



Diversität und genetische Vielfalt in der Hundezucht

FERAGEN GmbH

Dr. Anja Geretschläger



Übersicht

- Genetische Varianz – Was ist das?
- Ursachen Verlust genetischer Diversität
- Gesundheitliche Probleme in der Hundezucht
 - Autoimmunerkrankungen
 - DLA-Gene
- Maßnahmen zum Erhalt der Diversität

Genetische Varianz

Genetische Ausstattung ist ein
Werkzeugkasten

Je größer die Auswahl umso vielfältiger die
Möglichkeiten

Geringe genetische Varianz:

- das Notwendigste ist vorhanden
- unter bestimmten Umständen ist adäquates
Werkzeug gegeben
- veränderte Umweltbedingungen ->
Funktionsstörungen > Krankheit

Verlust der genetischen Diversität

- Genetischer Flaschenhals
- Etablierung von Rassen
- Geschlossene Zuchtpopulationen
- Popular Sires
- Inzucht



Genetischer Flaschenhals

Verminderung der genetischen Diversität durch ein Ereignis

Genetische Flaschenhälse



Domestikation

Erster Flaschenhals

15.000 v. Chr.

Anpassung an wechselseitige
Beziehung zum Menschen



Etablierung von Rassen

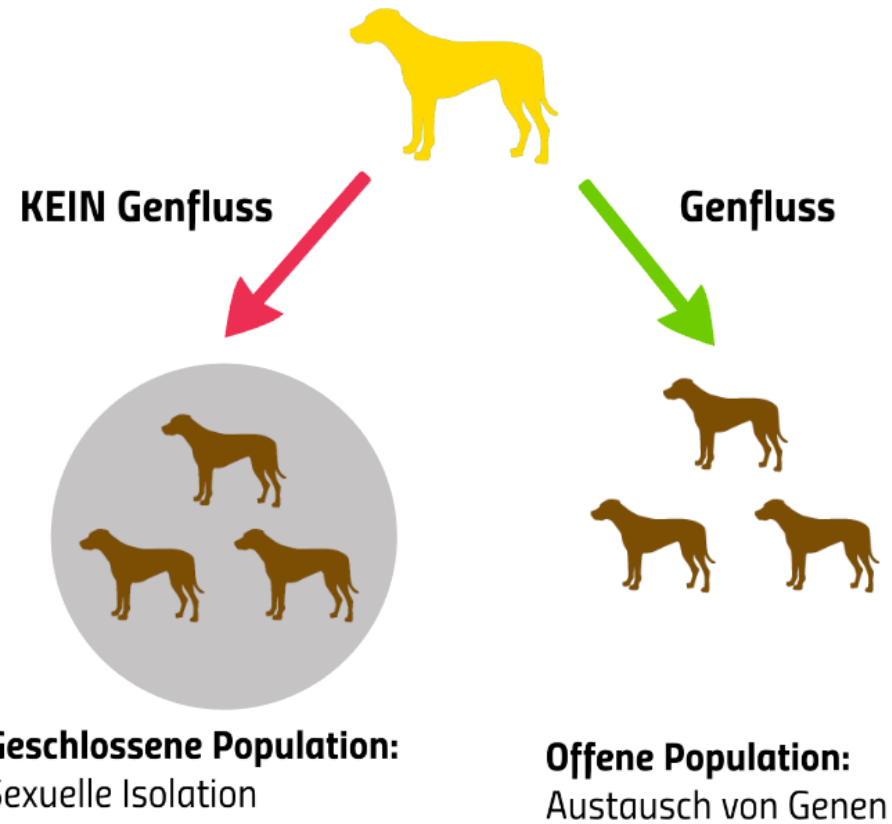
Einhaltung von Standards

Wettbewerbe

Hundausstellungen

Streben nach idealer Rasseform

Etablierung von
Rassen
=
Geschlossene
Zuchtpopulation



Gezielte Selektion – Ausschluss von genetischem Material
Rasseideale führen zu einer weiteren genetischen Isolation
Subpopulationen können gen. Diversität innerhalb von Rassen einschränken

Rassestandards

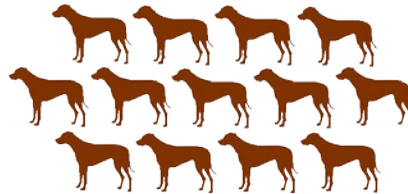
- Extreme Standardisierung von Rassen
 - Übertriebene morphologische und funktionelle Merkmale
 - Verringerung der Effektiven Zuchtpopulation

Effektive Zuchtpopulation

Gesamtpopulation



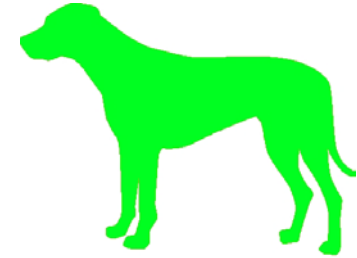
Für die Zucht vorgesehen



Gesundheitliche Voraussetzungen



Gesundheitliche + Phänotypische
Voraussetzungen

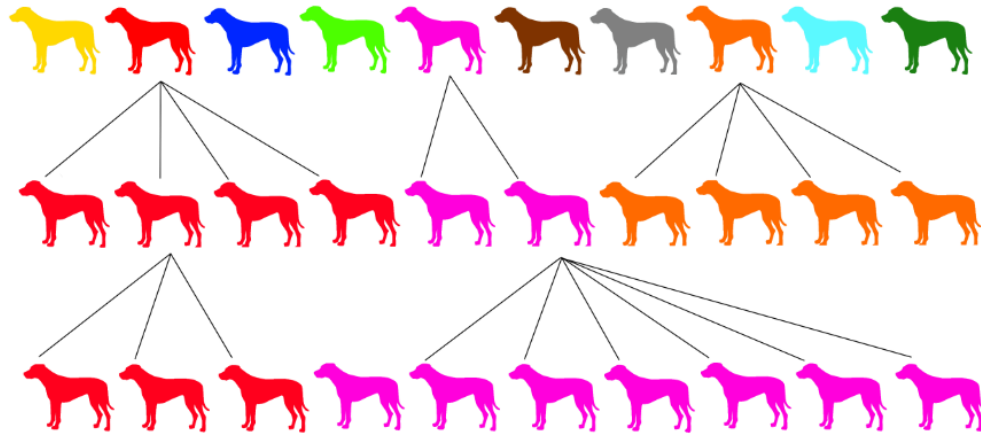


Nur wenige Hunde gehen
tatsächlich in die Zucht und
geben ihr genetisches
Material weiter

Berechnung Effektive
Zuchtpopulation:

$$N_e = \frac{4N_f N_m}{N_f + N_m}$$

N_e – effektive Zuchtpopulation
 N_f – Zahl der weibliche Tiere einer Population
 N_m – Zahl der männliche Tiere einer Population



- Fehlende Decklimitierungen
- Große Anzahl von Nachkommen
 - Reduktion von Diversität in Nachfolgenerationen
- Berücksichtigung von Rassegegebenheiten

Popular Sires

Übermäßiger Zuchteinsatz einzelner Rüden

Inzucht

Zucht von 2 Hunden die näher verwandt sind, als zwei zufällig gewählte Hunde



Wie viel Inzucht verträgt eine Population?

3 wichtige Faktoren:

- genetische Bürde d. Population - Art/Zahl von Defektgenen
- Umweltbedingungen - gleichbleibend/wechselnd?
- Art/Umfang der Selektion - Ausschluss inzuchtgeschädigter Tiere

Probleme aufgrund von Diversitätsverlust

- Genetische Erkrankungen
- Verminderte Anpassungsfähigkeit
- Autoimmunerkrankungen

DAHER:

Erhalt der Diversität im Zuchtgeschehen

Die Hundezucht krank

Bekannte genetische
Erkrankungen/Merkmale

ca. 913

Testbare genetische
Erkrankungen/Merkmale

ca. 417

Viele Erkrankungen können aufgrund der Komplexität nicht
getestet werden

Autoimmun- erkrankungen

Das Immunsystem richtet sich gegen den
eigenen Körper

Autoimmun- erkrankungen

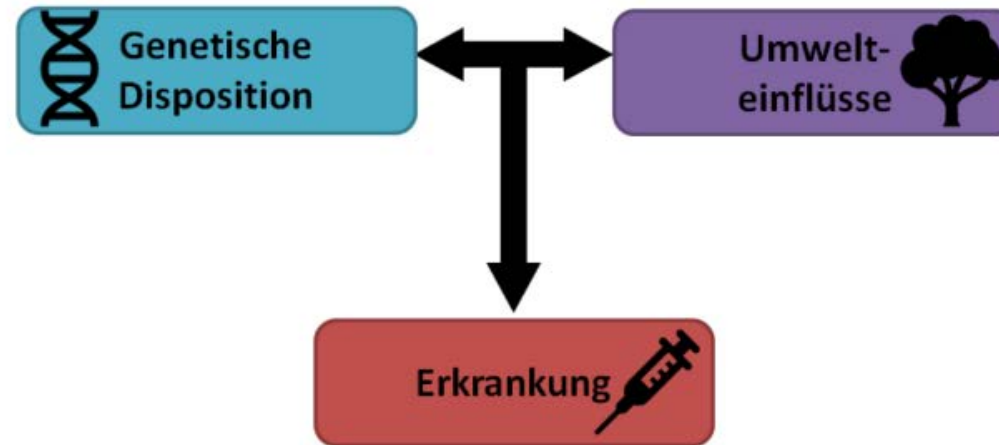
Jedes Gewebe kann betroffen sein

- Caniner diabetes mellitus
- Nebennierenrindeninsuffizienz – Morbus Addison
- Hämolytische Anämie
- Chronische inflammatorische Hepatitis
- Symmetrische lupoide onychodystrophie
- Autoimmune lymphatische Thyreoiditis
- Meningoenzephalitis (nekrotisierend)
- Chronische superfizielle Keratitis



Autoimmun- erkrankungen

Komplexe Erkrankungen



Viele Bakterien/Viren haben antigene Strukturen die Autoantigenen ähneln.

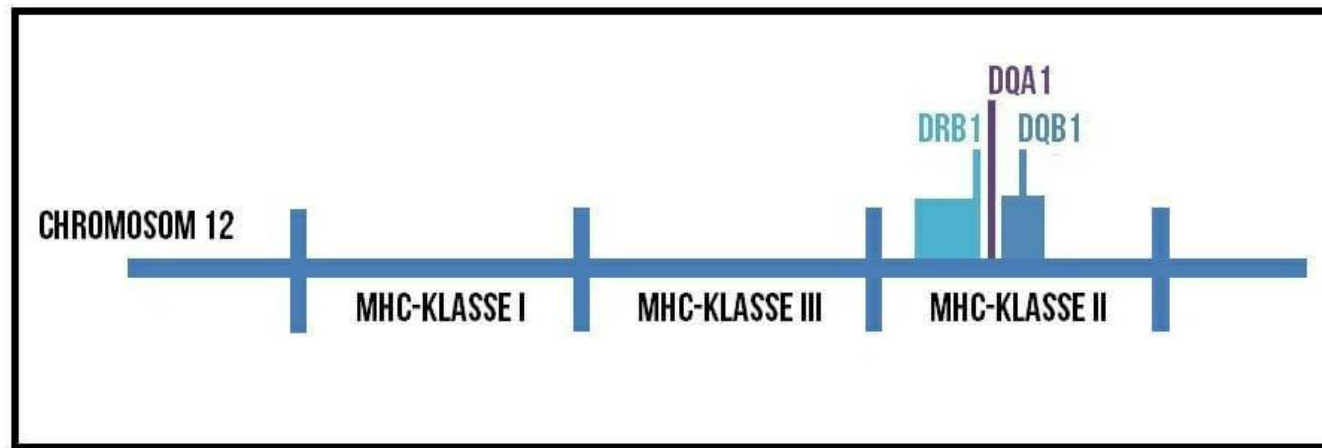
Theorie der „Molekularen Mimikry“

Beispiel Mensch: Multiple Sklerose verursacht durch Vorinfektion von Erregern wie Masernvirus, Epstein-Barr-Virus, Hepatitis-B-Virus

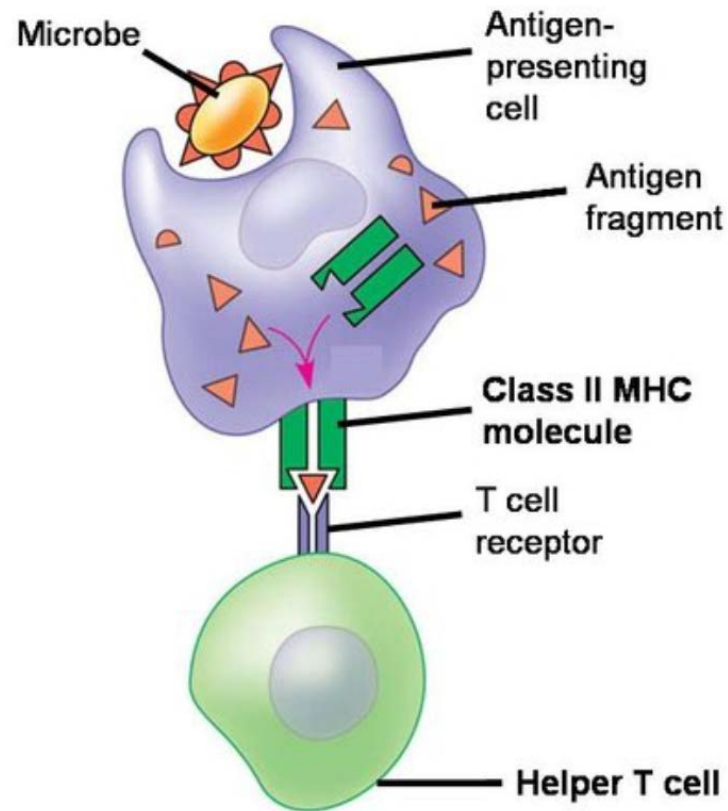
DLA - Dog Leukocyte Antigen

- Unerlässlicher Bestandteil des Immunsystems
- Zusammenhang mit Autoimmunerkrankungen

MHC II – Major Histocompatibility Complex II



DLA- Proteine



DLA Gene bilden den Bauplan für die DLA Proteine (Class II molecule)

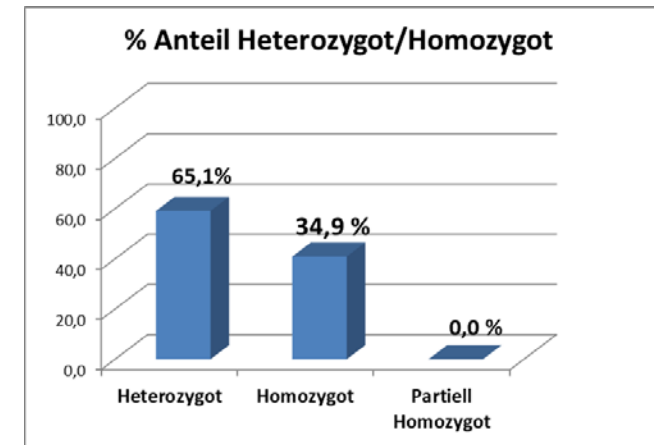
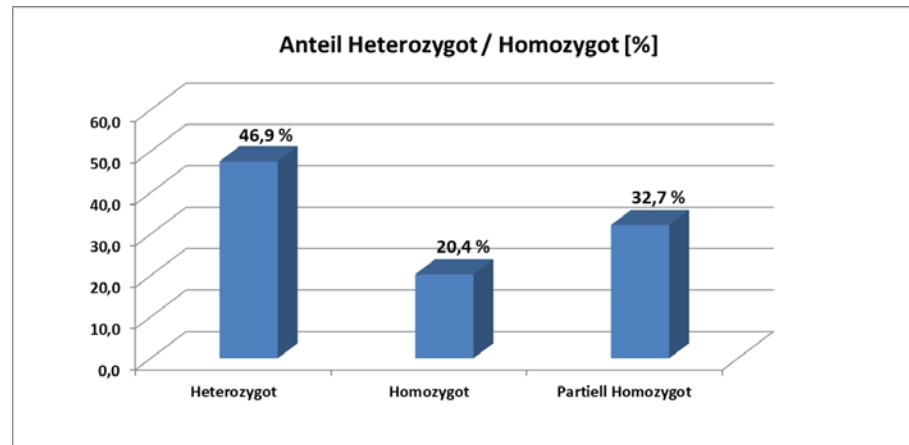
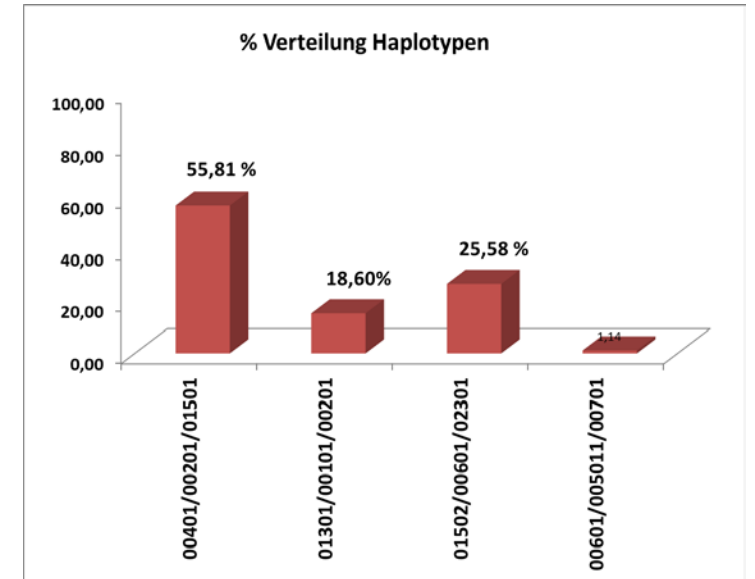
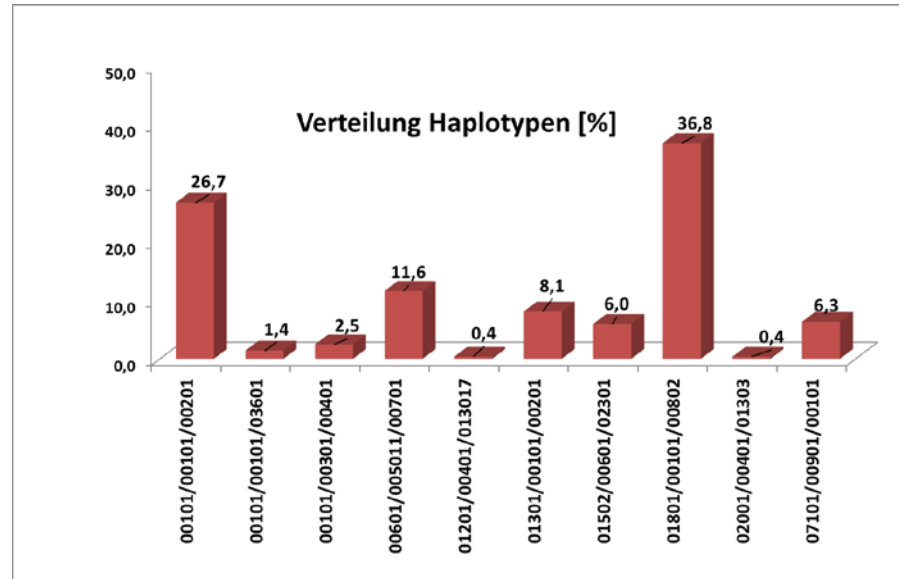
Was dem Immunsystem präsentiert wird hängt von den individuellen DLA-Typen ab

**Einschränkung
der Diversität
bei zahlreichen
Rassen**

Durchschnittlich
7 DLA-Genkombinationen
pro Rasse

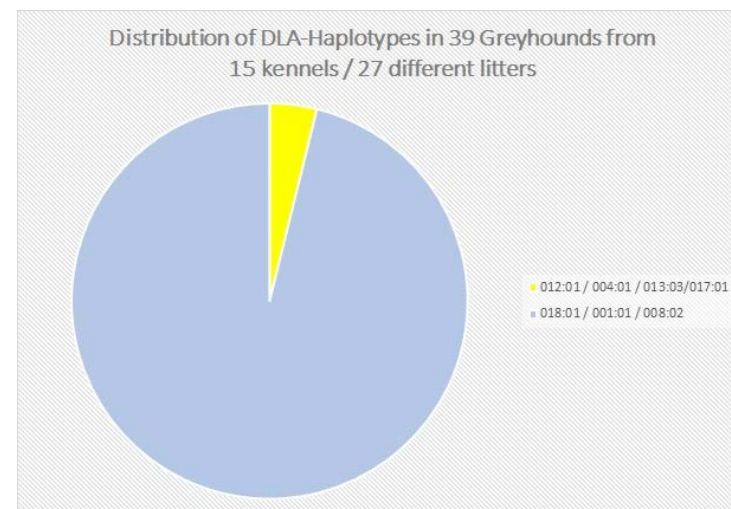


DLA-Gene im Rasseüberblick



Homozygot oder Heterozygot

Rasse	Anzahl Haplotypen
Bearded Collie	6
Beauceron	9
Belgischer Schäferhund	10
Collie KH	2
Kromfohländer	5
Leonberger	9
Österreichischer Pinscher	9
Rhodesian Ridgeback	10



Geografische Varianzen



Geografische Varianzen

Meist in der Verteilung der Haplotypen zu beobachten

Individuum vs. Population



- Risikoverminderung von Autoimmunerkrankungen
- Förderung von Heterozygotie
- Anpaarungsempfehlungen



- Aufrechterhaltung genetischer Varianz
- Aufrechterhaltung seltener Haplotypen
- Förderung d. Anpassungsfähigkeit

Warum DLA-Gene?

- Unerlässlicher Bestandteil des Immunsystems
- Zusammenhang mit Autoimmunerkrankungen
- Heterozygotie - höhere Resistenz gegen Infektionen
- Mindestanzahl von Haplotypen ist für das langfristige Überleben einer Population notwendig
- Limitierte Anzahl erhöht die Gefahr einer Auslöschung der Rasse durch neue Erkrankungen

Erhaltungs- Maßnahmen

Diversität

Einkreuzungen von Fremdrassen

- Detaillierte Planung
- Bereitschaft zur Teilnahme
- Auswahl einer passenden Rasse (Gesundheit)
- Rückkreuzungsstrategien

Outcross

- Verpaarung unverwandter Hunde
- Hunde aus verschiedenen Linien – gleicher Rasse
- Ausl. Linien oft fehlende Informationen über Gesundheit
- Wie genetisch unterschiedlich sind die Hunde tatsächlich?

Bestehenden Genpool nutzen

- Messgröße für genetische Diversität
- Typisierung von Hunden in der Zucht
- Auswertungsmodelle

F2 Generation
Gen. COI – 13 %
Heterozygotie – 36 %



F1 Generation
Gen. COI – 0 %
Heterozygotie – 47 %

Dansk/Svensk Gardhund



**Einkreuzungs-
projekt
ProKromfohländer**



F3 Generation
Gen. COI – 13 %
Heterozygotie – 40 %



F4 Generation
Gen. COI – 19 %
Heterozygotie – 36 %

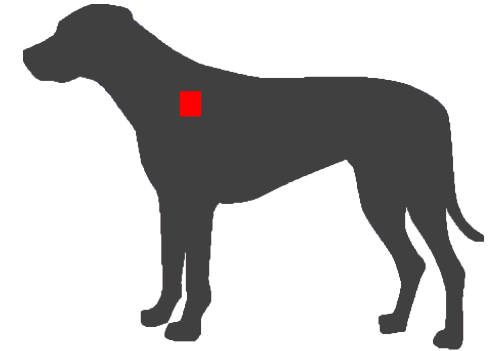


Reinrassig
Gen. COI – 22 %
Heterozygotie – 34 %

Basisdaten für Genetische Diversität

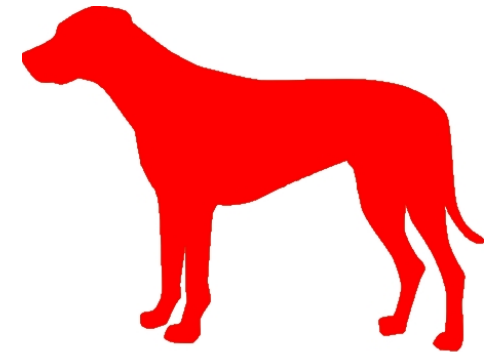
Basierend auf einzelnen Genen

DLA-Gene



Basierend auf gesamter DNA

tausende genetische Marker



Genetische Diversität auf Gesamt-DNA- Ebene

Nicht einzelne Gene werden berücksichtigt
sondern tausende genetische Marker

Ziel:

- Genetische Diversität bestimmen
- Hunde mit geringen Verwandtschaften finden
 - IK von Hunden berechnen

Modernes Zucht- management

Sammeln genetischer Daten

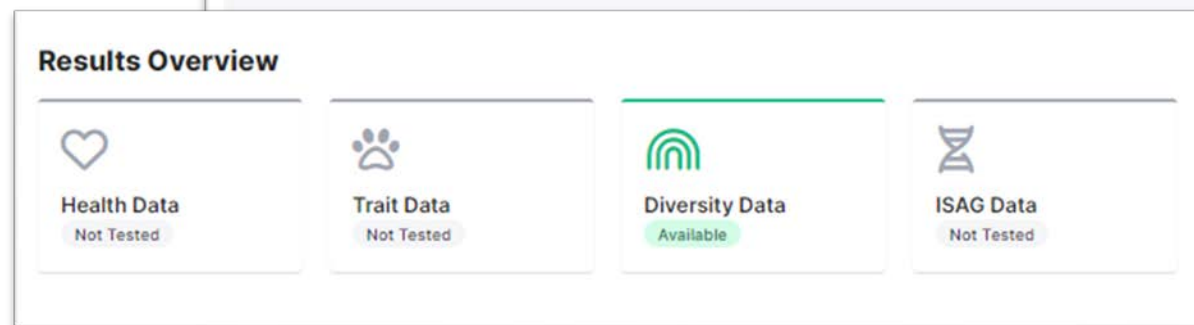
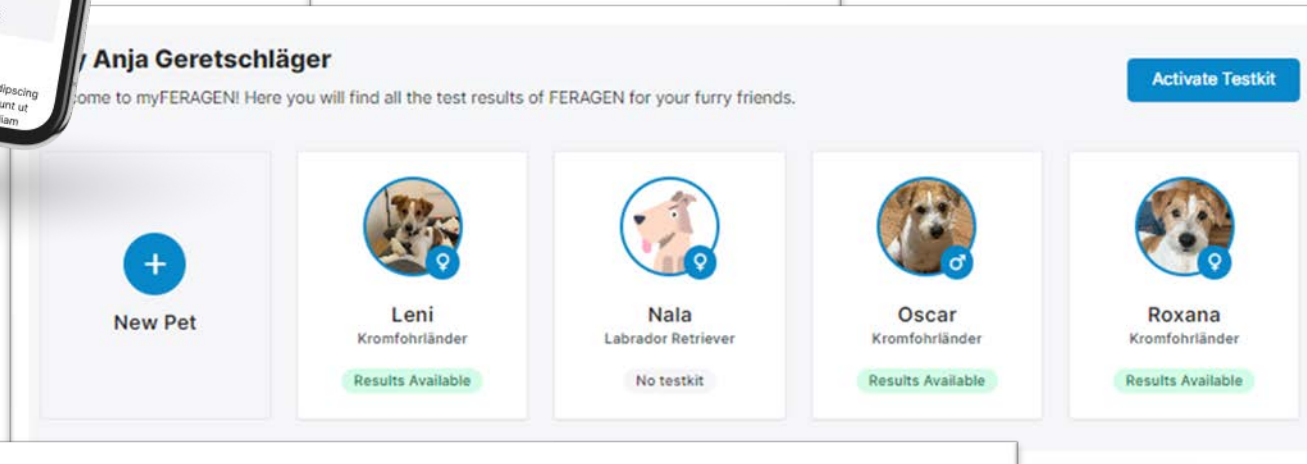
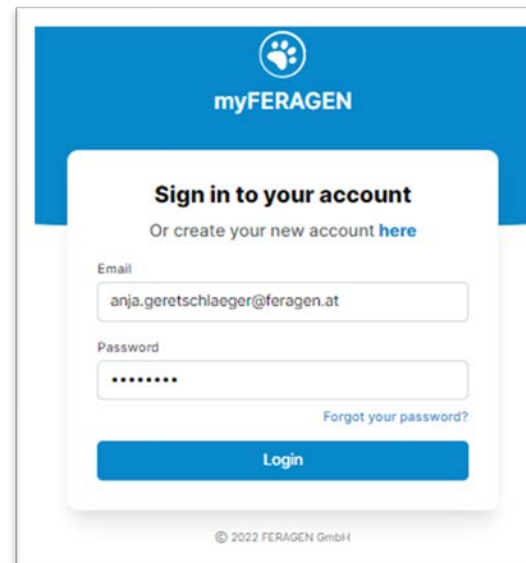
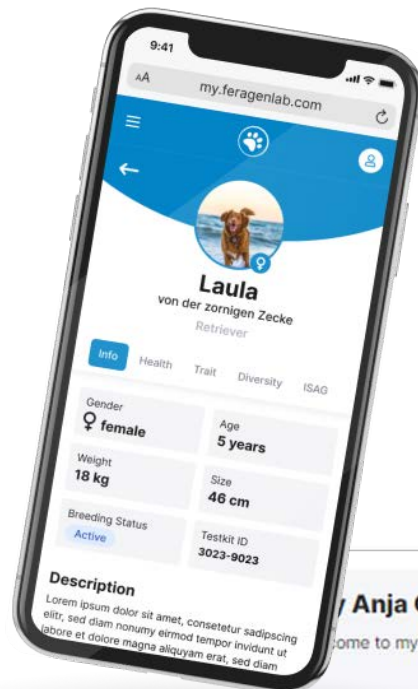
Überblick über die genetischen Gegebenheiten
einer Rasse

Vorausschauendes Zuchtmanagement

Optimale Nutzung genetischer Ressourcen und
langfristige Erhaltung

Wichtige Infos über einzelne Hunde aber auch
über die Rasse

myFERAGEN Plattform



Heterozygotie

Auf die Menge kommt es an

% heterozygot vererbter Marker

Anzahl der Marker ist ausschlaggebend für die Genauigkeit

Je mehr Marker umso genauer

Nicht geeignet:

Marker für die Erstellung von DNA-Profilen!

- Zu geringe Anzahl
- Ungeeignete Markerwahl

Heterozygotie

Was sie aussagt

Faustregel:

Je höher der Wert, umso
höher der Grad der
Heterozygotie

Je nach Rasse unterschiedlich
Vergleich Heterozygotie mit
GIK direkter Zusammenhang
Je niedriger HET umso höher
Inzuchtgrad

Heterozygotie

Kromfohrländer

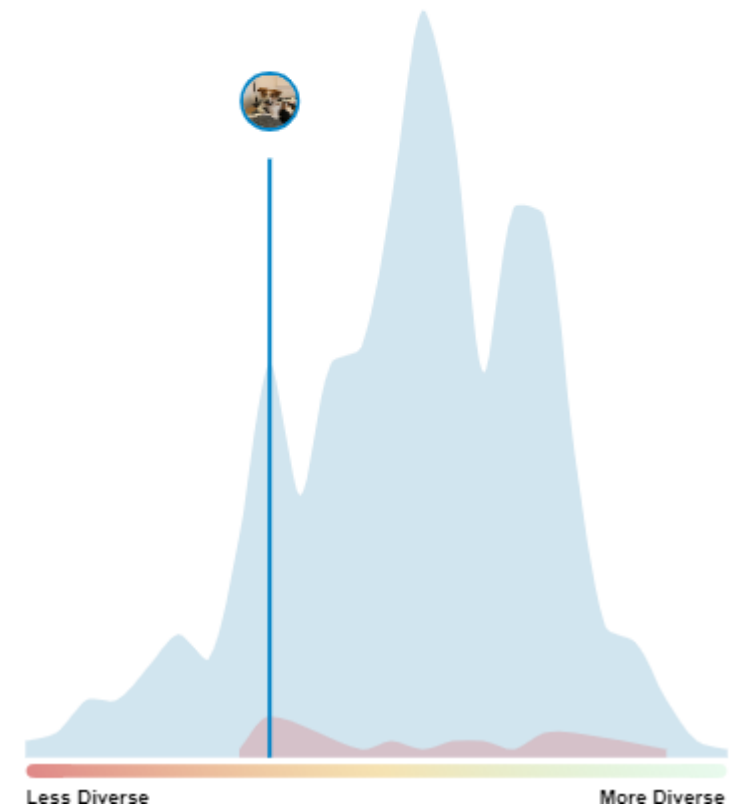
30.00%

Leni Heterozygotie

Ø35.41%

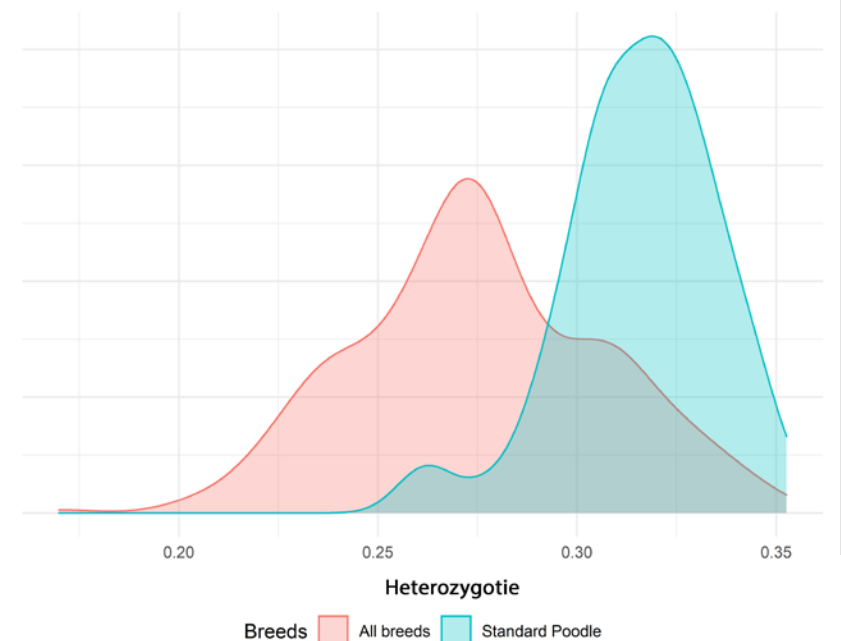
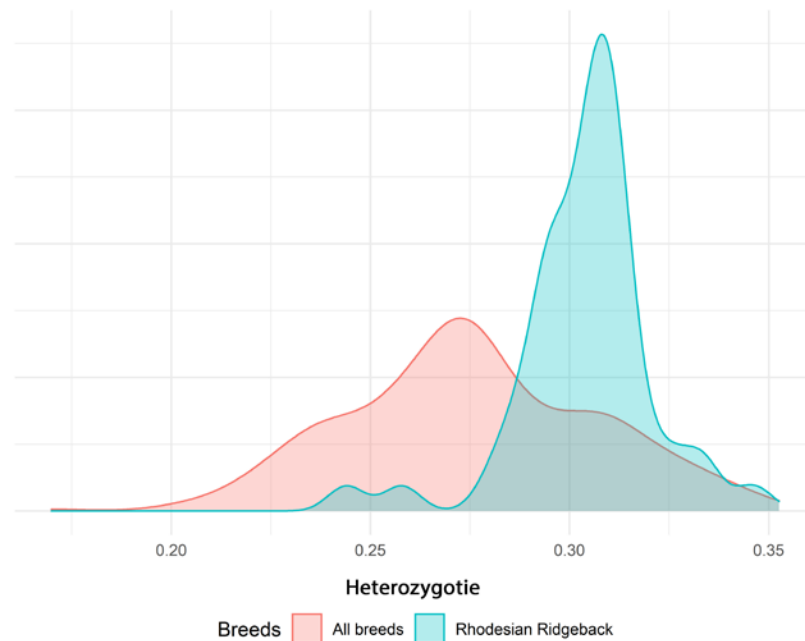
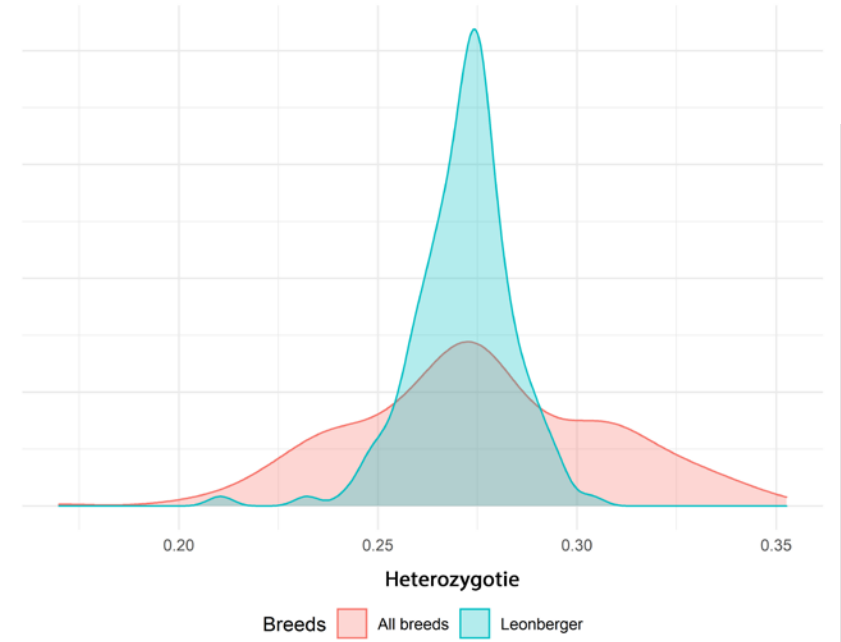
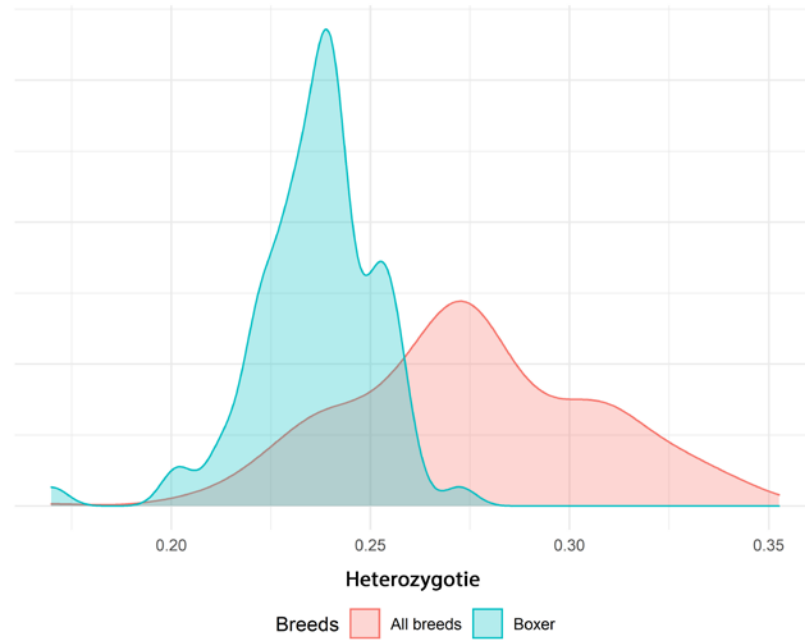
Breed average Score

Heterozygotie represents the percentage of different genetic markers inherited from your pet's parents. The higher this value, the more heterozygous markers are present. High values are preferable. The blue curve represents the heterozygotie of your breed, while the red curve shows the distribution of heterozygotie from all genotyped pets in the database. The blue line indicates the value of your pet within the breed.



Beispiele

Heterozygotie



Inzucht- koeffizient

- Genetische Diversität in Zahlen ausgedrückt
- Wahrscheinlichkeit, dass **2 Allele** an **1 Genort** von **1 gemeinsamen Vorfahren** stammen
- Je näher eine Blutsverwandtschaft umso höher der IK und die Wahrscheinlichkeit hoher genetischer Übereinstimmung
- Ermittlung unter Verwendung von Stammbäumen
- Abhängigkeit von der Generationszahl

Nachteile:

- Unvollständige Stammbäume
- Limitierte Zahl an Generationen
- Sicherstellung korrekter Abstammungen

Inzucht- koeffizient

- IK aufgrund von Stammbäumen um das 5 – 10-fache unterschätzt
- Vergleich von GIK und IK bestätigt dies
- Hohes Maß an Inzucht hat Auswirkung auf Gesundheit
- Negative Effekte auf Wurfgröße und Überlebensrate von Neugeborenen

Genomische Inzucht- koeffizienten

- Akkuratere und unabhängige Möglichkeit
- Ermittlung erfolgt basierend auf genetischen Daten

Vorteil:

- repräsentiert tatsächliche genetische Situation und Inzuchtgrad
- Ermittlung für einzelne Individuen
- Ermittlung für den Durchschnitt der Rasse

IK Darstellung

Coefficient of inbreeding (COI)

Kromfohländer

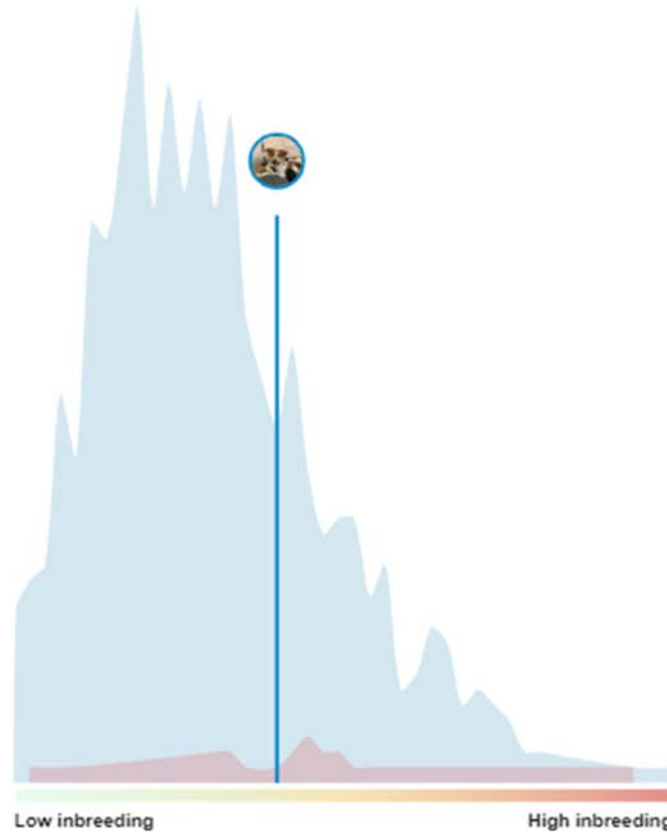
17.00%

Leni COI Score

Ø18.64%

Breed average Score

The genomic coefficient of inbreeding was calculated based on genetic markers considering 6 generations. The red curve represents the COI of your breed, while the blue curve represents the COI of all genotyped pet in the database. The red line corresponds to the COI value of your pet and indicates its appearance within the breed. The lower the COI of your pet, the lower is the level of inbreeding.



Coefficient of inbreeding (COI)

Kromfohländer

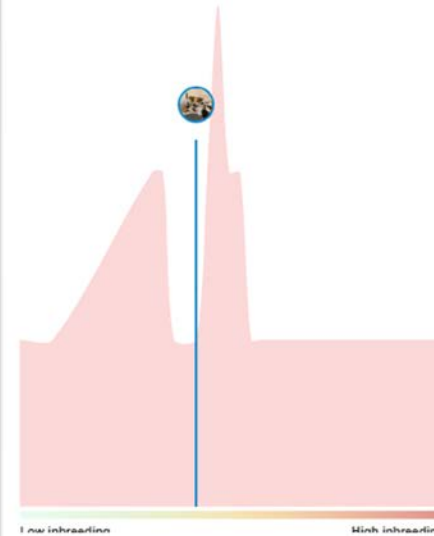
17.00%

Leni COI Score

Ø18.64%

Breed average Score

The genomic coefficient of inbreeding was calculated based on genetic markers considering 6 generations. The red curve represents the COI of your breed, while the blue curve represents the COI of all genotyped pet in the database. The red line corresponds to the COI value of your pet and indicates its appearance within the breed. The lower the COI of your pet, the lower is the level of inbreeding.



Coefficient of inbreeding (COI)

Kromfohländer

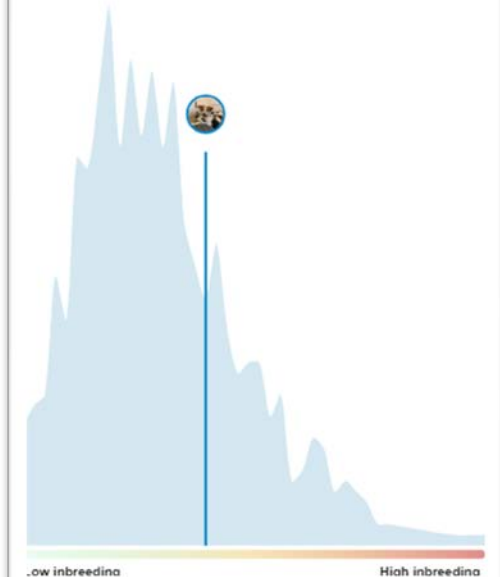
17.00%

Leni COI Score

Ø18.64%

Breed average Score

The genomic coefficient of inbreeding was calculated based on genetic markers considering 6 generations. The red curve represents the COI of your breed, while the blue curve represents the COI of all genotyped pet in the database. The red line corresponds to the COI value of your pet and indicates its appearance within the breed. The lower the COI of your pet, the lower is the level of inbreeding.



Beispiel

IK unter Geschwistern

Abweichungen von IK-Werten bei Geschwistern

3.32 %	8.17 %	19.01 %	22.11 %	30.45 %
0.96 %	7.41 %	16.37 %	21.34 %	26.62 %
2.11 %	10.34 %	18.28 %	21.82 %	27.88 %
6.58 %	13.86 %	22.59 %	25.09 %	28.67 %
0.74 %	4.23 %	9.83 %	14.52 %	23.38 %
5.47 %	14.32 %	20.44 %	23.05 %	26.83 %
3.9 %	11.56 %	22.67 %	25.86 %	29.01 %
3.22 %	12.79 %	20.75 %	24.51 %	27.82 %

Beispiele verschiedene Rassen

Rasse	Gen. IK %
Französische Bulldogge	3,5
Australian Shepherd	5,4
Border Collie	5,9
Labrador Retriever	7,1
Großpudel	7,2
Rhodesian Ridgeback	8,2
Beauceron	8,3
Leonberger	13,8
Collie KH	15,7
Kromfohrländer	18,3
Greyhound	19,6

Wichtig!!!

Keine Zuchtentscheidungen
basierend auf isoliert
betrachteten Werten!

Wichtig!!!

Keine Zuchtentscheidungen
basierend auf isoliert
betrachteten Werten!

Dog Matching

Worauf es ankommt

- 50% des genetischen Materials von jedem Elternteil
- Ermittlung von Mating Scores
- genetische Information von Hündin mit Rüden verglichen
- Finden genetisch optimaler Zuchtpartner

Folgende Faktoren werden berücksichtigt:

- Genetische Diversität
- Genetische Erkrankungen (sofern getestet)
- Populationsgenetischer Stellenwert einer Verpaarung
- DLA-Kombinationen

Matching Tool

Berücksichtigung von Hunden des
anderen Geschlechts, der gleichen
Rasse

Found matches for

Oscar
Oscar vom Tüskendoor
Kromfohrländer

#2
Leni
Leni Croft vom Schloss Judenau
100%
Matching Score

#1
Abby
Abby von den langen königlichen Steinbergen
100%
Matching Score

#3
Prada
Prada vom Schloss Judenau
94%
Matching Score

More potential breeding partner

#4
Romila
Romila vom Schloss Judenau
Kromfohrländer
0%
Matching Score

Matching details for
Oscar & Leni

100%
Matching Score
Perfect match

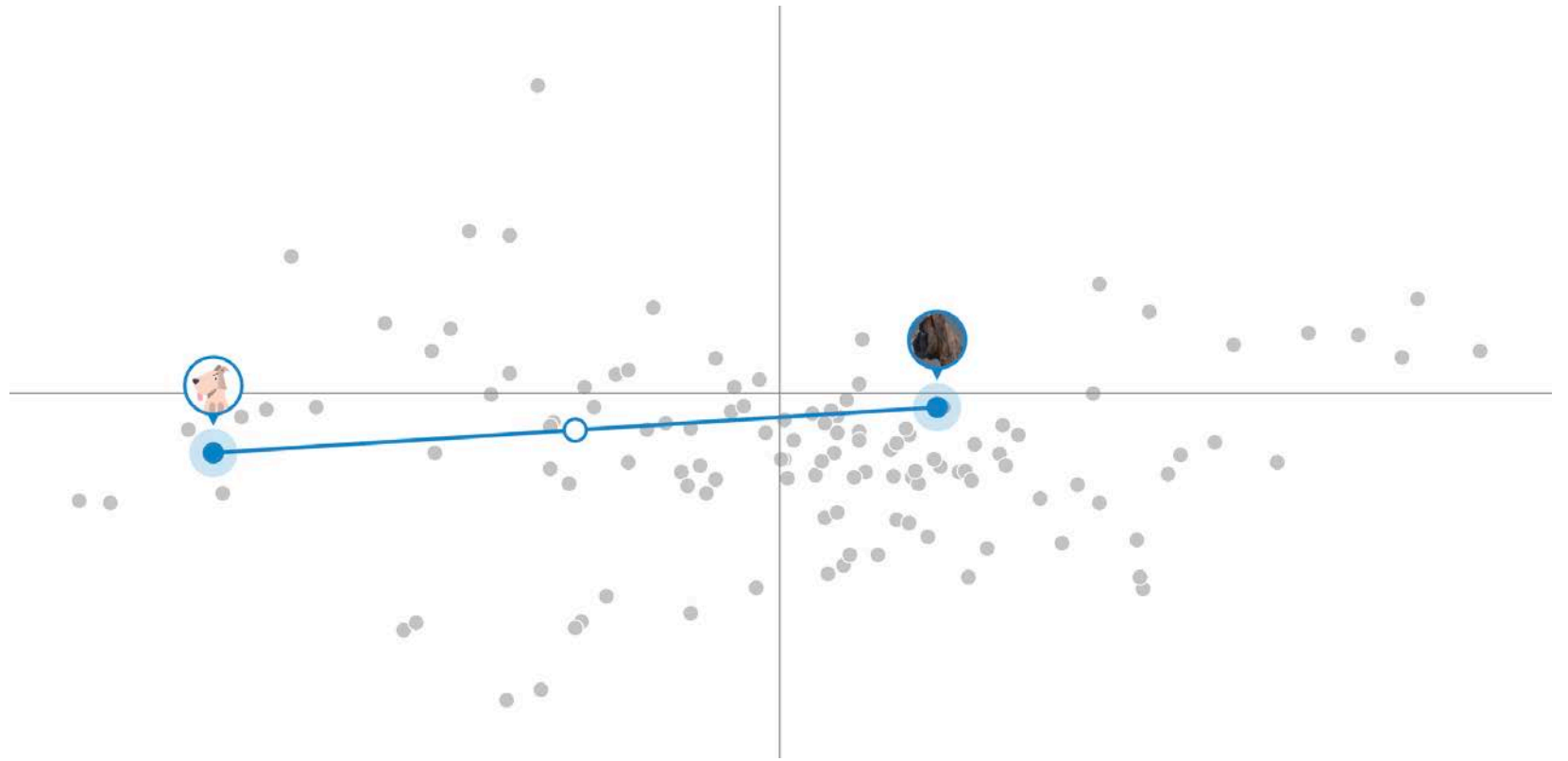
Oscar
Oscar vom Tüskendoor

Leni
Leni Croft vom Schloss Judenau

Show Profile page

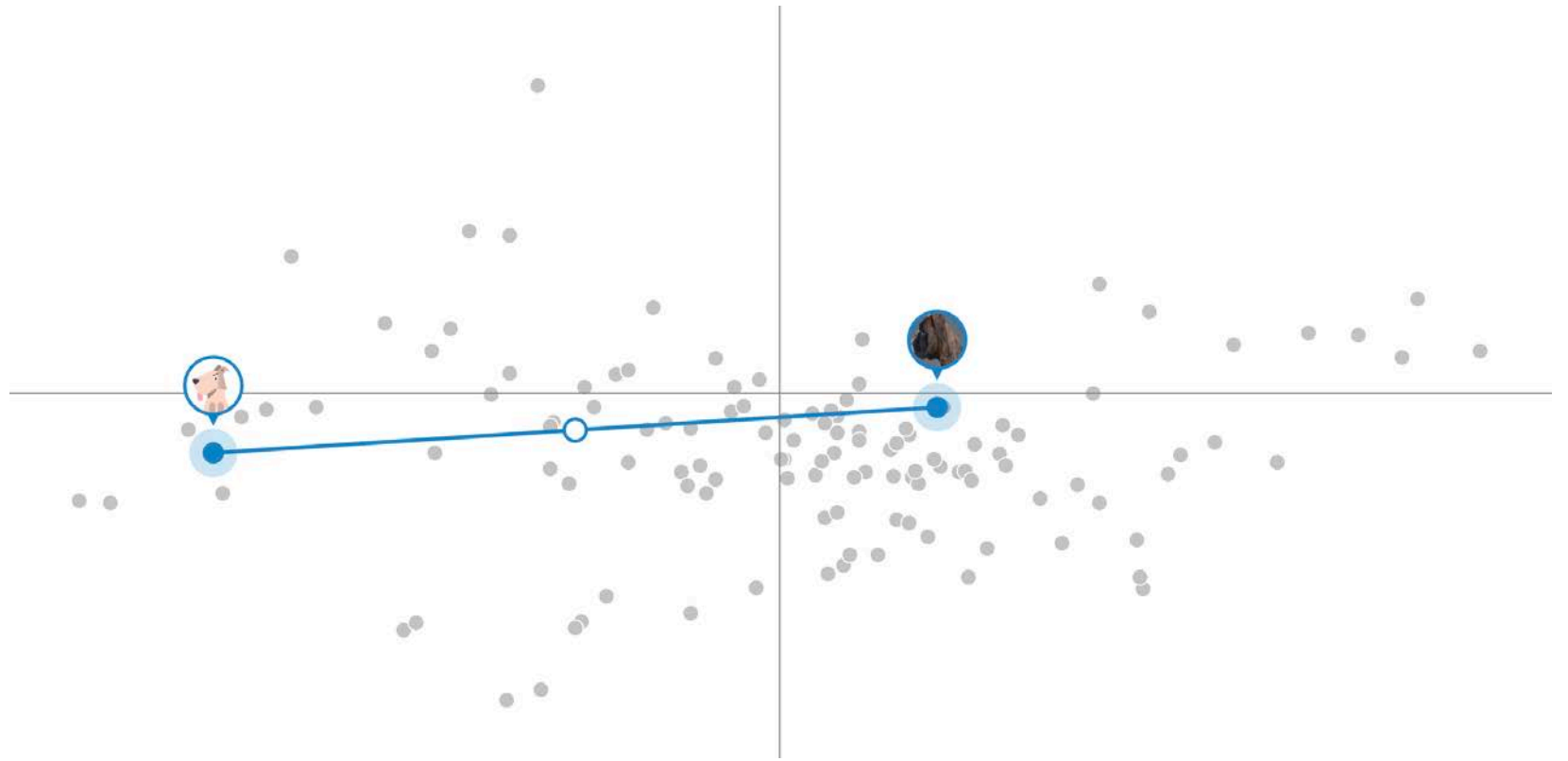
Genetische Verteilung

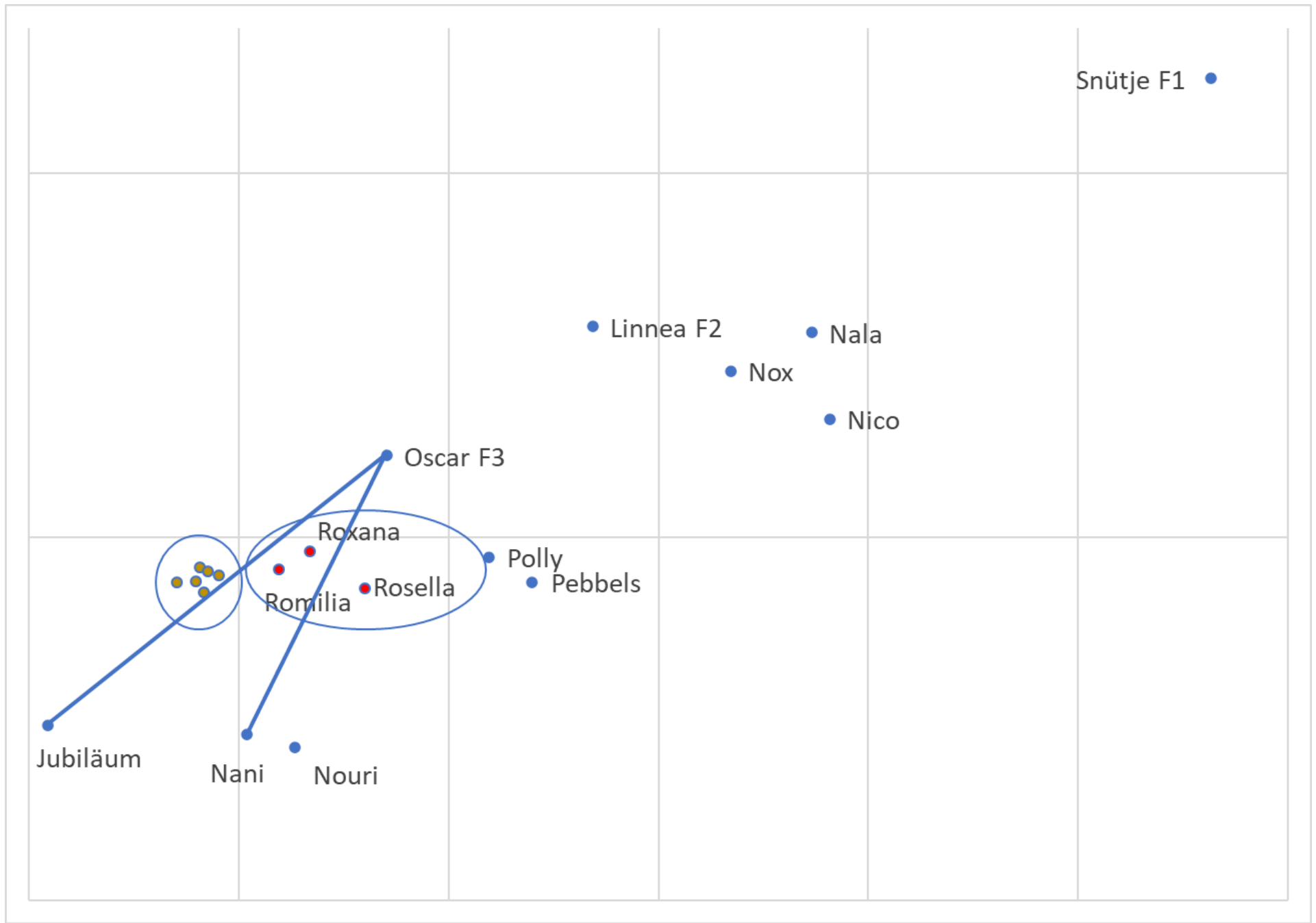
Welchen Wert hat eine Verpaarung
in Bezug auf die Population?



Genetische Verteilung

Welchen Wert hat eine Verpaarung
in Bezug auf die Population?





Beurteilung von Werten

1 Rüde verglichen mit 3 Hündinnen

Hündin	IK 6 Gen. genomisch	Matching Score my FERAGEN
Hündin 1	23 %	100 %
Hündin 2	22 %	97 %
Hündin 3	20 %	90 %

Individuelle IK-Wert – keine Aussagekraft

Matching-Score berücksichtigt gemeinsame Ahnen

DLA- Abgleiche & Outcomes

♂ Shawn

HAP1	HAP2
002:01	015:01
009:01	001:01
001:01	023:01

♀ Ann

HAP1	HAP2
002:01	015:01
009:01	006:01
001:01	023:01

Possible outcomes

50%

HAP1	HAP2
002:01	015:01
009:01	006:01
001:01	023:01

25%

HAP1	HAP2
002:01	002:01
009:01	009:01
001:01	001:01

25%

HAP1	HAP2
015:01	015:01
006:01	006:01
023:01	023:01

Matching-Tool Anpassung

3 Stufenprinzip

1. Matching-Score
2. Genetische Ähnlichkeit
3. DLA-Kombinationen

Information wenn beide Hunde Träger
der gleichen Erkrankung sind

Take Home Message

- Beachtung genetischer Diversität in der Zucht
- Gesundheitliche Probleme aufgrund von Diversitätsverlust
- Genetische Diversität einzelner Gene – DLA
- Genetische Diversität basierend auf genetischen Markern
- Datenerhebung für zukunftsorientiertes Zuchtmanagement
- Unabhängigkeit von Pedigree Daten
- Beobachten & Bewerten von Zuchtstrategien

Kontakt

support@feragen.at

[+43 662 43 93 83](tel:+43662439383)

<https://feragen.at/dna-analyse/>

für Newsletter Registrierung bezüglich myFERAGEN Database

<https://feragen.at/kontakt>

Für Anfragen/Bestellung