

Greyhound Meeting 2013

am 26.10.2013 in Gelsenkirchen

Strategiekonzepte zur Problematik des Rückbisses beim Greyhound

Dr. Reiner Beuing
Tierzucht und angewandte Genetik
Gießen

Der Standard:

Wunschvorstellung und Zielgröße in der Zucht

Fang: Kräftige und gut geformte Kiefer.

Lefzen: Sehr trocken. Die obere Lefze bedeckt knapp die untere. Die untere bildet keinen betonten Mundwinkel.

Die Lefzen sind fein, straff und dunkel pigmentiert.

Kiefer / Zähne: Kräftige Kiefer mit einem perfekten, regelmäßigen und vollständigen Scherengebiss, d.h. dass die oberen Schneidezähne die unteren Schneidezähne eng übergreifen und rechtwinklig in den Kiefern stehen.



www.grisette.ch/Cadiz.html

TG

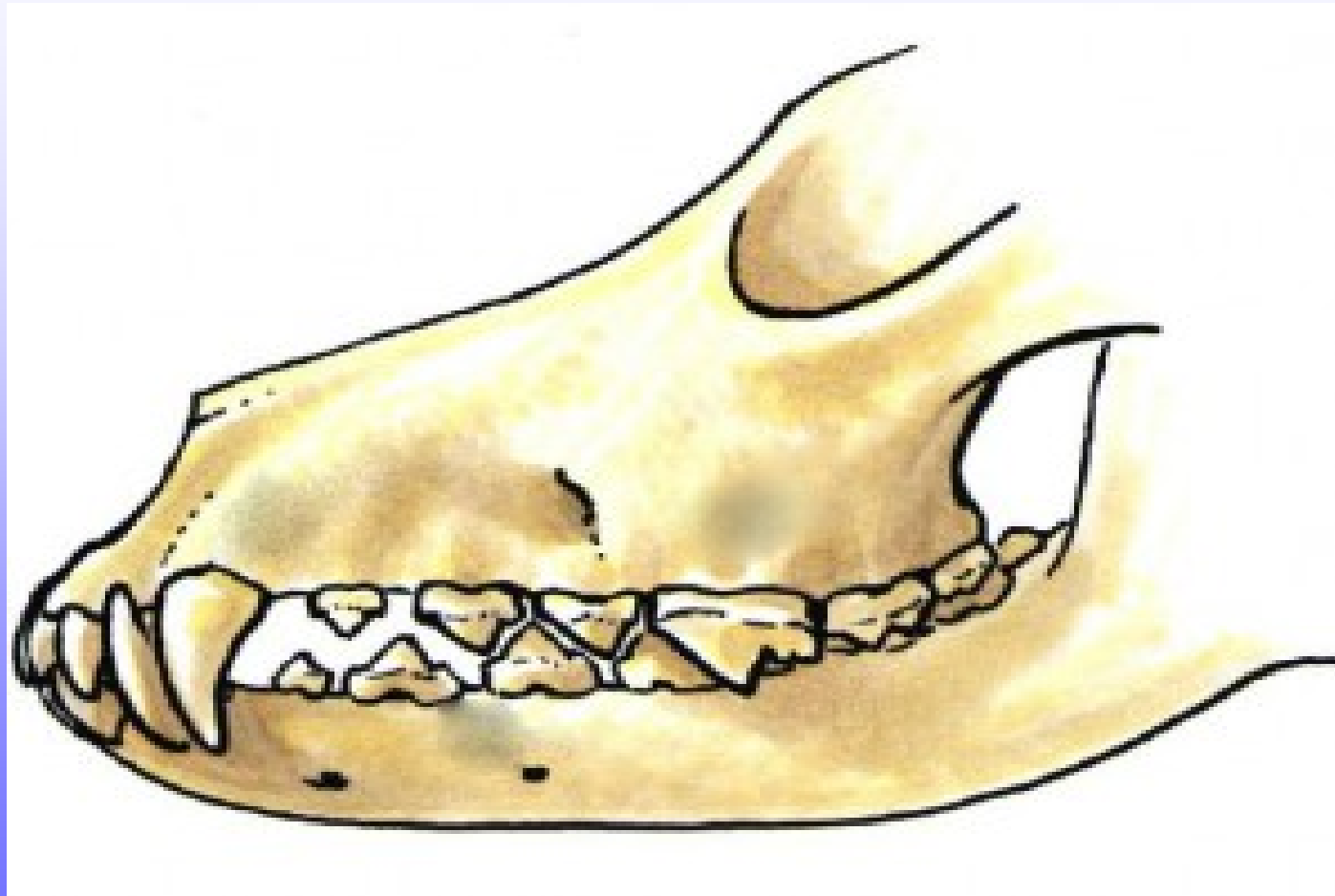


TG



TG

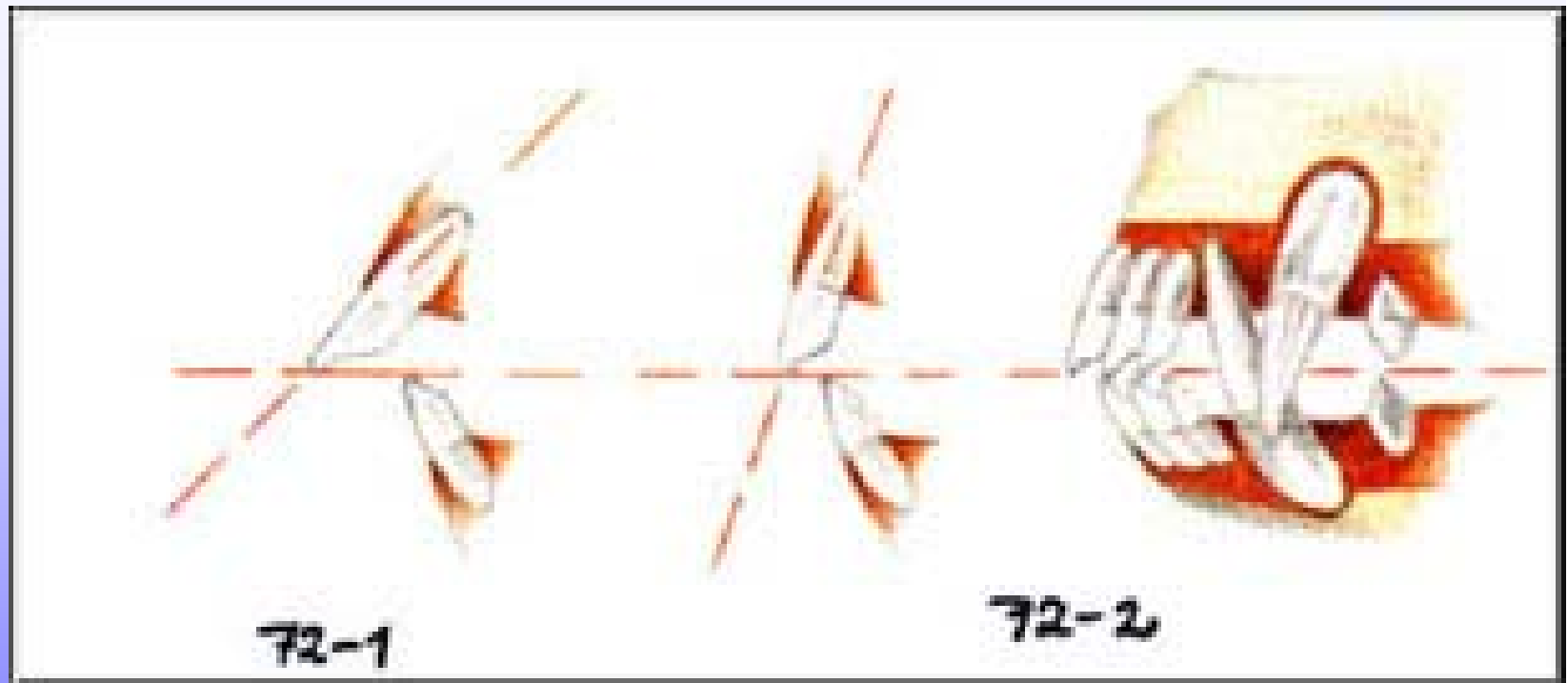
Das „normale“ Scherengebiss



Definition des Rückbisses (Brachygnathia inferior):



Pseudo-Rückbiss durch vorstehende obere Schneidezähne



Quelle: Rottweilerfreunde

Man kann zusammenfassen:

Rückbiss ist ein allgemeines Problem bei Säugetieren, die Regulation des Wachstums ist gestört.

Beim Hund können durch das starke ineinander greifen der Zähne schwerwiegende Beeinträchtigungen entstehen

Selten korrigiert die Okklusion die Fehlstellung durch Dehnung und Druck (Rückbiss wächst sich aus)

Welche kausalen Faktoren führen zum Rückbiss?

Die regulierenden Elemente sind unbekannt. Tatsache ist, dass die endgültige Form des Gesichtsschädels in hohem Maße, genetisch kontrolliert, festgelegt ist. Bis ins feinste Detail sind „Gesichtszüge“ familiär typisch auf der DNA-Ebene festgeschrieben.

Die Suche nach Einflüssen der Zahngröße der bleibenden Zähne (Alveolen-Volumen) führte zu Studien, bei denen die Auswirkung der Entfernung der Zahnkeime untersucht wurde.

Es liegt nahe, dass die Zahngröße das Kieferwachstum stimuliert.

Als Risikofaktor ist das aber marginal.

**Es gibt Erkrankungen oder Fehlernährungen, die
Gebissveränderungen hinterlassen:**

Staupe-Gebiss

Rachitis

Traumata

Intoxikation

Bei der Wurfabnahme gesunder Welpen ist das in der Regel ohne Bedeutung, hier zeigen sich aber bereits die Kieferanomalien.

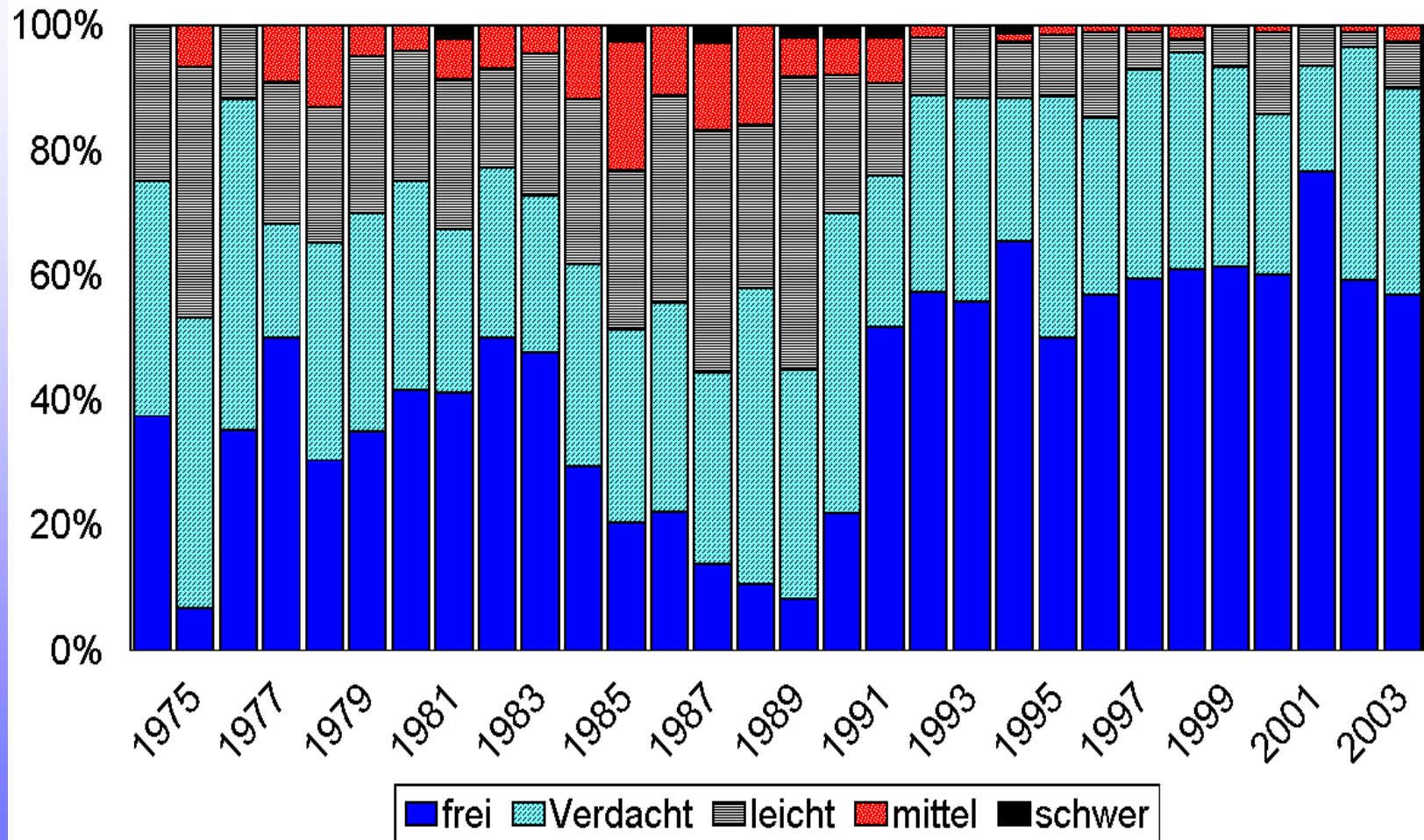
Informationen über Fälle von Rückbiss

Inspektion der Welpen bei der Wurfabnahme	****
Nachzuchtkontrolle	**
Zuchtzulassungsprüfung	-
Körung	-
Ausstellung	-

Wo liegen die Probleme der Merkmalerfassung?

Rückbiss liegt in verschiedenen Schweregraden vor! Muss man da differenzieren? Was ist noch normal (Frei), was bedeutet „leichter Rückbiss“, was ist Starker Rückbiss? Beurteiler müssen synchronisiert werden. Alle kategorisierten Merkmale sind problematisch!

Ein Beispiel der HD-Klassifizierung



Wissen steht vor Handeln

Bei der Wahl einer das Problem gut beschreibenden Merkmalsdefinition und einer repräsentativen, möglichst vollständigen Merkmals erfassung ist man in der Lage, die Problematik in ihrer ethischen, emotionalen, vereinspolitischen und ökonomischen Dimension zu erfassen und zu werten.

Handeln folgt dem Wissen

Curatives „Nachbessern“
in veterinärmedizinischen Kliniken für
Zahnheilkunde

oder

präventive Vermeidung durch
wirkungsvolle Zuchtmaßnahmen

Ist Rückbiss denn erblich?

Ist die Anlage ererbt, wird die Anlage vererbt?

Der Nachweis ergibt sich aus:

Rasseunterschieden

Unterschiede zwischen
Familien/Linien/Nachzuchten



Beispiel der Rottweiler Hündin Sara, S-Wurf des Zwinges XX

Als Welpen Rückbiss, ZTP 1993 bestanden, im
eigenen Zwinger zur Zucht eingesetzt:

V -Wurf	8 Welpen	5 Rückbiss
W-Wurf	8 Welpen	8 Rückbiss
Y -Wurf	4 Welpen	4 Rückbiss
A -Wurf	5 Welpen	4 Rückbiss
	25 Welpen	21 Rückbiss

Beispiel der Rottweiler Hündin Edda,
als Welpen Rückbiss, ZTP 1994 bestanden:

A -Wurf 7 Welpen 6 Rückbiss

Dagegen steht eine große Anzahl fehlerfreier Zuchthunde mit fehlerfreier Nachzucht, aber auch fehlerfreier Eltern, mit betroffenen Nachkommen.

Fehlerfreie Eltern sind keine Garantie für eine tadellose Nachzucht.

Als **Erblichkeit (Heritabilität)** bezeichnet man im engeren Sinn die Übereinstimmung der Nachkommen mit ihren Eltern in dem Kriterium, für das diese Erblichkeit gilt.

Heritabilität für eine Rückbissfeststellung bei der Wurfabnahme durch unterschiedliche Zuchtwarte ist **0,25 bzw. 25%**.

Die Merkmalerfassung ist also informativ, nicht sicher, aber geeignet, daraus Prognosen der Vererbung abzuleiten.

Züchten heißt, aus diesen Prognosen Konsequenzen zu ziehen, mit dem Ziel, Rückbiss in der Nachzucht zu vermeiden.

Jede Zucht sollte in einem geregelten, genau definierten Zuchtprogramm ablaufen. Ein Zuchtplan sollte für jedes Detail des Zuchtzieles separat aufgestellt werden, mindestens für die Zuchtschwerpunkte:

Zuchtplan zur Reduktion des Rückbisses
Zuchtplan zur Förderung der Lebensdauer
Zuchtplan zur Förderung der Rennleistung
usw.

Zuchtplan -Varianten als Strategiekonzepte

Was ist ein Zuchtprogramm

Ein Zuchtprogramm ist ein geplanter und nach diesen geplanten Regeln ablaufender Züchtungsprozess.

Am Anfang steht ein Zuchtplan.

Ein Zuchtplan beschreibt den Züchtungsprozess und enthält folgende Angaben:

- 1. Er begründet die Zuchtmaßnahmen**
- 2. Er beschreibt, an welchen Tieren mit welcher Methode Informationen gesammelt werden.**
- 3. Er beschreibt, wie die Vererbungserwartung der Zuchttiere ermittelt wird.**
- 4. Er beschreibt die Konsequenzen bzw. Auflagen, die sich daraus für die Zucht ergeben.**
- 5. Er beschreibt Konsequenzen bei Verstößen**

Beispiel:

1. In der Rasse X kommt, wenn auch in seltenen Fällen, leidensrelevanter Rückbiss vor, daher sind für Züchter nachfolgend Regelungen verbindlich.
2. Als Information für die Betroffenheit dient der von speziell geschulten Zuchtwarten festgestellte Kieferstatus zum Zeitpunkt der Wurfabnahme um die 8. Lebenswoche. Die Einstufung erfolgt in 3 Kategorien: Normales Scherengebiss-leichter Rückbiss-hochgradiger Rückbiss. Für die Zucht wird der Schweregrad des Rückbisses nicht unterschieden

3. Es wird angenommen, dass die Vererbung dem Befallsgrad (0-1) proportional ist: (Eigenleistungsprüfung).

4. Es dürfen nur Tiere mit einwandfreiem Scherengebiss zur Zucht eingesetzt werden.

5. Ein Verstoß gegen diese Auflagen wird als Verstoß gegen die Zuchtordnung geahndet.

$SE = SD * \text{Aussagekraft des Selektionskriteriums}$

Über die Selektionsdifferenz kann man sehen, ob die Auflagen zu einer Zuchtselektion führt

und am Zuchtfortschritt kann man sehen, wie zuverlässig das Selektionskriterium die Vererbung beschreibt.

Es gilt folgende Rechnung zur Wertung des Verfahrens:

Frequenz in der Rasse 3%. Bei 0-1 Codierung ist
der Rassedurchschnitt 0,03
der Elterndurchschnitt 0,00

Die Selektionsdifferenz -0,03

Wenn die Rasse am Ende des ersten Zuchtjahres 2,7% , also 0,3% weniger Rückbiss hat, ergibt sich:

$$-0,003 = -0,03 * \text{Güte des Verfahrens}$$

$$\text{Güte des Verfahrens} = 0,10 = 10\%$$

Der Zuchtfortschritt im Promillebereich geht in der Regel in Zufallsschwankungen unter und rechtfertigt solche Aufwendungen nicht.

Das Verfahren ist nicht empfehlenswert, denn immerhin sind auch bisher nur korrekte Tiere zur Zucht zugelassen worden und die Rückbissrate ist nahezu konstant.

Es gibt viele freie Tiere, die Rückbiss vererben, daher ist es wichtig, Zusatzinformationen zu berücksichtigen:

Beispiel: Freie Tiere aus freien Würfen sind in der Vererbungsprognose günstiger zu werten als freie Tiere mit betroffenen Wurfgeschwistern!

Das kann im Zuchtplan zu folgender Konsequenz führen:

3. Da freie Tiere aus Würfen mit betroffenen Tieren eine schlechtere Vererbungsprognose haben wird zwischen frei und frei* unterschieden, wobei der Status frei* betroffene Wurfgeschwister anzeigt.

4. Es dürfen nur Tiere mit einwandfreiem Scherengebiss zur Zucht verwendet werden. Tiere mit dem Status frei* dürfen nur an Tiere mit Status frei gepaart werden.

Es gilt wieder folgende Rechnung zur Wertung des Verfahrens:

Frequenz in der Rasse 3%. Bei 0-1 Codierung ist

der Rassedurchschnitt 0,03

der Elterndurchschnitt 0,00

Die Selektionsdifferenz -0,03

Wenn die Rasse am Ende des ersten Zuchtjahres unter dem veränderten Zuchtprogramm 2,1% , also 0,9% weniger Rückbiss hat, ergibt sich:

$$-0,009 = -0,03 * \text{Güte des Verfahrens}$$

$$\text{Güte des Verfahrens} = 0,30 = 30\%$$

Was ist mit freien Tieren, deren Eltern den Status frei* haben, die betroffene Geschwister in anderen Würfen haben, die betroffene Nachkommen haben obwohl sie aus frei X frei Paarungen stammen, wie berücksichtigt man die Rate der Betroffenheit?

Wenn man überzeugt ist, dass die Wirkung der Gene sich auch in Verwandten offenbart und die Verwandteninformationen zur besseren Beschreibung der Vererbung dienen können, ist der Weg zur korrekten

ZUCHTWERTSCHÄTZUNG

vorgegeben: Berücksichtigung aller Verwandten entsprechend ihrer Aussagekraft für die Vererbung

Das kann im Zuchtplan zu folgender Konsequenz führen:

3. Für alle Tiere wird ein Zuchtwert berechnet, der die Vererbungserwartung erwartungstreu schätzt. Die Zuchtwertschätzung erfolgt durch ein anerkanntes Verfahren auf der Basis gemischter Modelle (Mixed Model Prediction, BLUP). Die Werte werden auf das Rasseniveau (100) und eine mittlere Abweichung von 10 Punkten standardisiert.

4. Es dürfen nur Tiere miteinander gepaart werden, wenn sich daraus für den Wurf ein vertretbar niedriges Risiko ergibt. Das Risiko wird durch den mittleren Zuchtwert beider Eltern beschrieben. Als Grenzwert für die Paarung wird derzeit 110 festgelegt. Niedrigere Werte sind anzustreben!

Aus dem Zuchtplan lässt sich nicht ableiten, was Züchter tun, daher ist es wichtig festzustellen, welche Überlegenheit die Zuchttiere im Zuchtwert gegenüber der Rasse erreichen.

und welcher Erfolg durch das Programm realisiert wird.

Könnte es sein, dass ein rezessives Merkmal die Wachstumsstörungen verursacht?

Die Zuchtwertschätzung funktioniert auch dann,
aber das Wissen über den Erbgang ist ein
Zusatzwissen, das die Vererbungsprognosen
verbessert.

**Bei monogenen rezessiven Merkmalen
sind Verwandteninformationen
unverzichtbar.**

Für jedes Tier wird berechnet, mit welcher Wahrscheinlichkeit das Tier frei (AA), Anlageträger (Aa) oder Merkmalsträger (aa) ist.

Ist ein Gentest verfügbar, werden die Genotypen sicher bestimmt.

Beispiel für einen Zuchtplan für ein monogenes Merkmal, für das es einen Gentest gibt:

1. Allgemeines

Der Deutsche Jagdterrier gehört zu den Rassen, bei denen Primäre Linsenluxation (PLL) auftreten kann. Aus der Verpflichtung des Vereins nach § 2.4 und § 3.4 der Zuchtordnung, nach § 1.7 der Rahmenezuchtordnung des VDH sowie § 11 b des Tierschutzgesetzes werden die nachfolgenden Maßnahmen zur Eliminierung der Linsenluxation verbindlich festgelegt.

2. Bestimmung des Erbfehlerrisikos

Es wurde wissenschaftlich nachgewiesen, dass ein mutiertes Gen für Linsenluxation verantwortlich ist. Der Deutsche Jagdterrier-Club e.V. (DJTC) bedient sich zur Berechnung des Erbfehlerrisikos einer anerkannten Methode, um das Risiko für die Vererbung der Disposition für PLL zu beschreiben. Dazu wird das Verfahren GGW (Geschätzte Genotyp-Wahrscheinlichkeit) unter Einbeziehung der Informationen von allen Verwandten verwendet. Für jeden Hund wird die Wahrscheinlichkeit angegeben, den Genotyp N/N (reinerbig gesund), N/m (Anlageträger für PLL) und m/m (reinerbiger Mutationsträger) zu haben. Zusätzlich wird daraus der P-Wert abgeleitet, der das Risiko angibt, dass das mutierte Gen weitervererbt wird.

3. Information

Als Informationen für die Risikoberechnung dienen alle bisher bekannt gewordenen Erkrankungsfälle sowie alle Ergebnisse von Gentests. Für die zukünftigen Meldungen bedarf es der Bestätigung durch den Gentest. Die Richtlinien zur Durchführung und die Utensilien dazu werden durch den HZW oder LZW bereitgestellt.

4. Zeitpunkt der Berechnung/Informationspflicht

Die Berechnung der Genotypenwahrscheinlichkeit wird nach Möglichkeit sofort nach dem Bekanntwerden eines neuen LL-Falles durchgeführt. Die aktuellen Daten sind den Züchtern zugänglich zu machen. Vierteljährlich, zu Anfang des Quartals, sind die Listen und/oder DOGBASE an Vorstand, den Zuchtbeirat sowie an die Landeszüchtwarte zu verschicken. Die darin aufgeführten Daten sowie die Ergebnisse der Gentests sind verbindlich für die Auflagen, die sich aus dem Zuchtplan ergeben. Der DJTC gewährt Verantwortlichen im Vorstand und der Zuchtberatung einen Online-Zugriff auf die Datenbank, in der alle Gentests aktuell gespeichert sind.

5. Auflagen

Hunde, die nach der Zuchtordnung zur Zucht zugelassen sind aber Träger der PLL-Mutation sein könnten, dürfen nur mit Partnern gepaart werden, bei denen durch Gentest sicher nachgewiesen ist, dass sie genetisch frei sind (PLL-N/N). Der Züchter muss sich vor dem Belegen der Hündin beim Landeszuchtwart über die Zulässigkeit der Paarung bezüglich der Linsenluxation zeitnah informieren.

6. Zuchtzulassung

Ab dem 01.01.2010 werden nur noch Deckrüden neu zur Zucht zugelassen, die den Genotyp PLL-N/N haben. Hündinnen mit dem Genotyp m/m werden von der Zucht ausgeschlossen. Ab dem 01.01.2015 dürfen nur noch freie Hunde (N/N) in der Zucht eingesetzt werden.

7. Verstöße

Verstöße gegen die Auflagen des Zuchtplanes werden als Verstöße gegen die Zuchtordnung geahndet.

8. Gewährleistung der Züchter

Zusammen mit der Ahnentafel erhält der Käufer eine Gewährleistungszusage bezüglich der LL des Welpen. Zur Abdeckung des unkalkulierbaren Restrisikos ist vom Deutschen Jagdterrier-Club e.V. eine Solidarkasse zu organisieren, aus der u.a. betroffene Besitzer unterstützt werden. Details bestimmt die Solidarkassen-Ordnung.

Ein Vergleich Zuchtwertschätzung – GGW

Caninus-Engstand (CE) beim Spaniel

Dissertation Christoph Fuest

Es wurde sich in das Jahr Anfang 2010 zurückversetzt und mit den Daten einschließlich 2009 eine Prognose für die Würfe 2010 berechnet. Zuchtwertschätzung hatte eine signifikante Überlegenheit gegenüber GGW.

Zu guter Letzt: Genomische Zuchtwertschätzung

Informationen aus der DNA, Varianten an einzelnen Positionen nahe funktionaler Gene, können helfen den Weg interessanter Gene nachzuvollziehen. Dazu dient zunächst eine Lernstichprobe, aus der abgeschätzt wird, welche Marker-Varianten bevorzugt mit positiven oder negativen Genen assoziiert sind.

Markerzuchtwerte (Genomische Zuchtwerte)

Ist die Summe dieser Effekte über alle interessanten Genorte, die dieses Merkmal steuern. Direkte Genwirkungen, die sich im Phänotyp zeigen, bleiben unberücksichtigt.

Besonders interessant, wenn aus der Abstammung keine Differenzierung möglich ist, wenn ein Phänotyp nicht realisierbar ist, zu spät kommt, oder zu ungenau ist.

Marker-unterstützte Selektion (MAS)

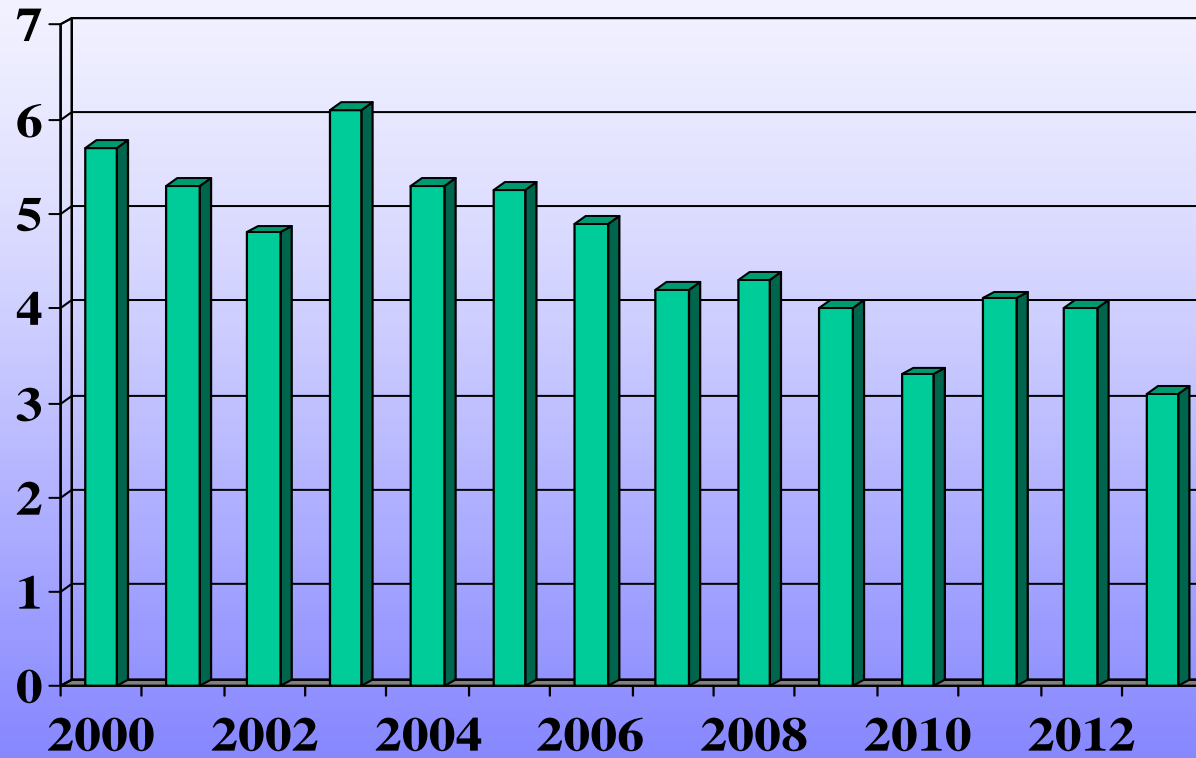
Genomische Markerinformationen werden als Zusatzinformationen zu den Phänotypen verarbeitet. Die Markereffekte werden in einem selbstlernenden integrierten System geschätzt, nachgebessert und optimiert.

Bei hoher Informationsdichte und früher Information ist MAS nicht überlegen, da wegen der hohen Kosten der DNA-Analyse der geringe Informationszuwachs zu teuer erkaufte wird.

Es gibt viele Wege, dem Ziel näher zu kommen.

**Man sollte aber immer prüfen, ob
man auf dem richtigen Weg ist!**

Entwicklung der Rückbiss Frequenz beim Rottweiler



Nun sind SIE dran!

Danke für die Einladung und Ihr Interesse!

TG
