

**Die Population der Deutschen Pinscher**  
Gründertiere  
Aspekte zur aktuellen Situation

Vorgelegt von  
**Ralf Wiechmann**

Lüneburg  
Oktober 2003  
überarbeitet Dezember 2010

## Inhaltsverzeichnis

Neuaufbau der Deutschen Pinscher ab 1955.....	3
Deutschland.....	3
Schweiz.....	4
Frankreich.....	5
DDR.....	5
Finnland.....	5
Fazit zur Gründerpopulation der Rasse.....	5
Ein Artikel der frustriert.....	7
Ein paar Antworten.....	7
Welche erblichen (genetischen) Faktoren bestimmen im wesentlichen die Vitalität eines Tieres ?.....	7
Woran erkennt man die genetische Vielfalt einer Population ?.....	8
Das Hardy-Weinberg-Gesetz.....	9
genetischer Flaschenhals.....	10
Inzuchtdefekte.....	13
Lösungen ?.....	14
Weitere Themen dieses Jahres (2003).....	15
Literatur.....	17

### **Neuaufbau der Deutschen Pinscher ab 1955**

Um ein möglichst genaues Bild von der aktuellen populationsgenetischen Situation zu bekommen, ist neben den aktuellen Daten (Generationsintervall, Populationsgröße) eine gute Kenntnis der genetischen Quellen unserer Pinscher-Population notwendig.

Allgemein bekannt ist der Anfang in Deutschland. Doch der neue Anfang des DP lag nicht nur in Deutschland. Neben dem PSK (**P**inscher-**S**chnauzer-**K**lub 1895 e.V.)- Zuchtbuch stehen mir auch Daten aus dem französischen Zuchtbuch und dem Zuchtbuch der Schweiz zur Verfügung.

### **Deutschland**

Nach 1949 werden in die Zuchtbücher des PSK keine Pinscher-Würfe mehr eingetragen. Nur auf dem Gebiet der DDR gab es noch wenige Würfe in dieser Zeit. Die Zucht von „Deutschen Pinschern“ im PSK war erloschen. Als der damalige Hauptzuchtwart Werner Jung 1956/1957 nach zuchtfähigen Pinschern sucht, findet er nur noch eine 1955 geborene Hündin. Dem PSK drohte in diesen Nachkriegsjahren der Verlust einer Rasse. Doch Werner Jung wollte dieses nicht hinnehmen. Für den Neuanfang der Zucht von „Deutschen Pinschern“ wurden im Zuchtbuch des PSK folgende Hunde eingetragen bzw. registriert:

Hündin	<i>Kitti v. Bodestrand</i>	schwzr	(Deutscher Pinscher DDR) 22.05.55
Hündin	<i>Jutta</i>	schw	(Zwergpinscher DDR) Registriert 1958
Rüde	<i>Fürst</i>	rot	(Zwergpinscher DDR) Registriert 1958
Rüde	<i>Illo</i>	schwbr	(Zwergpinscher) Registriert 1958
Rüde	<i>Onzo</i>	hellschokolade	(Zwergpinscher) Registriert 1958

Alle vier Zwergpinscher hatten Übergröße (Widerristhöhe 37 – 42 cm)

Der Neuanfang begann 1958 mit dem ersten Pinscher-Wurf im Zwinger von Werner Jung (von der Birkenheide). Das Aussterben dieser Rasse wurde wirklich im allerletzten Augenblick verhindert.

## Schweiz

In der Schweiz gab es in den fünfziger Jahren einige Zuchtversuche in Richtung pfeffer-salz farbige Pinscher (kurzhaarige pfeffer-salz farbige Schnauzer). Aus dem Pool dieser Hunde sind dann einige wenige auch in die ab 1958 von Werner Jung in Deutschland begonnene Neuzüchtung des Deutschen Pinscher eingegangen.

Aus der Verpaarung von „*Astrid von der Eybrücke*“ (Vater Mittelschnauzer schwarz; Mutter pfs) mit dem Rüden „*Omo von der Birkenheide*“ wird am 11.05.1962 die Hündin „*Hera von der Teufelsbürde*“ geboren.

Von dieser Hündin „*Hera von der Teufelsbürde*“ sind zwei Töchter bekannt, welche in der weiteren Zucht eine Rolle spielten.

1. Die Tochter „*Nasta von der Teufelsbürde*“ (schwarz/braun; Vater „*Zero v.d.Birkenheide*“; WT 21.03.1963) wirft aus der Verpaarung mit dem Rüden „*Omo von der Birkenheide*“ am 13.04.1970 die Hündin „*Asta vom Kopfholz*“. Von dieser Hündin „*Asta vom Kopfholz*“ werden bis 1978 fünf Würfe in das Schweizer Zuchtbuch eingetragen.
2. Die Tochter „*Kajsa von der Teufelsbürde*“ (schwarz/braun; Vater „*Omo von der Birkenheide*“; WT 30.04.1964) wirft aus der Verpaarung mit dem Rüden „*Zero von der Birkenheide*“ am 27.04.1967 die Hündin „*Alexa von Kajsana*“. Ihr Sohn „*Beno von Kajsana*“ wird Vater von neun Würfen und Ihre Tochter „*Carina von Kajsana*“ wird Mutter von zwei Würfen.

Über die Schweizer Pinscherzucht sind also Gene der Hündin

***Astrid von der Eybrücke*** (Vater Mittelschnauzer schwarz; Mutter pfs)

in die neu aufgebaute Pinscherrasse aufgenommen worden.

Die Ahnentafeln von „*Alexa von Kajsana*“ und „*Asta vom Kopfholz*“ wurden von mir auf einem EXCEL-Blatt dokumentiert.

## Frankreich

1966 (Tag und Monat nicht dokumentiert) wurde als einer der ersten blauen Pinscher „*Pastel du Bois Aguet*“ in das französische Zuchtbuch eingetragen.

In seiner Ahnentafel finden sich „*Ueli v. Jonatal*“ (17.07.1957 pfs SHSB78288) und „*Gundy von der Eybrücke*“ (15.12.1955 pfs SHSB66957). Dass die Ursache für seine blaue Farbe aber nicht in diesen beiden Hunden sondern wohl eher in seinen Deutschen Ahnen zu suchen ist, zeigt seine Ahnentafel sehr deutlich. In der Folgezeit wurde dieser Rüde mehrfach in der französischen Zucht eingesetzt (Gründe Siehe PuS 7/2003 S.10).

Über die Französische Pinscherzucht sind also Gene von

Rüde	<b><i>Ueli v. Jonatal</i></b>	(17.07.1957 pfs SHSB78288)
Hündin	<b><i>Gundy von der Eybrücke</i></b>	(15.12.1955 pfs SHSB66957)

in die neu aufgebaute Pinscherrasse aufgenommen worden.

Die Ahnentafeln von „*Pastel du Bois Aguet*“ und „*Nina de Raineval*“ (rot ???.???.64) wurden von mir auf einem EXCEL-Blatt dokumentiert. Sie zeigen sehr deutlich die Dominanz der fünf Deutschen Pinscher auch in den Ahnentafeln der im Ausland (hier Frankreich) geborenen Deutschen Pinscher.

## DDR

Am 28. Januar 1990 viel im Zwinger Nordkristall ein Kreuzungswurf aus der kleinen Dobermannhündin „*Evi von der Edeltanne*“ und dem Pinscherrüden „*Fips v. Nordkristall*“ (Voss 2003). Aus diesem Wurf wurde die Hündin „*Linda v. Nordkristall*“ nachhaltig in die Pinscherzucht übernommen.

## Finnland

1998 viel im Zwinger Yarracitta ein Kreuzungswurf (PORENNE 2010). Vater war der ps-Schnauzer „*Balthasar v. Achterplätzchen*“ und Mutter war die rote Pinscherhündin „*Yarracitta Ipanapapanetta*“. Aus diesem Wurf wurde bis jetzt eine Hündin (*Yarracitta Oiolenkaunokki*) nachhaltig in die Pinscherzucht übernommen.

## Fazit zur Gründerpopulation der Rasse

In der Schweiz und in Frankreich wurden insgesamt drei weitere Gründertiere aus der Zeit des Neuanfangs in den Zuchtbüchern gefunden.

Damit wären jetzt 8 Hunde für den Neuanfang bekannt:

- 5 Pinscher/Zwergpinscher aus Deutschland
- 1 Schweizer Schnauzer/Pinscher über die DP-Zucht in der Schweiz
- 2 Schweizer Schnauzer/Pinscher über die DP-Zucht in Frankreich

Weiterhin wurden im weiteren Zuchtverlauf zwei Rassefremde Hunde für die Pinscherzucht registriert:

- 1 Dobermann-Hündin ab 1990 als „PSK-Erbe“ aus der DDR-Zucht
- 1 Schnauzer ab 1998 über die DP-Zucht in Finnland

Damit aber keine zu große Euphorie über „so viele“ Hunde aufkommt, musste ich auch folgendes feststellen:

Ein Elternteil gibt nur etwa 50 % seiner Gene an einen Nachkommen weiter. Wenn nur ein Nachkomme in die folgende Generation gelangt, gehen also die restlichen 50 % der Gene verloren.

So muss man feststellen, dass nur jeweils 12,5% der Gene von „Astrid von der Eybrücke“ bei „Alexa von Kajsana“ und bei „Asta vom Kopfholz“ angekommen sind.

Auch die später in die Zucht aufgenommene Dobermann-Hündin und der Schnauzer-Rüde sind nur mit je einem Nachkommen in die DP-Zucht eingegangen.

Es ist nicht ausgeschlossen, dass sich in den ausländischen Zuchtbüchern noch einige wenige weitere Hunde finden lassen. Aber die konsequent angewandte Verdrängungszucht gegen diese Gene, hat einen nachhaltigen Nutzen für die Rasse DP verhindert.

### **Ein Artikel der frustriert**

In der PuS 9/2003 fanden die Leser einen Artikel zum Problemkreis „Blau“ und „Isabell“. Beim Lesen des Artikels habe ich einige Male zustimmend genickt aber schon fast am Ende angelangt las ich drei Abschnitte, welche mir mehr als einen „Wutschauer“ durch den Körper jagten.

Zitat PuS 9/2003 S.9

„...“

3. Dass durch die geforderte Selektion eine Verengung der genetischen Basis eintritt, wenn man das Problem an der Wurzel angeht, ist ein Scheinargument
4. Es wurden in der Geschichte des DP noch nie so hohe Zuchtzahlen erreicht wie heute!
5. Wenn der „genetische Flaschenhals“ aus den fünfziger Jahren (Rettung des DP durch Werner Jung) jedoch die genetische Basis darstellt (Wiechmann auf der Züchtertagung in Steinhagen), kann allein deshalb heute keine Verengung stattfinden. Eine Erweiterung der Basis hätte dann allein durch die Einkreuzung des Dobermanns in manchen Zuchten stattgefunden.“

Seit etwa vier Jahren versuche ich bei Züchtern und Zuchtverantwortlichen im PSK ein Verständnis für die Gesetze der Populationsgenetik und die daraus notwendigen Konsequenzen für die Rassehundezucht zu entwickeln.

Die oben zitierten drei Absätze zeigen mir überdeutlich, das zumindest einige nicht verstehen wollen. Dennoch möchte ich zum Thema wieder mal einen Beitrag leisten.

### **Ein paar Antworten**

#### **Welche erblichen (genetischen) Faktoren bestimmen im wesentlichen die Vitalität eines Tieres ?**

Bereits seit Jahrhunderten (wahrscheinlich Jahrtausenden) ist Menschen bekannt, dass Nachkommen von nur sehr entfernt verwandten Eltern eine deutlich höhere Lebensfähigkeit (Gesundheit, Lebenserwartung, Fortpflanzungsfähigkeit usw. = Vitalität) haben, als Nachkommen von eng verwandten Eltern. Beispielsweise sind Maultiere (Eselvater \* Pferdemutter) deutlich belastbarer und langlebiger als die Eltern. Maultiere sind ausdauernder, erholen sich schneller von Strapazen, sind weniger empfindlich gegen hohe oder niedrige Temperaturen und haben eine wesentlich robustere gesundheitliche Konstitution als ihre Eltern.

Erst die moderne Genetik konnte dieses Geheimnis der „Mischlinge“ klären.

Das Genom (=Genotyp=Gesamtheit aller Erbanlagen) z.B. eines Hundes besteht aus etwa 30.000 Genen. Jeder Hund besitzt dabei zu fast jedem Gen zwei Varianten. Die eine Variante vom Vater und die andere Variante von der Mutter. Diese Gen-Varianten werden

als Allele bezeichnet. Hund, Mensch und viele andere Lebewesen haben also einen doppelten Bauplan. Je größer die Differenzen zwischen diese beiden „Bauplänen“ sind (entfernt verwandte Eltern) ums so vitaler ist das Individuum.

Wenn die Individuen einer geschlossenen Population (z.B. Rasse) viele unterschiedliche Varianten(Allele) zu einem Gen besitzen (genetische Vielfalt), so werden auch die Nachkommen eher zwei unterschiedliche Varianten(Allele) zu einem Gen von ihren Eltern erben. Ist die genetische Vielfalt aber stark eingeschränkt, so wird beim einzelnen Tier eine große Zahl von Genorten mit zwei gleichen Varianten(Allelen) besetzt sein. Die Vorteile des „doppelten Bauplanes“ gehen solchen ingezüchteten Individuen verloren und darunter leidet die Vitalität.

### **Woran erkennt man die genetische Vielfalt einer Population ?**

An den Welpenzahlen definitiv nicht !

Die genetische Vielfalt einer Population wird z.B. durch die Anzahl der Eltern innerhalb eines Generationsintervalls bestimmt !

Da es bisher keine Veröffentlichungen zum Generationsintervall (mittleres Alter der Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen) beim DP gibt, habe ich diese in einer Excel – Tabelle berechnet.

Hier die Ergebnisse:

Bei den Würfen im Zeitraum Mai-1998 bis Dezember-2002 betrug das durchschnittliche Alter der Eltern 4,60 Jahre (etwa 4 Jahre und 7 Monate).

In diesem Zeitraum (Mai-1998 bis Dezember-2002) wurden 133 Würfe in das PSK-Zuchtbuch eingetragen. Diese 133 Würfe wurden von 64 Rüden und 63 Hündinnen erbracht. Die Berechnungen wurden von mir auf einem EXCEL-Blatt dokumentiert.

Diese Zahlen müssten eigentlich ein Grund für „zufriedenes Zurücklehnen und Weitermachen“ sein.

Aber unsere DP haben ein Problem. Die Zucht begann mit wenigen Ausgangstieren.

Um dieses Problem zu verstehen, möchte ich es an einigen Fakten erläutern.

Nehmen wir jetzt die Zuchttiere einer Generation (64 Rüden und 63 Hündinnen) und betrachten einen beliebig ausgewählten Genort, welchen ich hier „G1000“ nennen möchte.

Dieser Genort ist bei allen 127 Elterntieren mit zwei Varianten(Allelen) besetzt und somit könnten theoretisch 254 unterschiedliche Varianten(Allele) für den Genort „G1000“ in unserer Population vorhanden sein.

Die Menge der unterschiedlichen Varianten(Allele), welche für einen Genort in der Population vorhanden sind, wird als „genetische Varianz“ bezeichnet (hohe Varianz = viele unterschiedliche Allele; geringe Varianz = wenige unterschiedliche Allele).

Da aber die 127 Tiere in der Population alle zusammen von einer geringen Anzahl gemeinsamer Urahnen abstammen, wird diese theoretisch mögliche Zahl deutlich unterschritten.

Bei angenommenen zehn gemeinsamen Urahnen unserer 127 Pinscher können nur max. 20 unterschiedliche Varianten(Allele) je Genort über die Gründertiere in die Population gelangt sein. Wahrscheinlich sind aber deutlich weniger als 20 unterschiedliche Varianten(Allele) je Genort in unserer Zuchtpopulation vorhanden. Bei angenommenen zehn unterschiedlichen Allelen auf dem Genort „G1000“ gibt es dann von jedem durchschnittlich 25,4 identischen Kopien in den 127 Zucht- Pinschern.

Wieso ist das nun aber ein Problem ?

1. Allele können defekt sein (=funktionieren falsch oder gar nicht). Die Wahrscheinlichkeit, das zwei defekte Gene auf dem Genort „G1000“ in einem Tier zusammentreffen ist natürlich bei nur 10 unterschiedlichen Allelen (Ø 25 identische Kopien) für diesen Genort deutlich höher als bei z.B. 25 unterschiedlichen Allelen (Ø 10 identische Kopien).
2. Auch wenn beide Allele an einem Genort funktionieren, so ist es für das Tier von Nachteil, wenn diese beiden Allele gleich (herkunftsgleich = vom gleichen Ahnen) sind. Zwei unterschiedliche Allele an einem Genort bedeuten i.d.R. auch eine größere Flexibilität gegenüber Umwelteinflüssen.

Ein bildliches Beispiel: Mit Winterreifen und Sommerreifen kommt man sicherer durch das Jahr, als wenn man nur Winterreifen oder nur Sommerreifen besitzt.

3. Jede dieser 10 Varianten(Allele) ist mit durchschnittlich 25,4 identischen Kopien (bei 127 Pinscher in einer Generation) vorhanden. Aber jedes dieser 10 Allele ist natürlich mit einer mehr oder weniger voneinander abweichenden Häufigkeit (=Genfrequenz) in der Population präsent. Für dieses Beispiel möchte ich alle Allele zum Genort „G1000“ mit Buchstaben („a“ – „j“) bezeichnen. Nehmen wir an, dass von dem Allel „a“ 47, von dem Allel „e“ 13 und von dem Allel „h“ 2 Kopien in der Population vorhanden sind. So wird klar, das bei einer Verpaarung von zwei Tieren die Nachkommen wahrscheinlicher das Allel „a“ (hohe Genfrequenz) als das Allel „e“ (mittlere Genfrequenz) oder gar das Allel „s“ (niedrige Genfrequenz) von ihren Eltern erhalten. Die Veränderung der Häufigkeiten der einzelnen Allele von einer Population zur nächsten nennt man „genetische Drift“.

Und „genetische Drift“ ist das Hauptproblem in kleinen Populationen.

### **Das Hardy-Weinberg-Gesetz**

Wir haben das Problem „Blau“ und „Isabell“. In der Literatur (z.B. Krautwurst 2002) werden für die Verdünnung der Farbe die Allele auf dem Fellfarben-Genort (Locus) D verantwortlich gemacht. Für diesen Genort(Locus) D wird eine defekte Variante(Allel) *d* beschrieben, die

u.a. eine bläuliche Aufhellung der schwarzen Fellfarbe bewirkt. Alle funktionstüchtigen Varianten (die Anzahl ist unbekannt) werden mit dem großen Buchstaben *D* gekennzeichnet und gestatten die volle Ausprägung der schwarzen Farbe im Fell. Das defekte Allel *d* verhält sich rezessiv gegenüber den funktionstüchtigen Varianten(Allelen).

Nur wenn der Genort(Locus *D*) mit zwei *d*- Allelen (homozygot) besetzt ist, ist die Fellfarbe des betreffenden Deutschen Pinschers, in Abhängigkeit von der Grundfarbe (Schwarz oder Rot), Blau oder Isabell.

Da das „Verdüner-Allel“ nur am Tier (phänotypisch) erkannt werden kann, wenn es auf dem *D*-Locus homozygot (*dd*) vorliegt, stellt sich folgende Frage:

Wie viele Tiere in unserer Pinscher- Population, sind heterozygote Träger für das „Verdüner-Allel“ ?

Hier hilft uns in der Populationsgenetik das „Hardy-Weinberg-Gesetz“ weiter.

Den genauen Rechenweg übergehe ich (Bei Interesse Internet- [www.google.de](http://www.google.de) oder Literatur befragen).

Nehmen wir an, dass 1 % der Welpen „Blau“ geboren werden. So ergibt sich daraus, dass 18 % der geborenen Welpen mischerbige Träger des Verdünner- Allels sind und 81 % dieses Allel nicht tragen.

Bei der Annahme, dass 4 % der Welpen „Blau“ geboren werden, erhöht sich der Anteil von mischerbigen Trägern bereits auf 32 %.

Wir sind in der züchterischen Praxis derzeit nicht in der Lage, mischerbige Tiere (*Dd*) von reinerbig freien Tieren (*DD*) zu unterscheiden (galt 2003, mittlerweile gibt es einen Gentest).

Beide Formen können als Geschwister im gleichen Wurf liegen !

Deshalb ist der Anteil der „verdächtigen Tiere“ natürlich noch deutlich höher als 18% bzw. 32%.

### **genetischer Flaschenhals**

Neue Allele(Gen-Varianten) können nur über populationsfremde Tiere in eine geschlossene Population gelangen.

Einen anderen Weg, neue Allele in geschlossene Populationen zu bekommen gibt es nicht. Artspesifisch sollen sich das menschliche Genom nur zu etwa 4% von dem Genom unserer nächsten Verwandten im Tierreich unterscheiden (nach etwa 6 Mill. Jahren getrennter Entwicklung). Wie groß ist dann wohl der rassetypische Unterschied zwischen z.B. einem Chihuahua (einer indianisch-amerikanischen Hunderasse) und einem Deutschen Pinscher ? Mehr als 1 % rassetypischer Gen-Varianten werden es wohl kaum sein !

Sein wir großzügig und gehen von 1% rassetypischer Allele(Gen-Varianten) aus. Dann sind also 99% der Genorte mit Allelen besetzt, die nichts mit unseren rassetypischen Zuchtzielen zu tun haben.

Für die rassetypischen Genorte strebt der Züchter eine Verringerung der genetischen Varianz an (=einheitliches Aussehen und Wesen).

Der „schnellste Weg“ zur Verringerung der rassetypischen genetischen Varianz ist die Inzucht. Nur werden dabei (bei der Inzucht) auch gleich massenhaft Gen-Varianten der 99% nicht rassetypischen Genorte „weggeworfen“. Die genetische Varianz auf allen Genorten wird also verringert und auf 99% der Genorte erfolgt dieses ungerichtet nach dem Zufallsprinzip.

Wie bereits oben beschrieben, haben wir zwar aktuell eine relativ gute absolute Populationsgröße, aber bedingt durch die geringe Populationsgröße am Beginn der Rasse, ist die genetisch wirksame Populationsgröße deutlich geringer.

Die Entwicklung der Rasse von einer Generation zu nächsten ist geprägt durch die Veränderung der Genfrequenzen der einzelnen in der Population vorhandenen Allele(Gen-Varianten).

Nehmen wir als Beispiel wieder das bereits oben genutzte Beispiel (Genort „G1000“ mit den zehn Allelen „a“ – „j“) und gehen davon aus, dass es kein rassetypischer Genort ist.

Nehmen wir an, in der aktuellen Generation (64 Rüden / 63 Hündinnen) ist die Frequenz der drei Allele „a“, „e“ und „h“ wie folgt:

- „a“ 47 mal in der Population vorhanden
- „e“ 13 mal in der Population vorhanden
- „h“ 2 mal in der Population vorhanden

In der nächsten Generation (wieder 64 Rüden und 63 Hündinnen) hat sich die Frequenz der drei betrachteten Allele (a, e, h) auf dem Genort „G1000“ wie folgt verändert:

- „a“ 53 mal in der Population vorhanden
- „e“ 9 mal in der Population vorhanden
- „h“ 4 mal in der Population vorhanden

Diese Veränderungen in der Frequenz von einer Generation (z.B. 5/1998 – 12/2002) zur nächsten (z.B. 1/2003 – 7/2007) nennt man „genetische Drift“.

Die genetische Drift verläuft auf mindestens 99% der Genorte (also auf 29.700 von 30.000) ohne züchterische Steuerung und damit zufällig. Dieses bedeutet für jede Art von Tierzucht ein großes Risiko und muss soweit wie möglich gebremst werden (natürlich nur auf diesen 99% der Genorte). Durch Genetische Drift können einzelne Gene ganz verloren gehen oder in ihrer Frequenz zunehmen (von einer Generation zur nächsten). Ob es sich dabei jeweils um wertvolle oder defekte Gene handelt unterliegt weitgehend dem Zufall.

Bereits die Zunahme von einem defekten Allel auf einem der 29.700 Genorte kann die Zuchtarbeit von Jahrzehnten in Frage stellen.

Bei unserem konkreten Problem „Farbverdünner“ bedeuten 18 % heterozygote Trägartiere, dass 1% der Welpen Blau/Isabell geboren werden. Steigt die Frequenz und sind bereits 32% heterozygote Trägartiere, werden schon (oder erst) 4% der Welpen Blau/Isabell geboren.

Folgende Faktoren beschleunigen die genetische Drift

- geringe genetische Varianz (=geringe genetisch wirksame Populationsgröße)
- hoher Inzuchtkoeffizient von einer Generation zur nächsten

Dem entsprechend bremsen folgende Faktoren die genetische Drift

- hohe genetische Varianz
- geringer Inzuchtkoeffizient von einer Generation zur nächsten

Die genetische Varianz können wir nur erhöhen, indem wir populationsfremde Tiere in unsere Zucht aufnehmen.

Den Inzuchtkoeffizienten können wir durch eine große effektive Populationsgröße und folgende züchterische Maßnahmen niedrig halten:

- Zucht mit ähnlichen aber nicht verwandten Tieren (=mindestens zwei Generationen der Eltern zeigen keine gemeinsamen Ahnen)
- Von jedem Vater sollte mindestens ein Sohn in die folgende Generation (=in die Zuchtverwendung) übernommen werden (Vaterlinien).
- Von jeder Mutter sollte mindestens eine Tochter in die folgende Generation (=in die Zuchtverwendung) übernommen werden (Mutterlinien).

Der Verlust von Vater- und/oder Mutterlinien ist einer der Hauptgründe für eine beschleunigte genetischen Drift !

Bei der deutlichen Bevorzugung einzelner Rüden oder Hündinnen in der Zucht (Championzucht) , ist der Verlust von Vater- und/oder Mutterlinien zwangsläufig. Zukünftige Züchter haben dadurch deutlich mehr Schwierigkeiten, bei der Suche nach nicht zu nahe verwandten Paarungspartnern für ihre Hunde.

## **Inzuchtdefekte**

Fragt man die Verantwortlichen in der Rassehundezucht, so gibt es so etwas natürlich nicht ! Die Wirklichkeit sieht leider ganz anders aus.

Jede rassetypische Häufung von bestimmten Krankheitsbildern ist ein Inzuchtdefekt (nicht „ist vielleicht“ oder „ist wahrscheinlich“ sondern nur „ist“). Man könnte mit den Veröffentlichungen zum Thema „Rassetypische Erkrankungen beim Hund“ sicher schnell eine Bibliothek füllen.

Neben der mehr oder weniger verheerenden Wirkung von „Defektgenen“ ist ein allgemeiner Verlust an Vitalität (mehr oder weniger stark) immer zu beobachten.

Vitalitätsverlust hat viele Gesichter z.B.:

- zu kurze (< 5 Monate) oder unregelmäßige Abstände zwischen den Läufigkeiten
- zu viele (>12) oder zu wenige (< 4) Welpen im Wurf
- zu lange Wurfzeiten (> 1 h zwischen zwei Welpen)
- Unfruchtbarkeit
- Schwächung des Immunsystems (häufige Infekte)
- Vorzeitiges Altern (vergreisen)
- Verkürzung der durchschnittlichen Lebenserwartung (bei unterschiedlichsten Gründen für das vorzeitige Ableben)
- Und fast endlos so weiter...

Alle diese Probleme können auch bei einem „garantiert nicht ingezüchteten Hund“ auftreten. Erst die Häufung solcher Probleme in einer Population lässt zu enge Zucht als Ursache wahrscheinlich erscheinen.

Es stimmt einen immer wieder traurig, wenn Halter der wohl edelsten Pinscher (dem Dobermann), von den vielen gesundheitlichen Problemen mit ihren Hunden berichten. Tierärzte behaupten, dass z.B. Dobermänner heute nur noch sehr selten ihren 10ten Geburtstag erleben. Die vielen „Dobermann- Geschichten“ welche man als DP- Züchter zwangsläufig hört, bestätigen diese Einschätzung. 100 Jahre zu enge Zucht hinterlassen Spuren.

Beim Deutschen Pinscher können wir mit dem edlen Gebäude der Dobermänner (dem Schauwert) nicht konkurrieren, aber dafür nehme ich persönlich eine deutlich höhere Vitalität und Lebenserwartung unserer Deutschen Pinscher gegenüber dem Dobermann an.

30.000 Genorte und angenommen zehn Ausgangstiere. Bei Gründung unserer Rasse befanden sich also 300.000 Allele(Gen-Varianten) im Gen-Pool. Dass sich darunter mehr als ein Defektgen befand, dürfte sehr wahrscheinlich sein.

Wenn wir die schädliche Wirkung (und damit überhaupt erst das Vorhandensein) eines Defektgens erst bemerken, wenn bereits 32% aller Tiere dieses Defektgen tragen (= 4% reinerbige und damit erkennbare Tiere), ist es eigentlich schon fast zu spät.

Wenn jetzt durch eine radikale gesundheitliche Sanierung der DP (in Bezug auf den „Farbverdünner“) eine Vielzahl von Vater- und Mutterlinien ausgelöscht wird, beschleunigen wir die genetische Drift enorm. Damit können bisher unbeachtete (weil seltene) Probleme sehr schnell und deutlich zunehmen.

Jeder, der schon etwas länger züchtet, hat irgendwann mal etwas in die Hand geboren bekommen, was er sicher nicht noch ein mal sehen möchte. Dieser Wunsch soll doch wohl auch in Erfüllung gehen ?

Die Ergebnisse einer beschleunigten genetischen Drift auf den 99% nicht rassetypischen Genorten ist rein zufällig !

Auch Werner Jung kannte sicher die Mendel-Gesetze und wusste über den Erbgang von „Blau“ und „Isabell“ Bescheid. Nur die Erkenntnis, dass diese Farbvarianten keinen „gesundheitlichen Segen“ für den DP bringen war ihm wohl nicht klar.

### **Lösungen ?**

Wie vielen bekannt ist, arbeite ich zum Teil auch für die Zuchtorganisation einer Schweinezucht-Firma. Mit dem Mitarbeiter, welcher dort für die züchterische Steuerung zuständig ist, habe ich die Probleme in der Zucht der Deutschen Pinscher besprochen. Hier in wenigen Punkten das Fazit aus diesem Gespräch:

- Von einem genetischen Flaschenhals spricht man in der praktischen Tierzucht, wenn in einer Generation weniger als 30 Tiere von einem Geschlecht (z.B. weniger als 30 Rüden) vorhanden sind.
- Da für den DP bisher erst vier Rüden und sechs Hündinnen als Ahnen bekannt sind, hat diese Rasse eine gefährlich niedrige genetisch wirksame Populationsgröße.
- Aus dieser geringen genetisch wirksamen Populationsgröße folgt, dass Genverlust und genetische Drift erheblich schneller ablaufen (von Generation zu Generation), als es die Berechnung von Inzuchtkoeffizienten und Ahnenverlustkoeffizienten vermuten lassen.
- Ein erneuter genetischer Flaschenhals würde die sowieso schon beschleunigt ablaufende genetische Drift weiter enorm beschleunigen.
- Es ist dringend geraten, die tatsächlich in der Population vorhandene genetische Varianz molekulargenetisch feststellen zu lassen.
- Eine Verdrängung des Farbverdünners aus der DP- Population ist nur mit bekanntem Genmarker praktisch durchführbar (ist 2010 in der Umsetzung).
- Jegliche „Sanierung“ der DP- Population kann nur dann erfolgreich sein, wenn sie nicht durch einen genetischen Flaschenhals „erkaufte“ wird. Dieses erfordert eine

erhebliche Kompetenz in der Zuchtorganisation. So kann z.B. die Verdrängung des Farbverdünners, selbst mit bekanntem Genmarker, wohl nicht in einem Schritt erfolgen. (2010 – Die Verdrängung des Dilute-Allels scheint mit hoher Kompetenz durch die Züchter zu erfolgen.)

- Grundsätzlich muss das Hauptproblem der sehr niedrigen genetisch wirksamen Populationsgröße in Zukunft gelöst werden. Dieses ist nur über die Registerzucht möglich (Siehe Finnland, Zwinger Yarracitta).

Man kann nicht von jedem Hundezüchter verlangen, dass er sich in der Thematik Populationsgenetik gut auskennt. Auch wenn die Nutzung dieser Gesetzmäßigkeiten der Populationsgenetik Voraussetzung für eine nachhaltige Zuchtarbeit ist, so ist das Thema leider auch sehr komplex und wahrlich nicht leicht verständlich.

Doch wenn die im Zuchtverein Verantwortlichen bei diesem Thema „schwimmen“ und nicht bereit sind, kompetente Hilfe anzunehmen, hat dieses zwangsläufig negative Auswirkungen auf die Ergebnisse der Zucht.

Im Januar 2003 wurde der Deutsche Pinscher durch die „Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V.“ (GEH) zusammen mit dem PSK auf der „Grünen Woche“ vorgestellt.

Einen kompetenteren Ansprechpartner zu Problemen der Zucht mit kleinen Populationen kann man kaum finden. Auch werden durch die „Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V.“ zahlreiche Publikationen zum Thema angeboten, welche für wenig Geld sofort erhältlich sind.

Warum wollen die Verantwortlichen im PSK diese Wissensquelle nicht nutzen ? Wovor haben sie Angst ?

### **Weitere Themen dieses Jahres (2003)**

#### 1. Erbliche Augenerkrankungen

Wenn man bedenkt, wie viele DP-Züchter sich an der „bedauerlicherweise oft sehr emotional geführten Diskussion“ beteiligt haben (immerhin gingen Vorschläge soweit, sogar ungeborene Würfe zu beseitigen), ist die Anzahl der untersuchten Hunde dieser „Diskussionsteilnehmer“ doch sehr gering. In der PuS 1 – 10/2003 sind nur sechs DP dokumentiert als „Auf Augenkrankheiten untersucht und vorläufig als frei befunden“. Soweit zu gehen, und sogar Geschwister von aktuell zur Zucht genutzten Hunden untersuchen zu lassen, traute sich dann auch niemand.

Die Gefahr, plötzlich im Zentrum einer „bedauerlicherweise oft sehr emotional geführten Diskussion“ zu stehen, ist wohl sehr abschreckend.

## 2. Ausländische Hunde

Da musste ein nach Hörensagen 55 cm großer Rüde mit Vater aus Frankreich als Argument gegen den Einsatz von ausländischen DP in der deutschen DP- Zucht herhalten. Dass der betreffende Hund gemessen nur max. 52 cm groß ist (zugegeben immer noch zu groß), sei nur am Rande erwähnt.

## 3. Buschklopfer

Die „üblichen Verdächtigen“ in Sachen Blau/Isabell (zu denen ich also auch gehöre) bekamen einen Anruf von einer „Interessentin“ für Blaue Pinscher.

## 4. noch mal ausländische Hunde

Beinahe hätte ich es vergessen: Den Farbverblasser haben wir „natürlich“ über französische Hunde nach Deutschland importiert. Dass der für die DP-Zucht registrierte Rüde Onzo in der Farbe von Werner Jung wie folgt beschrieben wird: „einfarbig helles rot, leicht ins hellbraun gehend..und einem bläulichen Glanz“ (Isabell = Rot-Dilute?), wird einfach ignoriert.

## 5. Persönliche Beleidigung

Zitat PuS 9/2003 S.9

„Wenn der „genetische Flaschenhals“ aus den fünfziger Jahren (Rettung des DP durch Werner Jung) jedoch die genetische Basis darstellt (Wiechmann auf der Züchtertagung in Steinhagen), kann allein deshalb heute keine Verengung stattfinden.“

Wieso werde ich hier zitiert ?

Die genetische Basis, mit welcher Werner Jung die Neuzüchtung des DP begonnen hat, ist mehrfach auch in PSK- Dokumenten (z.B. Zuchtbuch) schriftlich dokumentiert worden. Offensichtlich soll der Eindruck erweckt werden, dass ich mit der Aussage „...kann allein deshalb heute keine Verengung stattfinden.“ einverstanden wäre. Dieses ist aber 100%-ig nicht der Fall und der Autor wusste dieses auch mit an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit.

## **Literatur**

BIEDERMANN, G. (1992)

Zur Problematik der Inzucht in kleinen Haustierpopulationen.  
Vortragsveranstaltung der GEH und der DGfZ, Witzenhausen

KRAUTWURST, F. (2002)

Praktische Genetik für Hundezüchter.  
Kynos Verlag

PORENNE, PIRJO (2010)

Die Pinscher-Schnauzer-Kreuzungen  
Yarracitta – Homepage Stand Dezember 2010  
<http://yarracitta.tripod.com/deutsch.htm>

SCHULTE-COERNE, H. (1992)

Zur Bedeutung der genetischen Drift in kleinen Populationen.  
Vortragsveranstaltung der GEH und der DGfZ, Witzenhausen

VOSS, BURKHARD (2003)

Dokumentation der Dobermann-Einkreuzung bei Deutschen Pinschern seit 1990  
<http://dp-zucht.schoepe-pinscher.de/dobi-einkreuz.pdf>

WACHTEL, H. (1998)

Hundezucht 2000.  
Verlag Gollwitzer