

Katarakt beim Haushund
Erbgang, Erblichkeit
und Elemente der Zuchtplanung

Vorgelegt von
Ralf Wiechmann

Lüneburg
Dezember 2007

©Ralf Wiechmann, Langenstücken 137, D-21335 Lüneburg

1. Fassung 2007 veröffentlicht auf http://home.arcor.de/hasenburg_pinscher/

Alle Rechte vorbehalten. Dieses PDF-Dokument darf in unveränderter Form beliebig weitergegeben und ausgedruckt werden. Die Verwendung von Textauszügen in anderen Dokumenten oder Ausdrucken bedarf der vorherigen schriftlichen Genehmigung des Verfassers.

Bei Verwendung z.B. des Adobe® Reader® 8 können die Internet-Links auch direkt genutzt werden.

Erklärung:

Für die Inhalte der gelinkten Seiten kann ich keine Verantwortung übernehmen. Aus rechtlichen Gründen muss ich mich deshalb von den Inhalten aller in diesem Dokument gelinkten Seiten distanzieren.

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung.....	4
2. Der Erbgang	5
2.1. Gegenüberstellung von Monogen und Polygen.....	6
2.2. Der Erbgang von Katarakt bei ausgewählten Hunderassen.....	7
3. Die Erblichkeit (Heritabilität).....	8
3.1. Die Erblichkeit von Katarakt beim Hund.....	9
4. Polygene Erkrankungen in der Hundezucht.....	10
4.1. Schwellenmerkmale.....	10
4.2. Anlagetträger bei Erkrankungen mit polygenem Erbgang.....	11
4.3. Wie kann ein Zuchtwert für polygene Merkmale ermittelt werden ?.....	12
Der Verwandtschaftsgrad (=Verwandtschaftskoeffizient R):.....	13
4.4. Interpretation von Zuchtwerten.....	14
4.5. Erbgang und Bewertung von Verwandteninformationen.....	14
4.4. Ungereimtes aus dem Blätterwald.....	15
5. Vitalität und biologische Fitness.....	17
6. Genetische Vielfalt (Diversität).....	17
6.1. Genetische Vielfalt beim Einzeltier.....	17
6.2. Genetische Vielfalt in einer Population.....	20
7. Selektion – Wünsche und Möglichkeiten.....	23
7.1. Künstliche Selektion.....	23
7.2. Natürliche Selektion	24
8. Einflussfaktoren auf Vitalität und Selektionserfolg.....	26
8.1. Was ist zu enge Zucht und wie erkennt man sie ?	28
Der Inzuchtkoeffizient (F).....	29
Die Inzuchtsteigerung je Generation (ΔF).....	30
Die effektive Populationsgröße (N_e).....	31
Die effektive Populationsgröße über mehrere Generationen.....	31
Genetische Drift.....	33
8.2. Das Generationsintervall.....	35
8.3. Maßnahmen zur Minimierung der Inzucht in kleinen Populationen.....	36
9. Diskussion.....	37
10. Literaturverzeichnis	42
Anhang – Beispiele zur Zuchtplanung beim Nutztier.....	46
Anhang - Beispiel Schweinezucht.....	47
Anhang - Beispiel Rinderzucht.....	52
Anhang - Beispiel Pferdezucht.....	56

1. Einleitung

Bereits 2004 bin ich in dem Aufsatz „Gesundheit und Vitalität als Zuchtziel“ auf das Thema Katarakt (Trübung der Linse) beim Hund eingegangen. In dieser Arbeit bezog ich mich im wesentlichen auf die Dissertationen von KETTERITZSCH(2002) und HEITMANN(2003). Für Interessenten sind diese Arbeiten im Internet frei zugänglich (Siehe: Literaturverzeichnis). Inzwischen ist eine weitere Dissertation zum Thema „Vererbung von Katarakt und PRA beim Dackel“ verfügbar (GRESKY 2004). In einer Auswertung der von 1998-2005 im DOK erfassten Deutschen Pinscher wurde bei 14 von 116 (ca.12%) untersuchten Deutschen Pinschern eine „nicht kongenitale Katarakt“ (= nicht angeborene Trübung der Linse) diagnostiziert.

Im ersten Teil werden Informationen zu Erbgang und Erblichkeit insbesondere für Katarakt zusammengefasst und die Bedeutung dieser erläutert. Im zweiten Teil werden verschiedene Elemente der Zuchtplanung unter dem Blickwinkel „Verbesserung der Vitalität in der Hundezucht“ betrachtet. Ziel ist es, Bestandteile für ein in der Hundezucht machbares Zuchtprogramm zu nennen, das die Ausbreitung von neuen Erbkrankheiten verhindert und ein Verdrängen der vorhandenen erblichen Erkrankungen ermöglicht.

Für das Verständnis dieser Arbeit setze ich die Kenntnis einiger genetischer Begriffe voraus. Einen guten Überblick zu den genetischen Grundlagen der Vererbung finden Sie z.B. in dem Buch „Praktische Genetik für Hundezüchter“ (KRAUTWURST 2002) oder im Internet (Ketteritzsch, 2002 S. 26 – 30; WIECHMANN, 2006 S. 8 – 10). Die Link-Adressen finden sie im Literaturverzeichnis.

In vielen Publikationen zum Thema Hundezucht wird auf die Leistungszucht bei Nutztieren verwiesen. Im Anhang findet der interessierte Leser drei konkrete Beispiele zur Zuchtplanung aus diesem Bereich.

2. Der Erbgang

Mit Erbgang bezeichnet man den Vererbungsvorgang für eine Eigenschaft (z.B. Größe, Farbe usw.) anhand eines Stammbaums.

Die Beschreibung eines Erbgangs geschieht nach drei Hauptkriterien:

a) Anzahl involvierter Genorte

- Monogen = ein Genort
- Oligogen = wenige Genorte
- Polygen = viele Genorte

b) Betroffene Chromosomen

- Autosomal = Genort(e) liegt/liegen nicht auf den Geschlechtschromosomen
- Gonosomal = Genort(e) liegt/liegen auf einem Geschlechtschromosom (X bzw. Y)
- Mitochondrial = Genort(e) liegt/liegen auf der mitochondrialen DNA

c) Zusammenhang Genotyp - Phänotyp(Erscheinungsbild)

Erblichkeit

Die Ermittlung der Erbllichkeit ist im wesentlichen nur für polygene Erbgänge sinnvoll.
Siehe: [3.Die Erbllichkeit \(Heritabilität\)](#)

Dominanzbeziehungen an einem Genort

Die Betrachtung der Dominanzbeziehungen an einem Genort ist im wesentlichen nur für monogene Erbgänge sinnvoll.

Wenn auf einem Genort zwei unterschiedliche Varianten (Allele) vorliegen, bestimmen die Dominanzbeziehungen in welcher Form die einzelnen Varianten im Erscheinungsbild (Phänotyp) sichtbar sind.

Man unterscheidet folgende Formen:

- Vollständige Dominanz
Nur die dominante Variante ist im Phänotyp sichtbar. Die rezessive Variante hat keinen Einfluss auf das Erscheinungsbild.
- Unvollständige Dominanz
Die dominante Variante ist im Phänotyp zwar überwiegend sichtbar. Die rezessive Variante wird jedoch nicht vollständig unterdrückt.
- Intermediärer Erbgang
Keine Variante dominiert das Erscheinungsbild. Es kommt zu einer gemischten Merkmalsausprägung (rot X weiß → rosa).
- Kodominanz
Keine Variante dominiert die Merkmalsausprägung. Im Gegensatz zum intermediären Erbgang kommt es aber nicht zu einer Mischform, sondern beide Varianten werden voll ausgeprägt.
Beispiel: AB0-System bei der Vererbung von Blutgruppen
- Überdominanz bzw. Superdominanz
Der aus dem heterozygoten Genotyp (zwei unterschiedliche Allele) resultierende Phänotyp liegt außerhalb der Phänotypen beider homozygoter (zwei gleiche Allele) Varianten. Superdominanz wird auch als Überlegenheit des heterozygoten gegenüber den homozygoten Genotypen definiert.
Beispiel: Blütenfarbe beim Gartenleimkraut *Silene armeria*
 F^rF^r (rosa) X F^aF^a (weiß) → F^rF^a (rot)

2.1. Gegenüberstellung von Monogen und Polygen

	<i>monogener Erbgang</i>	<i>polygener Erbgang</i>
Ausprägung der Eigenschaft	Die Eigenschaft (z.B. Blue-dog-Syndrom) zeigt nur wenige, scharf abgegrenzte Ausprägungen (z.B. aufgehellt bzw. nicht aufgehellt).	Die Eigenschaft (z.B. Widerristhöhe) zeigt eine kontinuierliche Verteilung innerhalb bestimmter Grenzen (z.B. alle Werte zwischen 43 cm und 53 cm).
Einfluss von Umweltfaktoren	Die Eigenschaft kann in ihrer Ausprägung durch Umweltfaktoren kaum oder gar nicht beeinflusst werden.	Die Eigenschaft kann in ihrer Ausprägung durch verschiedenste Umweltfaktoren (z.B. Futter, Klima, physische Belastung, Umweltgifte usw.) mehr oder weniger deutlich beeinflusst werden.
Anwendung der mendelschen Regeln	Die Mendelschen Regeln (Uniformität, Spaltung, Unabhängigkeit) können im Erbgang direkt beobachtet werden.	Die Mendelschen Regeln können <u>NICHT</u> im Erbgang beobachtet werden.
genetischer Anteil der Eltern an der Ausprägung einer erblichen Erkrankung	In Abhängigkeit vom Chromosom (Genort) und vom Dominanzverhalten des Defektallels, kann eine genaue Aussage zur Herkunft (Elternteil) des einen oder der beiden betroffenen Allele getroffen werden.	Die Herkunft der defekten Allele auf den beteiligten Genorten kann zum Teil erheblich zwischen den Eltern differieren. Eine Aussage über den Anteil der Eltern ist anhand nur eines Nachkommens nicht möglich.
Möglichkeiten zur Verdrängung einer erblichen Erkrankung innerhalb einer Population	Wenn bei monogenen Erbgängen bereits ein defektes Allel auch im Phänotyp erkennbar ist, kann eine Verdrängung allein durch phänotypische Selektion erfolgen. Bei den wesentlich häufigeren <u>monogen autosomal rezessiven Erbgängen</u> können nur Individuen phänotypisch erkannt werden, wenn sie zwei defekte Allele besitzen (Defekträger). Individuen mit nur einem defekten Allel (Anlageträger) können nur über ihre Nachkommen (unsicher und zeitaufwendig) oder über einen Gentests erkannt werden. Liegt ein Gentest vor, kann die Erkrankung durch Anpaarungssteuerung und Selektion vollständig vermieden werden.	Da die Erkrankung in ihrer Ausprägung durch mehr oder weniger defekte Allele auf den beteiligten Genorten und in unterschiedlichem Ausmaß auch noch durch Umwelteinflüsse beeinflusst wird, ist eine vollständige Verdrängung meist nicht möglich. Durch geeignete Zuchtverfahren können diese Erkrankungen auf ein befriedigend niedriges Niveau gebracht und dort gehalten werden.

Der oligogene Erbgang ist eine Übergangsform, bei der Eigenschaften monogener und polygener Erbgänge beobachtet werden können.

2.2. Der Erbgang von Katarakt bei ausgewählten Hunderassen

Im wesentlichen beziehen sich meine Ausführungen auf zwei Dissertationen. Wobei die Arbeit von KETTERITZSCH (2002) die eindeutig wichtigste ist. Besonders der Abschnitt 4.4.3 (S. 138 - 140) gibt eine gute Übersicht zum aktuellen (2002) Wissensstand über die Art der Vererbung und die Erblichkeit von Katarakt.

Auf S. 138 zitiert sie z.B. eine Arbeit zum Zwergschnauzer, bei dem über Testkreuzungen ein monogener autosomal (geschlechtsunabhängig) rezessiver Erbgang als sehr wahrscheinlich ermittelt wurde. Auch eine weitere Arbeit kommt für den Zwergschnauzer zu der Annahme, dass es sich um einen monogenen autosomal rezessiven Erbgang handelt. KETTERITZSCH (2002) kritisiert an diesen Arbeiten, dass die verwendete Methode der Testkreuzungen eine eher ungeeignete Methode ist und die Möglichkeit weiterer alternativer Erbgänge gar nicht erst untersucht wurde. GRESKY (2004) bemerkt zu dem für viele Rassen angenommenen autosomal rezessiven Erbgang: „Diese Angaben stützen sich auf Stammbaumanalysen und Testkreuzungen. Bei geringem Datenmaterial kann der Erbgang allerdings nur vermutet werden.“ (GRESKY 2004; S.5).

Andere Autoren (so auch KETTERITZSCH) kommen für die Rassen Cocker Spaniel, Tibet Terrier, Deutscher Schäferhund, Entlebucher Sennenhund zu dem Ergebnis, dass es sich um einen polygenen Erbgang handelt.

Abschließend kann man feststellen, dass die Diagnose "monogener autosomal rezessiver Erbgang" für Katarakt eher unwahrscheinlich ist. Arbeiten mit diesem Ergebnis beruhen oft auf der Basis ungeeigneter Untersuchungsmethoden (z.B. Testanpaarungen). Bei der Verwendung geeigneter Untersuchungsmethoden ergaben sich für die jeweils betrachteten Rassen polygene Erbgänge.

Man kann aber nicht einfach davon ausgehen, dass die Katarakt beim Deutschen Pinscher den gleichen Erbgängen wie z.B. beim Tibet Terrier folgt. Für Aussagen zu einer bestimmten Hunderasse bzw. Hundepopulation muss diese selbst entsprechend untersucht werden.

3. Die Erblichkeit (Heritabilität)

Wenn für die Ausprägung einer Eigenschaft (z.B. Widerristhöhe) sowohl genetische als auch umweltbedingte Faktoren eine Rolle spielen, gilt die **Heritabilität** (Symbol: h^2) als Maß für die Erblichkeit. Die Berechnung der Heritabilität ist praktisch nur bei komplexen (polygenen) Erbgängen sinnvoll. Die Heritabilität wird als **Quotient aus Selektionserfolg (R) und Selektionsdifferenz (S)** berechnet ($h^2=R/S$).

Selektionsdifferenz (S):

In einer Ausgangspopulation wird der Mittelwert für eine Eigenschaft bestimmt. Durch Selektion wird eine Elterngeneration gebildet, deren Mittelwert vom Mittelwert der Ausgangspopulation verschieden ist. Die Differenz dieser Mittelwerte ist die Selektionsdifferenz.

Selektionserfolg (R)

Für die Nachkommen wird wiederum der Mittelwert der betrachteten Eigenschaft ermittelt. Die Differenz zwischen diesem Mittelwert und dem Mittelwert der Elterngeneration ist der Selektionserfolg.

Beispiel: mit theoretischen Daten

<p>In einer Ausgangspopulation von 100 Tieren wird für die Widerristhöhe ein Mittelwert von 48 cm ermittelt. Die 18 ausgewählten Elterntiere haben einen Mittelwert von 50 cm. Selektionsdifferenz (S) = 50 – 48 = 2</p>	
<p>In der Nachkommengeneration von 100 Tieren wird für die Widerristhöhe ein Mittelwert von 49 cm ermittelt. Selektionserfolg (R) = 50 – 49 = 1 $h^2=R/S = 1 / 2 = 0,5$ bzw. 50 %</p>	

Die Erblichkeit (Heritabilität) schwankt je nach Eigenschaft zwischen 0 und 1, kann aber

auch in Prozent angegeben werden.

Heritabilitäten werden ungefähr folgendermaßen klassifiziert:

- hohe Heritabilität - über 0.45
- mittlere Heritabilität - 0.20 bis 0.44
- geringe Heritabilität - 0.01 bis 0.19

Wird die Ausprägung einer Eigenschaft im wesentlichen durch die Umwelt (Futter, Klima, physische Belastung, Umweltgifte, Verletzungen usw.) bestimmt, können wir diese Merkmale mit geringer Heritabilität auch nur in geringem Ausmaß durch Reinzucht beeinflussen.

Eine mittlere oder gar hohe Heritabilität gestattet es dem Züchter, einen erheblich größeren Einfluss auf die Ausprägung eines Merkmals zu nehmen.

„Ein geschätzter h^2 -Wert gilt exakt nur für die untersuchte Population zum Zeitpunkt der Schätzung. Trotzdem zeigen die Heritabilitätswerte für ein Merkmal auch zwischen verschiedenen Populationen eine relativ gute Übereinstimmung, so dass doch bestimmte allgemein gültige Bereiche für die Erblichkeit der einzelnen Merkmale und Eigenschaften angegeben werden können.“(KRAUTWURST, 2002)

3.1. Die Erblichkeit von Katarakt beim Hund

Für die Erblichkeit von Katarakt beim Hund konnte ich folgende Ergebnisse finden:

HEITMANN (2003) ermittelte für den Entlebucher Sennenhund eine Erblichkeit von $h^2 = 0,153$.

KETTERITZSCH (2002) ermittelte für den Tibet Terrier eine Erblichkeit von $h^2 = 0,133$.

GRESKY (2004) ermittelte für den Dackel eine Erblichkeit von $h^2 = 0,340$.

Die Erblichkeit (Heritabilität) von Katarakt wurde mit (0,133 - 0,340) als niedrig bis mittel in den betrachteten Hunderassen geschätzt. Ein Wert von $h^2 = 0,340$ bedeutet vereinfacht, dass 34 % der phänotypischen Ausprägung (z.B. Katarakt oder kein Katarakt bei einem konkreten Hund) durch den Genotyp und 66 % durch die Umwelt bestimmt werden.

Die niedrige bis mittlere Erblichkeit von Katarakt ist auch ein deutliches Zeichen dafür, dass es sich um einen polygenen Erbgang handelt (KRAUTWURST, 2002 S. 63).

Zum Vergleich berechnete Werte für PRA(Progressive Retina Atrophie):

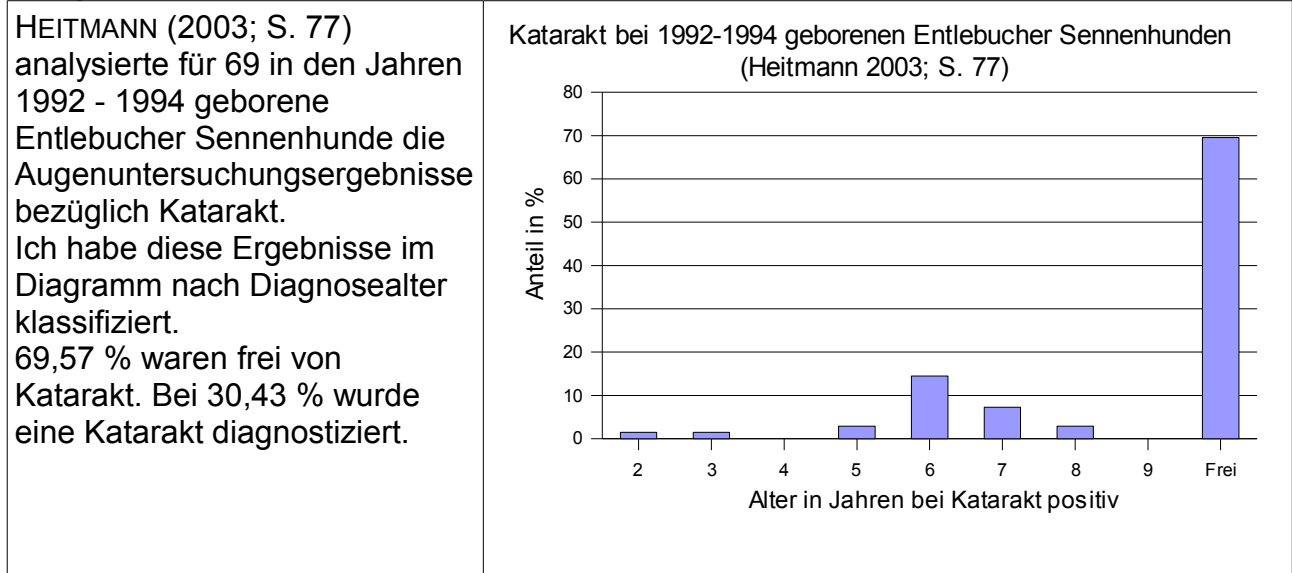
Die Erblichkeit für PRA wurde mit $h^2 = 0,49$ beim Tibet Terrier (KETTERITZSCH, 2002) und mit $h^2 = 0,337$ beim Entlebucher Sennenhund (HEITMANN, 2003) geschätzt.

4. Polygene Erkrankungen in der Hundezucht

Wenn bei phänotypisch erkennbar kranken Tieren ein erblicher Hintergrund nicht ausgeschlossen werden kann, sollten diese nicht (mehr) in der Zucht eingesetzt werden. Dies gilt ohne Einschränkung für alle Erbgänge. Bei monogen autosomal rezessiven Erbgängen (z.B. Blue-dog-Syndrom) können über einen Gentest phänotypisch nicht erkennbare Anlageträger sicher erkannt werden. Aber auch bereits ein Nachkomme, welcher den monogenen Defekt phänotypisch zeigt (z.B. Blauaufhellung der Fellfarbe) belegt sicher, dass beide Elterntiere Anlageträger sind.

Doch was ist ein Anlageträger bei wahrscheinlich polygenen Merkmalen (z.B. HD) ?
 Und welche Möglichkeiten gibt es, diese zu identifizieren ?

Beispiel:



Die Verteilung zeigt das typische Bild für ein Schwellenmerkmal wie es auch bei anderen Erkrankungen (z.B. HD) beobachtet werden kann.

4.1. Schwellenmerkmale

Schwellenmerkmale sind polygen und zeigen eine phänotypisch diskontinuierliche Verteilung (vergleiche Katarakt mit Widerristhöhe). Bestimmte Merkmalsstufen (z.B. eine Erkrankung wie HD oder Katarakt) manifestieren sich im Phänotyp erst, wenn eine bestimmte Anzahl (Schwelle) in dieser Richtung wirkender Allele überschritten wird. Schwellenmerkmale zeigen eine diskontinuierliche phänotypische Verteilung, haben aber einen kontinuierlichen genetischen Hintergrund.

4.2. Anlageträger bei Erkrankungen mit polygenem Erbgang

Beispiel:

Stark vereinfachter polygener Erbgang, bei dem ab vier defekten Allelen (Schwelle) phänotypisch eine Erkrankung festgestellt werden kann und beide Eltern gesund sind.

beteiligte Genorte (L1 - L5) mit je einem Allel vom Vater (V) und von der Mutter (M) D = defektes Allel										Phänotyp
L1		L2		L3		L4		L5		
V	M	V	M	V	M	V	M	V	M	
										1.Tier - gesund
D										2.Tier - gesund
			D				D			3.Tier - gesund
		D				D			D	4.Tier - gesund
	D		D		D			D		5.Tier - krank
D		D		D					D	6.Tier - krank

In diesem Beispiel bleiben die Tiere 1 – 4 phänotypisch gesund. Da sie aber unterschiedlich stark mit defekten Allelen belastet sind, ist auch die Wahrscheinlichkeit von erkrankten Nachkommen deutlich unterschiedlich (1.Tier = sehr geringes Risiko; 4.Tier = relativ hohes Risiko).

Bei den beiden kranken Tieren ist die Herkunft der defekten Allele deutlich verschieden (5.Tier = drei Mutter + eins Vater; 6.Tier = eins Mutter + drei Vater).

In der Realität ist der Anteil der einzelnen Defektallele und/oder Genorte an der Ausprägung einer polygenen Eigenschaft oft sehr unterschiedlich. Weiterhin ist die Anzahl der beteiligten Gene meist erheblich größer. MAAK (2001) nennt eine Studie, in der für das Merkmal „Verfettung“ beim Menschen mehr als 250 Gene aufgeführt werden. Auch ist die Schwelle, ab der Auswirkungen im Phänotyp erkennbar sind, mehr oder weniger von Umwelteinflüssen (siehe Erblichkeit) abhängig.

Nimmt man für dieses Beispielmerkmal eine späte Manifestation an (wie z.B. bei Katarakt), ist folgendes möglich: Das 1.Tier erzeugt mit einem Partner, welcher vier Defektallele trägt, Nachkommen von denen eines erkrankt. Der Paarungspartner wird niemals untersucht und bleibt somit als Defekträger unerkant. Obwohl das 1. Tier keine einzige defekte Anlage besitzt, können Nachkommen erkranken.

Man muss für polygene Erkrankungen folgendes feststellen:

- Die Beurteilung von Nachkommen aus nur einer Verpaarung lässt zwar Rückschlüsse auf diese Paarung, aber keine Rückschlüsse auf einen Elternteil zu.
- Die Anlagen phänotypisch gesunder Tiere für eine bestimmte polygene Erkrankung

können unterschiedlich stark ausgeprägt sein.

In diesem Beispiel hat das 1. Tier für dieses Merkmal den höchsten Wert in der Zucht. Abgestuft folgen die Tiere 2-4 und die Tiere 5 und 6 haben den geringsten Wert (bei diesem Merkmal !) für die Zucht.

Der Begriff Anlageträger wird im Umgang zumeist mit Ja oder Nein interpretiert und man erwartet, dass die Mendelschen Regeln im Erbgang beobachtet werden können. Dieses ist aber nur bei monogenen Merkmalen der Fall. Für polygene Merkmale ist der Begriff Zuchtwert erheblich besser geeignet, auch um eine missverständliche Deutung zu vermeiden.

4.3. Wie kann ein Zuchtwert für polygene Merkmale ermittelt werden ?

Wie bereits beschrieben, können bei polygenen Erkrankungen mit Schwellencharakter die gesunden Tiere in unterschiedlichem Umfang defekte Gene tragen und damit auch an ihre Nachkommen weitergeben. Den wahren Zuchtwert, welchen ein einzelnes Tier innerhalb einer Population besitzt, können wir derzeit nicht direkt bestimmen. Aber man kann einen Zuchtwert anhand von Verwandteninformationen und der Eigenleistung schätzen.

Schätzen bedeutet, dass der ermittelte Wert der wahrscheinlichste ist. Mit etwas geringerer Wahrscheinlichkeit kann es aber auch ein Wert darüber oder darunter sein. Ziel ist es, einen möglichst genauen Zuchtwert zu schätzen, d.h. der geschätzte Wert liegt mit einer hohen Wahrscheinlichkeit in der Nähe des wahren Zuchtwertes. Die Genauigkeit kann mit dem Zuchtwert berechnet werden und hat einen Wert zwischen 0 (ist rein zufällig) und 1 (entspricht genau dem wahren Wert). Beim Deutschen Schäferhund werden in der HD-Zuchtwertschätzung ohne Nachkommeninformationen Genauigkeiten von 0,37 bis 0,5 erreicht. Mit den HD-Ergebnissen von 10 Nachkommen steigt die Genauigkeit auf 0,46-0,7 an (KIRCHHOFF 2003).

Die Genauigkeit für einen Zuchtwert aus Eigenleistung und Verwandteninformationen ist abhängig von:

- **Erblichkeit** des Merkmals
Für Merkmale mit einer hohen Erblichkeit (z.B. Widerristhöhe) ist die Berechnung eines ausreichend genauen Zuchtwertes aus relativ wenigen Daten möglich. Je geringer die Erblichkeit ist, um so mehr Verwandteninformationen sind für eine ausreichende Genauigkeit notwendig.
- **Meßgenauigkeit**, mit der das Merkmal erfasst werden kann
Wenn die Merkmalerfassung mehrfach wiederholt wird, sollten die Ergebnisse zumindest nahe beieinander liegen (hohe Wiederholbarkeit). Es gibt aber recht viele

Merkmale (z.B. Exterieurbeurteilungen, HD-Beurteilung usw.) für welche eine hohe Wiederholbarkeit nicht einfach zu erreichen ist. Die Meßgenauigkeit ist aber entscheidend für die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung.

- **Anzahl der Verwandteninformationen**
Hier gilt ganz einfach: Je mehr Informationen, desto genauer kann die Schätzung erfolgen.
- **Grad der Verwandtschaft**
Der Wert von Verwandteninformationen ist vom Verwandtschaftsgrad abhängig (siehe nachfolgende Definition).

Der Verwandtschaftsgrad (=Verwandtschaftskoeffizient R):

Der Verwandtschaftsgrad ist ein Maß für die genetische Ähnlichkeit zweier Individuen A und B, die gemeinsame Ahnen besitzen. Somit beschreibt er die Wahrscheinlichkeit, mit der ein beliebiges Allel sowohl in den Individuen A als auch B vorhanden ist.

Beispiele: der Verwandtschaftsgrad ohne Inzucht

	<i>Vergleich zwischen</i>	<i>Verwandtschaftsgrad</i>	
	Eineiige Zwillinge = natürliche Klone	1,0	100% der Allele von A findet man auch bei B
1. Grad	Nachkommen : Eltern	0,5	50% der Allele von A findet man auch bei B
	Vollgeschwister	0,5	
2. Grad	Halbgeschwister	0,25	25% der Allele von A findet man auch bei B
	Nachkommen : Großeltern	0,25	
	Onkel (Tante) : Nefte (Nichte)	0,25	
3. Grad	Nachkommen : Urgroßeltern	0,125	12,5% der Allele von A findet man auch bei B

Im Normalfall sind Klone als Informationslieferanten nicht vorhanden. Damit haben Informationen von Verwandten ersten Grades (Eltern, Vollgeschwister und Nachkommen) bei einer Zuchtwertschätzung für ein polygenens Merkmal (z.B. HD) den größten Wert. Bei der Verwendung von Nachkommeninformationen ist zu beachten, dass diese aus mehr als einer Verpaarung stammen müssen. Ansonsten sind keine Rückschlüsse auf einen konkreten Elternteil möglich sind (Siehe 4.2.).

4.4. Interpretation von Zuchtwerten

Eine Zuchtwertschätzung nach dem BLUP-Tiermodell (BLUP=Best Linear Unbiased Prediction) schätzt für jedes Tier die genetische Veranlagung für ein Merkmal im Vergleich zur Gesamtpopulation. Der Wert 100 bildet dabei den Mittelwert für die Gesamtpopulation.

1.Beispiel:

Bekommt ein Deutscher Pinscher z.B. für die Widerristhöhe den Wert 120 in einer Pinscher-Zuchtwertschätzung so bedeutet dieses, dass er die genetischen Anlagen für einen überdurchschnittlich großen Pinscher besitzt. Wird dieser Hund nun aber in eine Dobermann-Zuchtwertschätzung aufgenommen, so wird sein Zuchtwert für die Widerristhöhe sicher deutlich unter 100 liegen.

2.Beispiel:

Für den Entlebucher Sennenhund nimmt HEITMANN (2003) an, dass ca. 40% der Tiere bis zum Ende des Manifestationsalters (ca. 8 Lebensjahr) eine Katarakt entwickeln.

Jeder kataraktfreie Entlebucher Sennenhund, welcher in seinem engen Verwandtenkreis (Eltern, Vollgeschwister, Nachkommen usw.) weniger als 40% erkrankte Tiere hat, wird somit einen Katarakt-Zuchtwert von weniger als 100 bekommen. Weniger als 40% der Tiere bedeutet aber, dass durchaus für ein, zwei oder.. verwandte Tiere eine Katarakt diagnostiziert wurde. Und dennoch ist der Wert für die Zucht auf Kataraktfreiheit (Selektion auf einen niedrigen Zuchtwert) höher, als der der meisten anderen Entlebucher Sennenhunde.

4.5. Erbgang und Bewertung von Verwandteninformationen

Bei einem Vergleich der Wertigkeit und der Bewertung von Verwandteninformationen zwischen einem polygenen Erbgang und einem monogen autosomal rezessiven Erbgang können zwei gravierende Unterschiede festgestellt werden.

1. Bei einem polygenen Erbgang (z.B. HD) entspricht der Wert von Verwandteninformationen dem Verwandtschaftsgrad. Somit haben z.B. Informationen von Eltern, Vollgeschwistern und Nachkommen den gleichen Wert und Informationen von entfernter verwandten Tieren können durchaus in einer Zuchtwertschätzung genutzt werden.

Bei einem monogen autosomal rezessiven Erbgang (z.B. Blue-dog-Syndrom) kann uns nur die Merkmalsausprägung der direkten Nachkommen Aufschluss darüber geben, ob ein gesundes Tier Anlageträger ist oder nicht.

2. Bei einem polygenen Erbgang lässt der Nachweis nur eines kranken Nachkommens noch keine Aussage über den Zuchtwert des betrachteten Tieres zu.

Bei einem monogen autosomal rezessiven Erbgang reicht bereits ein kranker Nachkomme, um zu belegen dass beide Elterntiere Anlageträger sein müssen. Informationen von anderen Verwandten sind nicht verwendbar.

4.4. Ungereimtes aus dem Blätterwald

In der Dezemberausgabe 2006 der Zeitschrift DER HUND fand der Leser gleich zwei Artikel, welche sich auch mit den züchterischen Möglichkeiten der HD-Bekämpfung beschäftigen (FLÜCKIGER und NETT 2006, FURCK 2006).

FURCK (2006) stellt in ihrem Interview für HD fest, dass es sich „um einen polygenen, also mehrere Gene betreffenden, Erbgang handelt“. Auch meint die Autorin, dass es sich bei HD um ein „multifaktorielles Geschehen handelt, d.h. sowohl die Gene, ..., als auch die sogenannten Umweltfaktoren, ..., spielen eine Rolle“. Ihr Standpunkt zum Erbgang von HD ist also klar und unmissverständlich formuliert. Doch im letzten Teil des Interviews findet man folgende Aussagen: „Um Anlage- oder Merkmalsträger für die Hüftgelenksdysplasie zu finden, bei denen aber selber keine HD ausgeprägt ist, wäre eine Nachkommenprüfung wünschenswert“.

FURCK scheint nicht zu wissen, dass Merkmalsträger als solche bezeichnet werden, weil man das entsprechende Merkmal (hier HD) an ihnen feststellen kann. Somit kann ein Tier, welches „selber keine HD ausgeprägt“ hat, auch kein Merkmalsträger sein !

Weiterhin fordert FURCK, dass bereits bei „einer nachgewiesenen Vererbung“ die betreffenden Elterntiere (beide !) ihre Zuchtzulassung verlieren sollten.

Offensichtlich gehört die quantitative Vererbung nicht zu den Wissensschwerpunkten von FURCK, was auch bei den Aussagen zum Thema Zuchtwertschätzung deutlich zu bemerken ist.

In der gleichen Zeitschrift findet sich bereits auf den nächsten Seiten ein Artikel zum Thema Zuchtwertschätzung mit der provokativen Frage „Nimmt die HD-Häufigkeit ab?“ (FLÜCKIGER und NETT 2006). Die Autoren sehen eine Möglichkeit zur effektiveren HD-Bekämpfung in der Berechnung eines Zuchtwerts für jedes potentielle Zuchttier in dem neben dem eigenen HD-Grad „auch jene von nahen Verwandten, insbesondere von Eltern, Geschwistern und Nachkommen“ mit berücksichtigt werden. „Ein Zuchtwert von

100 entspricht dem Rassedurchschnitt. Nachkommen von Hunden mit einem kleineren Wert leiden seltener an HD, als solche von Hunden mit einem höheren Wert.“ Beide Autoren weisen extra darauf hin, dass HD-B-Hunde mit einem Zuchtwert über 100 NICHT automatisch als Zuchttiere auszuschließen sind, da sie möglicherweise andere erwünschte Eigenschaften besitzen. Für die Paarungsplanung sollte bei solchen Tiere aber darauf geachtet werden, dass der HD-Wert des Partners unter 100 liegt.

Bei monogen autosomal rezessiven Erbgängen (z.B. Blue-dog-Syndrom) belegt bereits ein Nachkomme mit Defekt (z.B. Blauaufhellung der Fellfarbe), dass beide Elterntiere Anlagetträger sind. Doch schon die Frage über die Zuchtverwendung von Anlagetägern für monogene Merkmale, kann nur aus der konkreten Situation der betrachteten Population heraus diskutiert und beantwortet werden.

Für polygene Schwellenmerkmale (z.B. HD) oder Merkmale mit unbekanntem Erbgang (z.B. Katarakt) ist die Frage nach Anlagetägern nicht einfach mit ja oder nein zu beantworten.

Zuchtwert, Rassedurchschnitt, Genauigkeit der Schätzung, die Interpretation von Zuchtwerten (und dann ist das auch nur eine Schätzung), so etwas Kompliziertes ist nur schwer zu verstehen! Die von „kompetenter Seite“ aufgestellte Forderung, bereits bei einer nachgewiesenen Vererbung von HD die betreffenden Elterntiere aus der Zucht auszuschließen, ist jedenfalls erheblich eingängiger.

Wenn Autoren wie Frau Furck (Tiermedizin studiert und promoviert, ein Buch über HD geschrieben), in einer als kompetent eingestuften Zeitschrift, „einfache Lösungen“ präsentieren, bleibt das natürlich auch in den Köpfen vieler Leser hängen.

Was würde z.B. die Forderung, dass von jedem Entlebucher Sennenhund mindestens 10 seiner Nachkommen (bis zum 8.Lebensjahr !) untersucht werden müssen und keines eine Katarakt haben darf, bringen? Diese Rasse würde auf einen Schlag vernichtet, denn es gibt derzeit wohl kaum einen Entlebucher Sennenhund, der eine solche Hürde nehmen kann.

FLÜCKIGER und NETT (2006) geben an, dass von 7200 zwischen 1995 und 2000 ausgewerteten Hunden 21 % C-Gelenke und 10 % D- und E-Gelenke hatten. Somit kann bei 10 Nachkommen mit zwei C-Hunden und einem D- oder E-Hund gerechnet werden. In so mancher Rasse würden wohl kaum noch Zuchttiere übrig bleiben wenn man fordert, dass keiner von 10 zufällig ausgewählten Nachkommen ein schlechteres Ergebnis als HD-B haben darf.

Die Diagnose und Behandlung von Krankheiten (z.B. HD oder Katarakt) und deren züchterische Bearbeitung gehören in zwei unterschiedliche Disziplinen (Tiermedizin bzw. Tierzucht). Ein guter Tierarzt ist nicht automatisch auch der richtige Ansprechpartner für Fragen der Zucht.

5. Vitalität und biologische Fitness

Unter Vitalität versteht man die Fähigkeit eines Tieres sich an wechselnde und auch belastende Umweltbedingungen anpassen zu können. Vitale Tiere zeigen eine geringere allgemeine Krankheitsdisposition, sind fruchtbar und zeugen vitale Nachkommen.

Die biologische Fitness eines Individuums bezeichnet seinen Beitrag zu den Genen der nächsten Generation. Die Überlebensfähigkeit des einzelnen Individuums hängt dabei zum einen von der eigenen Vitalität und zum anderen von der Fürsorge durch Verwandte (z.B. Mutter) ab. Die individuelle Überlebensfähigkeit ist damit auch von der Vitalität verwandter Tiere abhängig. Fitness kann somit in zwei Hauptkomponenten unterteilt werden, die Fruchtbarkeit (Fertilität) und die Aufzuchtleistung. Beide Komponenten zeigen eine nur geringe Erblichkeit. Bei Beiden sind jedoch höhere Inzucht und Heterosiseffekte zu erwarten. (KLEINWÄCHTER et al. 2004)

Die biologische Fitness meint also nicht "Sportlichkeit" oder "Kraft" sondern den Grad der Eignung (engl. fit = passend, geeignet). Das berühmte Zitat von Charles Darwin „survival of the fittest“ lautet richtig übersetzt „Überleben der Geeignetsten“ und nicht „Überleben der Stärksten“.

6. Genetische Vielfalt (Diversität)

Bereits Charles Darwin erkannte, dass Verpaarungen von genetisch unterschiedlichen Eltern oft Nachkommen mit überdurchschnittlicher Leistungsfähigkeit hervorbringen, dagegen zeigen Nachkommen eng verwandter Eltern oft unterlegene Leistungen (PHILIPP 1997). Zum Anfang des 20. Jahrhunderts wurden dafür die Begriffe Heterosis und Inzuchtdepression geprägt. Heterosis und Inzuchtdepression stellen dabei zwei Aspekte desselben Phänomens dar.

6.1. Genetische Vielfalt beim Einzeltier

Die Erbanlagen setzen sich aus einzelnen Vererbungseinheiten (den Genen) zusammen. Während der Zellkernteilung werden die Erbanlagen zu Chromosomen verdichtet und jedes Gen kann einem bestimmten Chromosomenabschnitt (dem Genort) zugeordnet werden. Im Zellkern sind fast alle Chromosomen und damit auch die Gene paarig, also

doppelt vorhanden. Zu jedem Gen kann es dabei verschiedene Varianten geben, welche als Allele bezeichnet werden. Sind bei einem Tier die beiden Allele zu einem Genort gleich, so ist dieser Genort homozygot (reinerbig) besetzt. Sind bei einem Tier die beiden Allele zu einem Genort unterschiedlich, so ist dieser Genort heterozygot (spalterbig) besetzt. Bei einem Tier stammt jedes der beiden Allele an einem Genort von einem anderen Elternteil (väterliches Allel + mütterliches Allel).

Für die wissenschaftlich geforderte Reproduzierbarkeit von Ergebnissen aus Tierversuchen sind genetisch standardisierte Versuchstiere eine Voraussetzung (BELLE 2004). In der Versuchstierzucht (z.B. bei Laboratoriumsmäusen) wurden dafür Inzuchtstämme gezüchtet. Ein geschlossener Zuchtstamm darf frühestens nach 20 Generation engster Inzucht (Bruder x Schwester oder Elter x Nachkomme Paarung) als Inzuchtstamm bezeichnet werden (BELLE 2004). In Generation 20 wird dabei rechnerisch ein Inzuchtkoeffizient von 0,986 erreicht, d.h. die Wahrscheinlichkeit für Homozygotie in allen Genorten beträgt 98,6%. Der hypothetische Wert von 100%, also eine absolute Homozygotie, kann wohl nicht erreicht werden, da die Selektion auf Vitalität und weitere Effekte diesem entgegen wirken (BELLE 2004). Mit zunehmender Homozygotie können Veränderungen bestimmter Merkmale wie z.B. des Wachstums, der Fruchtbarkeit oder der Vitalität, beobachtet werden. Die Tiere sind empfänglicher für Krankheiten, zeigen eine erhöhte Empfindlichkeit auch gegenüber kleinsten Umweltveränderungen, haben häufig Fruchtbarkeitsprobleme und eventuell eine geringere Lebenserwartung (Quellen bei BELLE 2004). Diese mit der zunehmenden Homozygotie einhergehenden negativen Veränderungen, werden als **Inzuchtdepression** bezeichnet.

Insbesondere die erhöhte Empfindlichkeit von Inzuchtstämmen gegenüber Umweltveränderungen (z.B. Temperatur, Luftfeuchte, Beleuchtungsdauer, Ausstattung der Käfige, Futter usw.) kann die Reproduzierbarkeit von Tierversuchsergebnissen negativ beeinflussen.

Kreuzt man zwei Inzuchtstämme, wird die erste Generation als F1-Hybride bezeichnet. Sie sind an allen Genorten, an denen sich die Inzuchtstämme unterscheiden, heterozygot und uniform (Mendelsche Uniformitätsregel).

Beispiel: ein Genort bei der Erzeugung von F1-Hybriden aus Inzuchtstämmen

Inzuchtstamm 1 Inzuchtstamm 2	A ₁	A ₁
A ₂	A ₁ A ₂	A ₁ A ₂
A ₂	A ₁ A ₂	A ₁ A ₂

Inzuchtstämme und ihre F1-Hybride sind beide genetisch uniform und somit als genetisch standardisierte Versuchstiere geeignet. Doch während Tiere der Inzuchtstämme an fast 100% der Genorte Homozygot sind, sind die F1-Hybride an bis zu 100% der Genorte Heterozygot.

F1-Hybriden zeigen gegenüber ihren ingezüchteten Eltern eine geringere allgemeine Krankheitsdisposition, kompensieren auch belastende Umweltbedingungen z.T. deutlich besser und zeigen bessere Leistungen bezüglich Wachstum und Fortpflanzung. Diese positiven Veränderungen der F1-Tiere gegenüber Ihren Eltern bezeichnet man als **Heterosis** (BELLE 2004). Die Heterosis wird mit der größeren Anzahl von unterschiedlichen Allelen in den F1-Hybriden erklärt. Ein größerer Allelpool im Einzeltier wirkt sich damit positiv auf Vitalität und Fruchtbarkeit aus.

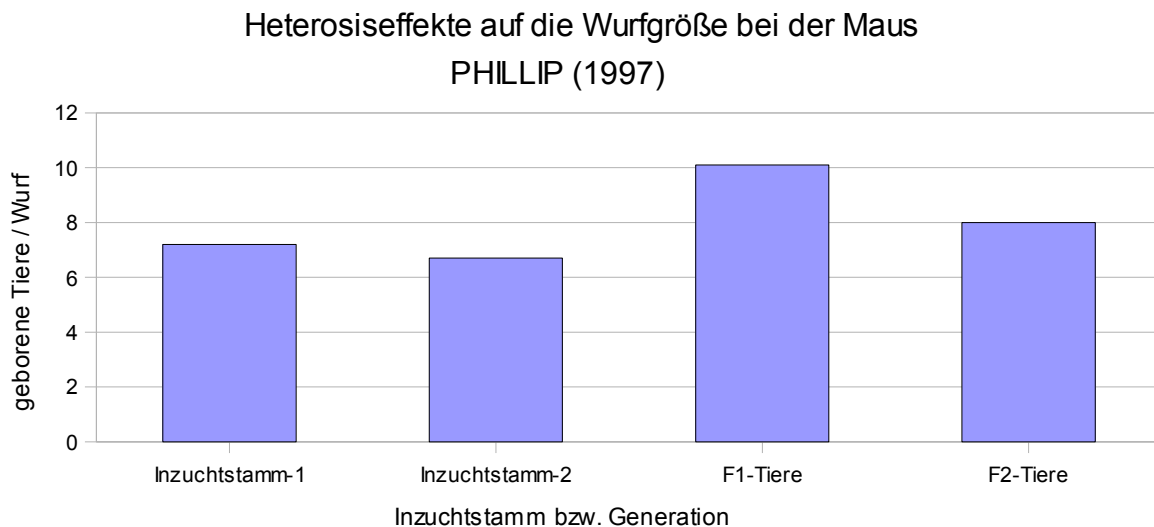
Wenn F1-Tiere aus Inzuchtstämmen verpaart werden, ist bei den F2-Hybriden mit einem absinken der durchschnittlichen Heterozygotie um 50 % zu rechnen, wobei sich die Genotypen in einem bestimmten Verhältnis aufspalten (Mendelsche Spaltungsregel).

Beispiel: ein Genort bei der Erzeugung von F2-Hybriden aus F1-Tieren

F1-Mutter	A ₁	A ₂
F1-Vater		
A ₁	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂
A ₂	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂

Die Aufspaltung der Genotypen erfolgt dabei auf den Genorten unabhängig voneinander (Mendelsche Unabhängigkeitsregel) und somit verlieren die einzelnen F2-Tiere die Heterozygotie an unterschiedlichen Genorten.

PHILIPP (1997) ermittelte Heterosiseffekte auf die Wurfgröße bei der Maus. Dazu wurden zwei Inzuchtstämme gekreuzt und die daraus hervorgegangenen F1- Hybriden wiederum miteinander verpaart, um eine F2-Generation zu schaffen.



Obwohl die beiden Inzuchtlinien mit 6,7 bzw. 7,2 geborenen Tieren/Wurf gute Fruchtbarkeitsleistungen aufweisen, sind die F1-Tiere mit 10,1 geborenen Tieren/Wurf um 45,3% besser. Bei den F2-Tieren geht die Wurfleistung wieder deutlich zurück, liegt aber immer noch 15,1% über den Leistungen der Ausgangslinien. In weitergehenden Untersuchungen an der F2-Generation konnte PHILIPP (1997) bei 6 von 56 DNA-Markern (Mikrosatelliten) eine signifikante Beziehung zwischen dem Heterozygotiegrad und der Heterosis für Wurfgröße ermitteln. Waren diese sechs DNA-Marker heterozygot (mit zwei unterschiedlichen Allelen) besetzt, so zeigten die betreffenden Tiere auch bessere Wurfleistungen (Annahme von [Superdominanz](#)).

6.2. Genetische Vielfalt in einer Population

Die Zuchttiere einer Rasse bilden eine Paarungsgemeinschaft und damit eine Population. Die Gesamtheit der Erbanlagen dieser Tiere bilden den Genpool einer Population. Jedes einzelne Tier besitzt an jedem Genort ein oder zwei Genvarianten (Allele). Da die Genvarianten an einem Genort auch zwischen den Tieren variieren können besteht die Möglichkeit, das zu einem Genort eine Vielzahl von Genvarianten (Allelen) in einer Population vorhanden sind. Die Anzahl der Allele pro Genort gilt als eine Kennzahl für die Genetische Vielfalt einer Population (z.B. Hunderasse).

Eine weitere Kennzahl ist der Anteil mit dem die einzelnen Allele bei Tieren einer Population gefunden werden können. Diese Allelfrequenzen werden in Prozent angegeben.

Beispiel: Allelzahl und Allelfrequenzen an einem hypothetischen Genort

	Genort	
	1. Allel	2. Allel
Tier 1	A	A
Tier 2	B	C
Tier 3	A	B
Tier 4	A	C
Tier 5	B	B
Allelzahl = 3 (A; B; C)		
Allelfrequenz = $4 \cdot A + 4 \cdot B + 2 \cdot C$ // A=40%; B=40%; C=20%		

Eine weitere wichtige Aussage zur genetischen Variabilität einer Population (z.B. Hunderasse) ist der tatsächliche Anteil heterozygot besetzter Genorte (im Beispiel 3 von 5 also 60 %). Dieser Wert wird als beobachtete Heterozygotie (H_o) bezeichnet. Bei drei unterschiedlichen Allelen an einem Genort sind sechs unterschiedliche Genotypen möglich (AA, AB, AC, BB, BC, CC). Für die Häufigkeiten von Allelen und Genotypen gelten unter den Bedingungen einer Idealen Population einfache mathematische Zusammenhänge, welche als Hardy-Weinberg-Gleichgewicht bezeichnet werden. Damit besteht die Möglichkeit, aus den Allelfrequenzen erwartete Genotypfrequenzen und somit auch eine erwartete Heterozygotie (H_E) zu berechnen. Der Vergleich zwischen der beobachteten und der erwarteten Heterozygotie lässt Rückschlüsse auf den Verwandtschaftsgrad der Elterngeneration zu. Ein Heterozygotendefizit ($H_E > H_o$) deutet darauf hin, dass der Verwandtschaftsgrad der Elterntiere höher als das Populationsmittel war. Ein Heterozygotenüberschuss ($H_E < H_o$) lässt umgekehrt also den Schluss zu, dass mit weniger verwandten Tieren gezüchtet wurde. Die Anpaarungsplanung hat somit einen Einfluss auf die Heterozygotie der resultierenden Nachkommen. Doch die Anpaarungsplanung innerhalb von (in der Hundezucht üblichen) geschlossenen Populationen hat Grenzen. Die Anzahl der Allele pro Genort und die Allelfrequenzen bestimmen die möglichen Grenzen der Heterozygotie. Durch genetische Drift verlorene Allele können nur durch populationsfremde Tiere wieder eingeführt werden. Die Rassegründung und der weit zurückliegende Zuchtverlauf haben in geschlossenen

Populationen einen bedeutenden Einfluss auf die aktuelle genetische Variabilität. Inzuchtkoeffizienten und aktuelle effektive Populationsgrößen sind gut geeignet um den jüngeren und aktuellen Zuchtverlauf zu analysieren und zu steuern. Aussagekräftige Analysen zur genetische Variabilität einer geschlossenen Population (z.B. Hunderasse) erfordern entsprechende molekulargenetische Untersuchungen.

Beispiel: $\bar{\varnothing}$ Anzahl Allele und beobachtete Heterozygotie (H_o) bei Mikrosatelliten-Markern

<i>Tierart</i>	<i>Rasse</i>	<i>Anz. Tiere</i>	<i>Anzahl Marker</i>	$\bar{\varnothing}$ <i>Anz. Allele</i>	$\bar{\varnothing}$ <i>Heterozygotie</i>	<i>Quelle</i>
Haushund	Boxer	20	9	3,90	41,1%	VÖLKELE 2005
	Dobermann	13	9	3,60	56,4 %	VÖLKELE 2005
	Deutscher Schäferhund	42	9	5,40	39,4 %	VÖLKELE 2005
	Rauhhaarteckel	40	9	6,70	66,9 %	VÖLKELE 2005
Hausschaf	Kärntner Brillenschaf	50	11	7,09	73,8 %	SCHWEND 2001
	Villnößer Schaf	50	11	7,18	74,0 %	SCHWEND 2001
	Bergschaf	50	11	7,91	72,7 %	SCHWEND 2001
	Texelschaf	36	11	5,64	64,9 %	SCHWEND 2001
Hausschwein	Edelschwein	50	25	6,44	67,0 %	WIMMERS et al. 2003
	Deutsche Landrasse	50	25	6,92	72,0 %	WIMMERS et al. 2003
	Pietrain	50	25	5,88	62,0 %	WIMMERS et al. 2003
Hauspferd	Island Pferd	45	31	6,43	71,6 %	ABERLE 2003
	Hannoversche Warmblut	47	31	6,70	73,5 %	ABERLE 2003
	Süddeutsches Kaltblut	45	31	6,33	70,7 %	ABERLE 2003
	Schleswiger Kaltblut	45	31	5,50	69,6 %	ABERLE 2003
Wildpferd	Przewalski Pferd	18	31	3,83	46,8 %	ABERLE 2003

Ein direkter Vergleich dieser Ergebnisse ist aber problematisch. In jeder Studie wurden unterschiedlich viele und v.a. andere Mikrosatelliten-Marker verwendet. Die unterschiedliche Variabilität der verwendeten Marker und auch die variierenden Stichprobengrößen zwischen den Studien können zu falschen Schlussfolgerungen führen. Idealerweise vergleicht man also Ergebnisse, die mit den gleichen Markersystemen und den gleichen Stichprobengrößen (Anzahl untersuchter Tiere) erzielt wurden. Die gesamte heutige Population der Przewalski Wildpferde stammt von insgesamt 13 Tieren ab (ABERLE 2003). Die niedrigen Werte für Heterozygotie und Anzahl Allele/Marker zeigen, dass die Zucht aus sehr kleinen Gründerbeständen und nachfolgend zeitweise sehr geringe Populationsgrößen zum Verlust der genetischen Vielfalt führen.

7. Selektion – Wünsche und Möglichkeiten

7.1. Künstliche Selektion

Künstliche Selektion ist die zuchtzielabhängige Bevorzugung einzelner Eltern.

Seit mehr als 30 Jahren wird in vielen Rassen versucht das HD-Risiko zu senken. Es gibt viele Meldungen, dass dieses auch gelungen ist. Doch in der tierärztlichen Praxis ist die Behandlung von Rassehunden mit der Diagnose HD immer noch alltäglich. Vor dem Hintergrund, dass in vielen Rassen nur noch HD-freie Hunde zum Zuchteinsatz kommen dürfen und das HD-Ergebnis vor dem ersten Zuchteinsatz vorliegt, ist dieses sehr ernüchternd. Ein durch die Zuchtverbände ermittelter statistischer Rückgang muss in seinem Umfang vorsichtig interpretiert werden (KIRCHHOFF 2003; FLÜCKIGER und NETT 2006), ist aber durchaus vorhanden.

Seit 1996 schließt der SSV von Katarakt betroffene Entlebucher Sennenhunde von der Zucht aus (HEITMANN 2003). Aufgrund des hohen durchschnittlichen Manifestationsalters von 5,5 Jahren ist eine positiven Diagnose aber häufig erst nach dem, unter Umständen mehrfachen Zuchteinsatz möglich. Der Zuchtausschluss betroffener Hunde scheint allein nicht ausreichend, um die Verbreitung von Katarakt in der Rasse deutlich zu senken.

Deshalb wird derzeit viel darüber diskutiert, mit welchen züchterischen Maßnahmen die Bekämpfung von Erkrankungen mit erblichem Hintergrund deutlich effizienter gestaltet werden kann.

So werden Selektionsmethoden unter Einbeziehung von Untersuchungsergebnissen von Eltern, Geschwistern und insbesondere von Nachkommen gefordert. In einer Zuchtwertschätzung kann aus diesen Informationen unter Einbeziehung der Verwandtschaft ein Zuchtwert für jedes Tier geschätzt werden. Die Genauigkeit des einzelnen Zuchtwerts ist dabei unter anderem von der Anzahl untersuchter naher Verwandter (Eltern, Vollgeschwister, Nachkommen) abhängig. Die Anzahl der Eltern und der Vollgeschwister ist nicht beliebig erweiterbar. Deshalb hat sich in der Zucht und Vermehrung von Nutztieren die Nutzung von Leistungen der Nachkommen für die Zuchtwertschätzung bewährt. Somit ist es nicht verwunderlich, dass auch für die Hundezucht die Nutzung von Nachkommeninformationen in einer Zuchtwertschätzung empfohlen wird. Dabei sollen in der Hundezucht die Leistungen von 5 – 10 zufällig ausgewählten Nachkommen für einen ausreichend genauen Zuchtwert genügen (HEITMANN 2003; FLÜCKIGER und NETT 2006).

Egal ob es um Augenerkrankungen oder um HD geht, ein Problem stellt sich allen

Autoren: Es gibt zu wenig Untersuchungsergebnisse !

Die vorgestellten Ergebnisse zur Erblichkeit und zum Erbgang von Augenerkrankungen beim Dackel, beim Tibet Terrier und beim Entlebucher Sennenhund sind deshalb relativ vage und ungenau. Darum fordern diese Autoren auch, die Anzahl der untersuchten Tiere und auch die Zahl der Augenuntersuchungen pro Tier deutlich zu erhöhen. Gleichzeitig müssen sie aber feststellen, dass systematische Untersuchungen von deutlich mehr als den aktuellen Zuchttieren wohl nicht in der Möglichkeit der Verbände liegen. Bei HD ist die Situation z.B. beim Deutschen Schäferhund (KIRCHHOFF 2003) ähnlich. Und so stellen FLÜCKIGER und NETT (2006) fest: „Bis heute bestehen auch keine rechtlichen Möglichkeiten, Welpenkäufer zu einer HD-Vorsorgeuntersuchung ihres Junghundes zu verpflichten.“

Aber selbst die vorhandenen Untersuchungsergebnisse sind nicht ohne Probleme. Wenn für Rassehunde bei einer Untersuchung z.B. HD oder eine Augenkrankheit diagnostiziert wird, dieses aber nicht in die offiziellen Statistiken eingeht, führt das zu falschen Einschätzungen. Solche zensierten Untersuchungsergebnisse erschweren die korrekte Interpretation erheblich. Insbesondere deshalb, weil Umfang und zeitliche Veränderungen dieser Zensur unbekannt sind.

Die Veröffentlichung von Untersuchungsergebnissen mag Offenheit zeigen, aber eine korrekte Interpretation von unkommentierten Rohdaten zu einer polygenen Erkrankung dürfte dem einzelnen Leser kaum möglich sein. Dieses wird noch dadurch erschwert, dass zu den einzelnen Tieren eine deutlich unterschiedliche Anzahl von untersuchten Verwandten vorhanden ist. Fehlinterpretationen und daraus resultierende Spannungen werden damit provoziert und fördern evtl. die selektive Meldung von Untersuchungsergebnissen an den Verein.

7.2. Natürliche Selektion

Natürliche Selektion ist die Bevorzugung von Genen, die für die Arterhaltung förderlich sind.

RÄBER (1996) zitiert in seinem Buch „Schnauzer – Pinscher“ einen 1921 erschienenen Artikel von J.Berta. Darin berichtet er vom „alten Waterlooper“ welcher im 19.Jahrhundert über viele Jahrzehnte wie folgt Affenpinscher züchtete: „Er züchtete nur mit den gesunden Tieren, benutzte nur ältere Rüden für die jüngeren Hündinnen, die schon ja

bei Pfarrern und Lehrern in der Umgebung reichlich zur Verfügung standen“(S.130). KRAUTWURST (2002) sieht einen der entscheidenden Gründe für die „negative Entwicklung der Rassegesundheit“ in der „modernen Zucht“ darin, dass „es kaum noch Nuancen der natürlichen Selektion gibt, die dazu beitragen könnten, unsere Rassen gesund zu erhalten.“(S.104)

Die natürliche Selektion wirkt ab der Entstehung von Ei- und Samenzelle über die Verschmelzung, Embryonalentwicklung, Geburt bis zum Tod. Es ist natürliche Selektion, wenn ein großer Teil der Weißtiger (homozygote Merle-Hunde) bereits vor der Geburt sterben. Eines der wichtigsten Indizien für die sinkende Vitalität einer Rasse ist das Absinken der durchschnittlichen Lebenserwartung. Ein hohes Lebensalter (>8 Jahre) in Verbindung mit körperlicher Fitness und gesunden Sinnesorganen sind deutliche Indizien für eine hohe Vitalität des betreffenden Hundes.

Laut VDH-Zuchtordnung dürfen Rüden ab einem Mindestalter von 12. Monaten, Hündinnen ab einem Mindestalter von 15. Monaten zur Zucht verwendet werden. Ein Alter von 12 Monaten ist noch nicht mal ausreichend um eine leichte HD röntgenologisch sicher zu erkennen (KIRCHHOFF 2003). Dispositionen für andere Erkrankungen (z.B. Augenerkrankungen) sind oft erst deutlich später zu bemerken. Das niedrige Mindestalter (12 bzw. 15 Monate) führt dazu, dass die positive Diagnose einer Erkrankung häufig erst nach dem, unter Umständen mehrfachen Zuchteinsatz möglich ist. Im Zusammenhang mit den gesundheitlichen Problemen beim Mittelschnauzer pfeffersalz wurde auch im Pinscher-Schnauzer-Klub 1895 e.V. bereits über ein höheres Mindestalter für die erste Zuchtverwendung diskutiert. In der Zuchtordnung des Rassezuchtvereins für Hovawart-Hunde e.V. ist z.B. für Rüden und Hündinnen ein Mindestalter von 24 Monaten festgelegt.

Hündinnen sollten aus biologischen und Tierschutzgründen maximal bis zur Vollendung des 8. Lebensjahres für die Zucht verwendet werden. Rüden können dagegen bis an ihr Lebensende erfolgreich decken. Aufgrund der unterschiedlichen biologischen Grenzen für die Häufigkeit und Dauer der Zuchtverwendung beider Geschlechter, halte ich geschlechtsabhängige Grenzen für sinnvoll.

Natürliche Selektion braucht genügend Zeit. Insbesondere die Zuchtverwendung von jungen Rüden sollte deshalb eingeschränkt werden.

Mein Vorschlag zum Altersbereich und zur Häufigkeit der Zuchtverwendung von Hunden.

Rüden: Mindestalter = 36 Monate

Höchster = unbegrenzt (entsprechend VDH-Zuchtordnung)

Häufigkeit = bis zum vollendeten 8. Lebensjahr begrenzt auf max. ein Wurf/Jahr

Hündin: Mindestalter = 24 Monate

Höchstalter = Vollendung des 8. Lebensjahres (entsprechend VDH-Zuchtordnung)

Häufigkeit = 2 Würfe innerhalb 24 Monaten (entsprechend VDH-Zuchtordnung)

8. Einflussfaktoren auf Vitalität und Selektionserfolg

Vor 30 Jahren war es nur HD bei wenigen Rassen. Heute gibt es kaum noch eine im Zuchtbuch geführte Hunderasse ohne mindestens eine rassetypisch gehäuft auftretende Erkrankung. Die abnehmende Bedeutung der natürlichen Selektion ist aber nur ein Grund dafür.

Kleine Gründerpopulationen und fortgesetzt zu enge Zucht haben bei vielen Hunderassen die genetische Vielfalt erheblich eingeschränkt. Folgen sind insbesondere negative Veränderungen im Bereich Fruchtbarkeit und Vitalität. Die Tiere sind empfänglicher für Krankheiten und haben eine geringere Lebenserwartung.

Zu enge Zucht führt zu einer steigenden Homozygotie, also zu einer Zunahme von Genorten, welche zwei gleiche Allele aufweisen. Steigende Homozygotie erhöht die Empfindlichkeit auch gegen kleinste Umweltveränderungen (BELLE 2004). Diese erhöhte Empfindlichkeit hat zur Folge, dass trotz einer zunehmenden genetischen Ähnlichkeit die sichtbare (phänotypische) Ähnlichkeit von Tieren einer Rasse sogar abnehmen kann (BELLE 2004).

Für die Zucht wird das einzelne Tier im wesentlichen anhand seines Phänotyps (Größe, Farbe, Exterieur, HD-Wert, Wesen usw.) beurteilt. Dieser Phänotyp wird durch das Zusammenwirken von Genotyp und Umwelt gebildet. Durch künstliche Selektion kann der Genotyp der nächsten Generation für einige Merkmale in eine gewünschte Richtung verändert werden. Mit zunehmender Inzucht sind Größe, Farbe, Exterieur, HD-Wert, Wesen usw. aber immer weniger vom Genotyp und immer mehr von Umwelteinflüssen abhängig. Die Erblichkeit dieser Merkmale nimmt ab.

Die mit der zunehmenden Inzucht einhergehende erhöhte Empfindlichkeit führt bei Erkrankungen mit Schwellencharakter zu einem Absinken der Schwelle. Wenn also die Selektion gegen eine Erkrankung (z.B. HD) mit einer deutlichen Zunahme der Inzucht verbunden ist, kann der Effekt (weniger Tiere mit HD in der Folgegeneration) dennoch ausbleiben oder sogar negativ (trotz Selektion ein Zunahme der HD-Erkrankungen) werden.

Sowohl KETTERITZSCH (2002, S. 166 für Linsenluxation), HEITMANN (2003, S. 114 für PRA)

als auch GRESKY (2004, S.104 für Katarakt) stellen in ihren Arbeiten einen Zusammenhang zwischen dem Inzuchtkoeffizienten und der Wahrscheinlichkeit der untersuchten Erkrankungen fest. Wobei gilt, je höher der Inzuchtkoeffizient, desto höher ist auch die Wahrscheinlichkeit einer Erkrankung.

Bei der Zucht von landwirtschaftlichen Nutztieren (z.B. Huhn, Schwein, Rind) werden enorme Mittel dafür aufgewendet, die Umweltbedingungen für zu testende Tiere möglichst einheitlich zu gestalten. Damit wird der Einfluss der Umwelt auf den Phänotyp vereinheitlicht und möglichst gering gehalten. Der Genotyp kann somit für alle Tiere mit einer ähnlichen und hohen Genauigkeit ermittelt werden.

In der Hundezucht sieht es vollkommen anders aus. Schon die Wurfumwelt unterscheidet sich zwischen Züchtern und/oder Würfen zum Teil erheblich. Ab der neunten Lebenswoche verlassen die Welpen den Züchter. Ab diesem Zeitpunkt wächst faktisch jeder Hund in seiner einmaligen Umwelt auf. Und die Hunde treffen hier auf sehr unterschiedliche Haltungsbedingungen. Der Einfluss von Fütterung und körperlicher Belastung auf z.B. HD ist hinreichend bekannt. Die Genauigkeit, mit der vom Phänotyp auf den Genotyp eines konkreten Hundes geschlossen werden kann, unterliegt somit großen zufälligen Unterschieden. In der Hundezucht haben wir praktisch keine Möglichkeiten, diese zufälligen Unterschiede in den Umweltbedingungen für ein konkretes Tier „herauszurechnen“. Zunehmende Inzucht verstärkt den Einfluss der Umweltbedingungen auf ein Merkmal noch und verschlechtert die Möglichkeiten einer erfolgreichen Selektion zusätzlich.

Inzucht ist der direkte Gegenspieler zur Selektion !

8.1. Was ist zu enge Zucht und wie erkennt man sie ?

Im März 2003 wurde von der Agrarministerkonferenz ein "Nationales Fachprogramm" verabschiedet, in dem ein besonderes Augenmerk auf die vom Aussterben bedrohten Haustierrassen gelegt wird (IBV 2003). Dieses "Nationale Fachprogramm" enthält Handlungsanweisungen zum Management einer nachhaltigen Nutzung der heimischen Haustierrassen.

Als eine wesentliche Maßnahme soll der Gefährdungsstatus von Nutztierpopulationen anhand ihrer effektiven Populationsgrößen (N_e) ermittelt werden.

Es werden drei Gefährdungskategorien unterschieden:

1. $N_e < 200$ Erhaltungspopulation
Stark gefährdete Population, für die baldmöglichst ein Lebenderhaltungsprogramm begonnen werden soll.
2. $200 < N_e < 1000$ Beobachtungspopulation
Gefährdete Population, in der ein Kryokonservierungsprogramm durchgeführt werden sollte.
3. $N_e > 1000$ Nicht gefährdete Population
in der gleichwohl die effektive Populationsgröße routinemäßig zu berechnen und zu dokumentieren ist.

Für Populationen, die bereits unter $N_e = 50$ abgefallen sind wird festgestellt, dass „die Lebenderhaltung als genetische Ressource langfristig meist nicht mehr erfolversprechend“ ist (IBV 2003).

Beispiel: Zusammenhang von genetischer Vielfalt (Diversität) und Populationsgröße

Für eine Ausgangspopulation wird angenommen, dass an jedem Genort jeweils zwei Allele mit der gleichen Frequenz (jeweils 50 %) vorliegen.

Liegt die inzuchtwirksame (effektive) Größe dieser Population (z.B. Hunderasse) nur bei 10 Tieren, ist nach 20 Generationen bereits an ca. 50 % der Genorte ein Allel verloren gegangen. Bei einer effektiven Populationsgröße von 20 Tieren würde die Zahl der verlorenen Allele auf 10 % sinken.

In jeder Population endlicher Größe treten langfristig Genverluste auf, aber die inzuchtwirksame (effektive) Populationsgröße bestimmt entscheidend die Geschwindigkeit. Genverluste führen zu einer steigenden Homozygotie (zwei gleiche Allele an einem Genort). Damit steigt die Gefahr, dass sich die meist rezessiven Erbfehler (z.B. Nabelbruch, Binnenhoden) ausbreiten können. Weiterhin führt dieser Verlust an

genetischer Vielfalt zu negativen Veränderungen im Bereich Fruchtbarkeit und Vitalität. Anhand der effektiven Populationsgröße (N_e) lässt sich der aus der Inzucht resultierende Gefährdungsgrad am besten beurteilen.

Im "Nationalen Fachprogramm" wird für die Erhaltung einer Rasse eine effektive Populationsgröße von mindestens 200 Tieren gefordert. Selbst wenn für nur wenige Generationen die effektive Populationsgröße auf Werte um $N_e = 50$ absinkt, werden negative Inzuchteffekte wahrscheinlich (IBV 2003).

Die folgenden Ausführungen sollen den Zusammenhang zwischen dem Inzuchtkoeffizienten eines Tieres, der Inzuchtsteigerung je Generation und der effektiven Populationsgröße in einer geschlossenen Population verdeutlichen.

Der Inzuchtkoeffizient (F)

Der Inzuchtkoeffizient (F) ist die Wahrscheinlichkeit, mit der bei einem bestimmten Tier auf einem beliebigen Genort zwei herkunftsgleiche (von einem gleichen Ahnen stammende) Allele liegen.

Der Inzuchtkoeffizient wird über mehrere Ahnengenerationen (üblich 3 – 8) berechnet. Inzuchtkoeffizienten verschiedener Tiere dürfen nur dann miteinander verglichen werden, wenn sie über die gleiche Anzahl von Ahnengenerationen berechnet wurden. Die Angabe eines Inzuchtkoeffizienten ohne die Anzahl der Ahnengenerationen ist deshalb wertlos ! Angegeben werden Inzuchtkoeffizienten in Prozent.

Dabei wird der Wert 7% dahingehend interpretiert, das die Zahl der Genorte mit herkunftsgleichen Allelen über die berechneten Generationen um 7% zugenommen hat.

Beispiele: Inzuchtkoeffizienten bei Hunderassen

Rasse	Anzahl Tiere	Ahnen-generationen	Mittlerer Inzuchtkoeffizient (F)	Standardabweichung (s)	Quelle
Tibet Terrier	6116	bis zu 9	0,89%,	3,34%	KETTERITZSCH 2002
Entlebucher Sennenhunde	3741	bis zu 9	4,64 %	3,57 %	HEITMANN 2003
Dackel	203119	bis zu 11	5,27 %	6,39%	GRESKY 2004

Bei der Berechnung von Inzuchtkoeffizienten für Tiergruppen ergibt sich oft das Problem von unvollständigen Pedigree – Informationen für einzelne Tiere. In allen drei hier vorgestellten Publikationen ist dieses insbesondere bei Importhunden der Fall. Für diese sind oftmals nur drei Ahnengenerationen oder sogar noch weniger bekannt. Hinzu kommen mögliche Fehler im dokumentierten Pedigree. Mit jeder zusätzlichen

Ahnengeneration steigt die Ungenauigkeit durch fehlende oder falsche Informationen exponentiell an.

Die Inzuchtsteigerung je Generation (ΔF)

Die Inzuchtsteigerung je Generation (ΔF) ist der Wert, um den der Inzuchtkoeffizient der Tiere in der Population von einer Generation zur nächsten durchschnittlich zugenommen hat.

Dabei wird der Wert 1% dahingehend interpretiert, dass die Zahl der Genorte mit herkunftsgleichen Allelen von einer Generation zur nächsten um 1% zunimmt.

Formel: $\Delta F = \frac{1}{2N_e}$ (N_e = Anzahl der effektiven Eltern = effektive Populationsgröße)

Beispiele: $\Delta F = 1 / 2 \cdot 10 = 0,05 = 5\%$ Inzuchtsteigerung je Generation bei 10 Eltern

$\Delta F = 1 / 2 \cdot 110 = 0,005 = 0,5\%$ Inzuchtsteigerung je Generation bei 110 Eltern

Die Zahl der Nachkommen und die Einsatzhäufigkeit insbesondere der Rüden unterliegt häufig starken Schwankungen. Dieses, künstliche Selektion und weitere Effekte führen dazu, dass die inzuchtwirksame (effektive) Populationsgröße meist deutlich kleiner als die reale Anzahl der Zuchttiere ist. Damit ist auch die Inzuchtzunahme ΔF höher als aufgrund der realen Anzahl von Zuchttieren zu erwarten wäre.

Deshalb ist es sinnvoll, den Inzuchtzuwachs ΔF in einer Hundepopulation direkt aus den Inzuchtkoeffizienten (F) der einzelnen Tiere zu schätzen.

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{(t-1)}}{1 - F_{(t-1)}}$$

F_t = durchschnittlicher Inzuchtkoeffizient der aktuellen Population

F_{t-1} = durchschnittlicher Inzuchtkoeffizient der Elterngeneration

Als Parameter zum Vergleich verschiedener Populationen kann dann die effektive

Populationsgröße wie folgt ermittelt werden: $N_e = \frac{1}{2\Delta F}$

Die effektive Populationsgröße (N_e)

Die effektive Populationsgröße (N_e) bezeichnet die Anzahl von Individuen, welche unter den Bedingungen einer Idealen Population eine bestimmte Inzuchtsteigerung (ΔF) je Generation verursachen.

Die ideale Population ist dabei unter anderem gekennzeichnet durch:

- alle Paarungskombinationen mit gleicher Wahrscheinlichkeit (Panmixie)
- gleich viel männliche und weibliche Tiere
- keine Selektion

Formel:
$$N_e = 4 \frac{N_m * N_w}{N_m + N_w}$$
 (N_m = Anzahl männliche Eltern; N_w = Anzahl weibliche Eltern)

Tabelle: Einfluss des Geschlechterverhältnisses auf die effektive Populationsgröße

N_m = Anz. männliche Eltern	N_w = Anz. weibliche Eltern	N_e = effektive Populationsgröße	ΔF = Inzuchtsteigerung/Generation
2	2	4	12,5 %
1	1000	4	12,5 %
10	50	33	1,5 %
10	100	36	1,4 %
25	25	50	1,0 %
55	55	110	0,5 %
60	300	200	0,3 %

Eine Population aus einem männlichen- und 1000 weiblichen Tieren ist im Bezug auf die Inzuchtsteigerung nicht größer als eine Population aus zwei männlichen- und zwei weiblichen Tieren!

Bei einer ungleichmäßigen Elternzahl je Geschlecht, ist die effektive Populationsgröße im wesentlichen abhängig vom Geschlecht mit der kleinsten Elternzahl. Man spricht bei einer ungleichmäßigen Geschlechterverteilung auch vom begrenzenden Geschlecht.

GRESKY (2004) ermittelt einen Inzuchtzuwachs von $\Delta F = 0,263$ % für die zwischen 1987 und 2002 geborenen Dackel. Daraus ergibt sich für diesen Zeitraum eine effektive Populationsgröße von $N_e = 192$ Tieren.

Die effektive Populationsgröße über mehrere Generationen

Die aktuelle effektive Populationsgröße (und somit die Inzuchtsteigerung) ist nicht nur von der Zahl der Individuen sondern auch vom Grad der Verwandtschaft dieser Tiere untereinander abhängig. Und dieser Verwandtschaftsgrad wird entscheidend von den effektiven Populationsgrößen in vorangegangenen Generationen beeinflusst. Die effektive

Populationsgröße unter Beachtung der vorangegangenen Generationen wird dabei als harmonisches Mittel berechnet.

$$\text{Formel: } N_e = \frac{t}{(1/N_1 + 1/N_2 + \dots + 1/N_t)}$$

t = Zahl der Generationen; $N_{1-t} = N_e$ in der jeweiligen Generation

WACHTEL (1998) nennt das folgende fiktive Beispiel, in dem eine Rasse mit 10 Tieren gegründet wird und innerhalb von vier Generationen auf 10.000 Zuchttiere anwächst.

$$N_e = \frac{4}{(1/10 + 1/100 + 1/1000 + 1/10000)} = 36$$

Obwohl in der vierten Generation 10.000 Zuchttiere stehen, entspricht die Inzuchtsteigerung in dieser Generation einer effektiven Population von nur 36 Tieren. Ein zweites Beispiel soll den großen Einfluss einer ausreichenden Gründerpopulation verdeutlichen. Es wird eine Rasse mit 30 Tieren gegründet und innerhalb von vier Generationen auf 240 Zuchttiere ausgedehnt.

$$N_e = \frac{4}{(1/30 + 1/60 + 1/120 + 1/240)} = 64$$

Obwohl die Zahl der Zuchttiere bereits in der zweiten Generation deutlich niedriger als im ersten Beispiel ist, wird in der vierten Generation eine fast doppelt so hohe effektive Population von 64 Tieren erreicht.

Aus diesen Beispielen wird klar, dass selbst Hundepopulationen, welche heute eine sehr große Anzahl von Zuchttieren aufweisen, fast ewig die Bürde zu kleiner Gründerpopulationen oder weit zurückliegender genetischer Flaschenhälse (z.B. aufgrund der Weltkriege und insbesondere der Nachkriegszeit) zu tragen haben.

Für die Anerkennung einer neuen Rasse durch die FCI sind deshalb die Anforderungen an die Zahl der nicht verwandten Tiere in der Gründerpopulation deutlich angehoben worden (RÄBER 2007). So müssen in acht getrennten Zuchtlinien je zwei nicht mit einander verwandte Rüden vorhanden sein.

Genetische Drift

Als Genetische Drift bezeichnet man zufällige Allelfrequenzänderungen, welche über Generationen hinweg in Populationen beobachtet werden können. Diese zufälligen Effekte stehen im Gegensatz zu den durch Selektion gewollten Allelfrequenzänderungen.

Genetische Drift beruht auf folgenden Phänomenen in einer Population:

- Bei der geschlechtlichen Vermehrung geben die Eltern nur eine Hälfte ihres Genoms an jeweils einen ihrer Nachkommen weiter.
- Durch Zufall kann auf einzelnen Genorten das Vater-Allel und das Mutter-Allel gleich sein (Genort ist dann homozygot besetzt).
- Nicht alle Zuchttiere einer Population geben alle ihre Allele an die nachfolgende Generation weiter.

Die Frequenzen der in einer Population vorhandenen Allele ändern sich zufällig von Generation zu Generation - sie „driften“.

In begrenzten Populationen besteht durch Genetische Drift auf jedem Genort die Tendenz zur Fixierung nur eines Allels und dem Verlust aller anderen Allele. Dabei ist die Drift richtungslos, d.h. in jeder Population gehen andere Allele verloren oder werden fixiert.

Der über Generationen hinweg stattfindende Verlust von Allelen ist in seiner Geschwindigkeit im wesentlichen abhängig von der Selektion, der Paarungsplanung und der effektiven Populationsgröße (SCHÜLER 2002).

In einer molekulargenetischen Untersuchung zur genetischen Variabilität von Hundepopulationen ermittelte VÖLKELE (2005) unter anderem Allelfrequenzen an 9 selektionsunabhängigen (nicht mit dem Rassetyp verknüpften) Genorten.

Beispiel: Ermittelte Allelfrequenzen in % für 12 Allele am Genort FHC2054 (VÖLKELE 2005)

Allel-Nr. Rasse	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
alle Rassen	0,40	0,54	5,20	26,13	20,27	9,20	13,33	15,47	6,67	2,53	0,13	0,13
Dobermann	fehlt	11,54	fehlt	50,00	fehlt	fehlt	fehlt	38,46	fehlt	fehlt	fehlt	fehlt
Dackel	3,75	fehlt	7,50	8,75	6,25	6,25	40,00	20,00	6,25	1,25	fehlt	fehlt

Deutlich wird, dass in der Dobermann-Population bereits ein großer Teil der Allele an diesem Genort verloren gegangen ist und ein Allel stark dominiert, welches beim Dackel eher selten geworden ist. Der Genort FHC2054 ist nicht mit Rassemerkmalen verknüpft und wird somit durch die künstliche Selektion nicht direkt (gerichtet) beeinflusst.

Durch die zufällig ablaufende genetische Drift geht natürlich auch ein Teil der zumeist rezessiven defekten Allele verloren. Doch einige, durch den zufälligen Verlauf bei jeder Rasse andere, defekte Allele werden fixiert und führen dann zu den entsprechenden Erkrankungen.

Am Funktionsablauf des Sehens sind eine Vielzahl von Genen beteiligt. Jedes einzelne hat seine für den Sehvorgang notwendig Aufgabe. Wenn nur ein Gen in der Funktionskette defekt ist, kann es zu einer Augenerkrankung z.B. PRA (progressive Retina-Atrophie) kommen. Gehen in einer Rasse zufällig fast alle PRA auslösenden defekten Gene verloren, so reicht doch die Fixierung eines einzigen defekten Allels aus, um zu einer hohen Erkrankungsrate zu führen. Somit können verschiedene genetische Defekte phänotypisch gleiche Krankheitsbilder verursachen (Heterogenität). Dieses erklärt auch die Vielzahl von PRA-Genests, welche jeweils nur für eine oder einige Rassen funktionieren.

Wenn das homozygote Auftreten von nur einem defekten Allel (monogen autosomal rezessiver Erbgang) die Krankheit auslöst, bestehen heute bereits gute Möglichkeiten für die Entwicklung eines Gentests. Deutlich schwieriger wird es, wenn für eine Fitnessminderung (z.B. Fruchtbarkeitsprobleme, HD) das homozygote Auftreten ungünstiger Allele an mehreren von einer Vielzahl möglicher Genorte notwendig ist. KRAUTWURST (2002) erwähnt, dass man bereits 1998 damit gerechnet hat, „dass genetische Marker für die HD in absehbarer Zeit zur Verfügung stehen“(S.118). Noch stehen diese genetischen Marker nicht zur Verfügung.

Ursache für die deutliche Zunahme erblicher Erkrankungen (polygene wie monogene) bei Rassehunden ist die beschleunigte genetische Drift seit Gründung der geschlossenen Populationen. Wenige Gründertiere, ein Zuchtverlauf in dem die Population evtl. sogar mehrfach stark geschrumpft ist, enge Anpaarungen und die Selektion zu eng verwandter Tiere sind die Ursache dafür.

Die nachlassende natürliche Selektion und eine nur punktuell (HD und/oder wenige weitere Erkrankungen) wirkende künstliche Selektion können zu schnell ablaufende negative Entwicklungen kaum wirksam bremsen. Eine Verlangsamung der genetischen Drift ist notwendig.

8.2. Das Generationsintervall

Ein Generationsintervall ist das mittlere Alter der Eltern bei Geburt ihrer zur Zucht genutzten Nachkommen.

Beispiele: Generationsintervalle bei Haustierrassen

Art	Rasse	Generationsintervall	Zeitraum für 20 Generationen	Quelle
Hausschwein	Landrasse (BHZP-Population)	1,3 Jahre	26 Jahre	Eigene Recherchen Siehe Anhang Schwein
Haushund	Deutscher Pinscher (Deutsche Population)	4,6 Jahre	92 Jahre	WIECHMANN (2004)
Rind	Fleckvieh (Population in Bayern)	6,4 Jahre	128 Jahre	PIRCHNER (2002)
Pferd	Englisches Vollblut (Population in Deutschland)	10,6 Jahre	212 Jahre	BIEDERMANN et al. (2005)

Beim Englischen Vollblut liegt der Abschluss der Rassegründung (ca. 1790) erst etwa 20 Generationen zurück. Wenn eine Hunderasse seit 1900 oder davor in einer geschlossenen Population gezüchtet wurde, sind damit bereits mehr als 20 Generationen vergangen. Die aktuelle Population der Deutschen Pinscher wurde 1958 gegründet und ist somit ca. 10,6 Generationen alt.

Gerne wird in Diskussionen das Englische Vollblut als Beispiel für eine jahrhundertelange und dennoch erfolgreiche Inzucht genannt. Doch die genetische Uhr läuft nicht in Jahren sondern in Generationen und viele geschlossene Hundepopulationen haben bereits ein höheres genetisches Alter erreicht.

Die Gründerpopulation der Englischen Vollblüter ist mit drei Hengsten und ca. 30 Stuten recht klein. Doch beim Englischen Vollblut entstand schnell eine weltweite vielfach verknüpfte große Population, die keinen gravierenden genetischen Flaschenhälsen mehr ausgesetzt wurde. Ein großer Teil der in geschlossenen Populationen gezüchteten Hunderassen weist weniger Gründertiere auf und/oder wurde gravierenden genetischen Flaschenhälsen ausgesetzt. Für den Deutschen Pinscher z.B. können nur vier Rüden und fünf Hündinnen als Gründertiere gezählt werden (WIECHMANN 2004). Aber es gibt noch mehr positive Aspekte welche die Vollblutzucht im Vergleich zu vielen Rassehundepopulationen aufweisen kann. In der Vollblutzucht wurde und wird mit relativ alten Tieren (Zuchtbenutzung erst nach der Rennkarriere) gezüchtet und die Selektion erfolgt ganz wesentlich auf Basis einer komplexen physischen Leistung.

8.3. Maßnahmen zur Minimierung der Inzucht in kleinen Populationen

Die Beeinflussung, d.h. die Minimierung der Inzucht, ist eine notwendige Aufgabe der Zuchtplanung um erfolgreiche Selektion und eine hohe Vitalität zu ermöglichen. Die Inzuchtsteigerung je Generation ist in geschlossenen Populationen direkt abhängig von der effektiven Populationsgröße, der Selektion und der Paarungsplanung. Insbesondere in sehr kleinen Populationen ist die Minimierung der Inzucht von besonderer Bedeutung. Als sehr kleine und damit stark gefährdete Populationen müssen alle langfristig geschlossenen Populationen mit einer effektiven Populationsgröße (N_e) < 200 bezeichnet werden (IBV 2003). Somit zählen wohl die meisten in einem geschlossenen Zuchtbuch geführten Hunderassen dazu.

Die Maßnahmen zur Minimierung der Inzucht können in drei Bereiche aufgeteilt werden:

1. Ein ausgeglichenes Geschlechterverhältnis

Da in der Hundezucht die Zahl der Würfe je Rasse im wesentlichen vom Absatz der Welpen abhängig ist, ist eine Erhöhung der Anzahl weiblicher Zuchttiere nur in sehr engen Grenzen möglich. Damit dürfte eine wichtige Maßnahme zur Steigerung der effektiven Populationsgröße in der Hundezucht, die Selektion von gleich viel männlichen und weiblichen Tieren sein.

2. Erhalt der vorhandenen Familien

In der Hundezucht sind die aktiven Zuchttiere, aufgrund der oft sehr kleinen Gründerpopulationen und/oder dem engen Zuchtverlauf in zurückliegenden Generationen, häufig untereinander verwandt. Deshalb ist es wichtig, die vorhandenen Familien zu erhalten und die Familiengrößen über Generationen hinweg konstant zu halten. Dieses ist nur möglich, wenn die Anzahl der Verpaarungen je Zuchttier in etwa gleich ist. Ein sehr wichtiger Beitrag dazu ist die begrenzte Zuchtverwendung von Rüden. Grundsätzlich sollte in Hundepopulationen mit gleich viel männlichen und weiblichen Tieren die Anzahl der Zuchtverwendungen für Rüden und Hündinnen identisch geregelt sein.

Bei der Selektion sollten aus allen Halbgeschwisterfamilien in etwa gleich viele Nachkommen ausgewählt werden (Erhaltung der Vaterlinien; Erhaltung der Mutterlinien). Unter einer Halbgeschwisterfamilie versteht man dabei alle Nachkommen einer Mutter bzw. alle Nachkommen eines Vaters. Zumindest aber sollte die maximale Zahl der zur Zucht selektierten Nachkommen von einem Elterntier deutlich begrenzt werden (z.B. auf drei Tiere).

3. Paarungsplanung zur Inzuchtminimierung

Derzeit hat jeder Hundezuchtverein ohne hohen Aufwand die Möglichkeit auf Basis von Pedigreedaten die Inzucht in geplanten Würfe möglichst niedrig zu halten. Dazu kann eine Grenze für den Inzuchtkoeffizienten des Wurfes bzw. für den Verwandtschaftsgrad der Elterntiere oder eine Kombination aus beiden festgelegt werden.

Neue gentechnische Möglichkeiten für die Paarungsplanung zur Minimierung negativer Folgen der Inzucht bietet die Nutzung von genetischen Markern. Dabei ist es das Ziel, unter Nutzung von genetischen Markern, ein Maximum an Heterozygotie bei den Nachkommen zu erzeugen.

Beide Paarungssysteme (pedigree- bzw. marker- basiert) haben das gleiche Ziel - Inzuchtminimierung (SCHÜLER 2002).

Wiederholungsverpaarungen sind grundsätzlich zu vermeiden.

9. Diskussion

Um eine hohe Vitalität in der Zucht zu gewährleisten muss bei züchterischen Entscheidungen (Selektion, Paarungsplanung) diese auch berücksichtigt werden. Ziel sollte sein, fitnessmindernde genetische Anlagen zu verdrängen oder zumindest auf einem akzeptablen Niveau zu halten.

Wer die Häufigkeit von Erkrankungen, welche auch durch erbliche Komponenten begünstigt werden, in einer Population (z.B. Hunderasse) absenken möchte, darf nicht mit erkrankten Tieren züchten. Aber auch ein äußerlich (phänotypisch) gesunder Hund kann genetische Anlagen vererben, welche eine Erkrankung seiner Nachkommen begünstigen. Bei züchterischen Entscheidungen stellt sich also die Frage: Welche der zur Auswahl stehenden aktuell gesund erscheinenden Tiere gewährleisten eine durchschnittliche oder gar überdurchschnittliche Vitalität bei möglichen Nachkommen ?

Da die in Frage kommenden Tiere selbst gesund erscheinen, bilden bekannte Ergebnisse von verwandten Tieren (Großeltern, Eltern, Geschwister, Halbgeschwister usw.) die Informationsgrundlage. Doch um solche Verwandtenleistungen (auch Erkrankungen sind Leistungen, wenn auch keine positiven) in Bezug auf das betrachtete Tier korrekt interpretieren zu können, müssen Informationen zu Erbgang und Erblichkeit der betrachteten Leistung (z.B. HD, Katarakt, Farbe, Widerristhöhe) beachtet werden. Bei der hier vorgestellten Literaturrecherche zur nicht kongenitalen Katarakt (nicht angeborene Trübung der Linse) beim Hund ist festzustellen, dass die Diagnose "monogen autosomal rezessiver Erbgang" eher unwahrscheinlich ist. Arbeiten mit diesem Ergebnis

beruhen oft auf Basis ungeeigneter Untersuchungsmethoden (z.B. Testanpaarungen). Bei der Verwendung geeigneter Untersuchungsmethoden ergaben sich für die jeweils betrachteten Rassen polygene Erbgänge (KETTERITZSCH 2002). Jedoch muss beachtet werden, dass diese Ergebnisse nur für die jeweils betrachtete Rasse gelten. Somit ergeben sich zwar Anhaltspunkte für den zu vermutenden Erbgang von Katarakt beim Deutschen Pinscher, doch für eine verlässliche Aussage müsste die Population der Deutschen Pinscher selbst entsprechend untersucht werden.

Bei den hier vorgestellten drei Arbeiten zu Augenerkrankungen bei Hunderassen (KETTERITZSCH 2002, HEITMANN 2003, GRESKY 2004) wird nur von KETTERITZSCH (2002) der Erbgang von Katarakt untersucht.

Die Erblichkeit (Heritabilität) von Katarakt wurde mit $h^2 = 0,133 - 0,340$ als niedrig bis mittel in den betrachteten Hunderassen geschätzt. Ob, wann und wie ein konkreter Hund an Katarakt erkrankt, hängt also in hohem Maße von der Umwelt oder nicht feststellbaren genetischen Effekten ab. Die niedrige bis mittlere Erblichkeit ist auch ein deutlicher Hinweis dafür, dass es sich um einen polygenen Erbgang handelt (KRAUTWURST 2002).

Bei allen drei Arbeiten stellt sich ein Problem: Es gibt zu wenig Untersuchungsergebnisse und diese Ergebnisse sind wahrscheinlich in unbekanntem Umfang zensiert !

Somit sind auch die vorgestellten Ergebnisse zur Erblichkeit und zum Erbgang von Augenerkrankungen beim Dackel, beim Tibet Terrier und beim Entlebucher Sennenhund relativ vage. Darum wird von allen Autoren gefordert, eine deutlich größere Zahl von Tieren aus einer unabhängigen Stichprobe systematisch zu untersuchen. Gleichzeitig muss aber festgestellt werden, dass Untersuchungen von deutlich mehr als den aktuellen Zuchttieren wohl nicht in der Möglichkeit von Hundezuchtverbänden liegt.

Im weiteren soll versucht werden, verschiedene Elemente der Zuchtplanung beim Hund zu nennen. Dabei werden insbesondere die bisherigen Ursachen für oftmals sehr deutliche Fitnessprobleme bei Hunderassen und realistische Handlungsspielräume von Hundezuchtverbänden beachtet.

Die auch bei Rassehunden übliche Zucht in geschlossenen Populationen über viele Generationen ist immer gekennzeichnet durch eine stetige Verkleinerung der genetischen Basis dieser Rassen. Die Selektion auf den Rassetyp führt gewollt zu einer Einengung der genetischen Vielfalt auf Genorten, welche mit dem Rassetyp verknüpft sind. Solange diese Rassemerkmale nicht zwangsläufig mit einer Fitnessminderung verbunden sind, kann die gezielte Einengung auf den verknüpften Genorten nicht kritisiert werden. Doch es muss

jedem Züchter klar sein, dass nur ein sehr geringer Anteil der Gene mit dem Rassetyp verknüpft sind. DEKOMIEN (2002) zitiert Untersuchungen an mitochondrialer DNA. Danach lagen die Unterschiede zwischen grauem Wolf und domestiziertem Hund nur bei 0,2% der Sequenzen.

Wenige Gründertiere, ein Zuchtverlauf in dem die Population evtl. sogar mehrfach stark geschrumpft ist, enge Anpaarungen und die Selektion zu eng verwandter Tiere sind die Gründe für eine beschleunigte zufällige genetische Drift auf allen Genorten. Dadurch gehen einerseits Allele in der Population verloren, andererseits steigt die Anzahl der homozygot (mit zwei gleichen Allelen) besetzten Genorte an. In einer molekular-genetischen Untersuchung zur Variabilität von Hundepopulationen ermittelte VÖLKELE (2005), dass bei 41 Rauhhaarteckeln 33,1 % und bei 42 Deutschen Schäferhunden sogar 60,6 % der betrachteten Genorte (Marker) homozygot (mit zwei gleichen Allelen) besetzt waren. Dieses führt zu unterschiedlichen Problemen in Bereichen der Vitalität und Leistungsfähigkeit, welche sich letztendlich in einer verringerten Lebenserwartung und einer beeinträchtigten Fortpflanzung äußern. Weiterhin verschlechtert zunehmende Inzucht die Möglichkeiten einer erfolgreichen Selektion. Eine an Bedeutung verlierende natürliche Selektion und die nur punktuell wirkende künstliche Selektion können die zu schnell ablaufenden negativen Veränderungen nur unzureichend bremsen.

Die Geschwindigkeit, mit der genetische Drift und Allelverlust ablaufen wird durch die Inzuchtsteigerung (ΔF) je Generation bestimmt. Die effektive Populationsgröße (N_e) kann aus der Inzuchtsteigerung berechnet werden und hat sich als Vergleichsmaßstab etabliert. Für landwirtschaftlich genutzte Haustiere hat im März 2003 die Agrarministerkonferenz ein "Nationales Fachprogramm" verabschiedet. Dabei wird die effektive Populationsgröße als entscheidendes Kriterium zur Beurteilung der Situation einer Rasse angesehen. Danach gelten Nutztierassen mit einer effektiven Populationsgröße von $N_e < 200$ Tieren als stark gefährdete Population. Für Rassen mit $N_e < 50$ wird festgestellt, dass für eine langfristige Erhaltung rassetypischer Eigenschaften (z.B. Rennleistung, Jagdeignung, Hüteeigenschaften, Schutztrieb, Aussehen) nur geringe Chancen bestehen.

Der Entwurf der VDH-Zuchtordnung vom 02.12.2006 fordert unter §4 als Ziel von Zuchtmaßnahmen die Erhaltung einer möglichst breiten Zuchtbasis in den Hunderassen. Als weiteres Ziel von Zuchtmaßnahmen wird die Bekämpfung genetisch bedingter Erkrankungen genannt. Das Vorhandensein einer breiten Zuchtbasis ist dabei als Voraussetzung für den Erfolg jeglicher Zuchtmaßnahmen zu betrachten. Somit muss als

Basis für alle anderen Zuchtmaßnahmen eine ausreichende effektive Populationsgröße (mindestens $N_e > 50$ besser $N_e > 100$ Tiere) gewährleistet werden.

Die effektive Populationsgröße als Maß für die Inzuchtsteigerung ist zumeist deutlich kleiner als die tatsächliche Populationsgröße. In Bayern werden derzeit (Stand 2006) ca. 2,8 Mio. Rinder der Rasse Fleckvieh gehalten. Dennoch liegt die inzuchtwirksame (effektive) Größe dieser Population nur zwischen 291 und 373 Tieren.

Allerdings kann die inzuchtwirksame (effektive) Populationsgröße unter folgenden Bedingungen auch die tatsächliche Populationsgröße übertreffen:

- Geschlechterverhältnis 1:1
- Erhaltung der vorhandenen Familien und der Familiengrößen durch Selektion nur in Halbgeschwisterfamilien
- Paarungsplanung zur Inzuchtminimierung

Weiterhin führt die Verlängerung des Generationsintervalls zu einer Verringerung inzuchtbedingter zufälliger Veränderungen pro Jahr (gibt also mehr Zeit) und stärkt die natürliche Selektion.

Die vorliegenden Ergebnisse zur Erblichkeit und zum Erbgang einer Katarakt (Linsentrübung) zeigen, dass es sich um eine eher polygen bedingte Erkrankung mit relativ niedriger Erblichkeit handelt. Bedeutend erschwert werden Selektionsmaßnahmen insbesondere dadurch, dass die Katarakt häufig erst als spätmanifeste Form im Alter von 3 bis 7 Jahren von geeigneten Veterinären diagnostiziert werden kann. Deshalb ist eine positive Diagnose häufig erst nach dem, unter Umständen mehrfachen Zuchteinsatz möglich. Weiterhin bestehen auch Probleme in der Abgrenzung einzelner Erkrankungsformen (primäre-, sekundäre-, senile Katarakt) mit unterschiedlichem oder ohne (senile Katarakt) genetischen Hintergrund.

Die Auflage, dass vor dem Zuchteinsatz eine bestimmte Anzahl (5-10) von zufällig ausgewählten Halbgeschwistern, Geschwistern oder gar Test-Nachkommen im Alter von 2, 4 und 6 Jahren einer Augenuntersuchung unterzogen werden müssen, ist bereits auf Grund der notwendigen Wartezeit nicht umsetzbar. Augenuntersuchungen von nahe verwandten Hunden (Eltern, Geschwister, Halbgeschwister) während des Zuchteinsatzes, zeigen die gleichen Probleme wie die Untersuchung des Zuchttieres selbst.

Aussagekräftige Ergebnisse können erst nach dem, unter Umständen mehrfachen Zuchteinsatz vorliegen. Dieses gilt z.T. auch für Ergebnisse von Eltern, da manche Hunde junge andere wiederum ältere Eltern haben.

Die Interpretation von Verwandteninformationen ist bei Katarakt sehr stark von der Anzahl

der Untersuchungen, vom Verwandtschaftsgrad und vom Untersuchungsalter abhängig. Eine korrekte Interpretation ist damit in der Praxis nur über die Berechnung von Zuchtwerten und dazu gehörigen Genauigkeiten möglich. Für den Deutschen Pinscher ist eine Zuchtwertschätzung aufgrund der geringen Datenmengen derzeit und wohl auch in Zukunft nicht realistisch. Ohne entsprechend genaue Zuchtwerte verbietet es sich, einen Hund nur aufgrund von wenigen Verwandteninformationen aus der Zucht auszuschließen. Ein erfolgversprechender Ansatz ist die Feststellung, dass die Wahrscheinlichkeit von Katarakt mit dem Inzuchtkoeffizienten steigt. Somit verspricht eine inzuchtmindernde Anpaarung einen gewissen Erfolg.

Ein zweiter erfolgversprechender Ansatz beruht auf der Tatsache, dass die Aussagekraft von Untersuchungsergebnissen mit dem Untersuchungsalter zunimmt. Somit sollte der Zuchteinsatz möglichst alter Hunde, in Verbindung mit einer möglichst zeitnahen Augenuntersuchung, die Sicherheit einer Anpaarung deutlich erhöhen.

Hündinnen können aus verständlichen Gründen maximal bis zur Vollendung des 8. Lebensjahres für die Zucht verwendet werden. Rüden sind dagegen bis an ihr Lebensende erfolgreich einsetzbar. Aufgrund dieser unterschiedlichen biologischen Grenzen, halte ich geschlechtsabhängige Grenzen für sinnvoll. Insbesondere die Zuchtverwendung von jungen Rüden sollte eingeschränkt werden.

Mein Vorschlag zum Altersbereich und zur Häufigkeit der Zuchtverwendung von Deutschen Pinschern:

Rüden: Mindestalter = 36 Monate

Höchstalter = unbegrenzt (entsprechend VDH-Zuchtordnung)

Häufigkeit = bis zum vollendeten 8. Lebensjahr begrenzt auf max. ein Wurf/Jahr

Hündin: Mindestalter = 24 Monate

Höchstalter = Vollendung des 8. Lebensjahres (entsprechend VDH-Zuchtordnung)

Häufigkeit = 2 Würfe innerhalb 24 Monaten (entsprechend VDH-Zuchtordnung)

10. Literaturverzeichnis

ABERLE, K.S. (2003)

Untersuchung der Verwandtschaftsverhältnisse, Inzucht und genetischen Distanzen bei den deutschen Kaltblutpferderassen

Dissertation, Tierärztliche Hochschule Hannover

http://elib.tiho-hannover.de/dissertations/aberlek_ws03.pdf

BELLE, M. A. (2004)

Zuchtdate zu Körpergewicht, Fruchtbarkeit und Aufzuchtleistung der Schleißheimer Mäusestämme zwischen 1990 und 2001

Dissertation, Institut für Tierzucht der Tierärztlichen Fakultät der Ludwig-Maximilians-Universität München

http://edoc.ub.uni-muenchen.de/archive/00002970/01/Belle_Marina.pdf

BIEDERMANN, G., A. HAHN, K. RÜBESAM und H. UPHAUS (2005)

Das Englische Vollblut - genetische Analyse der Population in Deutschland

Züchtungskunde, 77, S. 327-340

DEKOMIEN, G. (2002)

Kandidatengenanalyse für die progressive Retina-Atrophie in dreißig Hunderassen

Dissertation, Fakultät für Biologie der Ruhr-Universität Bochum

<http://www-brs.ub.ruhr-uni-bochum.de/netahtml/HSS/Diss/DekomienGabriele/diss.pdf>

FLÜCKIGER, M. und C. NETT, C. (2006)

Nimmt die HD-Häufigkeit ab ?

Der Hund 12/2006, 18 - 20

FURCK, V. (2006)

HD-Bekämpfung heute und morgen

Der Hund 12/2006, 16 - 17

GRESKY, C. (2004)

Genetische Analysen zur Vererbung der Katarakt und

Progressiven Retina Atrophie beim Dackel

Dissertation, Tierärztliche Hochschule Hannover

http://elib.tiho-hannover.de/dissertations/greskyc_ss04.pdf

HEITMANN, M. (2003)

Untersuchung zur Vererbung von Augenerkrankungen beim Entlebucher Sennenhund

Dissertation, Tierärztliche Hochschule Hannover

http://elib.tiho-hannover.de/dissertations/heitmannm_2003.pdf

KETTERITZSCH, K. (2002)

Untersuchung zur Vererbung von Augenkrankheiten beim Tibet Terrier mit komplexen Segregationsanalysen

Dissertation, Tierärztliche Hochschule Hannover

http://elib.tiho-hannover.de/dissertations/ketteritzschk_2002.pdf

KIRCHHOFF, T. (2003)

Genetische Analyse der Hüft- und Ellbogengelenkdysplasie beim Deutschen Schäferhund
Dissertation, Tierärztliche Hochschule Hannover

http://elib.tiho-hannover.de/dissertations/kirchhoff_2003.pdf

KLEINWÄCHTER, T., THOLEN, E., WIMMERS, K., PONSUKSILI, S. und SCHELLANDER, K.
(2004):

Steigerung der Fitness und Vitalität durch Erhöhung der genetischen Variabilität mittels
markergestützter Selektion beim Schwein.

Landwirtschaftliche Fakultät der Universität Bonn,

Schriftenreihe des Lehr- und Forschungsschwerpunktes USL, 116, 52 Seiten.

<http://www.usl.uni-bonn.de/pdf/Forschungsbericht%20116.pdf>

KRAUTWURST, F. (2002)

Praktische Genetik für Hundezüchter

Kynos Verlag, Mürlenbach/Eifel

KRIETER, J. (1994)

Zuchtplanung beim Schwein

Habilitationsschrift, Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-
Universität zu Kiel

KRIETER, J. (1996)

Reservelinien in Zuchtprogrammen beim Schwein

Vortrag anlässlich der 71. Tagung des genetisch-statistischen Ausschusses der DgFZ in
Werder, 19/21.03.1996

KUSCHINSKI, D. und G. KEMPER (2006)

Hat der Deutsche Pinscher Probleme mit erblichen Augenkrankheiten?

Rundschreiben für Züchter

MAAK, S. (2001)

Untersuchungen zu Kandidatengenenen für Leistungseigenschaften und Erbfehler beim
Schwein

Habilitationsschrift, Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Martin-Luther-Universität
Halle-Wittenberg

<http://sundoc.bibliothek.uni-halle.de/habil-online/01/02H005/habil.pdf>

PHILIPP, U. (1997)

Charakterisierung von Heterosiseffekten für Wurfgröße bei der Maus
durch DNA-Marker-Analysen

Dissertation, Landwirtschaftlich-Gärtnerischen Fakultät der Humboldt-Universität zu Berlin

<http://edoc.hu-berlin.de/dissertationen/agrar/philipp-ute/PDF/Philipp.pdf>

PIRCHNER, F. (2002)

Schätzung inzuchtwirksamer (effektiver) Populationsgrößen aus

Genfrequenzschwankungen bei Bayerischem Fleckvieh und Tiroler Grauvieh

Arch. Tierz., Dummerstorf 45 (2002) 4, 331-339

<http://www.fbn-dummerstorf.de/AAB/pdf/pdfkeyless/2002/heft4-2002/06pirch024.pdf>

ROSENBERGER, E., K.-U. GÖTZ, J. DODENHOFF, D. KROGMEIER, R. EMMERLING, B. LUNTZ
und H. ANZENBERGER (2004)

Überprüfung der Zuchtstrategie beim Fleckvieh

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft

http://www.lfl.bayern.de/itz/rind/09285/linkurl_0_2.pdf

RÄBER, H.(1996)

Schnauzer – Pinscher

2. Auflage

Kynos Verlag, Mürlenbach/Eifel

RÄBER, H. (2007)

Neue Rasse Continental Bulldog

Der Hund 9/2006, 70 – 72

SCHÜLER, L. (2002)

Probleme und Lösungsvarianten der Zucht in kleinen Populationen

Arch. Tierz., Dummerstorf 45 (2002) Sonderheft, 20-26

<http://www.fbn-dummerstorf.de/AAB/pdf/pdfkeyless/2002/sonderheft-2002/07schüler.pdf>

SCHWEND, K. (2001)

Untersuchungen zur genetischen Variabilität der Kärntner Brillenschafe in Österreich

Dissertation, Veterinärmedizinische Universität Wien

<http://www.vu-wien.ac.at/i122/files/DissSchwend.PDF>

VÖLKELE, I. (2005)

Untersuchungen zur molekulargenetischen Rassendifferenzierung bei *Canis familiaris*

Dissertation, Tierärztliche Hochschule Hannover

http://elib.tiho-hannover.de/dissertations/voelkeli_ws05.pdf

WACHTEL, H. (1998)

Hundezucht 2000

Verlag Gollwitzer, Weiden

WIECHMANN, R. (2004)

Die Population der Deutschen Pinscher

http://home.arcor.de/hasenburg_pinscher/Guendertiere_Aktuell.htm

WIECHMANN, R. (2006)

Farbvererbung bei den Pinscher- Schnauzer- Rassen

http://home.arcor.de/hasenburg_pinscher/Farbvererbung.htm

WIMMERS K., S. PONSUKSILI, S.-D. RASAD, E. THOLEN, K. SCHELLANDER (2003)

Abstammungskontrolle beim Schwein nach tierschonender Probenentnahme.

Landwirtschaftliche Fakultät der Universität Bonn,

Schriftenreihe des Lehr- und Forschungsschwerpunktes USL, 98, 56 Seiten.

<http://www.usl.uni-bonn.de/pdf/Forschungsbericht%2098.pdf>

Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV, 2003)
Nationaler Bericht Deutschlands als Beitrag zum Bericht der FAO über den Zustand
tiergenetischer Ressourcen der Welt (FAO-Report on the State of the World's Animal
Genetic Resources) mit einem Nationalen Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen
Nutzung tiergenetischer Ressourcen in Deutschland
http://www.genres.de/tgr/nationales_fachprogramm/ingang.html

Bayerisches Staatsministerium für Landwirtschaft und Forsten (StmLF, 2007)
Rinderzucht in Bayern Fakten und Daten
http://www.stmlf.bayern.de/landwirtschaft/tier/rinder/17089/linkurl_0_4_0_0.pdf

VDH-Zuchtordnung
Entwurf zur Arbeitstagung am 02.12.2006

Zuchtordnung des Rassezuchtverein für Hovawart-Hunde e.V.
Stand: Januar 2005

Anhang – Beispiele zur Zuchtplanung beim Nutztier

In vielen Publikationen zum Thema Hundezucht wird auf Methoden der Leistungszucht bei Nutztieren verwiesen. Die Leistungszucht bei Nutztieren zur Nahrungsmittelproduktion ist auf eine effektivere Erzeugung tierischer Produkte ausgerichtet (z.B. schnelleres Wachstum; mehr Eier pro Huhn und Jahr; mehr Milch pro Kuh und Jahr; mehr wertvolles Fleisch pro Schlachtkörper). Von besonderer Bedeutung für die Konkurrenzfähigkeit von Nutztierzuchtprogrammen, ist der erzielte Zuchtfortschritt pro Jahr.

Zuchtfortschritt kann nur von einer Generation zur nächsten erzielt werden.

Somit ist der Zuchtfortschritt pro Jahr von zwei Größen abhängig:

1. dem Zuchtfortschritt innerhalb einer Generation – Ziel: möglichst viel Fortschritt
2. dem Generationsintervall¹ – Ziel: ein möglichst kurzes Intervall

$$\text{Zuchtfortschritt pro Jahr} = \frac{\text{Zuchtfortschritt pro Generation}}{\text{Generationsintervall Jahre}}$$

Über diese beiden Stellschrauben versucht jedes Nutztierzuchtprogramm einen möglichst großen Zuchtfortschritt pro Jahr für die ökonomisch bedeutsamen Leistungen zu realisieren.

Dabei wird der wesentliche Zuchtfortschritt z.B. bei Geflügel, Schwein und Rind mit relativ wenigen Tieren erzielt. Die künstliche Besamung ermöglicht besonders bei den männlichen Tieren eine sehr scharfe Selektion.

Auch innerhalb der Nutztierpopulationen geht somit genetische Diversität verloren. Hohe Selektionsintensität, biotechnologische Fortschritte und weltweite Nutzung der Spitzenzuchttiere führen selbst bei sehr individuenstarken Nutztierassen zu rasch fortschreitenden genetischen Verengungen. Somit muss ein langfristig erfolgreicher Zuchtplan auch hier Maßnahmen zur Begrenzung der Inzuchtsteigerung (ΔF) beinhalten.

1 Generationsintervall = Mittleres Alter der Eltern bei Geburt ihrer zur Zucht genutzten Nachkommen.

Anhang - Beispiel Schweinezucht



Die folgenden Informationen beruhen auf eigenen Recherchen an einer Zucht-Population von Landrasse-Schweinen der Züchtungszentrale Deutsches Hybridschwein GmbH.

Gründerpopulation:

In einem bundesweit angelegten Hybridzuchtversuch (1969 - 1974) beim Schwein wurden von 11 in und ausländische Schweinerassen Reinzuchtpopulationen aufgebaut. Dazu wurden je Rasse etwa 100 Schweine angekauft.

Seit Abschluss der Versuchsphase (1974) wird die Landrasse-Zuchtpopulationen durch die Züchtungszentrale Deutsches Hybridschwein GmbH weitgehend als geschlossene Population weiter genutzt.

Zuchtziel:

Zuchtziel ist eine möglichst fruchtbare (Ferkel je Sau und Jahr) Sau zu züchten, welche gute Mastleistungen (schnelles Wachstum bei moderatem Futterverbrauch) und gute Schlachtleistungen (hoher Anteil an Wertvollen Fleischteilen) vererbt.

Generationsintervall:

Für den Zeitraum Mai 2006 bis September 2007 wurden für die in diesem Zeitraum genutzten Zuchttiere ein Generationsintervall von 470 Tagen (ca. 15,5 Monate) ermittelt.

aktuelle Populationsgröße:

Im Zeitraum Mai 2006 bis September 2007 (ca. eine Generation) wurden 446 Sauen und 57 Eber für die Zucht verwendet.

Die Sauen stammen von 270 Müttern ab (1,65 Sauen je Mutters-Mutter).

Die Eber stammen von 43 Vätern ab (1,33 Eber je Vaters-Vater).

Leistungsprüfung:

Im Zeitraum Mai 2006 bis September 2007 (ca. eine Generation) wurden 798 männliche und 1.578 weibliche Nachkommen einer Leistungsprüfung unterzogen.

Aus jedem Wurf werden zwei Eberferkel für die Leistungsprüfung in einem Testbetrieb ausgewählt. Bis zu einem Alter von ca. 160 Tagen werden Futteraufnahme und Gewichte erhoben. Dann werden zum Testende alle Eber der Eigenleistungsprüfung unterzogen. Dazu wird die Rückenspeck- und Muskeldicke mit Ultraschallmessungen erfasst. Das Exterieur (Fundament, Rahmen und Bemuskelung) wird anhand einer linearen Notenskala von 1 bis 5 beschrieben. Tageszunahmen, Futteraufnahme und Futterverwertung von der Geburt bis zum Prüfende werden berechnet. Der überwiegende Teil der Eber wird nicht zur Zucht verwendet und deshalb nach der Leistungsprüfung geschlachtet. Von diesen Tieren werden Daten zum Schlachtkörperwert und zur Fleischbeschaffenheit erhoben und als Informationsquelle für die Zuchtwertschätzung (Voll- bzw. Halbgeschwisterdaten) verwendet.

Alle weiblichen Ferkel werden in den Geburtsbetrieben (zwei Betriebe) aufgezogen. Von diesen Tieren werden die Merkmale des Exterieurs, die Lebenstagszunahme sowie die Rückenspeck- und Muskeldicke (Ultraschall) erhoben. Zusätzlich wird die Zitzenzahl und die Gesäugeausbildung geprüft. Diese Prüfung erfolgt in einem Alter von ca. 160 Tagen. In allen Zuchtbetrieben werden die Fruchtbarkeitsdaten (z.B. aufgezogene Ferkel je Wurf) der Sauen dokumentiert

Auf eine Nachkommenprüfung für männliche und weibliche Zuchttiere wird verzichtet. In der Schweinezucht werden die Vorteile genauerer Zuchtwerte durch Nachkommenprüfung in Bezug auf das Ziel „maximaler Zuchtfortschritt pro Jahr“ durch den Nachteil eines deutlich längeren Generationsintervalls mehr als aufgehoben.

Selektion:

Die Zuchtwerte für Fruchtbarkeit, Mastleistung und Schlachtkörperwert und das Exterieur bilden die Grundlage für die Selektionsentscheidung am ca. 180 Lebenstag.

Von 798 geprüften Ebern (Mai 2006 bis September 2007) wurden nur 57 Stck. für den Ersatz der ausscheidenden Eber gebraucht. Damit liegt die Quote der positiv selektierten Eber bei 7,15 %.

Von den im gleichen Zeitraum geprüften 1.578 Sauen wurden 446 Stck. für den Ersatz der ausscheidenden Sauen gebraucht. Damit beträgt die Quote der positiv selektierten Sauen 28,26 %.

Erbfehlerbekämpfung:

Alle Tiere werden nach der Geburt und zur Eigenleistungsprüfung auf Erbfehler kontrolliert. Festgestellte Erbfehler jeder Art (z.B. Nabelbruch, Stülpzitzen) werden dokumentiert und laufend für Selektionsentscheidungen ausgewertet. Sauen und Eber mit einer erhöhten Erbfehlerfrequenz werden nicht mehr zur Zucht verwendet.

Maßnahmen zur Begrenzung der Inzuchtsteigerung:

Die Begrenzung der Inzuchtzunahme auf einen maximalen Wert von $\Delta F = 0,5\%$ je Generation gilt für die Nutztierzucht in geschlossenen Populationen als allgemein anerkannt (KRIETER 1994). Damit sollen die negativen Auswirkungen der Inzucht für zumindest 20 Generationen in einem akzeptablen Rahmen bleiben (KRIETER 1994). Folgende Maßnahmen ermöglichen die Einhaltung dieser Grenze in der betrachteten Population von Landrasse-Schweinen:

– **eine ausreichende Anzahl eingesetzter Zuchttiere;**

Die aktuelle Anzahl von 446 Sauen und 57 Eber wurde auch in den vorangegangenen Generationen in etwa erreicht. Die deutlich höhere Anzahl von Sauen ist notwendig, um einerseits eine große Anzahl von Tieren für die Leistungsprüfung zu erzeugen und somit eine scharfe Selektion zu ermöglichen. Andererseits werden möglichst viele weibliche Fruchtbarkeitsdaten für eine genaue Zuchtwertschätzung benötigt.

– **Paarungsrestriktionen;**

Paarungskombinationen von Eltern mit gemeinsamen Ahnen in den letzten 2 Generationen (Vaters-Eltern/Großeltern; Mutters-Eltern/Großeltern) werden vermieden.

– **gleichmäßiger Ebereinsatz;**

Ein Eber wird spätestens nach 25 erfolgreichen Anpaarungen in der Zuchtpopulation

nicht mehr eingesetzt (446 Sauen * 3 Würfe / 57 Eber = 23,5).

– **Begrenzung der selektierten Söhne je Vater;**

Von jedem Vater werden max. drei Söhne selektiert.

Mit diesen Maßnahmen wird insbesondere für das limitierende männliche Geschlecht die Anzahl der effektiven Eber möglichst groß gehalten. Als effektive Eber/Sauen werden diejenigen Zuchttiere bezeichnet, welche mindestens einen Nachkommen als Zuchttier in die nächste Generation einbringen. In der betrachteten Population von Landrasse-Schweinen wurden aktuell 270 Mütter und 43 Väter als effektive Eltern gezählt.

Daraus ergibt sich eine effektive Populationsgröße von $N_e = 4 \frac{43\text{Eber} * 270\text{Sauen}}{(43\text{Eber} + 270\text{Sauen})} = 148$

Die Inzuchtsteigerung je Generation beträgt somit $\Delta F = \frac{1}{(2 * 148)} = 0,003$

Bei Anwendung der genannten Maßnahmen zur Begrenzung der Inzucht kann dieser theoretische Wert von 0,3% mit 1,5 multipliziert werden, um einen realen Wert zu errechnen (KRIETER 1996). Somit ist in der vorliegenden Population von Landrasse-Schweinen mit einer Inzuchtsteigerung je Generation von $\Delta F = 0,5\%$ zu rechnen, was einer effektiven Populationsgröße von $N_e = 100$ Tieren entspricht.

Mit der hier geschilderten Populationsgröße kann man über einen relativ langen Zeitraum (10 – 20 Generationen) erfolgreich Zuchtfortschritt realisieren. Ab der 5.- 10. Generation ist aber mit einem leicht abnehmenden Selektionserfolg zu rechnen, der auf die Verringerung der genetischen Varianz als Folge der Inzucht zurückzuführen ist (KRIETER 1994). Ohne Inzuchtdepression kann z.B. mit einer Zunahme der Fruchtbarkeit von 0,17 Ferkel/Wurf in einer Generation (hier ca. 15 Monate) gerechnet werden. Bei einer Inzuchtsteigerung von $\Delta F = 0,5\%$ geht dieser Selektionserfolg auf 0,147 Ferkel/Wurf (-14%) und bei $\Delta F = 1,0\%$ auf 0,124 Ferkel/Wurf (-27%) zurück (KRIETER 1994).

Um in einer Population dieser Größe auch über lange Zeiträume (> 20 Generationen) einen möglichst hohen Selektionserfolg erzielen zu können, müssen die zwangsläufig auftretenden Verluste an genetischer Varianz durch das Registrieren passender populationsfremder Tiere ausgeglichen werden.

Nachkommenprüfung in der Schweineproduktion:

In der hier beschriebenen Zuchtpopulation wird auf eine Nachkommenprüfung verzichtet. Für Eber, deren Sperma in der künstlichen Besamung aber überwiegend oder

ausschließlich für die Mastferkelerzeugung genutzt wird, gibt es verschiedene Nachkommenprüfprogramme. Während der Ebereinsatz in der Zuchtstufe oft nur wenige Wochen dauert (Begrenzung der Inzuchtsteigerung und Verkürzung des Generationsintervalls), werden Eber für die Mastferkelerzeugung (Endprodukteber) oft mehrere Jahre genutzt. Bei Mastanpaarungen werden ausschließlich Eber und Sauen unterschiedlicher Rassen / Rassekreuzungen verpaart und somit ist Inzucht ausgeschlossen.

Im folgenden wird eine Nachkommenprüfung für Endprodukteber beschrieben, wie sie derzeit in der deutschen Schweineproduktion angewendet wird.

- In wenigen Testbetrieben (ideal nur einer), welche Sauen der gleichen Rasse / Rassekreuzung halten, werden Testanpaarungen durchgeführt.

Variante Stationsprüfung:

- Von jedem Wurf werden zwei Nachkommen in einem speziell ausgerüsteten Prüfbetrieb gemästet (Stationsprüfung) und anschließend geschlachtet.
- Wenn von einem Eber für mindestens 8 Nachkommen aus mindestens 4 unterschiedlichen Verpaarungen die Mast- und Schlachtergebnisse vorliegen, wird erstmals ein Nachkommenzuchtwert berechnet.
- Die Nachkommenprüfung im Prüfbetrieb wird fortgesetzt, bis von ca. 16 Nachkommen aus 8 Verpaarungen die Ergebnisse vorliegen.

Variante Feldprüfung:

- Steht kein spezieller Prüfbetrieb zur Verfügung, erfolgt die Mast in normalen Betrieben (Feldprüfung).
- Um in der Feldprüfung die gleiche Genauigkeit wie bei einer Stationsprüfung zu erreichen, müssen deutlich mehr Nachkommen getestet werden. Derzeit üblich ist die Feldprüfung von ca. 70 – 80 Nachkommen aus ca. 11-14 Verpaarungen für einen Eber.

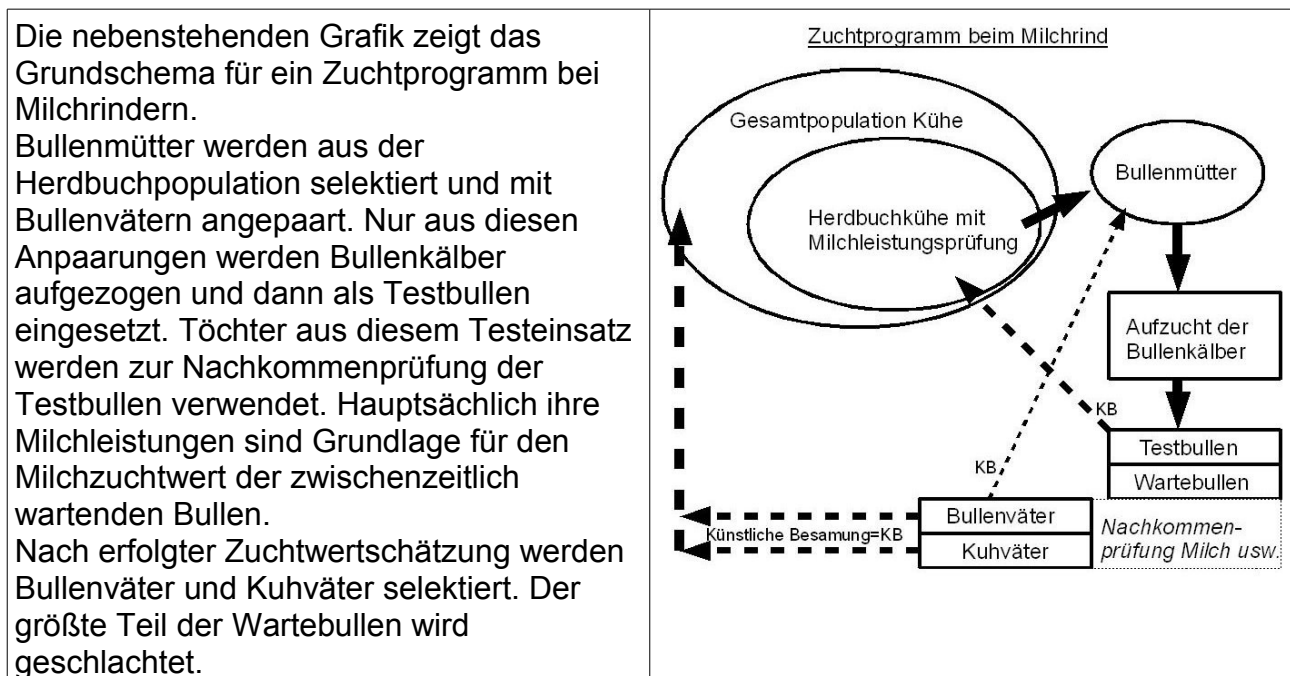
Eber werden etwa ab einem Alter von 7 Monaten für die künstliche Besamung eingesetzt. Die Nachkommenzuchtwerte zum Eber liegen vor, wenn dieser etwa 18 Monate alt ist. Die „schlechten“ Eber werden geschlachtet und das Sperma der überdurchschnittlich guten Eber wird als Top-Genetik-Sperma zu einem natürlich höheren Preis vermarktet.

Anhang - Beispiel Rinderzucht

In der Schweine- und Geflügelproduktion wird überwiegend (Schweine) oder fast ausschließlich (Geflügel) mit Kreuzungstieren produziert, da diese deutliche Fitness- und auch Leistungsvorteile gegenüber Reinzuchtieren haben. Der Zuchtfortschritt wird bei diesen (Geflügel, Schweine) in relativ kleinen Zuchtpopulationen erzeugt und über eine oder mehrere Vermehrungsstufen in die Produktion gebracht.

Auch in der Rinderzucht zeigen sich Kreuzungskühe insbesondere im Fitnessbereich den Reinzuchtkühen überlegen. Aber Rinder haben im Vergleich zu Schwein und Geflügel eine sehr geringe Reproduktionsrate. ROSENBERGER et al. (2004) stellen für die Rinderrasse Fleckvieh eine aktuelle Zwischenkalbezeit von ca. 390 Tagen fest. Eine Kuh dieser Rasse hat derzeit weniger als vier Nachkommen und davon sind 50% männlich. Somit verbleiben weniger als zwei weibliche Nachkommen um das Muttertier zu ersetzen.

Kreuzungsanpaarungen würden diese Zahl noch weiter senken und somit den notwendigen Ersatz ausscheidender weiblicher Zuchttiere gefährden. Dieses ist der Grund, weshalb in der Rinderproduktion überwiegend Reinzuchttiere gehalten werden. Dieser grundsätzliche Unterschied zur Geflügel- und Schweineproduktion hat natürlich auch Auswirkungen auf die Zuchtprogramme bei Rindern.



Die folgenden Angaben beziehen sich im wesentlichen auf Informationen von ROSENBERGER et al. (2004) und PIRCHNER (2002) zum Bayerischen Fleckvieh.

Gründerpopulation:

Das Fleckvieh ist in Deutschland im Laufe des 19. Jahrhunderts (ab ca. 1830) aus der Verdrängungskreuzung lokaler Landschläge mit den aus der Schweiz stammenden Simmentaler Rindern entstanden. Es wird als Zweinutzungsrasse, mit hoher Milch- und Fleischleistung insbesondere in Süddeutschland (Bayern, Baden-Württemberg, Hessen) und vielen anderen Ländern (Österreich, Schweiz, Frankreich, Tschechien, Italien usw.) gehalten.

Zuchtziel:

Fleckvieh ist eine Zweinutzungsrasse, die mit einer hohen Milch- und Fleischleistung das Einkommen der Tierhalter sichern soll. Besonderer Wert wird insbesondere in letzter Zeit auf eine gute Fitness gelegt. Angestrebt wird eine Verbesserung der Milchleistung und der Fitness bzw. Gesundheit bei gleich bleibender Mastleistung (Zunahme in g/Tag) und Schlachtkörperqualität (hoher Anteil an wertvollen Fleischteilen).

Generationsintervall:

PIRCHNER (2002) nimmt in seinen Untersuchungen zum Bayerisches Fleckvieh ein Generationsintervall von 6,4 Jahren an.

aktuelle Populationsgröße:

In Bayern werden derzeit (Stand 2006) ca 2,8 Mio. Rinder dieser Rasse gehalten.

Leistungsprüfung:

In Bayern stehen ca. 1 Mio Milchrinder der Rasse Fleckvieh. Davon nehmen etwa 750.000 Kühe an der Milchleistungsprüfung teil (StmLF, 2007). Bei der Milchleistungsprüfung wird die Milchmenge während einer Laktation² (ca. 6.868 kg Milch) der Fettgehalt (ca. 4,15%) und der Eiweißgehalt (ca.3,50%) ermittelt.

Fleischleistungsdaten (Zunahmen + Schlachtkörperqualität) werden detailliert an zwei Nachkommenprüfstationen (1.000 Plätze) ermittelt. Hinzu kommen Daten von ca. 200.000 weiteren Fleckvieh-Mastbullen (Stand: Bayern 2007).

Weiterhin wird die Melkbarkeit (Milchmenge pro Minute) und die Fruchtbarkeit (Erstkalbealter und Zeit zwischen zwei Kalbungen) an einer großen Anzahl von Kühen ermittelt.

² Laktation = Zeitraum, in welchem die Kuh nach Geburt des Kalbes Milch gibt (305 Tage Leistung)

Selektion:

Da von einer Fleckvieh-Kuh im Verlauf ihres Lebens durchschnittlich weniger als zwei Töchter geboren werden, sind der Selektion hier enge Grenzen gesetzt, da mindestens ein weibliches Kalb die Kuh selbst ersetzen muss.

Die wesentliche Selektion erfolgt bei Erzeugung und Auswahl der nächsten Zuchtbullengeneration. Für die Erzeugung der nächsten Zuchtbullengeneration werden die züchterisch wertvollsten Kühe (sog. Bullenmütter), nach Leistung, Zuchtwert und Exterieur ausgewählt. Von den ca. 720.000 Kühen welche in Bayern zur aktiven Zuchtpopulation gehören, werden nur ca. 4000 Bullenmütter im Jahr gezielt mit Bullenvätern angepaart (StmLF, 2007). Die wertvollsten Zuchtbullen kommen als sog. Bullenväter für die Bullenzucht zum Einsatz. In den Quartalen 2/2002 bis 1/2004 (24 Monate) wurden in Bayern insgesamt 57 Bullen als Bullenväter eingesetzt (ROSENBERGER et al. 2004) . Die besten männlichen Kälber aus diesen gezielten Verpaarungen (Bullenvater * Bullenmutter) werden aufgezogen und im Alter von max.18 Monaten anhand ihrer eigenen Leistungen (Rahmen, Bemuskulung, Exterieur) für den Prüfeinsatz selektiert. 2002 wurden 280 Fleckvieh-Jungbullen für den Prüfeinsatz ausgewählt (ROSENBERGER et al. 2004). Für die Nachkommenprüfung werden pro Prüfbulle mehrere hundert künstliche Besamungen in der Fleckvieh-Population durchgeführt. Aus den Milchleistungsergebnissen einer ausreichenden Zahl an Prüfbullen-Töchtern (ca. 30 – 50 Töchter/Prüfbulle) können dann entsprechend genaue Milchleistungs-Zuchtwerte für die Prüfbullen berechnet werden. Von 400 Prüfbullen werden nach dem vorliegen der Nachkommen-Ergebnisse ca. 100 Stck. positiv selektiert (StmLF, 2007). Der größte Teil dieser verbleibenden Zuchtbullen wird nur als Kuhvater eingesetzt und kommt somit für die Zucht der nächsten Bullengeneration nicht zum Einsatz. Nur die ca. 25 aufgrund ihrer Nachkommenleistung besten Bullen, werden auch als Bullenvater genutzt.

aktuelle Inzuchtsteigerung:

Beim Fleckvieh in Bayern gehören etwa 720.000 Kühe zur aktiven Zuchtpopulation. Da aber pro Jahr nur etwa 25 Bullen als Bullenväter selektiert werden ist die effektive Populationsgröße (N_e) bedeutend geringer als die Zahl der Kühe. Bei einem angenommenen Generationsintervall von 6,4 Jahren werden in einer Generation ca. 160 (6,4 Jahre * 25 Bullen) Bullenväter eingesetzt. Somit ist mit einer messbaren Inzuchtsteigerung zu rechnen. Die klassische Berechnung der Inzuchtsteigerung aus

Pedigree- Daten wird beim Fleckvieh, wie bei vielen anderen mitteleuropäischen Rinderrassen, durch oft unvollständige Abstammungsaufzeichnungen insbesondere bei den Kühen erschwert.

PIRCHNER (2002) ermittelte anhand von Blutproben die Schwankungen von Genfrequenzen bei Markern. Die verwendeten Blutproben stammen aus dem Zeitraum 1960 – 2000. Aus diesen Schwankungen wurde die inzuchtwirksame (effektiven) Populationsgröße beim Bayerischem Fleckvieh ermittelt. Für die ganze 6,25 Generationen umfassende Periode von 1960 bis 2000 ergibt diese Schätzung eine effektiven Populationsgröße von $N_e=291$ bis 373 Tieren. Dieses entspricht etwa einer Inzuchtsteigerung je Generation von $\Delta F=0,2\%$.

Das LKV Bayern hat die Inzuchtkoeffizienten von Kühen und Bullen im Rahmen der Zuchtwertschätzung berechnet. Sowohl bei den Bullen als auch bei den Kühen ist ein kontinuierlicher Anstieg der Inzuchtkoeffizienten auf einem niedrigen Niveau zu beobachten. Lediglich die Bullen der Geburtsjahrgänge 1999 und 2000 verzeichnen einen etwas stärkeren Anstieg (ROSENBERGER et al. 2004).

In den USA ist bei Milchrind-Rassen (z.B. Holstein-Kühen) ein deutlich stärkerer Anstieg der Inzuchtkoeffizienten dokumentiert. Dieser starke Inzuchtzuwachs hat z.B. zu negativen Auswirkungen auf die Krankheitsresistenz und Fruchtbarkeit geführt (ROSENBERGER et al. 2004). Bei Rinder-Populationen mit intensiver künstlicher Besamung kann bei Nichtbeachtung der Inzucht die Inzuchtsteigerung je Generation relativ schnell zunehmen. Aus diesem Grund wird beim Bayerischen Fleckvieh verstärkter Wert auf die Einhaltung der zuchtpolitischen Vorgaben (z.B. max. Anzahl Nachkommen je Bullenvater) gelegt. Weiterhin erfolgt eine kontinuierliche Verknüpfung mit den anderen deutschen Populationen und der Fleckvieh – Zucht in Österreich.

Anhang - Beispiel Pferdezucht

Die Zucht des Englischen Vollbluts ist in seiner Geschichte einzigartig. Diese Pferderasse wird faktisch weltweit gezüchtet und die Populationen vieler Länder sind durch ständigen Zuchttieraustausch miteinander verflochten. Nur zwei Drittel der Stuten und weniger als die Hälfte aller in Deutschland aktiven Zuchthengste sind auch in Deutschland geboren worden. Die deutsche Vollblutzucht ist dabei nur ein bescheidenes Glied in diesem weltweiten Zuchtprogramm.

Die folgenden Angaben beziehen sich im wesentlichen auf Informationen von BIEDERMANN et al. (2005).

Gründerpopulation:

Das Stammland dieser Pferderasse ist in ihrem Namen enthalten. Diese Sportpferderasse wurde im 18. Jahrhundert in England gegründet. Als Gründertiere werden drei arabische Vollbluthengste und etwa 30 englische Stuten genannt. Die Hengste (Buerley Turk, Darley Arabian, Godolphin Arabian) kamen zwischen 1690 und 1728 nach England. Seit ca. 1790 wurden keine neuen Hengste oder Stuten für diese Rasse mehr registriert. Es gehört zur Ideologie der Zucht von Englischen Vollblütern, dass alle Vorfahren auf diese um ca. 1790 anerkannten Tiere zurückgehen müssen.

Zuchtziel:

Ziel ist primär ein auf Schnelligkeit, Ausdauer, Härte und Einsatzwillen gezüchtetes Rennpferd. Exterieur, Phänotyp, Charakter- und Temperament haben je nach Züchter und/oder Anpaarung auch eine mehr oder weniger große Bedeutung.

Generationsintervall:

BIEDERMANN et al. (2005) ermittelte für die aktuellen 2333 Zuchttiere des Englischen Vollbluts in Deutschland ein Generationsintervall von 10,6 Jahren.

aktuelle Populationsgröße:

Im Mai 2004 waren 102 Hengste und 2231 Stuten im Deutschen Zuchtbuch als aktive Zuchttiere registriert. Dieses sind ca. 1,2% des etwa 196.000 Tiere umfassenden Weltbestandes. Die im Vergleich zur Rinderzucht bemerkenswert große Anzahl von Hengsten ist darauf zurückzuführen, dass Natursprung in der Vollblutzucht üblich ist.

Leistungsprüfung:

Die Einschätzung der Leistung erfolgt ausschließlich auf Basis der erbrachten Rennleistungen. Dabei ist eine objektive Einschätzung von Rennleistungen nicht eindeutig gelöst.

Selektion:

Grundlage für die Selektion ist ein Zuchtwert auf Basis der Rennleistungen. Dieser Zuchtwert wird maßgeblich beeinflusst von den Rennleistungen nahe verwandter Tiere (Eltern, Halbgeschwister, Nachkommen). In der Vollblutzucht erfolgt die Zuchtverwendung im wesentlichen erst nach einer unterschiedlich langen Rennkarriere. Dieses erklärt auch das relativ lange Generationsintervall von ca. 10 Jahren.

aktuelle Inzuchtsteigerung:

BIEDERMANN et al. (2005) ermittelte für die aktuellen 2333 Zuchttiere des Englischen Vollbluts in Deutschland und deren Vorfahren Inzuchtcoeffizienten (F) anhand von sechs Ahnengenerationen. Aus diesen Inzuchtcoeffizienten wurde eine Inzuchtsteigerung je Generation von $\Delta F=0,20\%$ berechnet, was einer effektiven Populationsgröße von $N_e=257$ Tieren entspricht. Beachtenswert ist die enge Verzahnung der deutschen Zucht mit den Zuchten bedeutender Länder (Irland, Großbritannien, Frankreich, USA, usw.). Eine vergleichbare Analyse der weltweiten Vollblutpopulation gibt es derzeit nicht. Aber man kann wohl davon ausgehen, dass die deutschen Vollblutzucht ein Spiegelbild der Internationalen Zucht ist.