

Warum eine DNA-basierte Paarungsbewertung wichtig ist

Für die Zucht im RZV wird laut Zuchtordnung festgelegt, dass der Inzuchtkoeffizient für eine Verpaarung bis in die 5. Generation nach Ahnentafel maximal 3% betragen darf. Das Ziel dieser Begrenzung ist der Erhalt genetischer Vielfalt und der Gesundheit der Rasse.

Der Ahnentafel-Inzuchtkoeffizient ist jedoch eine **statistische Erwartungsgröße**. Vollgeschwister haben immer denselben berechneten AT-IK, obwohl sie tatsächlich unterschiedliche Chromosomenabschnitte ihrer Eltern erben und sich deshalb auch in ihrem genomischen Inzuchtgrad unterscheiden. Vorangegangene Inzucht wird beim AT-IK ebenfalls nicht berücksichtigt.

Vergleicht man den Inzuchtkoeffizienten laut Ahnentafel und die genomische Inzucht eines Hundes, so stellt man schnell fest, dass genomische Inzuchtkoeffizienten von 3% nicht reell sind.

Inzucht = Qualzucht?

Nein! Inzucht ist nicht automatisch Qualzucht, kann aber ein wesentlicher Risikofaktor dafür sein, dass qualzuchtrelevante Merkmale auftreten oder häufiger werden. Das ist vor allem dann so, wenn die Auswahl an Zuchttieren immer kleiner wird und Vorfahren in vielen Ahnentafeln vorkommen.

Genetisch erhöht Inzucht die **Homozygotie**. Dadurch steigt die Wahrscheinlichkeit, dass zwei Kopien derselben schädlichen rezessiven Variante zusammentreffen und eine Erkrankung tatsächlich ausgeprägt wird. Zusätzlich kann hohe Inzucht zur **Inzuchtdepression** führen, also zu einer allgemeinen Verminderung von Fitnessmerkmalen wie Fruchtbarkeit, Vitalität oder Überlebensfähigkeit.

Bei Hunden wurde ein Zusammenhang zwischen höherer Inzucht und erhöhtem Bedarf an tierärztlicher Versorgung gezeigt.¹

Seit dem Jahr 2025 lassen wir die DNA von Hunden bei Generatio untersuchen: Beim Hovawart liegt die durchschnittliche genomische Inzucht derzeit bei ca. 30%. Das ist hoch. Es bedeutet jedoch nicht, dass Hunde mit hoher Inzucht „kränker“ sind als Artgenossen mit niedrigerer genomischer Inzucht. Umgekehrt sind Hunde mit niedriger Inzucht nicht zwangsläufig gesünder. Es steigt oder fällt jedoch das Risiko für rezessive Erkrankungen mit dem genomischen IK.

Ziel der Untersuchung ist nicht in erster Linie das Wissen über die Höhe des genomischen IK der Rasse, sondern die Inzucht langfristig zu senken und so die Gesundheit der Rasse zu erhalten. Dabei ist nicht entscheidend, wie hoch die Inzucht ist, sondern vor allem, welche Gene homozygot sind. Um die Inzucht zu senken, ist es wichtig, Hunde zu verpaaren, die sich genetisch möglichst wenig ähnlich sind. Dafür brauchen wir jedoch die DNA der Hunde und die Bereitschaft der Züchter und Deckrüdenbesitzer, diese Untersuchungen in die Paarungsplanung mit einzubeziehen. Um ein realistisches Ziel zu definieren, müssen wir natürlich wissen, wie hoch die Inzucht in der Rasse ist.

Derzeit sind ca. 200 Hunde getestet – daher haben wir inzwischen einen guten Überblick, wie sich die Inzucht in der Rasse darstellt und in welchen Bereichen inzwischen über 70 % der Rasse homozygot sind.

Vergleicht man die genomische Ähnlichkeit von unterschiedlichen Rüden mit einer Hündin, so sieht man, dass nur bei einem Hund mit AT-IK= 0 eine niedrige genomische Ähnlichkeit vorliegt.

¹ <https://link.springer.com/article/10.1186/s40575-021-00111-4>

In einem konkreten Ranking wiesen sechs Paarungen einen **AT-IK von 0 %** auf. Die DNA-Analyse zeigte jedoch deutliche Unterschiede. Die **genomische Ähnlichkeit der sechs Paarungen mit AT-IK 0 reicht von 28,3 % bis 32,1 %** – ein Unterschied von fast vier Prozentpunkten.

Ein hoher AT-IK geht **tendenziell mit einer hohen genomischen Ähnlichkeit** einher, der Zusammenhang ist jedoch nicht proportional. Eine Paarung mit **4,29 % AT-IK wies jedoch sogar eine etwas höhere genomische Ähnlichkeit (36,54 %) auf als die Paarung mit 6,64 % AT-IK (36,52 %)**. Auch bei höheren AT-IK-Werten zeigt die DNA-Analyse damit Unterschiede, die sich aus der Ahnentafel allein nicht vorhersagen lassen.

Unter den Rüden mit der **geringsten genomischen Ähnlichkeit** zur Hündin hatte nur der bestplatzierte einen AT-IK von 0 %. Bereits der zweitbeste Wert wird von einem Rüden mit **1,17 % AT-IK** erreicht. Damit zeigt sich erneut: **Ein möglichst niedriger AT-IK sagt nicht zuverlässig voraus, welche Paarung genomisch am unterschiedlichsten ist.**

Auch umgekehrt zeigt sich, dass ein niedriger AT-IK **keine geringe genomische Ähnlichkeit garantiert**. So erreicht eine Paarung mit nur **0,39 % AT-IK eine genomische Ähnlichkeit von 34,24 %** – praktisch denselben Wert wie eine Paarung mit **4,20 % AT-IK und 34,23 % genomischer Ähnlichkeit**. Der AT-IK allein lässt daher auch bei sehr niedrigen Werten keine verlässliche Aussage über die tatsächliche genomische Ähnlichkeit der Paarungspartner zu.

Die wichtigste Erkenntnis:

Ein hoher AT-IK kann durchaus auf eine enge Verwandtschaft hinweisen. Ein niedriger oder sogar bei 0 % liegender AT-IK kann jedoch keine entsprechend große genetische Distanz garantieren.

Heterozygotie (HE) und genomischer Inzuchtkoeffizient – gIK

Vereinfacht gesagt gilt: **Je höher die Heterozygotie, desto größer ist die genetische Vielfalt eines Hundes. Eine hohe Heterozygotie geht in der Regel mit einem niedrigen gIK einher, eine niedrige Heterozygotie mit einem höheren gIK.**

Heterozygotie und genomischer IK sind wertvolle Information über den einzelnen Hund. Sie sagen jedoch nichts über die Qualität einer Verpaarung aus. Es bringt nichts, einen Hund mit hohem gIK mit einem Hund mit einem niedrigen gIK zu verpaaren, in der Hoffnung die genomische Inzucht zu senken. Das kann funktionieren oder nicht – wichtig ist immer zu schauen, wie ähnlich sich die Hunde hinsichtlich der Verteilung der Homozygotie sind.

Zwei Hunde mit einem gIK von jeweils 30% können eine vollkommen unterschiedliche Verteilung der homozygoten Bereiche auf den Chromosomen haben und sich optimal ergänzen – zwei Hunde mit einem niedrigen gIK können eine nahezu identische Verteilung der ROH-Bereiche haben und nicht zur Verbesserung der Situation beitragen.

Ein hoher gIK eines Rüden bedeutet nicht automatisch, dass er für eine bestimmte Hündin genetisch ungünstiger ist als ein Rüde mit niedrigem gIK. So weist ein Rüde trotz eines gIK von 33 % mit 28,28 % die geringste genomische Ähnlichkeit zur Hündin auf, während ein anderer Rüde mit nur 24 % gIK etwas ähnlicher ist. Entscheidend für die konkrete Paarung ist daher nicht der gIK des Rüden allein, sondern seine genomische Ähnlichkeit mit der jeweiligen Hündin.

Auch ein niedriger gIK des Rüden führt **nicht automatisch zu einer geringen genomischen Ähnlichkeit mit der Hündin**. Umgekehrt finden sich unter den genomisch unterschiedlichsten Rüden sowohl Hunde mit niedrigem als auch mit höherem gIK – ein Rüde mit der geringsten Ähnlichkeit von **28,28 %** hat beispielsweise einen gIK von **33 %**.

Ein niedrigerer Wert bei der genetischen Ähnlichkeit bedeutet, dass beide Hunde genomisch unterschiedlicher sind.

Unterschiedlichkeit der ISAG-2020-Profile

Das ISAG-2020-Profil wird in erster Linie zur genetischen Identifikation und Abstammungskontrolle verwendet. Es umfasst nur ca. 230 SNP und ist schon aus diesem Grund nicht so aussagekräftig, wie der Vergleich von 170.000 SNP.

Auch aus den ISAG-Markern lässt sich bestimmen, an wie vielen untersuchten Positionen sich zwei Hunde unterscheiden. Ein größerer ISAG-Unterschied **kann** daher ein Hinweis auf eine größere genetische Distanz sein. Der Vergleich der ISAG-Profile ist jedoch viel zu ungenau, als dass er sich zur Paarungsbewertung eignen würde. Wir haben die Ergebnisse der ISAG-Vergleiche mit den Ergebnissen der vorliegenden Rankings verglichen. Unsere Auswertung zeigt jedoch, dass es keinen belastbaren Zusammenhang zwischen dem ISAG-Unterschied und der genomischen Ähnlichkeit gibt.

Infokasten

Was sagen die einzelnen Werte aus?

AT-IK:

Wie hoch ist die aufgrund der bekannten Ahnentafel statistisch erwartete Inzucht einer Paarung?

HE:

Wie heterozygot und damit genetisch vielfältig ist der **einzelne** Hund?

gIK:

Wie viel tatsächliche genomische Homozygotie beziehungsweise Inzucht weist der **einzelne** Hund auf?

ISAG-Unterschied:

Wie unterschiedlich sind zwei Hunde an einer kleinen Zahl ausgewählter genetischer Marker? – Keine Aussage zur Paarungsbewertung möglich!

Genetische Ähnlichkeit (GenomicSimilarity):

Wie ähnlich sind sich Hündin und Rüde auf Grundlage einer sehr großen Zahl von Markern ihres Genoms? – Optimaler Wert zur Paarungsbewertung – Die genetische Ähnlichkeit sollte für eine Verpaarung gering sein.

Warum reicht der Ahnentafel-IK allein nicht aus?

Er ist eine **statistische Erwartungsgröße**.

Er bewertet Geschwister gleich, obwohl deren tatsächliche Genome unterschiedlich sind. Er ist auf wenige Generationen begrenzt.

Ein hoher AT-IK ist ein Hinweis auf enge Verwandtschaft.

Umgekehrt gilt **aber nicht**:

Niedriger AT-IK = große genetische Distanz.

Und erst recht **gilt nicht**:

0 % AT-IK = genetisch unverwandte.

Der besondere Nutzen der DNA-Paarungsbewertung

Die DNA-Paarungsbewertung ermöglicht etwas, was weder Ahnentafel noch der gIK eines einzelnen Hundes leisten können:

Sie beurteilt die genetische Beziehung der konkreten Paarungspartner.

Damit können unter mehreren grundsätzlich geeigneten Rüden diejenigen erkannt werden, deren Genom die jeweilige Hündin besonders gut ergänzt. Gerade in einer Rasse mit einem über viele Generationen gemeinsam genutzten Genpool ist diese Information von besonderer Bedeutung.

Auch Hunde, die in den letzten fünf Generationen keine gemeinsamen Vorfahren aufweisen, können aufgrund älterer gemeinsamer Abstammung noch erhebliche Teile ihres Genoms miteinander teilen.

Die genomische Untersuchung kann diese tatsächliche Ähnlichkeit sichtbar machen.

Was bedeutet das für die Zuchtentscheidung?

Eine DNA-Paarungsbewertung ersetzt selbstverständlich nicht die klassischen Kriterien einer verantwortungsvollen Zucht.

Gesundheit, Wesen, Exterieur, Leistungsfähigkeit, Alter, Nachkommen, familiäre Erkrankungen und weitere züchterisch wichtige Eigenschaften müssen weiterhin berücksichtigt werden.

Die Genetik liefert jedoch eine zusätzliche Entscheidungsebene.

Genau deshalb ist die DNA-basierte Paarungsbewertung ein **wichtiger zusätzlicher Baustein** für eine zukunftsorientierte Zuchtplanung.

Beispiel einer Paarungsplanung:

HÜNDIN	OCD	OCD, Hypo	Über Hündin und Rüde kommen OCD und Hypo – nur auf der Seite des Rüden ist Sebadenitis bekannt. Je geringer die genomische Ähnlichkeit, desto geringer ist das Risiko für genetisch bedingte Erkrankungen!
		Hypo	
		Hypo	
RÜDE		Hypo, OCD	
	Sebadenitis, Hypo	Hypo, Sebadenitis	
		Sebadenitis, Hypo	

Etwa die Hälfte unserer Zuchthündinnen wurde inzwischen auf genetische Diversität getestet. Das ist ein großartiger Anfang und ein starkes Zeichen dafür, dass uns die langfristige Gesundheit und Vielfalt unserer Hovawarte am Herzen liegt.

Aber dieser Anfang reicht nicht aus, wenn die Deckrüden fehlen.

Für die Züchter ist es wichtig, dass möglichst alle Rüden in die Paarungsbewertung einfließen. Sind nur wenige Rüden getestet, engt dies die Auswahl ein.

Bei Interesse an dem Test wenden Sie sich bitte an kerstin.tiemann@hovawart.org.