

Anhand biochemischer Polymorphismen an den Genorten für Transferrin (Tf), Postalbumin-1 (Pa-1), Postalbumin-3 (Pa-3), Superoxiddismutase (SOD), Albumin (Al) und Arylesterase (ArE) wurden 17 deutsche Hunderassen genetisch charakterisiert. Das im Laufe von ca. neun Jahren gesammelte Tiermaterial umfaßte insgesamt 1972 Hunde, von denen 919 Tiere für Elternschaftskontrollen verwendet wurden.

Die Genotypen erlaubten eine Berechnung von Allelfrequenzen, Genotyphäufigkeiten und Heterozygotiegraden für die einzelnen Rassen. Aus diesen Daten erfolgte die Bestimmung genetischer Distanzen und die Darstellung der Dendrogramme nach den Methoden von CAVALLI-SFORZA und EDWARDS (1967), NEI (1972) sowie ROGERS (1972). Zwischen beobachteten und erwarteten Genotyphäufigkeiten traten bei den Rassen Windspiel am Genort Tf, Neufundländer, Deerhound und Greyhound am Genort Pa-1, Siberian Husky und Greyhound am Genort Pa-3, Neufundländer am Genort SOD, Barsoi am Genort Al und Afghane, Deerhound und Irish Wolfhound am Genort ArE signifikant Differenzen auf. Die beobachteten Heterozygotiegrade lagen in den meisten Rassen niedriger als die erwarteten. Dies gilt nicht für die Rassen Dt. Dogge, Barsoi und Whippet.

Aufgrund der ermittelten Distanzen und Dendrogramme lassen sich die Windhundrassen in zwei Gruppen einteilen. Eine Gruppe besteht aus Whippet, Sloughi, Saluki, Deerhound und Azawakh, die andere aus Greyhound, Windspiel und Afghane. Weiterhin zeigen sich Verwandtschaften zwischen Dt. Schäferhund, Dt. Dogge und Barsoi, wie auch zwischen Greyhound und Windspiel bzw. Sloughi und Saluki.

Durch Einbeziehung molekulargenetischer Untersuchungstechniken sind weitere Forschungsarbeiten möglich, mit denen die Entwicklungsgeschichte des Hundes weiter zu analysieren ist. Mit Hilfe genetischer Polymorphismen sind auch züchterische Beiträge möglich, mit denen tierschutzrelevante Probleme in der Hundezucht verifiziert und gegebenenfalls gelöst werden könnten.

## **7. SUMMARY**

With help of biochemical polymorphisms for gene loci of transferrin (Tf), postalbumin-1 (Pa-1), postalbumin-3 (Pa-3), superoxide dismutase (SOD), albumin (Al) and arylesterase (ArE) 17 German dog breeds have been characterized genetically. The material was collected in the course of about nine years and covered 1972 dogs from which 919 individuals were used for parentage controls.

The genotypes of the individual dogs led to the allele frequencies, genotype rates and heterozygosity ratio for various breeds. By means of these data genetic distances and dendrograms could be determined according to methods of CAVALLI-SFORZA and EDWARDS (1967), NEI (1972) and ROGERS (1972). Between observed and expected genotype numbers significant differences occurred for Windspiel in the gene locus Tf, Newfoundland, Deerhound and Greyhound in the gene locus Pa-1, Siberian Husky and Greyhound in the gene locus Pa-3, Newfoundland in the gene locus SOD, Barsoi in the gene locus Al and Afghan, Deerhound and Irish Wolfhound in the gene locus ArE. In most breeds observed heterozygosity ratio were smaller than the expected ones. This was not valid for the German Great Dane, Barsoi and Whippet.

Based on the genetic distances and the dendrograms obtained the race dog breeds can be divided into two groups: one group comprises Whippet, Sloughi, Saluki, Deerhound and Azawakh, the other one Greyhound, Windspiel and Afghan. Moreover, the calculations reveal a relationship between German Shepherd, German Great Dane and Barsoi as well as between Greyhound and Windspiel and between Sloughi and Saluki.

After optimizing the choice of material to be studied and by making use of molecular genetic methods further analysis will be possible in the field of dog breeding. This could not only support further studies of the phylogenetic course of the dog but also verify problems related with the protection of animals and possibly help to solve main questions of breeding.