

# Genetische Diversität für die Zuchtpraxis

FERAGEN GmbH

Dr. Anja Geretschläger



# Übersicht

- **Einführung Genetische Diversität**
  - Komplexe Erkrankungen
  - Ursachen Diversitätsverlust in der Hundezucht
- **DLA-Gene**
  - Funktion von DLA-Genen
  - Autoimmunerkrankungen
  - Warum sie wichtig sind
  - Züchterischer Aspekt
- **Genetische Diversität im Allgemeinen**
  - Möglichkeiten zur Erhaltung
  - Praktische Anwendung in der Zucht

# Die Hundezucht krank

Bekannte genetische  
Erkrankungen/Merkmale  
**ca. 969**

Testbare genetische  
Erkrankungen/Merkmale  
**ca. 326**

Viele Erkrankungen können aufgrund der Komplexität nicht getestet  
werden

<https://www.omia.org/home/>

# Absolute Erbfehler vs. Genetische Disposition

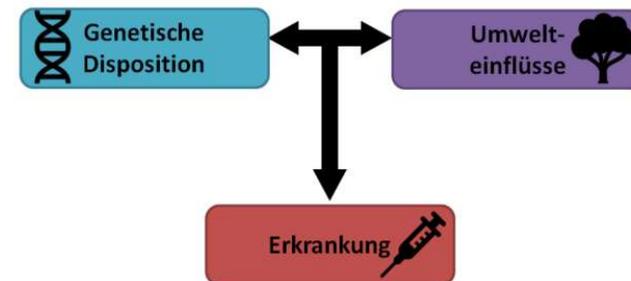
## ABSOLUTE ERBFEHLER:

- Tiere, die die genetische Erkrankung in entsprechender Form tragen und den Defekt zeigen werden
- Ausbruch ist unabhängig von belastenden Umwelteinflüssen

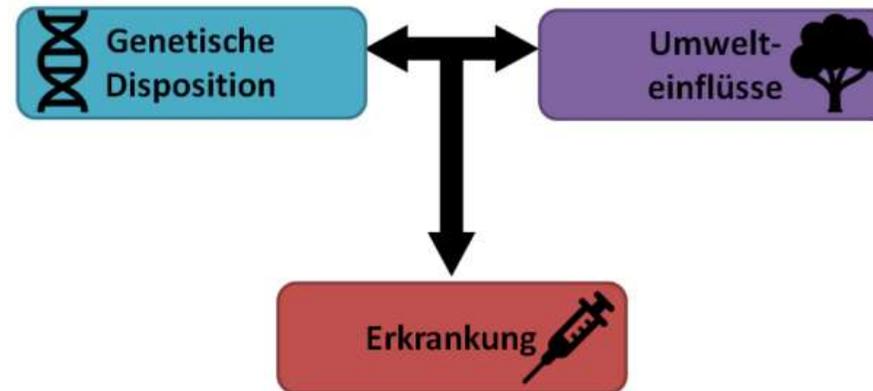
## GENETISCHE DISPOSITIONEN:

- Der genetische Defekt alleine führt zu keiner Erkrankung
- Braucht die Kombination aus genetischer Disposition und belastenden Umwelteinflüssen

Multifaktoriell  
Mehrere Gene  
Umweltfaktoren Ernährung,  
Lebensstil und Exposition  
gegenüber bestimmten  
Substanzen



# Komplexe Erkrankungen



Multifaktoriell  
Mehrere Gene  
Umweltfaktoren Ernährung, Lebensstil und  
Exposition gegenüber bestimmten Substanzen

# Komplexe Erkrankungen

Erkrankung	Erbgang	Potentielle Kandidatengene
Hüftdysplasie	multifaktoriell	FBX025, IL1A, IL1B, COL27A1, SPRED2 (HD), UGDH, FAF1 (ED), TGIF2 (ED & ACL rupture), and IL22, IL26, CSMD1, LDHA, TNS1
Ellbogendysplasie	multifaktoriell	FBX025, IL1A, IL1B, COL27A1, SPRED2 (HD), UGDH, FAF1 (ED), TGIF2 (ED & ACL rupture), and IL22, IL26, CSMD1, LDHA, TNS1
Patellaluxation	multifaktoriell	DAG1
Kryptorchismus	multifaktoriell	6 putative genomic candidate regions on CFA6, 9, 24, 27 and X
Krebs (Osteosarkom)	multifaktoriell	CDKN2A/B locus

# 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

## *Erhalt der genetischen Diversität zur Vermeidung von komplexen genetischen Erkrankungen*

Positive Auswirkungen einer hohen genetischen Diversität:

- 1. Reduzierung der Inzuchtdepression:** hohe genetische Diversität zur Minimierung von Inzuchtdepression
- 2. Verminderung genetischer Defekte:** breiter Genpool verdünnt schädliche rezessive Gene. Hohe Diversität verringert die Wahrscheinlichkeit, dass schädliche Gene in homozygoter Form auftreten.
- 3. Stärkung der Immunantwort:** Hohe Diversität trägt zu einer robusten Immunantwort bei. Es gibt eine breitere Palette von Immunsystemvariationen, was die Bekämpfung von Krankheiten verbessert.
- 4. Anpassungsfähigkeit:** Genetische Vielfalt ermöglicht es Populationen, sich besser an Umweltveränderungen anzupassen

## Komplexe Erkrankungen & Genetische Diversität



## Ursachen Verlust der genetischen Diversität

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



# Genetischer Flaschenhals

Verminderung der genetischen Diversität durch ein bestimmtes Ereignis

<https://www.expil.com/t/what-is-the-bottleneck-effect-definition-examples-10503>

Image source: By Gabi Slizewska

# Genetische Flaschenhäse



## Domestikation

Erster Flaschenhals

15.000 v. Chr.

Anpassung an wechselseitige  
Beziehung zum Menschen



## Etablierung von Rassen

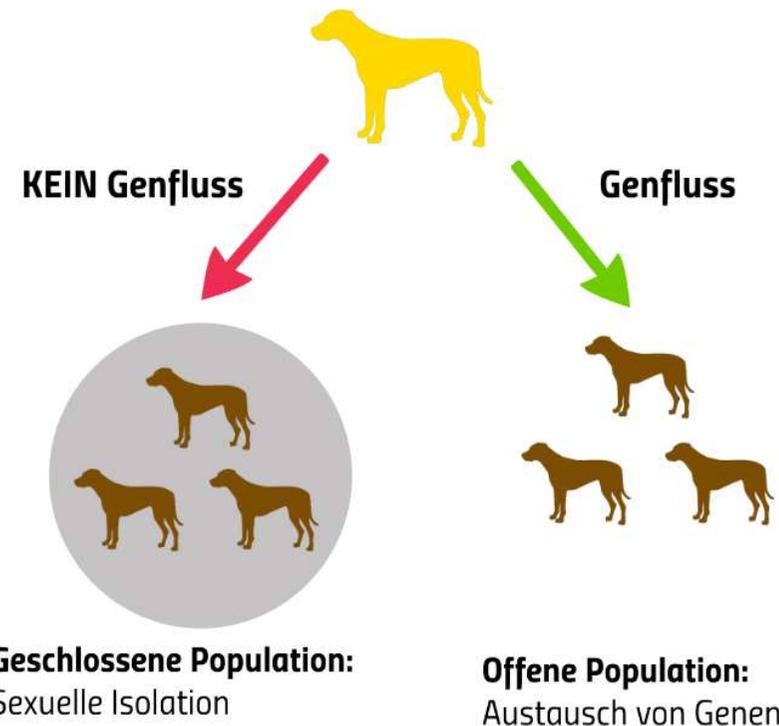
Einhaltung von Standards

Wettbewerbe

Hundausstellungen

Streben nach idealer Rasseform

Etablierung von  
Rassen  
=  
Geschlossene  
Zuchtpopulation



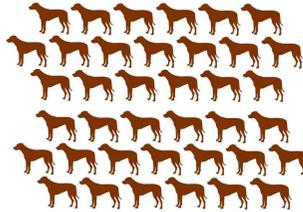
Gezielte Selektion – Ausschluss von genetischem Material  
Rasseideale führen zu einer weiteren genetischen Isolation  
Subpopulationen können gen. Diversität innerhalb von Rassen einschränken

## Rassestandards

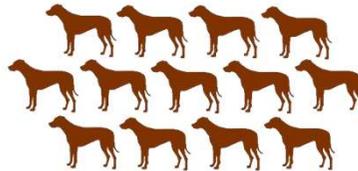
- Extreme Standardisierung von Rassen
  - Übertriebene morphologische und funktionelle Merkmale
  - Verringerung der Effektiven Zuchtpopulation

# Effektive Zuchtpopulation

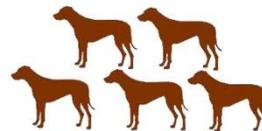
Gesamtpopulation



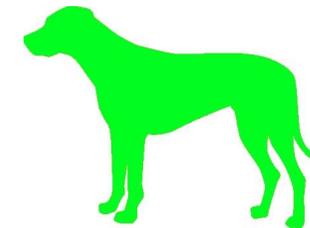
Für die Zucht vorgesehen



Gesundheitliche Voraussetzungen



Gesundheitliche + Phänotypische  
Voraussetzungen

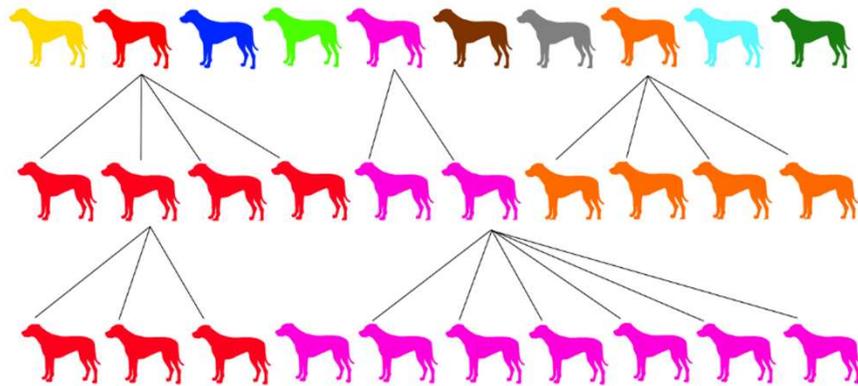


Nur wenige Hunde gehen  
tatsächlich in die Zucht und  
geben ihr genetisches  
Material weiter

Berechnung Effektive  
Zuchtpopulation:

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

Ne – effektive Zuchtpopulation  
 Nf – Zahl der weibliche Tiere einer Population  
 Nm – 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



- Erhöhtes Risiko für genetische Erkrankungen
- Reduzierte Fortpflanzungsfähigkeit
- Schwächung des Immunsystems
- Verlust funktioneller Vielfalt
- Verminderte Langlebigkeit
- Geringere Anpassungsfähigkeit

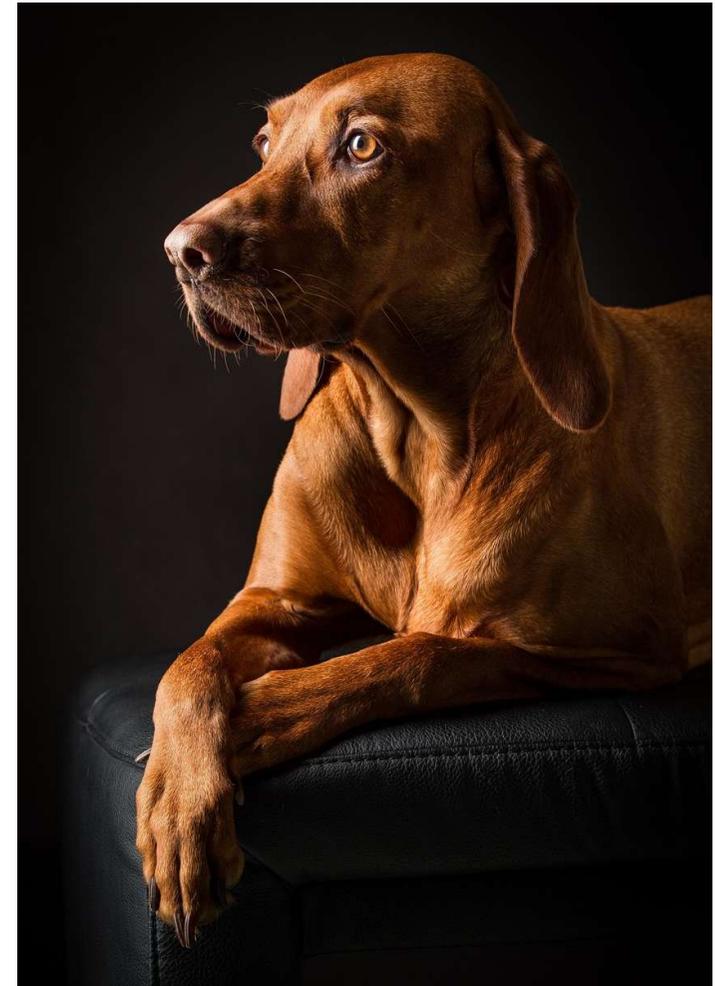
# Mögliche Lösungsansätze

**Gezielte Zuchtplanung** zur Vermeidung von Inzucht

**Genetische Tests** zur Erhaltung der Vielfalt

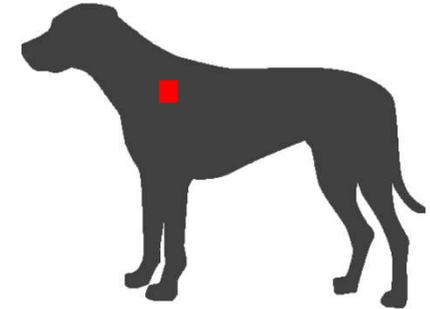
**Matching-Programme** zur Optimierung von Verpaarungen

**Gezieltes Outcrossing** zur Diversitätssteigerung

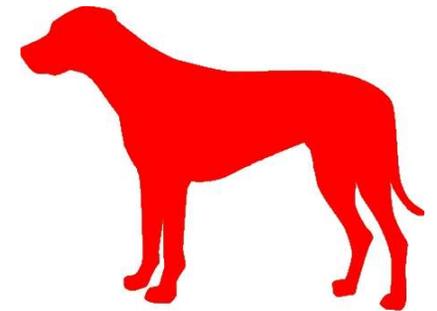


# Basisdaten für Genetische Diversität

Basierend auf einzelnen Genen  
DLA-Gene



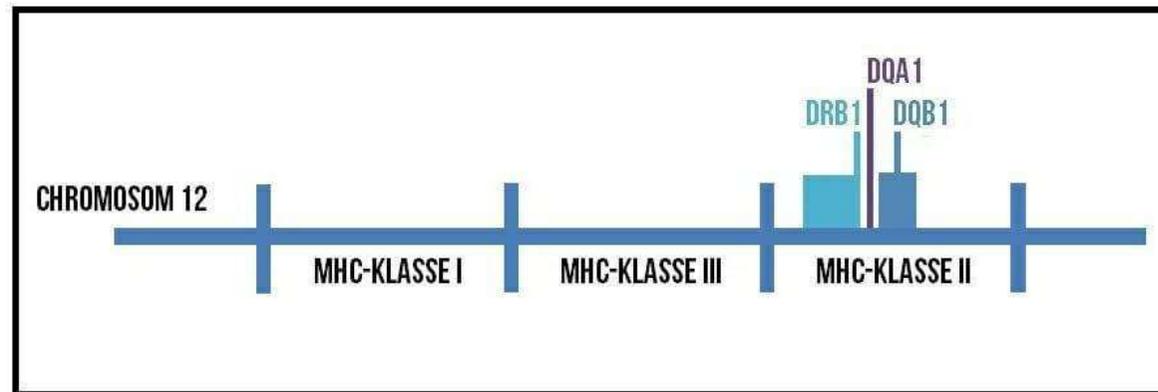
Basierend auf gesamter DNA  
tausende genetische Marker



# DLA - Dog Leukocyte Antigen

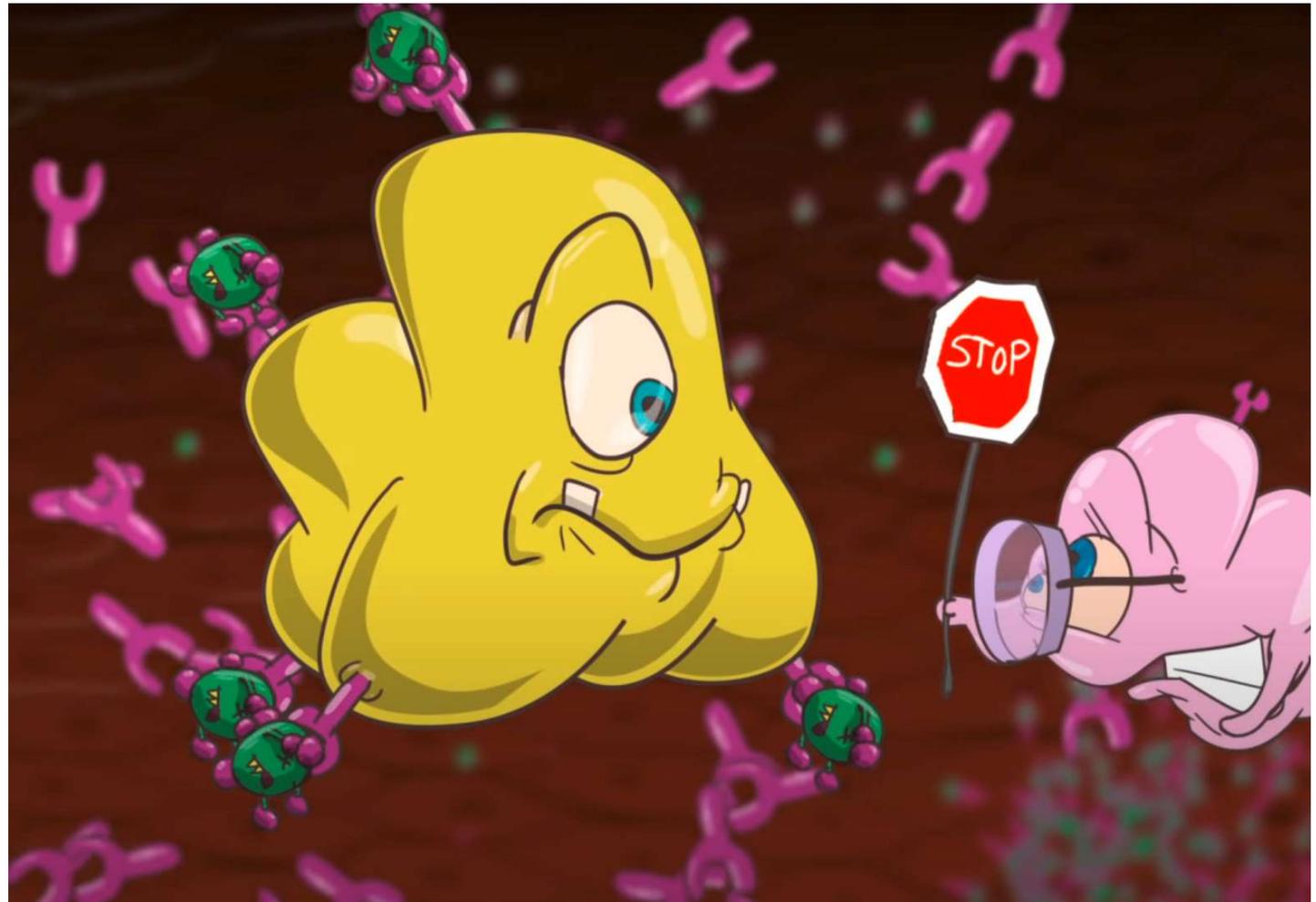
- Unerlässlicher Bestandteil des Immunsystems
- Zusammenhang mit Autoimmunerkrankungen

## MHC II – Major Histocompatibility Complex II



# Autoimmun- erkrankungen

Das Immunsystem  
richtet sich gegen  
den eigenen Körper



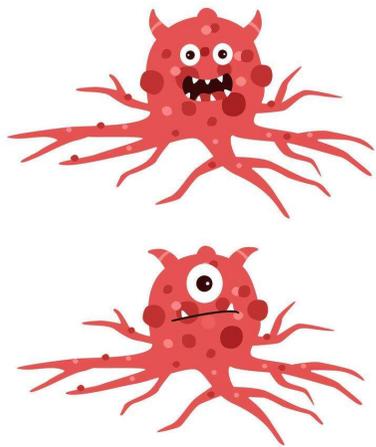
# Autoimmun- erkrankungen

## 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



# Krebs



MHC-Klasse-II-Gene haben eine unterstützende Funktion in der Krebserkennung. Ihre Rolle ist weniger direkt, aber entscheidend für die Aktivierung und Regulation der Immunabwehr.

Eine kombinierte Dysfunktion von anderen Faktoren des Immunsystems und MHC-II kann die Effizienz des Immunsystems erheblich beeinträchtigen und das Fortschreiten von Krebs erleichtern.

## Infektions- krankheiten

Eine hohe DLA-Diversität kann die Fähigkeit erhöhen, verschiedene Krankheitserreger zu bekämpfen.

- **Leishmaniose:** Studien zeigen, dass bestimmte DLA-Allele mit einer höheren Resistenz korrelieren.
- **Babesiose:** Hunde mit spezifischen DLA-Allelen scheinen weniger schwer betroffen zu sein.

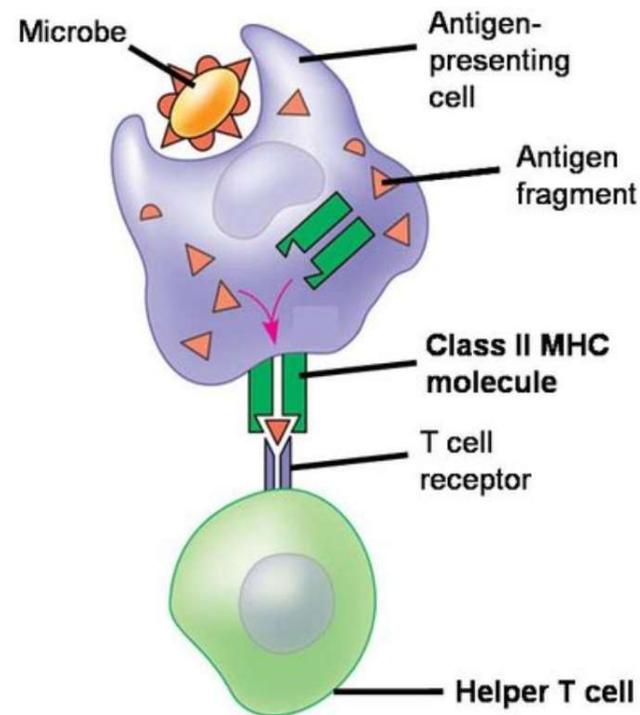


## Bedeutung der DLA-Gene

### Hohe DLA-Diversität:

- Hunde mit einer größeren Vielfalt an DLA-Allelen haben ein besseres Repertoire an Immunantworten.
- Sie können Antigene (z. B. von Viren, Bakterien oder Parasiten) effizienter erkennen und darauf reagieren.
- Dies reduziert die Wahrscheinlichkeit schwerwiegender Infektionen oder chronischer Erkrankungen.

# DLA- Proteine



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

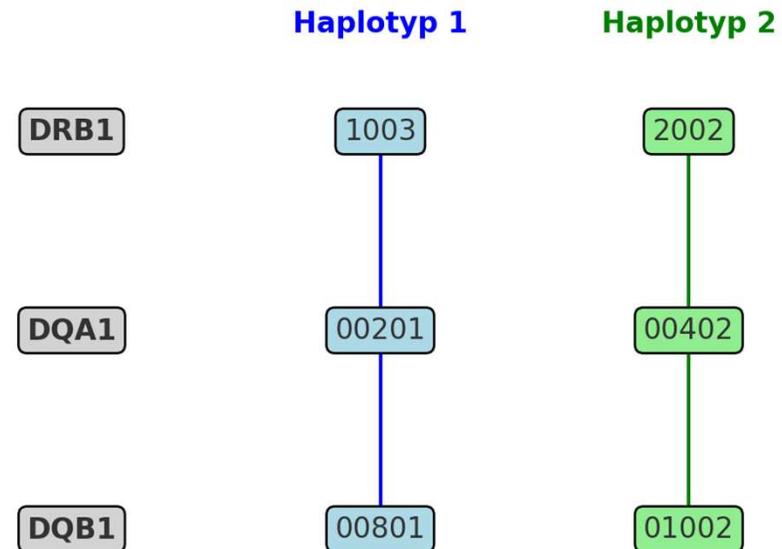
Was das Immunsystem erkennt hängt vom Bauplan in den DLA-Genen ab

# Was ist ein Haplotyp?

Ein DLA-Haplotyp besteht aus drei Genen:  
 DRB1 (~ 250 Varianten)  
 DQA1 (~ 120 Varianten)  
 DQB1 (~ 45 Varianten)

Ein Haplotyp ist eine feste Kombination aus DRB, DQA und DQB.

## DLA-Haplotypen: Kombination aus drei Genen (DRB, DQA, DQB)



DLA-DRB1\*004:01  
DLA-DRB1\*004:02  
DLA-DRB1\*004:03  
DLA-DRB1\*005:01

```

--- --- --G --T -CC A-T TT- --C --- --- --C --- ---
--- --- --G --T -CC A-T TT- --C --- --- --C --- ---
--- --- --G --T -CC A-T TT- --C --- --- --C --- ---
--- --- --- --- --A --T T-- --- T-- --- --C --- ---
  
```

**Einschränkung  
der Diversität  
bei zahlreichen  
Rassen**

Beim Hund sind **> 300 verschiedene  
DLA-Haplotypen** bekannt

Pro Rasse sind im Durchschnitt

**7**

vorhanden

## Wer ist der Wichtigste?



**DRB1** ist der Hauptdeterminant für die Antigenbindung liefert.

Vielfalt in DRB1 bestimmt maßgeblich, welche Antigenpeptide gebunden und präsentiert werden können.

Studie von Kennedy et al. Unterstreicht, dass DRB1 die größte genetische Variabilität unter den DLA-Genen aufweist.

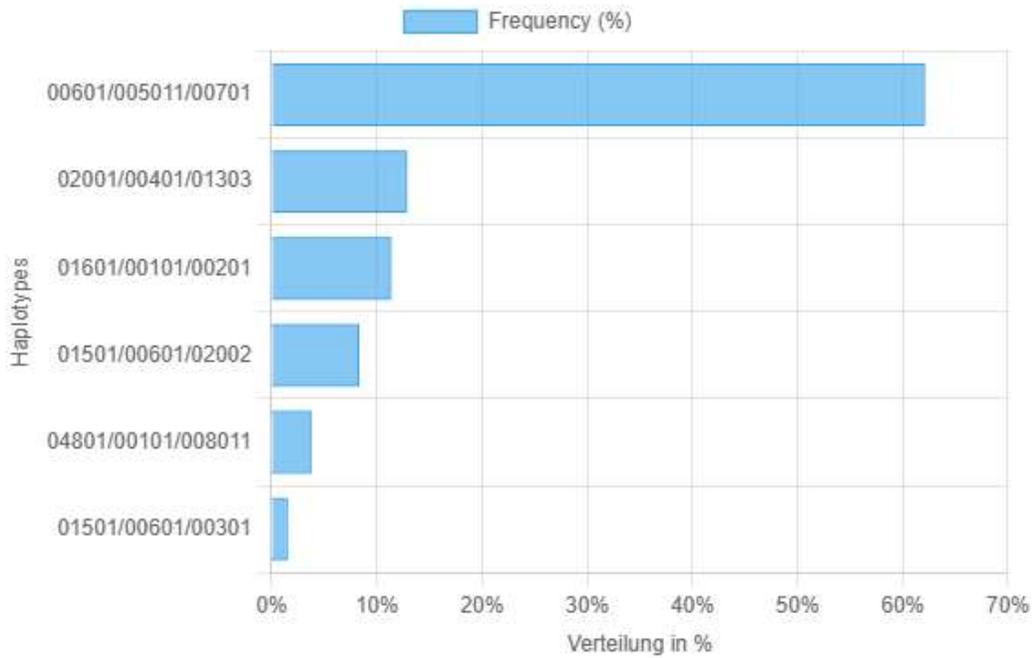
DRB1 zeigt auch die größte Anzahl an Varianten.

	1	5	10	15	20	25	30
DLA-DRB1*001:01	CAC	ATT TCT TGG	AGG TGG CAA AGT CCG	AGT GCT ATT TCA CCA	ACG GGA CGG AGC GGG	TGC GGT TCG TGG AAA	GAT ACA TCC ATA ACC GGG
DLA-DRB1*001:02	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*001:03	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*001:04	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*001:05	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*001:06	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*001:07	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*001:08	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*002:01	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*002:02	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*002:03	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*002:04	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*003:01	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*003:02	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*004:01	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*004:02	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*004:03	---	---	---	---	---	---	---
DLA-DRB1*005:01	---	---	---	---	---	---	---

# Hochvariable Allele

# Berner Sennenhund

DLA Haplotypen Verteilung - Berner Sennenhund



## Prozentuale Verteilung der DLA-Haplotypen für Berner Sennenhund

Haplotype	Frequency (%)
00601/005011/00701	62.1%
02001/00401/01303	12.9%
01601/00101/00201	11.4%
01501/00601/02002	8.3%
04801/00101/008011	3.8%
01501/00601/00301	1.5%

# Dominante Haplotypen

## Definition

Kommen innerhalb der Rasse besonders häufig vor.

## Entstehung

Werden durch **Flaschenhalseffekte** begünstigt (Gründungsphase der Rasse) oder durch stark selektive Zucht.

## Risiken

Hohe Frequenz führt zur Einschränkung genetische Vielfalt. Erhöht das Risiko immunvermittelter Erkrankungen.

Beispiel: Häufung bestimmter Autoimmunerkrankungen in Rassen.

# Seltene Haplotypen

## Definition

Seltene Haplotypen sind nur bei wenigen Individuen vertreten und tragen zur genetischen Vielfalt bei.

## Entstehung

Durch Mutation oder durch geringe Repräsentation von Gründertieren in der Zuchtpopulation.

## Bedeutung

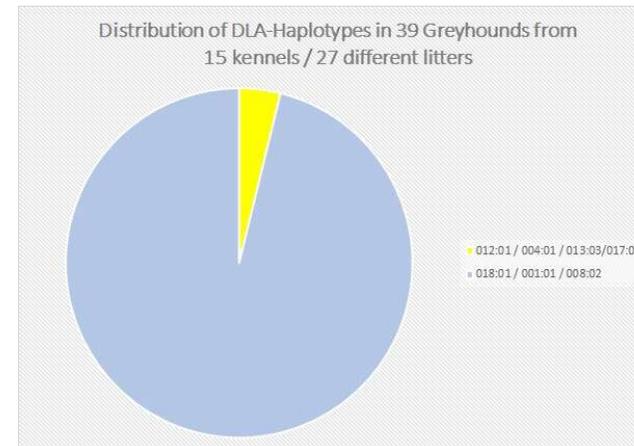
Sind für die **Aufrechterhaltung der genetischen Diversität** besonders wertvoll. Sie können helfen, das Immunsystem der Rasse langfristig stabil zu halten und das Risiko einer genetischen Verarmung zu mindern.

## Herausforderungen

Inzucht oder enge Zuchtpraktiken können seltene Haplotypen zurückdrängen oder verschwinden lassen.

# Haplotypen in verschiedenen Rassen

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





# Geografische Varianzen

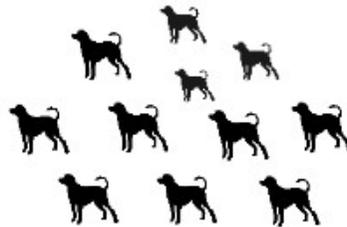
## Geografische Varianzen

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 Heterozygotie in den DLA-Genen wichtig ist?

- Unerlässlicher Bestandteil des Immunsystems
- Effektivere Erkennung von Pathogenen
- Erhöht die Wahrscheinlichkeit dass neue oder mutierte Krankheitserreger erkannt werden
- Vermeidung von Autoimmunerkrankungen
- Mindestanzahl von Haplotypen ist für das langfristige Überleben einer Population notwendig
- Limitierte Anzahl erhöht die Gefahr einer Auslöschung der Rasse durch neue Erkrankungen

# Wettrüsten mit Krankheits- erregern

- Krankheitserreger entwickeln Strategien, um das Immunsystem des Wirts zu umgehen.
- Gleichzeitig passt sich das Immunsystem an, indem es Varianten bevorzugt, die Erreger besser erkennen und bekämpfen.
- Hohe genetische Variabilität entsteht durch evolutionären Druck, der durch Krankheitserreger ausgeübt wird.
- Individuen mit seltenen oder heterozygoten DLAs haben oft einen Überlebensvorteil, da sie Krankheitserreger erkennen können, die bei anderen Individuen möglicherweise unbemerkt bleiben.

# 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

Einkreuzungs-  
projekt  
ProKromfohländer

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



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

Dansk/Svensk Gardhund



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



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



**Reinrassig**  
Gen. COI – 22 %  
Heterozygotie – 34 %

2013

**Poodle X kromfohländer**

Sire: FIN CH FI ACH FI ACH-J  
CRUSEA'S HARD-CORE

Dam: SM-13 FI ACH FI ACH-J  
KRUMME FURCHE  
YOLANDER



# Kromfohländer Einkreuzung Finnish Kennel Club



Bingis Bagheera



Bingis Baloo



Bingis Bamse



Bingis Barbabeau



Bingis Basil



Bingis BobTheBuilder



Bingis Bolt

2014

**Parson Russel X kromfohländer**

Sire: C.I.B POHJ MVA FIN  
MVA SE MVA FI AVA FI AVA-  
H POHJ AVA NO MVA EE  
MVA NO AVA SE AVA(H) SE  
AVA JACKVILLE GLENNY

Dam: C.I.B FI MVA EE MVA  
LV MVA LT MVA BALT MVA  
LTV-09 JAZZMO FUNK



Raasillan  
CarpeDiem



Raasillan  
Champ



Raasillan  
Champagne



Raasillan  
Chestnut



Raasillan  
Chic



Raasillan  
Crescent



Raasillan  
Cruiser



Raasillan  
Celavie

2014

**Tibetan Terrier X kromfohländer**

Sire: FI CH TIBICINAN  
EMPEREUR RESOLU

Dam: FI CH EE CH  
ANDROMEDA



Alobelin  
EmperorHeterozygous



Alobelin  
EmperorHybrid



Alobelin  
EmperorMedley



Alobelin  
EmpressAssemblage



Alobelin  
EmpressCocktail



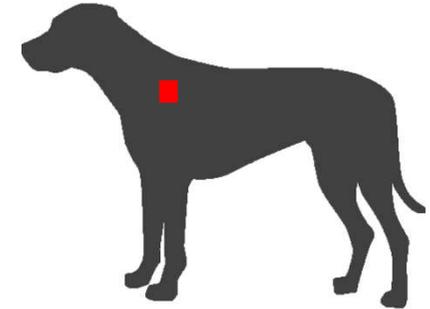
Alobelin  
EmpressMelange



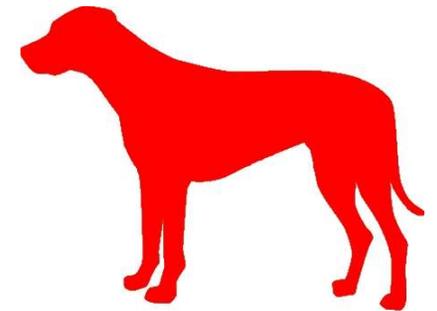
Alobelin  
EmpressSynthesis

# Basisdaten für Genetische Diversität

Basierend auf einzelnen Genen  
DLA-Gene



Basierend auf gesamter DNA  
tausende genetische Marker



# Modernes Zucht- management

- Genetische Daten erfassen – Grundlage für fundierte Entscheidungen
- Genetische Vielfalt einer Rasse bewerten – Risiken erkennen & vermeiden
- Gezielte & nachhaltige Zuchtplanung – Vermeidung von Inzucht & Erbkrankheiten
- Effiziente Nutzung genetischer Ressourcen – Langfristige Gesundheit der Rasse sichern
- Individuelle & rasseweite Informationen nutzen – Optimale Paarungsentscheidungen treffen

# Genetische Diversität auf Gesamt-DNA- Ebene

## Keine Einzelgen-Betrachtung – Analyse von tausenden genetischen Markern!

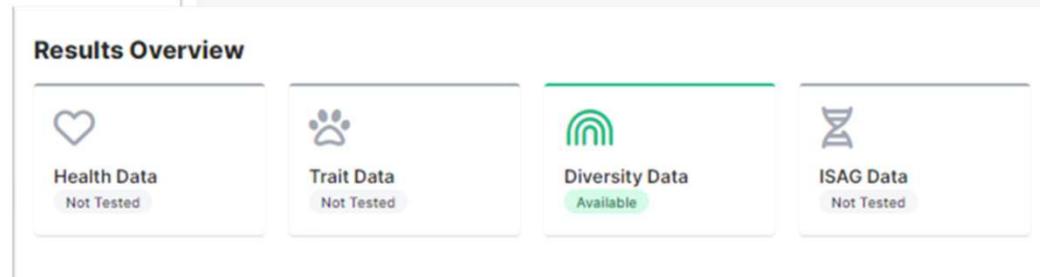
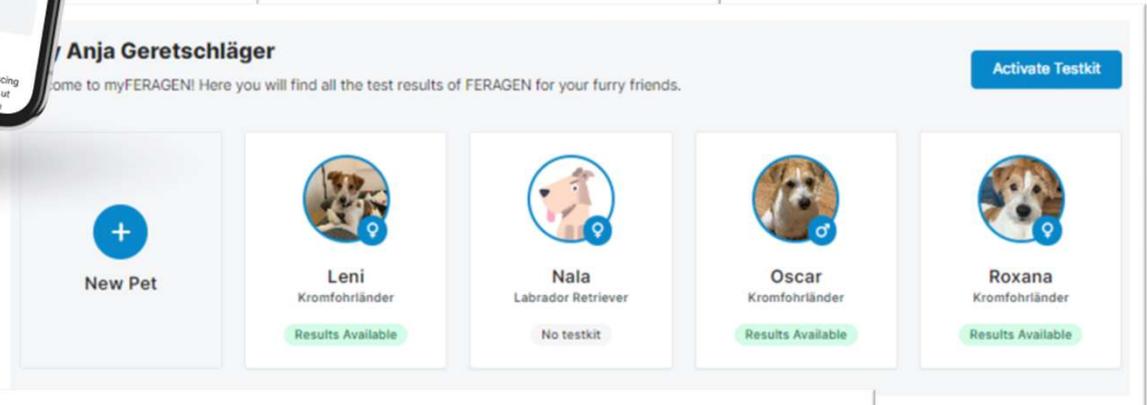
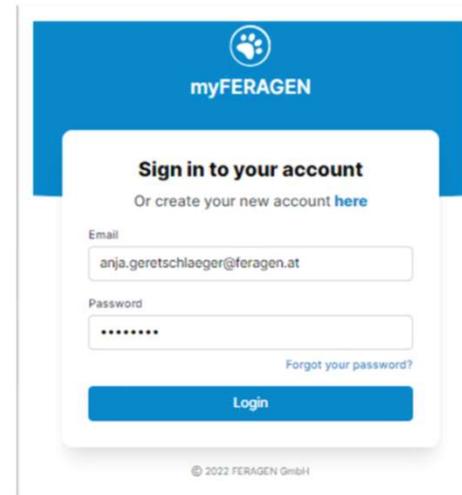
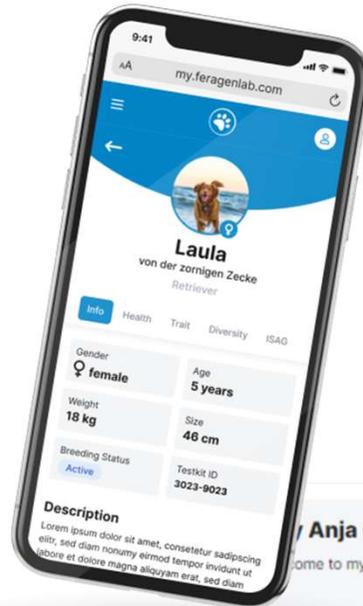
### Ziele:

**Genetische Diversität bestimmen** – Erhalt der Vielfalt und Gesundheit der Population

**Optimale Zuchtpartner finden** – Hunde mit geringer Verwandtschaft identifizieren

**Inzuchtkoeffizient (IK) berechnen** – Vermeidung genetischer Engpässe

# myFERAGEN Plattform



# Genetisches Screening

## DogCheck 4.0

### Erhebung nachfolgender Informationen

- Erbliche Erkrankungen
- Fellfarben
- Fellbeschaffenheit
- Körpermerkmale
- Genetische Diversität

## Einzelanalysen von Genetische Erkrankungen / Merkmale

- Testung von einer bestimmten Erkrankung oder eines Merkmals
- Jede Rasse hat rassespezifische Erkrankungen
- Anzahl der Erkrankungen/Merkmale ist abhängig von der Rasse
- Selektiv
- Kostspielig

## Wann ist eine Erkrankung testbar?

- Die genetische Ursache muss bekannt sein
- In der Regel monogene Erbgänge
- Analyseverfahren muss durchführbar sein
- Kann in jedem Alter getestet werden

# Genetische Screenings

## Vorteile genetischer Screenings in der Hundezucht

- **Umfassende & kosteneffiziente Testung** – Über 200 genetische Erkrankungen & Merkmale prüfbar
- **Früherkennung von Erbkrankheiten** – Risiken minimieren, bevor Symptome auftreten
- **Verhinderung unbemerkter Krankheitsverbreitung** – Erhalt einer gesunden Population
- **Gezieltes Management neuer Erkrankungen** – Kontrolle ohne genetische Vielfalt zu gefährden
- **Evidenzbasierte Zuchtentscheidungen** – Bessere Planung für eine langfristig gesunde Zucht

# DogCheck 4.0

**154** frei

Genetische Erkrankungen, welche nicht nachgewiesen werden konnten.

**0** Gefährdet

Genetische Erkrankungen, welche nachgewiesen wurden und potentiell eine klinische Relevanz haben.

**0** Träger

Genetische Erkrankungen, die festgestellt wurden, aber keine Auswirkungen auf die Gesundheit haben.

## Rassespezifische Ergebnisse

Relevante genetische Erkrankungen für die Rasse von Caya des deux diadèmes

 <b>Kardiomyopathie, Juvenile Mortalität (Belgischer Malinois)</b> CJM	Kategorie <b>Herz</b>	Gen <b>YARS2</b>	Genotyp <b>WT/WT</b>	frei
 <b>Spongiöse Degeneration mit zerebellärer Ataxie 1 (Belgischer Malinois)</b> SDCA1	Kategorie <b>Neurologie</b>	Gen <b>KCNJ10</b>	Genotyp <b>WT/WT</b>	frei
 <b>Spongiöse Degeneration mit zerebellärer Ataxie 2 (Belgischer Malinois)</b> SDCA2	Kategorie <b>Neurologie</b>	Gen <b>ATP1B2</b>	Genotyp <b>WT/WT</b>	frei
 <b>Ataxie, CNS Atrophie mit zerebellärer Ataxie (Belgischer Malinois)</b> CaCa	Kategorie <b>Neurologie</b>	Gen <b>SELENOP, SEPP1</b>	Genotyp <b>WT/WT</b>	frei
 <b>Zerebelläre Ataxie (Belgischer Schäferhund)</b> CA1	Kategorie <b>Neurologie</b>	Gen <b>RALGAPA1</b>	Genotyp <b>WT/WT</b>	frei

## Weitere Ergebnisse

Genetische Erkrankungen welche sich nicht auf die Rasse des Tieres beziehen

[Alle anzeigen](#)



**Neuromuskulär**  
9 getestete Erkrankungen  
frei



**Atmung**  
2 getestete Erkrankungen  
frei



**Zähne**  
3 getestete Erkrankungen  
frei



**Muskulatur & Skelett**  
32 getestete Erkrankungen  
frei

# 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:

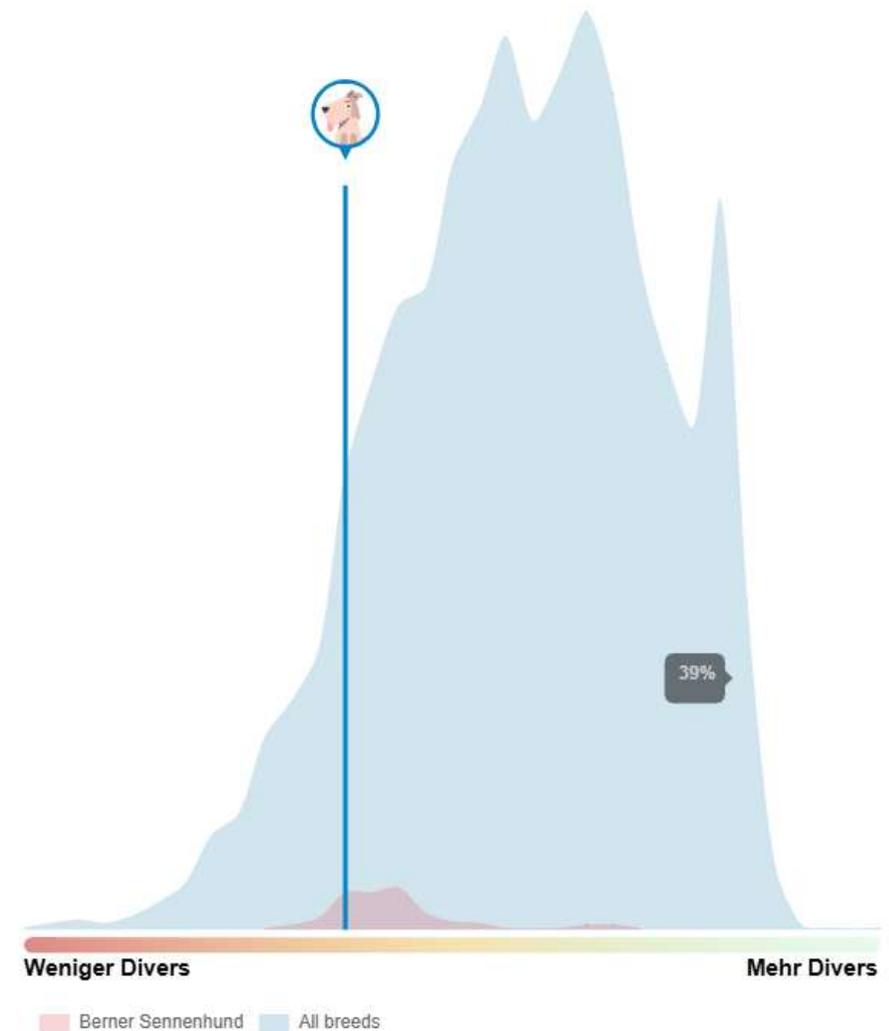
Je höher der Wert, umso höher der Grad der Heterozygotie

Je nach Rasse unterschiedlich  
Direkter Zusammenhang mit IK  
Je niedriger HET umso höher Inzuchtgrad

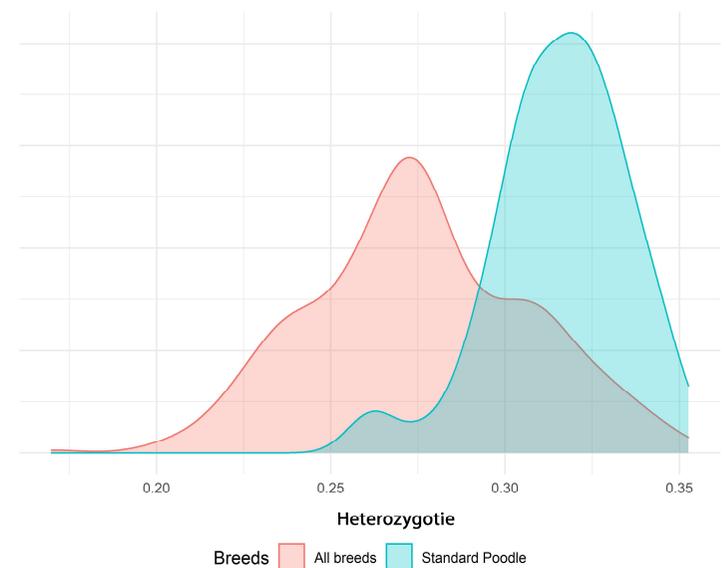
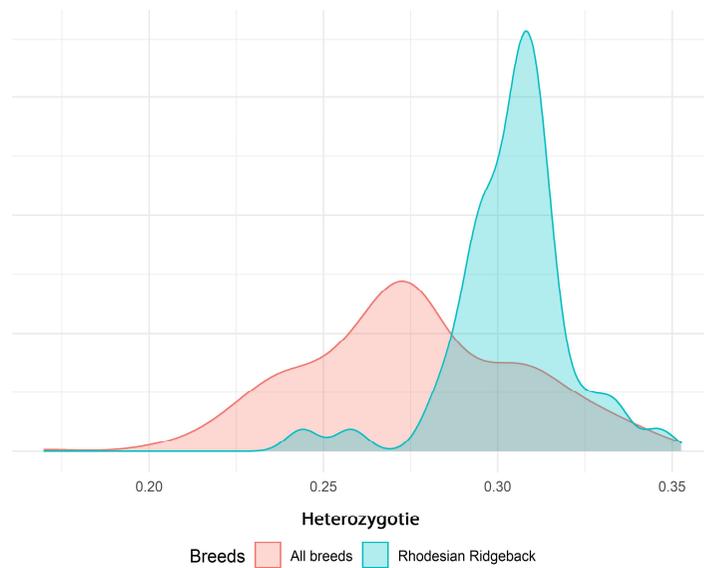
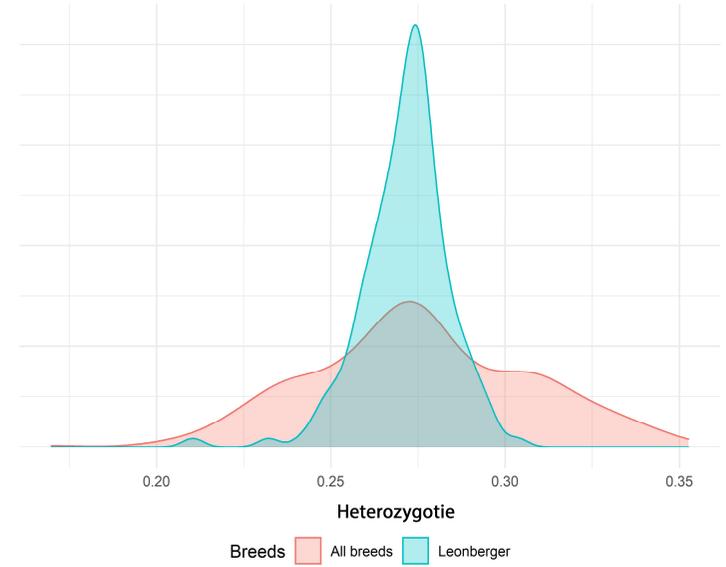
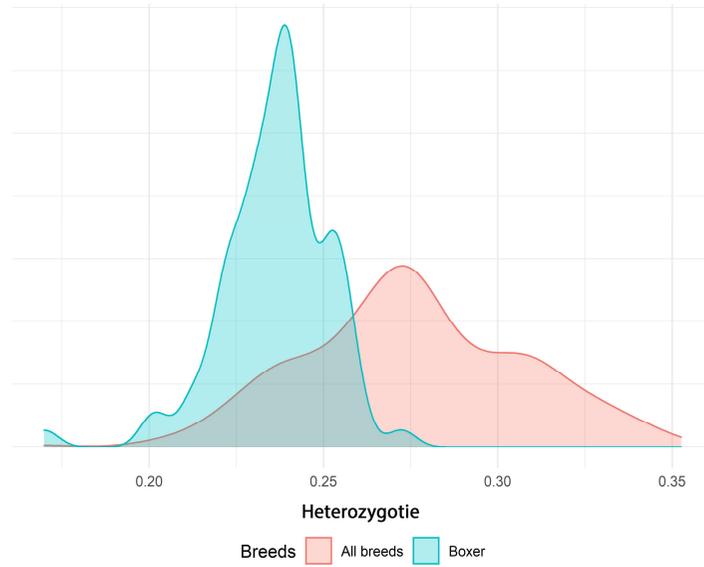
### Heterozygotie Bernese Sennenhund

Anjo Heterozygotie  
**30.00 %**

Rassedurchschnitt  
**Ø 31.93 %**



# Beispiele Heterozygotie



# Inzucht- koeffizient

## Bedeutung & Einschränkungen

- **Quantitative Messung** der genetischen Diversität
- Höhere Blutsverwandtschaft → Höherer IK → Geringere genetische Vielfalt
- Ermittlung auf Basis von **Stammbäumen**
- **Abhängig** von der Anzahl bekannter **Generationen**

### Einschränkungen des IK:

- **Unvollständige Stammbäume** – Fehlende Daten können Ergebnisse verfälschen
- **Begrenzte Generationenanzahl** – Je weiter zurück, desto unsicherer die Berechnung
- **Unsicherheit bei Abstammung** – Fehlerhafte Eintragungen führen zu fehlerhaften IK-Werten

## 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

## Vorteile des genomischen IK:

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

# IK-Wert Ermittlung unter Einbeziehung von 6 Generationen

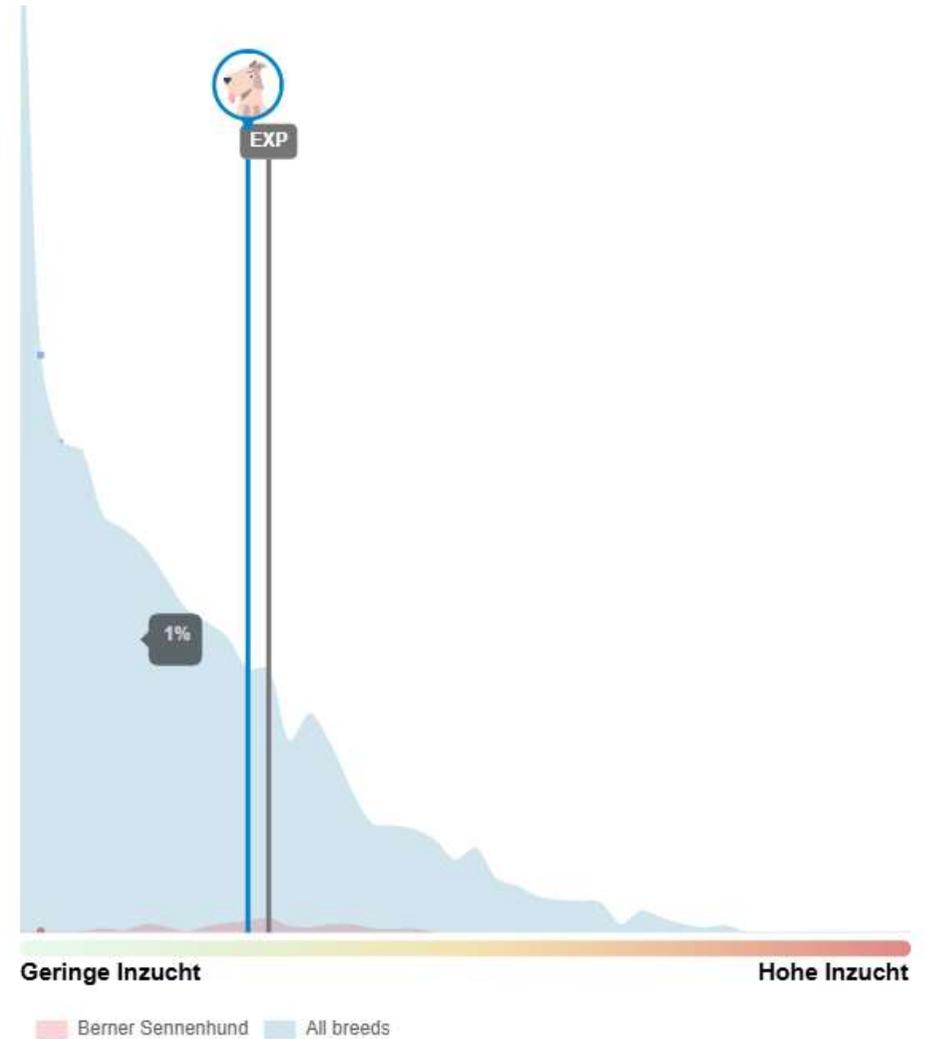
## Inzuchtkoeffizient (IK)

Berner Sennenhund

Anjo IK Wert  
**11.00 %**

Anjo Erwarteter IK Wert (EXP)  
**12.00 %**

Rassedurchschnitt  
**Ø 11.41 %**



# Beispiele

## IK unter Geschwistern

### Inzuchtkoeffizient (IK)

Tervueren

**18.00%**

Camill des deux Diadèmes IK Wert

**Ø12.44%**

Rassedurchschnitt

### Inzuchtkoeffizient (IK)

Tervueren

**13.00%**

Caninia des deux Diademes IK Wert

**Ø12.44%**

Rassedurchschnitt

### Inzuchtkoeffizient (IK)

Tervueren

**6.00%**

Castello des deux Diademes IK Wert

**Ø12.44%**

Rassedurchschnitt

### Inzuchtkoeffizient (IK)

Tervueren

**5.00%**

Clara des deux diademes IK Wert

**Ø12.44%**

Rassedurchschnitt

### Inzuchtkoeffizient (IK)

Malinois

**10.00%**

Trouble des guerriers d´Hades IK Wert

**Ø5.81%**

Rassedurchschnitt

### Inzuchtkoeffizient (IK)

Malinois

**7.00%**

Thom des guerriers d´Hades IK Wert

**Ø5.81%**

Rassedurchschnitt

### Inzuchtkoeffizient (IK)

Malinois

**7.00%**

Tigger des guerriers d´Hades IK Wert

**Ø5.81%**

Rassedurchschnitt

### Inzuchtkoeffizient (IK)

Malinois

**5.00%**

Tango des guerriers d´Hades IK Wert

**Ø5.81%**

Rassedurchschnitt

# 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  
 HET/IK  
 in  
 verschiedenen  
 Rassen**

Rasse	# Hunde	IK %	HET %
Collie (kurzhaar)	27	15,7	32,7
Deutscher Boxer	150	23,0	30,0
Greyhound	26	19,0	29,3
Groenendael	28	11,9	32,9
Großpudel	132	6,6	37,8
Labrador Retriever	88	7,3	35,5
Leonberger	219	13,6	34,7
Malinois	99	5,8	39,0
Rhodesian Ridgeback	81	8,0	37,6
Schipperke	21	12,4	33,5
Silken Windsprite	68	11,9	34,8
Tervueren	55	12,4	33,1
Whippet	34	10,3	32,3

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

## Matching Tool

Berücksichtigung von  
Hunden des anderen  
Geschlechts, der  
gleichen Rasse

**Gefundene Übereinstimmungen für**

← 

**Amelia**  
A Kiss on the cheek von Romanshof  
Berner Sennenhund

<p>#2</p>  <p><b>Groot</b> Isidor von den Silberbären <b>100%</b> Matching Score Inaktiv</p>	<p>#1</p>  <p><b>Anton</b> Asterix vom Purzelkamp <b>100%</b> Matching Score Aktiv</p>	<p>#3</p>  <p><b>Anjo</b> Anjo von Kavaliershof <b>100%</b> Matching Score Inaktiv</p>
--	--	--



Jeder Topf  
findet seinen  
Deckel

Matching Details für  
**Amelia & Yenko**



**Amelia**  
A Kiss on the cheek  
von Romanshof

**88%**  
Matching Score

Unerwünschte Übereinstimmung



**Yenko**  
Yakari-Yenko vom  
Kohlenberg

Zeige Profilseite

Matching Details für  
**Amelia & Anton**



**Amelia**  
A Kiss on the cheek  
von Romanshof

**100%**  
Matching Score

Perfekte Übereinstimmung



**Anton**  
Asterix vom  
Purzelkamp

Zeige Profilseite

myFeragen My Animals Activate Testkit Matching

**DogMatching** Share Save Match

Find the Perfect Breeding Partner for Your Dog

All Dogs Direct Matching

Female Male

Maxi von der grünen Weide AA004023

Maxi von der grünen Weide AA004023

### Genetic Matching Report

**Lenny**  
AA004023 ♀

Age: 3 Jahre Weight: 14 kg Height: 42 cm Breeding State: active

92% SCORE

Lorem ipsum dolor sit amet, consetetur sadipscing elitr, sed diam nonumy eirmod tempor invidunt ut labore et dolore magna aliquyam erat, sed diam voluptua. At vero eos et accusam et justo duo dolores et ea rebum. Stet clita kasd gubergren, no sea takimata sanctus est

**Maxi von der grünen Weide**  
AA004023 ♂

Age: 4 Jahre Weight: 14 kg Height: 42 cm Breeding State: 42 cm

Contact Owner

### Genetic Health Comparison

Comparison of Breed-Specific Genetic Disorders

DISORDER COMPARISON	
Clear WT/WT	<b>PKDef</b> Pyruvate Kinase Deficiency (Labrador Retriever) <span style="float: right;">WT/WT Clear</span>
Clear WT/WT	<b>CD</b> Cone Degeneration (Labrador Retriever) <span style="float: right;">WT/WT Clear</span>
At-Risk M/M	<b>DM</b> Degenerative Myelopathie (Classic Variant) <span style="float: right;">M/M At-Risk</span> <p style="text-align: center; color: red;">High Risk!</p>
Clear WT/WT	<b>MD</b> Muscular Dystrophy 2 (Labrador Retriever) <span style="float: right;">WT/WT Clear</span>

Show all

# Matching 2.0 – release in Q2 2025

# Ahab the Captain par Toutatis & Tikaani



Ahab the Captain par Toutatis

100%  
Matching Score

Perfekte Übereinstimmung



Tikaani  
Cara Tikaani Magic of Heros

Zeige Profilseite

# Matching Tool

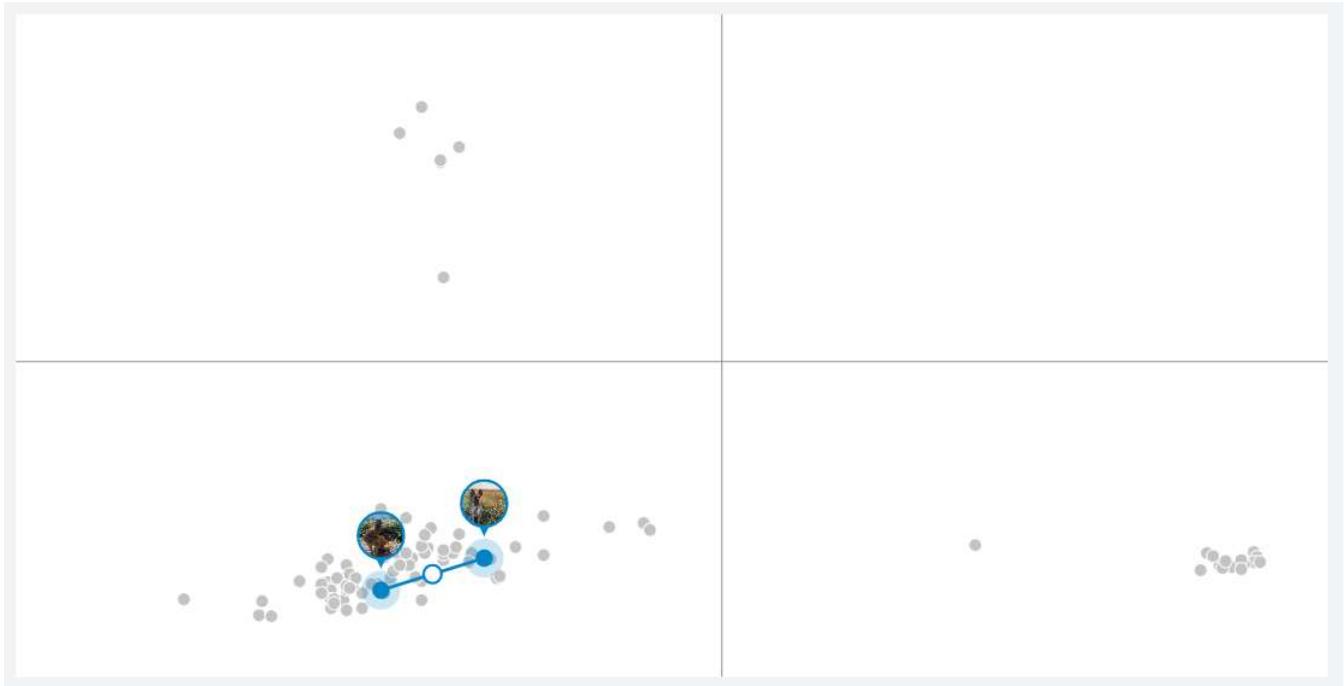
Berücksichtigung von Hunden des anderen Geschlechts, der gleichen Rasse

♂ Ahab the Captain par Toutatis

HAP1	HAP2
Nicht analysiert	

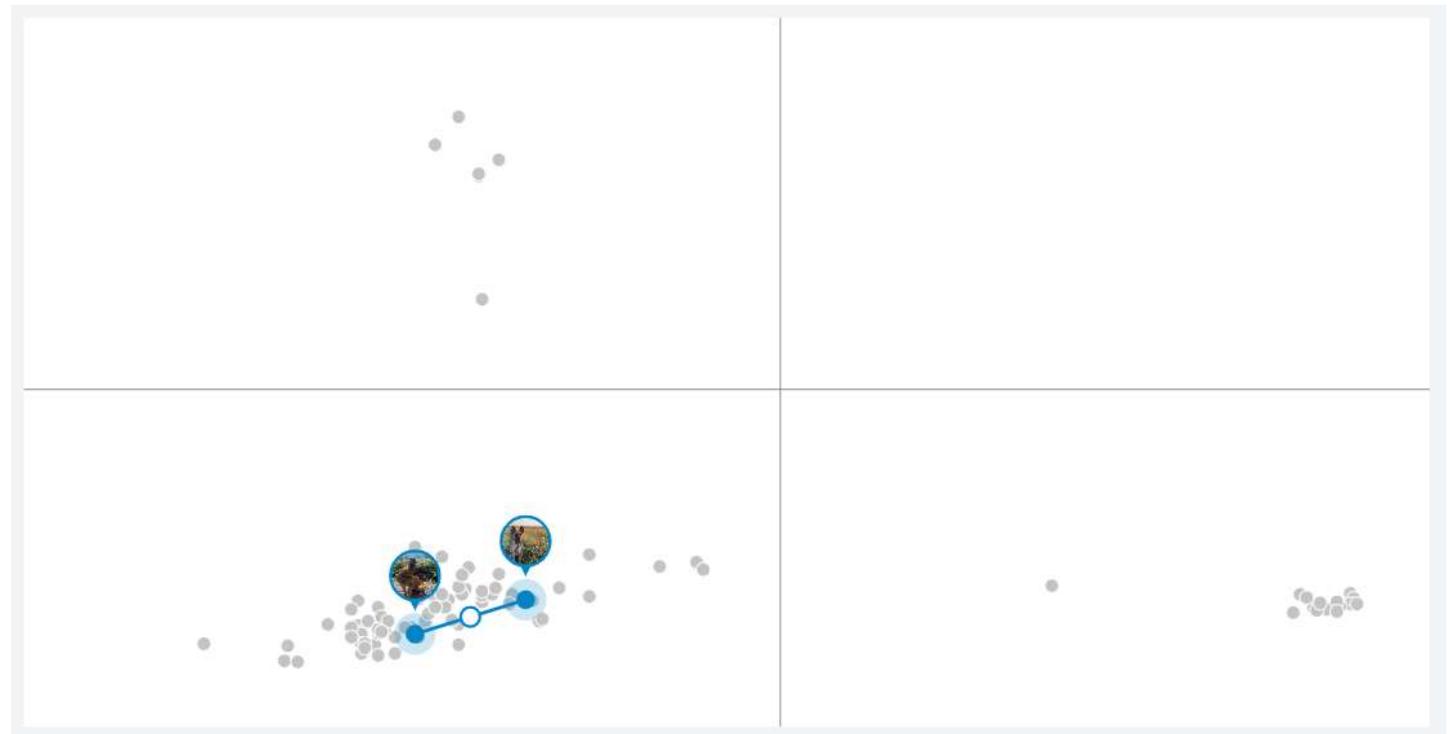
♀ Tikaani

HAP1	HAP2
006:01	015:01
005011	006:01
007:01	022:01

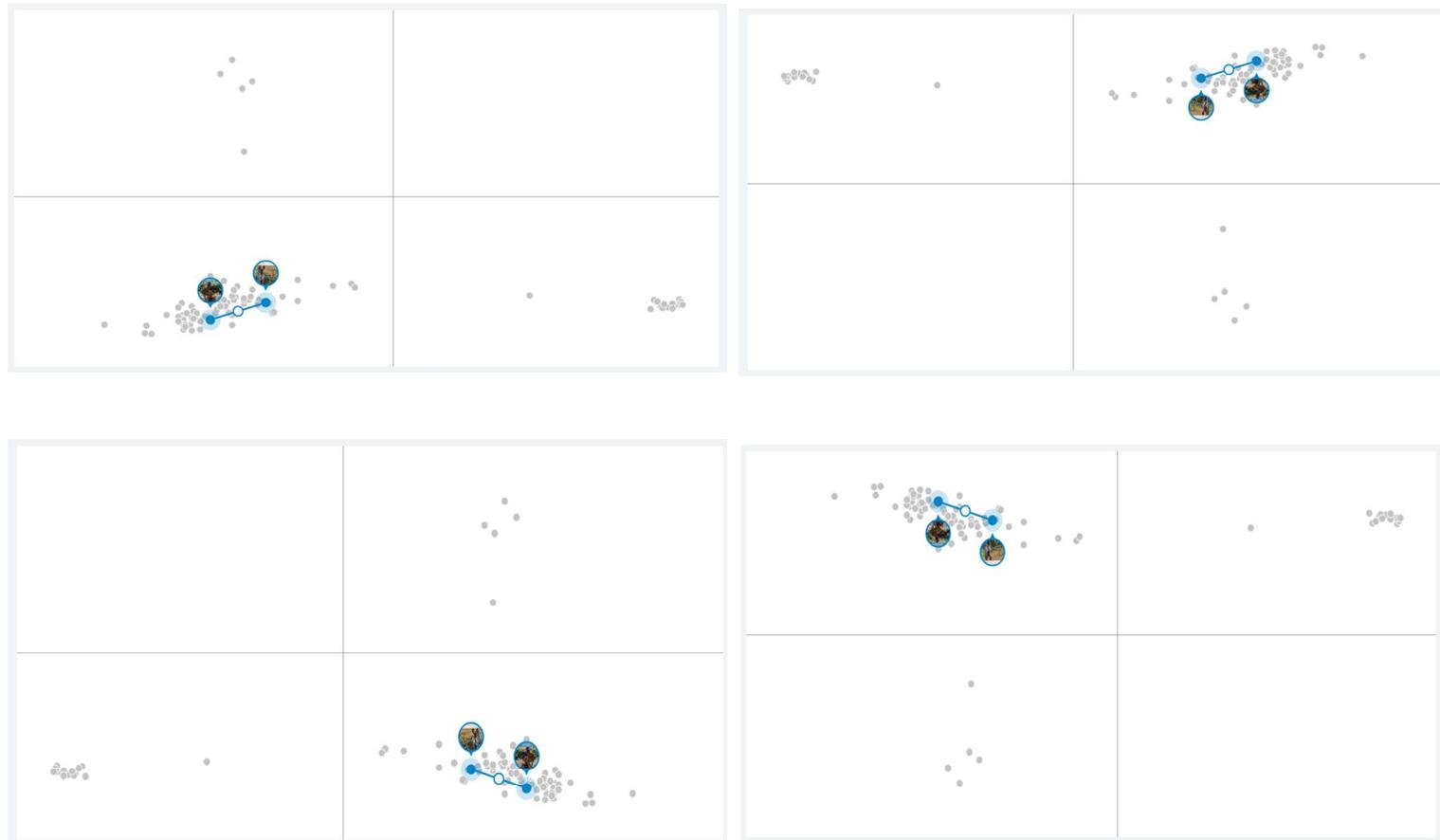


# Genetische Verteilung

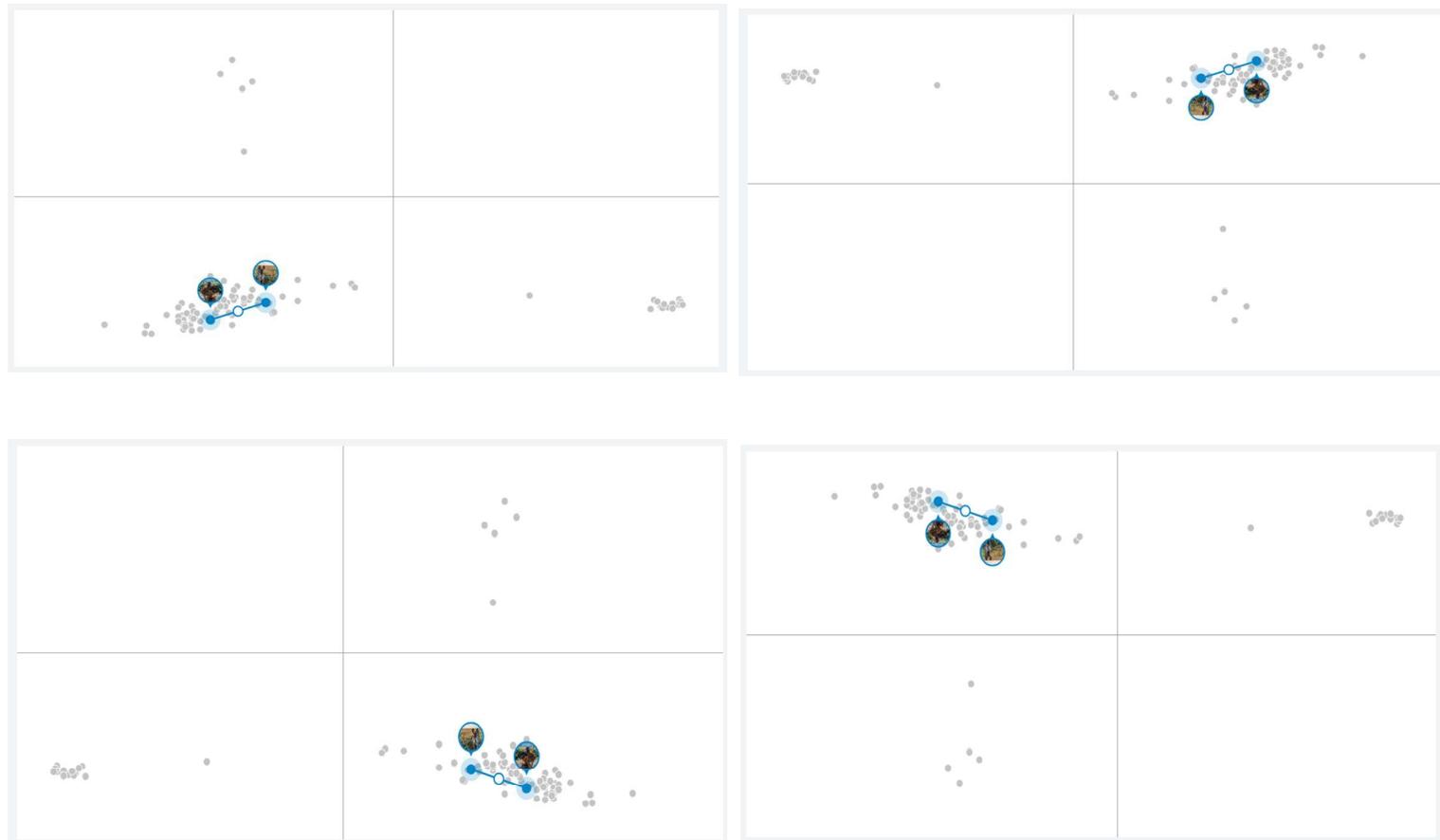
Welchen Wert hat eine Verpaarung  
in Bezug auf die Population?



# Flip/Flop



# Flip/Flop



## Fay vom Hause Ritter

Fay vom Hause Ritter  
Malinois

#2



Samson Salomon Vitris Bohemia  
Samson Salomon Vitris Bohemia

100%  
Matching Score

#1



Mattes  
Afendi Mattes Magic of Heroes

100%  
Matching Score

#3



D'arvit  
D'arvit

100%  
Matching Score

### Weitere mögliche Zuchtpartner

#4



Kiddo  
Kiddo  
Malinois

100%  
Matching Score



#5



Hannibal Maximus Kawai Kaito  
Hannibal Maximus Kawai Kaito  
Malinois

100%  
Matching Score



#6

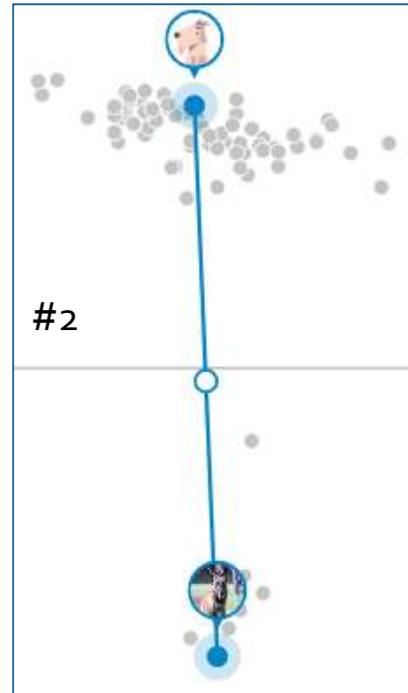


Sky-Q des guerriers d'Hades  
Sky-Q des guerriers d'Hades  
Malinois

100%  
Matching Score



# Wer ist der Richtige?



#1



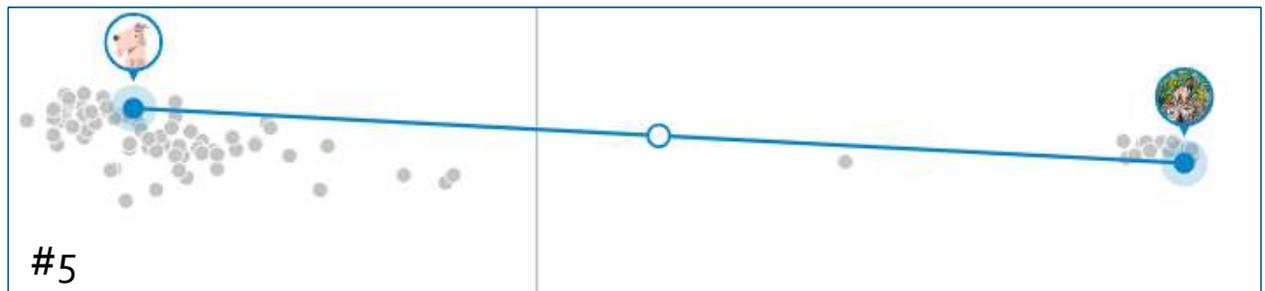
#3



#4



#5



Matching Details für  
**Anton & Gaia**



**Anton**  
Carlaben Anton

**100%**  
Matching Score

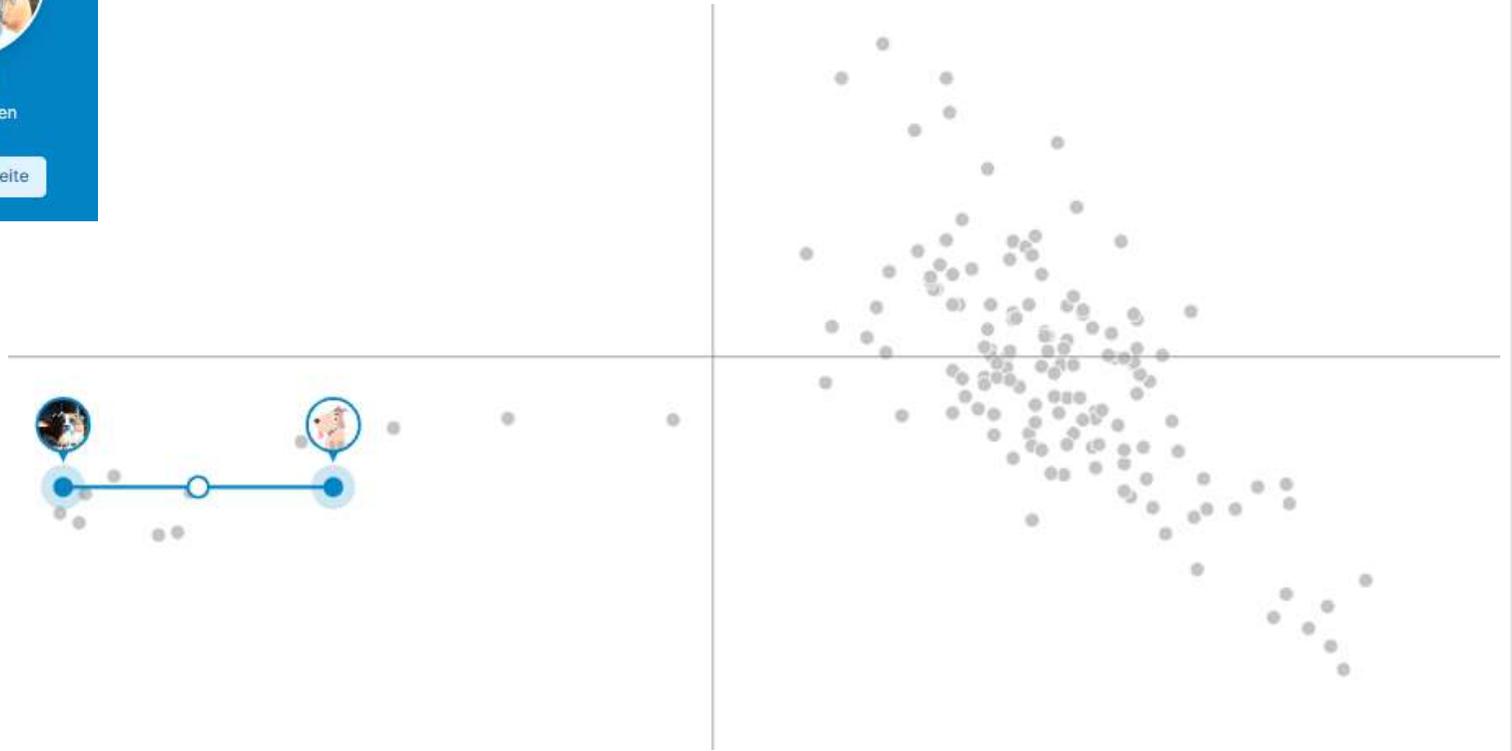
Perfekte Übereinstimmung



**Gaia**  
von der Alten  
Turbine

Zeige Profilseite

Neue  
genetische  
Bereiche öffnen



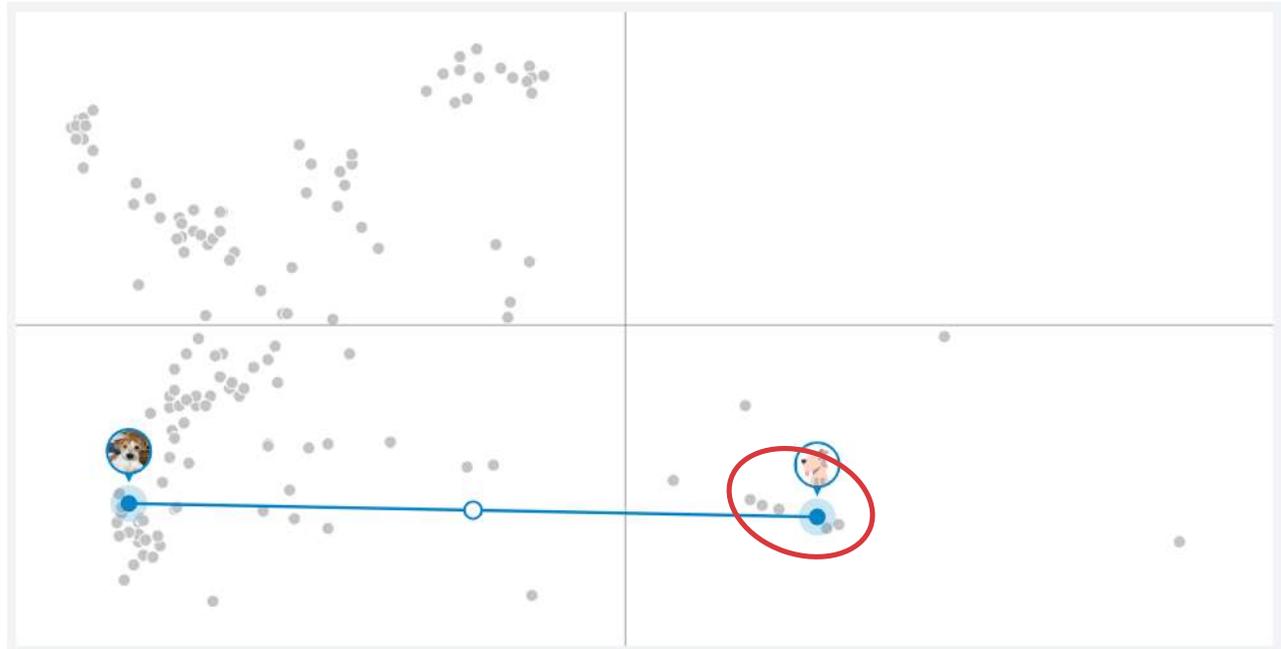


**Roxana**

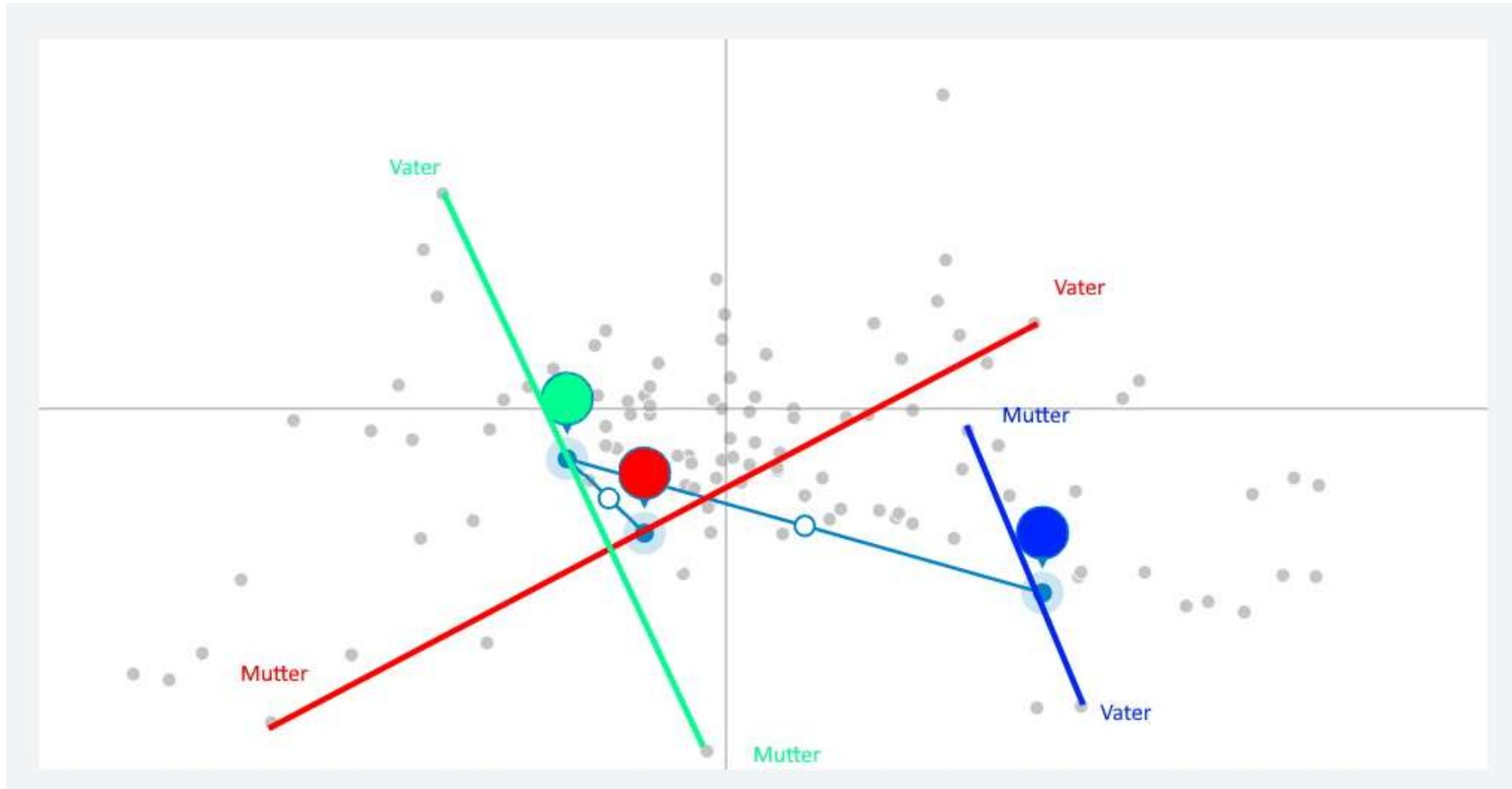
Roxana vom Schloss Judenau  
Kromfohrländer

Kenne ich  
einen, kenne ich  
NICHT alle

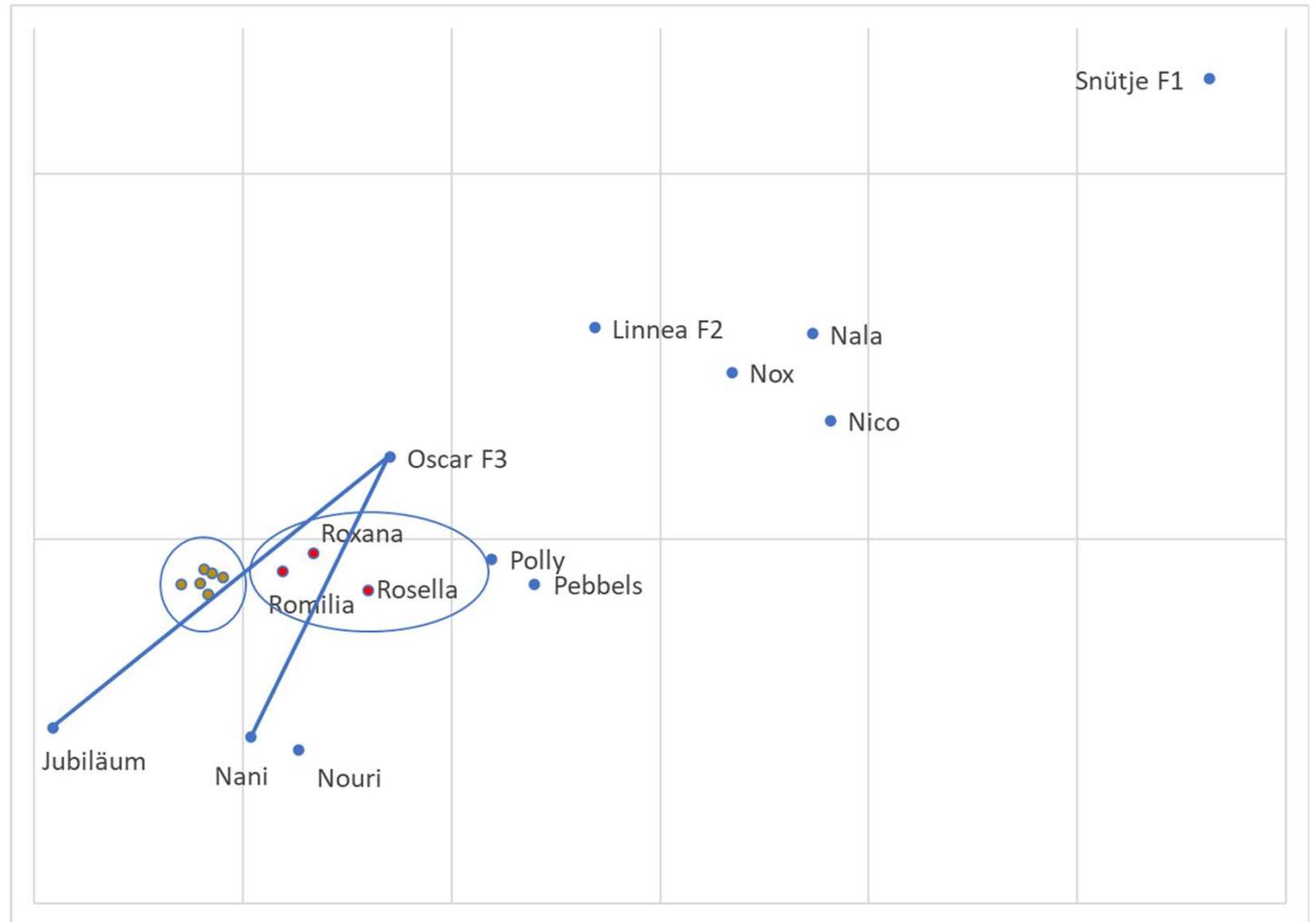
- #7  **Theo**  
Theo vom Schloss Judenau  
Kromfohrländer **100%**  
Matching Score [>](#)
- #11  **Twix**  
Twix vom Schloss Judenau  
Kromfohrländer **100%**  
Matching Score [>](#)
- #18  **Tender**  
Tender vom Schloss Judenau  
Kromfohrländer **90%**  
Matching Score [>](#)



# Genetisch verwandt oder einfach nur ähnlich



# Nachkommen vorhersagen



# Spezifische Abgleiche & Suche

 myFERAGEN Matching & Suchfunktion BETA Zur myFERAGEN Plattform

Rüde   Hündin   [Jetzt Matchen](#)

e.g.: 3628485c-7d6e-4007-b278-448bbf68c54a e.g.: b026cac7-5d65-4fbe-b30d-5544836fe239

Suche nach Hundename, Testkit-Nummer oder Rasse

Letztes Update: 27. November 2023

<b>Akela vom Goldlöckchen</b> - Akela vom Goldlöckchen (AA001636) Tervueren   männlich 189751df-41b4-4a15-94f9-41ea85c1216e - Zuchtstatus: active	<a href="#">ID Kopieren</a>	<a href="#">Alle Matches</a>	<a href="#">Zur Profilseite</a>
<b>Amy vom Albisstrand</b> - Amy vom Albisstrand (AA001358) Tervueren   weiblich 605bc89a-1635-44ff-ac05-88a30c9cf568 - Zuchtstatus: active	<a href="#">ID Kopieren</a>	<a href="#">Alle Matches</a>	<a href="#">Zur Profilseite</a>
<b>Anique v. d. Weserwölfen</b> - Anique v. d. Weserwölfen (AA002047) Tervueren   weiblich 3c3fd5f8-f7db-4a63-bbc7-d6692b50bc39 - Zuchtstatus: active	<a href="#">ID Kopieren</a>	<a href="#">Alle Matches</a>	<a href="#">Zur Profilseite</a>
<b>Arko vom Goldlöckchen</b> - Arko vom Goldlöckchen (AA001601) Tervueren   männlich 88b2269e-7ec4-41fe-9166-6042321d98f9 - Zuchtstatus: active	<a href="#">ID Kopieren</a>	<a href="#">Alle Matches</a>	<a href="#">Zur Profilseite</a>
<b>Barollo vom Goldlöckchen</b> - Barollo vom Goldlöckchen (AA003286) Tervueren   männlich 9e755e08-386d-4ffc-a078-c0615a3a3c36 - Zuchtstatus: inactive	<a href="#">ID Kopieren</a>	<a href="#">Alle Matches</a>	<a href="#">Zur Profilseite</a>

## 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

♂ Calvin von den Kleinen Strolchen

HAP1	HAP2
004:01	015:02
002:01	006:01
015:01	023:01

♀ Bira

HAP1	HAP2
004:01	013:01
002:01	001:01
015:01	002:01

**Mögliche Ergebnisse**

HAP1	25%	HAP2
<b>004:01</b>		<b>004:01</b>
<b>002:01</b>		<b>002:01</b>
<b>015:01</b>		<b>015:01</b>

HAP1	25%	HAP2
004:01		013:01
002:01		001:01
015:01		002:01

HAP1	25%	HAP2
015:02		004:01
006:01		002:01
023:01		015:01

HAP1	25%	HAP2
015:02		013:01
006:01		001:01
023:01		002:01

**DLA-  
Abgleiche  
&  
Outcomes**

Homozygot  
 +  
 Homozygot  
 =  
 Homozygot

♂ Caramba

HAP1		HAP2
004:01		004:01
002:01		002:01
015:01		015:01

♀ Bentley

HAP1		HAP2
004:01		004:01
002:01		002:01
015:01		015:01

**Mögliche Ergebnisse**

HAP1		HAP2
004:01		004:01
002:01		002:01
015:01		015:01

Homozygot  
 +  
 Homozygot  
 =  
 Heterozygot

♂ Caramba

HAP1		HAP2
004:01		004:01
002:01		002:01
015:01		015:01

♀ Pit

HAP1		HAP2
015:02		015:02
006:01		006:01
023:01		023:01

**Mögliche Ergebnisse**

HAP1		HAP2
004:01		015:02
002:01		006:01
015:01		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

## Neuerungen für 2024

- Integration Suchtool
- Verbesserung Ranking der Matchingscores
  - Inkludierung von Suchkriterien
- Weitere Details zum Hundeprofil (z.B. FCI)
  - Teilen von Hundeeinformationen
- Berücksichtigung genetischer Erkrankungen
  - ISAG Abgleich-Tool
  - Upload weiterer Erkrankungen
- Import von Fremdlabor-Ergebnissen

# Take Home Message

## Genetische Diversität:

- Über **300 bekannte Haplotypen** bei Hunden.
- **DRB1** weist die höchste Variabilität auf und ist entscheidend für die Antigenbindungsvielfalt.

## Bedeutung der Diversität:

- **Hohe Diversität:** Stärkere Immunabwehr, Erkennung einer breiten Palette von Krankheitserregern.
- **Niedrige Diversität:** Erhöhtes Risiko für Autoimmunerkrankungen (z. B. SLO) und Infektionskrankheiten (z. B. Leishmaniose).

## Zucht und Gesundheit:

- Inzucht reduziert DLA-Diversität und schwächt das Immunsystem.
- DLA-Tests helfen, genetische Vielfalt zu fördern und langfristig gesunde Populationen zu erhalten.

# Take Home Message

## Ko-Evolution:

- DLA-Gene unterliegen einem evolutionären „Wettrüsten“ mit Krankheitserregern, um deren Immunevasion zu verhindern.

## Praxisbezug:

- Züchter können durch DLA-Typisierung Verpaarungen planen.
- Optimale DLA-Diversität minimiert Gesundheitsrisiken in Zuchtpopulationen.

## Forschung und Relevanz:

- Wichtiger Fokus für die genetische Gesundheit von Rassenhunden.

## Kontakt:

Tel. AT: +43 662 / 43 93 83

Tel. DE: +49 8654 / 68 24 430

E-Mail:

[support@feragen.at](mailto:support@feragen.at)

Web:

[www.feragen.at](http://www.feragen.at)

[shop.feragen.at](http://shop.feragen.at)

[my.feragenlab.com](http://my.feragenlab.com)

**ENDE DER  
PRÄSENTATION**



**WER NOCH FRAGEN HAT, HAT NICHT  
AUFGEPASST**

[makeameme.org](http://makeameme.org)

# Kontakt

[support@feragen.at](mailto: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