Ulrike Hodapp

Begonnen hatte die Zusammenarbeit mit Feragen im Jahr 2021. Damals haben sich ca. 20 Züchter und Deckrüdenbesitzer bereiterklärt, Blutproben an Feragen zu schicken. Wir wollten sehen, wo die Belgier stehen.

Neben der DNA, den Gentests von Gesundheit, Fell- und Farbvererbung bietet Feragen noch die Berechnung des genomischen Inzuchtkoeffizienten, der Heterozygotie und der DLA-Haplotypenauswertung an.

Was muss man sich unter diesen Begriffen vorstellen?

Inzuchtkoeffizient

Der Inzuchtkoeffizient gibt die Wahrscheinlichkeit an, dass an einem Genort beide Allele vom selben Vorfahren stammen.

Um bei einem Hund oder einer Verpaarung zu sehen, wie stark der Hund ingezüchtet ist, wurde bisher der Inzuchtkoeffizient nach der Ahnentafel berechnet.

Diesen kann man über eine komplizierte Formel selbst berechnen oder in der Dogbase berechnen lassen. Er wird meist über die Ahnen von 5 Generationen ausgerechnet. Allerdings schaut man dabei auf die Namen der Hunde und nicht auf deren Gene. Und die sind ja bekanntlich bei den Geschwistern unterschiedlich. Der Hund hat ca. 20.000 Gene und jedes hat 2 Allele (eines von seinem Vater und eines von seiner Mutter). Auch der Vater und die Mutter haben natülich an jedem Genort 2 Allele von denen sie jeweils eins dem Nachkommen vererben. Welches der beiden Allele vom Vater und welches von der Mutter er nun geerbt hat, kann man in der Ahnentafel aber nicht sehen

Eine weitere Berechnung der Inzucht eines Hundes ist der Ahnenverlustkoeffizient. Dieser ist aber noch um ein Vielfaches unbedeutender, da hierbei nur die verschiedenen Ahnen in einer Ahnentafel gezählt werden.

Genomischer Inzuchtkoeffizient (GIK)

Anders läuft es bei der Berechnung des genomischen Inzuchtkoeffizienten. Dieser wird anhand von genetischen Markern (gewonnen durch Blut oder Speichel) festgestellt und gilt genau nur für diesen Hund - nicht für seine Geschwister. Berücksichtigt werden hierbei 6 Generationen.

Also: Je niedriger der GIK (IK) umso weniger ist der Hund ingezüchtet.

Heterozygotie

Die Heterozygotie gibt den Prozentsatz der *verschiedenen* genetischen Marker an, die ein Hund von seinen Eltern geerbt hat.

Also: Je höher der Prozentsatz, desto besser.

DLA-Haplotypen (Dog Leukocyte Antigen)

Die DLA-Haplotypen sind für das Funktionieren des Immunsystems mitverantwortlich. In der Nutztierzucht werden sie seit vielen Jahren bei der Zucht berücksichtigt. Drei DLA-Gene werden immer zusammen als Block vererbt (= Haplotyp). In der Hundezucht gibt es - je nach Rasse nur noch 2 bis 16Haplotypen.

Beim Belgier wurden 10gefunden. Bei einigen Rassen hat man festgestellt, dass ein bestimmter Haplotyp eine Autoimmunerkrankung begünstigt oder verhindert.

Man kann sich die DLA-Gene vielleicht als eine Gewürzsammlung vorstellen. Je mehr unterschiedliche Gewürze ich habe, umso mehr Gerichte kann ich herstellen.

Soll nun ein Hund mit reinerbigen (homozygoten) Haplotypen aus der Zucht ausgeschlossen werden? Nein! Auf keinen Fall! Es kommt ja auf die Haplotypen der Nachkommen an - und da kann man ja (neben ganz vielen anderen Faktoren) darauf achten, dass diese mischerbig (heterozygot) werden.

Also: Heterozygote Haplotypen helfen, das Immunsystem unserer Hunde zu stärken

Schauen wir uns nun an, was nach einem Jahr an Daten ausgewertet wurde: (beachten muss man hier, dass insgesamt noch nicht sehr viele Belgier und bisher nur wenige Laekenois ausgewertet wurden).

Genomischer Inzuchtkoeffizient: Der Rassedurchschnitt liegt beim Groenendael bei 11,86%

Laekenois bei 9% Malinois bei 5,81% Tervueren bei 12,70%

Heterozygotie: Der Rassedurchschnitt liegt beim Groenendael bei 32,89% Laekenois bei 34,71% Malinois bei 38,97% Tervueren bei 32,97%

DLA Haplotypen

Beim Belgier wurden 10 verschiedene Haplotypen gefunden.

Schauen wir uns einmal 2 Würfe an, bei denen mehrere Geschwister untersucht wurden

Wurf 1 Ontario x Rania

Name	GIK	Hete- rozy- gotie		DLA- DRB1	DLA- DQA1	DLA- DQB1
Ontario	16%	30%	Haploty I Haplotyp II	006:01 020:01	005011 004:01	007:01 013:03
Rania			Haploty I Haplotyp II	015:01 020:01	006:01 004:01	New 013:03

Nachkommen

Name	GIK	Hete- rozy- gotie		DLA- DRB1	DLA- DQA1	DLA- DQB1
Beninio	15%	33%	Haploty I Haplotyp II	015:01 020:01	006:01 004:01	New 013:03
Вао	15%	32%	Haploty I Haplotyp II	015:01 020:01	006:01 004:01	New 013:03
Benicio	18%	31%	Haploty I Haplotyp II	015:01 020:01	006:01 004:01	New 013:03
Bjella	10%	34%	Haploty I Haplotyp II	006:01 020:01	005011 004:01	007:01 013:03
Bonita	6 %	33%	Haploty I Haplotyp II	015:01 020:01	006:01 004:01	New 013:03
Baghira	14%	33%	Haploty I Haplotyp II	015:01 020:01	006:01 004:01	New 013:03
Bajana	18%	30%	Haploty I Haplotyp II	020:01 020:01	004:01 004:01	013:03 013:03

Wurf 2 Leon x Adele (Diversität und DLA wurde bei diesen beiden Hunden nicht ausgewertet)

Name	GIK	Hete- rozy- gotie		DLA- DRB1	DLA- DQA1	DLA- DQB1
Clara	5%	36%	Haploty I Haplotyp II	008:02 1501	003:01 006:01	004:01 New
Castello	6 %	35%	Haploty I Haplotyp II	008:02 1501	003:01 006:01	004:01 New
Camille	18%	30 %	Haploty I Haplotyp II	008:02 008:02	003:01 003:01	004:01 004:01
Caninia	13%	33%	Haploty I Haplotyp II	008:02 1501	003:01 006:01	004:01 New

Was sagen uns diese beiden Tabellen?

Schauen wir uns zunächst die **Inzuchtkoeffizienten** an. Wurf 1

Würde man den IK zu Rate ziehen. wie wir es bisher immer berechnet haben, hätte Wurf 1 einen IK von 0,59% - das ist sehr gut!! Schauen wir uns den **genomischen Inzuchtkoeffizienten** an, so sieht man, dass dieser von Welpe zu Welpe unterschiedlich ist - und zwar mit sehr deutlichen Unterschieden! Er liegt bei Bajana mit 18% deutlich über dem Rassedurchsschnitt (12,7%) und Bjella hat mit ihren 6 % einen sehr niedrigen GIK.

Wurf 2

Bei dieser Verpaarung liegt unser nach der Ahnentafel berechneter IK für diesen kompletten Wurf bei 1,17%.

Der Genomische Inzuchtkoeffizient zeigt bei diesen Geschwistern eine noch deulicher Spanne. Clara liegt mit ihrem GIK von 5 % sehr deutlich besser als der Rassedurchschnitt und Camille deutlich über diesem.

Heterozygotie

Hier ist die Steuung nicht so auffällig wie bei den GIK. Interessant ist jedoch, dass Bjella den höheren GIK als ihre Schwester Bonita hat, aber den "besseren" Heterozygotiewert.

Haplotypen

Wurf 1

Ich habe die verschiedenen Haplotypen bunt markiert. Beide Elterntiere sind mischerbig (=heterozygot), allerdings haben beide einen gleichen Haplotypen (blau)

Bei den Welpen sind 6 Welpen mischerbig (Bjella hat den Haplotyp 1 von ihrem Vater geerbt, die anderen 5 den ihrer Mutter). Ein Welpe - Bajana - ist reinerbig (homozygot). Sie hat den "blauen" Haplotyp von beiden Eltern geerbt.

Wurf 2

Hier sind die Eltern leider nicht ausgewertet.

3 Welpen sind bzgl. der DLA-Haplotypen mischerbig und Camille ist reinerbig.

Benutzen wir nun das "Matching-Tool" auf der Feragen-Seite

Hier kann man sich einen Rüden oder eine Hündin auswählen und die Paarungspartner dazu anzeigen lassen.

Der Matching Score sagt aus, wie gut 2 Paarungspartner (genetisch gesehen) zusammen passen. Je höher der Wert, desto größer ist die genetische Vielfalt der Welpen

	Lucky GIK 3% heterozygot	Mojito GIK 15% heterozygot	Quintano GIK 16% homozygot	Cazan GIK 6% heterozygot	Castello GIK 6% heterozygot	Pino GIK 20% heterozygot
Bonita GIK 6%	Match 100%	Match 93%	Match 91%	Match 88%	Match 84%	Match 80%
heterozygot	100% heteroz	100% heteroz	100% heteroz	100% heteroz	100% heteroz	50% heteroz 50% homoz
Bjella GIK 10%	Match 100%	Match 88%	Match 90%	Match 91%	Match 84%	Match 88%
heterozygot	100% heteroz	75% heteroz 25% homoz	50% heteroz 50% homoz	100% heteroz	100% heteroz	25% heteroz 75% homoz
Baghira GIK 14%	Match 100%	Match 90%	Match 90%	Match 91%	Match 84%	Match 88%
heterozygot	100% heteroz	100% heteroz	100% heteroz	100% heteroz	75% heteroz 25% homoz	50% heteroz 50% homoz
Bajana GIK 18%	Match 100%	Match 93%	Match 88%	Match 93%	Match 88%	Match 84%
homozygot	100% heteroz	100% heteroz	100% heteroz	100% heteroz	100% heteroz	50% heteroz 50% homoz

Was sehe ich nun in dieser Tabelle?

5 der gewählten Rüden sind bzgl. der DLA-Haplotypen mischerbig (heterozygot), Quintano ist reinerbig (homozygot).

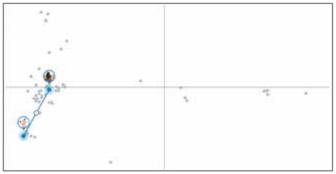
Außer bei Lucky können bei allen anderen Rüden bei einer Verpaarung mit diesen Hündinnen DLA-homozygote Welpen fallen - bei Pino sind mit diesen 4 Hündinnen keine heterozygoten Welpen möglich. Und die homozygote Bajana hat 4 Rüden, mit denen sie ausschließlich mischerbige Welpen bekommen kann.

Und Mojito und Castello - beide mischerbig - bekommen mit der mischerbigen Bjella und Baghira statistisch gesehen jeweils 25% reinerbige Welpen

Also: eine Reinerbigkeit bzgl. der DLA-Haplotypen sagt nichts über den Wert für die Zucht aus. Man muss sich die einzelnen Verpaarungen ansehen

Zucht und Haltung - DKBS

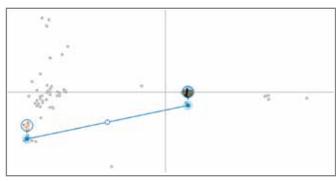
Lucky hat mit allen 4 Hündinnen mit einem 100% igen Match die besten Werte. (Es gibt noch 3 weitere Rüden, die bei allen Verpaarungen mit diesem B-Wurf ein 100% iges Match ergeben. Alle 4 haben Malinois in der Ahnentafel. Bei einem wurde die DLA nicht ausgewertet und 2 wurden über Arbeitslinien gezüchtet.)
Die jeweils zweitbesten Werte habe ich blau eingefärbt.
Sehr interessant finde ich, dass Bonita mit ihrem sehr niedrigen GIK von 6% mit dem über dem Rassedurchschnitt liegenden Mojito (15%) den selben Matching Score erreicht, wie ihre deutlich über dem Rassedurchnitt liegende Schwester Bajana (GIK von 18%).
Diese hat sogar mit Cazan einen zweiten guten Partner in der Liste. Aber das ist noch nicht alles. Es gibt da noch die



Pino x B-Wurf



Cazan x B-Wurf



Lucky x B-Wurf

Genetische Verteilung

Die genetische Verteilung stellt eine genetische Landkarte der Rasse dar. Jeder Punkt steht für ein Tier. Je näher die Punkte beieinander liegen, desto genetisch ähnlicher sind sich die Individuen. Die verglichenen Tiere sind hervorgehoben und mit einer blauen Linie verbunden. Der blaue Kreis in der Mitte der Linie zeigt die Region an, in der sich die Nachkommen dieser Verpaarung befinden werden. Im Idealfall fällt dieser Kreis in einen Bereich, in dem noch keine oder nur eine geringe Anzahl von Hunden vorhanden ist. Dies verbessert die genetische Vielfalt der Rasse und führt zu einer neuen Kombination des genetischen Materials der Elterntiere.

Schauen wir uns dazu die Bilder unten an:

Die Hunde links unten auf den Grafiken sind die 5 C-Hündinnen, die Rüden wechseln von Bild zu Bild.

Man sieht deutlich, dass Pino, Quintano, Cazan und Mojito und die C-Hündinnen deutlich näher beieinander liegen als bei Cazan und Lucky.

Die Welpen (kleiner blauer Kreis) werden bei einer Paarung mit den ersten 5 dieser Rüden in einem Bereich liegen, in dessen Nähe schon relativ viele Belgier angesiedelt sind.

Anders sieht es bei Lucky aus. Hier liegen die künftigen Welpen im "genetischen Niemandsland der Belgier".



Quintano x B-Wurf



Mojito x B-Wurf



Castello x B-Wurf

Wie sieht das bei Wurf 2 aus?

	Lucky GIK 3% heterozygot	Mojito GIK 15% heterozygot	Barollo GIK 9% heterozygot	Nayko GIK 14% heterozygot	Cazan GIK 6% heterozygot	Pharon GIK 19% heterozygot	Pino GIK 20% heterozygot
Clara GIK 5%	Match 100%	Match 95%	Match 94%	Match 93%	Match 90%	Match 91%	Match 90%
heterozygot	100% heteroz	75% heteroz 25% homoz	75% heteroz 25% homoz	1000% ho- moz	100% heteroz	100% heteroz	75% heteroz 25% homoz
Caninia GIK 13%	Match 100%	Match 91%	Match 95%	Match 94%	Match 95%	Match 92%	Match 94%
heterozygot	100% heteroz	75% heteroz 25% homoz	75% heteroz 25% homoz	50% heteroz 50% homoz	25% heteroz 25% homoz	100% heteroz	5% heteroz 25% homoz
Camille GIK 18%	Match 100%	Match 94%	Match 95%	Match 93%	Match 95%	Match 88%	Match 84%
homozygot	100% heteroz	50% heteroz 50% homoz	50% heteroz 50% homoz	50% heteroz 50% homoz	50% heteroz 50% homoz	100% heteroz	100% heteroz

Hier liegen die Matching Scores insgesamt deutlich besser - zumal ich noch ein paar Rüden weggelassen habe, die bei einer der Hündinnen bei den guten Werten zu finden sind.

Auch bei diesem Wurf liegt Lucky (mit den selben 3 anderen nicht aufgeführten Rüden wie bei Wurf 1) mit 100% an der Spitze. Aber diese C-Hündinnen haben viel mehr Rüden zur Auswahl, die einen Matching Score über 90% ergeben.

Schlechter ist die Ausbeute aber hier was die Heterozygotie der DLA-Gene betrifft. Mit Lucky und Pharon werden alle Welpen mischerbig sein, Clara und Nayko passen - die DLA-Gene betreffend - nicht

Und man sieht auch hier deutlich: Camille mit ihrem recht hohen GIK findet mehr Deckpartner mit gutem Matching Score als ihre Schwester Clara mit ihrem sehr niedrigen genomischen Inzuchtkoeffizienten.



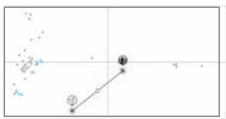
Barollo x C-Wurf = Mojito, Cazan und Pino



Pharon x C-Wurf



Nayko x C-Wurf



Lucky x C-Wurf

Betrachtet wir die genetische Verteilung:

Die Hündinnen aus dem C-Wurf sind jeweils ganz unten auf den

Barollo, Mojito, Cazan und Pino liegen ganz nah beieinander. Dies kann man ja auch auf den Abbildungen bei Wurf 1 erkennen. Pharon liegt etwas daneben und Nayko noch ein Stückchen weiter weg. Obwohl alle 6 Rüden sich in dem Pulk anderer Belgier befinden, werden die Welpen aus diesen Verpaarungen in einem Bereich zu finden sein, wo bisher keine Belgier angesiedelt sind. Das gilt auch bei einer Paarung mit Lucky, der ja selbst schon abseits liegt.

Fazit:

Was nutzt mir dies nun bei der Paarungsplanung?

Zunächst ganz wichtig!

Keine Partnerwahl basierend auf einem Kriterium!

Welche Kriterien haben wir?

- Gesundheit

Wie sehen die für Belgische Schäferhunde möglichen Gentests aus? Passen da die beiden Paarungspartner zusammen?

Kann ein Paarungspartner evtl. Wesensunsicherheiten meines Hundes ausgleichen?

- Standard

Hat der ausgesuchte Partner die gleichen Standarddefizite wie mein Hund? Hier helfen Richterberichte von Spezialzuchtrichtern, die Nachzuchtbeurteilungsbögen und die Körberichte (Beides in der Dogbase zu finden)

- DLA-Haplotypen

Wie groß ist das Risiko, homozygote Welpen zu bekommen?

- Matching Score

Wie gut passen die beiden Partner die Diversität der Welpen betreffend zusammen?

- Genetische Verteilung

Werden die Welpen des geplanten Wurfes in einem Bereich angesiedelt sein, in dem schon viele Belgier liegen oder werden sie neue Bereiche erschließen?

Ihr seht, es sind viele Kriterien mit teilweise für jeden Züchter anderer Gewichtung.

Und was man nicht vergessen darf ist das Bauchgefühl!