

DRC · FÜR MITGLIEDER UND ZUCHTWARTE

IK und AVK verstehen

Was die Kennzahlen aussagen, warum historische und neue Werte voneinander abweichen und wie Sie Ahnentafeln in der Zuchtberatung richtig einordnen.

Verfasser: **Dr. Meikel Bode**

Ein höherer neu berechneter IK verändert weder einen Hund noch seine Abstammung. Die vollständige Methode bildet bereits vorhandene Verwandtschaft genauer ab.

Abstammung gemeinsam beurteilen

Mitglieder finden hier die Grundlagen zum Lesen von IK, AVK und Ahnentafelvollständigkeit. Zuchtwarte erhalten zusätzlich Hinweise, wie diese Werte in einem Beratungsgespräch zusammen mit Gesundheit, Zuchtziel und Ahnenvielfalt eingeordnet werden können.

Die Diagramme und Stichprobenwerte stammen aus der ursprünglichen Analyse. Sie sind keine aktuelle Vollausswertung der Hundepopulation und keine individuelle Zuchtempfehlung.

Stand: 13.10.2026 · Grundlage: die Erläuterungen und Rechenbeispiele von Dr. Meikel Bode.

Inhalt

<u>IK und AVK: zwei verschiedene Fragen</u>	3
<u>Vollständigkeit und Generationentiefe</u>	4
<u>Warum neue IK-Werte höher sein können</u>	5
<u>IK und AVK in der Zuchtberatung</u>	6
<u>Die Stichprobe bei sieben Generationen</u>	7
<u>IK alt und neu je Generationentiefe</u>	8
<u>Mittlere IK-Differenz nach Rasse</u>	9
<u>AVK und Vollständigkeit</u>	10
<u>Entwicklung der IK-Differenz</u>	11
<u>Die historische und die vollständige Formel</u>	12
<u>AVK und Vollständigkeit berechnen</u>	13
<u>Was gewinnen oder verlieren wir?</u>	14
<u>Rechenbeispiel 1</u>	15
<u>Rechenbeispiel 2</u>	16
<u>Inzucht und züchterische Einordnung</u>	17
<u>Der persönliche IK wird nicht fest vererbt</u>	18
<u>Der IK kann sinken, ein Allel bleibt</u>	19
<u>Wie weit reichen sieben Generationen zurück?</u>	20
<u>Generationentiefe ist keine feste Jahresgrenze</u>	21
<u>Die Wirkung häufig eingesetzter Rüden</u>	22
<u>Datenstand und Vergleichsregeln</u>	23

IK und AVK

Alle Werte entstehen aus der dokumentierten Ahnentafel. Sie sind weder ein DNA-Test noch eine Vorhersage, ob ein Hund gesund oder krank wird.

IK: Wie eng sind die Eltern verwandt?

Der **Inzuchtkoeffizient (IK)** beschreibt die Wahrscheinlichkeit, dass beide Genkopien eines Nachkommen über Vater und Mutter auf denselben Vorfahren zurückgehen. Je höher der IK, desto mehr gemeinsame Abstammung wurde in der betrachteten Ahnentafel gefunden.

0 % bedeutet nur: In der gewählten Tiefe und den vorhandenen Daten wurde kein gemeinsamer Ahn gefunden. Es ist kein Beweis dafür, dass die Elterntiere biologisch unverwandt sind.

AVK: Wie vielfältig sind die Ahnen?

Der **Ahnenverlustkoeffizient (AVK)** vergleicht die Zahl unterschiedlicher bekannter Ahnen mit allen theoretisch möglichen Ahnenplätzen. **100 %** bedeutet: Alle erwarteten Plätze sind bekannt und mit jeweils verschiedenen Ahnen besetzt. Wiederholt sich ein Ahn oder fehlt ein Platz, sinkt der AVK.

Ein niedriger AVK kann aber auch durch fehlende Ahnen entstehen. Er sollte deshalb nie ohne die Ahnentafelvollständigkeit gelesen werden.

Die Datengrundlage mitlesen

Vollständigkeit: Wie gut ist die Datengrundlage?

Sie zeigt, wie viele theoretisch mögliche Ahnenplätze tatsächlich bekannt sind. **90 % Vollständigkeit** bedeutet: 9 von 10 erwarteten Positionen sind belegt. Fehlende Positionen können IK und AVK künstlich niedrig erscheinen lassen.

Generationentiefe: Wie weit wird zurückgeschaut?

Generation 1 sind die Eltern, Generation 2 die Großeltern. Mit jeder weiteren Generation verdoppelt sich die Zahl der Plätze: 7 Generationen umfassen **254**, 10 Generationen bereits **2.046** theoretische Ahnenpositionen.

Vier Generationen sind keine Entwarnungsgrenze: Gemeinsame Ahnen ab Generation 5 bleiben dabei unsichtbar. Ein niedriger IK über nur vier Generationen kann deshalb eine scheinbare Sicherheit vermitteln, obwohl in tieferen, gut dokumentierten Linien weitere Verwandtschaft vorhanden ist.

EINFACHES AVK-BEISPIEL

30 mögliche Ahnenplätze in 4 Generationen

Von 30 Positionen sind 27 bekannt, aber nur 24 verschiedene Tiere. Drei bekannte Ahnen kommen also mehrfach vor; drei Positionen fehlen.

Vollständigkeit		27 / 30 = 90 %
AVK		24 / 30 = 80 %

Prozent oder Prozentpunkte? Steigt der IK von 2,09 % auf 2,26 %, beträgt der direkte Abstand **0,17 Prozentpunkte**. Genau diesen Abstand zeigt die Kennzahl „Differenz“; sie ist keine räumliche Distanz.

Derselbe Hund, unterschiedliche Werte

Bei derselben Ahnentafel kann die vollständige Berechnung einen höheren IK ergeben als die historische Berechnung. Der Unterschied liegt in der Berücksichtigung der **Eigeninzucht gemeinsamer Ahnen**.

Die historische Berechnung

Sie zählt die gültigen Verbindungswege zwischen Vater- und Mutterseite. Die Eigeninzucht eines gemeinsamen Ahnen bleibt dabei unberücksichtigt.

Die vollständige Wright-Methode

Sie berücksichtigt zusätzlich, ob der gemeinsame Ahn selbst bereits ingezüchtet war. Sein Beitrag wird mit dem Faktor $1 + F_A$ gewichtet. Ist seine Eigeninzucht null, liefern beide Methoden für diesen Beitrag denselben Wert.

Eine höhere Zahl bedeutet hier nicht, dass ein Hund nachträglich mehr Inzucht bekommen hat. Bereits vorhandene gemeinsame Abstammung wird vollständiger erfasst.

Was bedeutet das für Ihren Vergleich?

Vergleichen Sie alte und neue Angaben nicht ohne Methodenkennzeichnung. Achten Sie zusätzlich auf dieselbe Generationentiefe und die Vollständigkeit der zugrunde liegenden Ahnentafeln.

Gemeinsam sinnvoll vergleichen

Für Mitglieder

1. Notieren Sie den Hund beziehungsweise die betrachtete Verpaarung sowie die Generationentiefe.
2. Lesen Sie IK, AVK und Vollständigkeit gemeinsam. Eine einzelne Zahl reicht für eine Zuchtentscheidung nicht aus.
3. Bei abweichenden Werten vergleichen Sie zunächst Methode, Tiefe und bekannte Ahnen.
4. Besprechen Sie die Einordnung zusammen mit Gesundheitsbefunden und Zuchtziel mit Ihrem Zuchtwart.

Für Zuchtwarte

1. Prüfen Sie, ob die zu vergleichenden Angaben dieselben Eltern, dieselbe Methode und dieselbe Tiefe betreffen.
2. Benennen Sie fehlende Ahnen und erklären Sie, wie sie die Aussagekraft begrenzen.
3. Unterscheiden Sie den Eigen-IK eines Hundes vom erwarteten IK der Nachkommen einer konkreten Verpaarung.
4. Beziehen Sie Ahnenvielfalt, bekannte Erbvarianten und die Nutzung einzelner Linien in die Beratung ein.

Die Kennzahlen unterstützen die fachliche Beurteilung. Sie ersetzen weder erforderliche Gesundheitsuntersuchungen noch die geltenden Zuchtbestimmungen und sind keine automatische Freigabe oder Ablehnung einer Verpaarung.

Sieben Generationen

Feste Ansicht: alle Rassen, alle Geburtszeiträume, sieben Generationen.

Feste Vergleichsbasis: Alle Kennzahlen beziehen sich auf 7 Generationen. Jeder ausgewählte Hund fließt genau einmal ein.

Auswahl

3.600

So viele unterschiedliche Hunde erfüllen die gesetzten Filter. Pro Hund können mehrere Generationentiefen in die Auswertung eingehen.

IK alt · historisch

2,25 %

Durchschnittlicher IK nach der historischen Methode. Die Eigeninzucht gemeinsamer Ahnen fehlt in dieser Berechnung.

IK neu · vollständig

2,49 %

Durchschnittlicher IK nach der vollständigen Wright-Methode. Dieser Wert bildet vorhandene Verwandtschaft genauer ab.

Differenz · Prozentpunkte

0,24 %

Durchschnittlicher Abstand zwischen neuem und altem IK in Prozentpunkten. Ein positiver Wert zeigt die bisher nicht erfasste Komponente.

AVK · Ahnenvielfalt

55,46 %

Anteil unterschiedlicher Ahnen an allen theoretischen Ahnenpositionen. Höher ist grundsätzlich günstiger, sofern die Ahnentafel vollständig ist.

Vollständigkeit

76,05 %

Anteil der theoretischen Ahnenpositionen, die tatsächlich belegt sind. Je höher der Wert, desto belastbarer sind IK und AVK.

Die Mittelwerte beschreiben die anonymisierte Stichprobe, nicht sämtliche Hunde einer Rasse. Vergleiche benötigen dieselbe Methode, Generationentiefe und Datengrundlage.

IK alt und neu je Generationentiefe

Feste Ansicht der Originalanalyse: alle Rassen, alle Zeiträume, alle ausgewerteten Generationentiefen.

Y-Achse: Inzuchtkoeffizient in Prozent · X-Achse: Zahl der Ahnengenerationen

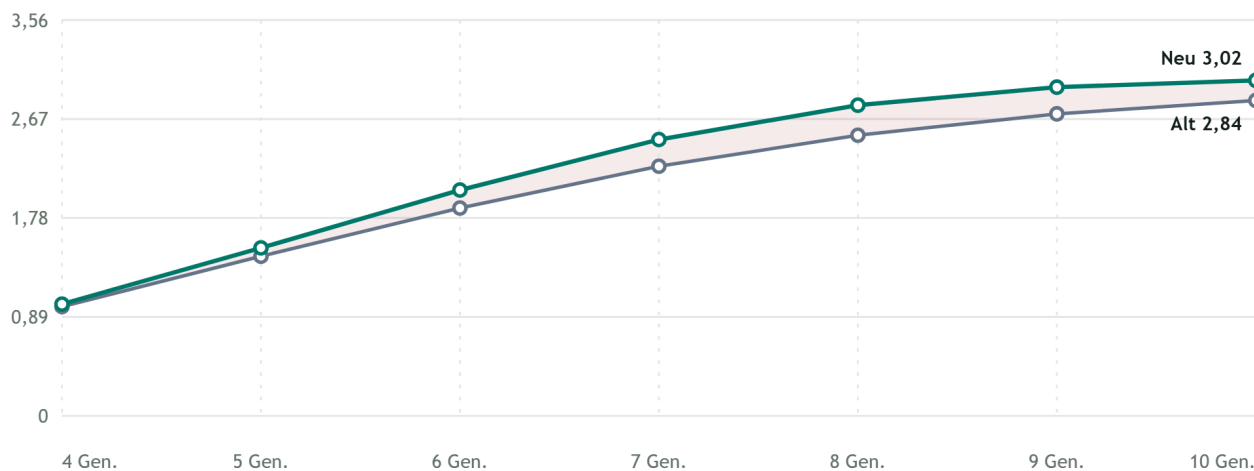


Diagramm aus der ursprünglichen interaktiven Analyse. Grau: alter IK; Grün: neuer IK. Im Qualitätsdiagramm: Blau für Vollständigkeit, Gelb für AVK.

So lesen Sie das Diagramm: Von links nach rechts werden mehr Ahnengenerationen einbezogen. Die graue Linie zeigt die alte, die grüne Linie die vollständige Berechnung. Der rosa Zwischenraum ist der Anteil, den die alte Methode nicht erfasst; ein größerer Abstand bedeutet eine größere Methodenabweichung.

Die Ansicht „alle Tiefen“ dient dem Überblick. Für einen konkreten fachlichen Vergleich wählen Sie eine feste Tiefe; Werte unterschiedlicher Tiefen sind nicht austauschbar.

Mittlere IK-Differenz nach Rasse

Feste Ansicht der Originalanalyse: alle Rassen, alle Zeiträume, alle ausgewerteten Generationentiefen.

Horizontale Achse: neuer IK minus alter IK in Prozentpunkten

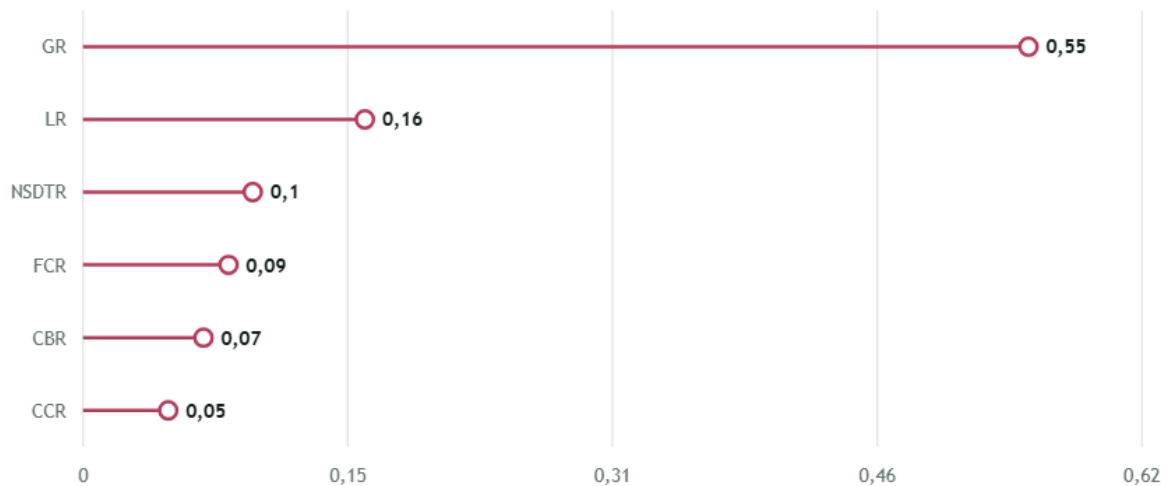


Diagramm aus der ursprünglichen interaktiven Analyse. Grau: alter IK; Grün: neuer IK. Im Qualitätsdiagramm: Blau für Vollständigkeit, Gelb für AVK.

So lesen Sie das Diagramm: Jede Zeile steht für eine Rasse. Je weiter der Kreis rechts liegt, desto stärker steigt ihr IK im Durchschnitt durch die vollständige Formel. Das ist kein Vergleich der genetischen Qualität der Rassen, sondern nur der Abweichung zwischen beiden Rechenmethoden.

Die Ansicht „alle Tiefen“ dient dem Überblick. Für einen konkreten fachlichen Vergleich wählen Sie eine feste Tiefe; Werte unterschiedlicher Tiefen sind nicht austauschbar.

AVK und Vollständigkeit

Feste Ansicht der Originalanalyse: alle Rassen, alle Zeiträume, alle ausgewerteten Generationentiefen.

Y-Achse: Anteil in Prozent · X-Achse: Zahl der Ahnengenerationen

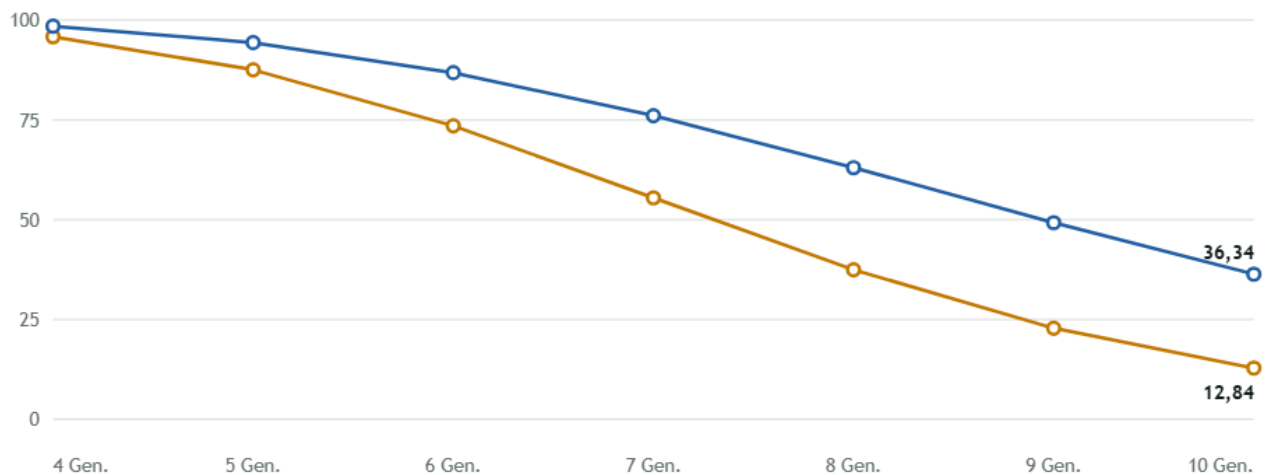


Diagramm aus der ursprünglichen interaktiven Analyse. Grau: alter IK; Grün: neuer IK. Im Qualitätsdiagramm: Blau für Vollständigkeit, Gelb für AVK.

So lesen Sie das Diagramm: Die blaue Linie zeigt, wie viel der Ahnentafel bekannt ist. Die gelbe Linie zeigt, wie viele unterschiedliche Ahnen darin vorkommen. Fallen beide Linien bei größerer Tiefe, fehlen in den weiter zurückliegenden Generationen zunehmend Daten; ein niedriger AVK allein beweist dann keinen echten Ahnenverlust.

Die Ansicht „alle Tiefen“ dient dem Überblick. Für einen konkreten fachlichen Vergleich wählen Sie eine feste Tiefe; Werte unterschiedlicher Tiefen sind nicht austauschbar.

Entwicklung der IK-Differenz

Feste Ansicht der Originalanalyse: alle Rassen, alle Zeiträume, alle ausgewerteten Generationentiefen.

Y-Achse: Abstand in Prozentpunkten · X-Achse: Geburtszeitraum

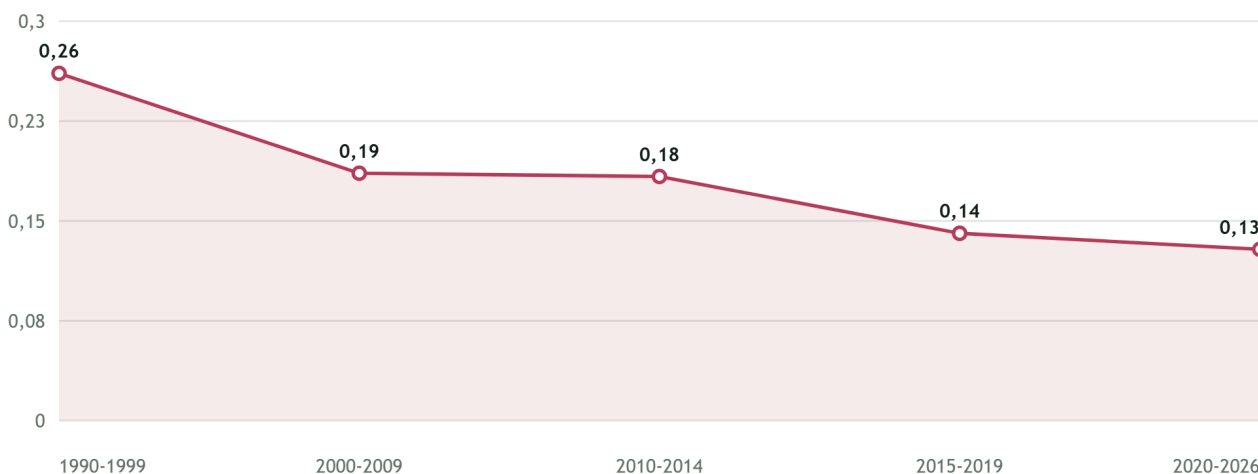


Diagramm aus der ursprünglichen interaktiven Analyse. Grau: alter IK; Grün: neuer IK. Im Qualitätsdiagramm: Blau für Vollständigkeit, Gelb für AVK.

So lesen Sie das Diagramm: Die Punkte gruppieren die Hunde nach Geburtszeitraum. Ein hoher Punkt bedeutet, dass alter und neuer IK in diesem Zeitraum im Mittel stärker auseinanderliegen. Die Kurve zeigt keine Veränderung einzelner Hunde und keinen direkten Verlust genetischer Vielfalt.

Die Ansicht „alle Tiefen“ dient dem Überblick. Für einen konkreten fachlichen Vergleich wählen Sie eine feste Tiefe; Werte unterschiedlicher Tiefen sind nicht austauschbar.

LESART

Was wird verglichen?

Beide IK-Verfahren suchen dieselben gemeinsamen Ahnen in denselben Ahnentafeln. Der einzige methodische Unterschied ist, ob die bereits vorhandene Eigeninzucht eines gemeinsamen Ahnen berücksichtigt wird. Der AVK ist eine getrennte Kennzahl und wird nicht durch die IK-Formel verändert.

A	ein gemeinsamer Ahn
P	ein gültiger Verbindungsweg über diesen Ahnen
n_1, n_2	Stammbaumdistanz: Zahl der Eltern-Kind-Schritte von Vater und Mutter zum gemeinsamen Ahnen
F_A	Eigeninzucht des gemeinsamen Ahnen
N	betrachtete Generationentiefe

HISTORISCHER IK

$$F_{X,\text{alt}} = \sum_A \sum_P \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1}$$

Für jeden gemeinsamen Ahnen werden die gültigen Verbindungswege zwischen Vater- und Mutterseite addiert. Je weiter der Ahn entfernt ist, desto kleiner wird sein Beitrag. Seine eigene Inzucht bleibt jedoch unberücksichtigt.

VOLLSTÄNDIGER IK

$$F_{X,\text{neu}} = \sum_A \sum_P \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1} (1 + F_A)$$

Die neue Methode berechnet dieselben Wege, multipliziert jeden Beitrag aber zusätzlich mit $1 + F_A$. Damit fließt ein, ob der gemeinsame Ahn selbst bereits ingezüchtet war. Deshalb kann der neue IK nur gleich hoch oder höher ausfallen.

Ahnen und Plätze zählen

AVK UND VOLLSTÄNDIGKEIT

$$AVK_N = \frac{A_{\text{verschieden}}}{2^{N+1} - 2} \cdot 100\%$$

$$V_N = \frac{A_{\text{bekannte Positionen}}}{2^{N+1} - 2} \cdot 100\%$$

Der AVK zählt unterschiedliche bekannte Ahnen; die Vollständigkeit zählt belegte Positionen, auch wenn derselbe Ahn mehrfach vorkommt. Beide hängen von Tiefe und Datenbestand ab, verwenden aber in alter und neuer Auswertung dieselbe Formel.

Beispiel mit vier Generationen

EINFACHES AVK-BEISPIEL

30 mögliche Ahnenplätze in 4 Generationen

Von 30 Positionen sind 27 bekannt, aber nur 24 verschiedene Tiere. Drei bekannte Ahnen kommen also mehrfach vor; drei Positionen fehlen.

Vollständigkeit		27 / 30 = 90 %
AVK		24 / 30 = 80 %

Ein Tier wird beim AVK nur einmal gezählt, auch wenn es mehrere Positionen besetzt. Bei der Vollständigkeit zählt dagegen jede bekannte Position.

EINORDNUNG

Was gewinnen oder verlieren wir?

Wir gewinnen Genauigkeit

Die neue Methode berücksichtigt mit $1 + F_A$ auch die Eigeninzucht gemeinsamer Ahnen. Sie entdeckt keine „neue“ Inzucht, sondern bildet bereits vorhandene Verwandtschaft vollständiger ab. Im aktuellen Filter zeigen **3.166** Hunde mindestens eine positive Abweichung; die größte Differenz beträgt **3,07 %**.

Wir verlieren keine genetische Vielfalt

Ein höherer neuer IK verändert weder einen Hund noch seine Abstammung. Verloren geht nur der scheinbar günstigere historische Zahlenwert. Alte und neue Angaben dürfen deshalb nicht ohne Methodenkennzeichnung in einer Zeitreihe vermischt werden.

Sieben Generationen sind der beste Kompromiss

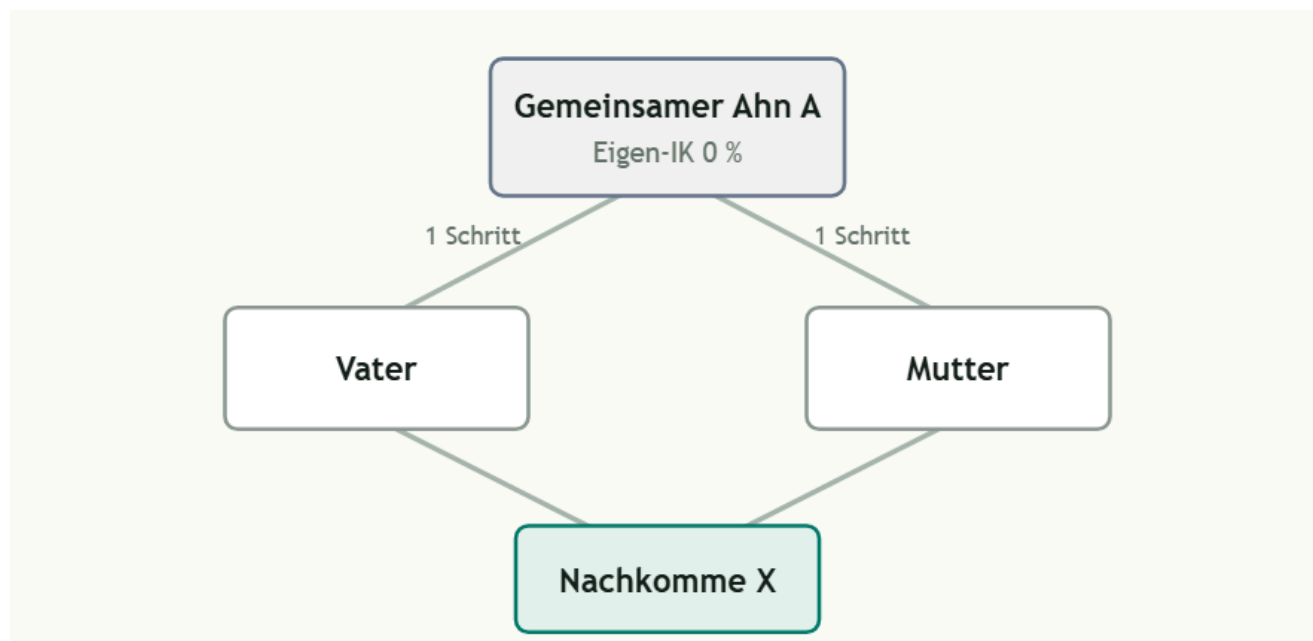
Eine künstliche Begrenzung auf vier Generationen blendet alle weiter zurückliegenden gemeinsamen Ahnen aus. Der daraus entstehende niedrigere IK kann wie eine Entwarnung wirken, obwohl er nur „bis Generation 4 wurde nichts Weiteres gefunden“ bedeutet. Eine größere Tiefe liefert zusätzliche Erkenntnisse, weil sie weitere gemeinsame Ahnen und Pfade erfassen kann; belastbar ist dieser Gewinn aber nur zusammen mit der Ahnentafelvollständigkeit. Für den regulären IK und AVK empfehlen sich deshalb sieben Generationen: Hier sind die Ahnentafeln im Mittel noch zu 76,06 % vollständig und der AVK liegt bei 55,46 %. Acht bis zehn Generationen bleiben als Zusatzanalyse sinnvoll, ihre stark sinkende Vollständigkeit begrenzt jedoch die Interpretation. Vier Generationen sind nur für methodengleiche Vergleiche mit historischen Werten relevant.

Der gemeinsame Ahn zählt

Vater und Mutter sind jeweils einen Eltern-Kind-Schritt vom gemeinsamen Ahnen A entfernt. Gezeigt wird ein einzelner gültiger Verbindungsweg; weitere gemeinsame Ahnen werden hier nicht angenommen.

Beispiel 1

Gemeinsamer Ahn ohne Eigeninzucht



$$\left(\frac{1}{2}\right)^{1+1+1} \cdot (1 + 0) = 12,50\%$$

Alt		12,50 %
Neu		12,50 %

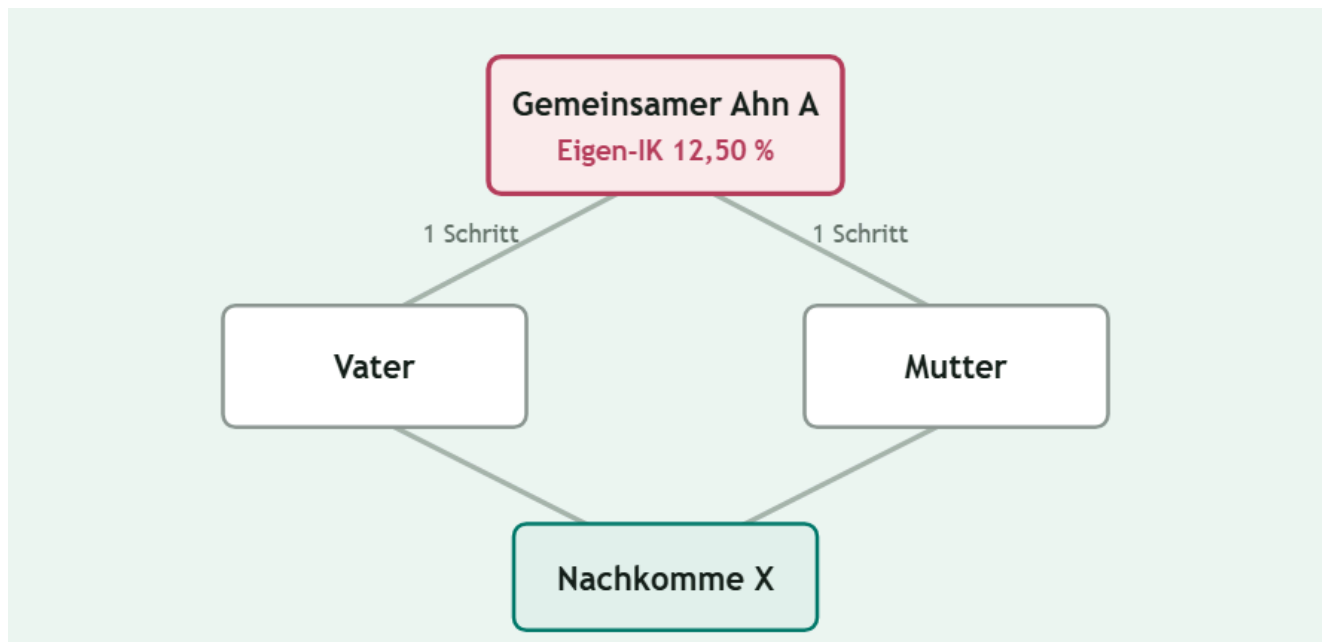
Ist der gemeinsame Ahn nicht selbst ingezüchtet, ist $F_A = 0$. Der Zusatzfaktor ist genau 1; alte und neue Methode liefern denselben Wert.

Der gemeinsame Ahn zählt

Vater und Mutter sind jeweils einen Eltern-Kind-Schritt vom gemeinsamen Ahnen A entfernt. Gezeigt wird ein einzelner gültiger Verbindungsweg; weitere gemeinsame Ahnen werden hier nicht angenommen.

Beispiel 2

Derselbe Ahn mit 12,50 % Eigeninzucht



$$\left(\frac{1}{2}\right)^{1+1+1} \cdot (1 + 0,125) = 14,06\%$$

Alt		12,50 %
Neu		14,06 %

Die alte Methode bleibt bei 12,50 %. Die vollständige Methode berücksichtigt die Vorgeschichte des Ahnen und steigt um **1,56 Prozentpunkte**. Der Stammbaum selbst hat sich dabei nicht verändert.

Inzucht ist nicht grundsätzlich unerwünscht

Verkürzt gesagt: **Ohne Verwandtschaftszucht keine stabilen Rassen.** Verwandtschaftszucht, Linienzucht und die damit verbundene Auswahl haben Rassen mit ihren wiedererkennbaren Eigenschaften erst entstehen lassen. Die Paarung verwandter Tiere erhöht die **Homozygotie**: Genvarianten treten häufiger in gleicher Ausführung auf. Dadurch können gewünschte Merkmale wie Typ, Leistung oder Verhalten über Generationen gefestigt werden.

Dieser Mechanismus unterscheidet jedoch nicht zwischen erwünschten und unerwünschten Varianten. Neben positiven Merkmalen können deshalb auch **rezessive Erbdefekte** und ungünstige Merkmalskombinationen häufiger sichtbar werden. Ein höherer IK ist daher weder automatisch „schlecht“ noch ein Qualitätsnachweis. Er beschreibt genetische Nähe und muss gemeinsam mit Gesundheit, genetischen Tests, Ahnenvielfalt, Populationsgröße und Zuchtziel bewertet werden.

Züchterische Aufgabe: Merkmale gezielt festigen, ohne einzelne Linien so stark zu konzentrieren, dass genetische Vielfalt verloren geht oder das Risiko unerwünschter rezessiver Varianten unnötig steigt.

Der IK des Nachkommen

WICHTIG FÜR DIE EINORDNUNG

Der persönliche IK wird nicht als fester Wert vererbt

$$F_{Nachkomme} = f(Vater, Mutter)$$

Der IK jedes Nachkommen wird neu aus der verwandtschaftlichen Beziehung seiner beiden Eltern berechnet. Der Eigen-IK eines Elternteils wird nicht einfach auf den Nachkommen übertragen.

Was sofort sinken kann

Wird ein ingezüchteter Hund mit einem genealogisch nicht verwandten Partner verpaart, kann der IK der Nachkommen unmittelbar niedrig oder innerhalb der betrachteten Ahnentiefe sogar **0 %** sein. Entscheidend ist nicht der niedrige Eigen-IK des Partners, sondern ob die beiden Eltern miteinander verwandt sind. Zwei Hunde mit jeweils 0 % Eigen-IK können untereinander dennoch nahe Verwandte sein.

Was dadurch nicht verschwindet

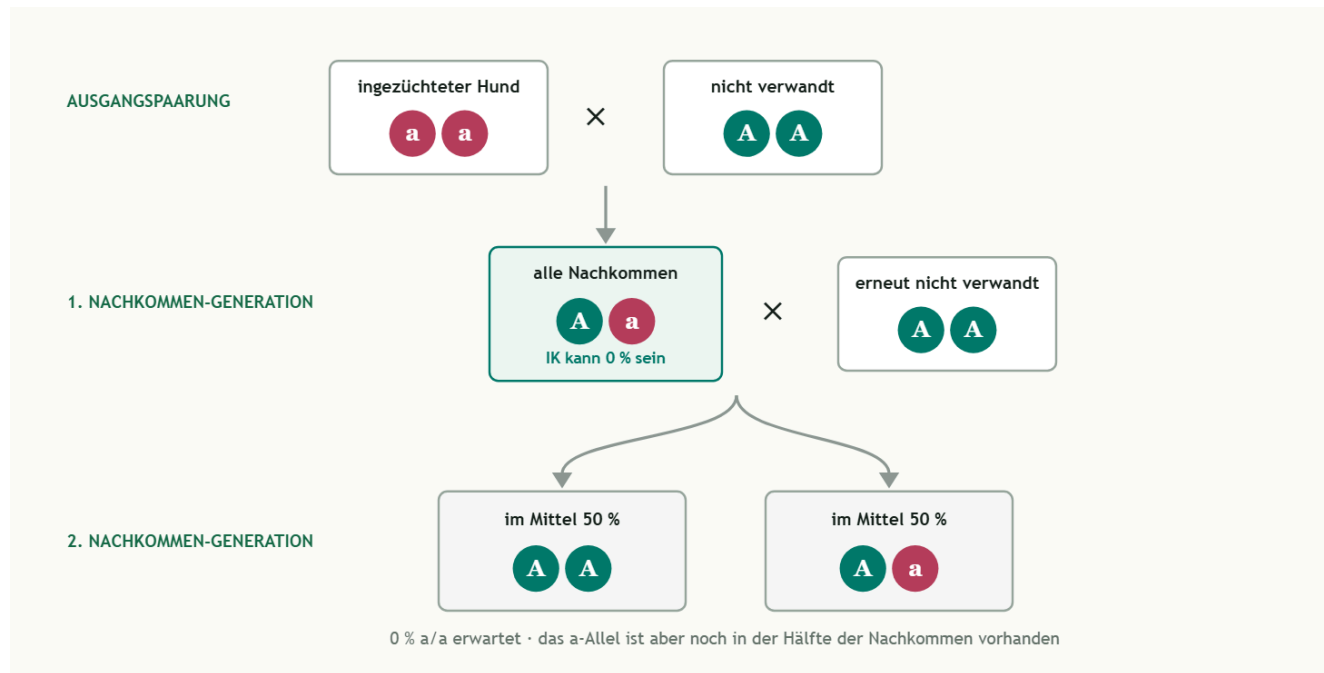
Die geerbten Genvarianten des ingezüchteten Elternteils bleiben im Nachwuchs vorhanden. Unerwünschte rezessive Varianten können weitergegeben werden, häufig zunächst als einfache Trägeranlage. Auskreuzung senkt den IK und erhöht meist die Heterozygotie, löscht aber weder einzelne Varianten noch die Populationsgeschichte.

IK und Genvarianten unterscheiden

VEREINFACHTES BEISPIEL AN EINEM GENORT

Der IK kann sofort sinken, das Allel bleibt zunächst erhalten

A steht für die andere Genvariante, a für eine betrachtete rezessive Variante. Die Prozentwerte sind mendelsche Erwartungen für diesen einen Genort, keine Vorhersage für einen konkreten Wurf. „Nicht verwandt“ bedeutet hier: keine gemeinsamen Ahnen innerhalb der betrachteten Ahnentiefe.



Ein IK von 0 % ist weder ein Gentest noch ein Freinachweis für eine rezessive Variante.

ZEITHORIZONT

Wie weit reichen die Ahnentafeln zurück?

Die untersuchten Hunde wurden zwischen **1990 und 2026** geboren. Aus 15.691 dokumentierten Würfen waren plausible Alterswerte für 13.447 Rüden und 13.217 Hündinnen berechenbar. Das mittlere Alter beim Zuchteinsatz lag bei **4,82 Jahren für Rüden** und **4,50 Jahren für Hündinnen**. Das sind beobachtete Durchschnittsalter, keine zuchtrechtlichen Mindest- oder Höchstaltersgrenzen. Als gemeinsame Näherung werden rund **4,66 Jahre je Generation** verwendet.

Empfohlener Standard **7 Generationen = etwa 33 Jahre**

Gemeint ist: Die Ahnen der 7. Generation wurden im statistischen Mittel ungefähr 33 Jahre vor dem untersuchten Hund geboren. Rechnung: 7 Generationsschritte $\times$ 4,66 Jahre = 32,62 Jahre. Bei einem 1990 geborenen Hund liegt der mittlere Geburtszeitraum dieser äußersten einbezogenen Ahnengeneration somit um 1957, bei einem 2026 geborenen Hund um 1993.

Maximale Analyse **10 Generationen = etwa 47 Jahre**

Entsprechend liegt der mittlere Geburtszeitraum der Ahnen in Generation 10 rund 47 Jahre vor dem Geburtsjahr des untersuchten Hundes: bei einem 1990 geborenen Hund um 1943, bei einem 2026 geborenen Hund um 1979.

Schritte, nicht Kalenderjahre

Keine feste Jahresgrenze: „33 Jahre zurück“ bedeutet weder, dass jeder Ahn genau 33 Jahre früher geboren wurde, noch dass nur Daten ab diesem Kalenderjahr verwendet werden. Gezählt werden sieben Eltern-Kind-Schritte im Stammbaum. Weil das Zuchtalter bei jedem Schritt variiert, können einzelne Ahnen der 7. Generation deutlich früher oder später geboren sein. 80 % der beobachteten Rüdeneinsätze lagen ungefähr zwischen 2,25 und 7,87 Jahren, bei Hündinnen zwischen 2,51 und 6,82 Jahren. Im jüngsten Zeitraum 2020–2026 lagen die Mittelwerte bei 5,13 beziehungsweise 4,67 Jahren. Bei Inseminationen waren Rüden im Mittel älter; konserviertes Sperma kann den väterlichen Generationsabstand zusätzlich verlängern.

Begriff	Bedeutung
7 Generationen	Sieben Eltern-Kind-Schritte; 254 mögliche Ahnenpositionen.
Etwa 33 Jahre	Statistische Näherung aus $7 \times 4,66$ Jahren, keine feste Datumsgrenze.
10 Generationen	Zehn Eltern-Kind-Schritte; 2.046 mögliche Ahnenpositionen.

Entscheidend für die Aussagekraft bleibt, wie viele dieser Positionen tatsächlich bekannt sind.

POPULATIONSWIRKUNG

Ist der „Popular Sire Effect“ relevant?

Ja, für die langfristige Populationsentwicklung. Wenn wenige gefragte Rüden überdurchschnittlich viele Würfe oder Nachkommen haben, verbreiten sich ihre erwünschten Merkmale schnell. Gleichzeitig werden aber auch unbekannte ungünstige Varianten breit in der Population verteilt. Viele formal unterschiedliche Hunde können dann genetisch stärker auf dieselben Linien zurückgehen. „Preferred Sire“ oder „bevorzugter Deckrüde“ bezeichnet hier keinen zusätzlichen Rechenfaktor, sondern typischerweise einen besonders häufig ausgewählten Rüden; der populationsgenetische Effekt wird als **Popular Sire Effect** bezeichnet.

Rüden · 2015–2026 **11,17 %**

der Würfe entfallen auf das meistgenutzte eine Prozent der eingesetzten Rüden. Die zehn meistgenutzten Rüden stellen 7,59 % der dokumentierten Welpen.

Hündinnen · 2015–2026 **2,71 %**

der Würfe entfallen auf das meistgenutzte eine Prozent der eingesetzten Hündinnen. Die zehn meistgenutzten Hündinnen stellen 1,10 % der dokumentierten Welpen.

Einordnung: Die Konzentration ist auf der Rüdenseite deutlich stärker und damit relevant. Sie erklärt jedoch **nicht** den Unterschied zwischen altem und neuem IK: Dieser entsteht allein durch den zusätzlichen Faktor $1 + F_A$. Der Popular-Sire-Effekt beeinflusst stattdessen die tatsächliche Verwandtschaft und den künftigen IK/AVK der Population.

Datenbasis: Würfe 2015–2026 mit verknüpften Elterntieren; Welpenzahlen waren in diesem Zeitraum praktisch vollständig dokumentiert. „Popular Sire“ beschreibt hier messbare Nutzungskonzentration, nicht das Motiv für die Auswahl eines Rüden.

Zum Abschluss prüfen

1. Sind Berechnungsmethode und Generationentiefe gleich?
2. Wie vollständig sind die zugrunde liegenden Ahnentafeln?
3. Ist ein Unterschied in Prozentpunkten oder in Prozent angegeben?
4. Wird eine Stichprobe beschrieben oder ein einzelner Hund?
5. Werden Gesundheitsdaten und Zuchtziel getrennt mitbewertet?

Auszug: acht Berechnungen bei sieben Generationen

Code	Rasse	Zeitraum	Gen.	IK alt	IK neu	Differenz (Pp.)	AVK	Vollst.
CBR-001	CBR	1990-1999	7	0,24 %	0,24 %	0 %	38,19 %	42,91 %
CBR-002	CBR	1990-1999	7	0,24 %	0,24 %	0 %	38,19 %	42,91 %
CBR-003	CBR	1990-1999	7	0,24 %	0,24 %	0 %	38,19 %	42,91 %
CBR-004	CBR	1990-1999	7	0,24 %	0,24 %	0 %	38,19 %	42,91 %
CBR-005	CBR	1990-1999	7	0,24 %	0,24 %	0 %	38,19 %	42,91 %
CBR-006	CBR	1990-1999	7	0,24 %	0,24 %	0 %	38,19 %	42,91 %
CBR-007	CBR	1990-1999	7	0,24 %	0,24 %	0 %	38,19 %	42,91 %
CBR-008	CBR	1990-1999	7	0,95 %	0,95 %	0 %	32,28 %	40,55 %

AVK und Vollst. in Prozent; Differenz in Prozentpunkten. Dies ist nur ein Auszug, nicht die vollständige Stichprobe.

Herkunft

Berechnet am 2.8.2026, 20:24:45 Verfasser: Dr. Meikel Bode Anonymisierte, zeitlich geschichtete Stichprobe · 600 Hunde je Rasse · Generationen 4–10

Die Stichprobe dient dem Verständnis der Kennzahlen. Für die Beratung eines einzelnen Hundes oder einer Verpaarung sind deren eigene Ahnentafel und Gesundheitsangaben maßgeblich.