verbunden werden. Die Fäden enthalten daher nun abwechselnd Abschnitte vom Vater und von der Mutter des Elterntiers. Allele, die auf einem Chromosom weit voneinander entfernt liegen, werden dabei häufiger voneinander getrennt als solche, die dicht beieinander liegen.

Jede Verpaarung bedeutet: Chromosomen-Puzzle

Für Schaibles Outcrossing-Projekt bedeutete dies, dass es zunächst nicht nur Welpen gab, die aussahen wie Dalmatiner und das funktionierende Transport-Gen hatten, und welche, die aussahen wie Pointer und das funktionierende Gen hatten. Sondern es ergaben sich eine Menge von Zwischenformen von Hunden. Und selbst als Schaible angab, dass die Welpen der fünften Rückkreuzungsgeneration ganz dalmatinertypisch aussahen, war es auf genetischer Ebene so, dass die Chromosomen der Nachzucht Unmengen von Abschnitten trugen, die von den Dalmatiner-Vorfahren stammten, aber auch zahlreiche Chromosomenabschnitte des einen Pointer-Ahnen.
Nun ist ein Hund glücklicherweise vor allem ein Hund, und das bedeutet, dass 98,8 % seiner genetischen Informationen denen des Wolfs entsprechen. Die restlichen 1,2% erklären die Unterschiede zwischen Hund und Wolf und die Unterschiede zwischen den Rassen. Ihnen allen gemein sind die Säugetiermerkmale, die charakteristische Körperform des Hundes, das charakteristische Verhalten, die typischen Ernährungsbedürfnisse und vieles andere. Bei 98,8% der Chromosomenabschnitte ist es daher einerlei, ob sie vom Dalmatiner oder dem Pointer stammen, denn sie kodieren die Voraussetzungen für die sexuelle Fortpflanzung und die Aufzucht von Welpen durch Säugen, für die Entwicklung von Fell und einem vierfüßigen Skelett, einer funktionierenden Lunge oder eines vollständigen Raubtiergebisses.
Und auch bei den entscheidenden 1,2% war es in vielen Fällen unwichtig, von welchem Ahn sie stammten, wenn die Chromosomenabschnitte des Pointers dem Dalmatiner nämlich nicht schadeten oder gar nicht auffielen: Die Halswirbel waren vielleicht etwas länger, die Rippenbögen etwas anders gewölbt, die Verdauungsenyzme ein wenig anders zusammengesetzt. Da es innerhalb einer jeden Rasse eine gewisse Variabilität der Ausprägungen gibt, wurden und werden viele pointerspezifische Eigenschaften möglicherweise gar nicht als wesentliche Abweichungen erkannt. Und wenn einmal ein Junghund nicht zur Zucht zugelassen wird, kann niemand mit Bestimmtheit sagen, ob die Gründe tatsächlich auf den Pointer-Ahnen zurückzuführen sind.
Über die Hartnäckigkeit der Gene kann übrigens auch Homo sapiens ein Liedchen singen: Auch wir tragen noch bis zu vier Prozent Neandertalergene in uns, obwohl seit seinem Aussterben und damit seit den letzten Verpaarungen zwischen Homo sapiens und Neandertaler bereits 30.000 bis 40.000 Jahre und damit 1200 bis 1600 Generationen vergangenen sind. Forschende vermuten, dass Homo sapiens, frisch aus Ostafrika nach Europa und Asien eingereist, von ihm vielleicht eine hellere Haut und hellere Haare erhalten hat, was die körpereigene Bildung von Vitamin D in den sonnenarmen, nördlichen Regionen beförderte.[7] Im Gegensatz zu einer kontrollierten Hundezucht wirkten auf Homo sapiens allerdings keine Selektionsmechanismen ein, die gezielt neandertalertypische Kennzeichen ausgemerzt hätten.
In vergleichbarer Weise trugen natürlich auch alle Stammtiere der heutigen Hunderassen Chromosomenabschnitte von Vorfahren aller möglicher Formen und Farben in sich. Erst durch künstliche Isolation wurden diese Informationspuzzle zu den uns bekannten Rassebildern geformt. Die Abschnitte sind aber immer noch da, und sie können analysiert und verglichen werden.[8] Eine pure Reinrassigkeit aus sich heraus kann es daher gar nicht geben.

Unerwünschte Allele möglichst ausschließen

Für die Outcrossing-Projekte der Hunde ist aber viel wichtiger die Frage, ob der Kreuzungspartner etwa unentdeckte Allele in sich trägt, die gesundheitliche Beeinträchtigungen nach sich ziehen oder im Zusammenspiel mit bestimmten Allelen der Ursprungsrasse negative Effekte haben. Denn solche schädlichen Allele sollen natürlich nicht in die Population eingetragen werden. Daher ist es angeraten, mögliche Kreuzungspartner genau unter die Lupe zu nehmen und eher solche zu wählen, die schon ein wenig älter sind, so dass sich etwaige Erkrankungen bereits ausprägen konnten. Die möglichst auch schon Nachzucht aufweisen, die man auf mögliche Anlagen hin untersuchen kann. Und schließlich sollten molekulargenetische Analysen genutzt werden, um das genetische Potenzial abwägen zu können.
Bei aller Umsicht ist darüber hinaus nicht zu vergessen, dass die theoretischen Überlegungen zur Verteilung der Allele die Tatsachen immer nur vereinfacht darstellen. Da gibt es nämlich auch noch ihr komplexes Zusammenspiel, wie etwa die Pleiotropie, wenn nämlich das Eiweiß, das von einem Allel kodiert wird, an mehreren Stoffwechselprozessen beteiligt ist. Das bedeutet: Bringe ich ein Allel ein, weil mir ein Merkmal in meiner Population zu fehlen scheint, kann es sein, dass das kodierte Eiweiß außerdem noch an anderer Stelle unerwartete Folgen nach sich zieht.
Genauso ist es möglich, dass für die Ausprägung eines Merkmals die Mitwirkung mehrerer Gene und der von ihnen kodierten Eiweiße vonnöten ist, aber die Einkreuzungsrasse eines davon nur in unwirksamer Form mitbringt. Und drittens können Gene die Ausprägung anderer Gene modulieren. Fehlt einem Allel diese Fähigkeit, hat dies möglicherweise eine überschießende Ausschüttung von schädigenden Proteinen zur Folge. Das alles lässt es angeraten sein, sich die Welpen aus den Einkreuzungsverpaarungen genau anzuschauen, um zu prüfen, in wieweit sie dem angestrebten Zuchtziel entsprechen.