

ZUCHTWERTSCHÄTZUNG VERSUS GENETIK

Quo Vadis Boxerzucht?



IM FEBRUAR 2024

DR. CLAUDIA SCHEURICH

Bertha-von-Suttner Straße 34, 64846 Groß-Zimmern, kerkaro@t-online.de

Inhaltsverzeichnis

Vorbemerkungen und Begriffsklärung	2
Heritabilität und Zuchtwert	4
Weitere wichtige zuchtbeeinflussende Faktoren	11
Ahnenverlustkoeffizient.....	11
Inzuchtkoeffizient	12
Methoden zur Bestimmung des Verwandtschaftsverhältnisse	13
STR, Mikrosatelliten.....	13
SNP und Haplotypen.....	14
Inzuchtkoeffizient von Rassehundpopulationen	15
Genomische Zuchtwertschätzung	17
Problematik der Zuchtwertschätzung	17
Selektion	18
Selektion mittels Zuchtwertschätzung	21
Selektion mittels genetischer Werkzeuge	22
Zuchtwertschätzung versus Genetik	24
Zuchtwertschätzung im Boxer-Klub München e.V.	25
Hüftdyslasie (HD)	25
Spondylose	27
Kryptochismus	27
Konsequenzen	30
Abschließende Betrachtungen	33
Zusammenfassung.....	36
Referenzen und Links.....	37
Abbildungsverzeichnis	38

Vorbemerkungen und Begriffsklärung

In den letzten Jahren steht die Rassehundezucht vor immer größeren Herausforderungen, sowohl seitens des Gesetzgebers als auch der Hundeliebhaber und potentiellen neuen Hundebesitzer. Die Qualzuchtdiskussion bestimmt die Medienlandschaft und Hunde mit verkürzter Schnauzenlänge geraten immer mehr in den Fokus. Es genügt also nicht mehr, sich auf den Zuchterfolgen der letzten gut 125 Jahre auszuruhen, sondern es müssen neue Wege gefunden werden, sich diesen Herausforderungen zu stellen und den Deutschen Boxer als vitale und sportliche Rasse, als Sporthund und gleichzeitig treuen Familienbegleiter, in die nächsten Jahrzehnte Rassehundezucht zu führen.

Moderne Methoden der Rassehundezucht, wie sie zum Teil bereits in anderen Rassehundezuchtvereinen oder überhaupt anderen Zuchtvorhaben genutzt werden, können dabei als Wegweiser dienen.

Zuchtwert und Genetik allgemein sind ein weites Feld, täglich werden neue Erkenntnisse und Einsichten gewonnen, weshalb eine Begriffsdefinition wichtig ist:

❖ Phänotyp:

- Beschreibt das Aussehen eines Individuums, z.B. Fellfarbe, Größe, aber auch auftretende Erkrankungen oder Abweichungen von der Norm. Auch Verhalten des Individuums ist ein Phänotyp.
- Der Phänotyp wird einmal durch die genetische Ausstattung des Tieres, also seinen Genotyp, bestimmt, des weiteren aber auch durch äußere Einflüsse (Löwenzahn auf satter Weide in der Ebene eine stattlichere Pflanze als auf einer kargen Alm auf 1500m Höhe)

❖ Genotyp:

- die Erbmasse, das Erbgut, welches ein Individuum von seinen zwei Eltern jeweils zur Hälfte geerbt hat
- Hälfte stimmt nicht ganz, da es, neben anderen sogenannten Organellen, innerhalb der Zellen sogenannte Kraftwerke, die Mitochondrien, mit einem eigenen Anteil an DNA als Träger der Erbinformation gibt Diese werden nur durch die Eizelle mitgebracht

❖ Gene:

- Abschnitt auf der DNA, der für ein bestimmtes Eiweißmolekül (Protein) codiert
- Dieses Eiweißmoleküle haben dann vielfältige Aufgaben, wie etwa Signalweiterleitung, Aufbau von Strukturen oder Abbau von Energieträgern aus Nahrungsmitteln
- Bei der Befruchtung erhält die entstehende Zygote jeweils einen Satz aller Gene vom Vater und einen Satz aller Gene von der Mutter.

❖ Allel:

- Gene liegen in vielen verschiedenen Varianten vor (Vergleich Buch: verschiedene Ausgaben)
- Varianten werden Allel genannt

Ein bestimmtes Set an Genen macht aus einem Tier einen Hund und die verschiedenen Allele bestimmen, welcher Rasse innerhalb der Art er angehört. Je enger man den Rassebegriff fasst, desto einheitlicher wird die Allelenzusammensetzung innerhalb der Rasse. Molosser grenzen sich aufgrund einer bestimmten Allelenkombination von anderen Hunden ab und bilden eine Subpopulation mit geringerer Vielfalt der Allele im Vergleich zur gesamten Art Hund. Boxer greifen dann wiederum eine bestimmte Allelenteilmenge ab, um eine bestimmte Rasse zu bilden, die sich auch phänotypisch von zum Beispiel Bordeauxdoggen abgrenzt, die eben eine andere Teilmenge von Allelen aus der Molosserpopulation in sich vereinigen. Genetisch gesehen handelt es sich hierbei um einen Allelendrift, da die Verteilung bzw. Häufigkeit bestimmter Allele verändert wird.

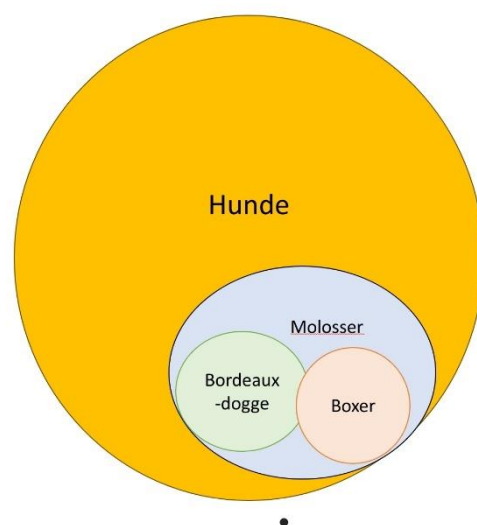


Abbildung 1 Allelendrift durch Selektion von Rassen innerhalb der biologischen Art Hund

Heritabilität und Zuchtwert

In der Zuchtwertschätzung wird jedem Individuum bezüglich eines ausgewählten Merkmals ein Zuchtwert zugewiesen. Dieser Zuchtwert bezieht sich auf dieses eine phänotypische Merkmal und für jedes ausgewählte Merkmal kann, und wird in der Regel auch, der Zuchtwert ein anderer sein.

Zur Ermittlung des Zuchtwertes muss die Heritabilität, also die Erbllichkeit des betreffenden phänotypischen Merkmals bestimmt werden. Dafür wird davon ausgegangen, dass innerhalb einer geschlossenen Population die Beschaffenheit dieses Merkmals einer gaußschen Normalverteilung (Glockenkurve) unterliegt. Die bedeutet, dass sich die meisten Individuen in ihrer Ausprägung um einen Mittelwert gruppieren und die extremen Ausprägungen des Merkmals in die eine oder andere Richtung immer seltener je extremer auftreten.

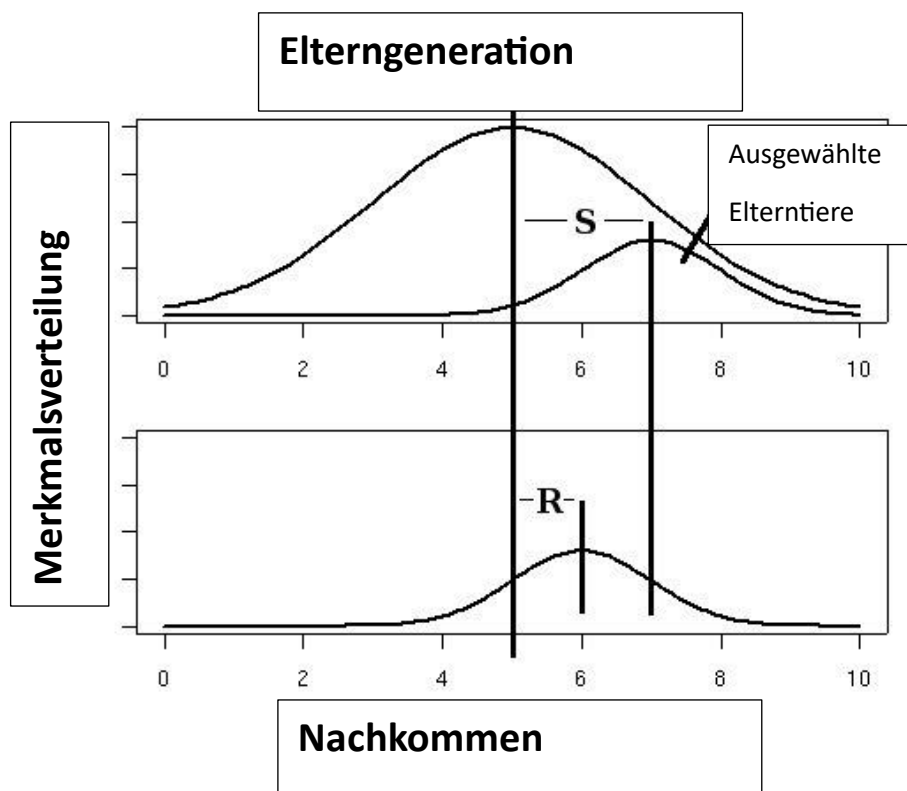


Abbildung 2 Selektionsdifferenz (S) und Selektionserfolg (R); $h^2=R/S$.

Nimmt man als Beispiel die Größe des Boxers, dann sollten die meisten Hunde sich im Standard befinden und die meisten Rüden dann in etwa 60 cm groß sein, einige sind 58 bis 59 cm klein und einige 61 bis 62 cm groß. Wenige Rüden messen nur 57 cm und noch weniger Hunde sind zu klein, auf der anderen Seite messen wenige 63 cm und nur vereinzelt sind Rüden zu groß.

Möchte man nun insgesamt größere Hunde haben, dann wählt man eine Subpopulation, also eine Teilmenge aus, deren Mittelwert zum Beispiel bei 62 cm liegt. Wieder wird sich die Größe in dieser Teilpopulation innerhalb einer gaußschen Normalverteilung (Glockenkurve) bewegen. In dieser ausgewählten Untergruppe an Rüden sind viele Rüden auch 65 cm groß oder größer, aber kaum ein Rüde 57 cm klein. Die Differenz der beiden Mittelwerte der gesamten Population und der selektierten Gruppe wird als Selektionsdifferenz (S) definiert.

Beobachtet man nun die aus der ausgewählten Teilpopulation hervorgegangenen Nachkommen bezüglich des Merkmals, das man verändern wollte, so zeigt sich, dass auch hier wieder die Normalverteilung. Insgesamt hat sich der Mittelwert der Größe dieser Rüden jetzt bei 61 cm eingependelt, der Unterschied zwischen diesem Mittelwert der Nachkommen und dem Mittelwert der Gesamtpopulation nennt man Selektionserfolg (R). Die Erblichkeit des Merkmals, in diesem Fall der Größe der Rüden wäre dann:

$$h^2 = \frac{R}{S} = \frac{61cm - 60cm}{62cm - 60cm} = \frac{1}{2} = 50\%$$

h^2 : Erblichkeit (Heritabilität)

R: Selektionserfolg

S: Selektionsdifferenz

Dementsprechend lassen sich für alle möglichen phänotypischen Merkmale die Erblichkeit für diese bestimmten Merkmale bestimmen, unabhängig davon, ob die Gene, die für die Ausprägung dieses Merkmals verantwortlich sind, bekannt sind. Wichtig sind möglichst umfassende Daten der untersuchten Population. Ermittelt werden muss dafür der Mittelwert und die Varianz des Merkmals. Varianz bedeutet dabei die Streubreite rund um den Mittelwert. In der quantitativen Genetik wird diese Varianz auch *gene effect* genannt.



Abbildung 3 Schematische Darstellung des Geneffekts

Geht man von einem Gen mit zwei Allelen aus, die einen Phänotyp bedingen, dann kann man die beiden homozygoten, also reinerbigen Endpunkte im Phänotyp festmachen. Beim Boxer wäre ein gutes Beispiel die Farbe weiß in der Elterngeneration (Parentalgeneration), komplett Nichtweiß als Phänotyp P1 und reinerbig Weiß, tatsächlich ohne ein farbiges Haar, als Phänotyp P2. Der eigentliche Mittelpunkt dieses Phänotyps wäre demnach ein Hund mit 50% Weißanteil, Phänotyp P. Der Abstand der Elterngeneration P1 und P2 zu diesem Mittelpunkt P gemischterbiger Elterntiere ist $-a$ bzw. $+a$. Tatsächlich sind aber mischerbige Tiere meist zu mehr als 80% farbig und haben nur weiße Abzeichen, der tatsächliche Phänotyp F1 der Nachkommen (Filialgeneration) unterscheidet sich also um den Abstand d vom erwarteten Mittelpunkt der Verpaarung. Dieser Abstand beschreibt den Domianzeffekt eines Allels über das andere Allel. Bei einem klassischen mendelschen dominant-rezessiven Erbgang entspricht die Filialgeneration F1 phänotypisch der Parentalgeneration P2, also ist $d = +a$.

Interessant ist auch, wie oft ein entsprechendes Allel in einer Population vorkommt. Dies ist oft schwierig abzuschätzen, wenn ein Allel das andere dominiert und man deshalb phänotypisch reinerbige und mischerbige Tiere nicht unterscheiden kann, wie etwa in der Boxerzucht bei gestromten Boxern. Statistisch zu erfassen ist dies am einfachsten in einer gedachten Population, die sich unabhängig und unendlich oft paaren kann (Panmixie). Gibt es das dominante Allel A und das rezessive Allel a, dann gibt es Keimzellen p mit dem Allel A und Keimzellen q mit dem Allel a. Die Häufigkeit der Keimzelle p entspricht der Häufigkeit des Allels A und entsprechend die Häufigkeit der Keimzelle q der Häufigkeit des Allels a. Die Allelelenkombination AA in der Zygote nach der Befruchtung kommt also mit der Häufigkeit $p * p = p^2$ und die die Kombination aa entsprechend mit der Häufigkeit q^2 vor. Mischerbige Zygoten Aa können auf zwei verschiedene Wege entstehen, entweder birgt die Eizelle das Allel A und die Spermie trägt Allel a bei oder umgekehrt, somit ist die Häufigkeit dieser Zygoten $2 * p * q = 2pq$, was auch zeigt, das nur maximal 50% einer solchen Population mischerbig sein kann. Insgesamt ergibt sich also:

$$p^2 + 2pq + q^2 = (p + q)^2 = 1 = 100\%$$

p: Häufigkeit Keimzelle p

q: Häufigkeit Keimzelle q

Eine solche Population kommt auch natürlicherweise kaum vor. Auch in der Natur gibt es eine Zuchtauswahl, zum Beispiel durch Umwelteinflüsse, Rangordnungen innerhalb eines Rudels, etc. Dadurch kann es zu einem genetischen Drift kommen, was bedeutet, dass sich die Häufigkeit der Allele untereinander verschieben. Eine solche Population wäre das genaue Gegenteil einer Reinzucht, bei der die Häufigkeit einer mischerbigen Zygote Null wäre. Inzucht verschiebt somit also die Häufigkeit dieser heterozygoten Individuen gegen Null oder mathematisch gesagt, Heterozygotie und Inzuchtfaktor verhalten sich umgekehrt proportional, also gegenläufig, zueinander.

Heritabilität misst also den Anteil, den die genetische Variation an unterschiedlichen Erscheinungsbildern hat. Sie misst also, welchen Einfluss die genetische Ausstattung (Genotyp) der Elterngeneration auf den Phänotyp der Filialgeneration hat. Dies ist kein unverrückbarer Anteil, da zur Ausprägung eines Phänotyps eben auch die Umgebung eine Rolle spielt.

$$Phenotyp (P) = Genotyp (G) + Umwelt (E)$$

Ändert sich die Umwelt (*Environment*), dann kann der Beitrag der Umweltfaktoren zum Phänotyp steigen oder fallen. Umwelt und genetische Ausstattung haben auch einen gegenseitigen Einfluss, korrelieren also miteinander, was in der Kovarianz (cov) wiedergegeben wird.

Man kann also folgern, dass die Unterschiede im Phänotyp (Varianz) aus der Summe der Varianz der Genotypen und der Varianz der Umwelt sowie der Korrelation miteinander entsteht:

$$Var(P) = Var(G) + Var(E) + cov(G, E)$$

Var(P): Unterschied im Phänotyp

Var (G): Unterschied in den Genotypen

Var(E): Unterschied in der Umwelt

Cov(G,E): Wechselbeziehung zwischen

Genotyp und Umwelt

Im weitesten Sinne beschreibt die Heritabilität H^2 also den genetischen Einfluss (den Anteil) auf den Phänotyp einer Population und berücksichtigt auch alle möglichen Effekte, die zum Beispiel bei der Vererbung eine Rolle spielen können, wie Epistase, maternale Effekte, etc.:

$$H^2 = \frac{Var(G)}{Var(P)}$$

H^2 : Erblichkeit

Var (G): Unterschied in den Genotypen

Var(P): Unterschied im Phänotyp

Für die Ermittlung des Zuchtwerts wichtiger ist aber die enger gefasste Heritabilität h^2 . Jedes Elterntier vererbt nur ein Allel eines Genes an seine Nachkommen. Das Zusammenspiel dieser beiden Allele bedingt dann den Phänotyp der Nachkommenschaft. Der Unterschied im Phänotyp von Eltern und Nachkommen ist die additive Varianz, also, wie ähnlich sind sich Eltern und Kinder und wie addieren sich die Effekte der Allele:

$$h^2 = \frac{Var(A)}{Var(P)}$$

h^2 : Erblichkeit, enger gefasst

Var (A): Summe der Wirkung aller

Allele für die Ausprägung

Var(P): Unterschied im Phänotyp

Ist die Varianz in den Allelen der Parentalgeneration für ein bestimmtes Merkmal gering und dennoch die Varianz im Phänotyp dieses Merkmals groß, dann liegt eine geringe Erblichkeit vor.

Die additive Varianz unterliegt der Selektion und wird durch gezieltes Züchten verändert. Das bedeutet, durch die gezielte Auswahl von Zuchtpartnern verändert sich die additive Varianz der ausgewählten Zuchtpopulation im Vergleich zur Ausgangspopulation, es erfolgt ein genetischer oder Allelendrift. Um bei unserem Beispiel mit der Größe der Rüden zu bleiben, verändert sich die Häufigkeit der Allele die Hunde größer werden lassen nach oben und Allele für „klein“ werden ausgedünnt und im Idealfall einer Selektion ganz aus der Population entfernt. Das lässt sich beim Boxer zum Beispiel ganz klar bei den farbkodierenden Allelen zeigen. Es gibt nur gelbe Boxer, da am entsprechenden Genlocus A in unserer Boxerpopulation nur das Allel A^Y vorkommt. Die Allele für *Agouti* (A), *Black and Tan* (A^t) und *Rezessive Black* (a) sind züchterisch ausgemerzt worden. Genauso hat ein Boxer immer eine schwarze Maske, da auch hier am Genlocus E die Allelen für keine Maske e und komplett schwarz E zugunsten von reinerbig E^M eliminiert wurden.

Die Erbllichkeit eines Merkmals lässt sich also durch die quantitative und qualitative Beschreibung der Individuen und deren Verwandtschaft untereinander bestimmen, was uns wieder zum Zuchtwert führt. Gerade bei komplexeren Erbgängen, bei denen die Ausprägung eines Merkmals vielleicht nicht einmal linear verläuft, sondern es einen Schwellenwert gibt, ab dem ein Merkmal phänotypisch sichtbar wird, es aber dennoch eine nicht unerhebliche erbliche Komponente gibt, ist die Ermittlung eines Zuchtwerts ein adäquates Mittel, diese erbliche Komponente klar von den Umwelteinflüssen zu trennen und greifbar zu machen. Komplexe Erbgänge mit einem Schwellenwert bedeutet, dass eine größere Anzahl Gene bzw. deren unterschiedliche Allele an der Ausprägung eines phänotypisch sichtbaren Merkmals beteiligt sind. Eine bestimmte Ausprägung dieses Merkmals erkennt man aber nur, wenn eine Mindestanzahl von dieses Merkmal bedingenden Allelen zusammenkommt. Ist diese kritische Anzahl, der Schwellenwert, nicht erreicht, ist das Merkmal phänotypisch nicht sichtbar. Ein Zuchtwert kann dann helfen, abzuschätzen, wie hoch die Wahrscheinlichkeit ist, dass bei einer Verpaarung ein Individuum Nachkommen mit einer Anzahl von Allelen hat, die den Schwellenwert überschreiten.

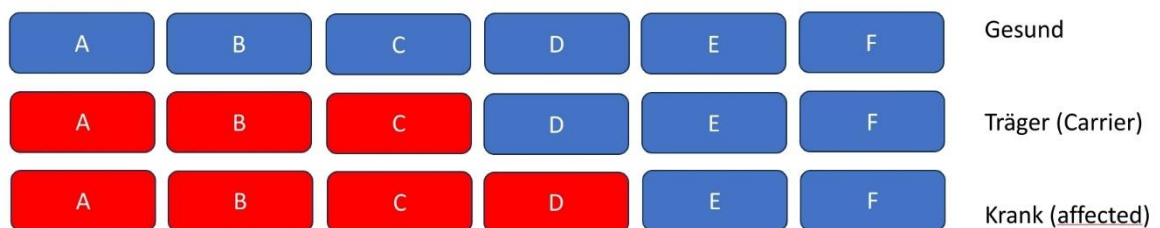


Abbildung 4 Merkmalsausprägung mit Schwellenwert

Die Zuchtwertschätzung ist also eine Abschätzung der Wahrscheinlichkeiten des Auftretens von Merkmalen bei den Nachkommen. Dies zeigt aber auch die Limitierung dieses Systems. Es handelt sich um eine Schätzung von Wahrscheinlichkeiten und nicht um eine unumstößliche Tatsache. Die Genauigkeit dieser Schätzung hängt von vielen Faktoren ab, zum Beispiel der Qualität und Quantität der zugrundeliegenden Daten.

Der Zuchtwert eines Tieres ist im Gegensatz zu seinem Genotyp keine fixe, sondern eine variable Größe und ändert sich mit der jeweiligen Population, zu der man das betreffende Tier in Beziehung setzt. Mit dem Zuchtwert eines Tieres soll nicht die eigene Leistung beurteilt werden, sondern die Leistung seiner Nachkommen, wenn es an durchschnittliche Paarungspartner angepaart wird. Unter dem Zuchtwert versteht man also auch die im Durchschnitt bei den Nachkommen wirksamen Erbanlagen. Das heißt,

mit dem Zuchtwert sollen die Erbanlagen eines Tieres beurteilt werden [www.oekotierzucht.de, Grundlagen der Zuchtwertschätzung.pdf].

Berechnet wird der Zuchtwert eines Tieres für ein bestimmtes Leistungsmerkmal.

$$ZW = 2 * (NKD - PD)$$

NKD: Leistungsdurchschnitt der Nachkommen dieses Tieres

PD: Populationsdurchschnitt (der Referenzpopulation)

ZW: zuchtwertbedingte Abweichung des Tieres vom Populationsdurchschnitt

Diese Abweichung kann positiv oder negativ sein, je nachdem, ob das einzelne Tier in diesem Merkmal besser oder schlechter als der Durchschnitt ist. Der Faktor 2 ergibt sich wieder aus der Tatsache, dass die Nachkommen von beiden Elterntieren Allele zum entsprechenden Merkmal erhalten und somit das untersuchte Elterntier nur zur Hälfte an der genetischen Ausstattung seiner Nachkommen beteiligt ist.

Berechnet wird der Zuchtwert heute mit der BLUP-Methode (best linear unbiased prediction), da nur mit ihr alle Verwandteninformationen berücksichtigt werden und auch Aussagen ohne oder mit wenig Nachkommen möglich sind, also nicht nur für Rüden mit vielen Nachkommen eine Zuchtwertermittlung möglich ist, sondern sogar für Hündinnen ohne „Eigenleistung“ ein Zuchtwert für Kryptochismus bestimmt werden kann.

Weitere wichtige zuchtbeeinflussende Faktoren

Ahnenverlustkoeffizient

Um die Varianz der Allele innerhalb einer Population abzuschätzen können auch der Inzuchtfaktor bzw. der Ahnenverlustkoeffizient herangezogen werden. Der Ahnenverlustkoeffizient lässt sich leicht anhand der Ahnentafel berechnen. Er beschreibt die Verringerung der tatsächlichen Anzahl der Ahnen gegenüber der erwarteten Anzahl der Ahnen.

$$AVK = 1 - \frac{A(V)}{A(M)}$$

AVK: Ahnenverlustkoeffizient

A(V): in der Ahnentafel zählbare verschiedene Ahnen

A(M): maximal mögliche verschiedene Ahnen

In einem hypothetischen Beispiel, in dem Ahn A und Ahn B jeweils bei Mutter und Vater in der Ahnenlinie liegen, wäre der Ahnenverlustkoeffizient also:

$$AVK = 1 - \frac{12}{14} = 0,14 = 14\%$$

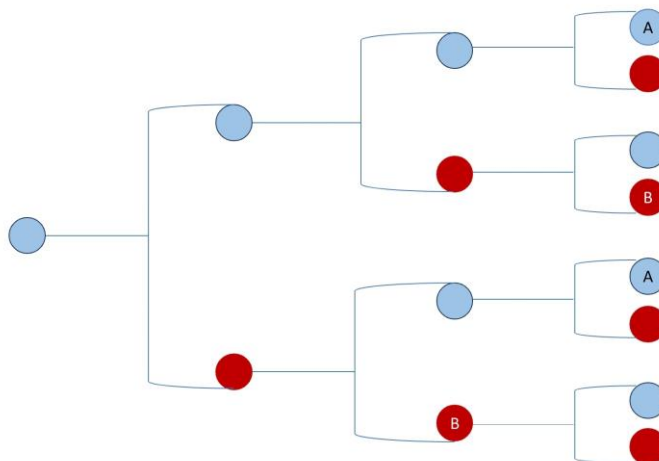


Abbildung 5 hypothetischer Stammbaum

Inzuchtkoeffizient

Eine weitere Möglichkeit, Aussagen über den Verwandtschaftsgrad zweier Paarungspartner zu treffen, ist der Inzuchtkoeffizient. Dieser schließt, im Gegensatz zum Ahnenverlustkoeffizient, auch die Entfernung in der Ahnenlinie des mehrfachen Vorfahrs zum Individuum mit ein.

Der Inzuchtkoeffizient kann berechnet werden:

$$IK = \Sigma \left(\frac{1}{2} \right)^{n_1+n_2+1} * [1 + F_{Ai}]$$

n_1 = Anzahl Generationen vom Vater zum gemeinsamen Vorfahr

n_2 = Anzahl Generationen von der Mutter zum gemeinsamen Vorfahr

F_{Ai} = Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Vorfahrs

Man benötigt also genaue Informationen über den gemeinsamen Vorfahr. Der Inzuchtkoeffizient gibt die Wahrscheinlichkeit an, mit der das Individuum an einem Genlocus eine homozygote Allelenkombination besitzt, da er beide gleichen Allele vom gemeinsamen Vorfahr geerbt hat. Der Inzuchtkoeffizient entspricht etwa der Hälfte des Verwandtschaftskoeffizienten, das heißt, Eltern sind zum Beispiel mit ihrem Kind zu 50% verwandt. Würde es zu einer Inzestpaarung kommen, wäre der Inzuchtkoeffizient 25%, das heißt, etwa ein Viertel aller Gene liegen homozygot/reinerbig vor.

Zur Berechnung wird eine Aussage über die Varianz der Allele innerhalb der Rasse benötigt. Sind bereits die Eltern näher verwandt als der Schnitt der Population, dann ist auch der Verwandtschaftsgrad und nachfolgend der Inzuchtkoeffizient der Nachkommen höher. Bei einer Verpaarung Cousin/Cousine dritten Grades hingegen ist die Verwandtschaft so gering, dass sie im statischen Mil der Population ist.

Es ist also sinnvoll, den Inzuchtkoeffizienten der gesamten Population abzuschätzen, also einen Mittelwert über alle Angehörigen der Population. Es handelt sich um eine Schätzung, da mit zunehmender Individuenzahl und Generationentiefe Informationen fehlen.

Die meisten Hunderassen sind durch mehr oder weniger starke Inzuchtverpaarungen einer kleinen Anzahl Startindividuen gezüchtet worden, oftmals gab (und gibt) es dann noch einen oder mehrere *popular Sire*, also einen beliebten Vererber, wodurch ein genetischer Flaschenhals gebildet wird. Dementsprechend ist die Varianz an Allelen innerhalb der Rassen sehr gering, weshalb sich die Rassen auch so stark phänotypisch von anderen Rassen unterscheiden und innerhalb der Rasse sich die Individuen gleichen. Die Anzahl der heute lebenden Individuen hat aber keinen Einfluss auf die Varianz.

Methoden zur Bestimmung des Verwandtschaftsverhältnisse

Der Verwandtschaftsgrad einer Population kann, wie bereits beschrieben, über Berechnungen aufgrund von Ahnentafeln, die den Zuchtbüchern entnommen werden, erfolgen. Diese Daten können in verschiedene, beliebig komplizierte, mathematische Berechnungsmethoden eingespeist werden, wodurch eine Schätzung des Verwandtschaftsgrades und damit des Inzuchtkoeffizienten von den Individuen der Population untereinander abgegeben werden kann. Diese bedeutet, innerhalb dieser Population können zwei Individuen näher miteinander verwandt sein, wie etwa Mutter und Kind, aber zwei völlig frei aus der Population gewählte Individuen sind mindestens so nahe miteinander verwandt wie der Inzuchtkoeffizient der Gesamtpopulation. Um eine zuverlässige Schätzung auf Grundlage der Ahnentafeln abzugeben, dürfen aber, wie bereits für ein einzelnes Individuum beschrieben, nicht nur fünf oder zehn Generationen betrachtet werden, sondern die Ahnentafeln möglichst vollständig ausgewertet werden.

In den letzten Jahrzehnten haben Molekularbiologie und Genetik Methoden entwickelt und verfeinert, um Verwandtschaftsverhältnisse sowohl bei einzelnen Individuen als auch Populationen untereinander und in Abgrenzung zu anderen Populationen auf genetischer Ebene zu klären. Die wichtigsten Methoden werden nachfolgend kurz dargestellt.

STR, Mikrosatelliten

Die Gene liegen auf der DNA nicht nahtlos aneinander, sondern es gibt Zwischenbereiche, deren Sequenz der Bausteine der DNA (Nucleotide) variabel sein kann, sogenannte nichtcodierenden Bereiche. Hier kommt es vor, dass kurze Sequenzen von 2 bis 3 Bausteinen öfter wiederholt werden, sogenannte *short tandem repeats* (STR). Die Anzahl dieser Wiederholungen kann ermittelt werden. Die *International Society for Animal Genetik*, kurz ISAG, legt auf dieser Grundlage genetische Marker fest, mit deren Hilfe ein Tier eindeutig identifiziert werden, also ein DNA-Profil angelegt werden kann, zum Beispiel ISAG 2006 oder ISAG 2020. Je mehr Marker für eine eindeutige Identifizierung benötigt werden, desto genetisch homogener ist die Gruppe. Je mehr Marker bei Elterntieren unterschiedlich sind, desto wahrscheinlicher sind sie weitläufiger verwandt.

SNP und Haplotypen

Ein Gen kann verschiedene Allele haben. Diese Allele werden durch die Sequenz der vier Bausteine der DNA codiert und in der Zelle in Eiweißmoleküle, Proteine umgesetzt. In der Sequenz der DNA-Bausteine kann es Variationen geben, die im codierten Protein keinen Unterschied machen, was an der Art der Codierung liegt, im nicht codierenden Bereich sind diese Variationen noch größer. Alle diese kleinen Unterschiede, die oftmals nur in einem einzigen unterschiedlichen Nucleotide (Baustein der DNA) bestehen, dem sogenannten *single nucleotide polymorphism* (SNP), können heute mit geeigneten Methoden verglichen werden. Die Abfolge dieser SNPs auf einem Stück des Chromosoms, die gemeinsam vererbt werden, nennt sich ein Haplotyp. Die Haplotypen können an einer Stelle gleich sein, homozygot, oder unterschiedlich, heterozygot. Haplotypen und Gene sind nicht das gleiche. Bei einem Individuum mit der genetischen Ausstattung AaBb kann als Haplotyp AB/ab oder Ab/aB vorliegen.

Individuen, die den gleichen Haplotyp besitzen werden zu einer Haplogruppe zusammengefasst. Können eine ausreichende Anzahl von Individuen einer Population bezüglich ihrer Haplotypen untersucht werden, dann kann eine genetisch fundierte Aussage über den Verwandtschaftsgrad der Individuen dieser Population untereinander getroffen werden. Dazu müssen verschiedene Haplotypen an unterschiedlichen Stellen des Genoms untersucht werden. Da dies teuer und zeitaufwendig ist, wird nach einigen Testsequenzierungen über verschiedene mathematische Rechenwege mittels Bioinformatik auf das gesamte Genom der einzelnen untersuchten Individuums rückgeschlossen und eine Wahrscheinlichkeit angegeben, wie nahe die fraglichen Individuen miteinander verwandt sind.

Inzuchtkoeffizient von Rassehundpopulationen

Neuere Untersuchungen legen nahe, dass die heutigen Rassehunde einen Inzuchtkoeffizienten von 25% innerhalb ihrer Rasse haben, was bedeutet, dass genetisch gesehen alle Hunde einer Rasse Geschwister sind.

Estimated expected (H_E) and observed (H_O) heterozygosities, within-breed inbreeding co-efficient (F_{IS}) and mean pairwise genetic differentiation (F_{ST}) averaged across loci for the different breeds, together with available information on heritable disorders for each breed.

Breed	H_E	H_O	F_{IS}	Average F_{ST} value ^a	Number of inherited disorders ^b	Cumulative severity range of inherited disorders ^c
Border collie	0.66	0.65	0.028	0.16	25	16–36
Border terrier	ND ^d	ND ^d	ND ^d	ND ^d	16	2–36
Boxer	0.51	0.51	-0.003	0.26	58	18–155
Cavalier King Charles spaniel	0.55	0.55	0.001	0.23	25	7–102
English Springer spaniel	0.68	0.68	0.000	0.16	53	62–138
German shepherd	0.54	0.52	0.041	0.23	69	35–123
Golden retriever	0.60	0.54	0.114	0.20	58	17–38
Jack Russell terrier ^e	0.76	0.75	0.016	0.11	ND	ND
Labrador retriever	0.68	0.66	0.028	0.15	51	29–79
Rottweiler	0.55	0.47	0.172	0.24	32	18–46
Staffordshire bull terrier	0.66	0.63	0.049	0.15	11	6–21
West Highland white terrier	0.52	0.49	0.058	0.26	35	0–75
Yorkshire terrier	0.66	0.73	-0.093	0.16	26	7–97
Cross breed	0.76	0.73	0.033	0.10	ND	ND

ND, Not determined.

^a Average of pairwise comparisons with registered breeds.

^b Data for UK dogs (Asher et al., 2009).

^c Index calculated by Asher et al. (2009) based on assessment of prognosis, availability and success of treatment, complications and effects on behaviour of the inherited disorders.

^d Border terriers were not included in the analysis of genetic diversity because of the low numbers. However they were included in the STRUCTURE analysis.

^e Jack Russell terriers are not a registered breed in the UK and therefore were not included in the study of Asher et al. (2009).

Abbildung 6 : Inzuchtkoeffizient(F_{ST}) ausgewählter Hunderassen

Die Heterozygotie innerhalb der Rassen, das bedeutet, wie viele genetische Marker mischerbig vorliegen, verdeutlicht folgendes Schaubild:

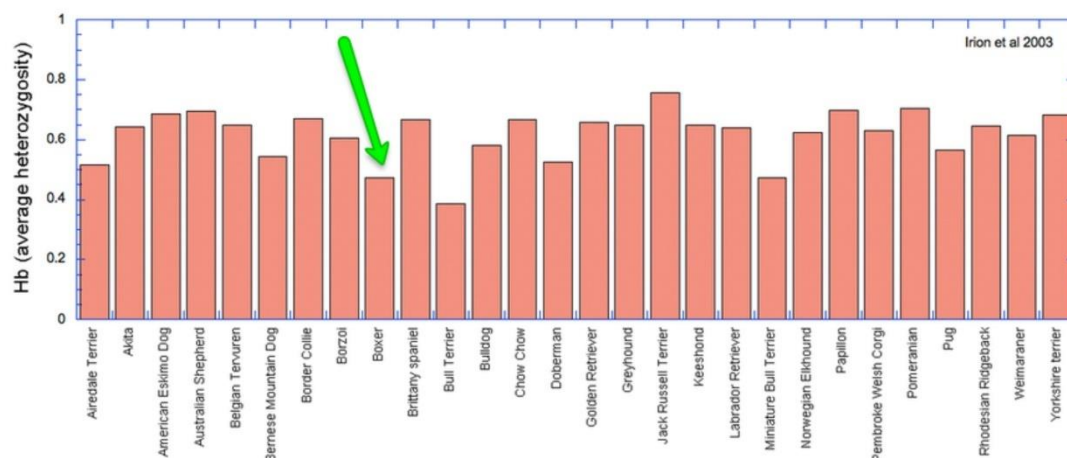


Abbildung 7 Heterozygotie von ausgewählten Hunderassen

Außerdem lassen sich auch Aussagen zur Varianz (*allelic richness*) für verschiedene Rassen machen. Je höher der Wert ist, desto besser ist in dieser Rasse die Heterogenität und Diversität.

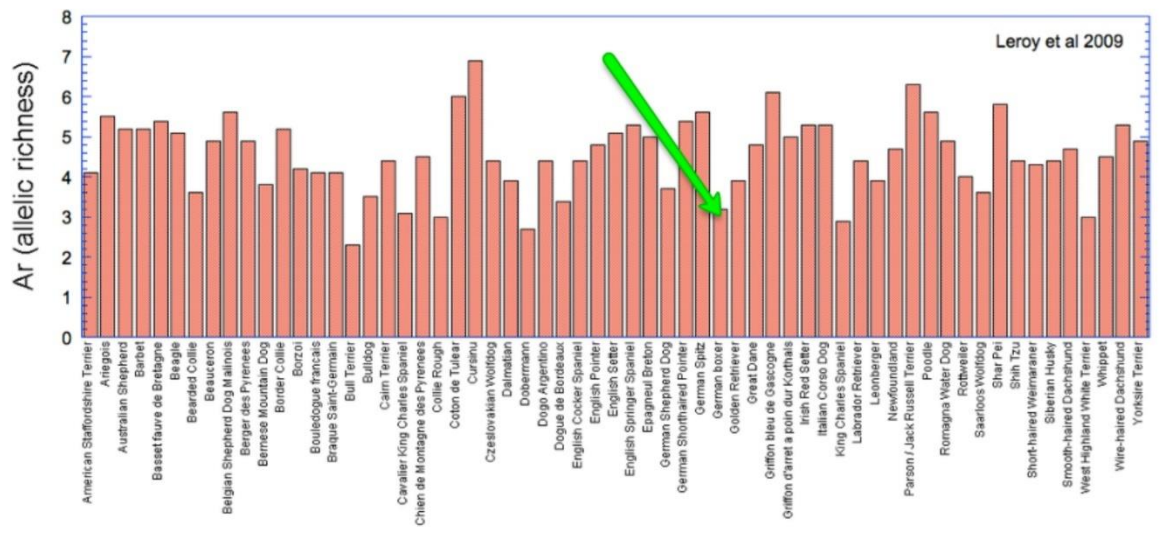


Abbildung 8 Varianz in den Allelen bei ausgewählten Hunderassen

In allen drei Abbildungen ist der Deutsche Boxer (German Boxer) markiert. Die Abbildungen sind der Website <https://www.instituteofcaninebiology.org/boxer1.html> entnommen. Basierend auf diesen Studien handelt es sich beim Boxer um eine besonders eng gezüchtete Rasse mit einer Allelenverarmung. Ein gutes Beispiel dafür ist die homozygot vererbte Grundfarbe des Boxers, bei der durch die gezielte Zucht hier nur ein Allel verblieben ist.

Genomische Zuchtwertschätzung

Liegen für ein Merkmal gesicherte Daten vor, welche Gene/Genkombinationen oder auch Haplotypen die Ausprägung des Merkmals bedingen, können genetische Informationen und klassisch ermittelte Zuchtwerte miteinander verknüpft werden, um die Aussagekraft des Zuchtwerts für dieses Merkmal zu verbessern. Die genomische Zuchtwertschätzung kombiniert also die bisherige Zuchtwertschätzung eines Tieres auf Basis der Leistungs- und Abstammungsinformationen mit Informationen aus dem Genom desselben Tieres.

Problematik der Zuchtwertschätzung

Ein weiterer Punkt, der grundsätzlich den Einsatz der Zuchtwertschätzung beeinflusst, ist die Verlässlichkeit der Daten, die in der Ermittlung des Wertes einfließen. Die Schätzung kann immer nur so gut sein wie die Daten, die einfließen. Während beim Zuchtwert für Kryptochismus erst einmal alle Individuen der Population einfließen, da die Daten dem Wurfmeldeschein entnommen werden, sind die Zuchtwertschätzung für Hüftdysplasie (HD) und Spondylose auf die aktive Mitarbeit und Kostenübernahme der Hundebesitzer angewiesen und, vor allem, auf die Ehrlichkeit der Teilnehmer bzw. Nicht-Teilnehmer, so wird sicher nicht jedes gemachte Röntgenbild zur Auswertung gesendet wird. Oftmals lassen sich die Welpenkäufer, insbesondere, wenn es sich um reine Familienhunde handelt, die nicht ausgestellt oder im Sport geführt werden sollen, nicht zu den zuchtrelevanten Untersuchungen motivieren. Somit ist die Zuchtwertschätzung dieser beiden Merkmale mit einem großen Fehler behaftet. Leider ist aber auch die Zuchtwertschätzung für Kryptochismus nicht 100% verlässlich, da zum Beispiel manche Rüden einhodig werden, ohne das dies an die Zuchtbuchstelle gemeldet wird, vielleicht noch nicht einmal an den Züchter.

Nichtsdestotrotz ist ein, wenn auch mit Fehler behafteter Zuchtwert immer noch besser, als nur das isolierte Individuum und seine Merkmalsausprägung zu betrachten, „da Zuchttiere mindestens selbst geröntgt sind, kann Zuchtwertschätzung niemals ungenauer sein wie die ausschließliche Eigenbewertung des Tieres sondern, im ungünstigsten Fall wenn keine Verwandten geröntgt sind, genauso ungenau. Jede Zusatzinformation erhöht aber die Aussagekraft des geschätzten Zuchtwertes für die Vorhersage der Vererbung.“ (Beuing, Strategien zur züchterischen Gestaltung von Hunderassen mit geringer Populationsgröße).

Selektion

Ziel der Hundezucht und jeder Zuchtauswahl ist es, Individuen mit einem möglichst einheitlichen Phänotyp zu erhalten. Dieser Phänotyp grenzt sich klar von anderen Phänotypen ab und ermöglicht es, alle Individuen dieses Phänotyps einer Rasse innerhalb einer Art zuzuordnen. Ein Individuum dieser Rasse hat bestimmte Eigenschaften, die in seinem Standard festgelegt sind. Dies bezieht sich sowohl auf äußere Merkmale als auch auf das Verhaltensrepertoire des Tieres.

Mit der Vereinheitlichung des Gesamtbildes einer Rasse geht dann aber, wie dargelegt, unweigerlich auch eine Verarmung der Varianz einher, denn Einheitlichkeit kann eben nur durch Uniformität und auf genetischer Ebene durch Homozygotie in Perfektion erreicht werden, was man gut bei eineiigen Zwillingen sieht. Kurz gesagt, je näher die Hunde miteinander verwandt sind, desto einheitlicher ist ihr Aussehen und ihr Benehmen.

Wie kann diese Selektion erfolgen? Das einfachste Mittel, Homozygotie in der Genetik zu erreichen, die Anzahl der Allele pro Gen zu reduzieren und nur die ausgewählte Allele in der Rasse zu erhalten, ist die Inzucht. Leider besteht das Genom eines Individuum aber nicht nur aus positiven Allelen. In den Genen sind auch Veranlagungen für Erkrankungen und andere unliebsame Eigenschaften hinterlegt. Auch diese werden durch Inzucht vereinheitlicht und so treten dann selbst eigentlich rezessiv vererbte Erkrankungen durch Kombination beider rezessiver Allele zu Tage. Auch wird bei Merkmalen mit einem Schwellenwert dieser leichter erreicht. Somit kann Inzucht sicher nicht als empfehlenswert angesehen werden, zumal Paarungen innerhalb der Rasse selbst bei freier Partnerwahl (Panmixie) bereits einer Inzucht gleichen.

Der Idee der Inzucht am nächsten kommt die Linienzucht. Auch hier lässt sich die Varianz innerhalb der Allele begrenzen. Aber auch bei konsequenter Linienzucht besteht eine große Gefahr, unliebsame Merkmale zu potenzieren. Liegt die Lösung also in einer Zucht, die nur Individuen, die möglichst wenig miteinander verwandt sind, also einen kleinen Inzuchtkoeffizienten haben, mit einander zu verpaaren? Und geht das überhaupt mit geschlossenen Zuchtbüchern und Reinzuchten seit mehr als 100 Jahren? Ist die Nutzung neuer Genetik und Mathematik/Bioinformatik basierter Selektionskriterien die Rettung für die moderne Hundezucht?

Zur Entstehung der Rasse Deutsche Boxer war es zielführend zur Stabilisierung des gewünschten Typ Hundes Linienzucht, und in den Anfängen sogar Inzucht, zu nutzen, um die möglichen Allele eines Genes auf die gewünschten zu reduzieren (Allelendrift). Da die Rasse aber aus sehr wenigen Einzeltieren entstanden ist, im wesentlichen vier Tiere, zwei Hündinnen, Mirzel und die sehr fruchtbare Meta von der Passage, die mit einer überschaubaren Anzahl von Rüden, vor allem Wotan und Flock

San Salvator, unsere Rasse begründet haben, ist der Inzuchtfaktor unserer Rasse *per se* sehr hoch. Züchterische Entscheidungen der letzten gut einhundert Jahre haben dann noch zu einigen genetischen Flaschenhälsen geführt, die der Diversität nicht zuträglich waren.

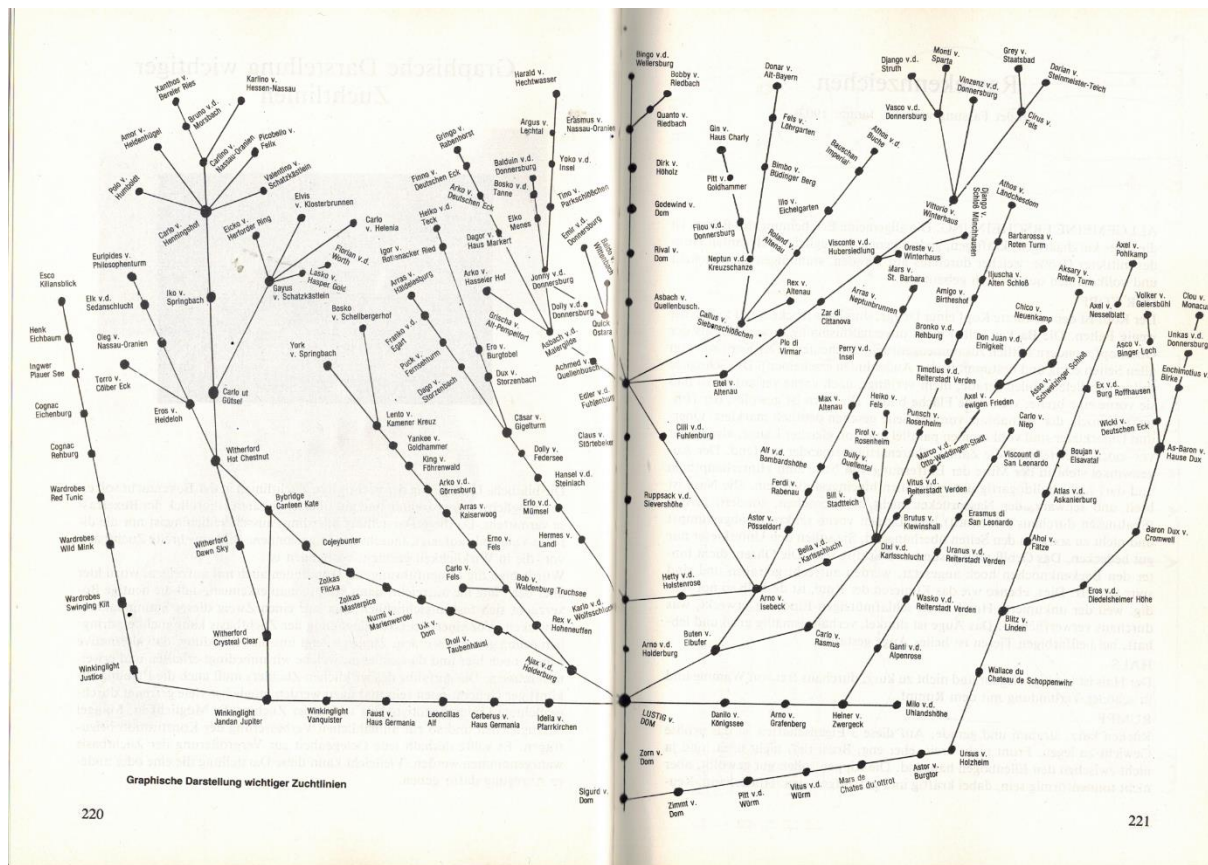


Abbildung 9 Zuchtlinien des Deutschen Boxers mit dem genetischen Flaschenhals Lustig vom Dom [Unser Hund, ein Boxer]

Man erkennt die Einengung der Zuchtbasis durch die starke Verwendung des populären Deckrüden Lustig vom Dom, der heute praktisch in jeder Ahnentafel zu finden ist. Vollbrüder, wie Utz vom Dom, begründeten die Boxerzucht in anderen Ländern, wie etwa England oder den USA, was bedeutet, dass genetisch gesehen Hunde aus diesen Ländern nicht automatisch „frisches Blut“ bedeutet.

Andererseits führte der Verlust sehr vieler Tiere, vor allem Rüden, im Ersten Weltkrieg zu einer einjährigen Öffnung des Zuchtbuchs für Hunde die phänotypisch klassifiziert wurden (1921). Diese Vorgehensweise ist auch heute noch mit der Zuchtordnung des VDH konform, der eine Eintragung phänotypisch beurteilte Hunde in das Register vorzieht und die Zuchtverwendung den einzelnen Verbänden anheim stellt. Nach drei Generationen können Nachfahren dieser Registerhunde dann laut

VDH ins normale Zuchtbuch übernommen werden. Dies stellt ein probates Mittel zur Erhöhung der Diversität dar und führt durch gezielte Zuchtauswahl nicht zu einem Verlust des Phänotyps. Dies zeigte sich zum Beispiel 2015 bei der Jahressiegerausstellung, bei der der Jahresjugendsieger Rüden gelb Capo di Tutti Capi erst nachträglich als Nachfahre der sogenannten *Bobtail*-Linie identifiziert werden konnte.

Wurde anfänglich vor allem durch züchterische Maßnahmen versucht, das Aussehen der Tiere zu vereinheitlichen, gelangte später das Wesen des Boxers ebenfalls in den züchterischen Fokus, da der Deutsche Boxer offiziell zum Gebrauchshund werden sollte, was 1924 mit der Aufnahme in den Prüfungsverband der Zuchtvereine für Diensthunderassen (PVZ) erreicht wurde.

Nach und nach wurde der Gesundheit der im Verein gezüchteten Hunde immer mehr Bedeutung beigemessen. Ab 1972 durften nur noch Tiere mit mittlerer HD zur Zucht eingesetzt werden. 1988 kam es zur Einführung der verpflichtenden Ausdauerprüfung zur Zuchtverwendung, um die Konstitution der Hunde besser beurteilen zu können, später noch durch ein Herz-Ultraschall ab 2000 ergänzt.

Ab diesem Jahr bediente sich der Boxer Klub dem Mittel der Zuchtwertschätzung für Hüftdysplasie und Kryptochismus, welches er, trotz vieler Widrigkeiten und Diskussionen jetzt seit fast 25 Jahren erfolgreich einsetzt. Bei einer Umfrage im Jahre 2014 stimmen 50,6% der Züchter für einen Erhalt des verpflichtenden Zuchtwerts für Kryptochismus, statt diesen informativ anzugeben. Ebenfalls wird die Pflichtuntersuchung für Spondylose im Jahre 2000 eingeführt, ab 2021 gibt es hier auch einen informativen Zuchtwert Spondylose. Interessant wäre es, hier eventuell nochmals die Meinung der Züchter einzuholen, welcher der drei Zuchtwerte informativ und welcher verpflichtend sein sollte. Bei dieser Entscheidung ist wichtig, die Zuchtwertschätzung als mittlere Zuchtlenkung zu verstehen.

Selektion mittels Zuchtwertschätzung

Der Zuchtwert ist eine Wahrscheinlichkeit. Um die Werte (Prozent Wahrscheinlichkeit des Auftretens) besser nutzen zu können, werden diese oft in Punkte umgewandelt. Dabei wird dem Rassemittel der Wert 100 zugeordnet. Hunde, die wahrscheinlich bessere Nachkommen in dem mit einem Zuchtwert belegten Merkmal erwarten lassen, haben Werte unterhalb 100, umgekehrt, wird eine Verschlechterung im Bezug zum Rassemittel erwartet, ist der Zuchtwert des Tieres für dieses Merkmal über 100. Ein Individuum kann also in einigen Zuchtwerten unter 100 liegen, in anderen darüber. Sucht man einen Paarungspartner, dann sollten die Mittelwerte der einzelnen Zuchtwerte alle in der Nähe des Rassemittels oder darunter liegen, um eine Verbesserung der untersuchten Merkmale in den Nachkommen wahrscheinlicher zu machen. Die Zuchtwerte machen aber immer nur Aussagen zu dem beobachteten Merkmal und wie gut oder schlecht dieses eine Merkmal an die Nachkommen vererbt wird. Die Zuchtwerte sagen nichts über den tatsächlichen insgesamten Zuchtwert des Tieres aus, da ein Zuchttier nicht nur, wie Falle des Boxers, aus drei Zahlenwerten besteht.

Ziel der Zuchtwertschätzung ist also die Verbesserung bzw. stärkere Ausprägung der gesamten Population in einem speziellen Merkmal durch strategische Anpaarung einzelner Individuen. Dazu wird aus den beiden Zuchtwerten der Kopulationspartner ein Mittelwert gebildet. Ist dieser Mittelwert bei 100, also im Rasseschnitt, dann verändert diese Paarung das angeschaute Merkmal weder positiv noch negativ. Wünschenswert ist deshalb ein Mittelwert unter 100 um eine Verbesserung zu erzielen. Da es sich um Wahrscheinlichkeiten handelt und der Zuchtwert nur so gut wie die in ihn eingespeisten Daten sein kann, kann das Ergebnis der Paarung auch anders als erwünscht ausfallen. Dann muss der Zuchtwert der Paarungspartner angepasst werden. Liegt beispielsweise der Zuchtwert für Hüftdysplasie (HD) einer Hündin bei 74 und der ermittelte Zuchtwert der Verpaarung bei 85 (der Rüde lag folglich bei 96), zwei der Nachkommen werden aber mit HD C1 ausgewertet, dann war dies nicht zu erwarten, da das Rassemittel (100) etwa bei HD B1 liegt. Somit wird die Hündin stark in ihrem Zuchtwert ansteigen, der Rüde hingegen nicht so stark, da er bereits bei 96 lag, also die HD C1 Hüfte bei einer Verpaarung mit ihm wahrscheinlicher war.

Ziel der Zuchtwertschätzung ist aber nicht, Hunde aufgrund eines hohen Zuchtwertes in einem Merkmal aus der Zucht auszuschließen, sondern eher im Gegenteil, dem Züchter ein Werkzeug an die Hand zu geben, durch die Wahl des passenden Paarungspartners mit entsprechend niedrigem Zuchtwert in diesem Merkmal, eine breite Zuchtbasis in die Zucht zu bringen, also die Diversität hoch zu halten.

Selektion mittels genetischer Werkzeuge

Molekularbiologie und Genetik bieten eine schier unbegrenzte Anzahl an verschiedenen Testmöglichkeiten an, wer diese nicht nutzt, sieht sich oft dem Vorwurf ausgesetzt, ein schlechter Züchter zu sein. Ist es aber wirklich sinnvoll, seine Hunde auf die Farbgene testen zu lassen, oder auf *Collie Eye Anomalie*, bloß weil es im Züchterpaket enthalten ist, oder dies eine derzeit populäre Strömung in der sozialen Medienlandschaft bedient?

Auch die Bestimmung der Haplotypen ist heute schon fast ein Muss, wobei dabei meist die DLA-Haplotypen (DLA-DRB1, DLA-DQA1, DLA-DQB1) gemeint sind. In den Genen, von denen diese DLA-Haplotypen bestimmt werden, sind Bestandteile des Immunsystems hinterlegt, die wichtige Funktionen in der frühen Phase der Immunabwehr übernehmen. Eine Varianzverarmung in diesen Haplotypen deutet auf eine fehlende genetische Diversität innerhalb einer Rasse hin. Bis jetzt sind etwa 300 verschiedene DLA-Haplotypen beim Hund bekannt

(<https://shop.feragen.at/produkt/dla-haplotypenbestimmung-beim-hund/>)

Es erscheint also sinnvoll, die Partnerwahl auch an den DLA-Haplotypen der Paarungspartner festzumachen, da dies ein Maß für die Diversität zu sein scheint. Dies ist dann richtig, wenn eine geeignet große Anzahl verschiedener DLA-Haplotypen in einer Population anzutreffen ist. Mit zum Beispiel nur drei verschiedenen Haplotypen wird eine Zucht mit Augenmerk auf Heterozygotie der DLA-Haplotypen in der Nachkommenschaft sehr stark eingeschränkt und lässt wenig Spielraum für viele andere wichtige Punkte, die ebenfalls in einer Zuchtauswahl beachtet werden sollten. Nun scheint es so zu sein, dass mittlerweile fünf verschiedene DLA-Haplotypen beim Boxer identifiziert werden konnten, zwei davon aber bei nur sehr wenigen Individuen.

(<http://boxer-genetics.com/dla-gene-in-der-boxerpopulation/>)

Es macht also durchaus Sinn, zu versuchen die Häufigkeit der Haplotypen anzugleichen, das heißt, Individuen mit häufig vorkommende Haplotypen weniger im Zuchtgeschehen einzusetzen und stattdessen vermehrt Individuen mit den unterrepräsentierten Haplotypen zu verpaaren, also einen Allendrift zu vollziehen. Dabei ist aber Augenmaß gefragt, da im Zuge der Diversität vermieden werden muss, dass ein Rüde mit unterrepräsentiertem Haplotyp zum *Popular Sire* wird und dann doch wieder einen genetischen Flaschenhals darstellt. Um solche Tiere wirklich gewinnbringend für die Rasse einzubringen, wären strategische Paarungen mit Partnern sinnvoll, bei denen über einen genomweiten Verwandtschaftsgrad festgestellt worden ist. Ein optimaler Paarungspartner wäre dann in den DLA-Genen heterozygot mit zwei anderen DLA-Haplotypen wie das

Tier mit unterrepräsentiertem Haplotyp und gleichzeitig ginge der genomische Inzuchtkoeffizient der Paarungspartner gegen Null.

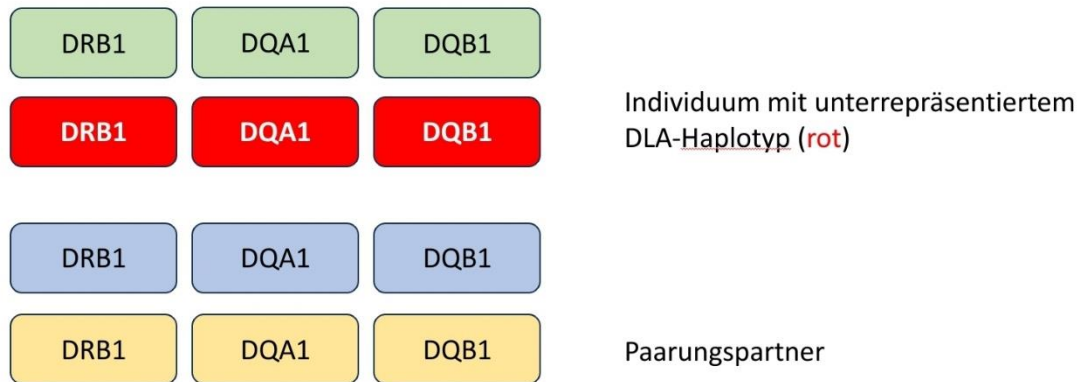


Abbildung 10 : Möglichkeit einer Anpaarung um die Häufigkeit weitere DLA-Haplotypen in der Boxerpopulation zu fördern

Es ist also möglich, den genetischen Verwandtschaftsgrad, den sogenannten genomischen Inzuchtfaktor zweier Individuen vor der Verpaarung zu bestimmen. Dabei wird aber nur ein kleiner Teil der Erbinformation tatsächlich miteinander verglichen, die dabei erhaltenen Daten werden im Bezug auf die Daten aller bisher in diesem System erfassten Individuen (der Teilpopulation) mittels bioinformatischer Rechenmethoden auf den gesuchten Wert näherungsweise bestimmt (extrapoliert). Diese Extrapolation ist natürlich nur so gut wie die Daten der ihr zugrundeliegenden Teilpopulation. Hier gelten also die selben Einschränkungen wie beim Zuchtwert. Die Vorhersagekraft stirbt und fällt mit der Qualität der Daten.

Liegt für einen Phänotyp ein genetischer Marker vor, ist also das dem Phänotyp hauptsächlich zugrundeliegende Gene mit den entsprechenden Allelen identifiziert, kann auch eine Selektion mittels eines Gentests erfolgen und dann, falls es sich um einen entsprechenden dominant-rezessiven Erbgang handelt, Träger dieses Merkmals identifiziert werden. Dabei sind Träger phänotypisch unauffällig, da das eine, rezessive, Allel durch das stärkere dominante Allel unterdrückt wird. Gegebenfalls sind diese Träger dann von der Zucht auszuschließen oder nur unter Auflagen anzupaaren.

Zuchtwertschätzung versus Genetik

Zuchtwertschätzung und genetische Untersuchungen sind also zwei verschiedene Möglichkeiten, Aussagen über einzelne Tiere und ihre Eigenschaften als Zuchttier zu treffen. Während die Genetik sich aber immer auf das einzelne Tier bezieht und keine Aussage über die Wurfgeschwister machen kann, ist die Zuchtwertschätzung eine Möglichkeit, Aussagen über das Tier selbst, aber auch die Verwandtschaft zu treffen. Auch Tiere, die nicht für eine genetische Untersuchung zur Verfügung stehen, können hierbei berücksichtigt werden und es können Vorhersagen bezüglich der Nachkommen getroffen werden.

Sinnvollerweise ergänzen sich Zuchtwertschätzung und genetische Untersuchungen neben den klassischen Selektionskriterien bei der Wahl des geeigneten Zuchtpartners.

Zuchtwerteschätzung im Boxer-Klub München e.V.

Im Boxer-Klub werden im Moment aus den in der Zuchtbuchstelle gesammelten Daten vierteljährlich drei Zuchtwerte zur Zuchtlenkung ermittelt, für Hüftdysplasie, Kryptorchismus und als informativer Zuchtwert Spondylose. Dazu werden etwa 144.000 Boxer aus Zuchtbuch eingetragenen Boxer herangezogen. Bei der Ermittlung der Zuchtwerte für zum Beispiel Hüftdysplasie liegen von etwa 40.500 Boxern eigene Auswertungen aufgrund der Röntgenaufnahmen und anschließender Bewertung (im Moment bei Frau Dr. Viefhues) vor. Die Zuchtwerte werden aber für alle 144.000 Boxer ermittelt, so kann auch für längst verstorbene Boxer, die keine eigene Auswertung haben, ein Zuchtwert ermittelt werden.

The screenshot shows the 'Boxer-Klub München e.V.' software interface. At the top, there are navigation tabs: 'Abmelden', 'Boxer', 'Prüfungen', 'Ausstellungen', and 'Ausstellungs-Manager'. Below these, there's a 'Boxersuche allgemein' section with a search bar for 'Zuchtbuchnr.' containing '97812'. There are also buttons for 'Anfang' and 'genau'. To the right of the search bar are fields for 'Name', 'Wurfjahr', and 'Chipnr.', each with a 'Zurücksetzen' button. A 'Suche starten' button is at the bottom right of the search section. Below the search section, there's a 'Virtuelle Paarungspartner' section with a 'Simulierter Stammbaum' and a 'Boxer einsetzen' button. The main area displays a table with columns: 'ZBNR', 'Name', 'Wurfjahr', and 'Zwinger'. The table contains one entry: 'D-97812', 'Witherford Hot Chestnut', '17.06.1960', and 'Witherford'. At the bottom, there's a navigation bar with buttons: 'Welpenliste', 'Stammbaum', 'Wurfliste', 'Prüfungen', 'Richterberichte', 'Körung B - ZTP', 'Dossier', 'Export als PDF', and 'Favoriten'. On the right side, there's a sidebar for 'D-97812 Witherford Hot Chestnut' with tabs: 'Info', 'ZTP - Kör.B/A - Sieg.', 'Prüf.', and 'Wurf'. The 'Info' tab is active, showing details about the dog's parents, birth date, and breeding values for HD (101) and Spondylose (100).

Abbildung 11 Zuchtwerte von Witherford Hot Chestnut

Hüftdysplasie (HD)

Hüftdysplasie wird polygen mit einem Schwellenwert vererbt. Mit einer ermittelten Erblichkeit h^2 von 0,3, also 30% Einfluss der Genetik und 70% Umwelteinflüsse, eignet sich HD für einen Zuchtplan mittels Zuchtwerteschätzung, um den genetischen Anteil genauer beleuchten zu können. Je detaillierter ein phänotypisches Merkmal klassifiziert werden kann, desto besser eignet sich dieses Merkmal für eine Selektion mittels Zuchtwerteschätzung. Hüftdysplasie wird in verschiedene Grade, von A1, also frei, bis E, schwere HD, eingeteilt. Die Verteilung innerhalb der Population folgt der Normalverteilung, also der gaußschen Glockenkurve, mit wenigen Spitzentieren und sehr betroffenen Tieren.

Zuerst wird der Mittelwert der ermittelten HD-Grade innerhalb der Population ermittelt, dazu werden den HD-Graden Zahlenwerte zugeordnet.

HD-Grad	Zahlenwert	Ungefäherer Zuchtwert
...	...	...
B1	17	99
B	20	101
B2	23	103
...	...	...

Dabei wird jede neu dazugekommene Information zur Berechnung herangezogen, es handelt sich also um ein variables Mittel. War das Mittel vor 10 Jahren noch bei 20,35 liegt es heute bei 18,73. Diesem Mittelwert wird dann wiederum der Zuchtwert 100 zugeordnet. Dem Zahlenwert eines Individuums, der sich aus der Ermittlung des eventuell eigenen Wertes und der Werte der Verwandtschaft in Relation zum Verwandtschaftsgrad eines Tieres ergibt, dann entsprechend. Dementsprechend zählen die Werte der Eltern und Vollgeschwister mehr als der Großeltern, Halbgeschwister, Tanten und Onkel, usw.

	Verwandtschaftskoeffizient	Prozent
Vollgeschwister	1,00	100%
Eltern	0,50	50%
Halbgeschwister	0,25	25%
Großeltern	0,25	25%
Tante/Onkel	0,25	25%
...	...	

Interessanterweise sind Rüden von HD stärker betroffen als Hündinnen, weshalb Rüden bei gleicher Auswertung meist einen Punkt besser liegen als ihre Schwestern, weil sich ihre genetische Ausstattung im selben genetischen Milieu besser gezeigt hat.

Durch die zuchtlenkenden Maßnahmen des Boxer-Klubs ist ein genetischer Trend erkennbar, war der mittlere Zuchtwert HD 1981 noch bei 105, so liegt er bei heutigen Wurfen bei 83,69, was eine deutliche Verbesserung aufzeigt, 90% aller ausgewerteten Hunde haben HD A oder B. Dies bedeutet, dass in den allermeisten Fällen bei einer Wurfplanung der erlaubte Mittelwert aus den Zuchtwerten der Elterntiere überhaupt nicht ausgenutzt wird. Weitere Verbesserungen wären also nur noch erreichbar, wenn nur

noch Verpaarungen unter 83,60, statt wie aktuell 100, erlaubt wären. Die HD-Zuchtwerte erstrecken sich aktuell von 65 bis 154.

Spondylose

Als informativen Zuchtwert wird seit etwa fünf Jahren auch der Phänotyp der Spondylose ausgewiesen. Verknöcherte Wucherungen an der Wirbelsäule, ob diese nun *Spondylosis deformans* oder DISH (*diffuse idiopathische skeletale Hyperostose*) als Ursache haben, werden seit Jahren röntgentechnisch beim Boxer im Alter von zwei Jahren untersucht. Diese Verknöcherungen werden nach der Wurster-Skala in Grad 0 (frei) bis Grad 4 („Bambuswirbelsäule“) eingeteilt. Auch dieser Phänotyp eignet sich sehr gut für einen Zuchtplan mit Zuchtwertschätzung. Nach der Ermittlung einer Erbllichkeit von h^2 von 0,38, also 38% und einem Mittel von 0,67 Grad Spondylose ergeben sich aktuell Zuchtwerte zwischen 80 und 140. Da der Grad der Spondylose mit dem Alter ansteigt, steigt auch der Mittelwert der Spondylosegrade mit dem Alter auf deutlich über eins. Demzufolge ist der Spondylosegrad eines Hundes abhängig vom Zeitpunkt der Aufnahme. Um diesen Zusammenhängen Rechnung zu tragen, werden die ermittelten Daten nicht nur nach Verwandtschaftsgrad gewichtet, sondern auch nach dem Alter des Hundes zum Zeitpunkt der Auswertung. Wird ein Hund erst mit fünf Jahren ausgewertet und erhält Spondylose Grad 1, dann wird sein Zuchtwert besser sein als der seines Vollgeschwisters mit Spondylose Grad 1, der mit zwei Jahren ausgewertet wurde.

Kryptochismus

Seit vielen Jahren bekämpft der Boxer-Klub mit zuchtleitenden Maßnahmen den Hodenhochstand in der Population. Im Moment geschieht dies durch eine obligatorische Zuchtwertschätzung, auch wenn sich dieses Merkmal trotz einer Erbllichkeit von h^2 von 0,4 nicht so gut für eine Zuchtwertschätzung eignet, da keine Normalverteilung vorliegt, das heißt, über 90% der gezüchteten Rüden haben beide Hoden im Hodensack. Es gibt keinen graduellen Unterschied in diesem phänotypischen Merkmal, sondern nur drei Zustände, die mit einem Zahlenwert zur Berechnung belegt werden. Der Mittelwert beläuft sich aktuell auf 1,49.

Phänotyp	Zahlenwert
Ohne Hodenfehler	1
Verspäteter Hodenabstieg	3
Hodenfehler	5

Dennoch ist auch hier ein Zuchtfortschritt zu sehen, denn vor 10 Jahren belief sich der Mittelwert auf 1,64. Der Zuchtfortschritt gibt also an, wie überlegen der jetzige Elternjahrgang gegenüber dem/den letzten Geburtsjahrgängen ist.

Der Zuchtwert für die Individuen liegt derzeit zwischen 79 und 166. Einfluss nimmt hier sowohl der Geburtsmonat als auch die Welpenanzahl im Wurf. Hodenfehler sind im Sommer bei großen Würfen seltener. Der genetische Trend zeigt, dass 2023 im Mittel bei etwa einem Zuchtwert von 94 gezüchtet wurde. Aufgrund der genannten Einschränkungen führt die Zuchtwertschätzung bei diesem Merkmal eher zu einer Markierung betroffener Familien, da sich zum Beispiel Rüden mit einem Zuchtwert von 95 kaum verbessern können, da ihre Vererbungserwartung eigentlich nur bestätigt werden kann.

„Der Erhalt der genetischen Varianz ist eines der wichtigsten Ziele der modernen Hundezucht [...]. Fatalerweise führen gerade züchterische Entscheidungen, die im Interesse der Gesundheit der Nachkommen liegen, zu einer Verschärfung der Situation der genetischen Vielfalt [...]. Es entspricht also nahezu der Quadratur des Kreises die Forderung nach Erhalt der genetischen Vielfalt mit den ebenfalls vielfältigen Selektionszielen unter einen Hut zu bringen [...].“

Irene Sommerfeld-Stur
Populationsgenetikerin

Konsequenzen

Dieses relativ drastische Zitat bringt das Dilemma auf den Punkt. Vereinfacht gesagt, kann die eierlegende Wollmilchsau nicht gezüchtet werden. Innerhalb einer Zucht müssen immer Konzessionen gemacht werden und das Fokussieren auf einige wenige Punkte, gerade im Bereich Gesundheit birgt die Gefahr des weiteren Allelenverlustes. Dies liegt darin begründet, dass immer nur Partner mit ausgewählten optimalen Gesundheitsergebnissen miteinander verpaart werden, ungeachtet anderer Problematiken, vielleicht sogar gesundheitlicher Art, die (im Moment) nicht im Fokus stehen.

Die Einführung von Zuchtwerten ist in einem ersten Schritt sicherlich hilfreich, wenn ein vererbbares Merkmal ein Problem in einer Rasse verursacht, so wie es sich mit der Hüftdysplasie beim Boxer darstellte. Seit fast 25 Jahren wird nun ein Zuchtplan mittels Zuchtwert und daraus ergebender strategischer Paarung durchgeführt. Die Anzahl der mit A und somit HD-frei ausgewerteten Hunde ist daraufhin deutlich angestiegen, Hunde mit schwerer Hüftdysplasie werden immer seltener. Seit Jahren aber gibt es keine wirkliche Verbesserung der Nachzuchten, was bedeutet, dass die Ausprägung dieses Merkmals optimiert ist und sich zwangsläufig wieder eine gaußsche Verteilung (Glockenkurve) für dieses Merkmal in der Population eingestellt hat. Wollte man nun dieses Merkmal weiter verbessern, dann dürfte man nur noch Paarungen erlauben, deren Mittelwert der Zuchtwerte der Elterntiere bei zum Beispiel 95 statt wie aktuell 100 liegt. Damit würde man aber zwangsläufig die Zuchtbasis weiter beschneiden, da viele Tiere dann keinen geeigneten Partner mehr finden und somit die Diversität leiden. Man könnte also die Freigabe des HD-Zuchtwertes als rein informativen Zuchtwert zur Diskussion stellen, zumal im Moment eine Verbesserung der Rasse im Bezug auf das Vorkommen von Spondylose angestrebt wird. Zur Spondylose wurde ein informativer Zuchtwert eingeführt, der dann im Gegenzug verpflichtend werden könnte.

Auffallend ist, dass in den letzten Jahren scheinbar vermehrt Boxer mit Epilepsie, SRMA (*Steroid responsive Meningitis-Arteriitis*) und JRD (*Juvenile Renale Dysplasia*) beobachtet wurden. Zumindest für SRMA wird der Boxer in der gängigen Lehrmeinung als vermehrt betroffen angeführt. Bei allen drei Erkrankungen gibt es wohl eine genetische Komponente, also eine vererbte Disposition zu erkranken, was alle drei Erkrankungen zu möglichen Kandidaten für eine Zuchtwertschätzung macht. Ein für JRD beworbener Gentest hat sich leider als nicht zuverlässig herausgestellt, da auch hier mehrere Genorte an der Entstehung der Erkrankung beteiligt zu sein scheinen.

Im Zuge des neuen Tierschutzgesetzes ist die Zucht mit Tieren zu vermeiden, bei deren Nachkommen Leiden oder Schaden entstehen kann (§11b). Eine Zuchtwertschätzung über die genannten Erkrankungen könnte die relative Häufigkeit in der Boxerpopulation senken. Mit Blick auf dieses Gesetz

könnte man auch versuchen, mittels einer Zuchtwertschätzung die Anzahl an Hasenscharten und Gaumenspalten (kranofaziale Fehlbildungen) zu verringern, da es auch hier einen erblichen Faktor zu geben scheint.

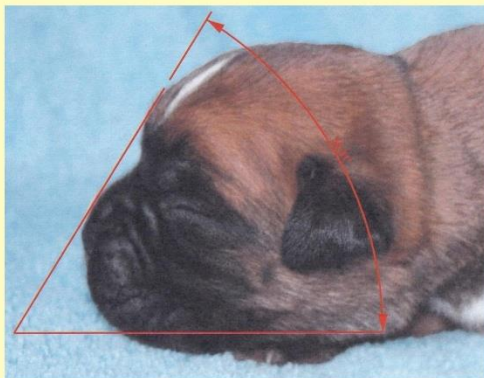
Theoretisch ist also für jedes Merkmal, das eine entsprechend hohe Erblichkeit hat, eine Zuchtwertschätzung möglich. In der Turnierpferdezucht zum Beispiel werden die Ergebnisse aus Leistungsprüfungen einer Zuchtwertschätzung unterzogen, sowohl im Bezug auf Leistungen in der Dressur als auch im Springen.

(<https://www.pferd-aktuell.de/pferdezucht/hengste/zuchtwertschaetzungen>)

Somit wäre es also möglich, unsere in den entsprechenden Prüfungen erhobenen Daten ebenfalls in einen (oder mehrere) Zuchtwerte umzusetzen. ´

Bei der Französischen Bulldogge z.B. wird für die Merkmale Kaiserschnitt, Patellaluxation, Typ, Rutenansatz, Hinterhandwinkelung und Wesen eine Zuchtwertschätzung durchgeführt (Beuing, Zuchtwertschätzung in der Hundezucht), es wäre also auch möglich, erwünschte Verhaltensmerkmale unserer Boxer mittels Zuchtwertschätzung zu selektieren.

Beim letzten Vortrag von Prof. em. Bostedt wies dieser auf die Bedeutung des Gesichtswinkels der Welpen auf den Geburtsverlauf hin.



Messung des Gesichtswinkels: Boxerwelpen hatten einen durchschnittlichen Gesichtswinkel von $59,3^\circ$, Welpen von langschädliche Rassen (DSH, Labrador etc.) wiesen einen Gesichtswinkel von $36,8^\circ$ auf.
Messung der mütterlichen Beckenmaße: kein Hinweis auf eine Abnormität.

Abbildung 12 Gesichtswinkel Boxer – dolichocephale Rassen

Je kleiner der Gesichtswinkel der Welpen ist, desto besser kann der Kopf in den Geburtskanal eindringen und, beim ersten Welpen, den Muttermund eröffnen. Falls der Gesichtswinkel des erwachsenen Hundes in Relation zum Gesichtswinkels der Welpen steht, könnte auch dies ein selektierbares Merkmal sein, was auch gleichbedeutend mit einer Selektion auf einen standartgerechtere Länge des Nasenrückens wäre. Dieses Merkmal könnte, wenn, wie wahrscheinlich, eine genügende Erblichkeit vorliegt, mit einem Zuchtwert selektiert werden. Die Länge des Nasenrückens könnte auch mit Hilfe entsprechender einstellbarer Schablonen, wie zum Beispiel beim Rottweiler, ermittelt und gegebenenfalls mit einem Zuchtwert belegt werden, die Messung scheint aber nicht ohne Tücken (Bedenkliche Phänotypmerkmale beim Rottweiler, Prof. Dr. Peter Friedrich).

Da auch manche Krebserkrankungen eine erbliche Komponente haben, könnte auch ein Zuchtwert für Melanome oder Milztumore bestimmt werden. Ebenso könnte man mittels Zuchtwertschätzung Magendrehungen beurteilen.

Die Einführung weiterer (informativer) Zuchtwerte hätte auch den Vorteil, das sicherlich kein Tier in allen Zuchtwerten unter dem Rassemittel läge, was die Bereitschaft der Züchter fördern würde, auch Tiere mit einem hohen Zuchtwert in einem Punkt weiterhin in der Zucht zu belassen.

Abschließende Betrachtungen

Wie bereits ausgeführt, wird das Erscheinungsbild einer Rasse immer einheitlicher, je geringer die Allelenvarianz ist, also je höher die Homozygotie. Andererseits erhöht die Heterozygotie die Gesundheit der Rasse. Dies führt uns wieder zum Zitat von Irene Sommerfeld-Stur, moderne Hundezucht gleicht der Quadratur des Kreises, es muss gelingen, das absolute Maximum einer Funktion mit den zwei Variablen einheitlicher Phänotyp und Fitness der Rasse, beides determiniert durch die genetische Diversität einer Rasse, zu finden. Einfacher gesprochen, maximal einheitliches Aussehen bei gleichzeitig bestmöglichen Gesundheitswerten, soviel Homozygotie wie nötig für den Phänotyp, soviel Heterozygotie wie nötig für Fitness.

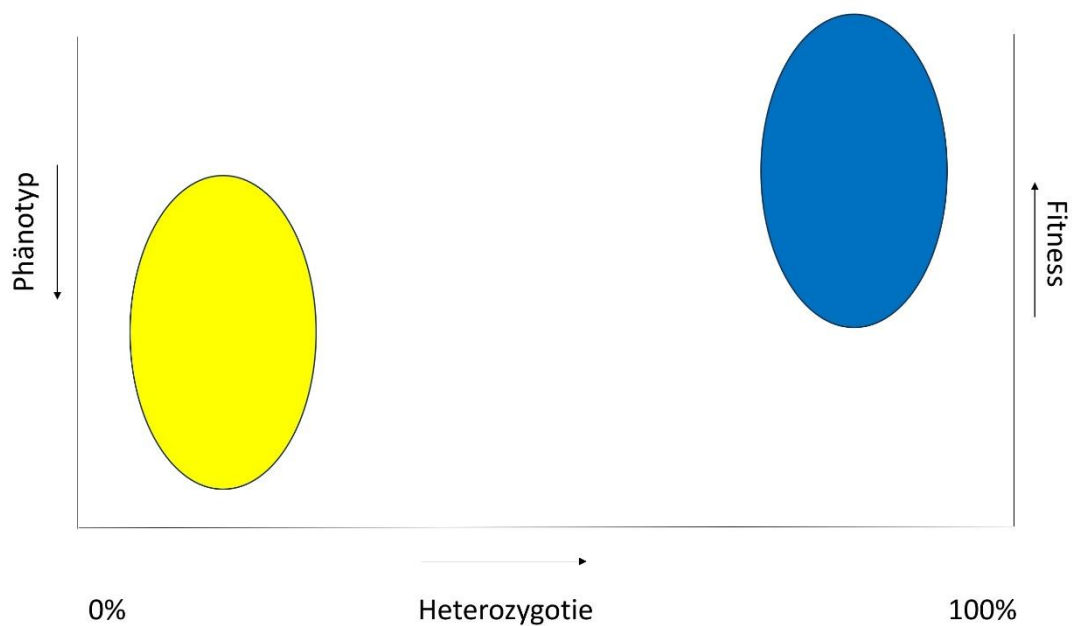


Abbildung 13 Extreme Population mit maximaler Fitness und minimalem standardnahen Formwert

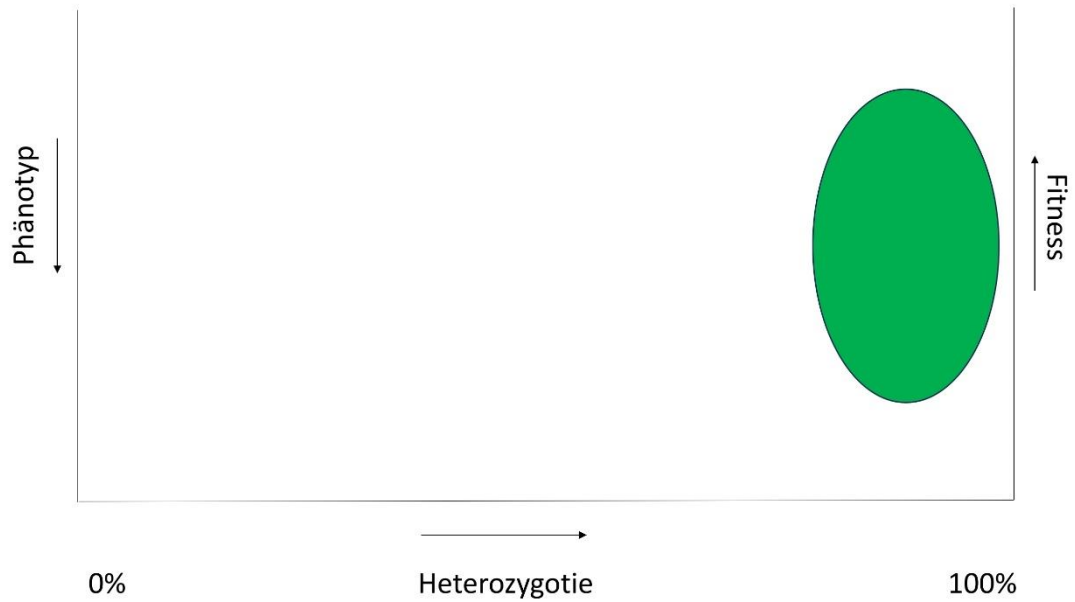


Abbildung 14 Idealisiertes Zuchtziel, eine Population (grün) mit relativ einheitlichem Aussehen und Fitness, alle Jahressieger mit Herz 0, HD A, Spondylose 0, keine Allergien, keine Krebsleiden, etc.

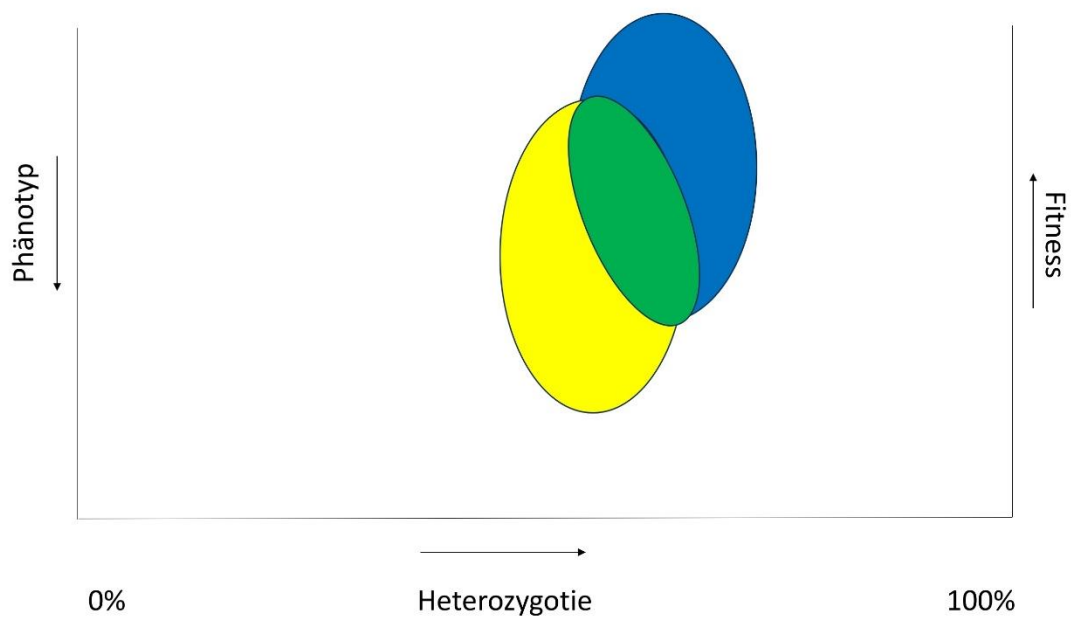


Abbildung 15 Realistisches Zuchtziel, die Schnittmenge (grün), eine Population mit relativ einheitlichem Aussehen und Fitness

Nach Erreichen dieses Zuchtziels wird sich wieder die gaußsche Normalverteilung innerhalb der Rasse ausbilden. Dies lässt sich auch noch so ambitionierte Selektion nicht verhindern. Ziel muss es aber sein, den „grünen“ Bereich zu maximieren, das bedeutet, möglichst viele Hunde in der Population zu haben, die sich in dieser Schnittmenge befinden.

Zusammenfassung

Grundsätzlich ist die Zuchtwertschätzung ein probates Mittel der Zuchtlenkung, da sie die Wahrscheinlichkeit aufzeigt, wie sich ein phänotypisches Merkmal in den Nachkommen wiederfinden wird. Dabei berücksichtigt die Zuchtwertschätzung nicht nur die Eigenleistung der Elterntiere, sondern kann über die Vorfahren diese Wahrscheinlichkeit genauer bestimmen oder, wie im Fall des Kryptochismus, sogar Tieren ohne Eigenleistung (Hündinnen) eine Wahrscheinlichkeit zuweisen. Außerdem ermöglicht die Zuchtwertschätzung die Trennung des Einflusses der Gene vom Einfluss der Umwelt auf dieses phänotypische Merkmal. Auch Wesensmerkmale lassen sich über eine Zuchtwertschätzung abschätzen, so finden sich etwa bei Turnierpferden die Prüfungsleistungen in Zuchtwerten wieder, man könnte also sagen, wie wahrscheinlich ein Hund seine Gebrauchshundeeigenschaften, sprich seine Prüfungen, vererbt, liese sich zuchtwerttechnisch abbilden.

Ein unschätzbarer Vorteil der Zuchtwertschätzung ist die Möglichkeit, auch einen Hund mit einem hohen Zuchtwert in einem der beobachteten Merkmale in der Zucht zu belassen, indem man ihn mit einem entsprechend im Zuchtwert niedrig liegenden Hund anpaart. Dadurch kann die Zuchtbasis breiter aufgestellt werden, was der Diversität innerhalb der Rasse zu Gute kommt.

Die Vorteile der Zuchtwertschätzung vor Augen gibt es mittlerweile viele Rassehundezuchtvereine, die zum Teil über zehn verschiedene, informative Zuchtwerte berechnen lassen, so dass dem Züchter die Möglichkeit geboten wird, je nach Vorzügen und Mängeln seines Zuchthundes einen passenden Partner zu wählen. Die Zuchtwertschätzung ist umso besser, je höher die Erblichkeit des entsprechenden Merkmals ist und je feiner die Abstufungen innerhalb des Merkmals aufgelistet werden können, wie etwa bei der Hüftdysplasie mit der Einteilung A1 bis E. Auch ist es nicht zwingend notwendig, von allen Tieren Informationen einzuholen, um eine gute Berechnungsgrundlage zu haben. Die ermittelten Daten sollte aber verlässlich sein und nicht geschönt.

Um den Vorgaben des Tierschutzgesetzes Rechnung zu tragen, die Zucht mit Tieren verbietet, bei deren Nachkommen Leiden nicht ausgeschlossen werden kann, sollte die Selektion der Zuchttiere auch mehr Augenmerk auf Gaumenspalten/Hasenscharten sowie fehlende Analöffnungen, SRMA, Allergien, JRD und Ventilnasen haben. Dies wäre über Zuchtwerte möglich und würde der Qualzuchtdiskussion begegnen.

Um die Diversität innerhalb der Rasse zu erhalten, eine Erhöhung wäre eben nur durch Einkreuzung von anderen Rassen möglich, wäre zumindest ein genetischer Fingerabdruck aller in die Zucht gehender Hunde sinnvoll und eventuell dann eine Ermittlung des genetischen Inzuchtkoeffizienten.

Referenzen und Links

Bannasch, D., Famula, T., Donner, J. et al. The effect of inbreeding, body size and morphology on health in dog breeds. Canine Genet Epidemiol 8, 12 (2021). <https://doi.org/10.1186/s40575-021-00111-4>

Maimer, Eva Populationsgenetische Analysen zur Hüftgelenksdysplasie beim Rottweiler (2003). <http://dx.doi.org/10.22029/jlupub-12068>

<https://www.wachtelhund.de/content/lesecke/zuchtwertschaetzung-in-der-hundezucht-reiner-beuing.pdf>

und <https://docplayer.org/11478967-Zuchtwertschaetzung-in-der-hundezucht.html>

<https://www.instituteofcaninebiology.org/boxer1.html>

<http://boxer-genetics.com/dla-gene-in-der-boxerpopulation/>

<https://shop.feragen.at/produkt/dla-haplotypenbestimmung-beim-hund/>

<https://www.pferd-aktuell.de/pferdezucht/hengste/zuchtwertschaetzungen>

<https://docplayer.org/49892914-Zuchtwertschaetzung-im-boxer-klub.html>

<https://docplayer.org/34039481-Faqs-zur-zuchtwertschaetzung.html>

<https://docplayer.org/48004772-Strategien-zur-zuechterischen-gestaltung-von-hunderassen-mit-geringer-populationsgroesse.html>

<https://docplayer.org/44021325-Genomische-selektion-in-der-hundezucht-am-beispiel-der-hueftgelenkdysplasie.html>

<https://www.tg-tierzucht.de/hzucht/text/pruefungsmodul/animalbase.html>

BEDENKLICHE PHÄNOTYPMERKMALE BEIM ROTTWEILER von Prof. Dr. Peter Friedrich Präsident des Verbandes für das Deutsche Hundewesens (VDH) Mitglied der Standardkommission der Fédération Cynologique Internationale (FCI):

https://adrk.de/attachments/article/1618/Friedrich_Peter_2018_Bedenkliche_Phaenotypmerkmale_beim_Rottweiler.pdf

Unser Hund ein Boxer. Ein Buch für alle Boxerliebhaber. Grosse, Joachim und Holzhausen, Peter Verlag: Boxer-Klub, München. 1985.

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1 Allelendrift durch Selektion von Rassen innerhalb der biologischen Art Hund	3
Abbildung 2 Selektionsdifferenz (S) und Selektionserfolg (R); $h^2=R/S$	4
Abbildung 3 Schematische Darstellung des Geneffekts	6
Abbildung 4 Merkmalsausprägung mit Schwellenwert.....	9
Abbildung 5 hypothetischer Stammbaum.....	11
Abbildung 6 : Inzuchtkoeffizient(F_{ST}) ausgewählter Hunderassen.....	15
Abbildung 7 Heterozygotie von ausgewählten Hunderassen.....	15
Abbildung 8 Varianz in den Allelen bei ausgewählten Hunderassen	16
Abbildung 9 Zuchtlinien des Deutschen Boxers mit dem genetischen Flaschenhals Lustig vom Dom [Unser Hund, ein Boxer]	19
Abbildung 10 : Möglichkeit einer Anpaarung um die Häufigkeit weitere DLA-Haplotypen in der Boxerpopulation zu fördern.....	23
Abbildung 11 Zuchtwerte von Witherford Hot Chestnut	25
Abbildung 12 Gesichtswinkel Boxer – dolichocephale Rassen	31
Abbildung 13 Extreme Population mit maximaler Fitness und minimalem standardnahen Formwert	33
Abbildung 14 Idealisiertes Zuchtziel, eine Population (grün) mit relativ einheitlichem Aussehen und Fitness, alle Jahressieger mit Herz 0, HD A, Spondylose 0, keine Allergien, keine Krebsleiden, etc.	34
Abbildung 15 Realistisches Zuchtziel, die Schnittmenge (grün), eine Population mit relativ einheitlichem Aussehen und Fitness.....	34