

## Weissfaktor in der Collezucht

Die Haut, das Haar, die Nägel und die Iris des Auges können bei Säugetieren unterschiedlich gefärbt sein. Die Färbung basiert auf der Einlagerung von Farbpigmenten. Damit Farbe ausgebildet werden kann, müssen

- Farbpigmente gebildet werden.
- Die Pigmente richtig in die Gewebe eingelagert werden.

Werden keine Farbpigmente in die Gewebestruktur eingelagert, erscheinen Haare und Nägel weiss, die Haut rosa und die Augen rot oder blau.

Farbpigmente : Grundsätzlich können von Säugern zwei Typen Farbpigmente gebildet werden.

- a) Schwarzes Pigment (Eumelanin): Wird durch eine Mutation (Genstelle) zu Braun verändert. Vererbungsmodus: Einfach rezessiv.
- b) Gelbes Pigment (Phäomelanin): Wird durch verschiedene Genstellen (Modifikatorgene) zu ganz unterschiedlichen Farbtönen zwischen Weizengelb und Fuchs- bis Weinrot verändert. Vererbungsmodus: Multifaktoriell.

Alle Farben werden durch die unterschiedliche Kombination dieser beiden Pigmente gebildet.

### Weissfärbung und Weisscheckung

Die Farbbildung geschieht in spezialisierten Zellen, die sich beim Embryo aus der gleichen Zellschicht entwickeln aus der auch die Nervenzellen stammen. Die Farbzellen (Melanozyten) wachsen in einem frühen Entwicklungsstadium in die Hautschicht und bilden später je nach Bedarf Farbpigmente oder unterdrücken die Pigmentbildung. Damit die Haare farbig werden, müssen die Pigmente von den Farbzellen an die haarbildenden Zellen „übergeben“ und von diesen in das wachsende Haar eingelagert werden. Haare werden weiss, wenn während des Haarwachstums keine Farbpigmente in die Haare eingelagert werden. Die Steuerung geschieht durch Hormone, die je nach Umwelteinflüssen vom Gehirn ausgeschüttet werden. Viele Tiere tragen deshalb im Winter eine hellere Fellfarbe als im Sommer oder sind total weiss. Permanent weisses Fell, ob ganz weiss oder Weisscheckung, ist jedoch eine typische Domestikationserscheinung.

Aufgrund der Tatsache, dass an der Farbausprägung verschiedene Zellen beteiligt sind, verwundert es nicht, dass es viele durch Mutationen verursachte Störungen im Farbbildungsprozess gibt. Für die Weisscheckung, also den teilweisen totalen Pigmentverlust im Haar, gibt es deshalb unterschiedliche funktionale Ursachen, die je nach Rasse auftreten können:

- Es sind keine Farbzellen in der Nähe der Haarwurzel in der Haut vorhanden. Dies ist eine Entwicklungsstörung im frühen Embryonalstadium. Die Farbzellen wandern nicht gleichmässig in alle Regionen der Hautschicht ein. In diesem Fall ist auch die Haut unter dem weissen Fell nicht pigmentiert, bleibt rosa.
- Die Farbzellen können keine Farbpigmente oder diese nicht vollständig richtig ausbilden. Diese Störung tritt dann auf, wenn die Signalstoffe nicht richtig aufgenommen werden können oder wenn die Stoffwechselvorgänge in der Zelle gestört sind. Auch in diesem Fall bleibt die Haut hell.
- Die Farbpigmente können zwar gebildet werden, aber die Pigmente können nicht in das Haar eingelagert werden. In diesem Fall ist das die Haut unter dem weissen Fell meist dunkel.

Insbesondere beim Hund ist die Weisscheckung sehr variabel. Die Weissfärbung beginnt an den Gliedmassenspitzen und an der Brust und schreitet fort über Bauch und Hals (Kragenbildung). Mit zunehmender Scheckung zerfallen die Farbplatten auf Rücken und Kopf in einzelne Farbfl-

cken und -tupfen, die sehr unregelmässig über den ganzen Körper verteilt bleiben können. Klassischerweise wird die fortschreitende Weissfärbung in 10 Stufen eingeteilt (0 = vollfarben, 10 = voll weiss), die in 4 Gruppen zusammengefasst werden. Diesen Gruppen werden nach Mendelscher Vererbungslehre Allele zugordnet, wobei die Vollfärbung dominant über die Scheckungsallele ist. Die Scheckungsallele sollen sich untereinander „intermediär“ oder „unvollständig dominant“ verhalten.

Gleiche Färbungsmuster müssen bei den verschiedenen Rassen nicht die gleiche genetische Ursache haben. Andererseits ergibt die selbe genetische Konstellation bei Hunden einer Rasse selten das exakt gleiche Scheckungsbild. Zwischen den verschiedenen Scheckungsstufen gibt es keine klare Abgrenzung wie bei vielen anderen Farbmustern..

Die Zuordnung der Scheckungsgrade zu den Allel-Stufen ist rein empirisch und nur in Ausnahmefällen mit hoher statistischer Sicherheit in Zuchtexperimenten bewiesen, deshalb mit einer gewissen Unsicherheiten behaftet. Darauf deuten die in vielen Büchern verwendeten relativierenden Ausdrücke wie „unvollständig dominant“ hin, um die Wirkung der verschiedenen Allele zu beschreiben.

Bezeichnung	Symbol	Scheckungsgrad	Bemerkung
Vollfarben (engl.: self)	S	0	Andere Farbgene
Plattenscheckung (irish)	s <sup>i</sup>	1-4	
Tigerscheckung (piebald)	s <sup>p</sup>	5-7	
Weisscheckung (extreme-white)	s <sup>w</sup>	8-10	Selten vollständig weiss
Dominant Weiss (all-white)	-		Kann durch andere Genstellen bedingt sein

Die vielen Variationen und Zwischenstufen der Weisscheckung, die selbst innerhalb einer Rasse beobachtet werden können, werden mit den möglichen Kombinationen der drei Allele erklärt (s<sup>i</sup>s<sup>i</sup>, s<sup>i</sup>s<sup>p</sup>, s<sup>i</sup>s<sup>w</sup>, s<sup>p</sup>s<sup>p</sup>, s<sup>p</sup>s<sup>w</sup>, s<sup>w</sup>s<sup>w</sup>). Die Tatsache jedoch, dass selbst genetisch „identische“ Tiere (z.B. eineiige Zwillinge oder Klone) nie exakt die gleichen Scheckungsausdehnungen aufweisen zeigt, dass bei der Ausbildung der Farbverteilung weitere Einflussfaktoren mitspielen (polygenetische Vererbung). Diese Beeinflussung einer Genstelle durch andere Genstellen wird allgemein als „epistatische“ Genwirkung bezeichnet und wird sehr häufig beobachtet.

Das extreme „Weisscheckung“-Allel s<sup>w</sup> wird häufig als „Weissfaktor“ bezeichnet, um es von den „normalen“ Scheckungsfaktoren s<sup>i</sup> oder s<sup>p</sup> abzugrenzen. In Rassen, bei denen eine mittelgradige Ausdehnung der Weissfärbung mit durchgehend weissem Kragen auftritt oder sogar bevorzugt wird, ist es wahrscheinlich, dass die „ideale“ Färbung eine Kombination des Plattenscheckungs-Allels s<sup>i</sup> mit Tigerscheckung s<sup>p</sup> oder Weisscheckung s<sup>w</sup> darstellt. In einer solchen Situation die überwiegend weiss gefärbten Tiere von der Zucht auszuschliessen lässt sich genetisch nicht begründen. Von stark weiss gefärbten Tiere ergeben sich bei Verpaarung mit dunkler gefärbten Tieren immer wieder die gewünschten Farben. Nur wenn die weissen Tiere untereinander verpaart werden, fallen überwiegend bis ausschliesslich „weisse“ Nachkommen an. Werden die weissen Tiere hingegen von der Zucht ausgeschlossen, wird die ohnehin in der Rassenzucht schon extrem enge genetische Basis noch mehr eingeeengt. Dies führt unausweichlich in einen „genetischen Flaschenhals“ mit schwerwiegenden Folgen. Die resultierende Inzuchtdepression zeigt sich vor allem an der Tendenz der Tiere, immer kleiner zu werden sowie an zunehmenden Fruchtbarkeitsstörungen. Die Würfe werden stetig kleiner und die Anzahl er-

folgloser Verpaarungen steigt. Ausserdem zeigen v.a. die Rüden immer weniger Paarungsbereitschaft.

Das Erreichen des „genetische Flaschenhals“ lässt sich durch die Zuchtzulassung aller in der Rasse vorkommenden Farbvarianten hinauszögern und abschwächen. Steckt eine Rasse bereits im Flaschenhals, lässt er sich nur noch durch kontrolliertes Einkreuzung von rassefremden Tieren aufbrechen, da die Inzucht bei Anpaarung nicht verwandter Tiere mit einem Schlag verschwindet. Diese „Sanierungsmassnahme“ kann ohne Verlust der Rasseeigenschaften erfolgen.

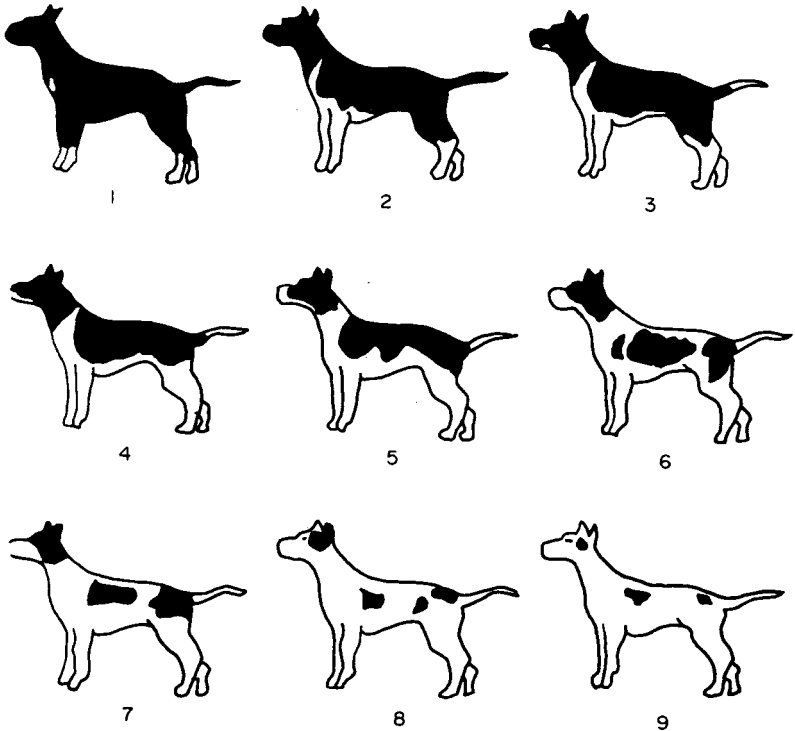
### Aufhellungsgene

Verschiedene Genstellen können aufgehellte Farben verursachen und wirken meistens auf beide Farbpigmentgruppen (Eu- und Phäomelanin). Die Aufhellungsfaktoren können je nach Tierart und beim Hund sogar je Rasse in unterschiedlichem Ausmass mit Störungen der Sinnesorgane (Augen und Gehör) verbunden sein. Wichtige, voneinander unabhängige Aufhellungsfaktoren sind:

- Dilutionsgen: Bewirkt eine gleichmässig über den Körper verteilte Aufhellung der Grundfarben: Schwarz → Blau; Braun → Flieder; Gelb/Rot → Creme/Aprikot.  
Ursache: Störung der Pigmenteilagerung („Klumpenbildung“).  
Vererbungsmodus: Einfach rezessiv. Keine weiteren Auswirkungen auf Organbildung.
- Albinogen: Verursacht über mehrere Stufen (Allele), eine Aufhellung der Rumpfbehhaarung, während die Extremitäten dunkler bleiben, bis zum totalen Ausfall der Farbpigmentbildung (rotäugige Albino). Auf dieser Genstelle ist bei Hunden nur das Chinchilla-Allel von Bedeutung, das zum Ausfall des Phäomelanins führt, Eumelanin jedoch nicht beeinträchtigt  
Ursache: Störung der Pigmentbildung in der Zelle.  
Vererbungsmodus: die verschiedenen Allele sind gegenüber dem „Normalallel“ (volle Farbausprägung) rezessiv, untereinander teilweise intermediär. In der Regel keine Auswirkungen auf Organbildung. Vollalbinos zeigen reduzierte Widerstandskraft der Haut und gelegentlich der Immunabwehr.
- Merlegen: Erzeugt eine fleckenweise Aufhellung der Grundfarben. Die Flecken sind in unterschiedlich starkem Masse ausgeprägt und zufällig über den Körper verteilt. Die Aufhellung wird durch unvollständige Pigmentbildung verursacht und wirkt sich auch auf die Haut oder die Iris aus.  
Ursache: Störung der Pigmentbildung  
Vererbungsmodus: dominant, d.h. Hunde mit Merlefärbung sind heterozygot veranlagt. Homozygote Merle-Veranlagung führt häufig zu schweren Störungen der Augen und Ohren (unabhängig von der Augenfarbe!).
- Nicht in die Scheckungsreihe (S) gehört die dominante Weissfärbung, die vom Albinogen unabhängig auftreten kann, aber beim Hund nicht nachgewiesen ist.

Die Vererbung der Pigmenteinlagerung in Haut, Fell (Haar) und Augen und der Pigmentbildung ist unabhängig voneinander, d.h. sie basiert auf verschiedenen Genstellen. Ein Hund mit weissem Fell kann dunkle Haut und Augen haben, wenn die weisse Farbe auf einer „Störung“ der Pigmenteinlagerung ins Haar beruht. Umgekehrt kann ein dunkler Hund helle Augen haben, wenn die Einlagerung der Farbpigmente in der Iris nicht möglich ist. Ist jedoch die Pigmentbildung an sich gestört, kann an keiner Körperstelle eine dunkle Farbe ausgebildet werden. Dies ist bei den Albinos der Fall.

Scheckungsstufen



Robinson , Pergamon Press, 1982

## Weitergabe von Erbmaterial und Fremdpaarungen

Wachstum erfolgt durch Zellteilung, wobei jedes Mal vor der Teilung die Chromosomen kopiert, d.h. verdoppelt, und jeder Tochterzelle ein voller Satz Chromosomen mitgegeben wird. So bewahrt der sich entwickelnde Organismus die gesamte Erbsubstanz aus der befruchteten Eizelle in jeder Körperzelle. Da die Träger der Erbsubstanz, die Chromosomen, paarweise vorliegen, spricht man vom doppelten Chromosomensatz in jeder Zelle.

Nur die Geschlechtszellen erhalten bei Tieren und Pflanzen von jedem Chromosomenpaar lediglich je ein Chromosom. Geschlechtszellen beim Hund enthalten deshalb 39 Chromosomen (= "den einfachen Chromosomensatz"), nicht 78 Chromosomen. Paart sich ein Tier, wird bei der Befruchtung eine seiner Geschlechtszellen mit der Geschlechtszelle des Paarungspartners vereinigt und so die nächste Generation gezeugt. Die einander entsprechenden Chromosomen finden sich in der befruchteten Eizelle zusammen und bilden so wieder die 39 Paare des Chromosomensatzes. Bei jedem Chromosomenpaar stammt somit immer ein Chromosom vom Vater „V“ und eines von der Mutter „M“. Die Eltern werden symbolisch oft auch mit P (Parentalgeneration) bezeichnet. Die Nachkommen der ersten Generation entsprechend mit F1 (Filialgeneration 1), die Enkelgeneration mit F2 bezeichnet.

Symbolische Darstellung:

Chromosomen:	A, B, C, D, E, ....				
Parentalgeneration Körperzellen					
Vater (P <sub>V</sub> ):	A <sub>V</sub> A <sub>V</sub>	B <sub>V</sub> B <sub>V</sub>	C <sub>V</sub> C <sub>V</sub>	D <sub>V</sub> D <sub>V</sub>	E <sub>V</sub> E <sub>V</sub>
Mutter (P <sub>M</sub> ):	A <sub>M</sub> A <sub>M</sub>	B <sub>M</sub> B <sub>M</sub>	C <sub>M</sub> C <sub>M</sub>	D <sub>M</sub> D <sub>M</sub>	E <sub>M</sub> E <sub>M</sub>
Filialgeneration F1					
Chromosomenpaare:	A <sub>V</sub> A <sub>M</sub>	B <sub>V</sub> B <sub>M</sub>	C <sub>V</sub> C <sub>M</sub>	D <sub>V</sub> D <sub>M</sub>	E <sub>V</sub> E <sub>M</sub>
Bildung der Geschlechtszellen von F1:					
Beispiel 1	A <sub>V</sub>	B <sub>V</sub>	C <sub>M</sub>	D <sub>V</sub>	E <sub>V</sub>
Beispiel 2	A <sub>V</sub>	B <sub>V</sub>	C <sub>V</sub>	D <sub>M</sub>	E <sub>M</sub>
Beispiel 3	A <sub>M</sub>	B <sub>M</sub>	C <sub>M</sub>	D <sub>M</sub>	E <sub>V</sub>

Jede Geschlechtszelle im F1-Tier bekommt wiederum von jedem Paar nur je 1 Chromosom mit, wobei die Herkunft von Vater- oder Mutterseite der P-Generaation rein zufällig bestimmt ist. Aus jeder dieser Kombinationen entwickelt sich nach der Befruchtung der Nachkomme der nächsten Generation (Filialgeneration 2 oder F2), d.h. des Enkels der „P-Generaation“, der Stammtiere. Das Spiel beginnt für jede Generation immer wieder von vorne.

### **Unabhängige Weitergabe der chromosomalen Einheiten**

Die Weitergabe an die Geschlechtszellen erfolgt für jedes Chromosomenpaar unabhängig von den andern Chromosomen. Mathematisch lässt sich ableiten, dass in einer F1 Geschlechtszelle dadurch  $2^{39}$ , d.h. über 50 Milliarden, unterschiedliche Kombinationen der 39 Chromosomen aus der P-Generaation („X<sub>V</sub>“ oder „X<sub>M</sub>“) möglich sind. Aber für jedes Chromosom eines bestimmten Paares (z.B. A<sub>V</sub> oder A<sub>M</sub>) ist die Wahrscheinlichkeit 50 %, dass eine Kopie in einer neu gebildeten Geschlechtszelle landet und da dies für jedes der 39 Chromosomenpaare gilt, ist insgesamt die erwartete Verteilung in der Geschlechtszelle 50 % Herkunft „V“ und 50 % Herkunft „M“. Eine bestimmte Geschlechtszelle kann aber auch eine sehr extreme Kombination enthalten (z.B. alle Chromosomen nur Herkunft „M“. Am häufigsten kann eine ungefähr gleichmässige Herkunftsverteilungen erwartet werden, sehr einseitige Verteilungen sind extrem selten.

## Genetische Verwandtschaft als Wahrscheinlichkeitsaussage

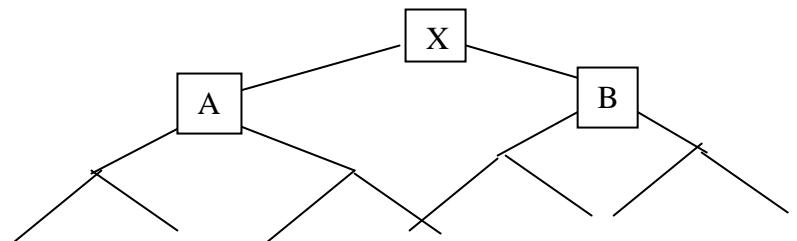
Weibliche Individuen bilden Millionen und männliche Individuen Milliarden Geschlechtszellen, von denen nur wenige zur Befruchtung gelangen. Ein bestimmter Nachkomme der F2-Generation hat deshalb einen rein zufälligen Anteil „V“ und „M“ Chromosomen von jeder Elternseite. Die Berechnung der genetischen Verwandtschaftsbeziehungen (25 % Genanteil von jedem Grosselternteil der Generation P) ist somit eine theoretische Erwartung, d.h. eine Wahrscheinlichkeit.

## Reinzucht und Genetischer Flaschenhals

Über Generationen fortgesetzte Zucht in kleinen, geschlossenen Populationen führt ausnahmslos zu einer generellen Inzuchtsteigerung. Die Folgen sind sinkende Lebenskraft in allen Individuen (Inzuchtdepression) und das Auftreten von genetisch bedingten Krankheiten. Der Grund für die unausweichliche Inzuchtzunahme ist aus der Entwicklung der Ahnenzahl in jeder Generation ableitbar, die mathematisch einer quadratischen Potenzreihe entspricht. Stellt man dagegen die mögliche Anzahl Zuchttiere in jeder Generation, je nach Rasse einige Dutzend bis hundert, wird ersichtlich, dass nach wenigen Generationen geschlossener Zucht zwingend alle Zuchttiere miteinander verwandt sein müssen. In der 10. Ahnengenerationen sind 1024 Ahnen zu zählen. Wenn vor 10 Generationen aber nur 200 Tiere zur Zucht eingesetzt worden sind können alle heute lebenden Zuchttiere mit reinem Stammbaum aber maximal diese 200 Tiere als Vorfahren haben. Es müssten sich die immer gleichen damaligen Zuchttiere in den Stammbäumen der jetzt lebenden Tiere wiederfinden. Dies fällt nur nicht auf, da die Stammtafeln meist maximal 5 bis 6 Generationen ausweisen.

Verpaarung von verwandten Tieren, egal wie weit oder eng verwandt, erzeugt Inzucht oder Heterozygotieverlust = Verlust der genetischen Variabilität.

Generation	Anzahl Ahnen
1	2
2	4
3	8
4	16
5	32
10	1024
15	32 768
20	1 048 576
30	1 073 741 824



Bewusst und kontrolliert eingesetzt, z.B. bei Linienzucht, ist Inzucht kein zuchthygienisches Problem. Linienzucht kann ebenfalls nur durch Verpaarung verwandter Tiere betrieben werden. Doch der Inzuchtgrad im Nachkommen sinkt doppelt so schnell wie der Verwandtschaftsgrad der Eltern, d.h. im Einzelfall erzeugen Ahnen, die weiter als 4 bis 5 Generationen zurückliegen, einen dermassen kleinen Inzuchtgrad, dass er vernachlässigt werden kann. Wird

in der nächsten Generation ein nicht verwandtes Tier angepaart, verschwindet die Inzucht wieder.

Anders ist dies bei der Zucht in kleinen Populationen. Auch bei sorgfältiger Auslese von möglichst nicht verwandten Zuchttieren steigt der Inzuchtgrad bei Reinzucht in jeder Generation, da alle reinstämmigen Zuchttiere „zwangsläufig“ miteinander verwandt sind. Verschärft wird diese Problematik noch durch die extreme Selektion v.a. der männlichen Zuchttiere, die in der Hundezucht üblich ist. Je weniger männliche Tiere züchten, desto schneller steigt die Inzucht. Bei 100 Zuchttieren beträgt die durchschnittliche Inzuchtsteigerung in jeder Generation etwa 1 % bei einem Verhältnis von 5 Hündinnen zu 1 Rüden; wird ein Rüde auf 50 Hündinnen eingesetzt, nimmt die Inzucht in jeder Generation um 6 % zu. Dieser Anstieg ist unausweichlich und führt die Population an den Punkt, wo die negativen Inzuchtfolgen sichtbar werden. Es treten immer mehr Krankheiten mit erblicher Komponente oder eindeutige Erbfehler auf und die Lebenskraft der Tiere sinkt generell (Inzuchtdepression). Dies äussert sich vor allem in immer kürzerer Lebenserwartung und zunehmenden Fertilitätsproblemen: immer mehr Paarungen bleiben erfolglos und die Würfe werden kleiner. Die Population befindet sich im genetischen Flaschenhals.

Um eine Rasse aus dieser Situation herauszuführen, helfen weder immer raffiniertere (und teurere) Therapien noch der Einsatz von Zuchtwertschätzung oder genetische Abstammungsnachweise. Um die Zucht erfolgreich weiter zu führen muss die Zuchtstrategie radikal geändert werden, der absolute Glaube an die Reinzucht und das Körungswesen muss aufgebrochen werden.

**1. Die Zuchtpopulation muss massiv vergrößert werden.** Es ist darauf zu achten, dass vor allem möglichst viele verschiedene männliche Tiere in jeder Generation eingesetzt werden. Der einfachste Weg ist das Aufbrechen künstlicher Selektionsbarrieren (künstliches Tiefhaltens der Zahl der Tiere mit Zuchtberechtigung) wie Zuchtausschluss wegen Fellfarbe, Felltyp, Grössenunterschiede sowie nationale oder sprachliche Rassebezeichnungen. Farbvarianten sind alle gleichberechtigt in der Zucht zuzulassen, wenn unterschiedliche Farben oder Schenkung resp. Stichelung in der Rasse auftreten. Durch die Erhöhung der Anzahl zuchtfähiger Tiere kann der Inzuchtanstieg zumindest verlangsamt werden.

Grundsatz: Ein Tier mit Rasseabstammung ist grundsätzlich zuchtberechtigt. Diese wird nur beim Auftreten von zuchtausschliessenden Fehlern aberkannt. Die Ausschlussgründe sind abschliessend im Rassestandard aufgelistet. Kann keiner dieser „Fehler“ nachgewiesen werden, muss das Tier angekört werden.

**2. Die Reinzucht muss aufgebrochen werden (offenes Zuchtprogramm).** Es ist ohne Probleme möglich, unter kontrollierten Bedingungen einzelne Tiere ohne Stammbaum, die in den wichtigen Merkmalen dem Rassetyp entsprechen, in die Zucht aufzunehmen. Sind die weiblichen Nachkommen wiederum rassetypisch, können sie ohne Einschränkungen in der Zucht eingesetzt werden. Bei den männlichen Zuchttieren werden in offenen Zuchtprogrammen normalerweise 3 Generationen rassereiner Abstammung gefordert, damit sie ohne Einschränkung in der Zucht eingesetzt werden können. Die männlichen Nachkommen der ersten und zweiten Generation dürfen nur kontrolliert und beschränkt eingesetzt werden. Für weibliche Tiere bestehen keine Einsatzbeschränkungen, wenn sie dem Rassetyp genügend entsprechen, weil sie viel weniger Nachkommen zeugen können als männliche Tiere. Es ist nicht erwünscht, dass ein nicht rein gezogener Tiere zu viele Nachkommen in einer Generation zeugt. Das selbe Vorgehen gilt es auch zu beachten, falls die Einkreuzung einer anderen Rasse in Betracht gezogen wird. Dies entspricht der Zucht mit offenem Stammbuch, die garantiert, dass die schleichende Einengung der genetischen Variabilität immer wieder aufgebrochen wird, ohne dass die Rasse ihre genetischen Eigenschaften verliert.

Ein offenes Stammbuch muss permanent offen bleiben, d.h. die Einkreuzung darf nicht nur einmal geschehen, wenn ein positiver Effekt auf die genetische Variabilität erhalten bleiben soll. Solange in jeder Generation nur einzelne fremdrassige Hunde zur Zucht eingesetzt werden bleibt die Rasse genetisch stabil, vor allem wenn nicht nur Einkreuzungen mit Hunden einer einzigen Fremdrasse zugelassen werden.

**3. Die extreme Aufsplitterung der Rassehundepopulation in viele sehr ähnlich Rassen muss rückgängig gemacht werden.** Insbesondere gilt dies für Rassenschläge die sich lediglich im Farbtyp oder der definierten Körpergrösse unterscheiden. Diese Rassen sollten in Grossrassen zusammengefasst werden, die unter sich verpaart werden können. Es bleibt der Züchterin oder dem Züchter überlassen, welchen Typus sie/er bevorzugt und in der Zucht einsetzen will. Selbst wenn sich nach einigen Generationen getrennter Zucht gewisse Merkmale als linientypisch gefestigt haben, sollten die Linien wieder verkreuzt werden. So kann die fatale Entwicklung des Heterozygotieverlustes zumindest verlangsamt werden.

### **Verwandtschaftsberechnung und „Blutanteil“ bei Fremdpaarung**

Die Einführung „fremder“ Zuchttiere in eine Rasse führt nur dann zu genetischen Veränderungen der Rasse, wenn dies in hohem Ausmass geschieht. Dies wird bei Veredlungskreuzungen oder in stärkerem Ausmass bei Verdrängungskreuzungen bewusst gemacht, um eine Rasse dem sich wandelnden Anspruch der Halter anzupassen. Wird ein einzelnes rassefremdes Tiere zur Zucht eingesetzt, wird der Genanteil in den Nachkommen in jeder Generation halbiert. Wie aus der folgenden Tabelle ersichtlich ist, besitzt nach 3 Generationen jeder Nachkomme noch 12,5 % „fremde“ Gene, nach 4 Generationen noch 6,25 %, falls der Ahne ein nicht reingezogenes Rassetier, also ein Bastard ist.

Verwandtschaft = Anteil des durch Abstammung identischen Erbmaterials (= 100% in jedem Individuum). Jeder ist mit sich selber 100% verwandt (gilt auch für eineiige Zwillingen).

Grundsätzliche Verwandtschaftsbeziehungen zum Nachkommen X:

Eltern 50 % (je 2)

Grosseltern 25% (je 4)

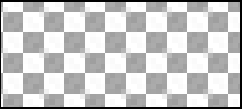
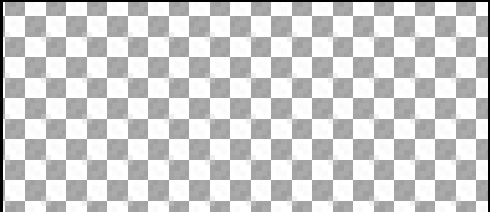
Urgrosseltern 12.5% (je 8)

Im Nachkommen X werden die Anteile der Abstammung „Bastard“ der verschiedenen Ahnengenerationen kumuliert.

Würden die Nachkommen nur noch untereinander verpaart, bliebe der Fremdblutanteil auch in den folgenden Generationen erhalten, auch wenn eingekreuzten Bastarde mit jeder Generation weiter in der Ahnenfolge nach hinten rutschen. Wenn jedoch die Nachkommen aus der Fremdpaarung wieder mit rassereinen Tieren verpaart werden, halbiert sich der Fremdeinfluss mit jeder Generation.



Beispiel Blutanteil „Bastard“

0	1	2	3	4
Genanteil	Eltern je 50 %	Grosseltern je 25 %	Urgrosseltern je 12.5 %	Ururgrosseltern je 6.25 %
6.25 %				<b>Bastard</b>
	Vater	Grossvater 25 %		
12.5 %		Grossmutter 25 %	<b>Bastard</b>	
	Mutter			
		Grossvater 25 %		
25 %		<b>Bastard</b> Grossmutter 25 %		

**Bedenken wir, dass ein Grossteil der Gene, weit über 99 %, „hundespezifisch“ und nicht „rassespezifisch“ sind, wird ersichtlich, dass keine Gefahr des Verlustes an Rasetypus besteht, solange die rassefremden Tiere in der Ahnenreihe nicht zu zahlreich auftreten.** Selbst wenn die Nachkommen der ersten Generation noch weit vom Idealtypus entfernt sein sollten, sind in der zweiten und dritten Nachkommengeneration meist keine offensichtlichen Abweichungen mehr auffällig. Einzelne Nachkommen mit unerwünschten, weil rasseuntypischen Merkmalen können in späteren Generationen jederzeit von der Weiterzucht ausgeschlossen werden.

Voraussetzung: Die Nachkommen des rassefremden Tieres dürfen während 3 Generationen nicht unter einander verpaart werden. Die Wahrscheinlichkeit wäre hoch, dass die Nachkommen dieser Verpaarungen relativ stark vom Rasetyp abweichen würden.

Verbunden mit sorgfältiger Zuchtwahl führt das Öffnen des Stammbuches und die Zulassung zur Zucht von rassefremden Tieren somit zur erwünschten Ausweitung der Heterogenität ohne Verlust des Rasetypes. Damit kann den negativen Folgen des genetische Flaschenhalses vorgebeugt werden.