **negative Selektion** genannten Zuchtmethod sollen unerwünschte Merkmale und Eigenschaften verdrängt oder sogar vollständig beseitigt werden. Doch auch hier sollte man nicht zu rigoros vorgehen, sondern nur die Tiere ausscheiden, die tatsächlich schwerwiegende Fehler haben, um die genetische Vielfalt möglichst zu erhalten.⁶⁾

Ebenso zu bevorzugen wäre anstatt einer **stabilisierenden Selektion**, welche auf eine möglichst rasche Homozygotierung erwünschter Merkmale abzielt, das Prinzip der **balancierenden Selektion**, das die genetische Vielfalt erhält. Hierbei werden heterozygote Tiere bevorzugt, deren Selektionsvorteil eine bessere Fitness ist. Zusätzlich wird die Ausbildung mancher Gene mit Defektwirkung in homozygoter Form verhindert.⁶⁾⁷⁾

Bei der **Selektion nach Mindestleistungen** werden nur Tiere zur Zucht verwendet, die in den berücksichtigten Merkmalen über einem festgelegten Grenzwert liegen. Dies ist die gängige Praxis in der Hundezucht. Leider scheiden hier Tiere aus der Zucht aus, die in weniger wichtigen Merkmalen geringfügig diese Grenzwerte unterschreiten („Bagatellfehler“). Daraus resultiert wieder ein Verlust von genetischer Vielfalt.⁶⁾

Zu empfehlen ist hingegen die **Indexselektion**. Der Hund wird als Gesamtheit betrachtet und Merkmale werden gewichtet (je nach Bedeutung für das Zuchtziel; Merkmale mit niedriger Heritabilität sind niedriger zu gewichten). Fehler in einem weniger wichtigen Merkmal können hier durch besonders gute Leistungen in einem anderen, wichtigen Merkmal kompensiert werden und Hunde müssen nicht aufgrund von Bagatellfehlern aus der Zucht genommen werden⁶⁾ Irene Sommerfeld-Stur bringt Beispiele einer Selektion nach Mindestleistungen und einer Indexselektion in ihrem Buch auf den Seiten 212-214.⁶⁾ Der Index-Wert kann am einfachsten durch einen Punkte-Index ermittelt werden. Um auch die unterschiedlichen Heritabilitäten exakt rechnerisch zu berücksichtigen, kann der „Basis-Index“ verwendet werden.⁹⁾

Leider bringt jede Selektion nicht nur erwünschte, sondern auch unerwünschte Nebenwirkungen mit sich. Mit dem selektierten Merkmal verändert man auch all jene Merkmale, die mit diesem funktional, auf der Basis von Pleiotropieeffekten oder durch eine genetische Kopplung assoziiert sind.⁶⁾ (Bei der Pleiotropie beeinflusst ein Gen die phänotypische Ausprägung mehrerer Merkmale.⁹⁾). Diese **Merkmalsassoziationen** nutzt man bereits lange, z.B. bringt eine Selektion nach dem Formwert körperliche Leistungsfähigkeit und umgekehrt die Selektion auf Leistung eine automatische Selektion auf Körperformen mit sich. Die ungünstigen Effekte vom Merkmalsassoziationen sind leider weitaus zahlreicher: Selektion auf Riesenwuchs ist mit der Disposition für

degenerative Gelenkerkrankungen assoziiert, Brachycephalie mit Atemnot, Wirbelsäulenerkrankungen und Geburtsschwierigkeiten, usw. Diese genetisch bedingten Erkrankungen lassen sich effizienter mit **markergestützter Selektion** über einfache Kopplungsmarker (z.B. SNPs) oder über genomweite Assoziationsanalysen (GWAS) bekämpfen als über die ausschließlich phänotypische Erfassung des Krankheitsstatus.⁶⁾

5.4 Zuchtwertschätzung

Die **Zuchtwertschätzung** kommt aus der Nutztierzucht und ist – wie der Name erkennen lässt – eine Schätzmethode mit wahrscheinlichen, aber nicht absolut sicheren Aussagen. Diese Methode liefert daher umso brauchbarere Ergebnisse, je vollständigere Informationen in die Berechnung einfließen.¹⁾

Der **Zuchtwert** ist ein Maß für die genetische Qualität bzw. für das genetische Vermögen des Tieres. Er bringt zum Ausdruck, um wie viel die Nachkommen in Bezug auf das betreffende Merkmal besser oder schlechter sein werden als das Mittel der Population.⁵⁾ Der Zuchtwert hat einen Mehrwert gegenüber Selektionsentscheidungen, die ausschließlich aufgrund des Phänotyps von Hunden getroffen werden (diese sind zwar bei hoch heritablen Merkmalen treffend - bei Merkmalen, die überwiegend umwelt-beeinflusst sind, aber falsch, weil nicht die genetische Situation abgebildet wird).⁶⁾

In der Hundezucht lassen sich – im Gegensatz zur Zucht landwirtschaftlicher Nutztiere – die Haltungsbedingungen nicht so einfach standardisieren, weil die Hunde im privaten Rahmen und individuell gehalten werden und man damit die Umwelteinflüsse nicht ausblenden kann. Trotzdem kann man mit der Zuchtwertschätzung sehr gut den Wert eines Tieres für die Zucht bestimmen, es sollten zumindest standardisierte Untersuchungsbedingungen in der Diagnostik herrschen. In der Zuchtwertschätzung berücksichtigt man nicht nur den Phänotyp des konkreten Tieres, sondern prüft zusätzlich die Merkmalsausprägung bei seinen Verwandten. Merkmale, die bei Verwandten gleich oder ähnlich ausgeprägt sind, beruhen auf einer gemeinsamen genetischen Grundlage.⁶⁾ Vor allem bei Merkmalen mit einer niedrigen bis mittleren Heritabilität lässt sich die Genauigkeit der Aussage erhöhen, wenn man die Verwandten mit einbezieht.⁵⁾

Dabei sind die Merkmalsausprägungen der Nachzucht von größter Bedeutung, es erhalten ja alle Nachkommen die Erbsubstanz der Eltern (50% vom Vater und 50% von der Mutter). Für ein genaues Ergebnis müssen aber alle oder sehr viele der Nachkommen bewertet werden. Ein Problem ist dabei der Zeitfaktor: von der erstmöglichen Zuchtverwendung eines Rüden bis zum möglichen Prüfzeitpunkt seiner Nachkommen vergehen etliche Jahre, bei Hündinnen meist noch mehr Jahre, sie sind womöglich bereits aus der Zucht, bis ein Ergebnis vorliegt.⁵⁾

Die Beurteilung der Seitenverwandten kann hier weiterhelfen. Die gemeinsame Erbsubstanz beträgt 50% bei Vollgeschwistern und immerhin noch 25% bei Halbgeschwistern. Letztere haben den Vorteil, dass sie in größerer Zahl zur Verfügung

stehen. Vor allem bei geschlechtsbegrenzten Merkmalen sind Informationen von Seitenverwandten hilfreich (z.B. zur Beurteilung von Kryptorchismus, da eine Zuchthündin dazu keine Infos liefern kann).⁵⁾ Hinweise aus der Beurteilung von Vorfahren sind im Gegensatz zu jenen von Nachkommen und Seitenverwandten weniger informativ und hängen zudem auch vom Grad der Verwandtschaft ab (z.B. liefert ein Urgroßvater weniger gute Infos als ein Großvater).

Mit dem Verfahren der **BLUP-Zuchtwertschätzung** kann man mit den Informationen des Hundes selbst und seiner Verwandten einen Zuchtwert (eine Zuchtwert-Zahl) berechnen (BLUP steht für Beste Lineare Unverzerrte Vorhersage). Zusätzlich wird die Heritabilität des Merkmales berücksichtigt, auch bekannte Umweltfaktoren können statistisch korrigiert werden. Der Zuchtwert gilt immer nur für das betrachtete Merkmal und wird als Relativwert (als Abweichung vom Populationsdurchschnitt) angegeben. Die Zahl 100 markiert genau den Populationsdurchschnitt, eine Zahl unter 100 bedeutet, dass der Hund das Merkmal verringert/verschlechtert, eine Zahl über 100, dass er das Merkmal erhöht/verbessert.⁵⁾

Gibt es noch keine Nachkommen, so kann mit dem BLUP-Wert eine Vorhersage berechnet werden, wie der Hund bezüglich eines Merkmals die Zucht beeinflussen könnte.⁵⁾ Ebenfalls kann der zu erwartende Zuchtwert für die Nachkommen einer bestimmten Paarung ermittelt werden und im Speziellen schlechte Zuchtwerte eines Paarungspartners durch besonders gute Zuchtwerte des anderen Partners kompensiert werden. Dies ermöglicht den Zuchteinsatz von Tieren mit weniger guter Merkmalsausprägung und erhält damit genetische Varianz in einer Population.⁶⁾

Eine modernere Methode ist die **genomische Zuchtwertschätzung**. Ihr Vorteil liegt darin, dass kranke Nachkommen von vornherein vermieden werden können, weil eine DNA-Untersuchung bereits beim Welpen durchgeführt werden kann – lange vor einem eventuellen Zuchteinsatz.

Für die genomische Zuchtwertschätzung werden phänotypisch erhobene Merkmalsausprägungen und bestimmte SNP-Kombinationen („snipes“) miteinander assoziiert. Dazu werden Tiere mit dieser Merkmalsausprägung und Tiere ohne dieser in ihren DNA-Abschnitten verglichen. SNP-Kombinationen, die bei den Merkmalsträgern vorkommen, nicht aber bei den anderen Hunden, stellen die Grundlage für den genomischen Zuchtwert dar.⁶⁾ Bei einer GWAS (genomweiten Assoziationsanalyse) werden die SNPs über das ganze Genom eines Tieres erhoben.

Für die Hüft- und Ellbogengelenksdysplasie bei versch. Hunderassen sowie für die Lebenserwartung beim Berner Sennenhund und für die Taubheit beim Dalmatiner kommt die genomische Zuchtwertschätzung bereits zum Einsatz. Einerseits können mit dieser Methode Hunde mit geringer genetischer Belastung ausgewählt werden, andererseits Paarungskombinationen gefunden werden, deren Nachkommen dann mit möglichst niedriger Wahrscheinlichkeit z.B. an HD erkranken werden.⁶⁾

Durch molekulargenetische Methoden lassen sich außerdem auch Kenntnisse über den Homozygotie- bzw. den Heterozygotiegrad einer Rasse bzw. eines Individuums gewinnen. Ein zu hoher Grad an Homozygotie kann durch die Erkenntnisse von untersuchten Markern prophylaktisch vermieden und somit genetische Vielfalt und Fitness mit einem höheren Grad an Heterozygotie erhalten werden.¹⁾

5.5 Zuchtverfahren, die die genetische Varianz erweitern

Im Gegensatz zur Inzucht und anderen Faktoren, die die genetische Varianz und damit die Vitalität einer Rasse verkleinern, lässt sich durch **Auszucht** die genetische Vielfalt wieder erhöhen.⁷⁾ Dabei immigrieren Fremdgene in eine bisher geschlossene Zuchtpopulation oder Zuchtlinie (die vielleicht durch Inzuchtdepression und Anhäufung von Defektgenen bereits vor dem „Aus“ steht).⁶⁾ Dieser Vorgang wird auch Fremdzucht, Outcross(ing) oder schlicht und einfach **Kreuzung** genannt. Darunter versteht man ganz allgemein die Verpaarung von Tieren, die weniger miteinander verwandt sind als der Durchschnitt der Rasse. Die Nachkommen sind dann in ihren Merkmalen weitestgehend heterozygot.⁵⁾

Man kann **Outcross** sogar innerhalb der Zuchtpopulation durchführen. Dazu fixieren Züchter die erwünschten Eigenschaften über Linienzucht über einige Generationen und kreuzen dann möglichst wenig verwandte Hunde der gleichen Rasse ein (z.B. aus einem anderen Land, Kontinent oder aus einem anderen Zuchtverband).⁶⁾ Der Inzuchtgrad der Rasse darf allerdings nicht zu hoch sein, in diesem Fall müssten andere Methoden der Auszucht angewandt werden.⁵⁾

Bei den **kontinuierlichen Kreuzungen** (im Gegensatz zu den diskontinuierlichen Kreuzungen) wird das Kreuzungsschema über viele Generationen beibehalten. Hierzu zählt die Wechsel- oder Rotationskreuzung, bei der verschiedene (reingezüchtete) Linien wechselweise miteinander verpaart werden. Diese Methode wird in der Hundezucht nur modifiziert angewandt, z.B. bei getrennten Linien mit unterschiedlichen Farbschlägen oder bei Rassen mit Show- und Arbeitslinien, die untereinander gekreuzt werden und dabei die Unterschiede in den Linien genützt werden.⁶⁾

Bei der Veredelungskreuzung (einer **diskontinuierlichen Kreuzung**, auch Immigrationskreuzung genannt) werden Vatertiere einer fremden Population verwendet. Der Begriff stammt aus der Sportpferdezucht, die durch Kreuzung von lokalen Rassen mit Vollblutrassen entstanden ist.

Für die **Veredelungszucht** werden von Irene Sommerfeld-Stur einige Beispiele genannt:⁶⁾

- Die Rasse Kromfohrländer ist durch einen extremen Founder-Effekt geprägt – alle Tiere der Rasse gehen auf 2 Hunde zurück und haben daher nur eine sehr geringe Varianz, die im Lauf der Generationen noch geringer geworden ist. Schwerwiegende (Autoimmun-)Erkrankungen, Epilepsie, etc. sind die Folge. Der Verband ließ

Kreuzungen als Ausweg aus der Misere nicht zu, in Folge bildeten sich aber 2 Gruppen, die außerhalb des Verbandes durch Veredelungskreuzungen eine Erweiterung der genetischen Varianz anstrebten. Die eine Gruppe kreuzt die Kromfohrländer mit der (ähnlichen) Rasse Dansk Svenks Gardshund, die Kreuzungsnachkommen werden über 5 Generationen wieder mit reinrassigen Kromfohrländern gepaart (<http://www.pro-kromfohrlaender-zucht.de/>). Die andere Gruppe akzeptiert verschiedene Rassen und auch Mischlinge, die aber im Körperbau und Wesen den Kromfohrländern ähnlich sind. Auch in der ersten und zweiten Kreuzungsgeneration dürfen diese Hunde noch eingekreuzt werden, eine Selektion auf das ursprüngliche Rassebild erfolgt wieder ab der 4. Generation (<http://www.igrk-kromfohrlaender.de/> bzw. <http://www.rauhaarige-kromfohrlaender.de/vrk/einkreuzprojekt/>).

- Der österreichische Pinscher ist seit 1928 als eigene Rasse anerkannt, war jedoch nie sonderlich beliebt. Die wenigen Tiere waren daher um 1970 nur mehr durch Einkreuzung mit Hunden im „Pinschertyp“ als Rasse zu retten. Das Kreuzungsprojekt wird unter Akzeptanz des ÖKV durchgeführt, eine Eintragung ins Zuchtbuch ist nach der dritten Generation möglich (<http://www.oe-pinscher-klub.at/die-rasse/>).
- Bei der Zucht des LUA-Dalmatiners soll nicht die genetische Varianz vergrößert, sondern ein bestimmtes Merkmal in die Population eingeführt werden. Damit kann man den rasseweiten Defekt des Purinstoffwechsels eliminieren. Das für diesen Defekt verantwortliche Gen ist bei allen Dalmatinern homozygot rezessiv. Durch Einkreuzung eines Pointerrüden mit einem homozygot dominanten Gen für die Normalvariante und anschließender Verpaarung der Nachkommen (alle heterozygot) wiederum mit reinrassigen Dalmatinern (homozygot rezessiv) kann der Defekt getilgt werden, wenn nur mit den 50% LUAs („Low Urid Acid“) und nicht mit den 50% HUAs („High Urid Acid“) weitergezüchtet wird. Die LUAs können anhand des geringen Harnsäurespiegels im Urin bestimmt werden und jüngst auch mit einem Gentest (<http://luadalmatians-world.com/>).
- Bei den Retromöpsen wird mittels Einkreuzprojekt eine Verlängerung des Gesichtsschädels angestrebt. Eine Selektion innerhalb der Rasse ist aufgrund der praktisch nicht mehr vorhandenen Varianz dieses Merkmals nicht mehr möglich. Durch die Einkreuzung von Jack Russell Terriern und Deutschen Pinschern soll nicht nur der Gesichtsschädel, sondern auch der Körper in eine gesundheitsverträglichere Form gebracht werden (<http://zuechterkreis-retromops.de/>).

Bei der Veredelungszucht zu beachten ist,

- dass die Kreuzungsmethode nicht zu restriktiv angewandt wird und sich damit die genetische Varianz nicht in ausreichendem Maß erweitert. Dies kann passieren, wenn zu wenige Rüden eingekreuzt werden („Founder Effekt“).⁶⁾
- dass durch Kreuzungen auch unerwünschte Gene immigrieren können. Die Rüden der anderen Rasse(n) müssen daher sehr sorgfältig ausgewählt werden. Eine tierärztliche Untersuchung und diverse Screenings, die in den Herkunftsrassen angezeigt sind, werden dringend empfohlen.⁶⁾

- dass eine Einkreuzung mit Mischlingen vermieden werden soll. Das Ergebnis ist oft unbekannt, weil man ihre genetische Abstammung i.d.R. nicht kennt.¹⁾
- dass ungünstige Kombinationseffekte auftreten können: Daher sollten die Ausgangsrassen in Bezug auf den Körperbau und das Wesen ähnlich sein, damit es nicht zu unharmonischen Körperproportionen und in Folge zu unphysiologischen Belastungen des Bewegungsapparates und frühzeitigem Verschleiß kommt.⁶⁾
- dass in den Ausgangsrassen nicht die gleichen Erkrankungen auftreten sollen. Sind beide Elternteile genetisch belastet, dann wird ein Teil der Nachkommen die Erkrankung im Phänotyp tragen, selbst wenn beide Eltern gesund sind.⁶⁾

Wenn die Nachkommen von Kreuzungen nicht zur Zucht verwendet werden, spricht man von **terminalen Kreuzungen**. In der Nutztierzucht sind das die Hybriden, bei denen man den Heterosis-Effekt nutzt (z.B. in der Mast, wenn die Nachkommen eine höhere tägliche Gewichtszunahme haben als die Elterntiere). Man spricht auch von einer Gebrauchskreuzung – die Kreuzungstiere werden z.B. nur für die Erzeugung von Fleisch „gebraucht“, aber nicht mehr weiter zur Zucht eingesetzt.⁹⁾

Designer-Dogs entstehen durch diese Art der Kreuzung. Ein klassisches Beispiel dafür ist der „Labradoodle“, eine Kreuzung zwischen einem Labrador Retriever und einem Pudel. Der Kombinationseffekt kommt zustande, wenn die Eltern in unterschiedlichen Merkmalen homozygot sind und diese jeweils dominant vererben (1. Mendel'sche Regel). Der große Vorteil dabei ist, dass der Phänotyp der Nachkommen genau vorhersagbar ist (wenn die Heritabilität der Merkmale entsprechend hoch ist). Zudem haben sie einen höheren Heterozygotieanteil und dadurch eine bessere Fitness.⁶⁾ Allerdings gelten auch hier die oben genannten Punkte, welche bei der Veredelungszucht zu beachten sind, sinngemäß. Designer-Dogs sind keine eigene Rasse.

Andere erfolgreiche Kreuzungskonzepte sind die Kreuzung von zwei oder mehr Rassen, woraus durchaus eine neue Rasse entstehen kann (z.B. Eurasier bzw. Elos). Zu beachten ist aber auch hier, dass nicht zu schnell ein einheitliches Rassebild erreicht wird, das wieder mit einer erhöhten Homozygotie einhergeht. Ein anderes erfolgreiches Zuchtkonzept ist die „Rasse“ der „Alaskan Huskies“, an der viele Rassen beteiligt sind, die aber ausschließlich auf Rennleistung und nicht auf körperliche Merkmale selektiert werden.⁶⁾ Hier zeigt sich, dass der Rassebegriff keine biologische Einheit sein muss, sondern auch für eine Gruppe von Tieren einer Art, die sich ähnlich sind und diese Merkmale weitergeben, verwendet werden kann.²⁾

6 Quellenangaben:

Die Fußnoten im Text im Kapitel 5 beziehen sich auf folgende Bücher über Genetik in der Hundezucht:

- ¹⁾ **Eichelberg**, Helga (2006): Hundezucht – Erfolgreich züchten auf Gesundheit, Leistung und Aussehen. Stuttgart: Franckh-Kosmos Verlags-GmbH & Co. KG
- ²⁾ **Gansloßer**, Udo, Kitchenham, Kate (2019): Hunde Forschung aktuell – Anatomie, Ökologie, Verhalten. Stuttgart: Franckh-Kosmos Verlags-GmbH & Co. KG
- ³⁾ **Hansen**, Inge (2001): Vererbung beim Hund – Das Handbuch für Züchter und Halter. Verlag Müller Rüschnikon
- ⁴⁾ **Herzog**, A., Bartels, Th., Dayen, M., Loeffler, K., Reetz, I., Rusche, B., Unshelm, J. (1999): Gutachten zur Auslegung von §11b des Tierschutzgesetzes (Verbot von Qualzuchtungen), Sachverständigengruppe Tierschutz und Heimtierzucht, verfügbar auf der Seite des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft, Deutschland: <https://www.bmel.de/DE/themen/tiere/tierschutz/gutachten-paragraf11b.html>
- ⁵⁾ **Krautwurst**, Friedmar (2002): Praktische Genetik für Hundezüchter. Kynos Verlag
- ⁶⁾ **Sommerfeld-Stur**, Irene (2016): Rassehundezucht – Genetik für Züchter und Halter. Stuttgart: Müller Rüschnikon
- ⁷⁾ **Wachtel**, Hellmuth (1998): Hundezucht 2000. Weiden: Verlag Gollwitzer
- ⁸⁾ **Wachtel**, Hellmuth (2012): Rassehund wohin? Argumente für eine Neuorientierung. Nerdlen/Daun: Kynos Verlag Dr. Dieter Fleig GmbH
- ⁹⁾ **Willam**, Alfons, Simianer, Henner (2011): Tierzucht – Grundwissen Bachelor. Stuttgart: Verlag Eugen Ulmer KG
- ¹⁰⁾ **Willis**, Malcolm B. (1994): Genetik der Hundezucht. Kynos Verlag

Zitierungen im Text in Kapitel 4 (aus dem Buch „Rassehundezucht – Genetik für Züchter und Halter“ von Irene Sommerfeld-Stur (Müller-Rüschnikon, 2016):

- Asher, L. et al. (2009): Inherited defects in pedigree dogs. Part. 1: Disorders related to breed standards. The Veterinary Journal 182, 402-411
- Dias, G.D. and Ressler, J.R. (2014): Parental olfactory experience influences behavior and neural structure in subsequent generations. Nature Neuroscience 17(1), 89-98
- Griggio M. et al. (2011): Female house sparrows „count on“ male genes: experimental evidence for MHC-dependent mate preference in birds. BMC Evolutionary Biology 11: 44
- Kardos et al. (2015): Measuring individual inbreeding in the age of genomics: marker-based measures are better than pedigrees. Heredity 115, 63-72
- O’Neill, D. et al. (2014): Approaches to canine health surveillance. Canine Genetics and Epidemiology 1 (2), 1-13
- Schawalder, P. et al. (2010): Kongenitale und erworbene Anomalien im Bereich der Schwanzwirbelsäule beim Hund. Wien. Tierärztl. Mschr. – Vet. Med. Austria 97, 185-202
- Seppälä E.H. et al. (2011): LGI2 truncation causes a remitting focal epilepsy in dogs. PLoS Genet 7(7), 1-10
- Seppälä E.H. et al. (2012): Identification of a novel idiopathic epilepsy locus in Belgian Shepherd dogs. PLoS One 7(3), 1-11
- Tölle, M. et al. (2004): Die züchterische Beurteilung von Zahn- und Gebissfehlern beim Hund im Spiegel deutscher Körvorschriften. Kleintierpraxis 49, 571-581

Weitere Verweise auf Internet-Seiten finden sich direkt im Text durch Angabe des Internet-Links.