

Aus dem Institut für Tierzucht und Haustiergenetik
der Georg-August-Universität
Göttingen

**Untersuchung zur Gestaltung von Zuchtprogrammen
in der Legehennenzucht**

Dissertation
zur Erlangung des Doktorgrades
der Fakultät für Agrarwissenschaften
der Georg-August-Universität Göttingen

vorgelegt von
Fitsum Tsehay
Göttingen, im Mai 2005

D7

1. Referent:

Prof. Dr. H. Simianer

2. Referent:

Prof. Dr. R. Preisinger

Tag der mündlichen Prüfung:

19. Mai 2005

DIE ARBEIT WURDE DANKENSWERTER WEISE
VON DER LOHMANN TIERZUCHT GMBH
GEFÖRDERT

1	EINLEITUNG	1
2	LITERATURÜBERSICHT	3
2.1	Zuchtprogramme in der Legehennenzucht	3
2.1.1	Organisationsstruktur	4
2.1.2	Reinzucht und Kreuzung	6
2.1.3	Generationsintervall	7
2.1.4	Leistungsmerkmale	8
2.1.5	Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung	11
2.1.6	Selektionsintensität	13
2.1.7	Selektion und Anpaarung	14
2.1.8	Biotechnologie	14
2.2	Modelle der Vererbung	17
2.2.1	Polygene Vererbung	17
2.2.2	Hauptgen	18
2.2.3	Gemischtes Modell der Vererbung	18
2.3	Inzuchtkontrolle im modernen Zuchtprogramm	19
2.3.1	Inzucht und genotypische Variabilität	19
2.3.2	Auswirkungen von Inzucht auf Leistungsmerkmale	20
2.3.3	Methodische Ansätze zur Inzuchtkontrolle	21
2.3.4	Optimum genetic contribution Theorie	23
2.4	Anwendungsmöglichkeiten der molekulargenetischen Marker	25
2.4.1	Molekulargenetische Marker	25
2.4.2	QTL-Auffindung	31
2.4.3	Kandidatengene	31
2.4.4	Genomkartierung	32
2.4.5	Markergestützte Selektion (MAS)	33
2.4.6	Markergestützte Introgression	36

3	KONVENTIONELLE LEGEHENNENZUCHTSTRUKTUR	37
3.1	Einleitung	37
3.2	Material und Methoden	38
3.2.1	Der Produktionsablauf in einem Legehennenzuchtprogramm	38
3.2.2	Zuchtwertschätzung und Selektion	42
3.2.3	Selektionsindex	43
3.2.4	Die Berechnung des Zuchtfortschritts für die Legeleistung	43
3.2.5	Die Berechnung der Selektionsintensität für Hähne und Hennen	44
3.2.6	Anzahl der Schlüpfе	46
3.3	Ergebnisse	47
3.3.1	Inzuchtentwicklung bei unterschiedlicher Populationsgröße	47
3.3.2	Einfluss verschiedener Paarungssysteme auf Inzucht und Zuchtfortschritt	50
3.3.3	Auftreten von Herkunftsgleichheit und driftbedingtem Allelschwund	54
3.3.4	Erwartete und empirische Zuchtfortschritt	56
3.3.5	Die verschiedenen Einflussfaktoren auf den Zuchtfortschritt	58
3.3.6	Paarungsverhältnis	62
3.3.7	Optimale Anzahl der Schlüpfе	66
4	EINSATZ DER OPTIMUM GENETIC CONTRIBUTION THEORIE	68
4.1	Einleitung	68
4.2	Material und Methoden	69
4.2.1	Datenmaterial	69
4.2.2	Die untersuchten Szenarien	69
4.2.3	Inputdaten	71
4.2.4	Die Ausgabe von GENCONT	72
4.2.5	Berücksichtigung überlappender Generationen	74
4.2.6	Einsatzfrequenzen der Selektionskandidaten	75
4.2.7	Paarungsplanung auf der Grundlage von GENCONT	76
4.3	Ergebnisse	77
4.3.1	Verwandtschaft und Zuchtfortschritt	77
4.3.2	Überlappende Generation	82
4.3.3	Durchschnittliche Verwandtschaft nach der optimalen Anpaarung	83

5	POTENZIAL DER MARKERGESTÜTZTEN SELEKTION	91
5.1	Einleitung	91
5.2	Material und Methoden	92
5.2.1	Modellannahme und Simulationen	92
5.2.2	Simulation von unterschiedlicher Selektion und Anpaarungsstrategien	93
5.2.3	Genetisches Modell	94
5.2.4	Die untersuchte Population	95
5.2.5	Modell zur Selektionsstrategie	96
5.2.5.1	Phänotypgestützte Selektion (PAS)	96
5.2.5.2	Genotypgestützte Selektion (GAS)	96
5.2.5.3	Markergestützte Selektion (MAS)	97
5.3	Ergebnisse	100
5.3.1	Vergleich unterschiedlicher Selektionsstrategien (MAS/GAS/PAS)	100
5.3.2	Unterschiedliche Einflussfaktoren auf die Selektionsstrategien	104
5.3.3	Der Einfluss der Anzahl selektierter Söhne	110
5.3.4	Der Einfluss der Anzahl an Markerallelen und der Chromosomen- segmentlänge	113
6	DISKUSSION UND SCHLUSSFOLGERUNGEN	115
6.1	Konventionelle Legehennenzuchtstruktur	115
6.1.1	Vererbung herkunftsgleicher Allele	115
6.1.2	Unterschiedliche Einflüsse auf Inzuchtentwicklung und Zuchtfortschritt	116
6.2	Einsatz der optimum genetic contribution (OGC) Theorie	118
6.2.1	Zuchtfortschritt	118
6.2.2	Berücksichtigung überlappender Generationen	119
6.2.3	Verwandtschaft	120
6.2.4	Die Anzahl der Selektionskandidaten	122
6.3	Markergestützte Selektion (MAS)	123
6.3.1	Die drei Selektionsschemen (PAS, MAS und GAS)	123
6.3.2	Markergestützte Anpaarung	125
6.3.3	Die Untersuchung der unterschiedlichen Einflussfaktoren	126
6.3.4	Der kommerzielle Einsatz der markergestützten Selektion (MAS)	127
6.3.5	Die ökonomischen Aspekte der marker-genotypgestützten Selektion	129

7	ZUSAMMENFASSUNG	133
8	SUMMARY	136
9	VERZEICHNISSE	138
9.1	Literaturverzeichnis	138
9.2	Abkürzungsverzeichnis	154
9.3	Abbildungsverzeichnis	157
9.4	Tabellenverzeichnis	164
10	ANHANG	167
	Danksagung	174
	Erklärung	175

1 Einleitung

Die Selektion von Individuen mit wünschenswerten Eigenschaften hat in der Legehennenzucht eine jahrhundertealte Tradition. Das Ziel der Legehennenzucht besteht darin, die genetische Veranlagung der Tiere für die gewünschten Leistungsmerkmale zu verbessern. Die systematische Selektion basiert auf der Messung der phänotypischen Leistung als Eigenleistung oder Geschwisterleistung der Legehennen. Die kommerziellen Legehennen sind überwiegend Hybriden, die aus der Kreuzung von Reinzuchtlinien hervorgehen. In der konventionellen Haltung handelt es sich dabei um die weißen oder die braunen Legehybriden. Durch die Selektion ist das Leistungsniveau der Reinzuchtlinien im Verlauf von Jahrzehnten kontinuierlich angestiegen. Trotz jahrzehntelanger Selektion ist nach wie vor genügend genetische Variabilität vorhanden, so dass steigender Zuchtfortschritt zu erwarten ist. Darüber hinaus hat der Einsatz von immer leistungsfähigeren Computern zur ständigen Verbesserung der statistischen Auswertung der Leistungsdaten beigetragen.

Ständige Anpassung an neue Marktanforderungen erfordert neue Ansätze zur Entwicklung von Zuchtverfahren in der Legehennenzucht. Die genetische Verbesserung der Legehennen muss sich in naher Zukunft auf effiziente Produktion, geringe Umweltbelastung und tierschutzrelevante Aspekte konzentrieren (PREISINGER und KÜHNE, 1999). Heute versucht man, Methoden zu finden, um die Ursachen von phänotypischer Variation auf der Ebene von Struktur und Funktion der Erbinformation zu identifizieren. Die direkte Lokalisierung quantitativer Gene im Genom des Tieres könnte eine zielgerichtete Zucht sowie eine effektive Planung und Überprüfung des Zuchtziels ermöglichen. Die Ergebnisse der Genomanalyse können darüber hinaus zu einer Erweiterung des Kenntnisstandes in der Biologie der Nutztiere führen.

Heute ist die markergestützte Selektion (MAS) bereits ein Teilbereich des kommerziellen Legehennenzuchtprogramms geworden. Als Beispiel dient die Verbesserung der Marekresistenz durch Eliminierung von Vögeln mit Blutgruppen, die dafür bekannt sind hoch krankheitsanfällige Marker zu sein (PREISINGER und FLOCK, 2000). Besonders die Selektion zwischen Vollbrüdern mittels Markerinformation kann zu einer erheblichen Verbesserung führen, da zum Zeitpunkt der Selektion nur der Zuchtwert der Eltern und der Vollgeschwister vorhanden ist. Darüber hinaus ist die

Leistungsprüfung geschlechtsbegrenzt. Demzufolge haben alle Vollbrüder für wirtschaftlich wichtige Merkmale den gleichen Zuchtwert. Mit Hilfe von Markerinformationen wäre hier die Möglichkeit gegeben, den Besten aus diesen Vollbrüdern zu selektieren.

Das Ziel der vorliegenden Arbeit ist, in einem konventionellen Legehennenzuchtprogramm den Zuchtfortschritt unter Berücksichtigung der Inzucht zu maximieren. Des weiteren sollte die Einsatzmöglichkeit der Markerinformation geprüft werden. Dazu ist es notwendig, die Struktur im konventionellen Zuchtprogramm zu untersuchen, um eventuelle Optimierungsvorschläge erarbeiten zu können. Für diesen Zweck wurde die Arbeit in drei Bereiche unterteilt:

- die konventionelle Legehennenzucht
- der Einsatz der optimum genetic contribution Theorie
- die markergestützte Selektion

Bei der konventionellen Legehennenzucht wurden unter anderem die Inzuchtentwicklung, der Zuchtfortschritt sowie die Selektions- und Anpaarungsstrategie untersucht. Für die optimale Selektion unter Berücksichtigung des Inzuchtzuwachses wurde die optimum genetic contribution Theorie von MEUWISSEN (1997) eingesetzt. Hier soll zum einen der Inzuchtzuwachs kontrolliert und zum anderen ein großer Zuchtfortschritt erzielt werden. Anschließend wurden die Einsatzmöglichkeiten von Markerinformationen in der Legehennenzucht untersucht.

2 Literaturübersicht

2.1 Zuchtprogramme in der Legehennenzucht

Zuchtprogramme beinhalten die Erzeugung, Prüfung, Selektion und Anpaarung der besten Zuchttiere zur Erzeugung der nächsten Generation. In einem Zuchtprogramm muss das Leistungsvermögen der Hennen fortlaufend an die sich ändernden Produktionsbedingungen und die Anforderungen des Marktes angepasst werden. Um dieses Ziel erreichen zu können, müssen zahlreiche Entscheidungen getroffen werden. Dazu gehören z.B. die Fragen, welche Tiere als Elterntiere benutzt werden sollen, wie oft ein Elterntier angepaart werden darf und vor allem wie eng die Paarungspartner miteinander verwandt sein dürfen, damit die Inzucht in der nächsten Generation nicht zu stark ansteigt. Denn die Selektion und die Anpaarung beeinflussen den Inzuchtzuwachs der aktuellen wie auch der zukünftigen Generation. Als effektive Strategien zur Begrenzung von Inzucht werden beispielsweise die Ausgleichpaarung, die minimale Verwandtschaftspaarung sowie die Vermeidung von Vollgeschwisterpaarung eingesetzt. Die Selektion von Elterntieren unter Berücksichtigung ihres Beitrags zur nächsten Generation führt langfristig zu höherem Zuchtfortschritt bei begrenztem Inzuchtzuwachs.

Nach PREISINGER und SAVAS (2000) sind die Zuchtprogramme der einzelnen Züchter auf eine minimale Reduktion der genetischen Varianz auszurichten, damit die angestrebte Kontinuität im Zuchtfortschritt innerhalb der Linien gewährleistet ist. Dennoch sollte durch Maximierung der Selektionsintensität der kurz- und mittelfristige Selektionserfolg erhöht werden. Um den langfristigen Erfolg eines Zuchtprogramms zu gewährleisten, müssen die genetischen Parameter laufend überprüft und daraus entsprechende Konsequenzen für die Wahl des Zuchtplanes gezogen werden. Das Zuchtziel in der kommerziellen Legehennenzucht beinhaltet vorrangig eine kontinuierliche Steigerung der Anzahl verkaufsfähiger Eier je eingestellte Henne und Jahr bei möglichst niedrigen Futterkosten. Dieses Ziel kann nur mit gesunden und voll leistungsfähigen Hennen erreicht werden. Im Zuchtbetrieb wird u.a. deshalb ein hoher Hygienestandard eingehalten, damit die Hennen nicht früher aus der Produktion ausscheiden. Nach PREISINGER (1996) gehört Inzuchtkontrolle nicht mehr zu den

wesentlichen Bestandteilen der Zuchtprogramme, stattdessen wird durch gezielte Paarungspläne versucht, die Anpaarung verwandter Tiere zu vermeiden.

2.1.1 Organisationsstruktur

Die moderne Geflügelzucht ist durch eine hierarchische Struktur gekennzeichnet. Die Stufen Zucht, Vermehrung, Produktion, Weiterverarbeitung und Vermarktung sind klar getrennt (Abbildung 2.1). Der kumulative genetische Fortschritt erfolgt im Zuchtbetrieb. Elterntiere werden als Eintagsküken an "Vermehrer", die Eltern- bzw. Großelterntiere halten, verkauft. Auf der Elternstufe handelt es sich sowohl beim Hahn als auch bei der Henne um Kreuzungstiere. Da in der Großelternstufe je Linie nur ein Geschlecht (jeweils nur männliche Küken der Hahnenlinie und weibliche Küken der Hennenlinie) verkauft wird, ist eine Weiterzucht mit den Eltern in der Vermehrungsstufe ausgeschlossen (PREISINGER und THIELE, 2000).

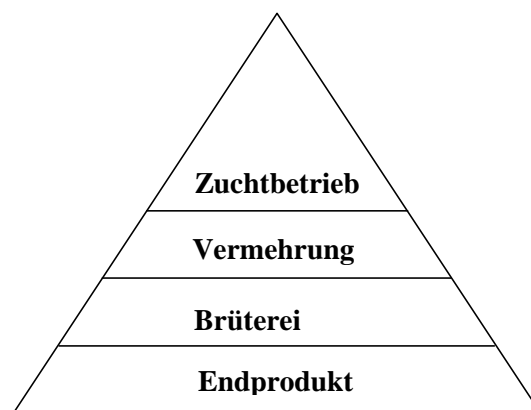


Abbildung 2.1: Hierarchische Aufgabenteilung in der Geflügelzucht.

Die systematische Kreuzungszucht hat eine vergleichsweise junge Geschichte. Hy-Line brachte in den 40er Jahren als erste Zuchtgesellschaft Legehybriden aus Inzuchtlinienkreuzungen auf den amerikanischen Markt (FLOCK, 1999). Heisdorf etablierte die reciprocal recurrent selection, RRS (PREISINGER, 1996). Lohmann Tierzucht schloss 1958 mit Heisdorf & Nelson einen Lizenzvertrag ab, wodurch sie Zugang zu reinen Linien und dem genetischen Know-how für die Erstellung eines unabhängigen Zuchtprogrammes erhielten. Die Lohmann AG kaufte 1987 H&N und brachte das Zuchtprogramm nach Deutschland (FLOCK und PREISINGER, 2002). Die

Trennung von Lege- und Mastlinien, die in den USA (1923) anfang, hat sich inzwischen allgemein durchgesetzt (PREISINGER et al., 1999).

Heute ist in der Hühnerzucht die Zahl der aktiven Unternehmen durch Aufkäufe weltweit gesunken. Wie in Tabelle 2.1 zu sehen, gibt es in der Legehennenzucht derzeit nur noch vier Unternehmensgruppen, die den gesamten Weltmarkt mit Legehybriden weiß- und braunschaliger Eier abdecken. Zu diesen Unternehmensgruppen in der Legehennenzucht gehören:

- Erich Wesjohann (D) mit Lohmann Tierzucht, Hy-Line und H&N
- Natexis Industrie (F) mit ISA, Shaver und Babcock
- Hendrix / Nutreco (NL) mit Bovans, Hisex und Dekalb
- Babolna RT (HUN) mit Tetra

In der Masthähnchenzucht sind es ebenfalls vier Unternehmensgruppen, die 90 % des Weltmarkts abdecken. Die Zuchtlinien werden in den Basiszuchten gehalten und züchterisch bearbeitet. Zwischengeschaltete Vermehrungsbetriebe erzeugen Produktions-tiere der in den Basiszuchtunternehmen selektierten Zuchtlinien.

Tabelle 2.1: Struktur der Legehennenzucht.

Züchter	Produkte		Standort	Unternehmensgruppe	
	Weiß	Braun		1991	2004
Babcock	1	1	Ithaca, USA	Rhone Merieux	Natexis Industrie
ISA	1	1	Lyon, F, EU	Rhone Merieux	Natexis Industrie
Shaver	2	2	Cambridge, CAN	Rhone Merieux	Natexis Industrie
Bovans	1	2	Ospel, NL, EU	Hendrix	Hendrix / Nutreco
Dekalb	2	2	Dekalb, USA	Dekalb	Hendrix / Nutreco
Hisex	1	1	Boxmeer, NL, EU	BP Nutrition	Hendrix / Nutreco
Lohmann	3	3	Cuxhaven, GER, EU	Lohmann	Erich Wesjohann
Hy-Line	2	2	Des Moines, USA	Lohmann	Erich Wesjohann
H&N	2	2	Redmond, USA	Lohmann	Erich Wesjohann
Tetra	—	1	Babolna, HUN	Babolna RT	Babolna RT

Quelle: PREISINGER (2004 a)

2.1.2 Reinzucht und Kreuzung

Werden die Tiere nur innerhalb einer Population gepaart, so handelt es sich um Reinzucht im weiteren Sinn. Reinzucht basiert überwiegend auf additiven Allelwirkungen und führt zu vermehrter Homozygotie. Reinzucht kann in einer geschlossenen oder offenen Population erfolgen. Werden Tiere aus verschiedenen Populationen systematisch gepaart, so handelt es sich um Kreuzungszucht (Zucht mit mehreren Populationen). Kreuzungszucht basiert neben additiven Allelwirkungen auch auf nicht-additiven Allelwirkungen (Dominanz, Überdominanz, Epistasie) und führt zu vermehrter Heterozygotie. Dominanz und Überdominanz können die so genannte Heterosis bewirken. Heterosis liegt dann vor, wenn bei Kreuzungen die durchschnittliche Leistung der Nachkommen vom Mittel der Elternpopulationen abweicht. Eine effiziente Kreuzungszucht beim Geflügel wird durch das kurze Generationsintervall und die hohe Reproduktionsrate ermöglicht. Alle heute kommerziell genutzten Tiere sind Kreuzungstiere.

Der Vorteil der Kreuzungstiere bezieht sich vorrangig auf Merkmale mit niedriger Erbllichkeit wie z.B. Reproduktionseigenschaften und Vitalität. Legt jede Reinzucht-henne zweier unterschiedlicher Linien beispielsweise 280 Eier in 52 Produktions-wochen, so produzieren die Kreuzungsnachkommen aus einer Zweilinienkreuzung (Ge-brauchskreuzung) in der gleichen Zeit 300 bis 310 Eier bei wesentlich besserer Anpassungsfähigkeit und Vitalität gegenüber der Reinzucht (PREISINGER, 2003).

Nach PREISINGER (2003) können die Kreuzungsnachkommen bei der Geschlechtsbe-stimmung einfacher entweder farb- oder federgesext werden, während alle Reinzuchttiere durch Spezialkräfte aufwendiger kloakengesext werden müssen. Als weiterer wichtiger Vorteil nennt der Autor die niedrigere Kükensterblichkeit bei Kreuzungstieren im Vergleich zu Reinzuchttieren.

2.1.3 Generationsintervall

Für den Zuchtfortschritt pro Zeiteinheit ist das Generationsintervall von Bedeutung. Das Generationsintervall ist als das mittlere Alter der Eltern bei der Geburt ihrer Nachkommen definiert. Die Verkürzung des Generationsintervalls ist eine der wichtigsten Maßnahmen, um einen großen Zuchtfortschritt je Zeiteinheit zu erzielen. Nach FLOCK (1999) lässt in Bezug auf die Legeleistung ein einjähriges Generationsintervall mehr Zuchtfortschritt pro Jahr erwarten als ein kürzeres oder längeres Generationsintervall. Nach bisherigen Verfahren in der Legehennenzucht musste, um ein Generationsintervall von einem Jahr aufrechtzuerhalten, die Selektion bereits in der 44. Woche stattfinden. Die Verkürzung des Generationsintervalls lässt sich z.B. durch Verschiebung der Periode der Leistungsprüfung und Vorverlegen der Selektion -z.B. von der 47. Woche auf die 44. Woche- erreichen. Das Problem ist aber, dass die Heritabilität im früheren Alter geringer ist und daher nur die Merkmale mit geringerer Heritabilität erfasst werden können. Die Folge der Verkürzung der Prüfdauer und die Selektion anhand der Teilleistung ist also eine ungenaue Schätzung des Zuchtwertes.

Nach ANANG (2001) kann der Verlauf der Legeperiode in drei Phasen unterteilt werden:

1. Anstieg der Kurve (Legebeginn)
2. Maximale Leistung (Legespitze)
3. Leistungsverminderung (Persistenz)

Die Heritabilität ist dabei je nach Legephase unterschiedlich. Sie liegt bei Legebeginn bei $h^2=0,54$, steigt bis zum Alter von 28 Wochen auf $h^2=0,58$ an und verringert sich bei Legespitze auf $h^2=0,12$, um sich dann in den späteren Legeperioden wieder zu erhöhen (PREISINGER et al., 2000). Um Persistenz und Verlustrate zu verbessern, muss die Prüfdauer verlängert werden, auch wenn dadurch längere Generationsintervalle in Kauf genommen werden. Die Abgangsraten bis zur 40. Lebenswoche sind nur noch von geringer Aussagekraft (SAVAS, 1998). Zur Erhöhung der Legeleistung sollen ein früherer Legebeginn, eine noch höhere Legespitze, vor allem aber eine möglichst gute Persistenz der Legeleistung beitragen. Nach MUIR (1990) kann die Persistenz verbessert werden, wenn erst nach einer längeren Prüfdauer selektiert wird. Die gesamte Eiproduktion lässt sich durch vorgezogenen Legebeginn und eine bessere Persistenz

nach der 50. Lebenswoche steigern (PREISINGER, 1994). Die Legeleistung wird je Anfangshenne beurteilt, eine hohe Leistung setzt also das Überleben bis zum Ende einer normalen Haltungsperiode voraus. Zur Zeit tendiert bei Zuchtprogrammen eher ein längeres Generationsintervall das zwischen 13 und 14 Monaten liegt.

Die Generation in der Legehennenzucht ist überlappend, da einige nachkommengeprüfte Hähne wieder selektiert werden. Dazu müssen alle potenziellen Väter bis zur Nachkommenprüfung am Leben gelassen werden, da Hähne keine Eigenleistung haben und Geschwisterprüfung nicht ausreicht.

Tabelle 2.2: Generationsintervall, Genauigkeit der Zuchtwerte (R_j) und relative Effizienz (RE) der Selektion anhand kumulativer Legeleistung der aktuellen Generation und der Gesamtleistung der Eltern bei unterschiedlicher Prüfdauer (Linie A).

Prüfperiode (Lebenswochen)	Generationsintervall (Wochen)	R_j	RE %
20-44	53	0,37	120
20-48	57	0,38	115
20-52	61	0,41	116
20-56	65	0,42	111
20-60	69	0,40	100*

*Bezugswert, ohne Legeleistung der Elterngeneration

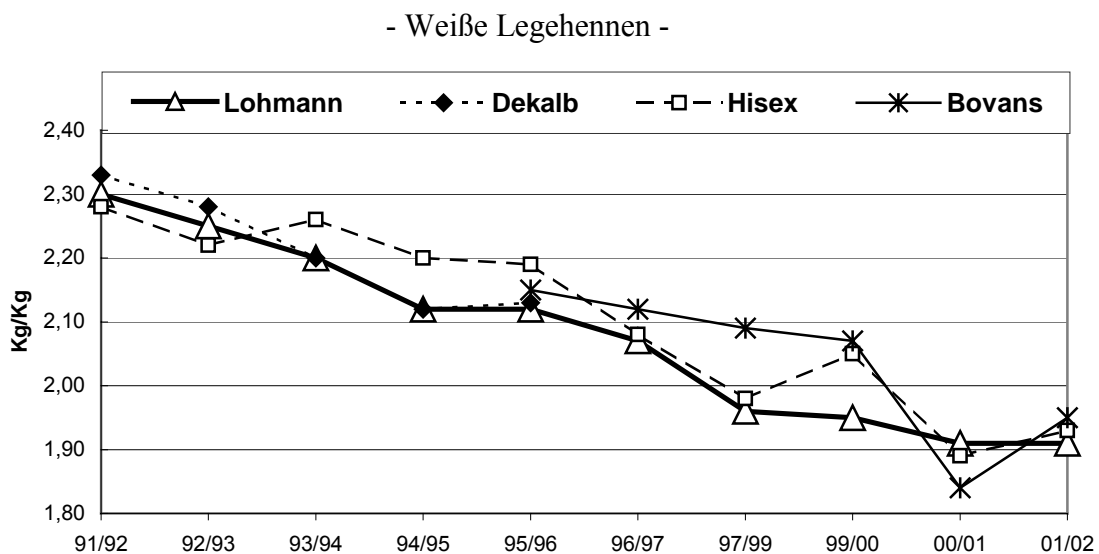
Quelle: SAVAS (1998)

Mit zunehmender Prüfdauer verbessert sich die empirisch geschätzte Genauigkeit (R_j) der Zuchtwerte (Tabelle 2.2).

2.1.4 Leistungsmerkmale

Die Legeleistung ist das Hauptselektionsmerkmal in der Legehennenzucht. Die Legeleistung lässt sich in drei Teile aufgliedern: Legebeginn, Spitzenleistung und Durchhaltevermögen. Bei der Eiqualität geht es sowohl um äußere Kriterien (Eigewicht, Eiform, Schalenfarbe, Schalenstabilität) wie innere Kriterien (Eigeruch, -geschmack,

Dotterfarbe, Blut- und Fleischflecken, sowie Eiklarhöhe). Als weiteres Selektionskriterium ist die Futtermittelverwertung zu nennen. Nach FLOCK (1999) kann eine Selektion auf günstige Futtermittelverwertung möglicherweise zur Verringerung der Legeleistung führen. Deshalb empfiehlt er die Differenz zwischen dem Wert der produzierten Eimasse und der Futterkosten als Hauptselektionskriterium einzusetzen, damit das Körpergewicht nur langsam abnimmt und die Leistung deutlicher steigt. Der Futterverbrauch als Selektionskriterium besitzt einen hohen Stellenwert, da dies nicht nur zu einer Reduktion der Produktionskosten führt, sondern auch zu einem verminderten Flächeneinsatz zur Produktion der Futtermittel. Erfolgt der Verkauf der Eier ausschließlich nach Eimasse, ist der Futterverbrauch je produziertem Kilogramm Eimasse das Optimierungskriterium. Wie in Abbildung 2.1 zu sehen, sank der Futteraufwand je produziertem Kilogramm Eimasse von 1991/92 bis 2001/02 für alle vier Herkünfte stetig. Die Herkunft Lohmann verzeichnet für das Jahr 2001/02 mit 1,91 kg Futter pro kg produzierter Eimasse den niedrigsten Futteraufwand, gefolgt von der Herkunft Hisex mit 1,93 kg/kg und Bovans mit 1,95 kg/kg (Abbildung 2.2).



Quelle: PREISINGER (2004 a)

Abbildung 2.2: Trend in der Futterverwertung in deutschen Legeleistungsprüfungen (1991/92-2001/02).

Das Körpergewicht hat als Selektionsmerkmal wegen der niedrigen Schlachthennenpreise keine größere Bedeutung (FLOCK, 1999). Es besteht eine negative Beziehung zwischen Körpergewicht und Legeleistung (MCDANIEL et al., 1981; SIEGEL und DUNNINGTON, 1985; PYM, 1985). Bei Legehennen verhält sich die Beziehung zwischen Legeleistung und Körpergewicht parabelartig (ROMANOFF, 1972; HORST und PETERSEN, 1975; HORST und PETERSEN, 1977). Das heißt, sowohl eine zu starke als auch eine zu geringe Körpergewichtsentwicklung wirkt sich in Bezug auf die Legeleistung nachteilig aus. Die Gewichtseinschränkung mittels Futterrestriktion bei Broilerhennen führt zu einer Verbesserung der Legeleistung (WILSON und HARMS, 1986; KATANBAF, 1989; ROBINSON et al., 1991; YU et al., 1992). Eine maßvolle und kontinuierliche Reduktion des Alters bei Legebeginn um ca. ein bis zwei Tage pro Jahr ist ohne negative Auswirkungen auf andere Leistungseigenschaften zu realisieren (PREISINGER und FLOCK, 1996).

Zu den wichtigsten Reproduktionskriterien zählen: Legerate, Befruchtungsrate, Lagerfähigkeit der Bruteier und Schlupf der eingelegten Eier. Die Schlupfrate nimmt im Laufe der Legeperiode mit dem Alter zunächst zu und nach Erreichen einer Peak-Phase wieder stetig ab (KIRK et al., 1980; FRENCH und TULLET, 1991). Nach FÖRSTER (1993) ist die Beziehung zwischen Eigewicht und Schlupfrate nicht linear, das heißt, die Schlupffähigkeit ist bei Eiern mittlerer Größe am besten, während extrem kleine bzw. extrem große Eier eine weniger gute Schlupfrate aufweisen. Die Autorin kommt aufgrund der negativen Beziehung zwischen der Schlupfrate und dem Eigewicht zu dem Schluss, die Merkmale in getrennten Linien zu bearbeiten. So kann in den Hahnenlinien, in denen die Schlupfleistung weniger kritisch ist, ein höherer Selektionsdruck auf das Eigewicht ausgeübt werden, während in den Hennenlinien das Eigewicht besser dem biologischen Optimum angepasst werden kann (FÖRSTER, 1993).

Das Eigewicht hängt neben individuellen Unterschieden innerhalb und zwischen den Linien von vielen Faktoren wie Alter, Körpergewicht, Futteraufnahme, Gesundheitsstatus sowie Stallklima ab (STÖVE-SCHIMMELPFENNIG und FLOCK, 1982). Mehrere Autoren haben eine positive Beziehung zwischen Körpergewicht und Eigröße festgestellt (MALONEY et al., 1963; MCDANIEL et al., 1981; MARKS, 1985). Mit zunehmendem Alter nimmt das Eigewicht zu (HORST et al., 1972; FLOCK und

PETERSEN, 1973; O' SULLIVAN et al., 1991; PEEBLES et al., 2000). Ähnlich wie bei Legehennen nahm das Eigewicht bei Broilerhennen mit zunehmenden Alter zu, wobei die Zunahmerate des Schalengewichtes mit zunehmendem Alter im Vergleich zum Eigewicht stärker verzögert war (PEEBLES und BRAKE, 1987).

2.1.5 Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung

Die Leistungsprüfung erfolgt als Kombination aus Geschwisterprüfung der aktuellen Generation und Nachkommenprüfung der Elterngeneration. Durch die Kombination aus aktueller Leistungsprüfung und ganzjähriger Prüfung der Elterngeneration lassen sich Legespitze und Persistenz sowie Produktions- und Qualitätsmerkmale verbessern (PREISINGER und THIELE, 2000). Zuchtwerte in den wirtschaftlich bedeutenden Merkmalen sind das wichtigste Hilfsmittel zur Selektion von Legehennen. Auf der Basis von Teilleistungen kann z.B. der Zuchtwert eines Tieres schon vor dem Ende der gesamten Prüfperiode bestimmt werden. Dies führt zu einem kürzeren Generationsintervall und damit zu einem höheren genetischen Fortschritt pro Jahr. Nach SAVAS (1998) sollte bei der Zuchtwertschätzung die Elterngesamtleistung mit berücksichtigt werden. Nach dieser Studie ist eine Selektion aufgrund der kumulativen Legeleistung bis zur 44. Lebenswoche und der gesamten Elternleistung um 19% bzw. 20% effizienter als eine ausschließliche Selektion nach der Gesamtlegeleistung (20.- 60. Lebenswoche) der aktuellen Generation. Bei der Zuchtwertschätzung wird neben der Eigenleistung die Geschwister- und Nachkommenleistung herangezogen.

Die Zuchtwertschätzung nach der BLUP-Methode ist in der Nutztierzucht zum internationalen Standard geworden. BLUP (best linear unbiased prediction) ist ein allgemeines statistisches Verfahren zur Schätzung von Effekten. Dieses Verfahren der Zuchtwertschätzung ist sehr flexibel, es kann grundsätzlich mehrere Merkmale und verschiedene Informationen gleichzeitig berücksichtigen. Mit dem sogenannten Tiermodell (animal model) werden gleichzeitig die Zuchtwerte der registrierten männlichen und weiblichen Zuchttiere geschätzt, indem die verfügbaren verwandtschaftlichen Informationen mit einbezogen werden.

Für die Zuchtwertschätzung nach dem Tiermodell gilt:

$$y_{ij} = S_i + a_j + e_{ij}$$

y_{ij} = Beobachtungswert

S_i = Fixer Effekt des Schlupfes bzw. der Altersgruppe

a_j = Zufälliger additiv genetischer Effekt des Tieres

e_{ij} = Rest

Für eine Leistungsprüfung bis zur ca. 68. Woche werden die Hennen nach einer Aufzuchtperiode von ca. 20 Wochen in Einzelkäfigen schlupfweise eingestallt. Nach PREISINGER (1994) werden die Nachkommen aus einem Schlupf als eine Altersgruppe zeitgleich eingestallt. Die Selektion erfolgt nach ca. 47 Wochen anhand der Teilleistung und nach Selektion und Reproduktion läuft die Leistungsprüfung für den Langzeittest weiter. Die Leistungsprüfung ist auf ein Generationsintervall von ca. 13 Monaten angelegt.

Nach FLOCK (1999) ist für die Optimierung der Prüfdauer und des Generationsintervalls in einem Legehennenzuchtprogramm die Berücksichtigung folgender Zusammenhänge von enormer Bedeutung: Das Alter bei Legebeginn hat eine relativ hohe Heritabilität (0,3-0,4), die Legerate je nach Dauer der Testperiode eine deutlich niedrigere Heritabilität (0,1-0,2); die Anzahl der Eier je Anfangshenne besitzt eine niedrigere Heritabilität (0,10 –0,15) als die Anzahl der Eier je überlebender Henne (0,15-0,25).

Tabelle 2.3: Zuchtfortschritt aus den Stichprobentestergebnissen.

Merkmale	Lohmann weiß			Lohmann braun		
	1976	1997	Diff.	1976	1997	Diff.
Eizahl pro eingestellte Henne	260	317	+22%	230	309	+34%
Eigewicht	61.8 g	62.5 g	+1.0%	63.7 g	63.3 g	-0.6%
Futtermittelnutzung (kg Futter/kg Eimasse)	2.70	2.05	-24%	3.11	2.07	-35%
Schalenstabilität (Druckkraft in Newton)	33.3	40.9	+23%	32.3	40.8	+27%
Mortalität	7,6%	4,2%	-45%	5.8%	4.6%	-21%

Quelle: SIMIANER (2004)

2.1.6 Selektionsintensität

Die Selektionsintensität ist ein wichtiger Einflussfaktor auf den Zuchtfortschritt und steht in funktionalem Zusammenhang mit der Selektionsdifferenz und der Remonte. Die Intensität der Selektion wird als Selektionsdifferenz (SD) bezeichnet und entspricht der Überlegenheit des Durchschnitts der selektierten Eltern (RD=Remontendurchschnitt) gegenüber dem Populationsdurchschnitt. Der Zuchtfortschritt hängt von der Heritabilität und der Selektionsdifferenz ab. Die Selektionsdifferenz lässt sich direkt aus dem Anteil selektierter Tiere (Remonte) ableiten. Die Selektionsintensität ist nur vom Remontierungsanteil abhängig und kann daher aus Tabellen der standardisierten Normalverteilung abgelesen werden. Für die Erhaltung der Populationsgröße (Bestandsergänzung) werden deutlich weniger männliche als weibliche Tiere benötigt. Der Remontierungsanteil der männlichen Tiere ist deshalb geringer und sie können daher schärfer selektiert werden als weibliche Tiere.

Theoretisch kann man im Verlauf einer Legeperiode (ca. 30.–60. Lebenswoche) alle brutfähigen Eier einlegen, alle geschlüpften Küken einer Leistungsprüfung unterziehen und die besten für die nächste Generation selektieren. Allerdings besteht eine Diskrepanz zwischen der theoretisch möglichen und der praktisch erreichten Selektionsintensität.

Folgende Gründe wurden dafür von FLOCK (1999) aufgeführt:

- Organisatorische und arbeitswirtschaftliche Vorteile bei der Reproduktion innerhalb einer kurzen Zeitspanne (4-8 Wochen)
- Weniger Inzuchtsteigerung durch geringe Familiengröße
- Genauere Zuchtwertschätzung durch optimale Prüfdauer
- Selektion in mehreren Stufen

Durch eine strenge Vorselektion von möglichst wenig Zuchttieren wird eine größere Leistungsüberlegenheit erreicht. Je weniger Tiere allerdings selektiert werden, um so höher ist der Verwandtschaftsgrad zwischen den Tieren und um so stärker ist die damit verbundene Inzucht. Die Selektionsintensität in einem kommerziellen Legehennen-zuchtprogramm bewegt sich gewöhnlich zwischen $i = 1,5 - 2,0$ (5% – 10 % Hähne und 10%–15 % Hennen) und daraus resultierend ca. 0,5% Inzuchtsteigerung pro Generation (PREISINGER und FLOCK, 1998).

2.1.7 Selektion und Anpaarung

Die Entscheidung darüber, welches Tier in der nächsten Generation als Elterntier selektiert werden soll, hängt in erster Linie vom Zuchtwert des Tieres ab. Bei der Anpaarung der selektierten Tiere muss allerdings die Inzuchtsteigerung berücksichtigt werden. Die Selektion erfolgt einmal zwischen Linien bzw. Linienkombinationen und in jeder Generation wiederholt ('rekurrent') zwischen Individuen bzw. Familien innerhalb 'reiner' Linien auf der Basis von Reinzucht- und Kreuzungsleistungen (PREISINGER et al., 1999). Falls sowohl Reinzucht- als auch Kreuzungsleistungen verfügbar sind, sollten beide Informationen in einem Selektionsindex kombiniert werden, womit eine Erhöhung der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung zu erreichen sein sollte (PREISINGER, 1996). Neben der sachlich fundierten Kombination von Reinzucht- und Kreuzungsleistungen anhand eines Selektionsindex und der zusätzlichen Selektion nach unabhängigen Selektionsgrenzen im Grenzbereich des Index entscheidet die aktuelle Stellung am Markt über die Selektionsschwerpunkte (PREISINGER und THIELE, 2000). Die Selektion der Legehennen erfolgt nicht nach einem oder wenigen Merkmalen, da sich die Selektionsziele ständig ändern. Während im vergangenen Jahrzehnt die Futtereffizienz und die Eiqualität mehr an Bedeutung gewannen, tragen heute die Umorientierung von der Käfighaltung hin zu Boden- und Freilandhaltung sowie das Verbot des Schnabelstutzens zu einer Verschiebung der Selektionsschwerpunkte bei (PREISINGER und SAVAS, 2000).

2.1.8 Biotechnologie

Molekularbiologische Kenntnisse und Methoden werden in der Tierzucht zunehmend dazu benutzt, die klassischen Züchtungsverfahren zu verfeinern und zu verbessern. Ein weit verbreitetes Anwendungsgebiet ist die Steuerung der Fortpflanzungsfunktionen von Tieren, so z.B. durch die künstliche Besamung, die Gewinnung und Übertragung von Embryonen und die Klonierung. Dazu gehören auch die mit diesen Techniken assoziierten Methoden, z. B. die Tiefgefrierkonservierung von Spermata oder Embryonen und die Geschlechtsbestimmung. Je mehr biotechnische Methoden in der Tierzüchtung zur Anwendung kommen, desto stärker verlagert sich der züchterische Selektionsprozess von der phänotypischen auf die genotypische Ebene.

Die heute übliche Reproduktion der Zuchtstufe mittels künstlicher Besamung schließt eine natürliche Selektion auf erfolgreiches Paarungsverhalten aus. Der Einsatz der künstlichen Besamung ist die effizienteste und eine in der Praxis weitgehend etablierte Methode zur Steigerung der Selektionsintensität bei männlichen Tieren. Durch die künstliche Besamung können die besten männlichen Tiere weltweit eingesetzt werden. Die künstliche Besamung ermöglicht eine große Anzahl von Nachkommen pro Hahn, wodurch für die männlichen Tiere eine strenge Selektion und eine genaue Zuchtwertschätzung durchgeführt werden kann.

Die Befruchtung nach der künstlichen Besamung wird von vielen Faktoren beeinflusst. Die Samenqualität ist abhängig vom Alter des Hahns, dem Körpergewicht und der Fütterung (DONOGHUE und WISHART, 2000). Die Geflügelindustrie verwendet bei der künstlichen Besamung nur Frischsperma, da Tiefgefriersperma eine schlechte Fruchtbarkeit aufweist (GILL und BARBATO, 2002). Durch den Gefrier – und Auftauvorgang allein gehen 80% der Befruchtungsfähigkeit und durch den Vorgang der Resuspendierung, Verdünnung, Zentrifugierung und Glycerolisierung weitere 18% verloren (DONOGHUE und WISHART, 2000). Das Tiefgefrieren von Sperma kann aber dazu dienen Genreservedepots anzulegen, für den Fall, dass der Bestand aus unvorhersehbaren Gründen verloren geht. Um Frischsperma zu gewinnen, müssen die Hähne jeden zweiten Tag abbesamt werden. Das so gewonnene Sperma wird bei der Flüssigkonservierung mittels Kochsalzlösung verdünnt, um die Lebensfähigkeit der Spermien in-vitro zu gewährleisten und die Anzahl der zu besamenden Hennen zu steigern. Frischsperma lässt sich bei 2°C bis zu sechs Stunden halten. Danach ist es für die künstliche Besamung unbrauchbar.

Ein ganz wichtiger Bereich, in dem durch Gentransfer große Fortschritte erwartet werden, ist das "gene-pharming". Hierunter versteht man die Erzeugung von Medikamenten mit Hilfe von transgenen landwirtschaftlichen Nutztieren. Dazu gehört z.B. die Produktion von Arzneimitteln auf Eiweißbasis in Eiern (MOZDZIK et al., 2004). Hergestellt werden Eiweißarten wie Insulin und menschliche Wachstumshormone sowie Wirkstoffe zur Behandlung von Krebsleiden.

Es gibt einige Methoden der Gentransfektion zur Erzeugung transgener Muttertiere. Die bisher erfolgreichste und am besten verstandene Methode ist die direkte Mikroinjektion fremder DNS in den Pronukleus des befruchteten Eis (BULFIELD, 1997; LUKOWICZ, 1999; MOZDIK et al., 2004). Zur Produktion transgener Tiere für das gene pharming stehen heute verschiedene Techniken zur Verfügung. Neben der DNA-Mikroinjektion sind die embryonale Stammzelltechnik, die Verwendung viraler Vektoren und der Einsatz künstlicher Chromosomen zu nennen (AMMANN und VOGEL, 2000).

Die Reifung von Hühnerembryonen unterscheidet sich maßgeblich von der der Säugetiere. Die Embryonalzeit eines Huhnes beträgt 22 Tage, wobei die ersten 24 Stunden der Entwicklung im Eileiter vonstatten gehen. Die restlichen 21 Tage, in denen die Embryogenese sowie die Wachstumsphase des Embryos stattfinden, verbringt der Embryo nicht im Uterus, sondern im gelegten Ei. LUKOWICZ (1999) hat bei den weißen Leghorn Versuche zur in-vitro Inkubation von Hühnerembryonen vom Einzellstadium nach frühzeitiger Entnahme aus dem Mutterhuhn bis zum Schlüpfen durchgeführt. Diese Versuche beinhalteten die Explantation des Embryos im Einzellstadium aus dem Eileiter des Mutterhuhns mit der Möglichkeit, eine Mikroinjektion in die Zygote durchzuführen. Anschließend erfolgte die Inkubation in verschiedenen Gastschalen bis zum Schlüpfen. Dadurch erhält man die Möglichkeit, DNS in die Zygote zu injizieren. Die heranwachsenden Hühner sollen nach Erreichen der Geschlechtsreife Eier legen, in welchen das durch die injizierte DNS kodierte Protein nachgewiesen werden kann. Die Ergebnisse der Versuche, Embryonen vom Einzellstadium bis zum Schlüpfen zu bringen, waren unbefriedigend. Bei den im Einzellstadium explantierten Embryonen war zwischen Tag drei und Tag sechs eine Sterblichkeit von 38,5% zu beobachten. Die Schlupfraten waren außerdem sehr niedrig. Diese Methode des Gentransfers ist noch sehr ineffizient und muss deshalb weiter verbessert werden.

Die Gentechnologie ist eine sehr junge Technologie, über deren Auswirkungen bislang nur wenige Erfahrungen vorliegen. Bei der Anwendung der Gentechnologie in der Tierzucht ist es besonders wichtig, ethische Grenzen zu beachten. Es muss sichergestellt werden, dass der Eigenwert der Tiere als Individuen und ihre Leidensfähigkeit in angemessener Weise berücksichtigt werden. Ein verantwortungsbewusster Umgang mit den sich aus der Gentechnologie ergebenden Möglichkeiten ist deshalb notwendig.

2.2 Modelle der Vererbung

Modelle, mit denen man unter den gleichen Voraussetzungen Parameter schätzt, können miteinander verglichen werden. Für jedes Modell kann berechnet werden, wie wahrscheinlich das Modell unter den gegebenen Daten ist (DOLF, 2003). Folgende Modelle der Vererbung werden hier beschrieben:

- Polygene Vererbung
- Hauptgen
- Gemischtes Modell der Vererbung (Hauptgen und polygene Vererbung)
- Umwelt

2.2.1 Polygene Vererbung

Die Zuchtwertschätzung basiert auf dem Phänotyp des Tieres selbst und/oder dessen Verwandtschaft. Betrachtet man nur die Beobachtung des gewünschten Merkmals, so hängt der Beitrag der Beobachtung der Verwandten für die Zuchtwertschätzung von der additiv genetischen Verwandtschaft, d.h. dem Anteil der Gene, die der Nachkomme gemeinsam besitzt, und der Heritabilität des Merkmals ab (VAN ARENDONK et al., 1999). In diesem Modell ist die genetische Eigenschaft des Merkmals durch die genetische Varianz und Kovarianz dargestellt. Mit dem zugrunde liegenden Modell wird angenommen, dass die genetische Varianz eines Merkmals von einer großen Anzahl von Genen, bei denen jedes einzelne Gen nur geringen Einfluss ausübt, kontrolliert wird. Bei einem quantitativen Merkmal nimmt man an, dass die Phänotypen innerhalb eines Genotyps normal verteilt sind. Die Parameter des Modells sind der Mittelwert und die Standardabweichung für jeden Genotyp (DOLF, 2003). Dieses Modell wird geprüft, um sicherzustellen, dass nicht nach einem Hauptgen gesucht wird, das nur sehr wenig zur Erklärung der beobachteten Phänotypen beiträgt.

2.2.2 Hauptgen

Hauptgene sind einzelne Gene mit großem Einfluss auf ein Merkmal. Bei einem qualitativen Merkmal wird für jeden Genotyp eine normalverteilte Dichtefunktion auf einer kontinuierlichen Anfälligkeitsskala angenommen. Der Hauptgeneffekt wird mit dem Dominanzeffekt und dem Displacement beschrieben. Der Dominanzeffekt besagt, wo die Heterozygoten auf der Anfälligkeitsskala relativ zu den Homozygoten liegen und das Displacement gibt den Abstand zwischen den Verteilungen der Homozygoten in Standardabweichungen an (DOLF, 2003). Dabei wird angenommen, dass die Standardabweichungen für alle Genotyp-Verteilungen gleich sind.

2.2.3 Gemischtes Modell der Vererbung

Das polygene Modell kann durch Einschließen des Effektes der Hauptgene (einzelne Gene mit großem Einfluss auf das Merkmal) auf das gemischte Modell der Vererbung erweitert werden (VAN ARENDONK et al., 1999). Mit ihm kann man gleichzeitig Parameter für das Hauptgen und die polygene Komponente schätzen. Wenn die Heritabilität sehr klein wird, nähert sich dieses Modell dem Hauptgen-Modell an. Eine hohe Heritabilität kann als Hinweis auf weitere Hauptgene gewertet werden (DOLF, 2003).

Unter dem Modell Umwelt werden die Allele unabhängig vom Genotyp der Eltern weitergegeben, das heißt die Transmissionswahrscheinlichkeit für ein Allel ist für alle Genotypen gleich. Dieses Modell wird in die Evaluation miteinbezogen, um zu zeigen, dass tatsächlich eine genetische Komponente vorhanden ist.

2.3 Inzuchtkontrolle im modernen Zuchtprogramm

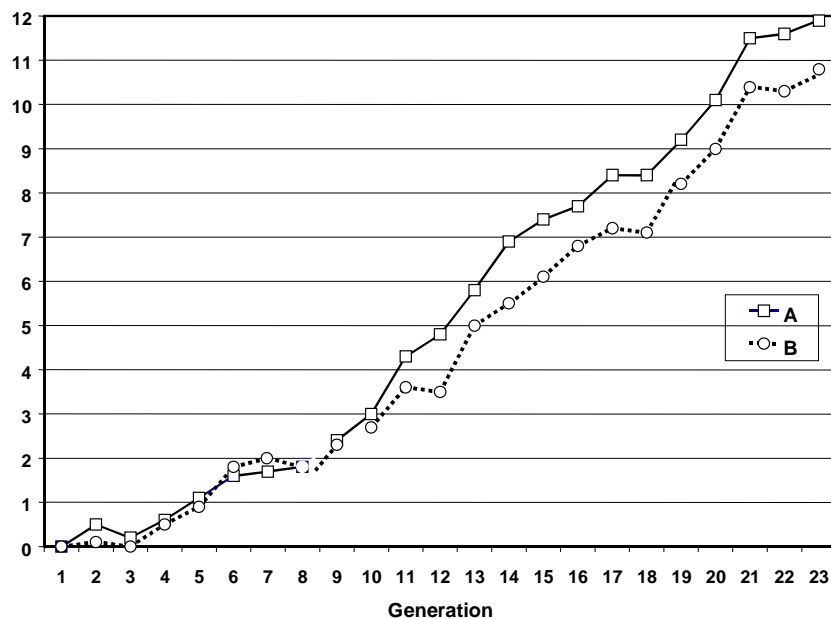
2.3.1 Inzucht und genotypische Variabilität

Dem Verlust an genetischer Varianz durch das Aussterben von Rassen und Linien sowie durch Inzucht und Selektion in kommerziell genutzten Populationen ist in den letzten Jahren zunehmend Beachtung geschenkt worden. In kleinen, geschlossenen Populationen nimmt die Wahrscheinlichkeit von Paarungen zwischen verwandten Tieren zu. Verwandte Tiere haben einen oder mehrere gemeinsame Ahnen und sind durch die Übereinstimmung eines Teils ihres Genoms charakterisiert. Bei der Paarung von verwandten Tieren erhöht sich die Wahrscheinlichkeit, dass Vater und Mutter eine Kopie des gleichen Alleles eines gemeinsamen Ahnen an die Nachkommen vererben, die dann an diesem Genort herkunftsgleich sind. Aufgrund der Gefahr der langfristigen Einschränkung der additiv genetischen Varianz wird in reinen Linien von Kreuzungszuchtprogrammen für Legehennen eine Vermeidung von Inzuchtpaarungen angestrebt (SCHMUTZ et al., 2000). Die steigende Homozygotie führt zu Fixation sowie Allelverlusten und ist mit einer Abnahme der genotypischen Variabilität in der Population verbunden. Mit Hilfe von Allelfrequenzen kann die Homozygotieentwicklung einer Population untersucht werden.

Nach IRGANG (2001) zeichnen sich die am stärksten von der Inzucht beeinflussten quantitativen Merkmale meist durch eine geringe Heritabilität aus. Die Heritabilität gibt an, wie viel Prozent der messbaren Leistung auf genetische, aber züchterisch veränderbare Ursachen zurückzuführen sind. Dabei ist eine geringe Heritabilität gleichbedeutend mit einer niedrigen genotypischen Varianz in der Population, vermutlich aufgrund natürlicher Selektion (IRGANG, 2001). Nach PREISINGER und SAVAS (2000) ist aufgrund des hohen Hygienestatus in den Zuchtbeständen eine einfache Integration neuer Linien bzw. eine Blutauffrischung innerhalb des vorhandenen Genpools, um der genetischen Reduktion entgegenzuwirken, nicht zulässig. Denn durch einen Genaustausch in Verbindung mit dem Angleichungsprozess können Krankheitserreger in den Bestand eingeschleppt werden.

2.3.2 Auswirkungen von Inzucht auf Leistungsmerkmale

Die Inzuchtdepression tritt insbesondere bei Merkmalen der Fitness und des Reproduktionsbereichs auf, also bei solchen Merkmalen, deren Erbllichkeit gering ist und bei denen somit die züchterischen Möglichkeiten zur Verbesserung begrenzt sind (SIMIANER und KÖNIG, 2003). Ein Experiment aus Tschechien über 25 Generationen Vollgeschwisterpaarung hat gezeigt, dass die Reproduktionsrate erheblich darunter leidet (PREISINGER und SAVAS, 2000). Die Reaktionen einzelner Linien auf Inzucht sind in der Höhe nicht vorhersehbar und variieren merkmalsabhängig aufgrund von Inzuchtgrad und Inzuchtrate, den Ausgangsgegenfrequenzen, dem Dominanzgrad des betrachteten Merkmals und der Selektionsintensität (IRGANG, 2001). Wie in der Abbildung 2.3 dargestellt, verläuft der Anstieg in der Inzucht für beide Linien relativ einheitlich über die gesamte Zahl an Generationen. Der Anstieg war über einen Zeitraum von 25 Jahren linear und lag nur bei 0,7% pro Jahr (PREISINGER, 2004a).



Quelle: PREISINGER (2004a)

Abbildung 2.3: Inzuchtsteigerung über 23 Generationen für zwei Linien des weißes Leghorns.

SZWACZKOWSKI et al. (2003) untersuchten zwei Linien (H77- Weiße Leghorn und N88- New Hampshire) und stellten fest, dass 1% Inzucht zu ca. 1,0% bzw. 0,4% weniger befruchteten Eiern der Linien N88 bzw. H77 führte. Dabei bewegte sich der maximale Inzuchtzuwachs zwischen 2,5% (H77) und 3,5% (N88). Die Inzuchtdepression für Körpergewicht war mit 4g pro 1% Inzuchtzuwachs minimal und kann daher vernachlässigt werden. SCHMUTZ et al. (2000) untersuchten vier Reinzuchtlinien der Zuchtprogramme LSL (Lohmann Selected Leghorn) und LB (Lohmann Brown). Sie stellten bei drei der vier untersuchten Linien mit zunehmender Inzucht eine Reduktion des Körpergewicht fest. Nach AMELI et al. (1991) ist bei einer Inzuchtsteigerung von 10%, die nach ca. 20 Jahren bei Ausschluss von Geschwisterpaarungen erreicht wird, mit einer Leistungsdepression von ein bis drei Eiern zu rechnen. Nach einer Studie von SEWALEM et al. (1999) liegen für die Inzuchtrate des Embryos die Einbußen für die Schlupfrate bei 4,2%. Dabei liegen für die Befruchtungsrate Schätzwerte von 0,9 bis 1,0% je 10% Inzuchtsteigerung vor.

2.3.3 Methodische Ansätze zur Inzuchtkontrolle

Zur Vermeidung enger Inzucht wurden bisher verschiedene Methoden eingesetzt. Traditionell wurde Inzucht bisher durch die Steigerung der Populationsgröße kontrolliert. In einem kommerziellen Zuchtprogramm kann die Familienstruktur in Abhängigkeit von der Anzahl der Linien und die Position der Linien zwischen 200 und 1000 Vollgeschwister-Familien (50-100 Väter angepaart an 5-10 Mütter) variieren. Um Inzucht zu vermeiden wird die Anzahl der selektierten Nachkommen pro Eltern (besonders bei Vollbrüdern) begrenzt. AMELI et al. (1991) stellten Inzuchtrate von ca. 0,6% je Generation in zwei weißen Leghornlinien fest. Mit der Vermeidung von Geschwisterpaarung bleibt die Inzuchtsteigerung in einem unbedenklichen Bereich (PREISINGER, et al., 2000).

Durch die Genomanalyse stehen immer detailliertere Informationen über Genorte, die ein Leistungsmerkmal beeinflussen, sogenannte quantitative trait loci (QTL), zur Verfügung. Markergestützte Selektion kann heute u.a. zur Inzuchtkontrolle eingesetzt werden, wenn z.B. nur der beste Hahn aus einer Vollgeschwistergruppe zur Reproduktion der nächsten Generationen selektiert wird (PREISINGER et al., 2000). Der

Homozygotiegrad verschiedener Linien kann anhand von Mikrosatelliten analysiert werden.

MEUWISSEN und GODDARD (1997) untersuchten die Inzuchtkontrolle bei der Selektion von junger Bullen, die in das "künstliche Besamung Nachkommenschaftstest-Programm" eintraten. Junge Väter wurden anhand von BLUP, EBV oder auf Basis von $EBV^* = EBV - k\bar{a}$ selektiert, wobei \bar{a} die durchschnittliche Verwandtschaft zwischen den selektierten Tieren und k ein vordefinierter Kostenfaktor ist. Die Selektion auf Maximum EBV ergab einen Zuchtfortschritt von 1,098 und eine durchschnittliche Verwandtschaft zwischen den selektierten Individuen von 0,393, während die Selektion für EBV^* zu einem Zuchtfortschritt von 1,054 und einer durchschnittlichen Verwandtschaft von 0,308 führte.

BRISBANE und GIBSON (1995) betrachteten zahlreiche Strategien zur Nutzung von Informationen bzgl. der EBV und der additiv genetischen Verwandtschaft zwischen den selektierten Kandidaten. Ihre Auswahl beinhaltete die Begrenzung der Anzahl der selektierten Geschwister, die Reduktion der Gewichtung von Verwandteninformationen, das Auslassen von Informationen einiger Verwandter und die Justierung der EBV für die durchschnittliche additiv genetische Verwandtschaft der selektierten Gruppe. Für die Zielfunktion galt: $M = \frac{1}{2} \hat{u}_s + \frac{1}{2} \hat{u}_d - k[0.125\tilde{a}_s + 0.25\tilde{a}_{sd} + 0.125\tilde{a}_d]$, wobei \hat{u}_s und \hat{u}_d jeweils der durchschnittliche Zuchtwert des Vaters und der Mutter in Generation t und \hat{a}_s , \hat{a}_d und \hat{a}_{sd} jeweils die durchschnittliche Verwandtschaft zwischen den Vätern, zwischen den Müttern und zwischen Vätern und Müttern ist. Ihr Selektionsschema wurde wie folgt ausgeführt: Als erstes wurde die Ausgangsgruppe von Vätern und Müttern, mit Hilfe von Truncation – Selektion, auf EBV Basis selektiert. Als Nächstes wurde die Verwandtschaft jedes einzelnen Tieres mit den selektierten Gruppen berechnet. Daraufhin wurde der justierte EBV wie $EBV^* = \frac{1}{2} EBV - k(0.125 \hat{a}_s + 0.25 \hat{a}_d)$ für die Väter und $EBV^* = \frac{1}{2} EBV - k(0.25 \hat{a}_d + 0.125 \hat{a}_s)$ für die Mütter berechnet werden. Anschließend wurde durch Austauschen der selektierten Väter mit den niedrigsten EBV^* gegen nicht selektierte Väter mit den höchsten EBV^* iteriert und dieser Vorgang solange wiederholt werden bis eine Konvergenz erreicht wird. Die Ergebnisse zeigten, dass die Selektion durch justierte EBV bei vorgegebener Inzucht im Vergleich zu anderen Strategien zu einem höheren Zuchtfortschritt führt.

2.3.4 Optimum genetic contribution Theorie

Als eine von vielen Möglichkeiten, Inzuchtzuwachs und Zuchtfortschritt in ein Gleichgewicht zu bringen, bietet sich der Einsatz der optimum genetic contribution (OGC) Theorie an, die von MEUWISSEN 1997 entwickelt wurde. In der praktischen Zuchtpopulation leistet die Basisgeneration unterschiedliche Beiträge an der aktuellen Population und die Tiere sind eng miteinander verwandt. Die Optimierung des Beitrags der selektierten Kandidaten lässt sich zum einen durch den Ausgleich unterschiedlicher Leistungen und zum anderen durch die Einschränkung der Inzuchtrate erreichen. Um den unterschiedlichen Beitrag auszugleichen, sollten mehr von den Tieren selektiert werden, die zwar niedrigere Leistungen aufweisen, aber dafür weniger miteinander verwandt sind. Andererseits werden weniger von den Tieren selektiert, die zwar höhere Leistungen aufweisen, aber eng miteinander verwandt sind. Auf diese Weise lassen sich Inzucht und Zuchtfortschritt in ein Gleichgewicht bringen.

Von MEUWISSEN und SONESSON (1998) wurde die Methode von MEUWISSEN (1997) auf überlappende Generationen erweitert. Für die erste Einschränkung in diesem Ansatz von MEUWISSEN (1997) gilt:

$$r_a^2 c_t' A_t c_t + 2 r_a c_t' A_t J r_b + r_b' \tilde{A}_{t(b,b)} J r_b \leq \tilde{a}_t + 2\Delta F$$

J = Matrix mit den Elementen 0 oder $(1/n_j)$, welche die durchschnittlichen Verwandtschaften der Einzeltiere zur Gruppe innerhalb von Altersklassen enthält

$r = [r_a r_b]$ = Vektor des optimalen Beitrags der einzelnen Altersgruppe

$\tilde{A}_t = [\tilde{A}_{t(a,b)}, \tilde{A}_{t(b,a)}, \tilde{A}_{t(b,b)}]$ = Matrix der durchschnittlichen Verwandtschaft zwischen Altersgruppen

Diese Methode ergab bei konstantem Inzuchtkoeffizienten und über einen Zeitraum von 20 Jahren bis zu 44% mehr Zuchtfortschritt.

Der Algorithmus von MEUWISSEN und SONESSON (1998) und GRUNDY et al. 2000 wurde von SONESSON et al. (2000) verglichen, um den optimalen genetischen Beitrag des einzelnen Tieres der aktuellen Generation für Zuchtfortschritt und Inzucht der zukünftigen Generation feststellen zu können. In einer Simulationsstudie ergab der

Algorithmus von MEUWISSEN und SONESSON (1998) vergleichbare Ergebnisse wie der von GRUNDY et al. 2000. Von MEUWISSEN (1997) wurde die Maximierung der genetischen Leistung der selektierten Gruppe durch die Einschränkung der durchschnittlichen Verwandtschaft zwischen den selektierten Individuen vorgeschlagen. Die optimale Gruppe der selektierten Kandidaten wird so ausgewählt, dass der durchschnittliche EBV erhöht wird. Für die durchschnittliche genetische Verwandtschaft innerhalb der selektierten Gruppe gilt außerdem:

$$\bar{a}_t + 1 \leq \bar{a}_t + 2\Delta F$$

\bar{a}_t = durchschnittliche Verwandtschaft der aktuellen Generation

ΔF = maximal erlaubter Anstieg der Inzuchtkoeffizienten

Den optimalen Anteil der Nachkommen aus jedem selektierten Kandidaten (c_i) enthaltenden Vektor erhält man durch Maximierung: $G = c_i \bar{a}_t$,

Subjekt der Einschränkung: $c_i A_i c_i \leq \bar{a}_t + 2\Delta F$ und $Q' c_i = [\frac{1}{2} \ \frac{1}{2}]$

A_i = Verwandtschaftsmatrix

Q' = Indikatormatrix für das Geschlecht jedes selektierten Kandidaten

\bar{a}_t = Vektor des EBVs des selektierten Kandidaten in der aktuellen Generation

Zusätzliche Einschränkungen bzgl. der Reproduktionskapazität der selektierten männlichen und der weiblichen Kandidaten können folgendermaßen angelegt werden:

$$c_i \leq c_{\max} \quad (c_{\max} = \text{Vektor der maximalen Reproduktionskapazität})$$

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die Anwendung der optimum genetic contribution (OGC) Theorie zur Inzuchtverminderung bei minimaler Einbuße an Zuchtfortschritt führt. Deshalb ist es notwendig, in der Legehennenzucht die OGC-Theorie zu erproben. Es werden bereits Paarungsprogramme eingesetzt, um die Inzucht in der folgenden Generation zu verringern. Soll die Inzuchtrate allerdings langfristig gesenkt werden, so sind Methoden wie die der OGC-Theorie unerlässlich.

2.4 Anwendungsmöglichkeiten der molekulargenetischen Marker

2.4.1 Molekulargenetische Marker

Als molekulare Marker bezeichnet man ganz allgemein Abschnitte eines Chromosoms, die in einer Population in verschiedenen Varianten (Allelen) vorkommen. Die molekulargenetischen Marker sind dadurch gekennzeichnet, dass sich ihre Polymorphismen mit molekulargenetischen Methoden auf dem Niveau der DNA darstellen lassen (HARDGE, 1999). Die dominierenden genetischen Marker in der Nutztierzucht sind DNA Marker. Allgemein wird zwischen Typ I- und Typ II- Markern unterschieden. Während die Typ I-Marker Polymorphismen repräsentieren, die direkt in Genen lokalisiert sind, stellen Typ II-Marker Sequenzvariationen in nichtkodierender DNA dar (HAMANN, 1995). Nach VAN der WERF et al. (2003) ist das einfachste Szenario bei einem direkten Marker, wenn das Markerallele M und das QTL-Allele Q immer gemeinsam vorliegen. Solche direkten Marker sind sehr bequem, da der Marker-Genotyp uns direkt über den QTL-Genotyp informiert. Allerdings gibt es zur Zeit nur einige direkte genetische Marker für Merkmale, die von wirtschaftlicher Bedeutung sind. Als Beispiel dafür wäre das MHS-Gen beim Schwein und das Doppellendergen beim Rind zu nennen. Nach DEKKERS et al. (2002) werden zwei Ansätze zur Erkennung von indirekten Markern verwendet: zum einen die gezielte Suche mit Hilfe von Kandidatgenen in einer unstrukturierten Population und zum anderen genomweite Suche in Spezialpopulationen wie z.B. F₂-Kreuzung. Diese zunächst unbekannt Genorte bezeichnet man als quantitative trait loci (QTL), wenn sie einen größeren Beitrag zur Ausprägung eines polygen bedingten Merkmales leisten. Bei der marker assisted selection (MAS) geht es darum, QTLs mit Hilfe gekoppelter Marker so schnell wie möglich in einer Population zu fixieren.

Nach WEIGEND (2002) weisen VNTRs (Variable Number Tandem Repeat) einen Typus von DNA-Sequenzen auf, die auf einer variierenden Anzahl sich wiederholender DNA Segmente sowie Sequenzunterschieden in den flankierenden Regionen dieser Genorte beruhen. Je nach Größe der Wiederholungseinheiten unterscheidet man zwischen Mini- und Mikrosatelliten. Ist die Wiederholungseinheit kleiner als vier Basenpaare, so wird der VNTR Mikrosatellit genannt. Ist die sich wiederholende Einheit länger, so handelt es sich um einen Minisatellit (VAN der WERF, 2000). Mikrosatelliten können mit wenig

Aufwand mittels PCR (Polymerase-Kettenreaktion), eine In-vitro-Methode der Nukleinsäuresynthese, mit der man definierte Ziel DNA-Sequenzen eines bestimmten Ausgangsmaterials schnell und selektiv vervielfältigen kann, untersucht werden (PIDDE, 1999). Nach WIMMERS (1994) stammen erste Anwendungen von locuspezifischen VNTR-Sonden beim Geflügel von BRUFORD und BURKE (1991), die locuspezifische Sonden aus einer DNA-Bank vom Huhn isolierten und vorschlugen, locuspezifische VNTR-Sonden zur Markierung von QTLs beim Huhn zu nutzen.

Mikrosatelliten sind nach MONTALDO (1998) DNS-Abschnitte, die aus kleinen sich wiederholenden Unterabschnitten, das heißt Sequenzen mit sehr kurzer Basenfolge (z. B. $[TG]_N$) bestehen. Mikrosatelliten zählen aufgrund ihrer Eigenschaften zu den bevorzugten Markern. Diese hochpolymorphen, co-dominanten Marker sind nach BEEK (1995) für heterozygote Tiere beide Allelen identifizierbar und einfach zu analysieren. Je polymorpher sich ein Marker verhält, desto höher ist die Chance informative Meiosen zu beobachten, bei denen die Weitergabe der Markerallele an die Nachkommen verfolgt werden kann (BADER, 2001). Als Polymorphismus bezeichnet man das Auftreten von verschiedenen Varianten (Allelen) an einem Genort. Mikrosatelliten bestehen aus Sequenzwiederholungen von einem bis vier Nukleotiden und sind insgesamt oft kürzer als 150 Basenpaare. Befinden sich Mikrosatelliten in DNA-Abschnitten, deren Sequenz bekannt ist, sogenannten sequenz-markierten Stellen (sequence-tagged-sites, STSs), so lassen sich daraus Marker konstruieren (PIDDE, 1999).

Nach SIMIANER (1996) können mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) DNA-Sequenzen identisch vervielfältigt werden, so dass ausreichend genetisches Material für die Markergenotypisierung vorhanden ist. Mikrosatelliten fanden in den vergangenen Jahren eine breite Anwendung bei Nutztierarten und werden in Untersuchungen als Marker eingesetzt. Sie sind im Bereich der Forschung in kopplungs- und populationsgenetischen Analysen von großer Bedeutung. Darüber hinaus werden sie bei einigen Tierarten routinemäßig zur Identitäts- und Abstammungskontrolle eingesetzt.

Nach WEIGEND (2002) verwendeten VANHALA et al. (1998) neun Mikrosatelliten zur Differenzierung von acht Hühnerlinien unterschiedlichen genetischen Ursprungs. Dabei bildete die weiße Legehornlinie eine Gruppe, die zwei finnischen Landrassen bildeten

eine zweite, und die Rhodeländer formten gemeinsam mit den Broilerlinien eine dritte Gruppe. Die genetischen Distanzen verschiedener Rassen können ausgehend von Unterschieden in der Häufigkeit des Auftretens einzelner Mikrosatellitenallele berechnet werden. Je mehr Individuen zweier Rassen DNS-Abschnitte gleicher Länge aufweisen, um so enger verwandt sind diese Gruppen.

In eine Studie von SITI-DARODJAH (2001) wurden Untersuchungen bei drei Schweinerassen (DE, DL und PI) zur Etablierung eines optimalen Markersets für eine routinemäßige Abstammungs- und Identitätskontrolle durchgeführt. Für die Analyse wurden 25 Mikrosatellitenmarker verwendet. Zur Ermittlung der Verwendungsfähigkeit der Mikrosatellitenmarker zur Abstammungs-kontrolle wurden die Ausschlusswahrscheinlichkeiten (EXP) sowie die kombinierte Ausschlusswahrscheinlichkeit (cEXP) über alle beobachteten Loci und der Polymorphism Information Content (PIC) berechnet. Eine kombinierte Ausschlusswahrscheinlichkeit von über 99% konnte bei allen Rassen schon mit acht Mikrosatelliten erreicht werden. 15 der 25 Mikrosatelliten wurden zu drei Multiplex-PCRs mit je fünf Loci als mögliche Marker-Sets für eine routinemäßige Abstammungs- und Identitätskontrolle zusammengestellt (SITI-DARODJAH, 2001).

Nach CHENG (1997) sind Minisatelliten wie auch Mikrosatelliten hoch polymorph und bestehen aus sich wiederholenden Unterabschnitten. Bei Minisatelliten allerdings ist die Wiederholungseinheit zehn bis 60 Basenpaare lang. Minisatelliten stellen beim Huhn-Genom keine geeigneten Marker für die genetische Kartierung dar, da sie nicht zufällig verteilt sind bzw. das Genom nicht einheitlich markieren (CHENG, 1997). Nach DODGSON (1997) ist es bei Minisatelliten sehr schwer oder sogar unmöglich, die Markerfragmente für eine detaillierte Analyse zu klonen und die Dominanz der Minisatelliten-Marker führt zur einer Reduktion der vorhandenen genotypischen Information. Die Kosten für die Entdeckung multiplen Polymorphismus bei Minisatelliten sind vergleichsweise niedrig. Deshalb werden sie bei Studien der genetischen Diversität innerhalb einiger Individuen oder Gruppen verwendet. Minisatelliten werden auch als DNA-Fingerprint bei Vaterschaftstests verwendet (MONTALDO, 1998).

Seit einiger Zeit wird auch in der Tierzucht der Amplifizierte Fragmentlängenpolymorphismus (AFLP) eingesetzt (VOS et al., 1995; KNORR et al., 1999), während dieser in der Pflanzenzucht bereits zu den bevorzugten Fingerprint-Markern gehört (DODGSON et al., 1997). Mit Hilfe des AFLP können molekulare Marker in einer Multiplex-Reaktion ohne vorherige Kenntnisse über das Genom des zu untersuchenden Organismus amplifiziert werden (JENNECKENS, 1999). Dieses System detektiert DNA-Variationen auf der Basis von Erkennungssequenzen verschiedener Restriktionsenzyme. Der Vorteil liegt in der effizienten Erzeugung einer sehr großen Markerzahl. Nachteilig ist der komplizierte Nachweis der Heterozygoten (KNORR et al., 1999). Nach BRUGMANS et al. (2003) findet die AFLP-Technologie Anwendung in allen Bereichen, wie z.B. der Analyse genetische Diversität, der Bildung von Genomkarten und QTL-Kartierungen. Allerdings ist der Einsatz dieser Technologie sehr teuer und arbeitsaufwendig.

Von den Typ I- Markern haben sogenannte Restriktionsfragmentlängenpolymorphismen (RFLPs) die größte Bedeutung erlangt. Das Prinzip dieser Analyse besteht in einer Fragmentierung eines bestimmten DNA-Abschnitts mit spezifischen, DNA spaltenden Enzymen (Restriktionsendonucleasen), gelelektrophoretischer Auftrennung der entstehenden Fragmente und ihrer Darstellung auf Trägermembranen (IRGANG, 2001). RFLPs sind co-dominant und die Entwicklung ist verhältnismäßig billig (DODGSON et al., 1997).

Nach DOLF (2001) muss man, um eine RFLP-Analyse vorzunehmen, zuerst eine DNA-Sonde für das gewünschte Gen oder DNA-Sequenz haben. Daraufhin müssen Restriktionsenzyme gesucht werden, welche im Bereich der Sonde eine Schnittstelle besitzen. Falls die Sequenz der Sonde bzw. der homologen DNA-Sequenz bekannt ist, können Kandidaten-Restriktionsenzyme ausgewählt werden. Nun muss ausprobiert werden, ob die Restriktionsenzyme einen Polymorphismus aufzeigen können oder nicht. Findet man einen Polymorphismus, müssen die Allelfrequenzen ermittelt werden. Damit kann der Informationsgehalt des Polymorphismus ermittelt werden (PIC = polymorphism information content). Die meisten RFLPs sind biallelic, mit geringerem Polymorphie-Gehalt als Mikrosatelliten und werden deshalb immer weniger in der Tiergenomkartierung verwendet (DODGSON, 1997). Nach WIMMERS (1994) sind für das

Genom von Hühnern nur wenige RFLPs beschrieben. Bei einer Genomgröße von 2×10^9 sind 2×10^7 polymorphe Basenpaare im Genom des Huhnes vorhanden.

Random amplified polymorphic DNA (RAPD) bezeichnet ein Verfahren zur Amplifikation unbekannter DNA-Sequenzen in einem zyklischen In-vitro-Amplifikations-Prozess –entsprechend einer PCR– mit einem Primer aus zufälligen Nukleotidsequenzen. Nach WIMMERS (1994) wurde RAPD von LEVIN et al. (1993) zur Konstruktion einer genetischen Karte des Z-Chromosoms beim Huhn eingesetzt. Sie benutzten 298 Primer mit 60 bis 80% G+C-Gehalt zur Untersuchung von Individuen einer White-Leghorn-Inzuchtlinie und einer Red-Jungle-Fowl-Inzuchtlinie sowie deren F1- und Rückkreuzungsgeneration. Dabei konnten 13 auf dem Z-Chromosom der White-Leghorn-Linie lokalisierte RAPD-Fragmente identifiziert und kartiert werden. RAPD-Marker sind zwar zur Kartierung geeignet, aber aufgrund ihres dominanten Vererbungsmodus der Allele sind sie für bestimmte Anwendungen nicht besonders informativ (AJMONE-MARSAN et al., 1997).

Seit neuester Zeit gehören SNPs (single nucleotide polymorphisms) zu den wichtigsten molekularen Markern. Die potentielle Anzahl von SNP Markern ist sehr hoch, d.h., dass sie in allen Bereichen des Genoms gefunden werden und dass mit Hilfe von micro-array Verfahren hunderte von SNP-Loci gleichzeitig und automatisch bei geringen Kosten pro Probe gezählt werden können (FAO, 2003). Nach SCHLÖTTERER (2004) liegt der große Vorteil von SNPs im hohen Potential der Automatisierung bei angemessenen Kosten. SNPs sind sowohl für die Feinkartierung als auch für die Kopplungsungleichgewichtskartierung von komplexen Merkmalen geeignet. Allerdings ist der Informationsgehalt einzelner SNPs begrenzt, vor allem wenn eins der beiden Allele mit geringer Frequenz vorkommt.

Tabelle 2.4: Vergleich verschiedener Molekular-Marker.

Marker	Vorteile	Nachteile
AFLP ¹	- hohe Reproduzierbarkeit - hohe PCR Multiplex Ratio - keine vorherigen Kenntnisse - über das Genom notwendig	- teuer - arbeitsaufwendig
SNPs ²	- niedrige Mutationsrate - hohe Anzahl	- die Isolierung ist teuer - einzelne SNPs besitzen geringe Informationsgehalt
Mikrosatelliten ²	- hoch informativ - einfach zu isolieren	- hohe Mutationsrate - komplexes Mutationsverhalten
RAPDs ²	- billig - produziert ein große Anzahl von Banden	- niedrige Reproduzierbarkeit - schwer zu analysieren - schwer zu automatisieren
RFLP ³	- hohe Reproduzierbarkeit	- nicht auf PCR basiert - Anwendung nicht einfach

¹Brugmans et al. (2003)²Schlötterer (2004)³Fao (2003)

Beim Geflügel finden molekulargenetische Marker in Abhängigkeit von ihren Eigenschaften in verschiedenen Bereichen Anwendung (Tabelle 2.5).

Tabelle 2.5: Anwendungsgebiete ausgewählter molekulargenetischer Markersysteme beim Geflügel.

	RFLP	Multilocus-DFI	Mikrosatellit	RAPD
Genomkartierung	x	x	x	x
Markergestützte Selektion von QTL	x	x	x	
Abstammungsnachweis/Identifikation		x	x	
Variabilität				
- innerhalb von Populationen, Inzucht	x	x	x	
- zwischen Populationen	x	x	x	x
Schätzung genetischer Distanzen		x	x	

Quelle: IRGANG (2001)

2.4.2 QTL-Auffindung

Die züchterische Nutzung von QTLs setzt deren Auffindung voraus. Dazu sind nach DEKKERS (1999) grundsätzlich zwei verschiedene Ansätze möglich: der Kandidatengenansatz und der Genomscanansatz. Beim Kandidatengenansatz werden die Erkenntnisse von anderen Spezies, die vergleichsweise besser untersucht sind (z.B. Mensch oder Maus), dazu genutzt Gene, von denen man annimmt, dass sie einen Einfluss auf bestimmte Merkmale haben können, zu identifizieren. Grundlage für solche Analysen ist, dass die untersuchte Population sowohl für den Marker als auch für das untersuchte Merkmalsgen polymorph sein muss (SCHELLANDER et al., 1999). Beim Genomscanansatz werden QTLs mittels zufällig über das Genom verteilten Markern auf merkmalsbeeinflussende Chromosomenregionen "abgesucht". Bei einer Genomgröße von etwas unter 3000 cM werden dafür 100 bis 150 Marker benötigt (SCHELLANDER et al., 1999). Das QTL kann nun anhand statistischer Methoden identifiziert und seine Position und sein Einfluss geschätzt werden (DEKKERS, 1999). Die QTL-Auffindung mit Hilfe von Markern benötigt Kopplungsungleichgewichte zwischen dem QTL und dem Marker-Locus (VAN ARENDONK et al., 1994).

2.4.3 Kandidatengene

Kandidatengene sind Gene, die bei anderen Spezies, wie z.B. Mensch oder Maus, kartiert sind, und von denen man aufgrund der zur Verfügung stehenden Informationen glaubt, dass sie dem gesuchten Gen homolog sind. Da alle Organismen aufgrund der gemeinsamen Evolution verwandt sind, kann das vergleichende Studium der Genomorganisation eines Organismus zu wertvollen Informationen über einen anderen führen. Durch komparative Kartierung können Gene einer bestimmten Spezies auf der Basis des Wissens über verwandte Gene einer anderen Art analysiert und verstanden werden (KINGHORN et al., 2000). Die erste komparative Kartierung Mensch-Huhn wurde auf Basis von Kopplungsdaten der kartierten Gene erstellt (BUITENHUIS et al., 2002). Mit Hilfe der komparativen Kartierung des Mensch-Huhn Genoms konnten z.B. die folgenden sieben Gruppen identifiziert werden: HU-4 und GG-6; HU-4 und GG-E33+C11; HU-6 und GG-E2+C1; HU-6 und GG-17; HU-7 und GG-2; HU-8 und GG-2; HU-12 und GG-1 (BURT et al., 1994).

Beim Huhn gibt es inzwischen 300 kartierte Gene, für die eine vergleichbare Struktur beim Menschen nachgewiesen wurde. BUITENHUIS et al. (2002) beschrieben eine Homologie zwischen dem Chromosom Z des Huhnes (GGAZ) und dem menschlichen Chromosom 9 (HSA9). Der Genetik des Huhnes kommt also zu Gute, dass in der Humangenetik bereits eine enorme Anzahl an Informationen zur Verfügung steht (CHENG, 1997). Der Kandidatengenansatz wird in der Regel für monogen bzw. majorgen beeinflusste Merkmale angewendet. Bei diesem Ansatz werden Prozesse analysiert, von denen man vermutet, dass sie in die Merkmalsausprägung involviert sind. Die entsprechenden kodierenden Gene werden als potentielle Kandidatengene für merkmalsassoziierte Varianten überprüft (DORROCH, 2001). Zu unterscheiden sind dabei funktionelle und positionelle Kandidatengene. Bei den positionellen Kandidatengen handelt es sich um Gene, die sich physisch im Bereich kartierter QTLs befinden. Die funktionellen Kandidatengene sind Gene, deren Produkte signifikant an der Merkmalsausprägung beteiligt sind (DORROCH, 2001). Ein Enzym z.B. beeinflusst nachgewiesenermaßen einen Stoffwechselweg, der zur Ausprägung eines Merkmals beiträgt.

2.4.4 Genomkartierung

Das Ziel der Genomkartierung besteht darin, mit Hilfe molekulargenetischer Marker Gene mit Einfluss auf die Variation quantitativer Merkmale wie z.B. der Legeleistung, sogenannte "quantitative trait loci" (QTL), zu identifizieren. Beim Huhn gibt es zwei Referenz-Genomkarten, die weite Anwendung gefunden haben: die East Lansing Karte (EL) und die Compton Karte (KNORR et al., 1999). Auf Basis von rund 100 RFLPs wurde von BUMSTEAD und PALYGA (1992) die erste markergestützte genetische Karte des Huhnes veröffentlicht. Unterschieden wird zwischen genetischen und physikalischen Genkarten. Die genetische Karte wird durch eine Kopplungsanalyse erstellt, die auf das Auftreten von Rekombinationsereignissen basiert. Eine Voraussetzung dafür ist, dass mindestens ein Elternteil für diese Loci doppelt heterozygot ist (DOLF, 2003). Mit einer Kopplungsanalyse will man die genetische Distanz zwischen zwei Loci schätzen. Die genetische Distanz zwischen zwei Loci ergibt sich aus der Rekombinationsfrequenz und wird in centi Morgan (cM) angegeben. Ein cM entspricht einer Rekombinationsfrequenz von ungefähr 1%, also dem Auftreten von

einem Crossing-over auf 100 Meiosen (VAN der WERF, 2000). Je weiter zwei Genorte auf einem Chromosom voneinander entfernt liegen, desto größer ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine Rekombination auftritt.

Die physische Kartierung dient der Positionierung eines Genlocus auf den Chromosomen und gibt die Entfernung zu anderen Genen auf demselben Chromosom in absoluten Werten an (BADER, 2001). Die physische Kartierung kann auf verschiedenen Wegen erfolgen. Dazu zählt die DNA-Sequenzierung, die Fluoreszenz-in situ-Hybridisierung (FISH) und das radiation hybrid (RH) mapping (DORROCH, 2001). Die Einheit für physische Distanz ist 1 kbp und dies entspricht 1000 Basen (SIMIANER, 1996).

Von ZHU et al. (2001) wurden Versuche mit zwei kommerziellen Broilerlinien zwecks Selektion hochgradig heterozygoter Hühner zur Steigerung der Auffindungskraft für die QTL Kartierung durchgeführt. Mit Hilfe von DNA-Markern wurden 25 Hähne, die aus der Kreuzung zweier Broilerlinien stammen sortiert, um Hähne die hoch heterozygot an dem Marker Loci sind, selektieren zu können. Die Paarungssimulation zeigte, dass die nicht informative Anpaarung um ca. 5% sank, wenn zwölf männliche und weibliche Paare mit höchster Heterozygotie an der Markerloci selektiert wurden. Das führt, bezogen auf die gesamte nicht informative Anpaarung, zu einer Reduktion von 25%. ZHU et al. (2001) konnten mit diesem Experiment demonstrieren, dass die Selektion von Hühnern, die an Markerloci hoch heterozygot sind, zur Steigerung des Informationsgehalts bei Hühnern führen kann und somit auch zur Steigerung der Auffindungskraft von QTL für die QTL-Kartierung.

2.4.5 Markergestützte Selektion (MAS)

Das eigentliche Ziel der MAS ist es, Zuchtprogramme zur Nutzung von molekular-genetischen Informationen in Selektion und Anpaarung zu entwickeln. Dazu gehören beispielweise die Nutzung von Markern zur Differenzierung der Trägern von Erbfehlern, Introgression von nützlichen Fremdgenen in eine Zuchtpopulation und schließlich die Nutzung von Markerinformationen zur Verbesserung quantitativer polygener Merkmale (TRAPPMANN et al., 1999). Die Selektion nach einem mit nützlichen QTL-Allelen assoziierenden Marker steigert die Frequenz dieser Allele und

verbessert folglich die Leistung. Von LANDE und THOMPSON (1990) wurde eine Strategie für markergestützte Selektion mit Hilfe einer Hybrid-Population, die durch Kreuzung zweier Linien entstand, vorgeschlagen. Die in der F₂-Generation identifizierte Marker-QTL (MQTL) Assoziation kann nun für mehrere Generationen selektiert werden, bis der QTL fixiert wird oder das Ungleichgewicht verschwindet. Zu unterscheiden ist dabei zwischen Genotyp gestützter Selektion (GAS), bei der der QTL bekannt ist und direkt selektiert werden kann sowie indirekter Entdeckung von QTLs über markergestützte Selektion (MAS) anhand von Kopplungsungleichgewichten (DE KONING et al., 2003). ZHANG und SMITH (1992) haben die Nutzung von Markern durch Selektion anhand von BLUP-EBV untersucht. Dazu haben sie die folgenden drei Strategien miteinander verglichen.

- MAS: Selektion anhand von EBV, abgeleitet aus dem Markereffekt.
- BLUP: Selektion anhand von BLUP-EBV, abgeleitet aus dem Phänotyp.
- COMB: kombinierte Selektion anhand des EBV-Index, auf Basis von Phänotyp und Marker.

Die Daten für die Kreuzung zweier Linien wurde auf Basis von 100 QTLs und 100 Markern in einem Genom von 2000 cM simuliert. Sie fanden heraus, dass durch Index-Selektion (COMB) der größte Zuchtfortschritt erzielt wurde, gefolgt von der Selektion anhand BLUP-EBV und der Selektion anhand von Markern. COMB zeigte gegenüber BLUP eine 10 bis 30% höhere Effizienz. Der Vorteil des Markereinsatzes in der späteren Generation war geringer. SPELMAN und VAN ARENDONK (1997) wiesen darauf hin, dass der Zuchtfortschritt durch die Benutzung von falsch identifizierten QTLs in Zuchtprogrammen gegenüber konventionellen Zuchtprogrammen, die keine QTLs benutzen, stark reduziert werden kann.

LANDE und THOMPSON (1990) stellten fest, dass die potentielle Anwendung der markergestützten Selektion in praktischen Zuchtprogrammen von der Anzahl der Markerloci, die für das Vorhandensein eines Kopplungsungleichgewichts mit QTLs notwendig sind, und von dem Stichprobenumfang für das Auffinden von QTLs bei Merkmalen mit geringerer Heritabilität abhängig ist. Sie kamen zu dem Schluss, dass der wirksamste Mechanismus zur Erzeugung eines Kopplungsungleichgewichts zwischen QTL und Markerloci die gelegentliche Hybridisierung zwischen genetisch

unterschiedlichen Linien ist. Nach ihren Studien sollte für die Anwendung der Selektion über mehrere Generationen die Anzahl der Markerloci in einer Größenordnung von Hundert liegen.

WHITTAKER et al. (1995) haben drei Methoden der MAS und der phänotypischen Selektion innerhalb von 20 Generationen miteinander verglichen. Das Ergebnis dieser Simulation war, dass die MAS immer überlegen war, obwohl diese Überlegenheit in späteren Generationen tendenziell abnahm. Der relative Gewinn durch die MAS war bei geringerer Heritabilität und zunehmender Populationsgröße höher.

GIBSON (1994) setzte ein Infinitesimal-Modell für genetische Varianz unter Ausschluss von einzelnen segregierenden QTL ein. Er fand heraus, dass der genetische Fortschritt über die MAS in früheren Generationen größer war. Die MAS wird ab ca. zehn Generationen von der traditionellen Selektion übertroffen. VAN der BEEK und VAN ARENDONK (1994) haben für ein Geflügelzuchtprogramm den Zuchtfortschritt bei markergestützter Selektion untersucht. Selektiert wurde nach dem geschlechtsbegrenzenden Merkmal (Eizahl) bei einer Heritabilität von 0,3. Der zusätzliche Zuchtfortschritt durch den Einsatz der MAS in Generationen, bei denen Markerinformationen zum ersten Mal eingesetzt wurden, betrug 5%. Der Zuchtfortschritt in späteren Generationen sank um 1-2%. Nach zehn Generationen nahm die QTL-Varianz um 30% und die polygene Varianz um 17% ab.

HUIYING et al. (2001) untersuchten die Überlegenheit der markergestützten Selektion gegenüber der BLUP-Selektion. Dazu wurde folgende Methode der markergestützten Selektion simuliert und mit der BLUP-Selektion verglichen:

- Markergestützte BLUP (MBLUP): Selektion der Elterntiere anhand von Markerinformationen und BLUP.
- Zwei-Stufen-Selektion: In der ersten Stufe wurde bereits in früherem Alter lediglich anhand von Markerinformationen vorselektiert, damit nur die Tiere mit günstigeren Allelen in die Leistungsprüfung gehen. In der zweiten Stufe wurde anhand der Leistungsprüfung und zusätzlichen Markerinformationen oder nur anhand der Leistungsprüfung selektiert.

Sie kamen zu dem Ergebnis, dass der markergestützte BLUP (MBLUP) bei niedrigerer Heritabilität einen bis zu 5% größeren Zuchtfortschritt erzielt als der konventionelle BLUP. Die zwei-Stufen-Selektion zeigte in dieser Studie keinerlei Überlegenheit in Bezug auf den gesamten Zuchtfortschritt.

2.4.6 Markergestützte Introgression

In manchen Fällen kann bei einem Hochleistungstier eine erwünschte Eigenschaft fehlen, die aber bei einer anderen Rasse vorhanden ist. Die ideale Lösung wäre die Übertragung dieser vorteilhaften Gene ohne den Verlust der überlegenen Charaktereigenschaften des Empfängertieres. Bei dieser sogenannten markergestützten Introgression werden anfangs die beiden Rassen miteinander gekreuzt, gefolgt von zahlreichen Rückkreuzungen über mehrere Generationen hinweg, um das Genom des Spendertieres, das für die meisten der wirtschaftlich wichtigen Leistungseigenschaften unterlegen ist, zu ersetzen. Anschließend laufen einige Generationen der Interkreuzung ab bis die Individuen für die gewünschten Allele homozygot sind.

YANCOVICH et al. (1996) benutzten bei einem Introgressions-Experiment DNA-Marker, um Nackthalsgene von einem Spendertier zum Empfängertier zu übertragen. Dabei wurde als Spenderlinie eine kommerzielle Legehennen-Linie, die heterozygot an Nackthals-Locus (Na/na^+) ist, verwendet. Bei homozygoten Merkmalsträgern verursachen Na-Allele bis zu 40% und bei heterozygoten bis zu 20% Verlust der Befiederung (YANCOVICH et al., 1996; SHARIFI, 2004). Bei dem Empfängertier handelte es sich um eine Cornish-Broilerlinie, die im Vergleich zur Legehennen-Linie durch schnelles Jugendwachstum und hohes Körpergewicht charakterisiert ist. Die beiden Linien unterscheiden sich durch ihr durchschnittliches Gewicht voneinander. Bei diesem Experiment von YANCOVICH et al. (1996) ging es auch darum, die Erholung des Empfänger-Genoms zu demonstrieren. Die nackthalsigen Tiere (BC_1) wurden nun mit Cornish-Linien (BC_2) gekreuzt. Die Ergebnisse zeigten, dass die BC_2 -Tiere, die von BC_1 -Eltern stammen, die gleiche Leistung brachten. Beide waren um 3,1-3,9% schwerer als zufällig ausgewählte Tiere (YANCOVICH et al., 1996).

3 Konventionelle Legehennenzuchtstruktur

3.1 Einleitung

In praktischen Legehennenzuchtpopulationen bewegt sich das Generationsintervall je nach Zeitpunkt der Selektion zwischen 12-15 Monaten. Grundsätzlich müssen alle Väter zunächst einmal behalten werden, um die Möglichkeit zu haben, die Nachkommenleistung dieser Väter abzuwarten, um sie dann gegebenenfalls in der nächsten Generation je nach Nachkommenleistung selektieren zu können. Die Generation ist somit überlappend. Durch den Wiedereinsatz der alten Hähne in Folgegeneration und vor allem durch intensive Selektion ist in Reinzuchtprogrammen ein bestimmtes Maß an Inzucht unvermeidlich. Für die jährliche Inzuchtsteigerung liegen unterschiedliche Schätzwerte aus der Literatur vor. Nach AMELI et al. (1991) liegen diese Schätzwerte bei durchschnittlich 0,60%, während bei GOWE et al. (1993) die Schätzwerte für zwei weiße Leghornlinien bei 0,76% und 0,73% und bei SEWALEM et al. (1999) bei durchschnittlich 1,3% liegen. Nach PREISINGER (2004b) verlief die Inzuchtsteigerung in geschlossenen Populationen über einen Zeitraum von 25 Jahren linear und lag nur bei 0,7% pro Jahr.

Inzucht reduziert die genetische Variabilität und führt zum Absinken des mittleren Phänotypwertes bei Merkmalen, die mit der reproduktiven Kapazität verbunden sind (FALCONER & MACKAY, 1996). Somit ist genetische Variabilität die Voraussetzung für hohe Vitalität. Wird ein kritisches Inzuchtniveau erreicht, so kann dies zu einer Inzuchtdepression in der Reproduktions- und Produktionsleistung führen. Die geschätzte Inzuchtdepression je 10% Inzuchtsteigerung liegt für die Befruchtungsrate zwischen 0,9% und 1% und für die Schlupfrate bei 4,2% (PREISINGER & SAVAS, 2000). Grundsätzlich kann Inzuchtsteigerung durch Auswahl geeigneter Paarungssysteme und Ausschluss von Geschwisterpaarungen vermindert werden. Der Inzuchtzuwachs hängt neben dem Anpaarungssystem vorrangig von der Populationsgröße ab (PREISINGER, 2004b). Im Gegensatz zur Inzuchtdepression kommt es bei Heterosis zu einer Verbesserung der Merkmale der Nachkommen, wenn zwei Inzuchtlinien gekreuzt werden. Dadurch lässt sich die bei der Inzucht verlorene Fitness wieder gewinnen.

3.2 Material und Methoden

3.2.1 Der Produktionsablauf in einem Legehennenzuchtprogramm

Die Eier werden zunächst in der Brüterei bei 15°C und 55 bis 70% Luftfeuchtigkeit gelagert. Mit Hilfe eines Thermohygrographen können die Temperatur- und Luftfeuchtigkeitsbedingungen im Lagerungsraum überprüft werden. Nach der Desinfektion werden die Eier nach Legetagen und Pedigree getrennt auf die Bruthorden aufgelegt. So ist gewährleistet, dass es nicht zu Verwechslungen kommt. Auf einen Hord kommen 150 durchnummerierte Eier. Die Vorbrut erfolgt bei 37,8°C und einer relativen Luftfeuchtigkeit von 55 bis 65%. Am 18. Tag der Brut werden die Eier geschickt, d.h. durchleuchtet, um unbefruchtete Eier sowie Eier mit offensichtlich abgestorbenen Embryonen auszusortieren und deren Nummer zu erfassen. Eier mit lebenden Embryonen werden in den Schlupfbrüter umgelegt. Dort erfolgt die Brut bis zum Schlüpfen bei einer Temperatur von 37,0° C und einer von 70% auf 85% steigenden relativen Luftfeuchtigkeit. Der Brutschrank besteht aus Kühler, Heizung, Ventilator und Öffnungsklappe.

Da der CO₂-Gehalt beim Schlupf steigt, muss auch dies reguliert werden. Allerdings ist der CO₂-Anstieg bis zu einem bestimmten Grad wünschenswert, da dies stimulierend wirkt. Ein zu hoher CO₂-Gehalt führt jedoch zum Absterben der Küken. Beim Schlupf am 21. Bruttag werden alle Küken gezählt und die Nummern der geschlossenen und angepickten Eier erfasst. Die Anzahl umgelegter Eier und geschlüpfter Küken pro Henne werden rechnerisch aus der Anzahl zur Brut eingelegter Eier, nicht umgelegter Eier und nicht geschlüpfter Küken ermittelt. Aus diesen Daten können die Merkmale "% Umlage", "% Schlupf der Umlage" sowie "% Gesamtschlupf" errechnet werden. Außerdem werden die Anzahl verkaufsfähiger Küken, lebensfähiger oder schwacher, nicht verkaufsfähiger Küken bestimmt. Durch Kloake oder Feder- Farbsexen wird das Geschlecht der Küken bestimmt und männliche von weiblichen getrennt. Daraufhin werden die Küken unverzüglich gegen Marek geimpft und mit einer Kükenmarke am Flügel gekennzeichnet.

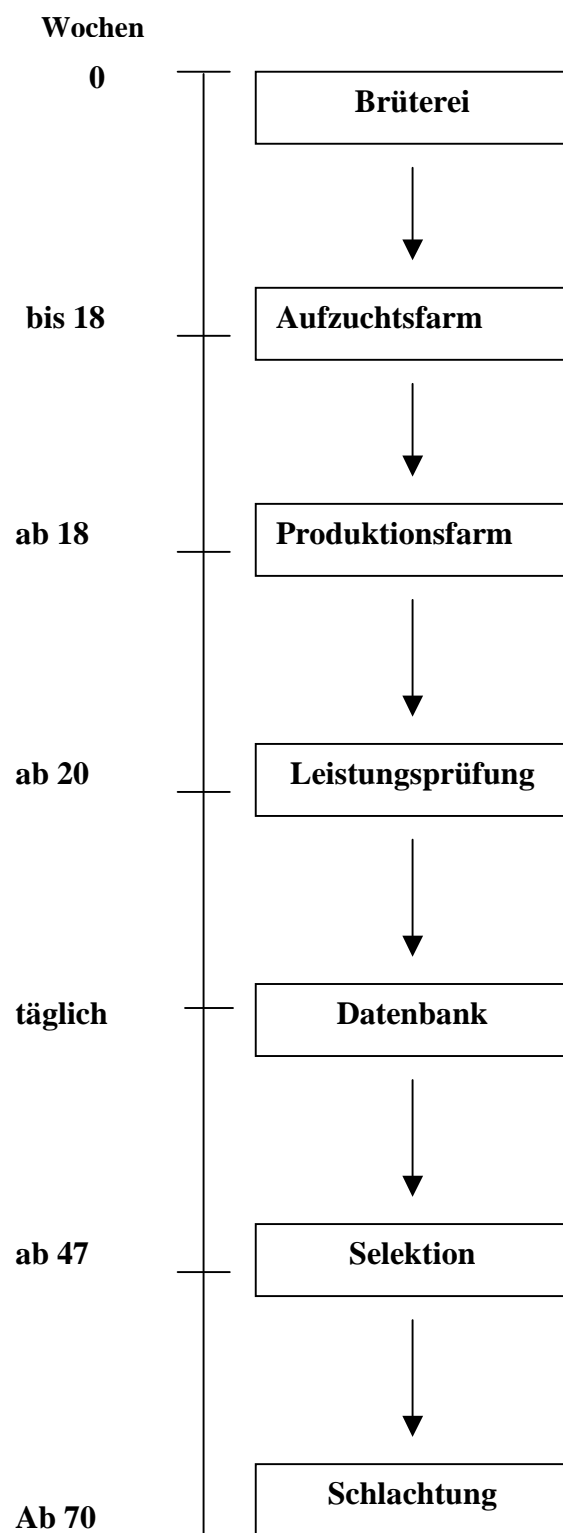


Abbildung 3.1: Der zeitliche Ablauf der Produktion.

In Abbildung 3.1 ist der Produktionsablauf in einem Legehennenzuchtprogramm dargestellt. Bis zur 18. Woche findet die Aufzucht statt. Im Alter von 20 Wochen beginnt die Leistungsprüfung. Die Leistungsprüfung wird in Perioden aufgeteilt, wobei die erste Periode ab einem Alter von 20 Wochen beginnt. Dabei beträgt ein Periode vier Wochen oder 28 Tage. Die Leistungsprüfungen werden in festgelegten Perioden durchgeführt. Auf Blut-Fleischflecken wird z.B. während der Periode zwei (27. Woche) geprüft. Das Eigewicht (EG) wird in der Periode drei (29. Woche) sowie in der Periode sechs (42. Woche) geprüft. Zur Feststellung des Eigewichtes wird an drei Tagen je ein Ei gesammelt und gewogen. Daraufhin wird der Durchschnitt des Eigewichts ermittelt. Nach der Leistungsprüfung findet die Selektion im Alter von 47 Wochen (Periode 7) statt.

Führt man die Selektion vor der 47. Woche, z.B. in der 35. Woche durch, wird zwar das Generationsintervall kürzer, aber die Legeleistung nach der 35. Woche bleibt unberücksichtigt. Beispielsweise kann die Legeleistung nach der Selektion rasch sinken. Deshalb wurde das Generationsintervall von zwölf Monaten auf 13–14 Monate verlängert. Die Selektion beginnt zwar ab der 47. Woche (Periode 7), dauert jedoch noch zwei bis drei Wochen (also ca. bis zur 47-50 Wochen) bis zum Ende der Selektion. Ab der 60. Woche (Periode 9) wird noch einmal nachselektiert. Allerdings beschränkt sich die Nachselektion auf drei Merkmale: Körpergewicht (KG), Eigewicht (EG) und Bruchfestigkeit (BF). Nach der 70. Woche werden alle Hühner geschlachtet und der Stall wird desinfiziert. Der Stall bleibt zunächst sechs bis acht Wochen leer, bevor er mit 18 Wochen alten Küken aus der Aufzucht in die Legefarm bestückt wird. Der Schlupf ist acht Wochen nach der Selektion. Hier beginnt die nächste Generation und die Aufzucht.

In Abbildung 3.2 ist der Ablauf der Selektion und Anpaarung am Beispiel einer großen Population dargestellt. In der großen Population werden 50 Hähne an jeweils zehn Hennen angepaart und je acht Töchter in Einzelkäfigen getestet. Von jeder Gruppe wird noch mindestens ein Vollbruder aufgezogen. Nach Abschluss der Leistungsprüfung werden aus den 4000 geprüften Hennen die 500 Mütter für die nächste Generation und aus den 500 geschwistergeprüften Hähnen die 50 Väter der nächsten Generation selektiert. Selektionskriterium ist der geschätzte Zuchtwert aus einem BLUP

Tiermodell, der nach jeder Generation auf der Basis aller bis dahin angefallenen Leistungsdaten geschätzt wird.

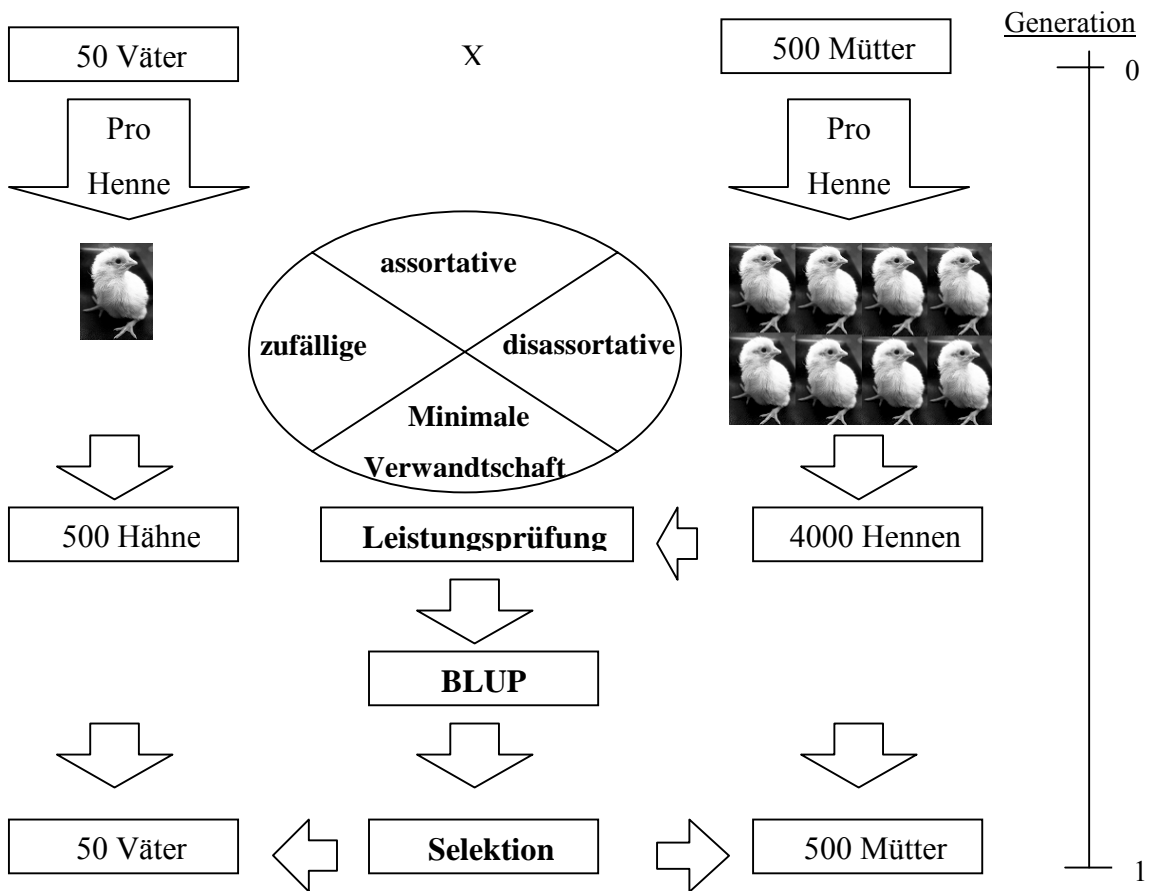


Abbildung 3.2: Selektion und Anpaarung am Beispiel der großen Population.

Mit dem sogenannten Tiermodell (animal model) werden gleichzeitig die Zuchtwerte der registrierten männlichen und weiblichen Zuchttiere geschätzt, indem die verfügbaren verwandtschaftlichen Informationen miteinbezogen werden.

3.2.2 Zuchtwertschätzung und Selektion

Die Selektion in der Praxis erfolgt nicht anhand von Phänotypwerten, sondern anhand von geschätzten Zuchtwerten für die Selektionskandidaten. Hierzu wurden in der Vergangenheit zwei Methoden entwickelt: Die Selektionsindextheorie und das rechnerisch erheblich aufwendigere BLUP-Verfahren. Die beiden Theorien unterscheiden sich im Wesentlichen darin, wie klassifizierbare (systematische) Umwelteffekte ausgeschaltet werden. Grundsätzlich gibt es zwei Zuchtwerte: der wahre Zuchtwert eines Individuums als die Summe der Gensubstitutionseffekte dieses Tieres und der geschätzte Zuchtwert, der mit statistischen Methoden ermittelt wird. Der geschätzte Zuchtwert kann fehlerbehaftet sein, wobei sich die Größenordnung des Fehlers abschätzen lässt. Wie in der Abbildung 3.3 dargestellt, wird in der ersten Generation der Zuchtwert unter Einsatz von BLUP geschätzt und anhand dieser Schätzung die Selektionsentscheidung getroffen. In der zweiten Generation wird die Zuchtwertschätzung der Eltern aus der ersten Generation als zusätzliche Information verwendet und anschließend wird wieder selektiert. In der nachfolgenden Generation verlaufen die Zuchtwertschätzung und Selektion auf die gleiche Weise.

Generation 1 2 3

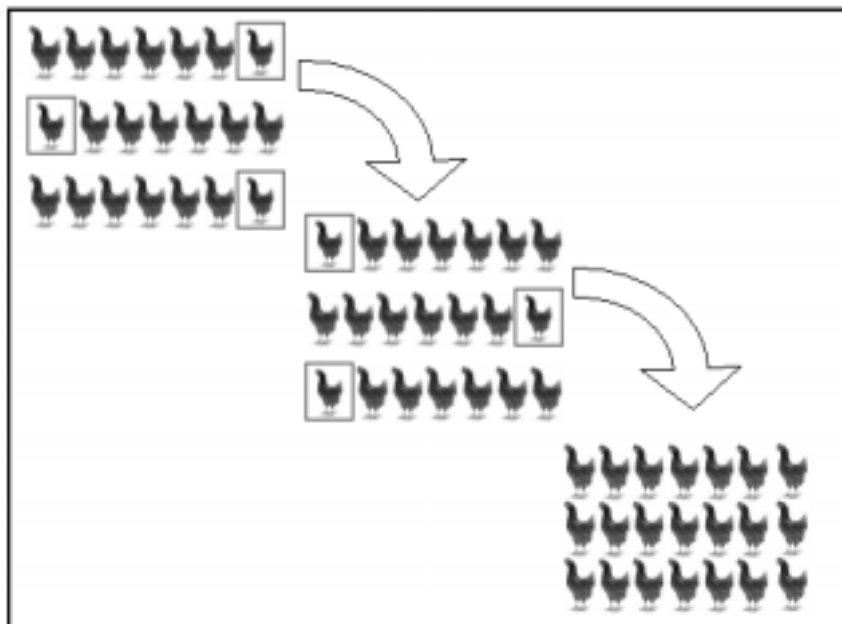


Abbildung 3.3: Zuchtwertschätzung und Selektion im Verlauf von Generationen.

3.2.3 Selektionsindex

Das Prinzip der Zuchtwertschätzung mit dem Selektionsindex beruht darauf, eine lineare Kombination der Informationsquellen zu suchen, die die Korrelation zwischen dem wahren Zuchtwert und den Informationsquellen maximiert. Die Informationsquellen sind alle Tiere, deren beobachtete Leistungen aufgrund einer additiv-genetischen Verwandtschaft des Tieres zum Probanden Informationen über den Zuchtwert des Probanden liefern können. Der Index ist also grundsätzlich eine lineare Kombination von Informationsquellen:

$$\mathbf{I} = \mathbf{b}_1\mathbf{x}_1 + \mathbf{b}_2\mathbf{x}_2 + \dots + \mathbf{b}_n\mathbf{x}_n$$

Der erwartete Zuchtfortschritt wird durch Selektion von Individuen anhand ihres geschätzten Zuchtwertes, \mathbf{u} , erhöht und ist folgendermaßen dargestellt:

$$\mathbf{u} = E(\mathbf{u}) + C\mathbf{V}^{-1}[\mathbf{y} - E(\mathbf{y})]$$

$E(\cdot)$: die Erwartung

\mathbf{y} : die Leistungsinformation

C : die Kovarianz Matrix zwischen \mathbf{u} und \mathbf{y}

V : die Varianz Matrix von \mathbf{y}

Im Falle von einzelnen Leistungsinformationen pro Individuen ist $C\mathbf{V}^{-1}$ gleich der Heritabilität des Merkmales.

3.2.4 Die Berechnung des Zuchtfortschritts für die Legeleistung

Ziel dieser Planungsrechnung ist die Feststellung, ob und inwieweit der Zuchtfortschritt von Populationsgröße, Anpaarungsverhältnis, Anzahl der Schlüpfе sowie Generationsintervall beeinflusst werden kann. Es wurden sowohl theoretische Berechnungen als auch Simulationen durchgeführt. Die Berechnung der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung (r_{TI}) wurde unter Verwendung eines FORTRAN- Programmes durchgeführt. Dabei wurden folgende Parameter berücksichtigt: Heritabilität (h^2), Paarungsverhältnis (m), Anzahl Vollgeschwister (n) und Anzahl Vollbrüder (k). Für die drei Populationstypen wurde der erwartete Zuchtfortschritt in der ersten Generation theoretisch berechnet. Bei dieser Berechnung wurde nur das Merkmal Eizahl

berücksichtigt. Die Heritabilitäten für das Merkmal Eizahl unterscheiden sich je nach Legeperiode und Linien. Die Heritabilität bei Legebeginn liegt bei ca. 0,3. Die Legespitze zeichnet sich durch eine niedrigere Heritabilität aus und in der späteren Legeperiode erhöht sich die Heritabilität wieder (PREISINGER und SAVAS, 2000).

Die Selektionsintensität (i) wurde aus der Anhangstabelle für die Werte der standardisierten Selektionsdifferenz in Abhängigkeit von der Remontierungsrate (P) abgelesen.

Für den erwarteten Zuchtfortschritt (ΔG) für eine Generation der Selektion gilt:

$$\Delta G = i r_{TI} \sigma_a / a$$

i = die Selektionsintensität

r_{TI} = die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung

σ_a = die additive genetische Standardabweichung

a = annum

Der gesamte Zuchtfortschritt ($\Delta G/\text{Jahr}$) ist dann gleich der Summe der Zuchtfortschritte auf der Hennenseite ($\Delta G_{\text{♀}}$) und der auf der Hahnseite ($\Delta G_{\text{♂}}$) dividiert durch die Summe des Generationsintervalls $\Delta T_{\text{♀}}$ und $\Delta T_{\text{♂}}$.

$$\Delta G / a = \frac{\Delta G_{\text{Hennen}} + \Delta G_{\text{Hahn}}}{\Delta T_{\text{Hennen}} + \Delta T_{\text{Hahn}}}$$

Geht man von einem einjährigen Generationsintervall aus, so gilt:

$$\Delta T_{\text{Hennen}} + \Delta T_{\text{Hahn}} = 2$$

3.2.5 Die Berechnung der Selektionsintensität für Hähne und Hennen

Die Selektionsintensität (i) ist ein wichtiger Einflussfaktor auf den Zuchtfortschritt. Sie ist definiert als die standardisierte Selektionsdifferenz für normalverteilte Merkmale und steht in einem funktionalen Zusammenhang mit dem Remontierungsanteil. Für die Erhaltung der Populationsgröße (Bestandsergänzung) werden deutlich weniger

männliche als weibliche Tiere gebraucht. Der Remontierungsanteil der männlichen Tiere ist deshalb geringer. Daher können sie schärfer selektiert werden als weibliche Tiere.

Für die Remontierungsrate $P_{(\text{Hähne})}$ in der großen Population gilt:

$$P_{\text{Hähne}} = \frac{\text{Anzahl selektierter Hähne}}{\text{Anzahl der getesteten Hähne}} \Rightarrow P = \frac{50}{500} = 0.1 * 100 = 10\%$$

Die Selektionsintensität ist nur vom Remontierungsanteil abhängig und kann daher aus Tabellen der standardisierten Normalverteilung abgelesen werden. Die Selektionsintensität aus der Anhangstabelle bei 10% Remontierungsrate (p) beträgt:

$$i_{\text{Hähne}} = 1,75$$

Berechnet man mit dem gleichen Verfahren die Selektionsintensität auf der Hennenseite, so ergibt sich für die Remontierungsrate $P_{(\text{Hennen})}$ in der großen Population:

$$P_{\text{Hennen}} = \frac{\text{Anzahl selektierter Hennen}}{\text{Anzahl getesteter Hennen}} \Rightarrow P = \frac{500}{4000} = 0.125 * 100 = 12,5\%$$

Die Selektionsintensität bei 12.5% Remontierungsrate (p) beträgt:

$$i_{\text{Hennen}} = 1,64$$

Der Zuchtfortschritt hängt von der Heritabilität und der Selektionsdifferenz ab. Die Selektionsdifferenz wurde direkt aus dem Anteil selektierter Tiere (Remonte) abgeleitet. So gilt für den Zuchtfortschritt auf der Hahnseite am Beispiel der großen Population:

$$\Delta G = i r_{TI} \sigma_a$$

$$h^2 = 0,30$$

$$\sigma^2_p = 1 \Rightarrow h^2 = \sigma^2_a \quad \sigma_a = \sqrt{h^2} = \sqrt{0,30} = \underline{\underline{0,5477}}$$

Bei einer Remontierungsrate $P= 0,1$ in der großen Population ist $i=1,755$ (aus der Anhangstabelle).

Die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung (r_{TI}) wurde unter Verwendung eines FORTRAN-Programmes berechnet:

$$r_{TI} = 0,5850 ; \quad \sigma_a = 0,5477$$

$$\Delta G_{\delta} = 1,755 * 0,6028 * 0,5477 = \underline{\underline{0,5794}}$$

Bei 12.5% Remontierungsrate (p) beträgt die Selektionsintensität $i_{(Hennen)} = \underline{\underline{1,64}}$

$$r_{TI} = 0.7040 \rightarrow \Delta G_{\phi} = 1,647 * 0,7040 * 0,5477 = \underline{\underline{0,6350}}$$

Für den gesamten Zuchtfortschritt (Zuchtfortschritt von Tochter und Sohn) bei einem einjährigen Generationsintervall gilt:

$$\frac{\Delta G}{a} = \frac{\Delta G_{Henne} + \Delta G_{Hahn}}{\Delta T_{Henne} + \Delta T_{Hahn}} = \frac{0,6350 + 0,5794}{1 + 1} = \underline{\underline{0,6072}}$$

3.2.6 Anzahl der Schlüpfе

Pro Woche (Schlupf) sind unter Berücksichtigung der Legeleistung und der Schlupfrate 2 Hennen pro Mutter zu erwarten. Bei 85% Legeleistung und 70% Schlupfrate liegt die Zahl der zu erwartenden Nachkommen bei 4,16, wobei beide Geschlechter in der Regel je zur Hälfte vertreten sind. Die Anzahl der Schlüpfе hängt von der Populationsgröße und der Selektionsintensität ab. Je größer die Population ist, um so mehr Schlüpfе werden notwendig sein um den Bestand zu ergänzen. Die Anzahl der Schlüpfе lässt sich andererseits reduzieren, wenn mehr Hennen selektiert werden. Bei einem Bestand von 1000 Tieren und 10% Selektion ergibt dies 100 selektierte Hennen. Da pro Woche (Schlupf) nur zwei Hennen pro Mutter unter Berücksichtigung der Legeleistung und der Schlupfrate zu erwarten sind, liegt folglich die Anzahl der Nachkommen bei 200. Um den Bestand von 1000 Hennen zu ergänzen sind deshalb fünf Schlüpfе notwendig. Die Anzahl der notwendigen Schlüpfе lässt sich aber durch die Erhöhung der Selektionsintensität reduzieren. Wird die Selektionsintensität von 10% auf 15% erhöht, so wären dies 150 Tiere. Bei zwei Nachkommen pro Tier sind das insgesamt 300 Tiere. Damit wären statt fünf Schlüpfе nur noch vier Schlüpfе notwendig, um den Bestand zu ergänzen. Die Bruteier werden sieben Tage gesammelt.

$$\text{Für die Anzahl der Schlüpfе gilt } S = \frac{\text{Populationsgröße}}{2 (\text{Anzahl selektierter Hennen})}$$

3.3 Ergebnisse

3.3.1 Inzuchtentwicklung bei unterschiedlicher Populationsgröße

In Abbildung 3.4 ist der mittlere Inzuchtkoeffizient für die drei Populationstypen große, mittlere und kleine Population innerhalb von zehn Generation dargestellt. Entgegen der Erwartung nimmt die Inzucht mit zunehmender Populationsgröße zu. In der großen Population wird der Vorteil der größeren Tierzahl durch die stärkere Selektion und damit die stärkere Konzentration auf wenige Familien neutralisiert, so dass sich über die Generationen ein höheres Verwandtschafts- und Inzuchtniveau aufbaut, als es in kleineren und weniger stark selektierten Populationen der Fall ist. Die gleiche Simulation mit einer unterstellten Heritabilität von $h^2 = 0$ (Abbildung 3.5) führt zu dem erwarteten Ergebnis, dass die mittlere Inzucht mit abnehmender wahrer und effektiver Populationsgröße zunimmt. In der großen Population führt die Selektion auf der Basis von BLUP-Zuchtwerten in diesem Fall zu einer Verdoppelung des Inzuchtzuwachses und damit zu einer Halbierung der inzuchteffektiven Populationsgröße.

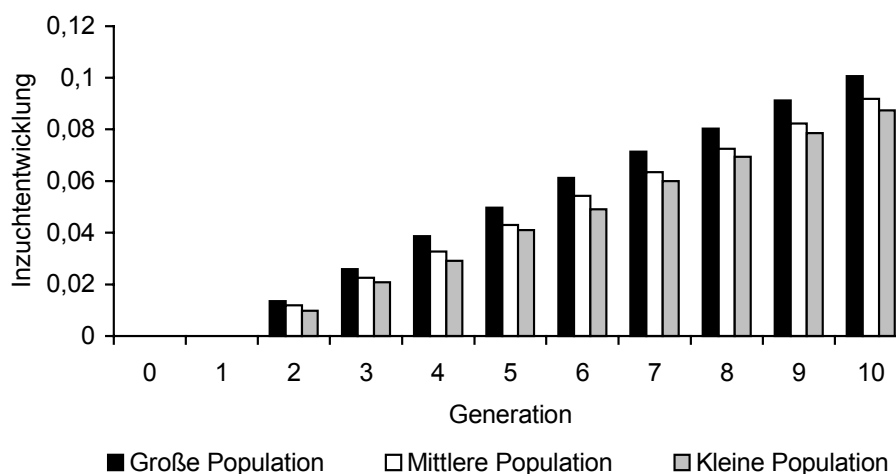


Abbildung 3.4: Inzuchtentwicklung bei unterschiedlichen Populationsgrößen im Laufe von zehn Generationen (additiv polygene Varianz = 0,3).

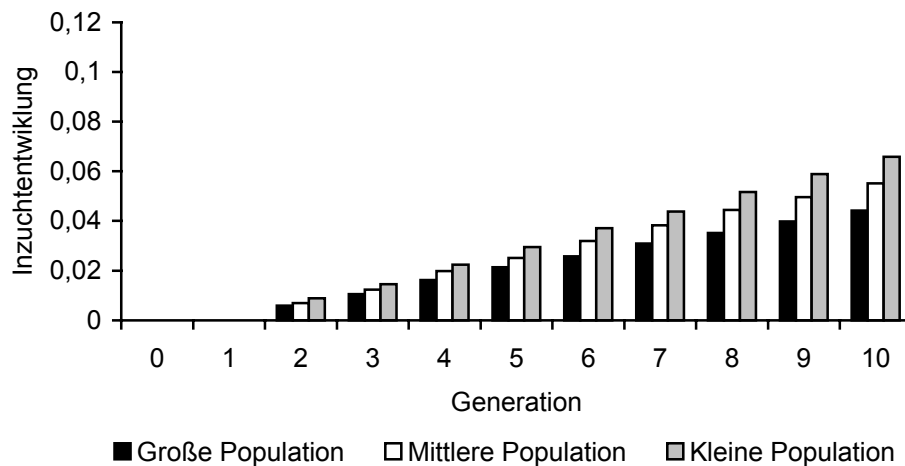


Abbildung 3.5: Inzuchtentwicklung bei unterschiedlichen Populationsgrößen im Laufe von zehn Generationen (additiv-polygene Varianz = 0).

In der großen Population mit 4000 Einzelkäfigen wurden unter Zufallspaarung unterschiedliche additiv genetische Varianzen simuliert (Abbildung 3.6). Dabei nahm der mittlere Inzuchtkoeffizient mit steigendem Anteil der additiv polygenen Varianz zu. Die Inzuchtentwicklung ist am niedrigsten, wenn man die additiv polygene Varianz herausnimmt. Folglich ist die Inzuchtentwicklung von dem Anteil der Heritabilität abhängig.

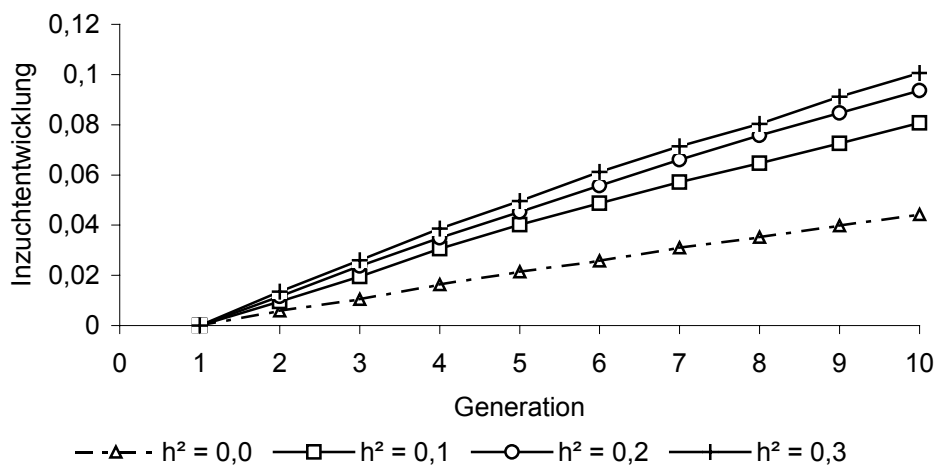


Abbildung 3.6: Inzucht in der großen Population bei unterschiedlicher additiv-genetischer Varianz und Zufallspaarung.

Tabelle 3.1: Berechnung des Zuchtfortschritts für die unterschiedlichen Populationsgrößen.

A^*	B^*	C^*	D^*	E^*	F^*	G^*	$R_{II\ominus}$	$R_{II\ominus}$	$(P)_{\ominus}\%$	i_{\ominus}	$(p)_{\ominus}\%$	i_{\ominus}	ΔG_{\ominus}	ΔG_{\ominus}	$\Delta G_{\ominus+\ominus}$
6000	500	50	1 : 10	12	1 1,5 2	6	0,7	0,6	8,3	1,8	10 6,7 5	1,8 1,9 2,1	0,7220 0,6881 0,6881	0,5987 0,6631 0,7037	0,6604 0,6756 0,6959
5000	500	50	1 : 10	10	1 1,5 2	5	0,7	0,6	10,0	1,8	10 6,7 5	1,8 1,9 2,1	0,6829 0,6829 0,6829	0,5902 0,6537 0,6937	0,6366 0,6683 0,6883
4000	750	50	1 : 15	5,3	1 1,5 2	2,67	0,7	0,6	18,75	1,4	10 6,66 5	1,8 1,9 2,1	0,5448 0,5448 0,5448	0,5623 0,6229 0,6609	0,5536 0,5836 0,6029
4000	650	50	1 : 13	6,15	1 1,5 2	3,16	0,7	0,6	16,25	1,5	10 6,66 5	1,8 1,9 2,1	0,5773 0,5773 0,5773	0,5688 0,6301 0,6686	0,5731 0,6037 0,6229
4000	500	50	1 : 10	8	1 1,5 2	4	0,7	0,6	12,5	1,6	10 6,66 5	1,8 1,9 2,1	0,6350 0,6350 0,6350	0,5794 0,6418 0,6810	0,6072 0,6384 0,658
4000	400	50	1 : 8	10	1 1,5 2	5	0,7	0,6	10	1,8	10 6,66 5	1,8 1,9 2,1	0,6816 0,6816 0,6816	0,5879 0,6512 0,6910	0,6348 0,6664 0,6863
4000	250	50	1 : 5	16	1 1,5 2	8	0,7	0,6	6,25	2,0	10 6,66 5	1,8 1,9 2,1	0,7751 0,7751 0,7751	0,6065 0,6717 0,7128	0,6907 0,7234 0,7439
4000	750	40	1 : 18,8	5,3	1 1,5 2	2,67	0,7	0,6	18,75	1,4	8 5,33 4	1,9 2,0 2,1	0,5462 0,5462 0,5462	0,5984 0,6563 0,6937	0,5723 0,6013 0,6199
4000	650	40	1 : 16,25	6,15	1 1,5 2	3,16	0,7	0,6	16,25	1,5	8 5,33 4	1,9 2,0 2,1	0,5787 0,5787 0,5787	0,6054 0,6640 0,7018	0,5921 0,6214 0,6403
4000	500	40	1 : 12,5	8	1 1,5 2	4	0,7	0,6	12,5	1,6	8 5,33 4	1,9 2,0 2,1	0,6363 0,6363 0,6363	0,6158 0,6754 0,7139	0,6261 0,6559 0,6751
4000	400	40	1 : 10	10	1 1,5 2	5	0,7	0,6	10,0	1,8	8 5,33 4	1,9 2,0 2,2	0,6829 0,6829 0,6829	0,6249 0,6855 0,7244	0,6539 0,6842 0,7037
4000	320	40	1 : 8	12,5	1	6,25	0,7	0,6	8	1,9	8	1,9	0,7272	0,6319	0,6796
4000	200	40	1 : 5	20	1	10	0,7	0,6	5	2,1	8	1,9	0,8211	0,6531	0,7371
1500	300	50	1 : 6	5	1 1,5 2	2,5	0,7	0,6	20	1,4	25 16,6 12,5	1,2 1,5 1,6	0,5227 0,5227 0,5227	0,3925 0,5377 0,5086	0,4576 0,5327 0,5157
1500	250	50	1 : 5	6	1 1,5 2	3	0,7	0,6	16,7	1,5	25 16,6 12,5	1,4 1,5 1,6	0,5642 0,5642 0,5642	0,3981 0,4702 0,5145	0,4812 0,5172 0,5394
1500	200	50	1 : 4	7,5	1 1,5 2	3,75	0,7	0,6	13,3	1,6	25 16,6 12,5	1,3 1,5 1,6	0,6099 0,6099 0,6099	0,4018 0,4746 0,5206	0,5058 0,5423 0,5653
500	210	30	1 : 7	2,38	1 1,5 2	1,2	0,6	0,5	42	0,9	30 20 15	1,2 1,4 1,6	0,3298 0,3298 0,3298	0,3173 0,3833 0,4256	0,3236 0,3565 0,3777
500	150	30	1 : 5	3,33	1 1,5 2	1,67	0,7	0,5	30	1,2	30 20 15	1,2 1,4 1,6	0,4168 0,4168 0,4168	0,3288 0,3972 0,4410	0,3728 0,385 0,4289
500	120	30	1 : 4	4,16	1 1,5 2	2,1	0,7	0,5	24	1,3	30 20 15	1,2 1,4 1,6	0,4716 0,4716 0,4716	0,3384 0,4088 0,4539	0,405 0,4402 0,4628

* A = Einzelkäfige; B = Anzahl selektierter Hennen; C = Anzahl selektierter Hähne; D = Paarungsverhältnis 1:m

E = Anzahl Vollgeschwister; F = Anzahl Vollbrüder; G = Anzahl Schlüpfе; r_{II} = die Genauigkeit der

Zuchtwertschätzung; P = Remontierungsrate; i = die Selektionsintensität und ΔG = Zuchtfortschritt

Wie in Tabelle 3.1 dargestellt, wurde der theoretische Zuchtfortschritt für unterschiedliche Populationsgrößen (500-6000 Tiere) berechnet. Die Anzahl der selektierten Hennen und das Anpaarungsverhältnis wurden dabei variiert. In der großen Population wurde auch die Anzahl der Hähne von 50 auf 40 reduziert und der Zuchtfortschritt für dieses Szenario berechnet. Standardmäßig wird in der großen Population ein Hahn an zehn Hennen und in der mittleren und kleinen Population ein Hahn an fünf Hennen angepaart. Für jedes Szenario wurde außerdem die Anzahl der Vollbrüder zwischen eins und zwei variiert. Hoher Zuchtfortschritt wurde beim Anpaarungsverhältnis ein Hahn auf fünf Hennen erzielt. Der Zuchtfortschritt war ebenfalls höher wenn statt einem Vollbruder zwei Vollbrüder selektiert wurden (Tabelle 3.1).

3.3.2 Einfluss verschiedener Paarungssysteme auf Inzucht und Zuchtfortschritt

Abbildung 3.7 zeigt den Einfluss unterschiedlicher Paarungssysteme auf Zuchtfortschritt und Inzuchtentwicklung. Bei der assortativen Paarung (AP) wird mit Abstand der höchste Inzuchtkoeffizient erreicht, aber auch der höchste Zuchtfortschritt. Während der mittlere Inzuchtkoeffizient um 91% über dem bei Zufallspaarung (ZP) liegt, ist der Zuchtfortschritt durch assortative Paarung nur um 5% höher als bei der Zufallspaarung. Minimale Verwandtschaftspaarung (MV) und disassortative Paarung (DP) führen zu ähnlichen Ergebnissen, wobei der Zuchtfortschritt und der Inzuchtzuwachs jeweils etwas geringer sind als bei der Zufallspaarung. Nach zehn Generationen wird deutlich, dass bei der AP im Vergleich zu anderen Paarungssystemen, höherer Inzuchtzuwachs bei nur geringem Zuchtfortschritt zu verzeichnen ist (Abbildung 3.8). Das Ergebnis bestätigt die Effizienz des Einsatzes minimaler Verwandtschaftspaarung zur Minimierung der Inzuchtrate, wie auch CABALLERO et al. (1996) feststellten.

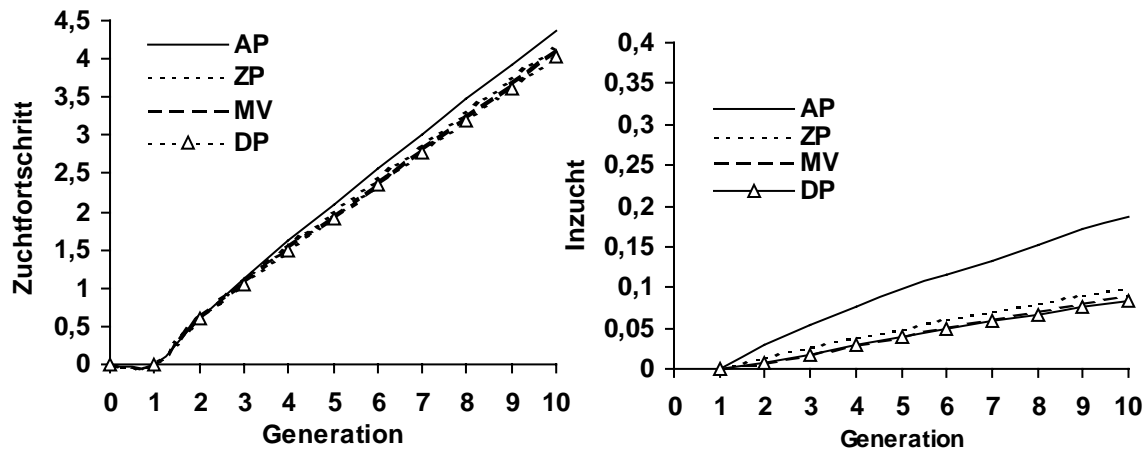


Abbildung 3.7: Einfluss der verschiedenen Paarungssysteme auf die Inzuchtentwicklung und den Zuchtfortschritt im Verlauf von zehn Generationen.

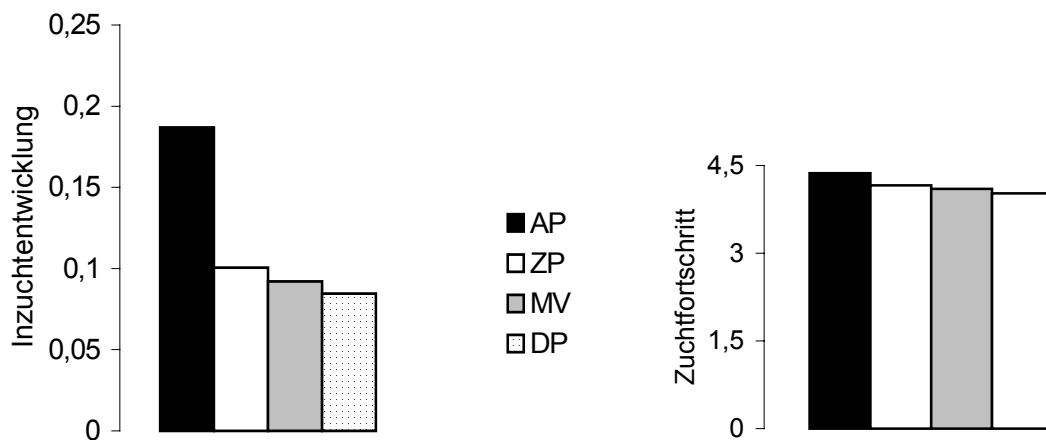


Abbildung 3.8: Einfluss der verschiedenen Paarungssysteme auf die Inzuchtentwicklung und den Zuchtfortschritt nach zehn Generationen.

In Abbildung 3.9 ist der Anstieg der Inzuchtkoeffizienten sowie der durchschnittlichen Verwandtschaft im Verlauf von zehn Generationen in Abhängigkeit vom wahren Zuchtwert dargestellt. Hierbei handelte es sich um die große Population mit 4000 Einzelkäfigen. Das Paarungsverhältnis betrug bei 50 selektierten Hähnen und 500 selektierten Hennen eins zu zehn. Bei der Simulation wurde der QTL-Genotypeneffekt

gleich null gesetzt, so dass kein QTL-Genotypeneffekt zu erwarten war. Selektiert wurde jeweils ein Vollbruder pro Henne und es wurde das assortative Paarungssystem simuliert. Die Steigerung der durchschnittlichen Verwandtschaft hatte zur Folge, dass der Inzuchtkoeffizient ebenfalls stieg. Mit zunehmender Inzucht war eine Steigerung des Zuchtwertes, zumindest bis zur zehnten. Generation zu beobachten. Inzuchtkoeffizient sowie durchschnittliche Verwandtschaft beim Hahn sind größer als bei der Henne.

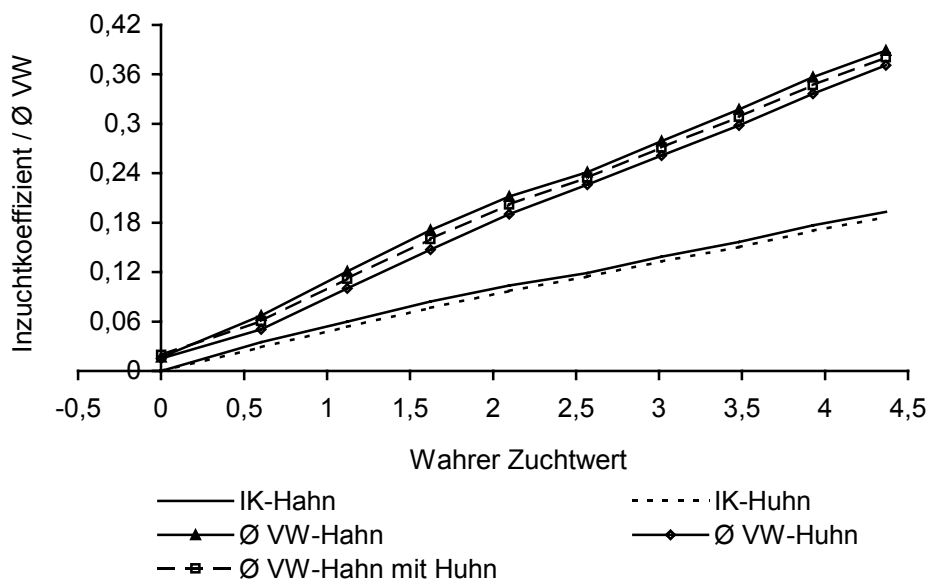


Abbildung 3.9: Inzuchtkoeffizient und durchschnittliche Verwandtschaft (\emptyset VW) bei einem assortativen Paarungssystem.

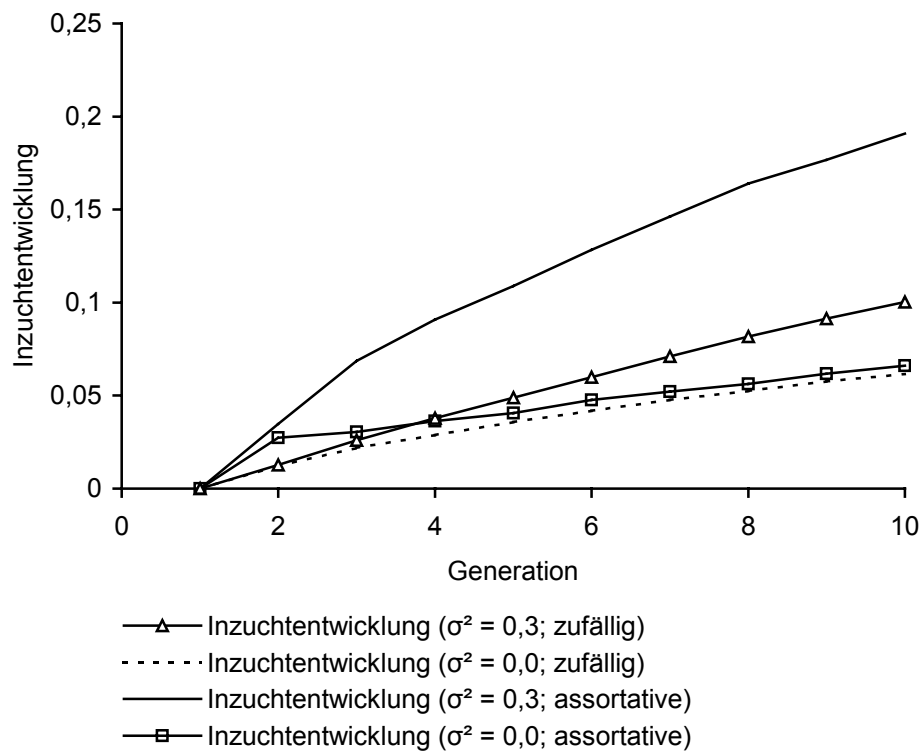


Abbildung 3.10: Inzuchtentwicklung bei unterschiedlichen Paarungssystemen und additiv-genetischer Varianz.

Die Inzuchtentwicklung wurde für das zufällige und assortative Paarungssystem bei unterschiedliche additiv-genetischer Varianz im Verlauf von zehn Generationen simuliert (Abbildung 3.10). Die Inzuchtentwicklung ist bei assortativer Paarung deutlich höher als bei der Zufallspaarung. Außer vom Paarungssystem ist die Inzuchtentwicklung vom Anteil der additiv genetischen Varianz abhängig. Die Inzucht nimmt mit zunehmender additiv-genetischer Varianz zu (Abbildung 3.10).

3.3.3 Auftreten von Herkunftsgleichheit und driftbedingtem Allelschwund

Durch Selektion wird die Anzahl der Elterntiere begrenzt. Dabei gehen die Allele von Elternlinien, die selten eingesetzt werden, durch Zufallsdrift verloren (Abbildung 3.11). Von den ursprünglich 100 Allelen der 50 Basisväter (BV) und 1000 Allelen der 500 Basismütter (BM) der großen Population an einem selektionsneutralen Genort segregieren nach zehn Generationen Selektion nur noch weniger als jeweils 18 verschiedene Allele in der Population.

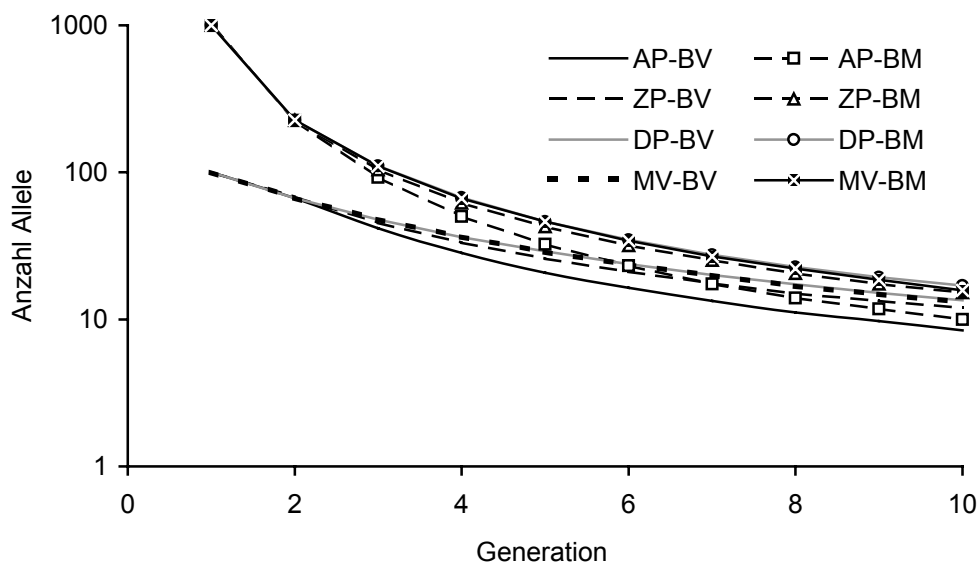


Abbildung 3.11: Abnahme der Anzahl der Allele der Basisvater und -Mutter bei unterschiedlichen Paarungssystemen (AP, ZP, DP und MV) in der großen Population.

Es sind mehr Allele der Basismütter als solche der Basisväter konserviert, wobei insbesondere bei assortativer Paarung (AP) jeweils weniger als zehn Allele erhalten bleiben (Abbildung 3.12). In diesem Fall gehen über 90% der Allele der Basisväter und sogar mehr als 99% der Allele der Basismütter innerhalb von zehn Generationen verloren.

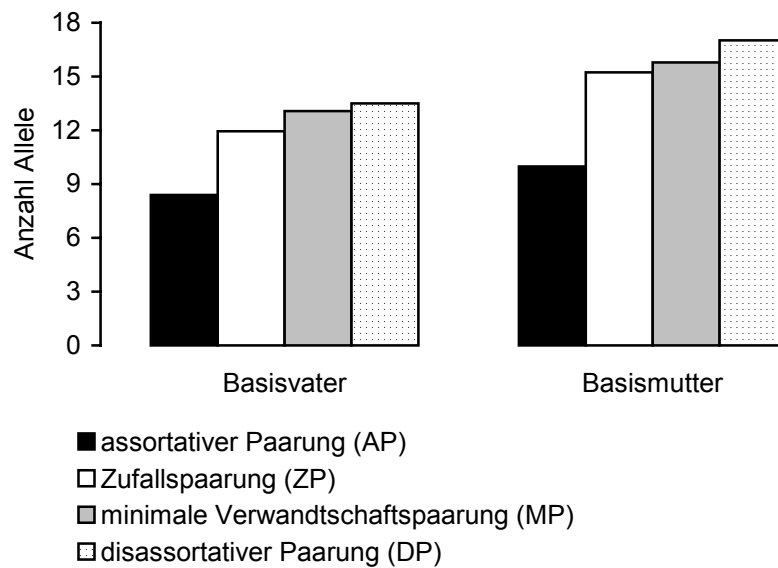


Abbildung 3.12: Abnahme der Anzahl der Allele des Basisvaters und der Basismutter nach zehn Generationen bei unterschiedlichen Paarungssystemen.

Zwei Allele werden als herkunftsgleich (= identical by descent, ibd) bezeichnet, wenn sie beide Kopien des gleichen Allels der Ausgangsgeneration sind (SIMIANER, 2003). In Abbildung 3.13 ist die Herkunftsgleichheit der Allele in der Nachkommen Generation dargestellt. Dazu wurden der Basisgeneration $2N$ verschiedene Allele an einem neutralen Genort zugewiesen und für diesen Genort verfolgt, um festzustellen in wie weit in der Nachkommengeneration Herkunftsgleichheit auftrat. Anschließend wurde der empirische Inzuchtkoeffizient als Häufigkeit des Auftretens herkunftsgleicher Gene berechnet und dem theoretischen, aus Pedigreeinformationen berechneten Inzuchtkoeffizienten gegenübergestellt. Diese Werte stimmen mit Ausnahme der assortativen Paarung (AP) überein (Abbildung 3.13). Bei AP liegt der empirische Inzuchtkoeffizient für mehrere Generationen deutlich niedriger als der theoretische Inzuchtkoeffizient. Die Ursache für diese Abweichung ist momentan noch nicht eindeutig geklärt.

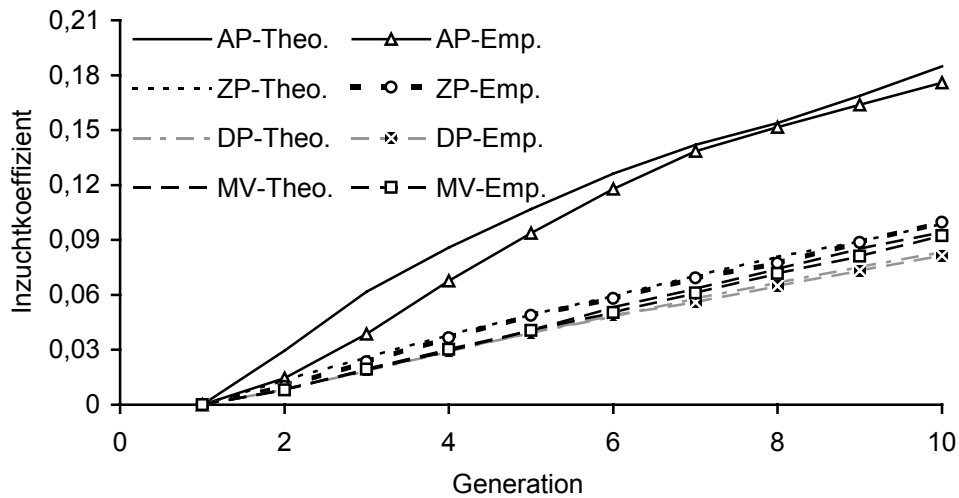


Abbildung 3.13: Theoretischer sowie empirischer Inzuchtkoeffizient bei unterschiedlichen Paarungssystemen im Verlauf von zehn Generationen.

3.3.4 Erwartete und empirische Zuchtfortschritt

Für die drei Populationstypen wurde unter Zufallspaarung der erwartete Zuchtfortschritt in der ersten Generation theoretisch berechnet, wobei die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung für Hähne und Hennen aus der Selektionsindex-Theorie abgeleitet wurde. Dabei wurde eine Heritabilität von $h^2=0,3$ angenommen. Diese Ergebnisse wurden dem empirischen Zuchtfortschritt in der ersten Generation aus der Simulationsstudie gegenübergestellt. Die erwarteten Zuchtfortschritten stimmen mit den empirischen Zuchtfortschritten sehr gut überein (Abbildung 3.14). Deutlich reduziert ist der Zuchtfortschritt in der zehnten Generation, was insbesondere durch die Einschränkung der genetischen Varianz (Bulmer -Effekt und Inzucht) zustande kommt.

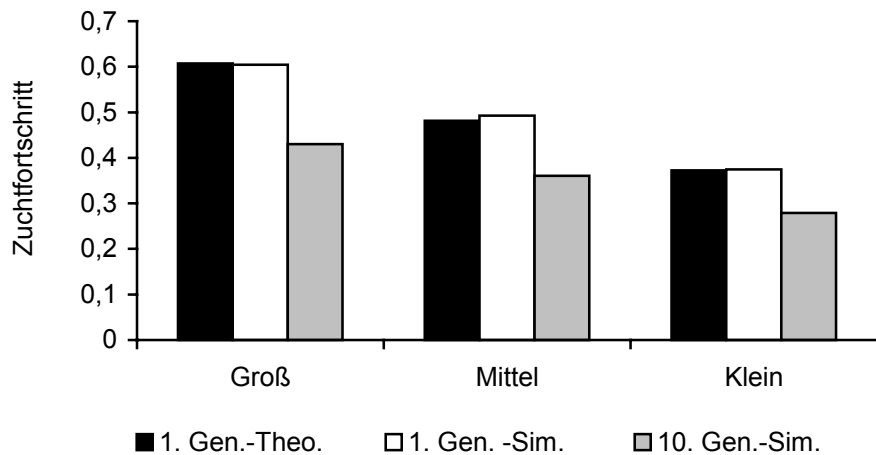


Abbildung 3.14: Vergleich des theoretischen Zuchtfortschritts mit dem empirischen Zuchtfortschritt.

In Abbildung 3.15 ist der Zuchtfortschritt für die unterschiedlichen Populationstypen dargestellt. Hoher Zuchtfortschritt wurde in der großen Population erzielt, gefolgt von mittlerer und kleiner Population.

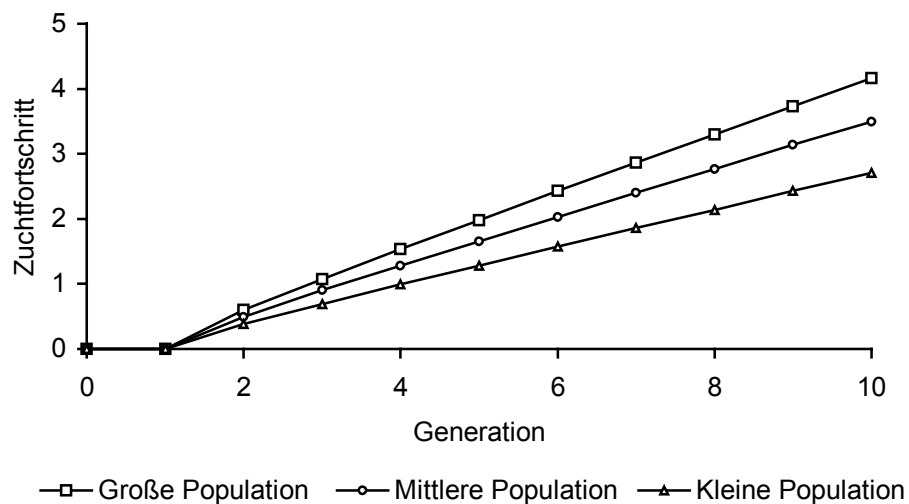


Abbildung 3.15: Der empirische Zuchtfortschritt unter Zufallspaarung im Verlauf von zehn Generationen.

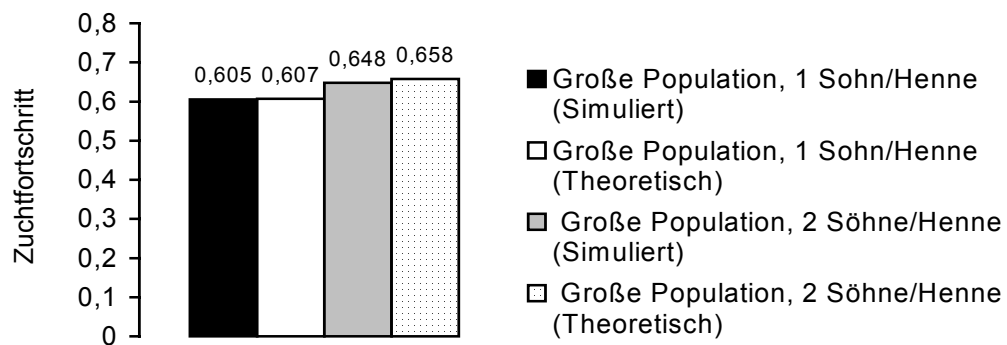


Abbildung 3.16: Vergleich des theoretischen Zuchtfortschritts mit dem simulierten Zuchtfortschritt in der großen Population nach 3 Generationen, bei der Selektion von einem Sohn bzw. zwei Söhnen pro Henne.

3.3.5 Die verschiedenen Einflussfaktoren auf den Zuchtfortschritt

In Abbildung 3.17 ist der Zuchtfortschritt von Tochter und Sohn sowie der gesamte Zuchtfortschritt dargestellt. Bei der großen Population ist der Zuchtfortschritt höher als bei den kleinen. Dies ist darauf zurückzuführen, dass bei steigender Populationsgröße sowohl die Selektionsintensität (i) als auch die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung (r_{π}) steigt, was zur Steigerung des Zuchtfortschritts führt.

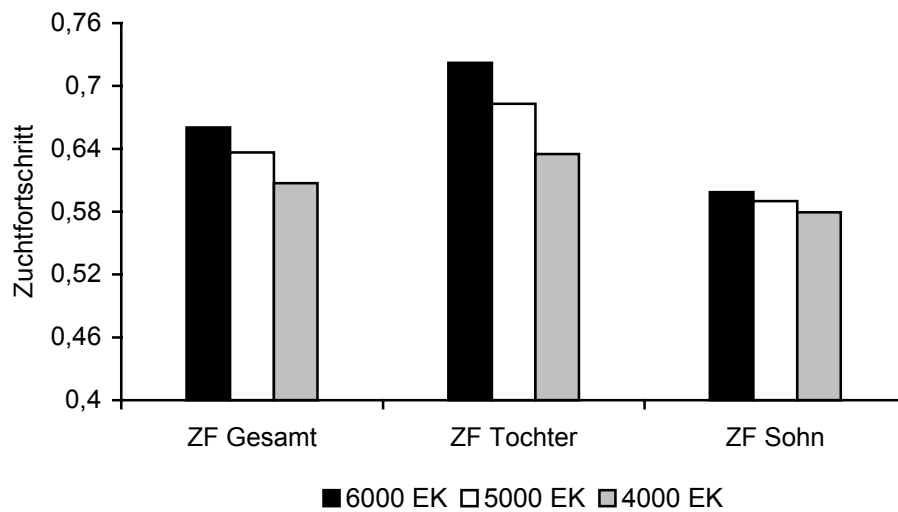


Abbildung 3.17: Zuchtfortschritt in Abhängigkeit von der Populationsgröße bei einer Selektionsintensität von 500 Hennen und 50 Hähnen.

Um festzustellen inwieweit der Zuchtfortschritt von der Anzahl der selektierten Hennen beeinflusst wird, wurde die Zahl der selektierten Hennen von 750 Hennen auf 650, bzw. 500 verändert, wobei in allen drei Szenarien einheitlich 50 Hähne selektiert wurden. Bei einer Bestandsgröße von 4000 Hennen kann der optimale Zuchtfortschritt erzielt werden, wenn 500 Hennen und 50 Hähne selektiert werden (Abbildung 3.18). Je größer die Anzahl der selektierten Hennen, um so niedriger sind die Selektionsintensität und die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung, was letztendlich niedrigen Zuchtfortschritt bedeutet. Der Zuchtfortschritt auf der Hennenseite ist höher als auf der Hahnenseite, da die Hennen im Gegensatz zu den Hähnen eine Eigenleistung aufweisen.

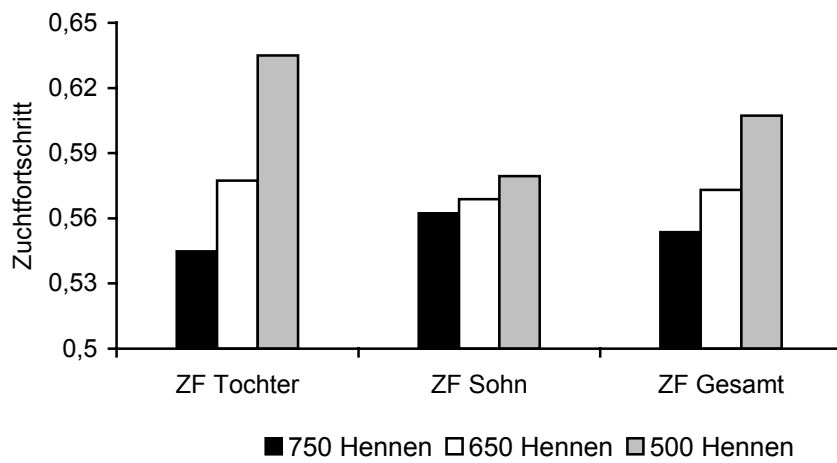


Abbildung 3.18: Zuchtfortschritt bei einer Populationsgröße von 4000 Einzelkäfigen und unterschiedlicher Selektionsintensität auf der Hennenseite (750, 650, bzw. 500 Hennen), wobei die Anzahl der selektierten Hähne bei 50 liegt.

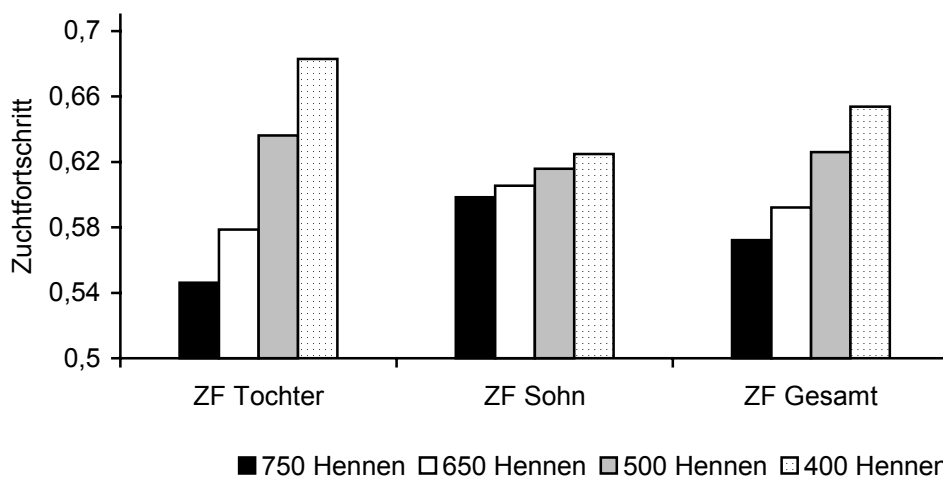


Abbildung 3.19: Zuchtfortschritt bei einer Populationsgröße von 4000 und unterschiedlicher Selektionsintensität auf der Hennenseite (750, 650, 500, bzw. 400 Hennen), wobei die Anzahl der selektierten Hähne bei 40 liegt.

Unterschiedlicher Zuchtfortschritt konnte erzielt werden, wenn auf der Hahnseite die Anzahl der selektierten Hähne von 50 auf 40 reduziert wurde (Abbildung 3.19). Der Zuchtwert auf der Hahnseite ist aufgrund der hohen Selektionsintensität im Vergleich zu Abbildung 3.20 höher. Ansonsten ist der Zuchtfortschritt hier, wie auch in Abbildung 3.18, mit abnehmender Anzahl der selektierten Hennen höher, was ebenfalls auf die Steigerung der Selektionsintensität und die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung zurückzuführen ist.

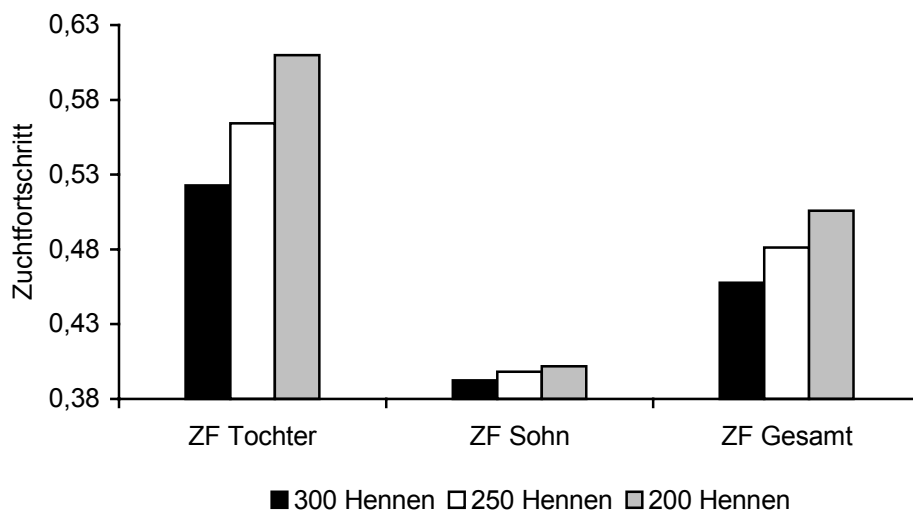


Abbildung 3.20: Zuchtfortschritt bei einer Populationsgröße von 1500 und unterschiedlicher Selektionsintensität auf der Hennenseite (300, 250, 200 Hennen), wobei die Anzahl der selektierten Hähne bei 50 liegt.

In Abbildung 3.20 ist dargestellt, wie sich der Zuchtfortschritt bei einer mittleren Populationsgröße von 1500 Hennen verändert, wenn eine unterschiedliche Anzahl von Hennen (300, 250, 200 Hennen) selektiert wurde, wobei in allen drei Szenarien die Anzahl der selektierten Hähne bei 50 lag. Der Zuchtfortschritt war bei 200 selektierten Hennen am größten und nahm mit zunehmender Anzahl der selektierten Hennen ab. Der Grund dafür ist, dass bei 200 selektierten Hennen die Selektionsintensität und die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung am größten sind. Um den Zuchtfortschritt steigern zu können, wäre somit bei einer mittleren Population von 1500 Hennen die Selektion von 200 Hennen vorzuziehen.



Abbildung 3.21: Zuchtfortschritt bei einer Populationsgröße von 500 und unterschiedlicher Selektionsintensität auf der Hennenseite (210, 150, 120 Hennen), wobei die Anzahl der selektierten Hähne bei 30 liegt.

Bei der kleinen bzw. Reservepopulation von 500 Einzelkäfigen und unterschiedlicher Anzahl der selektierten Hennen sinkt der Zuchtfortschritt mit zunehmender Anzahl der selektierten Hennen (Abbildung 3.21).

3.3.6 Paarungsverhältnis

In der Regel kann ein Hahn an 15 Hennen angepaart werden. Mit 15 Hennen wäre allerdings die biologische Grenze erreicht. In diesem Zusammenhang stellt sich die Frage, welches Paarungsverhältnis optimal ist und inwieweit der Zuchtfortschritt durch das Paarungsverhältnis beeinflusst werden kann. Um diese Fragen beantworten zu können, wurden verschiedene Szenarien durchgespielt. Wie in Abbildung 3.22 zu sehen, ist der Zuchtfortschritt je nach Anpaarungsverhältnis unterschiedlich groß. Der größte Zuchtfortschritt wurde bei einem Anpaarungsverhältnis von einem Hahn auf fünf Hennen erzielt. Je mehr Hennen an einen Hahn angepaart werden, um so kleiner wird der Zuchtfortschritt, da die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung mit zunehmendem Paarungsverhältnis abnimmt, und folglich der Zuchtfortschritt sinkt.

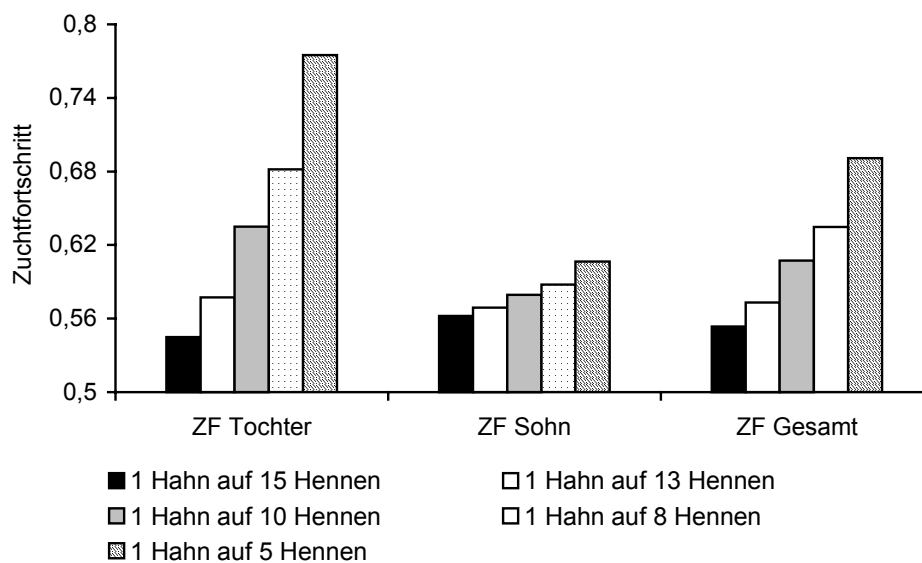


Abbildung 3.22: Zuchtfortschritt in Abhängigkeit vom Anpaarungsverhältnis bei einer Populationsgröße von 4000 Einzelkäfigen bei 50 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Anzahl von selektierten Hennen.

Ein ähnliches Ergebnis wie in Abbildung 3.22 konnte erzielt werden, wenn die Anzahl der selektierten Hähne von 50 auf 40 reduziert wurden (Abbildung 3.23). Auch hier wurde hoher Zuchtfortschritt bei einem Paarungsverhältnis von 1:5 erzielt. Der kleinste Zuchtfortschritt wurde bei einem Paarungsverhältnis von 1:18,75 erzielt, wobei bei diesem Paarungsverhältnis die biologische Grenze überschritten wäre.

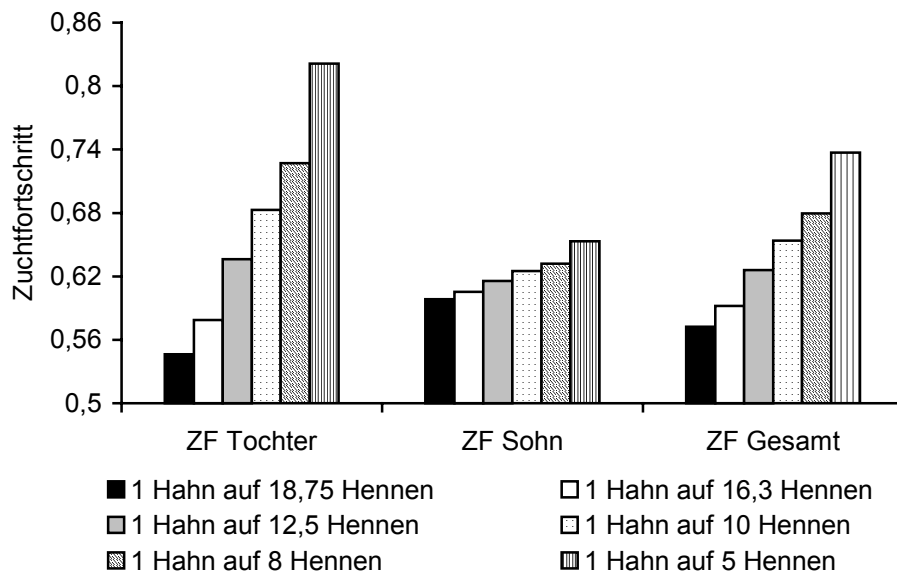


Abbildung 3.23: Zuchtfortschritt in Abhängigkeit vom Anpaarungsverhältnis bei einer Populationsgröße von 4000 Einzelkäfigen, bei 40 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Anzahl von selektierten Hennen.

Die Ergebnisse bei der mittleren Population mit 1500 Einzelkäfigen decken sich mit denen der großen Population. Auch hier wird bei kleinem Paarungsverhältnis der größte Zuchtfortschritt erzielt (Abbildung 3.24). Bei der mittleren Population ist also das Paarungsverhältnis 1:4 optimal. Bei der kleinen bzw. Reservepopulation mit 500 Einzelkäfigen ist dasselbe Phänomen zu beobachten (Abbildung 3.25). Hierbei sinkt der Zuchtfortschritt ebenfalls bei zunehmendem Paarungsverhältnis.

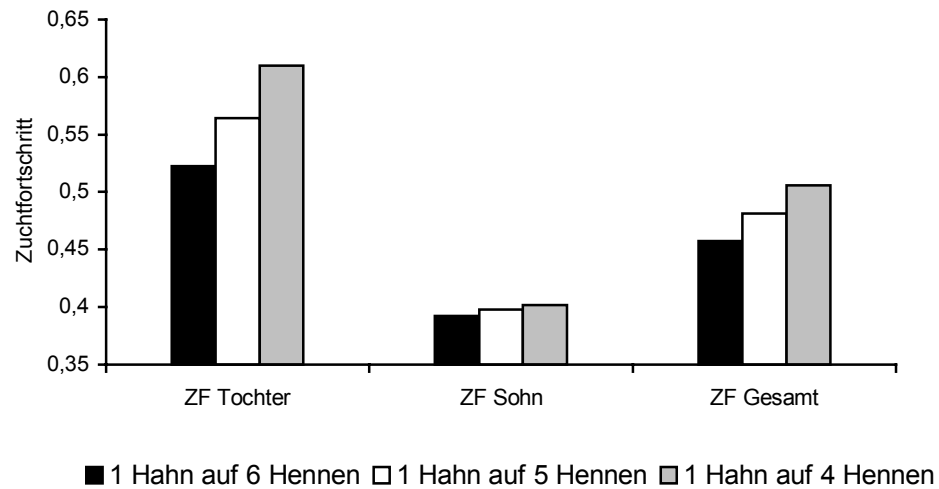


Abbildung 3.24: Zuchtfortschritt in Abhängigkeit vom Anpaarungsverhältnis bei einer Populationsgröße von 1500 Einzelkäfigen, bei 50 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Anzahl von selektierten Hennen.

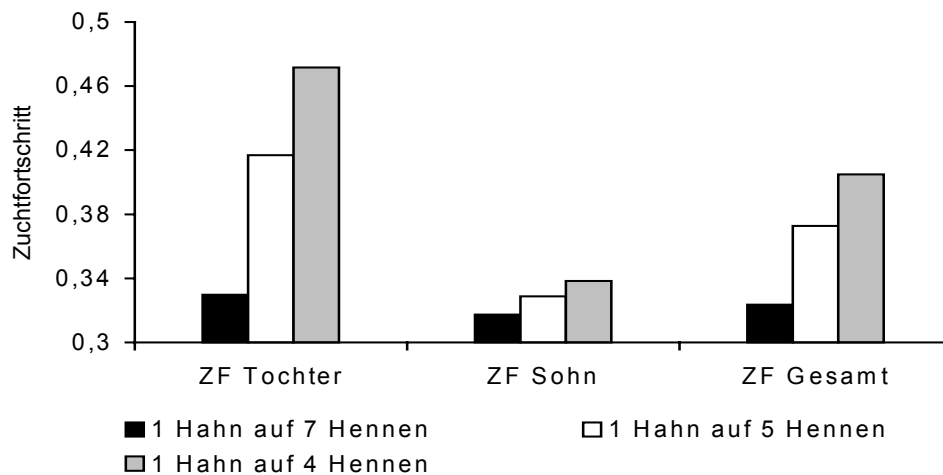


Abbildung 3.25: Zuchtfortschritt in Abhängigkeit vom Anpaarungsverhältnis bei einer Populationsgröße von 500 Einzelkäfigen, bei 30 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Anzahl von selektierten Hennen.

3.3.7 Optimale Anzahl der Schlüpfе

Um die optimale Anzahl der Schlüpfе zu bestimmen, wurden unterschiedliche Szenarien simuliert. In Abbildung 3.26 ist der Zuchtfortschritt in Abhängigkeit von der Anzahl der Schlüpfе dargestellt. Der größte Zuchtfortschritt wurde bei einer Populationsgröße von 4000 Hennen und einer Selektionsintensität von 6,25% (8 Schlüpfе) erzielt. Der kleinste Zuchtfortschritt wurde bei einer Selektionsintensität von 18,75 % (2,67 Schlüpfе) erzielt. Die Selektionsintensität (i) und die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung (r_{TI}) sinken mit zunehmender Anzahl der selektierten Hennen. Demzufolge sinkt der Zuchtfortschritt. In diesem Fall ist hoher Zuchtfortschritt mit höherer Anzahl an Schlüpfеn verbunden.

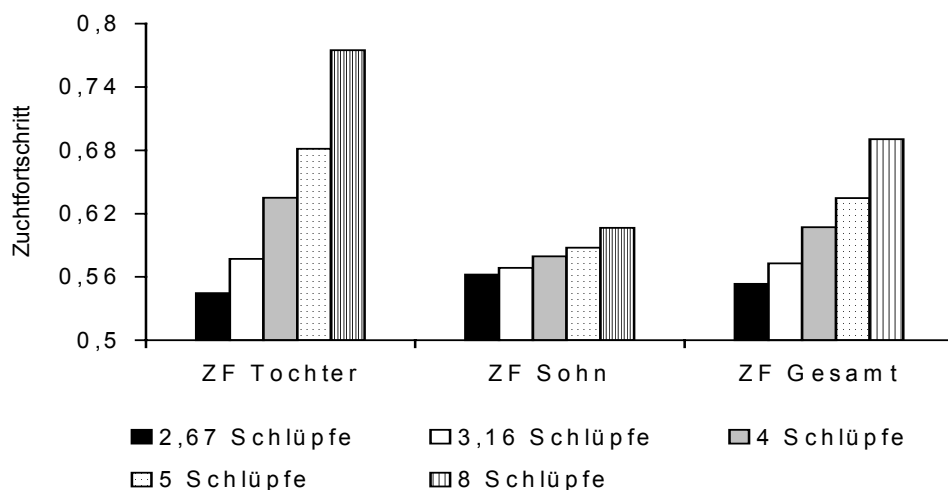


Abbildung 3.26: Zuchtfortschritt in Abhängigkeit von der Anzahl der Schlüpfе bei einer Populationsgröße von 4000 Einzelkäfigen, bei 50 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Selektionsintensität auf der Hennenseite.

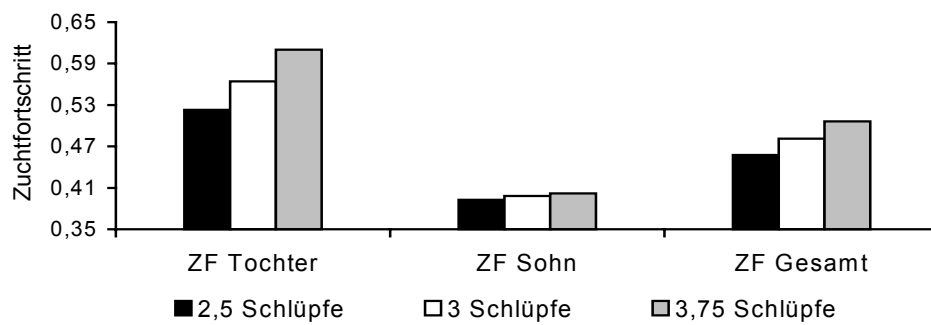


Abbildung 3.27: Zuchtfortschritt in Abhängigkeit von der Anzahl der Schlüpfе bei einer Populationsgröße von 1500 Einzelkäfigen, bei 50 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Anzahl von selektierten Hennen.

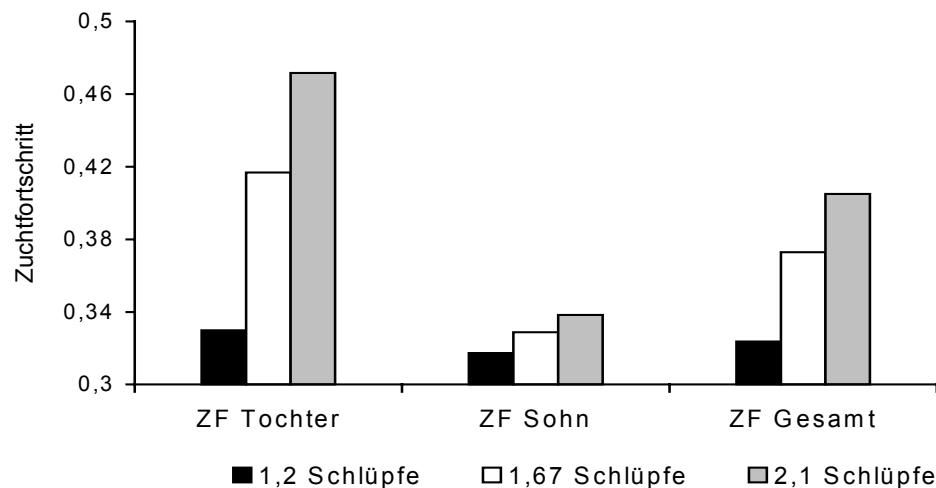


Abbildung 3.28: Zuchtfortschritt in Abhängigkeit von der Anzahl der Schlüpfе bei einer Populationsgröße von 500 Einzelkäfigen, bei 30 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Anzahl von selektierten Hennen.

Die Anzahl der Schlüpfе in der mittleren Population mit 1500 Einzelkäfigen ist aufgrund der kleinen Populationsgröße niedrig (Abbildung 3.27). Auch hier war, wie auch zuvor, der Zuchtfortschritt kleiner, je mehr Hennen selektiert wurden, was die Senkung der Selektionsintensität und der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung zur Folge hatte. Zum selben Ergebnis kommt man auch bei der kleinen Population (Abbildung 3.28).

4 Einsatz der optimum genetic contribution Theorie

4.1 Einleitung

Ziel dieser Arbeit ist die Optimierung von Inzucht und Zuchtfortschritt. Als eine von vielen Möglichkeiten, Inzuchtzuwachs zu verhindern, bietet sich der Einsatz der optimum genetic contribution (OGC) Theorie an, die von MEUWISSEN entwickelt wurde. Hier sollen zum einen der Inzuchtzuwachs kontrolliert und zum anderen hohe Zuchtfortschritt erzielt werden. Der erste Schritt der optimum genetic contribution Theorie von WOOLLIAMS und MEUWISSEN (1993) sowie MEUWISSEN (1997) ist die Einschränkung der durchschnittlichen Verwandtschaft der selektierten Tiere. Denn die Steigerung der Verwandtschaft ist gleich zu setzen mit der in der nächsten Generation bei Zufallspaarung erwarteten Steigerung der Inzucht. Der vorgegebene akzeptable Inzuchtkoeffizient bzw. die durchschnittliche Verwandtschaft pro Generation bleiben über die Jahre unverändert.

Der zweite Schritt ist die Berechnung des optimalen genetischen Beitrags der selektierten Tiere. Dazu wird das Programmpaket GENCONT eingesetzt. Hier wird zunächst die optimale Einsatzfrequenz der Zuchttiere bestimmt, um die Inzuchtrate einzuschränken und die unterschiedlichen Leistungen auszugleichen. Ermittelt wird hierbei der Vektor c , der den Beitrag der Selektionskandidaten unter Berücksichtigung ihrer Zuchtwerte zur Folgegeneration abbildet, wobei als Vorgabe die durchschnittliche Inzucht oder der durchschnittliche Verwandtschaftskoeffizient auf einem vorgegebenen Maximalwert begrenzt werden. Folgende Parameter werden zunächst eingegeben: Tier-ID, Geschlecht, Zuchtwert der Selektionskandidaten und die Verwandtschaft in Form des Pedigrees. Weiterhin können mögliche Restriktionen wie z.B. die Anzahl der zu selektierenden Elterntiere, minimaler bzw. maximaler Beitrag eines Tieres zur nächsten Generation und der festgestellte oder zukünftig erwünschte Inzuchtkoeffizient eingegeben werden. Ausgegeben wird der optimale genetische Beitrag der selektierten Tiere, die optimale Anpaarungsfrequenz, der erwartete Zuchtfortschritt und die mittlere Inzucht und Verwandtschaft. Das Programm kann optional überlappende Generationen berücksichtigen und optimale Paarungspläne erstellen. Dazu muss der Status der Tiere (Alter, Geschlecht, Verfügbarkeit für den Reproduktionseinsatz) in den Daten mit angegeben werden.

4.2 Material und Methoden

4.2.1 Datenmaterial

Zur Anwendung der OGC - Theorie standen zwei Datensätze der Lohmann Tierzucht GmbH zur Verfügung. Bei dem ersten Datensatz (Indexdatei) handelte es sich um die aktuelle Generation. Hierbei stammen die Hennen aus der Generation 3 (Schlupf-Jahr 2003), während bei den Hähnen auch einige aus den vorhergehenden Generationen dabei sind, die für einen Zweiteinsatz in Frage kommen. Die Indexdatei beinhaltete 10453 Datensätze. In dem zweiten Datensatz (Abstammungsdatei) sind alle Tiere enthalten, die in früheren Generationen Nachkommen erzeugt haben. Die Abstammungsdatei reicht bis zum Schlupfjahr 1995 zurück und beinhaltet 12357 Datensätze. Die Tiere der aktuellen Generation sind nicht in der Abstammungsdatei enthalten. Die zur Verfügung gestellten Datensätze stammen von drei Linien aus dem Zuchtprogramm der LSL (Lohmann Selected Leghorn). Das sind die Linien 11 (A-Position), Linie 44 (D-Position) und Linie 22 (Experimental-Linie). Standardmäßig werden von den großen Linien 11 und 44 je 600 Hennen und 60 Hähne selektiert. Von der kleineren Linie 22 werden 200 Hennen und 20 Hähne selektiert. Die Anpaarung läuft jeweils innerhalb der Linie.

4.2.2 Die untersuchten Szenarien

Tabelle 4.1: Die fünf aufgestellten Szenarien.

SZENARIEN	NEBENBEDINGUNG
A	EINSCHRÄNKUNG DER VERWANDTSCHAFT (Linie 44:13,7%; Linie11:15,2%; Linie 22:21,7%)
B	EINSCHRÄNKUNG DER STEIGERUNG DURCHSCHNITTLICHE INZUCHT (deltaf: 1%)
C	FESTLEGUNG DER ANZAHL DER NACHKOMMEN (NK) (genau 5 NK pro Henne und 50NK pro Hahn)
D	STANDARDVERFAHREN DER KOMMERZIELLEN ZUCHTUNTERNEHMEN (Große Population 60♂/600♀; Kleine Population 20♂/200♀)
E	EINSCHRÄNKUNG DER MITTLERE VERWANDTSCHAFT: durchschnittliche Verwandtschaft des Standardverfahrens

Für die drei Linien wurden fünf verschiedene Szenarien untersucht (Tabelle 4.1). Die aktuelle durchschnittliche Inzucht der Linie 22 liegt bei 8,1%, die der Linie 11 bei 5,9% und die der Linie 44 bei 4,9% (Tabelle 4.3). Die aktuelle durchschnittliche Verwandtschaft der Linie 22 liegt bei 19,7% gefolgt von Linie 11 mit 13,2% und Linie 44 mit 11,7% (Tabelle 4.2). Geht man von 1% jährlicher Inzuchtsteigerung aus, so beträgt der jährliche Anstieg der durchschnittlichen Verwandtschaft 2% ($\Delta\bar{a} = 2\Delta F$). Auf die aktuelle durchschnittliche Verwandtschaft wurde jeweils 2% ($\Delta\bar{a}$) aufaddiert und als maximal tolerierbare durchschnittliche Verwandtschaft festgesetzt. Somit wurde in Szenario A die Nebenbedingung definiert, dass die durchschnittliche Verwandtschaft für die Linie 22 bis auf maximal 21,7%, für die Linie 44 bis maximal 13,7% und für die Linie 11 bis maximal 15,1% tolerierbar ist (Tabelle 4.2).

Tabelle 4.2: Die aktuelle sowie die maximal tolerierbare mittlere Verwandtschaft.

Linie	Ø Verwandtschaft (aktuelle)	Jährliche Inzucht- Steigerung	Verwandtschaft ($\Delta\bar{a} = 2\Delta F$)	Ø Verwandtschaft (Max. tolerierbar)
22	0,197	0,01	0,02	0,217
11	0,132	0,01	0,02	0,152
44	0,117	0,01	0,02	0,137

Die Nebenbedingung in Szenario B wurde dagegen auf Basis der durchschnittlichen Inzucht festgelegt. Der maximal tolerierbare Anstieg der durchschnittlichen Inzucht wurde dabei auf 1% festgelegt. In Szenario C wurde die Anzahl der Nachkommen pro Henne auf fünf und die Anzahl der Nachkommen pro Hahn auf 50 begrenzt. In Szenario D wurde als Vorgabe das Anpaarungsverhältnis gewählt. Dabei sollten bei der kleinen Linie (Linie 22) standardmäßig 20 Hennen an 200 Hähne und bei den großen Linien (Linie 44 und Linie 11) 60 Hennen an 600 Hähne angepaart werden. Dieses Anpaarungsverhältnis entspricht den standardmäßigen Verfahren bei den kommerziellen Zuchtunternehmen. Um den Zuchterfolg der kommerziellen Zuchtunternehmen bei Anwendung der Standardverfahren mit dem Zuchterfolg bei Anwendung von GENCONT direkt vergleichen zu können, wurde zusätzlich das Szenario E aufgestellt. In Szenario E wurde die durchschnittliche Verwandtschaft des

Szenarios D (Standardverfahren) als Nebenbedingung festgelegt. Anhand dieser Einschränkung wurde der Zuchtwert in Szenario E bestimmt.

Tabelle 4.3: Aktuelle mittlere Inzucht der Selektionskandidaten.

Linie	Anzahl der Selektionskandidaten	Mittlere Inzucht
22	1777	0,081
11	4281	0,059
44	4395	0,049

4.2.3 Inputdaten

Das GENCONT Programm benötigt die Erstellung zweier Inputfiles, und zwar eines Pedigreefiles mit Tier- ID, Vater-ID und Mutter-ID sowie eines Datenfiles mit Selektionskandidat-ID, Zuchtwert und Geschlecht. Mit Hilfe des Programmes VCECODE (BRANDT, 1998) wurde zunächst das Charaktervariable Tier von 1 bis n umkodiert. Vor dem Einlesen des Inputfiles sollten die Tiere von 1 bis n beginnend mit niedrigeren Nummern durchnummeriert werden, damit höhere Nummern nicht vor den niedrigeren Nummern eingelesen werden können, d.h. die Elterntiere ihren Nachkommen folgen. Die einzelnen Records des verfügbaren Datenmaterials sind in Tabelle 4.4 dargestellt.

Tabelle 4.4: Verfügbare Infos aus dem Datenmaterial.

INDEXDATEI	ABSTAMMUNGSDATEI
Geschlecht	Geschlecht
Linie	Linie
Käfig-Nummer	Dekade
Generation	Generation
Kükenmarke Tier	Kükenmarke Tier
Kükenmarke Vater	Kükenmarke Vater
Kükenmarke Mutter	Kükenmarke Mutter
Schlupf	
Gesamtzuchtwert	

Bei der Berechnung von GENCONT muss zunächst einmal das Input-Parameterfile *GENCONT.INP* (Tabelle 4.5) definiert werden. Hier hat man die Wahl, die Restriktion auf einen vorgegebenen maximalen Zuwachs entweder auf Basis der durchschnittlichen Inzucht oder der durchschnittlichen Verwandtschaft festzulegen. Die Anzahl der Selektionskandidaten *NCAND* sowie die Anzahl der Tiere im Pedigree *NPEDIG* müssen ebenfalls definiert werden. Allerdings kann die Anzahl der Tiere größer definiert werden als tatsächlich vorhanden, da es nur um die Definition der Dimension der Vektoren bzw. Matrizen geht. Wird die überlappende Generation berücksichtigt, so ist im Inputfile die Angabe *OVERLAP YES* notwendig. Mit Hilfe der Parameter *CMIN* und *CMAX* können im Inputfile *GENCONT.INP* Mindest- und Höchstbeiträge von Einzeltieren zur nächsten Generation bestimmt werden. Alternativ lässt sich mit Hilfe der Parameter *NFEMALES* und *NMALES* die Anzahl der männlichen und weiblichen Selektionskandidaten festlegen. Außerdem muss der Status der Tiere, Alter (*AGE*), Geschlecht (*SEXE*), Zuchtwert (*EBV*) und Verfügbarkeit für den Reproduktionseinsatz (*AVAIL*) in den Daten mit angegeben werden.

Tabelle 4.5: Der Input-Parameterfile in GENCONT.

GENCONT.INP
CONSTRAINT RELATIONSHIP 0.137
NCAND 5000
NPEDIG 25000
OVERLAP YES
CMAX 0.0455 0.0023
CMIN 0.0057 0.0012
INPUT DAT44_OV.TXT ID EBV SEXE AVAIL AGE
PEDIGREE PEDI_2004.TXT

4.2.4 Die Ausgabe von GENCONT

Wenn die Berechnung von GENCONT zu Ende ist, wird eine Outputdatei ausgegeben. Am Anfang dieser Outputdatei erscheint als erstes die Inputdatei (*GENCONT.INP*) wie vor der Berechnung eingegeben (Tabelle 4.6). Im Input-Parameterfile (*GENCONT.INP*) für die Linie 44 wurde die Maximierung des Zuchtfortschrittes unter der Einschränkung, dass die Verwandtschaft in der Folgegeneration nicht über 13,7% steigen soll (*CONSTRAINT RELATIONSHIP 0.137*), definiert. Bei der Linie 44 wurde die überlappende Generation

berücksichtigt (*OVERLAP YES*). Die maximale Einsatzfrequenz der männlichen und weiblichen Selektionskandidaten wurde hier mit $C_{MAX} = 0.0455$ (Hahn) und $C_{MAX} = 0.0023$ (Henne) definiert. Das bedeutet, dass jeder selektierte Hahn maximal mit 4,55% und jede selektierte Henne maximal mit 0,23% zur nächsten Generation beiträgt. Die minimale Einsatzfrequenz wurde mit $C_{MIN} = 0.0057$ (Hahn) und $C_{MIN} = 0.0012$ (Henne) definiert. Im Input Statement wurde der Aufbau der Datendatei mit kodierter Nummer des Tieres (*ID*), Zuchtwert des Tieres (*EBV*), Geschlecht des Tieres (*SEXE*), Verfügbarkeit der Selektionskandidaten (*AVAIL*) und Alterklasse (*AGE*) beschrieben. Die Einteilung in Altersklasse ist bei überlappenden Generationen notwendig und entspricht der Zeit zwischen zwei aufeinanderfolgenden Selektionsrunden. Für die Linie 44 wurden drei Alterklassen gebildet. Die durchschnittliche Verwandtschaft des Ergebnis (*POPULATION AVERAGE RELATIONSHIP, SOLUTION*) liegt mit 13,4% unterhalb der festgesetzten Einschränkung (*POPULATION AVERAGE RELATIONSHIP, CONSTRAINT = 13,7%*). Der durchschnittliche Zuchtwert der selektierten Tiere lag bei ca. 135,1 Punkten. Dabei wurden 22 Hähne und 435 Hennen selektiert.

Tabelle 4.6: Outputdatei der Linie 44 aus dem Programm GENCONT.

constraint relationship 0.137	
NCAND	5000
NPEDIG	25000
OVERLAP	YES
C _{MAX}	0.0455 0.0023
C _{MIN}	0.0057 0.0012
INPUT	DAT44 OV.TXT ID EBV SEXE AVAIL AGE
PEDIGREE	PEDI_2004.TXT
AVG. RELATIONS MALES / FEMALES	
AGE = 1	0.11811 0.11665
AGE = 2	0.10941 ---
AGE = 3	0.14087 ---
POPULATION AVERAGE RELATIONSHIP (CONSTRAINT)	= 0.137
NO OF MALE CANDIDATES	= 951
NO OF FEMALE CANDIDATES	= 3444
SOLUTION:	
POPULATION AVERAGE RELATIONSHIP (SOLUTION)	= 0.1339633171060028
GENETIC MERIT OF PARENTS	= 135.0704020331331
NO OF SELECTED MALES	= 22
NO OF SELECTED FEMALES	= 435

4.2.5 Berücksichtigung überlappender Generationen

In der untersuchten Population liegt das Generationsintervall zur Zeit bei ca. 13,5 Monaten. Grundsätzlich werden alle Väter zunächst einmal behalten, so dass die Nachkommenleistung dieser Väter abgewartet werden kann, um sie dann eventuell in der nächsten Generation je nach Nachkommenleistung wieder selektieren zu können. Auf der Väterseite handelt es sich also um eine Selektion mit überlappender Generation. Aus diesem Grund müssen bei der Berechnung von GENCONT zunächst einmal die überlappenden Generationen berücksichtigt werden. Dazu müssen die Selektionskandidaten in Altersklassen eingeteilt werden. Eine Altersklasse entspricht der Zeit zwischen zwei aufeinanderfolgenden Selektionsrunden. Im Fall der überlappenden Generationen gilt:

Die Nebenbedingung $c'A_c$ wird zu $r'A$, r erweitert.

c = genetischer Beitrag der Selektionskandidaten zur Folgegeneration

A = die additiv-genetische Verwandtschaftsmatrix der Selektionskandidaten

Die langfristigen genetischen Beiträge $r(i)$ der aktuellen Selektionskandidaten über alle Altersklassen hinweg zu einem fiktiven Zeitpunkt $t+s$ werden unter Berücksichtigung der Genflussmatrix P gebildet.

Die durchschnittliche Verwandtschaft in Altersklasse 1 ist:

$$A_{t(a,a)} = c_{t-1}'A_{t-1}c_{t-1}$$

A_{t-1} = Verwandtschaftsmatrix zwischen Selektionskandidaten zum Zeitpunkt $t-1$.

c_{t-1} = Vektor des genetischen Beitrags der im Jahr $t-1$ selektierten Tiere zu Altersklasse 1 im Jahr t .

Die durchschnittliche Verwandtschaft in den einzelnen Altersklassen ist:

$$A_{t(a,b)} = c_{t-1}'A_{t-1}J$$

$c_{t-1}'A_{t-1}$ = durchschnittliche Verwandtschaft der selektierten Tiere zur Selektionsgruppe.

J = Matrix der Größe $nq \times q$. Hierbei ist q die Anzahl der Altersklassen und n die Zahl der Tiere je Altersklasse; diese Matrix enthält somit die durchschnittlichen Verwandtschaften der Einzeltiere zur Gruppe innerhalb von Altersklassen.

Bei überlappender Generation sind die Tiere, die aktuell als Selektionskandidaten zur Verfügung stehen mit 1 und die Tiere, die noch nicht reproduktionsfähig sind mit 2 zu kodieren. Im Inputfile werden nun die Selektionskandidaten je nach der Verfügbarkeit mit $AVAIL = 1$ bzw. $AVAIL = 2$ gekennzeichnet.

4.2.6 Einsatzfrequenzen der Selektionskandidaten

Die Einsatzfrequenzen und Anpaarungsverhältnisse der Selektionskandidaten wurden in verschiedenen Szenarien variiert. Die Anzahl der Nachkommen pro Henne wurde zwischen fünf und zehn Nachkommen variiert. Ein Hahn wurde dabei an mindestens fünf und an höchstens 20 Hennen angepaart. Dementsprechend wurde z.B. die maximale Einsatzfrequenz der männlichen und weiblichen Selektionskandidaten für die Linie 22 mit $CMAX\ 0,113$ (Hähne) und $CMAX\ 0,006$ (Hennen) definiert. Das bedeutet, dass jeder selektierte Hahn mit 11,3% und jede selektierte Henne mit 0,6% zur nächsten Generation beiträgt. Die minimale Einsatzfrequenz wurde mit $CMIN\ 0,014$ (Hähne) und 0,003 (Hennen) definiert. Das heißt, dass mindestens 1,4% der Nachkommen vom gleichen Hahn und mindestens 0,3% der Nachkommen von der gleichen Henne abstammen dürfen (Tabelle 4.7).

Tabelle 4.7: Mindest- und Höchsteinsatzfrequenz der Tiere der drei Linien in der nächsten Generation.

Linie	Hähne		Hennen	
	min.	max.	min.	max.
22	25/1777=0,014	200/1777=0,113	5/1777=0,003	10/1777=0,006
44	25/4395=0,005	200/4395 =0,046	5/4395=0,001	10/4395=0,002
11	25/4281=0,006	200/4281=0,047	5/4281=0,001	10/4281=0,002

4.2.7 Paarungsplanung auf der Grundlage von GENCONT

In GENCONT wurden die Selektionskandidaten zunächst unter einer bestimmten Vorgabe, z.B., dass die durchschnittliche Verwandtschaft einen vorgegebenen Wert nicht überschreitet, für die Anpaarung selektiert. Basierend auf den Ergebnissen des GENCONT- Programms wurde von SONESSON und MEUWISSEN (2000) ein ‚simulated annealing‘ Algorithmus entwickelt, der das optimale Anpaarungsdesign der selektierten Elterntiere bestimmt. Dieser Algorithmus wurde in der FORTRAN- Subroutine MATE umgesetzt. Vor der Anpaarung wurde die Verwandtschaft jedes einzelnen Hahns zu allen selektierten Hennen mit eigenen Programmen bestimmt. Im Programm MATE müssen zunächst folgende Parameter eingegeben werden: die Anzahl weiblicher und männlicher Selektionskandidaten, deren von GENCONT berechnete optimale Einsatzhäufigkeit und die Verwandtschaftskoeffizienten aller möglichen Paarungen zwischen den selektierten Hähnen und Hennen. Die Selektionskandidaten werden nun nach dem vorgegebenen Kriterium ausgewählt und optimal angepaart, womit ein höherer Zuchtfortschritt erreicht werden kann, ohne dass es dabei zum Verlust der genetischen Varianz kommt. Die Input- und Outputfiles für MATE sind im Anhang 3 und 4 ausführlich beschrieben.

4.3 Ergebnisse

4.3.1 Verwandtschaft und Zuchtfortschritt

Unter der in Szenario A gemachten Vorgabe, dass die maximal tolerierbare durchschnittliche Verwandtschaft bei 13,7% liegt, wurde ein durchschnittlicher Zuchtwert von 135,1 Punkten erreicht (Tabelle 4.8). Die Berechnung der durchschnittlichen Verwandtschaft der selektierten Tiere im GENCONT lag mit 13,4% unterhalb der tolerierbaren Grenze. Dabei wurden 22 Hähne und 435 Hennen unter der vorgegebenen Einschränkung der durchschnittlichen Verwandtschaft selektiert (Tabelle 4.8).

Tabelle 4.8: Die Berechnung von GENCONT für die Linie 44 mit 4395 Selektionskandidaten bei aktueller durchschnittlicher Verwandtschaft von 11,7% (überlappende Generationen).

Szenario	Mittlere Verwandtschaft (%)		Anzahl Hähne	Anzahl Hennen	Zuchtwert Elterntiere
	Max. tolerierbar	Gencont-Lösung			
A	13,7	13,4	22	435	135,1
B	13,7	13,5	22	435	135,2
C	13,7	12,2	87	910	127,2
D	13,7	12,5	60	600	130,8
E	12,5	12,5	39	436	134,4

In Szenario B wurde die Nebenbedingung auf Basis der durchschnittlichen Inzucht vorgenommen. Unter der in Szenario B gemachten Vorgabe wurden ebenfalls 22 Hähne und 435 Hennen ausgewählt. Dementsprechend liegt der durchschnittliche Zuchtwert mit 135,2 Punkten auf fast dem gleichen Niveau wie in Szenario A (Tabelle 4.8). Dies zeigt, dass die Vorgabe anhand der durchschnittlichen Verwandtschaft oder der durchschnittlichen Inzucht keinen Einfluss in Bezug auf den Zuchtwert hat.

In Szenario C wurde die Anzahl der Nachkommen pro Henne auf fünf und die Anzahl der Nachkommen pro Hahn auf 50 begrenzt. In Szenario C liegt der durchschnittliche Zuchtwert mit 127,2 Punkten um ca. acht Punkte unter dem Zuchtwert, der aus der

Selektion in Szenario A und in Szenario B resultiert (Tabelle 4.8). Die durchschnittliche Verwandtschaft der selektierten Tiere ist hier allerdings auch um ca. 1% niedriger als in Szenario A und B. Die Anzahl selektierter Hähne in Szenario C liegt mit 87 Hähnen und 910 Hennen am höchsten. Da in Szenario C aufgrund der Vorgabe mehr Tiere selektiert wurden, sind auch solche Tiere dabei, die niedrigere Zuchtwert haben. Infolgedessen sinkt der Zuchtwert insgesamt ab. Bei dem Standardverfahren in Szenario D werden 60 Hähne an 600 Hennen angepaart. Hierbei liegt der Zuchtwerte mit ca. 130,8 Punkten um ca. drei Punkte über dem Zuchtwert in Szenario C, aber um ca. fünf Punkte unter dem Zuchtwert in Szenario A und in Szenario B (Tabelle 4.7). Die durchschnittliche Verwandtschaft in Szenario D liegt mit 12,5% deutlich niedriger als in Szenario A und B. Der Zuchtwert in allen 4 Szenarien steigt in der Regel mit zunehmender durchschnittlicher Verwandtschaft.

Um eine Aussage darüber treffen zu können, um wie viel der Zuchtwert bei der Anwendung von GENCONT gegenüber dem Standardverfahren steigt, wurde das Szenario E aufgestellt. Dazu wurde in Szenario E die durchschnittliche Verwandtschaft der Standardverfahren in Szenario D (12,5%) als Einschränkung vorgegeben. Unter der in Szenario E gemachten Vorgabe, dass die maximal tolerierbare durchschnittliche Verwandtschaft der selektierten Tiere nicht über 12,5% steigen darf, liegt der durchschnittliche Zuchtwert von Szenario E mit ca. 134,4 Punkten um ca. vier Punkte über dem Zuchtwert, der bei der Selektion nach dem Szenario D resultiert (Tabelle 4.8). Die Anzahl der selektierten Hennen und Hähne in Szenario E ist wesentlich niedriger als in Szenario D. Bei Verwendung von GENCONT lässt sich bei gleichem oder geringem Anstieg der durchschnittlichen Verwandtschaft ein deutlich höherer Zuchtfortschritt erreichen.

Tabelle 4.9: Die Berechnung von GENCONT für die Linie 22 mit 1777 Selektionskandidaten bei aktueller durchschnittlicher Verwandtschaft von 19,8% (überlappende Generation).

Szenario	Mittlere Verwandtschaft (%)		Anzahl Hähne	Anzahl Hennen	Zuchtwert Elterntiere
	Max. tolerierbar	Gencont-Lösung			
A	21,7	21,7	17	167	130,2
B	21,7	21,7	17	167	130,2
C	21,7	19,1	35	357	122,5
D	21,7	20,7	20	200	127,6
E	20,7	20,7	22	167	129,5

Bei der Linie 22 handelt es sich um eine kleine bzw. eine Reservepopulation. Auch hier wurden die fünf unterschiedlichen Szenarien berechnet. Die aktuelle durchschnittliche Verwandtschaft der Linie 22 liegt mit 19,8% im Vergleich zur Linie 44 und Linie 11 deutlich höher. Da von 2% jährlicher Steigerung der durchschnittlichen Verwandtschaft ausgegangen wurde, liegt die maximal tolerierbare durchschnittliche Verwandtschaft der Linie 22 bei 21,7%. Unter dieser vorgegebenen Einschränkung der durchschnittlichen Verwandtschaft für die Linie 22 wurden in Szenario A 17 Hähne und 167 Hennen selektiert und ein durchschnittlicher Zuchtwert von 130,2 Punkten erreicht (Tabelle 4.9). Obwohl die durchschnittliche Verwandtschaft der Linie 22 im Vergleich zu Linie 44 und Linie 11 sehr hoch liegt, ist hier kein Zuwachs des durchschnittlichen Zuchtwerts zu beobachten. Der Zuchtwert der Linie 22 in Szenario A liegt im Vergleich zum Zuchtwert der Linie 44 um fünf Punkte niedriger.

Wurde die Vorgabe der Einschränkung mittels durchschnittlicher Inzucht anstelle durchschnittlicher Verwandtschaft vorgenommen (Szenario B), so führt dies zu keinem Anstieg des durchschnittlichen Zuchtwerts gegenüber Szenario A. In beiden Szenarien wurden 17 Hähne und 167 Hennen selektiert und ein durchschnittlicher Zuchtwert von 130,2 Punkten erreicht (Tabelle 4.9). Die Festlegung der Anzahl der Nachkommen pro Hahn bzw. Henne führte bei Linie 22 zum Absinken des durchschnittlichen Zuchtwerts (Szenario C). GENCONT selektierte unter dieser Vorgabe 35 Hähne und 357 Hennen, womit ein durchschnittlicher Zuchtwert von 122,5 Punkten erreicht wurde (Tabelle 4.9).

Bei Standardverfahren werden für die kleine Population 20 Hähne und 200 Hennen selektiert (Szenario D). Somit wurde in der Inputdatei von GENCONT für die Linie 22 die Anzahl der selektierten Hähne (*NMALES*) auf 20 und die Anzahl der selektierten Hennen (*NFEMALES*) auf 200 festgelegt. Die durchschnittliche Verwandtschaft der Linie 22 nach der Lösung von GENCONT lag mit 20,7% unterhalb der maximal tolerierbaren Grenze. Dabei wurde ein durchschnittlicher Zuchtwert von 127,6 Punkten erreicht (Tabelle 4.9). Der durchschnittliche Zuchtwert beim Standardverfahren liegt um fünf Punkte höher als in Szenario C, bei dem die Anzahl der Nachkommen festgelegt wurde, und um ca. drei Punkte niedriger im Vergleich zu Szenario A und B. Allerdings ist die durchschnittliche Verwandtschaft in Szenario D um 1% niedriger als in Szenario A und B. Die durchschnittliche Verwandtschaft von 20,7% aus GENCONT (Lösung) für das Standardverfahren wurde als maximal tolerierbare durchschnittliche Verwandtschaft in Szenario E vorgegeben (Tabelle 4.9). Der durchschnittliche Zuchtwert liegt mit 129,5 Punkten um zwei Punkte höher als durch das Standardverfahren erreicht werden kann. Die Verwendung von GENCONT führt auch hier wie bei der Linie 44 zur Steigerung des Zuchtfortschritts.

Tabelle 4.10: Die Berechnung von GENCONT für die Linie 11 mit 4281

Selektionskandidaten bei aktueller durchschnittlicher
Verwandtschaft von 13,3% (Generation nicht überlappend).

Szenario	Mittlere Verwandtschaft (%)		Anzahl Hähne	Anzahl Hennen	Zuchtwert Elterntiere
	Max. tolerierbar	Gencont-Lösung			
A	15,1	15,1	24	435	136,9
B	15,1	15,0	22	435	136,8
C	15,1	13,6	85	909	127,9
D	15,1	13,9	60	600	131,5
E	13,9	13,9	38	436	135,4

Die aktuelle durchschnittliche Verwandtschaft der Linie 11 liegt bei ca. 13,2%. Die Maximal tolerierbare durchschnittliche Verwandtschaft liegt bei 15,1%, wenn man von 2% jährlicher Steigerung der durchschnittlichen Verwandtschaft ausgeht. Für die Linie 11 in Szenario A wurden unter dieser Vorgabe 24 Hähne und 435 Hennen selektiert und

ein durchschnittlicher Zuchtwert von 136,9 Punkten erreicht (Tabelle 4.10). Ein nahezu gleiches Ergebnis wurde bei der Linie 11 wie auch bei allen anderen Linien erzielt, wenn die Einschränkung auf Basis der durchschnittlichen Inzucht statt der durchschnittlichen Verwandtschaft vorgenommen wurde. Der durchschnittliche Zuchtwert in Szenario B lag mit 136,8 Punkten auf nahezu gleichem Niveau wie in Szenario A (Tabelle 4.10). Durch die Festlegung der Anzahl der Nachkommen pro Henne/Hahn wurde ein durchschnittlicher Zuchtwert von 127,9 Punkten erreicht (Szenario C). Der hier erreichte durchschnittliche Zuchtwert liegt um ca. neun Punkte unter dem in Szenario A und B erreichten Wert. Anzumerken ist, dass die durchschnittliche Verwandtschaft in Szenario C mit 13,6% um ca. 2% niedriger liegt als in Szenario A und B. Vergleicht man die beiden großen Populationen miteinander, so stellt man fest, dass der durchschnittliche Zuchtwert der Linie 11 in allen fünf Szenarien über dem der Linie 44 liegt. Für die Linie 11 werden standardmäßig 60 Hähne und 600 Hennen selektiert (Szenario D). Unter dieser Vorgabe und einer maximal tolerierbaren durchschnittlichen Verwandtschaft von 15,1% wurde bei der Linie 11 ein durchschnittlicher Zuchtwert von 131,5 Punkten erzielt (Tabelle 4.10). Durch die Festlegung der Anzahl der selektierten Hennen und Hähne sank der durchschnittliche Zuchtwert um ca. fünf Punkte gegenüber Szenario A und B. Die Festlegung der Anzahl der selektierten Hennen und Hähne wirkt sich nachteilig in Bezug auf die durchschnittliche Verwandtschaft aus.

Anstatt die Anzahl der selektierten Tiere vorher festzulegen kann man mit Hilfe von GENCONT bestimmen, wie viele Tiere selektiert werden sollen. Mit dieser Methode lässt sich ein höherer Zuchtwert erzielen (Szenario E). Hier wurde unter der Vorgabe, dass die maximale durchschnittliche Verwandtschaft von 13,9% nicht steigen darf, ein mit 135,4 Punkte um ca. vier Punkte höherer durchschnittlicher Zuchtwert gegenüber Szenario D erzielt (Tabelle 4.10). Zwar liegt in Szenario E die Anzahl der selektierten Hähne mit 38 und die der Hennen mit 436 deutlich niedriger als in Szenario D (60 Hähne und 600 Hennen), aber die durchschnittliche Verwandtschaft der selektierten Tiere in Szenario E entspricht mit 13,9% dem Wert in Szenario D. Das bedeutet, dass unter Anwendung von GENCONT nicht nur die Tiere, die einen höherer Zuchtwert hatten, selektiert wurden, sondern auch solche mit niedrigerem Zuchtwert, so dass insgesamt die Vorgabe, dass die durchschnittliche Verwandtschaft nicht über 13,9%

steigen darf, eingehalten werden konnte und damit letztendlich ein deutlich höherer Zuchtwert erreicht wurde.

4.3.2 Überlappende Generation

Um die Frage beantworten zu können, ob die Berücksichtigung der überlappenden Generation für die kommerzielle Legehennenzucht bei der Berechnung von GENCONT zwingend notwendig ist, wurde für alle drei Linien, sowohl für überlappende Generationen als auch für nicht überlappende Generationen, GENCONT berechnet. Dazu wurde das Standardverfahren (Szenario D) ausgewählt. Bezüglich der Zuchtwerte wurde für alle drei Linien kein Unterschied zwischen überlappenden Generationen und nicht überlappenden Generationen festgestellt (Tabelle 4.11).

Tabelle 4.11: Vergleich der Zuchtwerte der selektierten Elterntiere zwischen überlappenden bzw. nicht überlappenden Generationen für Szenario D (Standardverfahren).

Generation	Linie	Szenario D (Standardverfahren)	Ø Verw. (Lösung GC)	ZW der selektierten Elterntiere (GC)
Überlappend	22	20♂/200♀	0,207	127,553
Nicht überlappend	22	20♂/200♀	0,207	127,553
Überlappend	11	60♂/600♀	0,139	131,572
Nicht überlappend	11	60♂/600♀	0,139	131,542
Überlappend	44	60♂/600♀	0,125	130,832
Nicht überlappend	44	60♂/600♀	0,125	130,829

4.3.3 Durchschnittliche Verwandtschaft nach der optimalen Anpaarung

Vor der Anpaarung wurde die Verwandtschaft jedes einzelnen Hahns zu allen selektierten Hennen bestimmt. Basierend auf dem GENCONT-Ergebnis wurden die selektierten Tiere angepaart, wobei nach der konkreten Anpaarung die durchschnittliche Verwandtschaft der Paarungspartner die maximal tolerierbare Verwandtschaft nicht überschreiten darf.

Tabelle 4.12: Ausschnitt aus der Berechnung der \emptyset Verwandtschaft nach der konkreten Anpaarung (Linie 12, Szenario D).

VATERTIER	MUTTERTIER	PAARUNG (1) KEINE PAARUNG (0)	HAHN NR.	HENNE NR.	VERWANDTSCHAFT
1	18	1	014309	310162	0,059753
1	77	1	014309	311232	0,059875
1	80	1	014309	311250	0,066956
1	84	1	014309	311364	0,065125
1	89	1	014309	311419	0,059875
1	90	1	014309	311420	0,059875
1	97	1	014309	311486	0,059753
1	100	1	014309	311500	0,056091
1	166	1	014309	312206	0,06134
1	168	1	014309	312211	0,059753
1	183	1	014309	312329	0,065125
1	185	1	014309	312433	0,066956
1	186	1	014309	312434	0,066956
1	187	1	014309	312435	0,066956
1	206	1	014309	312548	0,069702
1	228	1	014309	312703	0,056091
1	281	1	014309	313352	0,06543
1	321	1	014309	313688	0,059753
1	338	1	014309	313884	0,066284
1	392	1	014309	314419	0,066956
1	402	1	014309	314533	0,059875
2	29	1	211584	310354	0,084717
2	60	1	211584	311051	0,074524
2	78	1	211584	311242	0,059326
2	102	1	211584	311512	0,07489
2	164	1	211584	312191	0,07489
2	189	1	211584	312442	0,059326
2	190	1	211584	312443	0,059326
2	194	1	211584	312457	0,059967
2	227	1	211584	312700	0,070892
2	270	1	211584	313250	0,086029
2	271	1	211584	313257	0,065948

Wie in Tabelle 4.12 zu sehen ist, wurde z.B. das Vatertier 1 (Hahn Nr. 014309) mit Muttertier 18 (Henne Nr. 310162) angepaart. Die Verwandtschaft zwischen diesen beiden Paarungspartnern lag dabei bei ca. 6,0%. Tier 1 (Hahn Nr. 014309) wurde an weitere Hennen unter Berücksichtigung der Verwandtschaft angepaart. Wurde die Vorgabe nicht erfüllt, so wurden die Selektionskandidaten nicht miteinander angepaart. Dieses ist in der Tabelle 4.13 mit Paarung = 0 gekennzeichnet.

Tabelle 4.13: Ausschnitt aus der Berechnung der Verwandtschaft und die Anpaarung innerhalb der Selektionskandidaten der Linie 44.

VATERTIER	MUTTERTIER	PAARUNG (1) KEINE PAARUNG (0)	HAHN ID	HENNE ID	VERWANDTSCHAFT
1	1	1	266418	367575	0,081207
1	2	1	266418	367576	0,081207
1	3	0	266418	367578	0,102448
1	4	0	266418	367585	0,107605
1	5	0	266418	367610	0,108002
1	6	0	266418	367611	0,108002
1	7	0	266418	367612	0,108002
1	8	0	266418	367652	0,089935
1	9	1	266418	367832	0,078461
1	10	1	266418	367833	0,078461
1	11	1	266418	367834	0,078461
1	12	0	266418	367837	0,087891
1	13	0	266418	367838	0,087891
1	14	0	266418	367849	0,087646
1	15	0	266418	367850	0,087646
1	16	0	266418	367879	0,095856
1	17	0	266418	367886	0,124939
1	18	0	266418	367888	0,097321
1	19	0	266418	367889	0,097321
1	20	0	266418	367892	0,123077
1	21	0	266418	367893	0,123077
1	22	0	266418	367908	0,119324

Tabelle 4.14: Ausschnitt aus der Berechnung des Beitrags, die Inzucht sowie des Zuchtwerts der Selektionskandidaten der Linie 11 (Szenario C).

TIER NR.	BEITRAG	ZUCHTWERT	INZUCHT	NK HAHN	NK HENNE
8568	1,17	123	0,092	11	1
10336	1,17	124	0,14	11	1
10631	1,17	158	0,144	11	1
10692	1,17	133	0,156	11	1
11303	1,17	127	0,163	11	1
11316	1,17	173	0,168	11	1
21011	1,17	133	0,138	11	1
21014	1,17	139	0,156	11	1
21016	1,17	122	0,132	11	1
21052	1,17	125	0,146	11	1
21074	1,17	147	0,16	11	1
21081	1,17	123	0,128	11	1
21090	1,17	144	0,16	11	1
21096	1,17	130	0,146	11	1
21098	1,17	129	0,152	11	1
21149	1,17	135	0,161	11	1
21187	1,17	126	0,136	11	1
21189	1,17	146	0,13	11	1
21201	1,17	128	0,155	11	1
21220	1,17	127	0,143	11	1
21229	1,17	135	0,15	11	1
21243	1,17	128	0,146	11	1
21246	1,17	129	0,142	11	1
21247	1,17	129	0,137	11	1

Aus Tabelle 4.14 wird ersichtlich, dass jeder selektierte Hahn die gleiche Einsatzfrequenz hat. In diesem Fall macht jeder einzelne Hahn 1,17% der Anpaarungen. Dabei trägt jeder Hahn mit 11 Nachkommen zur nächsten Generation bei. Die durchschnittliche Inzucht ist hier als Nebenbedingung vorgegeben.

Tabelle 4.15: Der Beitrag und die Anpaarungshäufigkeit der Linie 44 in Szenario A für überlappende Generationen bei 22 selektierten Hähnen und 435 selektierten Hennen.

ANZAHL HÄHNE	TIER NR.	BEITRAG	CMIN	CMAX	ZUCHTWERT	INZUCHT	ALTER	VERFÜG-BARKEIT	PAARUNG - HAHN	PAARUNG - HENNE
1	12795	4,55	0,57	4,55	135	0,139	2	1	20	1
2	22221	4,45	0,57	4,55	130	0,137	1	1	19	1
3	22230	4,55	0,57	4,55	140	0,126	1	1	20	1
4	22242	4,55	0,57	4,55	138	0,139	1	1	20	1
5	22265	4,55	0,57	4,55	144	0,168	1	1	20	1
6	22298	4,55	0,57	4,55	162	0,172	1	1	20	1
7	22304	4,55	0,57	4,55	144	0,155	1	1	19	1
8	22315	4,55	0,57	4,55	138	0,163	1	1	20	1
9	22320	4,55	0,57	4,55	138	0,163	1	1	19	1
10	22405	4,55	0,57	4,55	134	0,165	1	1	20	1
11	22425	4,55	0,57	4,55	135	0,12	1	1	19	1
12	22694	4,55	0,57	4,55	132	0,134	1	1	20	1
13	22710	4,55	0,57	4,55	137	0,146	1	1	19	1
14	22746	4,55	0,57	4,55	144	0,168	1	1	20	1
15	22789	4,55	0,57	4,55	136	0,149	1	1	20	1
16	22790	4,55	0,57	4,55	134	0,152	1	1	20	1
17	22849	4,55	0,57	4,55	142	0,142	1	1	20	1
18	22881	4,55	0,57	4,55	133	0,132	1	1	20	1
19	22996	4,55	0,57	4,55	134	0,165	1	1	20	1
20	23015	4,55	0,57	4,55	162	0,172	1	1	20	1
21	23070	4,55	0,57	4,55	134	0,165	1	1	20	1
22	23096	4,55	0,57	4,55	135	0,158	1	1	20	1

Die 22 selektierten Hähne der Linie 44 in Szenario A wurden jeweils zwischen 19 und 20 mal angepaart (Tabelle 4.15). Dabei sollte jeder einzelne Hahn nach der Nebenbedingung in GENCONT 4,55% der Anpaarungen machen.

Tabelle 4.16: Ausschnitt aus der Berechnung der durchschnittlichen Verwandtschaft nach der konkreten Anpaarung (Linie 22, Szenario A).

VATERTIER	MUTTERTIER	PAARUNG	HAHN	HENNE	VERWANDTSCHAFT
1	1	0	330078	330079	0,37558
1	2	0	330078	330080	0,37558
1	3	0	330078	330110	0,210419
1	4	0	330078	330186	0,115601
1	5	0	330078	330196	0,182175
1	6	0	330078	330214	0,112534
1	7	0	330078	330244	0,183807
1	8	0	330078	330263	0,271515
1	9	0	330078	330312	0,176315
1	10	0	330078	330328	0,098099
1	11	1	330078	330335	0,102219
1	12	0	330078	330353	0,079956
1	13	0	330078	330378	0,132889
1	14	0	330078	330379	0,132889
1	15	0	330078	330396	0,123993
1	16	0	330078	330397	0,123993
1	17	0	330078	330398	0,123993
1	18	0	330078	330402	0,12532
1	19	0	330078	330405	0,267532
1	20	0	330078	330411	0,131027
1	21	0	330078	330418	0,136536

Die durchschnittliche Verwandtschaft aller möglichen Tiere wurde zunächst vor der Anpaarung berechnet (Tabelle 4.16). In Szenario A wurden z.B. 10440 Verwandtschaftsmöglichkeiten berechnet. Die durchschnittliche Verwandtschaft von 10440 Verwandtschaften der Linie 11 in Szenario A liegt bei 12,9%. Nachdem 435 Tiere selektiert und optimal angepaart wurden, sank die durchschnittliche Verwandtschaft auf 8,2% ab (Tabelle 4.16). Zu einem ähnlichen Ergebnis wie in Szenario A führte es, wenn die durchschnittliche Inzucht in GENCONT als

Nebenbedingung vorgegeben wurde (Szenario B). In Szenario B sank die durchschnittliche Verwandtschaft nach der optimalen Anpaarung von 13,1% auf 8,2%.

Tabelle 4.17: Durchschnittliche Verwandtschaft der Selektionskandidaten vor und nach der optimale Paarung für die Linie 11, Szenario A – E und für nicht überlappende Generationen.

Szenario	Anpaarung	Anzahl	Mittelwert	Std. Abw.	Min.	Max.
A	Vor	10440	0,129	0,075	0,054	0,641
	Nach	435	0,082	0,011	0,056	0,110
B	Vor	9570	0,131	0,077	0,051	0,641
	Nach	435	0,082	0,012	0,056	0,119
C	Vor	77265	0,131	0,062	0,048	0,641
	Nach	909	0,083	0,012	0,054	0,118
D	Vor	36000	0,132	0,065	0,051	0,641
	Nach	600	0,084	0,013	0,059	0,113
E	Vor	16568	0,127	0,073	0,053	0,641
	Nach	436	0,078	0,010	0,056	0,111

vor = alle mögliche Paarungen

nach = nach der optimale Anpaarung

Die Festlegung der Anzahl der Nachkommen pro Hahn/Henne in Szenario C führte dazu, dass GENCONT mehr Tiere selektierte als in allen anderen Szenarien der Fall war. Dadurch ist die Anzahl aller möglichen Paarungen in Szenario C auf 77265 gestiegen (Tabelle 4.17). Die durchschnittliche Verwandtschaft der 909 selektierten Tiere nach der optimalen Anpaarung sank von 13,1% auf 8,3%. Zu ähnlichen Ergebnissen kam es beim Standardverfahren in Szenario D. Während hier vor der Anpaarung die durchschnittliche Verwandtschaft von allen möglichen Tieren bei 13,2% liegt, sank diese nach der optimalen Anpaarung auf 8,4% ab. Die durchschnittliche Verwandtschaft nach der optimalen Anpaarung in Szenario E ist mit 7,8% am niedrigsten. Zu bemerken ist, dass in Szenario E mit 135,4 Punkten ein höherer Zuchtwert erzielt wurde (Tabelle 4.10) als bei der niedrigeren durchschnittlichen Verwandtschaft, wie in der Tabelle 4.17 zu sehen ist.

Tabelle 4.18: Durchschnittliche Verwandtschaft der Selektionskandidaten vor und nach der optimalen Paarung für die Linie 44, Szenario A – E und für überlappende Generationen.

Szenario	Anpaarung	Anzahl	Mittelwert	Std. Abw.	Min.	Max.
A	Vor	9570	0,119	0,063	0,044	0,595
	Nach	435	0,080	0,011	0,052	0,108
B	Vor	9570	0,121	0,064	0,044	0,595
	Nach	435	0,081	0,012	0,052	0,119
C	Vor	79170	0,119	0,061	0,039	0,629
	Nach	910	0,074	0,011	0,047	0,110
D	Vor	36000	0,120	0,064	0,044	0,629
	Nach	600	0,076	0,010	0,050	0,106
E	Vor	17004	0,114	0,066	0,044	0,595
	Nach	436	0,073	0,010	0,052	0,102

vor = alle mögliche Paarungen

nach = nach der optimale Anpaarung

Die Berechnung der durchschnittlichen Verwandtschaft für die Linie 44 vor und nach der optimalen Anpaarung ergab ähnliche Resultate wie für die Linie 11. In allen 5 Szenarien wurde hier eine deutliche Abnahme der durchschnittlichen Verwandtschaft nach der optimalen Anpaarung beobachtet (Tabelle 4.18). Der durchschnittliche Zuchtwert der Linie 44 in Szenario E ist mit 134,4 Punkten um 1% niedriger als der der Linie 11. Allerdings beträgt die durchschnittliche Verwandtschaft der Linie 44 in Szenario E nach der optimalen Anpaarung nur 7,3% (Tabelle 4.18). Grundsätzlich ist zu beobachten, dass der durchschnittliche Zuchtwert mit zunehmender durchschnittlicher Verwandtschaft wächst. Im Vergleich zur Linie 44 und Linie 11 ist die durchschnittliche Verwandtschaft der Linie 22 vor und nach der Anpaarung deutlich höher. So liegt beispielsweise die durchschnittliche Verwandtschaft der Linie 22 in Szenario A vor der Anpaarung bei 18,7% (Tabelle 4.19). Nach der Anpaarung sinkt dieser Wert auf 10,5%. Dies ist darauf zurückzuführen, dass die Anzahl der Selektionskandidaten im Gegensatz zu Linie 11 und Linie 44 niedriger ist und die Tiere

damit stark miteinander verwandt sind. In allen Szenarien sinkt die durchschnittliche Verwandtschaft von über ca. 18% vor der Anpaarung auf ca. 10%.

Tabelle 4.19: Durchschnittliche Verwandtschaft der Selektionskandidaten vor und nach der optimalen Paarung für die Linie 22, Szenario A – E und für überlappende Generationen.

Szenario	Anpaarung	Anzahl	Mittelwert	Std. Abw.	Min.	Max.
A	Vor	2839	0,187	0,102	0,067	0,678
	Nach	167	0,105	0,015	0,067	0,153
B	Vor	2839	0,187	0,102	0,067	0,678
	Nach	167	0,105	0,015	0,067	0,153
C	Vor	12495	0,185	0,092	0,060	0,678
	Nach	357	0,104	0,019	0,068	0,164
D	Vor	4000	0,185	0,099	0,065	0,678
	Nach	200	0,102	0,018	0,068	0,157
E	Vor	3674	0,183	0,102	0,065	0,678
	Nach	167	0,103	0,014	0,069	0,153

vor = alle mögliche Paarungen

nach = nach der optimale Anpaarung

5 Potenzial der Markergestützten Selektion

5.1 Einleitung

Mit der Entwicklung der DNA-Technologie werden heutzutage zunehmend QTLs, also Genorte, die an der Ausprägung quantitativer Merkmale maßgeblich beteiligt sind, bekannt. Durch die Markerinformation ist die Möglichkeit gegeben, die Selektion direkt mit Hilfe des Genotyps vorzunehmen statt wie bisher üblich anhand des Phänotyps zu selektieren. Die markergestützte Selektion weist gegenüber der phänotypischen Selektion große Vorteile auf. So ermöglicht sie unter anderem, die Selektion unabhängig von Geschlecht und Alter eines Tiers durchzuführen.

In der traditionellen Selektionsmethode ist man darauf angewiesen, die Leistung des Tieres oder die seiner Nachkommen abzuwarten. Folglich wird das Generationsintervall länger und somit der Zuchtfortschritt kleiner. Markerinformation könnte dagegen früher verfügbar sein. Eine DNA-Probe kann z.B. bereits beim Eintagsküken gezogen und die gefundenen QTLs in das Zuchtprogramm eingebaut werden. Dabei kann man entweder nur aufgrund der Markerinformation des Tieres selektieren, oder aber die vorhandene Markerinformation mit phänotypischen- und Abstammungsinformationen kombinieren. Bei Hähnen spielt MAS eine noch größere Rolle, da sie keine Eigenleistung besitzen und zwischen Vollgeschwistern nicht differenziert werden kann. Nach bisherigen Verfahren hat man zufällig einen oder zwei Hähne ausgewählt und zur Zucht verwendet. Mit Hilfe von Markerinformationen könnte man dagegen gezielt den besten Hahn auswählen.

Zur Einsatzmöglichkeit von MAS gehört auch die selektive Ausschaltung unerwünschter Genotypen. Außerdem kann MAS die Selektionsintensität erhöhen, wenn nur noch Tiere mit einem günstigen Markergenotyp eigenleistungs- oder nachzuchtgeprüft werden. Die Genauigkeit des geschätzten genetischen Wertes kann durch Markerinformation als zusätzliche Informationsquelle in der Zuchtwertschätzung die Modellgenauigkeit erhöhen. Da die Heritabilität für Legespitze (Legeleistung Periode 3-8) und Persistenz (Legeleistung Periode 9-12) niedrig ist, ist der Einsatz von markergestützter Selektion besonders während dieser Phase interessant.

5.2 Material und Methoden

5.2.1 Modellannahme und Simulationen

Simuliert wurde eine Population mit M männlichen und F weiblichen Eltern, wobei jedes männliche mit F/M weiblichen Eltern angepaart wurde. Selektiert wurde bei einer überlappenden Generation über den Zeitraum von zehn Generationen. Das durchschnittliche Generationsintervall lag bei einem Jahr. Das quantitative Merkmal der Basisgeneration war normal verteilt, bei einer additiv genetischen Varianz σ^2_A und phänotypischer Varianz. Da die Merkmalsleistung geschlechtsspezifisch ist, haben alle männlichen Vollgeschwister den gleichen Zuchtwert. Deshalb wurde die Anzahl selektierter Hähne pro Vollgeschwistergruppe auf eins bis zwei beschränkt. Darüber hinaus wurden unterschiedliche Markerallelzahl und Chromosomensegmentlänge simuliert. Die Simulation erzeugte Daten, die folgende Informationen enthielten: Generationen, Anzahl Tiere, QTL, Zuchtwert, Inzuchtkoeffizient Hahn, Inzuchtkoeffizient Huhn, durchschnittliche Verwandtschaft Hahn, durchschnittliche Verwandtschaft Huhn und durchschnittliche Verwandtschaft Hahn mit Huhn. Modelle mit zwei unterschiedlichen Anfangs-QTL-Allelfrequenzen (0,2 und 0,8) wurden simuliert. Jede Simulation wurde 100 mal wiederholt. Generell wurden sieben Schemen simuliert:

1. unterschiedliche Populationsgröße
2. Anpaarungssysteme
3. Zuchtwerte
4. Anzahl Söhne pro Henne
5. QTL Genotypeffekte
6. Chromosomensegmentlänge
7. Markerallelzahl

Diese Kombinationsmöglichkeiten ergaben insgesamt 1260 Datensätze, die je nach Notwendigkeit im Hinblick auf den Zuchtfortschritt und die Inzuchtentwicklung ausgewertet wurden. Die Selektion der Tiere basierte auf dem Merkmal Legeleistung, dessen phänotypische Varianz auf eins gesetzt wurde. Die Heritabilität des Merkmals wurde in verschiedenen Szenarien variiert. Von allen Tieren wurden Inzucht- und

Verwandtschaftskoeffizienten und wahre Zuchtwerte berechnet. Außerdem wurden in jeder Wiederholung den n Tieren der Basisgeneration $2n$ verschiedene Allele an einem neutralen Genort zugewiesen, und es wurde für diesen Genort verfolgt, in welchem Maß in den Nachkommengenerationen Herkunftsgleichheit und driftbedingter Allelschwund auftrat.

5.2.2 Simulation von unterschiedlicher Selektion und Anpaarungsstrategien

Unterschiedliche Selektions- und Anpaarungsstrategien wurden im Hinblick auf die Inzucht und den Zuchtfortschritt im Verlauf von zehn Generationen untersucht. Die Simulation wurde unter Verwendung eines FORTRAN-Programmes durchgeführt. Ausgehend von einer Basisgeneration wurden zehn Generationen Selektion und Anpaarung durchgeführt.

Weiterhin wurden vier Anpaarungsschemata untersucht:

- assortative Paarung (AP)
- zufällige Paarung (ZP)
- disassortative Paarung (DP)
- minimale Verwandtschaftspaarung (MV): Die selektierten Hähne wurden jeweils an die am wenigsten verwandten selektierten Hennen angepaart.

Die AP und DP erfolgte nach dem geschätzten BLUP Zuchtwert. Bei der AP wurden in der großen Population z.B. anhand des BLUP Zuchtwertes die besten 50 Hähne und die besten 500 Hennen angepaart. Bei der DP wurden z.B. die besten Hähne mit den schlechtesten selektierten Hennen angepaart. Im Falle der minimalen Verwandtschaftspaarung (MV) wurde zunächst mit der Anpaarung des besten Hahns mit der am wenigsten verwandten Henne begonnen. Zum Schluss bleiben zwangsläufig nur noch eng verwandter Tiere, die miteinander angepaart werden müssen. Bei der Zufallspaarung findet keine Selektion statt.

5.2.3 Genetisches Modell

Verwendet wurde das gemischte Modell der Vererbung. Das zu selektierende Merkmal wurde von einer infiniten Anzahl additiver Loci kontrolliert. Für die gesamten Genotypwerte des Tieres \hat{u}_i gilt:

$$\hat{u}_i = \hat{u}^*_i + g_i$$

g_i = die Leistung des Tieres über die QTL

\hat{u}^*_i = der rein polygene Zuchtwert

Für die Berechnung wurde die Heritabilität $h^2=0,30$ für das Merkmal Legeleistung zugrunde gelegt. Die phänotypische Varianz (σ_p^2) wurde auf eins gesetzt, so dass die Heritabilität nur noch von der additiv genetischen Varianz abhängt ($h^2 = \sigma_a^2$). Für die ganze genetische Standardabweichung gilt somit:

$$\sigma_a = \sqrt{h^2} = \sqrt{0,30} = 0,5477 = a$$

Für die halbe genetische Standardabweichung gilt $0,5 a = 0,274$.

Der QTL besaß einen additiven Effekt (a), der als die Hälfte der Differenz zwischen zwei homozygoten definiert wurde. Somit war der Genotypwert über die QTL jeweils a gleich 0 und $-a$, für Individuen mit dem Genotyp A_1A_1 , A_1A_2 und A_2A_2 . Der Dominanzgrad (d) war dabei entweder $d=0$ (keine Dominanz) oder $d=a$ (vollständige Dominanz). Der Genotyp besitzt zwei Allele mit den Genotypwerten $a=0,274$ (genetische Standardabweichung) und $d = 0$ für die drei Genotypen (A_1A_1 , A_1A_2 und A_2A_2). Für die genetische Varianz, die sich in der Basispopulation über die QTL erklärt, galt:

$$\sigma_g^2 = 2p(1-p)a^2$$

p = Anfangsfrequenz der günstigen Allele A_1

5.2.4 Die untersuchte Population

Es wurden drei Populationsgrößen mit unterschiedlichen Selektionsintensitäten betrachtet, deren Struktur in Tabelle 5.1 dargestellt ist. Die große Population bestand aus 4000 Einzelkäfigen, bei denen 50 Väter an 500 Mütter angepaart wurden, von denen je acht Töchter in Einzelkäfigen getestet wurden. Dabei lag eine unterschiedliche Selektionsintensität auf der Hahn- und Hennenseite vor. Die mittlere Population bestand aus 1500 Einzelkäfigen und hier wurden 50 Väter an 250 Mütter angepaart und je sechs Töchter getestet. Die kleine bzw. Reservepopulation bestand aus 480 Einzelkäfigen von denen 40 Väter an 160 Mütter angepaart und je drei Töchter getestet wurden.

Tabelle 5.1: Tierzahlen, Anzahl der Einzelkäfige und Selektionsintensitäten in den drei betrachteten Populationstypen.

Population	Einzelkäfige	Väter	Mütter	Töchter/Mütter	i (Hahn)	i (Henne)
Groß	4000	50	500	8	1.75	1.64
Mittel	1500	50	250	6	1.4	1.51
Klein	480	40	160	3	1.27	1.10

Mit Hilfe von Simulationen wurde die MAS-Selektion mit der QTL-Selektion (Selektion direkt über die QTL) und der PAS-Selektion (Selektion ohne die Berücksichtigung der genotypischen Information) verglichen. Dazu wurden die folgenden drei Schemen aufgestellt:

1. Polygene Selektion (PAS = polygen assisted selection)
2. QTL Selektion (GAS = genotype assisted selection)
3. Markergestützte Selektion zwischen den Söhnen (MAS = marker assisted selection)

5.2.5 Modell zur Selektionsstrategie

5.2.5.1 Phänotypgestützte Selektion (PAS)

Bei der polygenen Selektion (PAS) wurde die QTL- und Markerinformation nicht berücksichtigt. Die Selektion erfolgte ausschließlich anhand der phänotypischen Information und der Pedigreeinformation. Der geschätzte Gesamtzuchtwert eines Individuums $i(EBV)$ wurde anhand von BLUP unter Verwendung der gesamten genetischen additiven Varianz ($\sigma_g^2 + \sigma_{\hat{u}^*}^2$) der Basispopulation und des polygenen Zuchtwerts (um den Genotypeneffekt nicht korrigiert) bestimmt.

Tabelle 5.2: Parameterkonstellationen der drei Szenarien.

Szenarien	σ_a^2	a	d	P(Q)	σ_e^2	h^2
Polygen	0.3	-	-	-	0.7	0.3
$a = 0.5 \sigma_a$	0.276	0.274	0	0.2	0.7	0.3
$a = \sigma_a$	0.204	0.548	0	0.2	0.7	0.3

Wie in der Tabelle 5.2 zu sehen ist, lag der additive QTL-Effekt bei $a = 0,5 \sigma_a$ bzw. $a = 1\sigma_a$, während bei der polygenen Selektion der QTL-Effekt nicht berücksichtigt wurde. Die Heritabilität und die Restvarianz lagen bei $h^2 = 0,3$ und $\sigma_e^2 = 0,7$. Die Anfangsfrequenz der günstigen Allele war 0.2.

5.2.5.2 Genotypgestützte Selektion (GAS)

Für die genotypgestützte Selektion (GAS) gilt, vorausgesetzt, dass der individuelle Genotyp des Tieres G_i (QQ, Qq, qq) und die Genotypwerte g_i ($\mu_{QQ}, \mu_{Qq}, \mu_{qq}$) in der Population bekannt sind, folgende Formel:

$$Y_i^* = y_i - g_i \rightarrow BLUP \rightarrow \hat{u}^* i$$

$$\hat{u}^* i + g_i = \hat{u}_i$$

y_i = Beobachtung von Tier i

g_i = Leistung des Tieres über die QTL

y_i^* = die Beobachtung des Tieres ohne den QTL Effekt

$\hat{u}^* i$ = der rein polygene Zuchtwert

\hat{u} = Gesamtzuchtwert

Hierbei wurde die Effizienz der genotypgestützten Selektion, die als obere Grenze der MAS angesehen wird, untersucht. Die Leistung des Tieres wird um den Genotypeneffekt g_i zunächst korrigiert. Mit diesem korrigierten Beobachtungswert wird dann eine BLUP-Zuchtwertschätzung durchgeführt. So erhält man den reinen polygenen Zuchtwert \hat{u}_i^* . Anschließend wird der reine polygene Zuchtwert und der Anteil des Genotyps zu einem Gesamtzuchtwert zusammengefasst. Für den Zuchtwert durch QTL gilt:

$$\begin{aligned} &2(1-p)a \\ &[(1-p)-p]a \quad \text{und} \\ &-2pa \end{aligned}$$

jeweils für Individuen mit dem Genotyp A_1A_1 , A_1A_2 und A_2A_2 .

5.2.5.3 Markergestützte Selektion (MAS)

Erfolgt die Zuchtwertschätzung anhand von Markerinformationen, die mit QTL gekoppelt sind, so gilt:

$$y = u + g + e$$

- y = Beobachtung
- u = der rein polygene Zuchtwert
- g = die Leistung des Tieres über die QTL
- e = Restvektor

Der geschätzte Gesamtzuchtwert bei der Verwendung von MAS war die Summe der geschätzten polygenen- und QTL-Effekte:

$$EBV_i = \hat{u}_i^* + \hat{g}_i^p + \hat{g}_i^m$$

\hat{g}_i^p = Leistung des Tieres über den QTL-Effekt der väterlichen Allele

\hat{g}_i^m = Leistung des Tieres über den QTL-Effekt der mütterlichen Allele

\hat{u}_i^* = rein polygener Zuchtwert

Der Vektor \hat{g}_i besitzt dabei zwei QTL-Effekte von denen der erste aus der väterlichen Allele und der zweite aus den mütterlichen Allelen stammt (\hat{g}_i^p und \hat{g}_i^m).

In Abbildung 5.1 wurde am Beispiel der großen Population der Einsatz der MAS dargestellt. Als erstes müssen alle Hähne typisiert werden. Von den Töchtern werden

nur diejenigen typisiert, die Nachkommen heterozygoter Hähne sind. Bei Heterozygoten (z.B. Mm) kann das positive Allel enthalten sein. Nach der Leistungsprüfung werden 500 Mütter selektiert. Die heterozygoten Söhne werden geschwistergeprüft. Anschließend werden 40 Söhne anhand von Geschwisterprüfung und Markerinformation selektiert. Zusätzlich werden zehn nachkommengeprüfte alte Hähne aus der ersten Generation selektiert. Das ergibt 50 Väter, die nun mit 500 Müttern zur Anpaarung in der folgenden Generation zur Verfügung stehen.

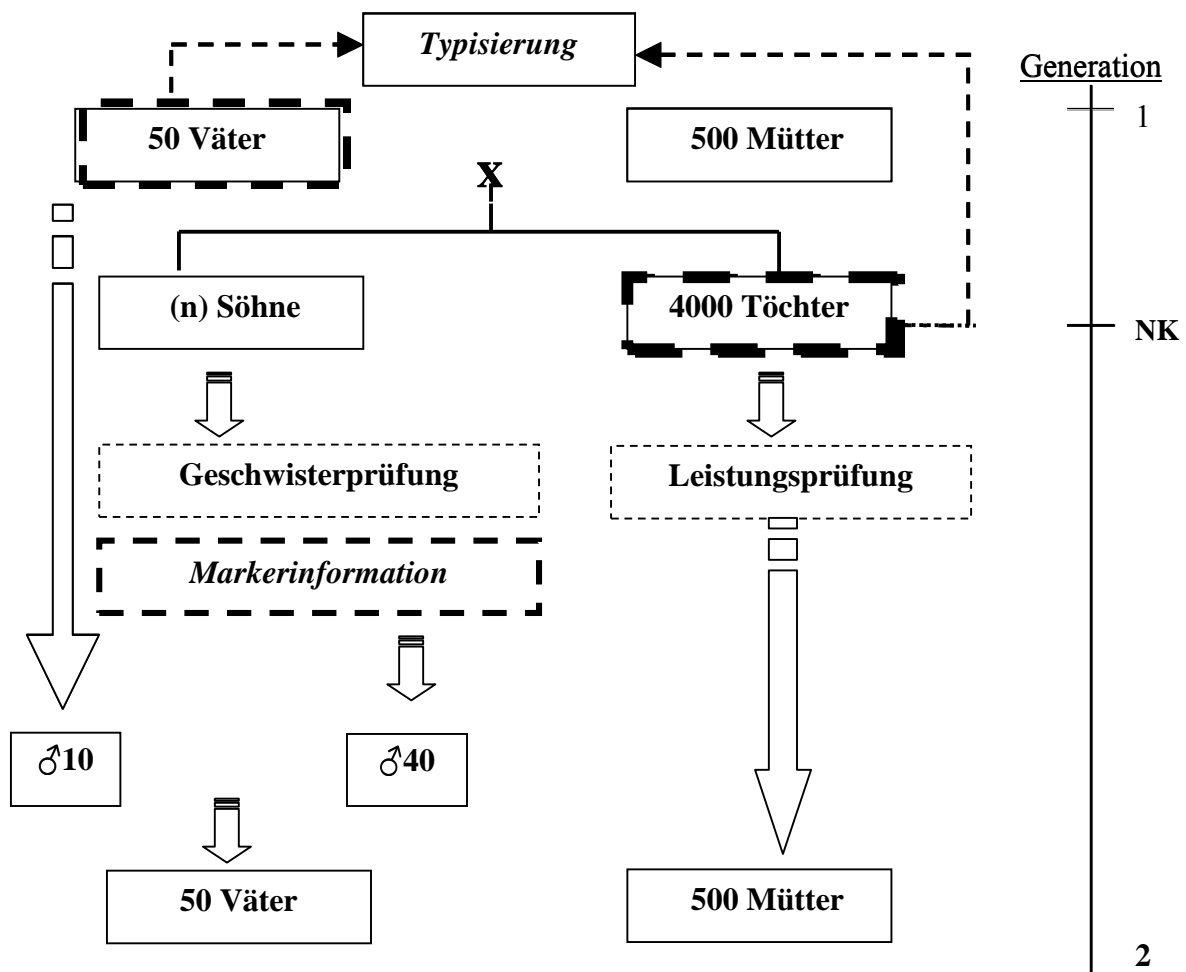


Abbildung 5.1: Schematische Darstellung der markergestützten Selektion.

Der Vorteil von markergestützter Selektion lässt sich wie folgt zusammenfassen:

1. Markergestützte Intra-Familienselektion

- Selektionskandidaten mit gleicher Informationsmenge
- MAS an Stellen, wo bisher keine Selektion möglich war

- Möglicher Nutzen durch
 - Höhere Genauigkeit der Zuchtwertschätzung
 - Höhere Selektionsintensität
 - Frühere Selektion
 - Geringere Leistungsprüfungskosten

2. Markergestützte BLUP Zuchtwertschätzung

- Selektion über alle Familien hinweg
- Automatische Vernetzung der Informationen
- Individualeselektion möglich

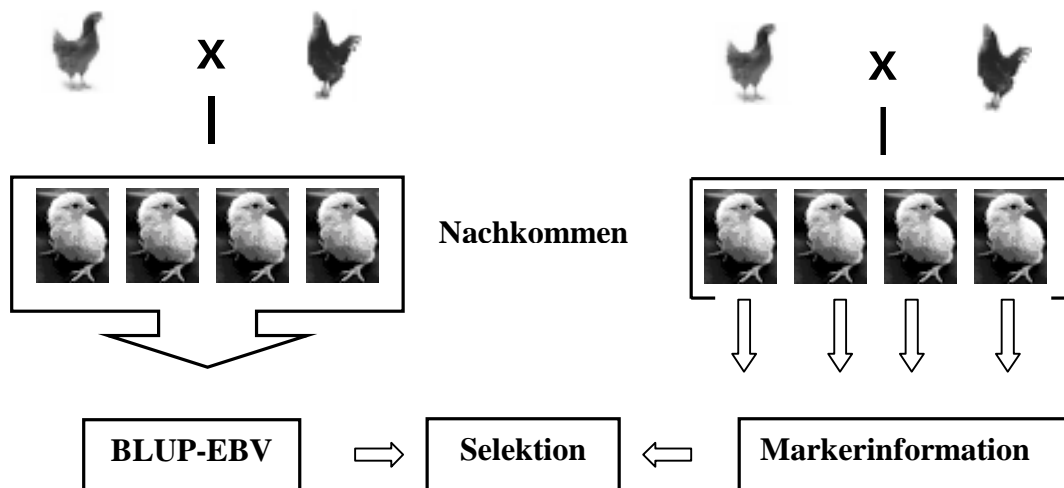


Abbildung 5.2: Der Vorteil der markergestützten Selektion gegenüber BLUP-Selektion.

Durch MAS kann der Zuchtwert jedes einzelnen Tieres voneinander unterschieden werden. Im Gegensatz dazu kann bei dem Einsatz der BLUP-Zuchtwertschätzung der Zuchtwert innerhalb der Vollgeschwister nicht unterschieden werden (Abbildung 5.2).

Bei der markergestützten Intra- Familienselektion kann die Leistung nur innerhalb der Familien unterschieden und dementsprechend selektiert werden, während bei der markergestützten BLUP-Zuchtwertschätzung die Selektion über alle Familien hinweg möglich ist. Das heißt, man könnte z.B. aus zwei unterschiedlichen Familien die besten Hähne selektieren.

5.3 Ergebnisse

5.3.1 Vergleich unterschiedlicher Selektionsstrategien (MAS/GAS/PAS)

Unter Verwendung von Simulationen wurden drei verschiedene Selektionsstrategien miteinander verglichen (Abbildung 5.3). Die erste Selektionsstrategie basierte ausschließlich auf phänotypischen Merkmalen, QTL-Informationen wurden dabei nicht berücksichtigt. Die zweite Selektionsstrategie stellte die Selektion anhand der genotypischen Informationen dar. Der QTL-Effekt war dabei bekannt. Bei der dritten Selektionsstrategie wurde anhand von Markerinformationen, die mit den QTL gekoppelt sind selektiert. Dabei war in diesem Fall der Genotyp unbekannt. Die drei Selektionsstrategien lassen sich wie folgt zusammenfassen:

1. Phänotypgestützte Selektion (PAS) bzw. BLUP-Selektion
2. Genotypgestützte Selektion (GAS)
3. Markergestützte Selektion (MAS)

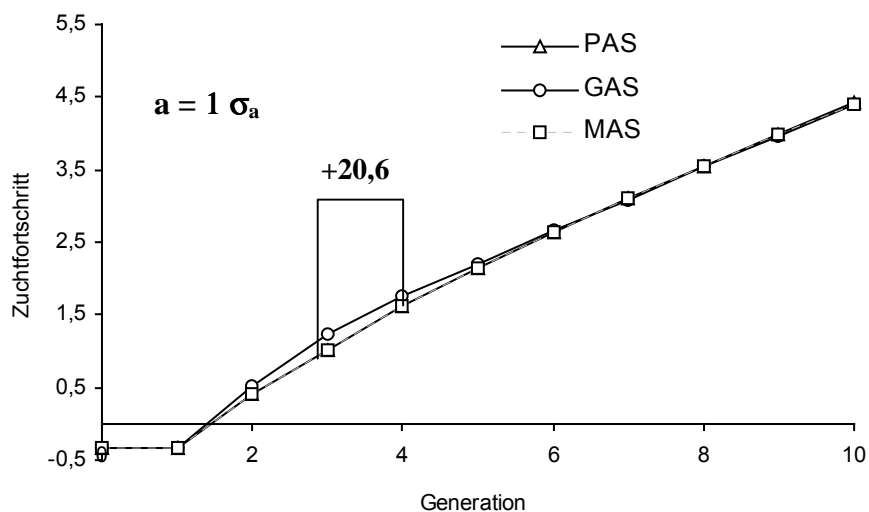


Abbildung 5.3: Vergleich des Zuchtfortschritts zwischen PAS, GAS und MAS.

Der Vergleich des Zuchtfortschritts der phänotypgestützten Selektion mit der genotypgestützten Selektion (GAS) bestätigt, dass die genotypgestützte Selektion kurzfristig - bis zur ca. fünften Generation - überlegen ist (Abbildung 5.3). Durch GAS konnte zum Teil ein bis zu 20,6% mehr Zuchtfortschritt erreicht werden als durch MAS

bzw. PAS. Durch den schnelleren Anstieg an günstigen Allelen in den ersten Generationen kam es bei GAS zur Steigerung des Zuchtfortschritts. Langfristig (> 5 Generation) ist der Zuchtfortschritt durch GAS allerdings nicht überlegener als der durch MAS bzw. PAS, weil die QTLs bereits fixiert sind. Der Zuchtfortschritt durch genotypgestützte Selektion kann nur dann langfristig überlegen sein, wenn ständig neue QTLs identifiziert werden können. Andernfalls bleibt die langfristige Überlegenheit aus. Der Verlauf des Zuchtfortschritts durch markergestützte Selektion (MAS) zwischen den Söhnen und phänotypgestützter Selektion (PAS) war bis zur zehnten Generation gleich groß.

In Abbildung 5.4 ist der Zuchtfortschritt für drei Szenarien dargestellt. In Szenario 1 ($a=0$) wurde der QTL-Effekt nicht berücksichtigt. In Szenario 2 betrug der additive QTL-Effekt $a=0.5\sigma_a$. In Szenario 3 lag der additive QTL-Effekt bei $a=1\sigma_a$. Der Zuchtfortschritt über die QTL ($a=1.0$) für das Szenario 3 ist bis zur ca. sechsten Generation höher und nimmt danach langsam ab, weil die Allele bereits fixiert sind. Bei der halben Standardabweichung ($a=0.5$) ist der QTL-Anteil so gering, dass der Zuchtfortschritt nicht wie bei der ganzen Standardabweichung abnimmt. Der reine polygene Anteil ($a=0$) ist langfristig (nach der ca. siebten Generation) überlegen. Deshalb kann ein hoher Zuchtfortschritt langfristig nur noch über den Polygeneanteil erzielt werden.

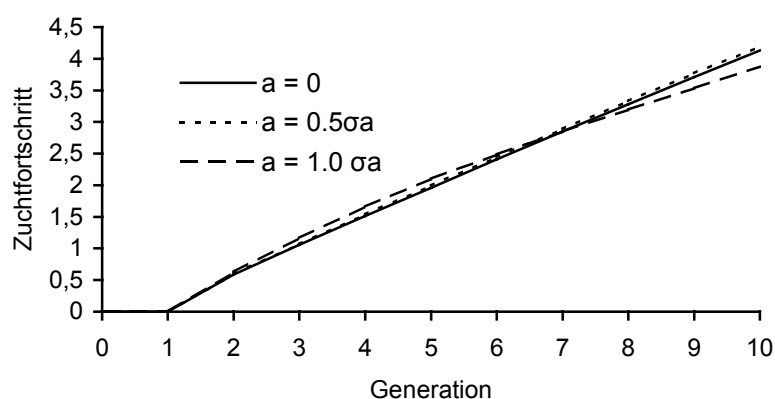


Abbildung 5.4: Zuchtfortschritt für die drei Szenarien (1. kein QTL, 2. halbe Standardabweichung, 3. ganze Standardabweichung) und polygene Selektion.

In Abbildung 5.5 ist der Zuchtfortschritt bei polygener Selektion (PAS) und QTL-Selektion (GAS) für die große Population (GP), die mittlere Population (MP) und die kleine Population (KP) dargestellt. Berücksichtigt wurde das Merkmal Legeleistung mit der Heritabilität $h^2=0,30$ und additiv genetische Varianz mit $a=0,274$ (halbe genetische Standardabweichung). Der Dominanzgrad war $d=0$. Für alle Populationsgrößen ist die genotypgestützte Selektion (GAS) gegenüber der phänotypgestützten Selektion (PAS) überlegen. Die Überlegenheit der GAS ist erst ab der zweiten Generation erkennbar. Langfristig (>9 Generation) ist tendenziell zu erkennen, dass sich die Überlegenheit der GAS langsam abschwächt, so dass mehr Zuchtfortschritt nur noch über die phänotypische Selektion zu erwarten sein wird.

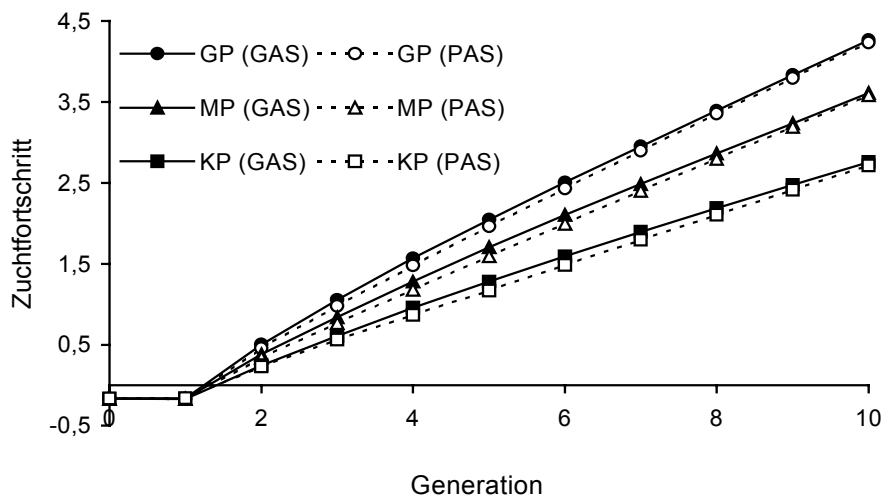


Abbildung 5.5: Vergleich der rein polygenen Selektion (phenotypic assisted selection = PAS) mit der QTL-Selektion (genotype assisted selection = GAS) für das genetische Modell $a=0,274$; $d=0$ bei unterschiedlicher Populationsgröße.

Die zwei Selektionsstrategien (PAS und GAS) wurden für die große Population ($n = 4000$) bei einer vollständigen Dominanz $d=a=0,274$ simuliert (Abbildung 5.6). Dabei konnten kaum deutliche Unterschiede zwischen den beiden Selektionsstrategien festgestellt werden. Obwohl der Dominanzgrad (d) in Abbildung 5.6 mit $d=0,274$ höher liegt als in Abbildung 5.4, hatte dies keinen Einfluss auf den Zuchtfortschritt.

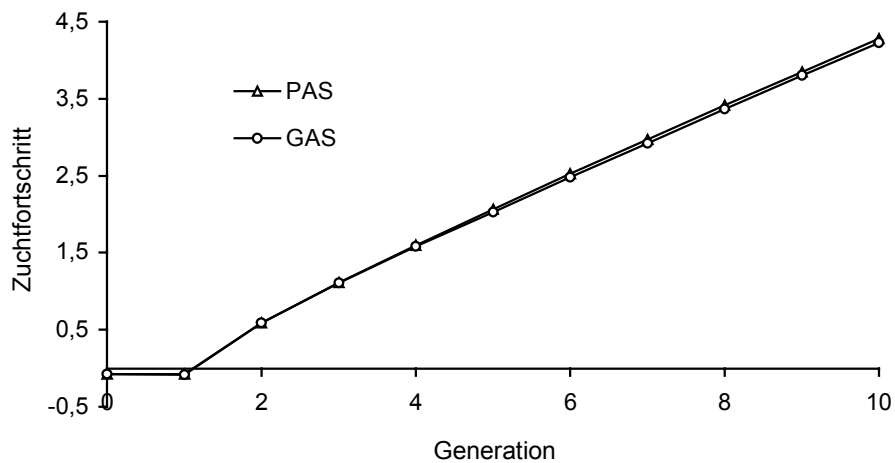


Abbildung 5.6: Vergleich der rein polygenen Selektion (PAS) mit QTL - Selektion (GAS) für das genetische Modell $a=0,274$; $d=0,274$ in der großen Population mit 4000 Einzelkäfigen.

Um feststellen zu können, welchen Einfluss der Dominanzgrad (d) und die genetische Standardabweichung (a) auf den Zuchtfortschritt ausüben, wurden unterschiedliche genetische Modelle simuliert (Abbildung 5.7). Deutlich groß ist der Zuchtfortschritt für additive Gene mit $a=0,548$ (ganze genetische Standardabweichung) und dem Dominanzgrad ($d=0$). Das bedeutet, dass die genetische Standardabweichung größeren Einfluss auf den Zuchtfortschritt hat als der Dominanzgrad. Der Zuchtfortschritt ist am kleinsten, wenn keine Dominanz ($d=0$) und keine additiv genetische Varianz ($a=0$) vorliegen. Bei vollständiger Dominanz $a=d=0,274$ liegt der Zuchtfortschritt leicht über dem genetischen Modell ($a=0$, $d=0$). Das genetische Modell $a=0,274$, $d=0$ liegt ab der fünften Generation leicht über dem Modell der vollständigen Dominanz.

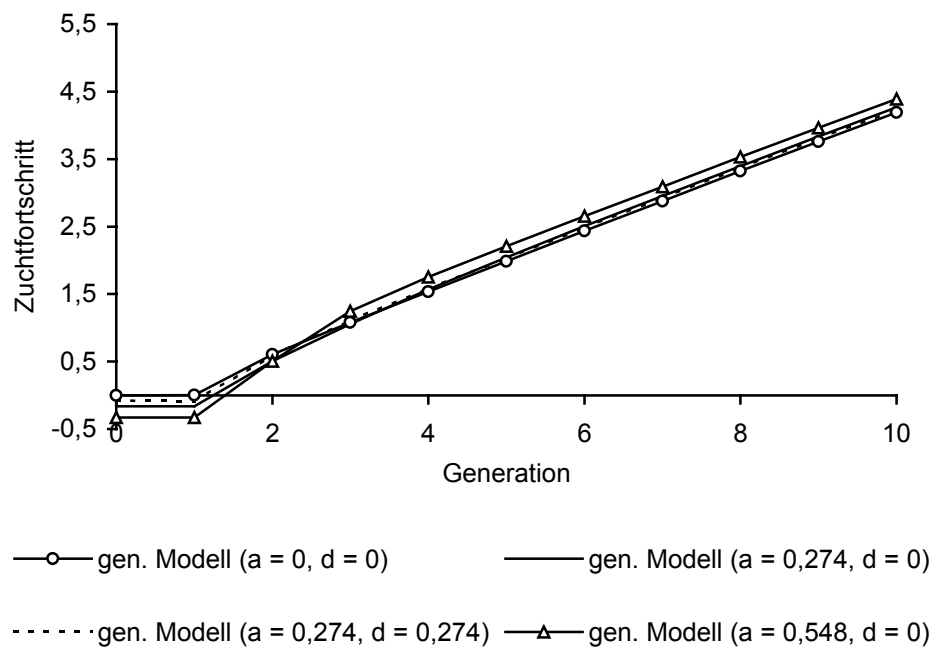


Abbildung 5.7: Zuchtfortschritt bei unterschiedlichen genetischen Modellen in der großen Population, wenn die Selektion auf der QTL- Information (genotype assisted selection = GAS) basiert.

5.3.2 Unterschiedliche Einflussfaktoren auf die Selektionsstrategien

Um feststellen zu können, inwieweit die Selektionsstrategien von der Anzahl der selektierten Hähne sowie von den unterschiedlichen genetischen Modellen beeinflusst werden können, wurden verschiedene Szenarien simuliert. Wie in Abbildung 5.8 dargestellt, wurden die phänotypgestützte Selektion (PAS), die genotypgestützte Selektion (GAS) und die markergestützte Selektion (MAS zwischen den Söhnen) miteinander verglichen. Dabei wurde die Anzahl der selektierten Söhne pro Henne auf eins begrenzt und das genetische Modell mit einer additiv genetischen Varianz von $a=0,274$ und einem Dominanzgrad von $d = 0$ simuliert. Die genotypgestützte Selektion (GAS) war zwischen der zweiten und sechsten Generation gegenüber der phänotypgestützten Selektion (PAS) und der markergestützten Selektion (MAS zwischen den Söhnen) überlegen (Abbildung 5.8). Langfristig konnte über GAS kein höherer Zuchtfortschritt erzielt werden. Der Zuchtfortschritt zwischen PAS und MAS war dagegen gleich.

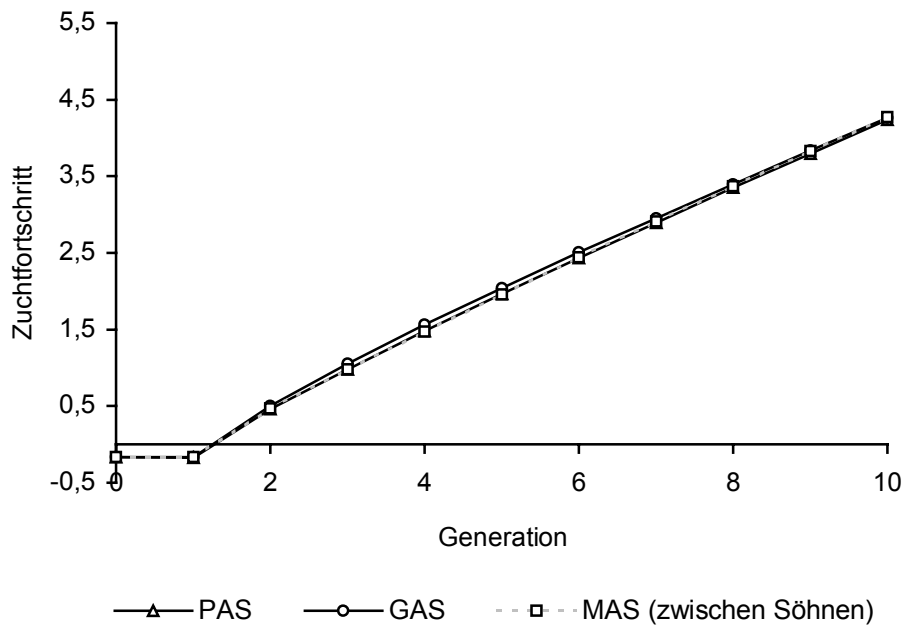


Abbildung 5.8: Unterschiedliche Selektionsstrategien für das genetische Modell ($a=0,274$; $d=0$) bei zufälliger Anpaarung und einem selektierten Sohn pro Henne.

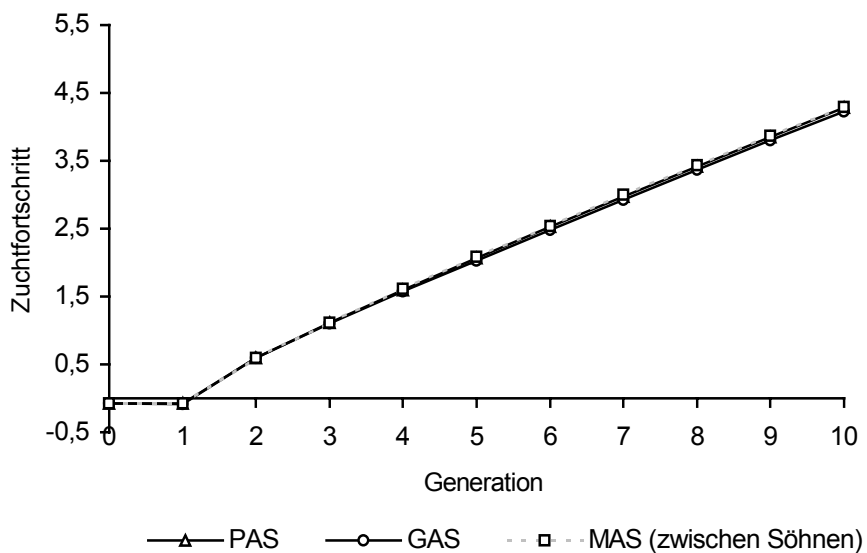


Abbildung 5.9: Unterschiedliche Selektionsstrategien für das genetische Modell ($a=0,274$; $d=0,274$) bei zufälliger Anpaarung und einem selektierten Sohn pro Henne.

Außerdem wurden die drei Selektionsstrategien mit einem selektierten Sohn pro Henne und vollständiger Dominanz $a=d=0,274$ miteinander verglichen (Abbildung 5.9). Die Unterschiede zwischen den drei Selektionsstrategien waren minimal. In der Abbildung 5.10 wurde anstatt des genetischen Modells $a=0,274$ (halbe genetische Standardabweichung) die ganze genetische Standardabweichung $a=0,548$ und die Dominanz $d=0$ simuliert. Selektiert wurde dabei ein Sohn pro Henne. Während der Zuchtfortschritt durch PAS und MAS auf dem gleichen Niveau liegt, ist der Zuchtfortschritt über GAS kurzfristig bis zur ca. fünften Generation höher (Abbildung 5.10). Im Allgemeinen lässt sich sagen, dass bei einem selektierten Sohn pro Henne zwischen MAS und PAS kein Unterschied bzgl. des Zuchtfortschritts feststellbar ist. Die GAS war dagegen zumindest kurzfristig überlegen.

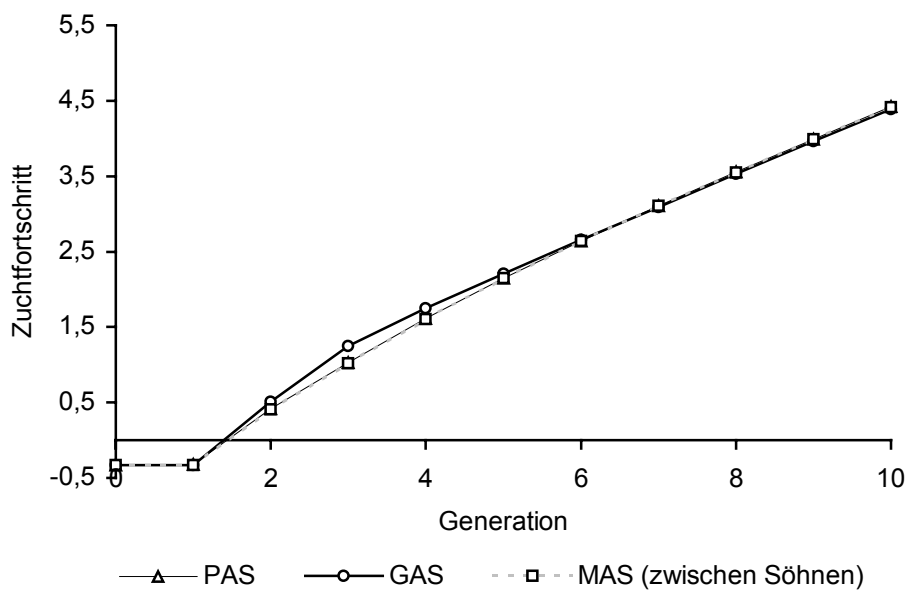


Abbildung 5.10: Unterschiedliche Selektionsstrategien für das genetische Modell ($a=0,548$; $d=0$) bei zufälliger Anpaarung und einem selektierten Sohn pro Henne.

Weiterhin wurden statt einem Sohn pro Henne zwei Söhne pro Henne selektiert, um feststellen zu können, welchen Einfluss die Selektionsintensität auf den Zuchtfortschritt besitzt. Wie in der Abbildung 5.11 dargestellt, wurden bei vollständiger Dominanz ($a=d=0,274$) und zwei selektierten Söhnen pro Henne die drei Selektionsstrategien

(PAS, MAS und GAS) simuliert. Der Zuchtfortschritt bei MAS (zwischen den Söhnen) ist niedriger als bei GAS und PAS. Der Zuchtfortschritt durch GAS und PAS ist über zehn Generationen hinweg gleich (Abbildung 5.11). Auffällig ist hier, dass der Zuchtfortschritt über GAS nicht nur kurzfristig, wie es bisher der Fall war, überlegen ist, sondern auch langfristig. Durch die Selektion von zwei Söhnen pro Henne kann bei GAS und PAS höherer Zuchtfortschritt erzielt werden, als wenn nur ein Sohn pro Henne selektiert wird. Die Unterlegenheit von MAS lässt sich möglicherweise damit erklären, dass bei MAS im Gegensatz zur GAS der QTL nicht direkt selektiert wird, sondern indirekt anhand von Markern, die in der Nähe von QTL liegen.

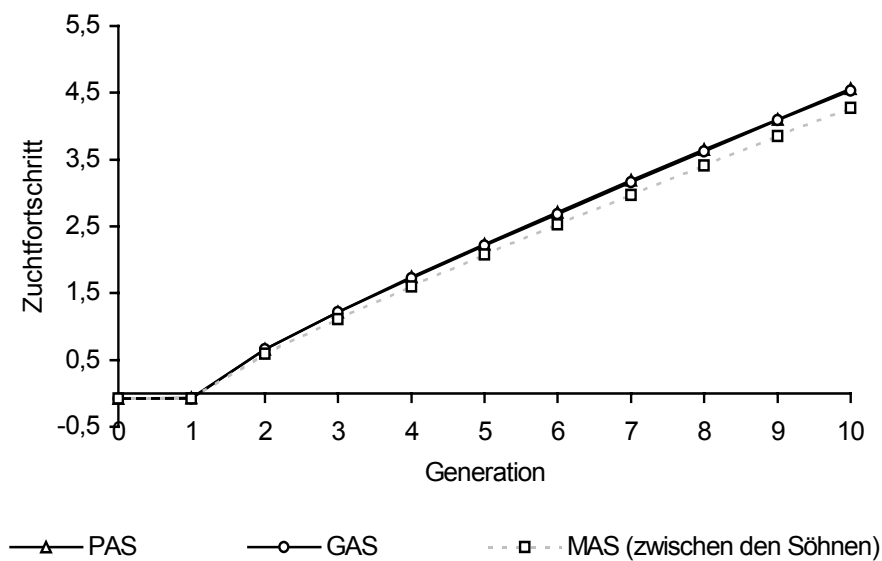


Abbildung 5.11: Unterschiedliche Selektionsstrategien für das genetische Modell ($a=0,274$; $d=0,274$) bei zufälliger Anpaarung und zwei selektierten Söhnen pro Henne.

Ähnliche Ergebnisse wie in Abbildung 5.11 wurden bei dem genetischen Modell ($a=0,274$; $d=0$) und zwei selektierte Söhne pro Henne erzielt (Abbildung 5.12). GAS und PAS waren auch hier der MAS deutlich überlegen. Dabei hatte der Dominanzgrad keinen Einfluss auf die Ergebnisse. Langfristig (>10 Generationen) ist durch PAS mehr Zuchtfortschritt zu erwarten als durch GAS (Abbildung 5.12).

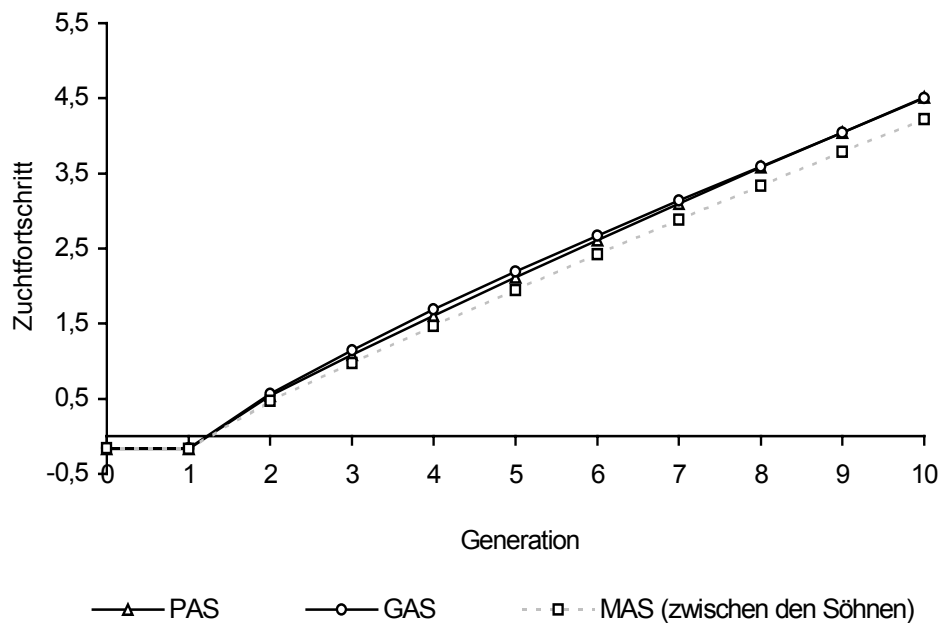


Abbildung 5.12: Unterschiedliche Selektionsstrategien für das genetische Modell ($a=0,274$; $d=0$) bei zufälliger Anpaarung und zwei selektierten Söhnen pro Henne.

In Abbildung 5.13 wurde der Einfluss der verschiedenen Paarungssysteme auf den Zuchtwert untersucht. Selektiert wurde dabei auf Basis der Leistungsprüfung und der QTL-Information. Bereits ab der ungefähr zweiten Generation ist zu erkennen, dass sich die verschiedenen Paarungssysteme im Hinblick auf den Zuchtwert voneinander unterscheiden. Hoher Zuchtfortschritt wurde beim assortativen Paarungssystem erreicht, während das disassortative Paarungssystem am schlechtesten abschneidet. Das Paarungssystem minimale Verwandtschaft hebt sich deutlich vom assortativen Paarungssystem ab und liegt unterhalb des zufälligen Paarungssystems (Abbildung 5.13).

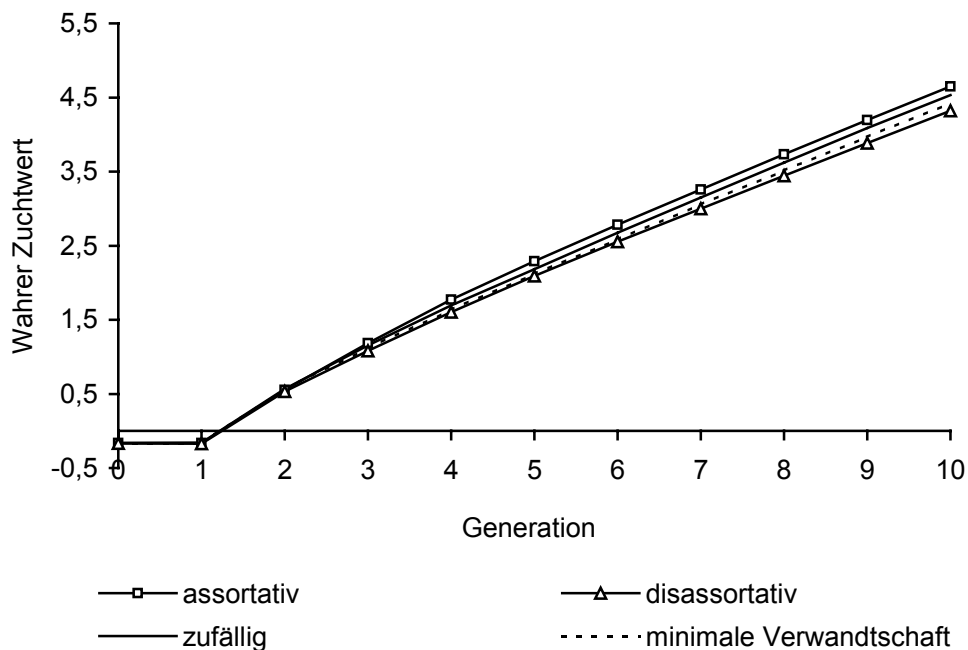


Abbildung 5.13: Zuchtwert bei unterschiedlichen Paarungssystemen in einer großen Population mit 4000 Einzelkäfigen und bei Selektion von zwei Söhnen pro Henne. Selektion anhand der Information aus der LP und QTL.

In Abbildung 5.14 wurde der Vergleich der additiv genetischen Standardabweichung bei reduzierter polygener Komponente und einer Selektion nur auf Basis der QTL-Information wiedergegeben. Der QTL-Genotypeffekt für die halbe Standardabweichung betrug $a=0,274$ und für die ganze Standardabweichung $a=0,574$. Der Zuchtfortschritt im Verlauf von zehn Generationen war für die genetische Standardabweichung $a=0,574$ deutlich überlegen (Abbildung 5.14). Bei der Betrachtung des Kurvenverlaufs wird deutlich, dass bei der QTL-Selektion die Überlegenheit der ganzen genetischen Standardabweichung gegenüber der halben Standardabweichung auch langfristig erhalten bleiben wird.

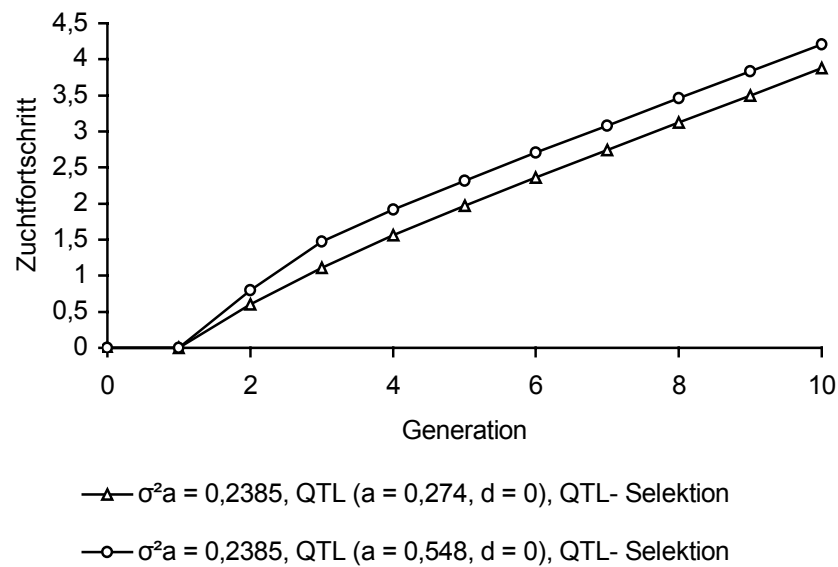


Abbildung 5.14: Vergleich des Zuchtfortschritts bei reduzierter polygener Komponente und unterschiedlichen QTL-Genotypeffekten.

5.3.3 Der Einfluss der Anzahl selektierter Söhne

Um verdeutlichen zu können, welchen Einfluss die Anzahl der selektierten Söhne pro Henne auf den Zuchtfortschritt ausübt, wurden ein bis vier Söhnen pro Henne selektiert und miteinander verglichen (Abbildung 5.15). Die Selektion erfolgte dabei auf Basis der Leistungsinformation. Die QTL-Genotypeffekte wurden gleich null gesetzt. Wie in Abbildung 5.14 zu sehen, steigt der Zuchtfortschritt mit zunehmender Anzahl der selektierten Söhne pro Henne.

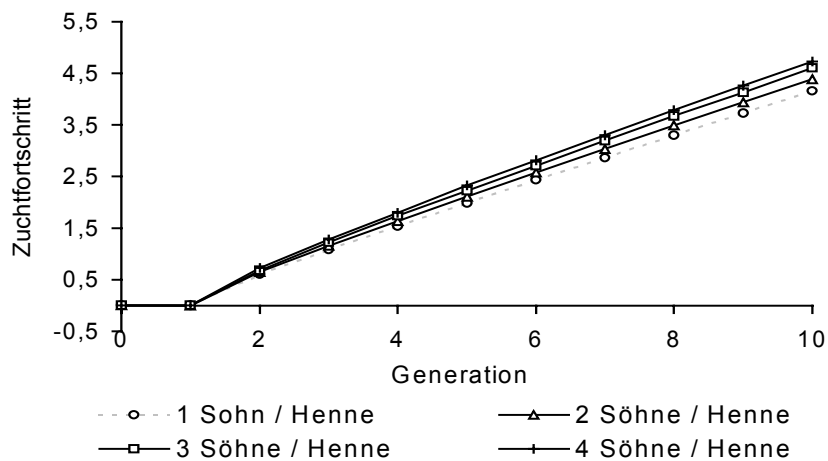


Abbildung 5.15: Zuchtfortschritt bei unterschiedlicher Anzahl selektierter Söhne für das genetische Modell ($a=0$; $d=0$) und polygener Selektion.

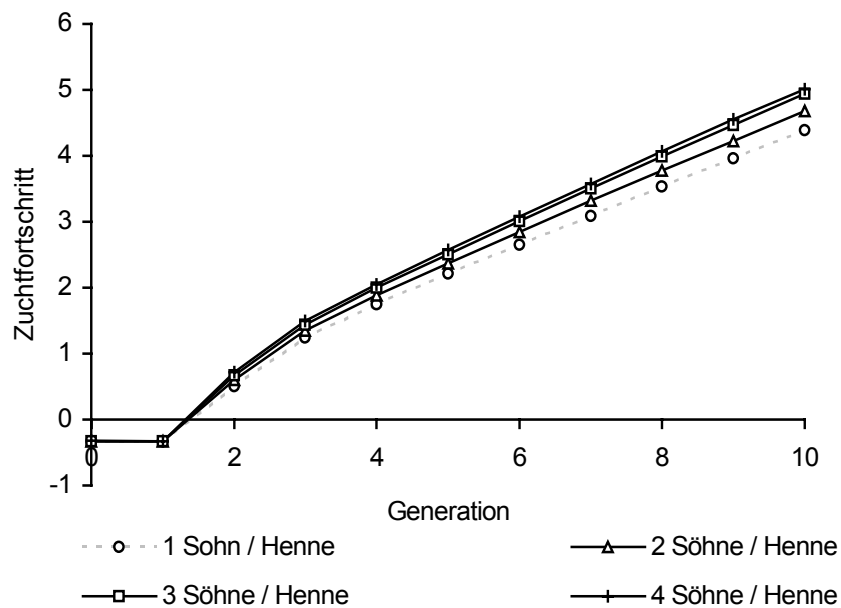


Abbildung 5.16: Zuchtfortschritt bei unterschiedlicher Anzahl von Söhnen für das genetische Modell ($a=0,548$; $d=0$) bei QTL-Selektion.

Weiterhin wurde die Selektionsstrategie variiert und untersucht, inwieweit sich die Anzahl der selektierten Söhne auf den Zuchtfortschritt auswirkt. Selektiert wurde dabei ausschließlich anhand der QTL-Information. Der QTL-Genotypeffekt betrug $a=0,548$ und $d=0$. Die Ergebnisse waren ähnlich wie bei der phänotypischen Selektion. Der

höchste Zuchtfortschritt wurde erzielt, wenn vier Söhne selektiert wurden und der niedrigste, wenn nur ein Sohn pro Henne selektiert wurde (Abbildung 5.16).

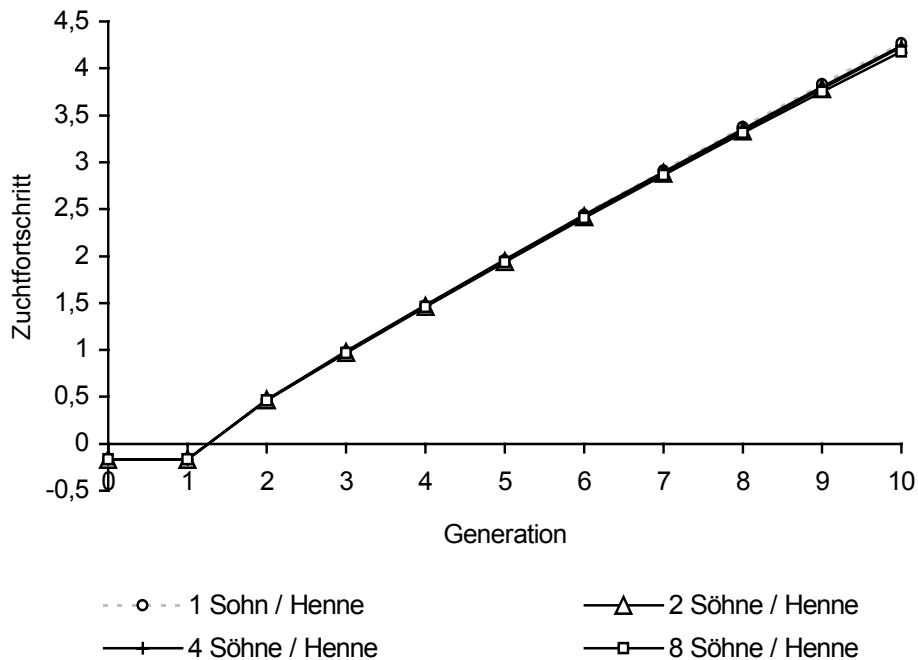


Abbildung 5.17: Zuchtfortschritt bei unterschiedlicher Anzahl Söhne pro Henne und markergestützter Selektion zwischen den Söhnen für das genetische Modell ($a=0,274$; $d=0$).

Während die Ergebnisse bei der phänotypischen Selektion und der genotypgestützten Selektion nahezu gleich waren, ist dies bei der Selektion anhand von Markerinformationen nicht der Fall. Hier wurden zwischen einem bis acht Söhne pro Henne selektiert. Selektiert wurde anhand der Markerinformation. Die QTL-Genotypeneffekte waren gleich null. Bis zur ca. achten Generation war der Zuchtfortschritt unabhängig von der Anzahl selektierter Söhne gleich. Ab der ca. achten Generation ist ein minimaler Unterschied erkennbar (Abbildung 5.17).

5.3.4 Der Einfluss der Anzahl an Markerallelen und der Chromosomensegmentlänge

Für die drei Selektionsstrategien (PAS, MAS und GAS) wurde der Einfluss der Anzahl an Markerallelen untersucht. Dazu wurde die Anzahl der Allele pro Marker von zwei auf zehn erhöht. Durch die unterschiedliche Anzahl der Markerallele konnte kein zusätzlicher Zuchtfortschritt erzielt werden (Abbildung 5.18). Dabei waren die Ergebnisse unabhängig von der eingesetzten Selektionsstrategie gleich.

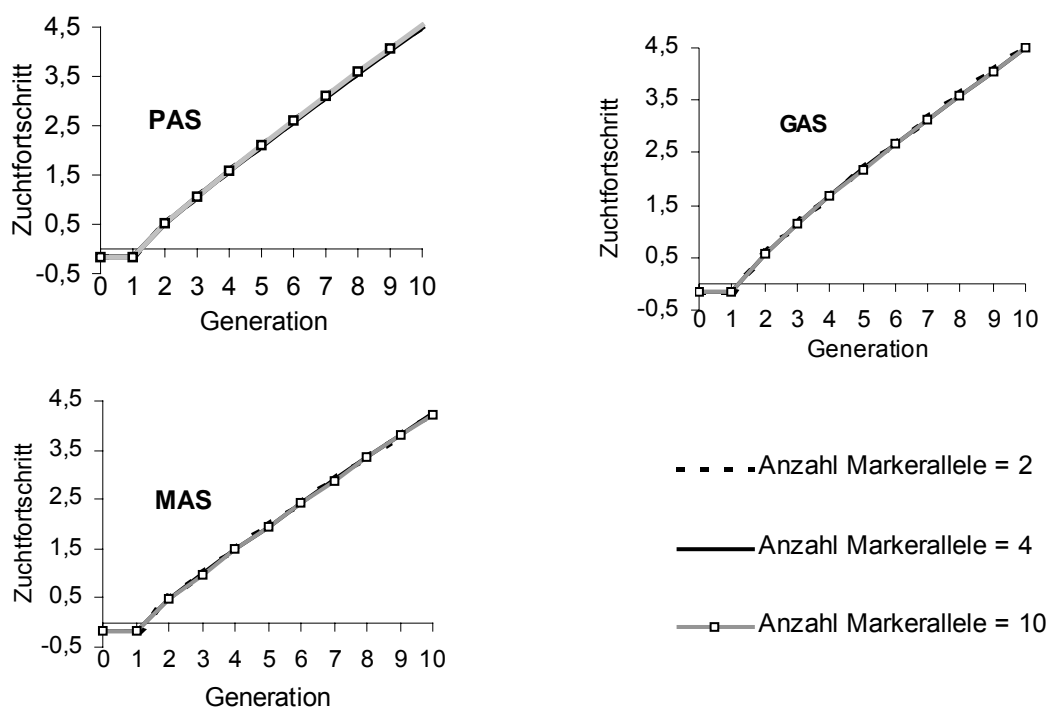


Abbildung 5.18: Vergleich der Anzahl an Markerallelen für die unterschiedlichen Selektionsstrategien (PAS, MAS und GAS).

Offensichtlich führt die Zunahme der Anzahl an Markerallelen nicht zwangsläufig zur Steigerung der informativen Markergenotypen und damit zur Steigerung des Zuchtfortschritts. Entscheidend ist dagegen, wie informativ die einzelnen Markerallele sind. Untersucht wurde auch, ob und inwieweit die Chromosomensegmentlänge den Zuchtfortschritt beeinflussen kann. Dazu wurde die Chromosomensegmentlänge variiert und der Einfluss bei der phänotypgestützten und genotypgestützten Selektion untersucht.

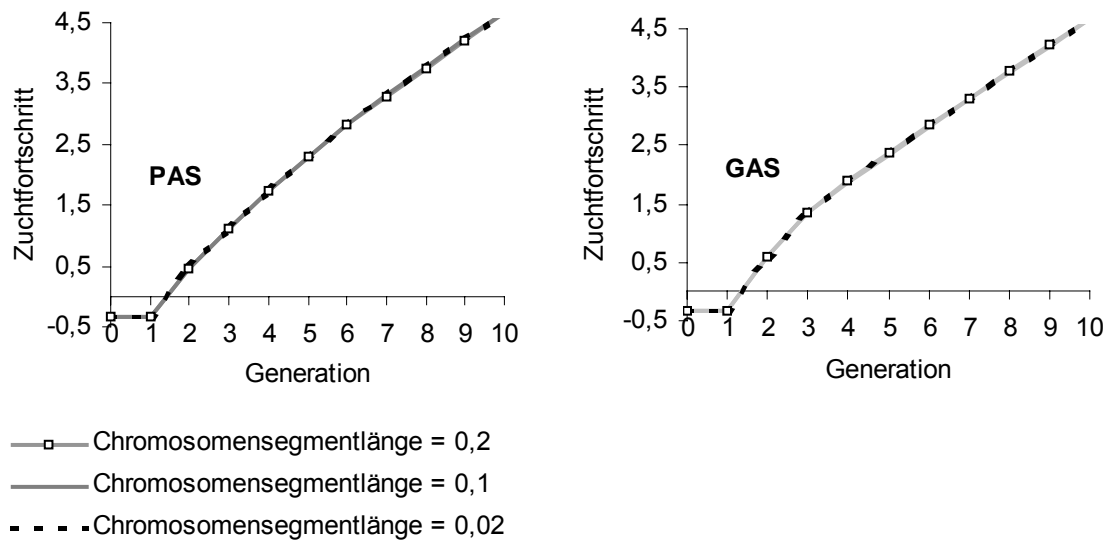


Abbildung 5.19: Vergleich der Chromosomensegmentlänge bei PAS und GAS.

Die Länge der Chromosomensegmente zeigte, wie auch schon die Anzahl der Markerallele, keinen Einfluss in Bezug auf den Zuchtfortschritt (Abbildung 5.19). Die Ergebnisse waren sowohl bei der phänotypgestützten Selektion als auch bei der genotypgestützten Selektion gleich.

6 Diskussion und Schlussfolgerungen

6.1 Konventionelle Legehennenzuchtstruktur

6.1.1 Vererbung herkunftsgleicher Allele

In kleinen geschlossenen Populationen nimmt die Wahrscheinlichkeit von Paarungen zwischen verwandten Tieren zu. Da verwandte Tiere gemeinsame Ahnen aufweisen, besitzen sie ein zum Teil übereinstimmendes Genom. Je höher die Verwandtschaft zwischen Paarungspartnern ist, umso größer ist die Wahrscheinlichkeit der Vererbung herkunftsgleicher Allele. Die genetische Identität führt zwangsläufig zur Inzucht und ist letztendlich mit Leistungseinbußen verbunden.

Auch durch Allelverluste innerhalb von Populationen in Folge scharfer Selektion und genetischer Drift kann die genetische Vielfalt einer Rasse beeinträchtigt sein. In der vorliegenden Simulationsstudie konnte anhand der untersuchten Populationen der Allelverlust innerhalb von zehn Generationen gezeigt werden. Dabei blieben in der großen Population von den ursprünglich 100 Allelen der 50 Basisväter und 1000 Allelen der 500 Basismütter nach zehn Generationen der Selektion nur noch weniger als jeweils 18 verschiedene Allele in der Population übrig.

Die genetische Diversität kann mit Hilfe von molekulargenetischen Markersystemen erfasst werden. Zu den wichtigsten Eigenschaften der Markersysteme zählt der Polymorphismus. Existieren mindestens zwei Ausprägungen, so gilt ein Marker als informativ. Auf der Basis von Mikrosatelliten konnte IRGANG (2001) die Homozygotiezunahme in einer geschlossenen New Hampshire-Linie beobachten. In dieser Linie stieg die anhand von 23 Mikrosatelliten ermittelte Homozygotie von 56,4% in der Generation 1982, auf 61,6% in der Generation 1994 an.

Nach PREISINGER (2004b) wurden zur Bewertung des Homozygotiegrades verschiedene Linien für Brauneierleger auf Basis von 100 Mikrosatelliten und fünf Stichproben analysiert. Die Experimentallinie wurde vor ungefähr 40 Jahren für Inzuchtversuche verwendet. Jedoch wird seit 25 Jahren die Vollgeschwisterpaarung bei dieser Linie nicht mehr angewendet (PREISINGER und FLOCK, 2002). In Tabelle 6.1 ist am Beispiel von vier kommerziellen Linien zu sehen, dass der Homozygotiegrad mit einem Anteil von

maximal 14% fixierten Allelen im Vergleich zu einer Experimentallinie mit 80% sehr gering ist (PREISINGER, 2004b). Der kontinuierliche Anstieg des allgemeinen Leistungsniveaus in der Legehennenzucht beweist, dass der Verlust an genetischer Varianz keine negativen Folgen hat.

Tabelle 6.1: Vergleich der Allelfrequenzen für Mikrosatelliten bei Linien für ein braunes kommerzielles Zuchtprogramm und einer Experimentallinie.

Linie	Anzahl Marker	Anteil fixierter Allele	Anzahl Allele/Marker
A	89	4	3,06
B	92	10	2,59
C	87	14	2,60
D	97	14	2,32
Exp.	103	80	1,20

Quelle: PREISINGER (2004a)

6.1.2 Unterschiedliche Einflüsse auf Inzuchtentwicklung und Zuchtfortschritt

Die Auswahl der geeigneten Paarungssysteme und Selektionsintensität können entscheidend dazu beitragen, Inzucht zu vermindern. In dieser Simulationsstudie konnte gezeigt werden, dass bei der assortativen Paarung mit Abstand der höchste Inzuchtkoeffizient erreicht wird. Der mittlere Inzuchtkoeffizient bei der assortativen Paarung lag um 91% höher als bei der Zufallspaarung. Bei der assortativen Paarung konnte allerdings ein nur noch um 5% mehr Zuchtfortschritt erzielt werden als bei der Zufallspaarung. Der Zuchtfortschritt und der Inzuchtzuwachs bei minimaler Verwandtschaftspaarung und disassortativer Paarung lag unterhalb der Zufallspaarung. Die minimale Verwandtschaftspaarung konnte vor allem auch bei leistungsfähigen Tieren eingesetzt werden, um die Inzuchtrate zu vermindern. Beim Vergleich verschiedener Paarungssysteme (Paarung zwischen Voll- und Halbgeschwistern, Ausgleichspaarung sowie minimale Verwandtschaftspaarung) fanden CABALLERO et al. (1996) heraus, dass die minimale Verwandtschaftspaarung am effizientesten ist, um Nachkommen mit der niedrigsten Inzuchtrate zu erzeugen. Auch wenn durch den Einsatz der richtigen Paarungsmethode Inzucht kurzfristig reduziert werden kann, bleibt die Inzuchtrate jedoch langfristig betrachtet unbeeinflusst. Deshalb ist es notwendig,

eine Strategie auszuarbeiten, die langfristig auf dem genetischen Beitrag der selektierten Kandidaten der nächsten Zuchttiergeneration basiert.

Das Anpaarungsverhältnis spielt in einem Legehennenzuchtprogramm eine wichtige Rolle. Unter der Berücksichtigung der biologischen Grenze kann ein Hahn mit maximal 15 Hennen angepaart werden. Deshalb wurden verschiedene Szenarien für die unterschiedlichen Populationstypen simuliert, um das optimale Anpaarungsverhältnis zu bestimmen. Der Zuchtfortschritt war am größten, wenn ein Hahn an fünf Hennen angepaart wurde. Unterschiedliche Selektionsintensitäten wurden für verschiedene Bestandsgrößen simuliert. In einem Bestand von 4000 Tiere konnte zum Beispiel ein hoher Zuchtfortschritt erzielt werden, wenn 500 Hennen und 50 Hähne selektiert wurden. Nach MUIR (1997) ist die optimale Selektionsstrategie nicht nur von der Selektionsintensität abhängig, sondern auch von den zu selektierenden Merkmalen. MUIR (1997) konnte mit Hilfe von Simulationen zeigen, dass bei kürzeren Generationen (<20 Generationen) und additiven Merkmalen hoher Zuchtfortschritt durch Maximierung der Selektionsintensität erzielt wird.

6.2 Einsatz der optimum genetic contribution (OGC) Theorie

6.2.1 Zuchtfortschritt

Die hier dargestellten Ergebnisse haben gezeigt, dass durch den Einsatz von GENCONT ein hoher Zuchtfortschritt bei kontrollierter Inzucht realisiert werden kann. Der direkte Vergleich des standardmäßigen Verfahrens des kommerziellen Legehennen-zuchtbetriebs (Szenario D) mit der Selektions- und Anpaarungsentscheidung in Szenario E zeigte, dass durch den Einsatz von GENCONT bei vergleichbar niedrigem Verwandtschaftszuwachs hoher Zuchtfortschritt erzielt werden konnte (Abbildung 6.1). Beim Einsatz von GENCONT lag die Verwandtschaft für die Linie 11 und die Linie 44 deutlich unterhalb dessen, was beim Zuchtunternehmen erreicht wurde. Die Verwandtschaft der Linie 22 lag dagegen für beide Szenarien auf fast gleichem Niveau (Abbildung 6.1).

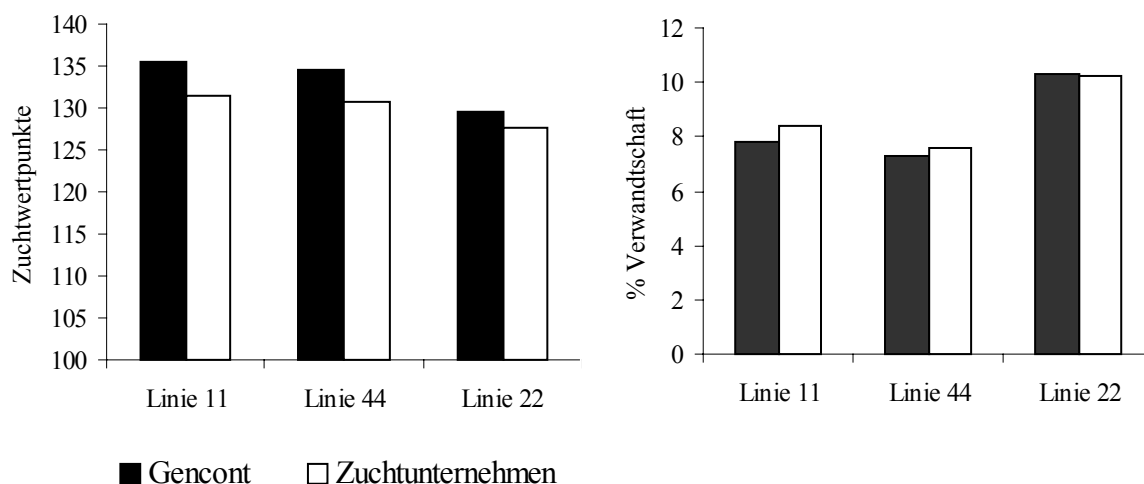
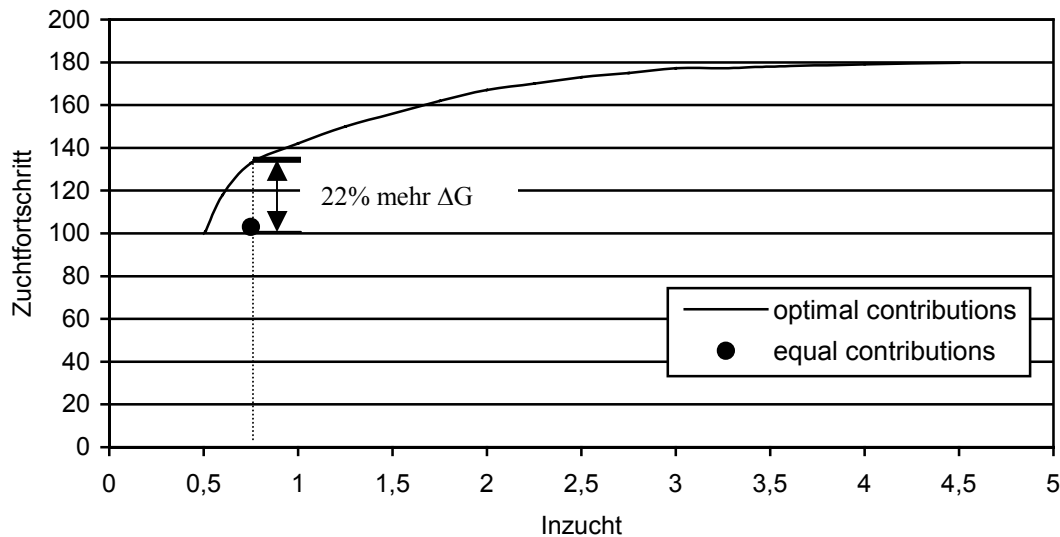


Abbildung 6.1: Zuchtfortschritt und Verwandtschaft der drei untersuchten Linien nach der Umsetzung der OGC-Theorie gegenüber dem Standardverfahren der Zuchtunternehmen.

Anderer Studien zeigten berichtet, dass durch den Einsatz der OGC-Theorie höherer Zuchtfortschritt erzielt werden konnte. So berichteten HANENBERG und MERKS (2001), dass durch den Einsatz der OGC in Schweinezuchtprogrammen bei gleichem

Verwandtschaftszuwachs ein um 22% höherer Zuchtfortschritt (optimal contributions) gegenüber konventionellen Verfahren (equal contributions) realisiert wurde (Abbildung 6.2).



Quelle: HANENBERG und MERKS (2001)

Abbildung 6.2: Vergleich zwischen Zuchtfortschritt und Inzuchtzuwachs.

Die Festlegung der Anzahl der Nachkommen pro Hahn und Henne (Szenario C) hat sich in Bezug auf den Zuchtfortschritt als nicht nützlich erwiesen. Bei den drei untersuchten Linien wurde deutlich niedrigere Zuchtfortschritt erzielt, wenn die Anzahl der Nachkommen von vorne herein festgelegt wurde. Dabei ist der Verwandtschaftszuwachs in Szenario C nur unwesentlich geringer als in den anderen Szenarien und steht deshalb nicht im Verhältnis zu dem, was an Zuchtfortschritt verloren geht.

6.2.2 Berücksichtigung überlappender Generationen

Die Berücksichtigung überlappender Generationen bei der Berechnung von GENCONT führte zu keinem abweichenden Ergebnis bzgl. des Zuchtfortschritts. Dies könnte darauf zurückzuführen sein, dass nur ca. 20% der selektierten Hähne aus der vorherigen Generation stammen. Alle Hennen dagegen stammen aus einer Generation und werden in der nächsten Generation nicht wieder selektiert, so dass vermutlich bei der

Berücksichtigung der überlappenden Generation keine abweichenden Ergebnisse gegenüber der nicht überlappenden Generation festzustellen war.

Studien beim Schwein zeigten allerdings, dass die Berücksichtigung der überlappenden Generationen zu höherem Zuchtfortschritt führt. KÖNIG et al. (2003) stellten fest, dass bei der Berücksichtigung der überlappenden Generationen in Schweinezuchtprogrammen, um 5,9 Punkte höhere Relativzuchtwerte gegenüber nicht überlappenden Generationen realisiert wurden. Allerdings wurde in ihren Studien bei der Definition der Alterklasse zum Zwecke der Berücksichtigung der überlappenden Generationen eine monatliche Selektion mit der Einteilung in monatliche Alterklassen verwendet. Das führte zu insgesamt 83 Alterklassen, wobei eine Alterklasse dem Zeitpunkt zwischen zwei aufeinanderfolgenden Selektionsrunden entspricht und die aktuell geborenen Tiere der Alterklasse eins angehörten. Im Vergleich dazu wurden in der Legehennenzucht nur drei Alterklassen verwendet, so dass möglicherweise die Berücksichtigung der überlappenden Generationen keinen Einfluss auf den Zuchtwert haben.

6.2.3 Verwandtschaft

Der mittlere Inzuchtkoeffizient nach zehn Generationen bewegte sich zwischen 4,9 % und 5,9 % für die Linie 11 (A-Position) und Linie 44 (D-Position), während er für die Linie 22 (Experimental-Linie) mit 8,1% vergleichbar hoch lag. Bei den hier untersuchten Linien handelte es sich um weiße Leghorn. Im Vergleich dazu wurde von PREISINGER (2004a) von ein mittlerer Inzuchtkoeffizienten zwischen 3,9% und 4,8% für Braunleger der Linie A und D festgestellt, wobei hier der Inzuchtzuwachs der untersuchten Linien unter 0,5% pro Jahr und damit auf einem niedrigen Niveau lag (Tabelle 6.2).

Tabelle 6.2: Durchschnittlicher Inzuchtkoeffizient nach 10 Generationen (Braunleger).

Linien	INZUCHTKOEFFIZIENT (%)		
	\bar{x}	min.	max.
A	4,8	1,1	15,8
D	3,9	0,8	12,3

Quelle: PREISINGER (2004a)

Unabhängig davon, ob die vorgegebene maximal zulässige verwandtschaftliche Beziehung anhand der durchschnittlichen Verwandtschaft oder der durchschnittlichen Inzucht begrenzt wurde, konnte in Bezug auf den Zuwachs des durchschnittlichen Zuchtwerts kein Unterschied festgestellt werden. In anderen Studien wurde allerdings empfohlen, die Begrenzung anhand der durchschnittlichen Verwandtschaft vorzunehmen. Von MEUWISSEN (1997) wurde eine Maximierung der genetischen Leistung der selektierten Gruppe durch die Einschränkung der durchschnittlichen Verwandtschaft zwischen den selektierten Individuen vorgeschlagen. Die optimale Gruppe der selektierten Kandidaten ist so ausgewählt, dass der durchschnittliche Zuchtwert erhöht wird. Bei einer langfristig angelegten Betrachtungsweise mit dem Ziel, die für die züchterische Weiterentwicklung einer Population erforderliche genetische Varianz nachhaltig zu sichern, wurde nach SIMIANER et al. (2003) empfohlen, die maximal zulässige verwandtschaftliche Beziehung mit Hilfe der durchschnittlichen Verwandtschaft anstelle der durchschnittlichen Inzucht zu begrenzen.

Bemerkenswert niedrig war die durchschnittliche Verwandtschaft nach der konkreten Anpaarung. Die durchschnittliche Verwandtschaft der drei untersuchten Linien vor der Anpaarung bewegte sich zwischen 11%-18%. Nach der optimalen Anpaarung konnte die durchschnittliche Verwandtschaft auf 7%-10% reduziert werden. Dies ist darauf zurückzuführen, dass vor der Anpaarung zunächst die Verwandtschaft der einzelnen Selektionskandidaten genau berechnet wurde, so dass diese bei der optimalen Anpaarung berücksichtigt werden konnte.

WEIGEL und LIN (2002) setzten ebenfalls die OGC-Theorie beim Rind ein. In dieser Studie wurde die OGC-Theorie dazu verwendet, die Verwandtschaft innerhalb von junger Bullen zu kontrollieren. Die Einschränkung erfolgte anhand der durchschnittliche Verwandtschaft. Sie kamen zu dem Schluss, dass eine angemessene Begrenzung der durchschnittlichen Verwandtschaft zu keinem nennenswerten Verlust an Zuchtfortschritt führt. Sie halten den Einsatz der OGC-Theorie für eine geeignete Methode, um die Verwandtschaft innerhalb junger Bullen aus Eliteanpaarungen zu kontrollieren und gleichzeitig den genetischen Gewinn zu maximieren.

6.2.4 Die Anzahl der Selektionskandidaten

Der Einfluss der Anzahl der selektierten Hähne und Hennen in Bezug auf den Zuchtfortschritt wurde ebenfalls bei der Berechnung von GENCONT deutlich. So war der Zuchtfortschritt innerhalb der großen Population (Linie 11 und Linie 44) am höchsten, wenn ca. 22 Hähne und ca. 435 Hennen selektiert wurden. Der Zuchtfortschritt für die kleine Population (Linie 22) war am höchsten, wenn 17 Hähne und 167 Hennen selektiert wurden. Im Vergleich dazu selektieren die Zuchtunternehmen in den großen Populationen standardmäßig 60 Hähne und 600 Hennen und in der kleinen Population 20 Hähne und 200 Hennen. Bei gleichem Verwandtschaftszuwachs ist der bei den Zuchtunternehmen erzielte Zuchtfortschritt wesentlich geringer als bei der Anwendung von GENCONT. Aus diesem Grund wird in dieser Studie klar empfohlen, die Selektionsentscheidungen unter Einsatz der OGC- Theorie zu treffen, um bei einer vorgegebenen maximal zulässigen verwandtschaftlichen Beziehung einen höheren Zuchtfortschritt realisieren zu können.

6.3 Markergestützte Selektion (MAS)

6.3.1 Die drei Selektionsschemen (PAS, MAS und GAS)

In Bezug auf den Zuchtfortschritt wurden die phänotypgestützte Selektion (PAS), die markergestützte Selektion (MAS zwischen den Söhnen) und die genotypgestützte Selektion (GAS) miteinander verglichen. Bei dem Vergleich der phänotypgestützte Selektion (PAS) mit der genotypgestützten Selektion (GAS) konnte gezeigt werden, dass die genotypgestützte Selektion bzgl. des Zuchtfortschritts kurzfristig (<5 Generationen) überlegen war. Durch GAS konnte ein bis zu 20,6% größere Zuchtfortschritt erreicht werden. Langfristig (>5 Generationen) nimmt die Überlegenheit des Zuchtfortschrittes durch GAS ab. Auf lange Sicht (> 10 Generation) kann es sogar zu einer Unterlegenheit der GAS gegenüber der phänotypgestützten Selektion (PAS) sowie markergestützten Selektion (MAS zwischen den Söhnen) kommen. Der Verlauf des Zuchtfortschritts durch markergestützte Selektion (MAS) zwischen den Söhnen und durch phänotypgestützte Selektion (PAS) war bis zur zehnten Generation gleich groß. Erwartungsgemäß sollte der Zuchtfortschritt durch MAS zumindest kurzfristig größer sein als durch PAS, was allerdings hier nicht der Fall war. Dies lässt sich nur damit erklären, dass hier die markergestützte Selektion nur zwischen den Söhnen durchgeführt wurde und nicht für alle Selektionskandidaten. Dadurch ist kurzfristig kein Unterschied zwischen den beiden Selektionsschemata feststellbar. Grundsätzlich ist der Zuchtfortschritt kurzfristig höher, wenn die Selektion direkt über die QTL erfolgt, als über die Marker oder über die traditionelle Selektionsmethode (ohne QTL-Information). Bei MAS erfolgt die Selektion der QTL indirekt anhand von Markern, die mit der QTL gekoppelt sind. Die QTL-Effekte sind nicht bekannt, sondern werden aus Daten geschätzt. Deshalb ist MAS im Vergleich zur GAS weniger effektiv.

Wie auch die Arbeit von DEKKERS (1998) bestätigt, sinkt der Vorteil der QTL-Selektion gegenüber der polygenen Selektion mit zunehmender Generation. Denn bereits in den ersten Generationen werden die QTLs fixiert. Wenn keine weiteren neuen QTLs mehr gefunden werden, ist die Abnahme des Zuchtfortschrittes nach anfänglichem Anstieg vorprogrammiert. Der Zuchtfortschritt durch genotypgestützte Selektion kann nur dann langfristig überlegen sein, wenn ständig neue QTLs identifiziert werden können.

In Untersuchungen von STELLA et al. (2002) wurden mehrere Strategien zur dauerhaften Anwendung von QTL-Auffindung und markergestützter Selektion entwickelt, die im Hinblick auf kurz- und langfristige Zuchtfortschritte miteinander verglichen wurden. Der maximale Fortschritt konnte erzielt werden, wenn in jeder Generation nach zahlreichen Markersätzen, die in der Nähe multipler potentieller QTLs lagen, selektiert wurde, als wenn die Selektion nur noch auf dem einzigen in Frage kommenden QTL basierte. Die markergestützte Selektion behielt die Überlegenheit gegenüber der konventionellen Selektion, wenn nach verschiedenen QTLs in unterschiedlichen Generationen selektiert wurde.

Durch die Notwendigkeit ständig neue QTLs zu identifizieren, kann es zu einer Art Wettbewerbssituation zwischen den Zuchtunternehmen kommen. Damit steigt auch die Bereitschaft der Zuchtunternehmen, großangelegte QTL-Studien zu finanzieren und die Forschung voranzutreiben. In der nahen Zukunft wird es möglich sein, QTLs durch die Feinkartierung genauer zu bestimmen, so dass dadurch ein erheblicher Zugewinn erwartet werden kann.

In einer Studie von VILLANUEVA et al. (2002) wurden ebenfalls die drei unterschiedlichen Selektionsstrategien (MAS, GAS und PAS) im Verlauf von zehn Generationen miteinander verglichen. Außerdem wurden zwei Selektionsschemata (Optimale-Selektion und Truncation-Selektion) verwendet. Bei der Optimale-Selektionsmethode wurde der Zuchtfortschritt unter Einschränkung der Inzucht erhöht, während bei der Truncation-Selektion eine bestimmte Anzahl von männlichen und weiblichen Tieren mit einem höher geschätzten Zuchtwert als die Elterntiere für die nächste Generation selektiert wurden. In den ersten Generationen wurde durch MAS im Vergleich zur PAS sowohl für die Truncation-Selektion als auch für die Optimale Selektion ein hoher Zuchtfortschritt erzielt. Der Zuchtfortschritt durch MAS war für die Generationen drei und vier um 6% höher als durch PAS. Der Vorteil von MAS in den früheren Generationen war allerdings im Vergleich zur GAS deutlich geringer. Durch GAS wurde im Vergleich zur PAS bei der Truncation-Selektion ein um 11% und bei der Optimale-Selektion ein um 16% größerer Zuchtfortschritt erzielt. In allen Fällen der Truncation-Selektion waren die günstigen Allele ungefähr ab der neunten Generation bereits fixiert. Nach VILLANUEVA et al. (2002) wurde durch die Optimale Selektion ein

größeren Zuchtfortschritt erzielt als durch die Truncation-Selektion. Außerdem wurde mit der Optimale-Selektion der maximale Zuchtfortschritt früher erreicht als mit der Truncation-Selektion. Durch den Einsatz von MAS in Verbindung mit dem Optimale-Selektionsschema konnte bereits nach den ersten Generationen 15% bis 24% mehr Zuchtfortschritt erzielt werden, als bei der Verwendung von MAS mit dem Truncation-Selektionsschema. VILLANUEVA et al. (2002) kamen zu dem Schluss, dass die Optimierung des genetischen Beitrags einen viel größeren Einfluss auf den Zuchtfortschritt hat als der Einsatz von Markern.

Auch in der vorliegenden Arbeit wurde der genetische Beitrag der Selektionskandidaten mit Hilfe der OGC-Theorie optimiert. Bei dem Vergleich der drei Selektionsstrategien (PAS, MAS und GAS) wurde aber das Optimale Selektionsschema nicht eingesetzt. Deshalb können die Ergebnisse in Bezug auf das Optimale Selektionsschema nicht direkt miteinander verglichen werden. Grundsätzlich stimmen aber die Ergebnisse überein. Auf der Grundlage dieser Studie kann empfohlen werden, die OGC-Theorie mit den Selektionsstrategien PAS, MAS und GAS zu kombinieren, um optimale Zuchtfortschritt mit begrenztem Inzuchtwuchs erzielen zu können.

6.3.2 Markergestützte Anpaarung

Bei der OGC-Theorie wurde unter der Vorgabe, dass die durchschnittliche Verwandtschaft bzw. die durchschnittliche Inzucht einen vorgegebenen Wert nicht überschreitet, die optimale Einsatzhäufigkeit der Selektionskandidaten und die Verwandtschaftskoeffizienten aller möglichen Paarungen bestimmt und optimal angepaart. Im Gegensatz dazu können bei der markergestützten Anpaarung neben den Kriterien der Leistungsmerkmale auch die genetischen Distanzen zwischen den Paarungspartnern mit einbezogen werden. Durch die Auswahl der genetisch entfernt liegende Paarungspartner wird die genetische Variabilität maximiert. Dies führt zur Steigerung der Reproduktionsleistung und zur Reduktion der Inzuchtentwicklung.

In der vorliegenden Simulationsstudie konnte gezeigt werden, dass vor allem das assortative Paarungssystem zu erheblichen Verlusten der genetischen Variabilität führt. Dabei gingen über 90% der Allele der Basisväter und sogar mehr als 99% der Allele der

Basismütter innerhalb von zehn Generationen verloren. Bei der assortativen Paarung wurde mit Abstand der höchste Inzuchtkoeffizient erreicht, aber auch der höchste Zuchtfortschritt. Der Vergleich der assortativen Paarung mit der Zufallspaarung zeigte, dass der Zuchtfortschritt durch assortative Paarung um nur 5% höher lag als bei der Zufallspaarung, während dagegen der mittlere Inzuchtkoeffizient der assortativen Paarung um 91% größer war als bei der Zufallspaarung. Als Alternative zum assortativen Paarungssystem, bietet sich neben der Zufallspaarung und der minimalen Verwandtschaftspaarung, die markergestützte Anpaarung an.

In einer Studie von ATZMON et al. (2002) konnte bei Legehennen ein Zusammenhang zwischen der genetischen Distanz und der Leistung festgestellt werden. Dazu wurden die Genotypen für 24 Mikrosatelliten zur Schätzung der Legeleistung der Nachkommen verwendet. Wurden 25% der genetisch entferntesten Väter mit Hilfe von Markern selektiert, so führte dies zu einer Steigerung der Legeleistung der Kreuzungstöchter um ca. neun Eier (dies entspricht etwa 3%).

6.3.3 Die Untersuchung der unterschiedlichen Einflussfaktoren

Bei den unterschiedlichen Selektionsstrategien wurden verschiedene Faktoren, die den Zuchtfortschritt beeinflussen können, untersucht. Dazu gehört beispielsweise der QTL-Genotypeffekt, die Anzahl selektierter Söhne pro Henne, die Anzahl der Markerallele und die Chromosomensegmentlänge. Bei der Untersuchung des QTL-Genotypeffekts war der Zuchtfortschritt für die ganze genetische Standardabweichung $a = 0,574$ höher im Vergleich zu der halben genetischen Standardabweichung $a = 0,274$. Im Gegensatz dazu hatte der Dominanzgrad kaum Einfluss auf den Zuchtfortschritt. In einer Studie von DEKKERS (2004) wurden ebenfalls übereinstimmende Ergebnisse erzielt. Darin wurde Studie wurde die phänotypgestützte Selektion mit optimierter Selektion und die genotypgestützte Selektion in Bezug auf den Zuchtfortschritt verglichen. Der Dominanzgrad wurde dabei variiert. Es stellte sich heraus, dass der Dominanzgrad keinen nennenswerten Einfluss hatte.

Der Einfluss der Anzahl an selektierten Söhnen pro Henne, war von der eingesetzten Selektionsstrategie abhängig. Bei der genotyp- und phänotypgestützten Selektion stieg der Zuchtfortschritt mit zunehmender Anzahl der selektierten Söhne. Dagegen gab es

kaum Unterschiede bzgl. des Zuchtfortschritts bei der markergestützten Selektion, wenn die Anzahl der selektierten Söhne von eins auf acht erhöht wurde.

Untersucht wurde auch, ob der Anteil der informativen Markergenotypen und damit der Zuchtfortschritt durch die Anzahl der Markerallele sowie die Chromosomensegmentlänge beeinflusst werden kann. Die Untersuchung wurde für die unterschiedlichen Selektionsstrategien (PAS, MAS und GAS) im Verlauf von zehn Generationen durchgeführt. Dazu wurde zunächst die Anzahl der Allele pro Marker von zwei auf zehn erhöht. Der Zuchtfortschritt wurde allerdings durch die Erhöhung der Anzahl der Markerallele nicht beeinflusst. Dies ist vermutlich darauf zurückzuführen, dass der Markerlocus nicht informativ war, so dass die Erhöhung der Anzahl der Markerallele nicht zur Steigerung des Zuchtfortschrittes führte.

Um den Einfluss der Chromosomensegmentlänge untersuchen zu können, wurde die Chromosomensegmentlänge variiert und für die unterschiedlichen Selektionsstrategien im Verlauf von zehn Generationen untersucht. Die Länge des Chromosomensegments zeigte ebenfalls keinen Einfluss in Bezug auf den Zuchtfortschritt.

6.3.4 Der kommerzielle Einsatz der markergestützten Selektion (MAS)

Zahlreichen Untersuchungen fanden einen Zusammenhang zwischen Marker und Leistungsmerkmale. Auch im Rahmen dieser Arbeit wurde der Einfluss der verschiedenen Marker auf die Merkmale statistisch ausgewertet (unveröffentlicht). Die Signifikanz eines Effektes wurde mit dem untersucht. Mittels F-Test wurde ein schwach- bis hochsignifikanter Effekt der Marker auf die verschiedenen Merkmale festgestellt. Bei der markergestützten Selektion können nun die Tiere, die diesen vorteilhaften Markern besitzen als Elterntier für die nächste Generation selektiert werden.

Die kommerziellen Einsatzmöglichkeiten der markergestützten Selektion sind in verschiedenen Publikationen beschrieben. Nach STEINHEUER (2001) setzt die Pig Improvement Company (PIC) in Deutschland bereits zwei Wurfgrößenmarker – LS1 und LS4 – beim Schwein ein. In den Nukleusbetrieben werden alle Tiere routinemäßig

auf das Vorhandensein vorteilhafter Allele des Markers LS1 untersucht, um dann gezielt eingesetzt werden zu können. Gleichzeitig werden in den Nukleusbetrieben die Mutterlinien auf das Vorhandensein des LS4-Markers untersucht. Die Gentests für die Marker im ESR-, PRLR-, RBP4- und EGF-Gen wurden von der PIC patentiert. Es handelt sich bei den offiziell LS1 bis LS4 genannten Wurfgrößenmarkern der PIC vermutlich um die vier patentierten Marker (STEINHEUER, 2001).

Durch den Einsatz der MAS kann die Häufigkeit eines nachteilhaften Genabschnitts in der gesamten Population reduziert werden. In der Studie von REESE und WEIGEND (2004) wurden die genetischen Ursachen der Fischei-Problematik beim Huhn untersucht. Ausgelöst wird der Geruch durch die Substanz Trimethylamin (TMA), die beim Abbau von Fischprotein für diesen typischen Geruch des Eidotters verantwortlich ist (REESE und WEIGEND, 2004). In dieser Studie wurde nach genetischen Markern, die mit hohen TMA-N-Gehalten in Verbindung gebracht werden konnten, gesucht. Dabei wurde ein hoch signifikanter Zusammenhang zwischen Marker und dem TMA-N-Gehalt im Eidotter festgestellt. Für die Untersuchungen wurden Tiere aus einer F₂-Kreuzung verwendet, die aus einer Kreuzung von Rhodeländer-Hennen mit Weißen Leghorn-Hähnen hervorgegangen waren. Alle Rhodeländer-Hennen wiesen Fischgeruch im Ei auf, während bei Tieren der Rasse Weißes Leghorn bisher keine Merkmalsträger gefunden wurden (REESE et al., 2002). Die Typisierung der F₂-Generation eines Kreuzungsversuchs zeigte, dass die entdeckten Marker für Fischgeruch bei über 90% der Tiere identifiziert wurden und für das Auftreten des Fischgeruchs beim Huhn ein Defekt im FMO3-Gen verantwortlich ist (REESE und WEIGEND, 2004).

Die Marek'sche Krankheit ist eine lymphoproliferative Infektionskrankheit beim Huhn, die durch das Herpesvirus verursacht wird. Da durch die Marek'sche Krankheit erheblichen wirtschaftlichen Einbußen entstehen, wird in vielen Studien daran gearbeitet, die für diese Krankheit verantwortlichen Gene bzw. anonymen Marker zu identifizieren. Der Geflügel-Majorhistokompatibilitätskomplex (MHC) wird in Zusammenhang mit der Resistenz gegen Marek'sche Geflügellähme gebracht (LAKSHMANAN et al. 1997). Informationen über den MHC können die Effizienz der Selektion für die immunologischen Merkmale verbessern. Dies lässt sich entweder durch den Einsatz der markergestützten Selektion oder durch die direkte Selektion von

RFLP bzw. MHC Haplotypen erreichen (UNI et al. 1993). Der MHC des Huhnes besteht aus drei Klassen von Genen: B-F (Klasse-I), B-L (Klasse-II) und B-G (Klasse-IV) (LAKSHMANAN et al. 1997; ZHOU und LAMONT, 2003).

Nach CHING LIU et al. 2001 sind neben den MHC-Genen auch nicht-MHC-Gene dafür bekannt, die Marek'sche Krankheit zu beeinflussen. In ihrer Studie stellten sie fest, dass das Wachstumshormon (GH) direkt mit der genetischen Resistenz der Marek'schen Krankheit in Zusammenhang steht. Sie kamen zu dem Schluss, dass GH wahrscheinlich das Resistenzgen der Marek'schen Krankheit ist. WEIGEND et al. (2001) haben in ihrer Studie die molekularen Unterschiede im MHC in Bezug auf die Empfindlichkeit gegen die Marek'sche Krankheit bei Weißen Leghorn Hühnern untersucht. Dazu wurden F₂ Kreuzungsnachkommen, die aus Hühnerlinien mit differierenden B (MHC) Blutgruppenfaktor hervorgingen, einer Erregerbelastung mit dem Marekvirus durch Kontaktinfektion ausgesetzt. Sie untersuchten anschließend RFLP für MHC Klasse I, II und IV. Zwei der elf MHC Klasse-IV Polymorphismen zeigten einen signifikanten Effekt. Generell konnten sie keine strenge Assoziation zwischen den MHC Polymorphismen und der Überlebenszeit nach der Infektion bei diesen F₂ Kreuzungstieren beobachten. ZHOU und LAMONT (2003) brachten die MHC Klassen I und II in Zusammenhang mit der immunologischen Reaktion gegen *Salmonella enteritidis*. Sie untersuchten SNPs für MHC Klasse I und II und stellten einen signifikanten Effekt fest. Sie kamen zu dem Schluss, dass die SNPs bei dem Einsatz der markergestützten Selektion verwendet werden können, um die immunologische Reaktion beim Huhn zu verbessern.

6.3.5 Die ökonomischen Aspekte der marker-genotypgestützten Selektion

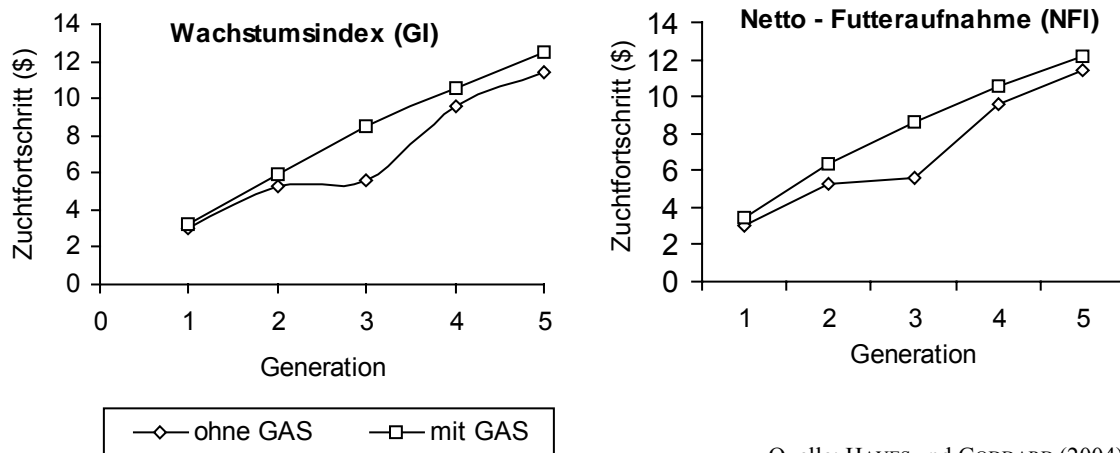
Der Einsatz der MAS bzw. GAS in einem praktischen Zuchtprogramm hängt von den relativen Kosten und der zu erwartenden Rendite im Vergleich zur konventionellen Zuchtmethode ab. Im Rahmen dieser Arbeit standen Datensätze für die Untersuchung des Einflusses der Marker auf bestimmte Merkmale zur Verfügung. Diese Daten basierten auf dem Genotypisierungsergebnis der Hähne. In erster Linie war es wichtig, die Logistik und Prozeduren für die DNA Sammlung, Lagerung sowie die Genotypisierung und Dataanalysis zu entwickeln. Wenn das System eins etabliert ist,

kann die Kosten für die Genotypisierung erheblich gesenkt werden, so dass auch die Hennen genotypisiert werden können. Denn der Einsatz der MAS hängt entscheidend von den Kosten der Genotypisierung ab. So wurde z.B. die Rentabilität nach HAYES und GODDARD (2004) als zusätzlicher Gewinn durch GAS abzüglich der Kosten für die Genotypisierung der Selektionskandidaten definiert.

XIE und XU (1998) haben die Effizienz der MAS im Vergleich zur konventionellen Selektion bezüglich Gewinn per Einheitskosten analysiert. Sie kamen zu dem Schluss, dass die MAS, wenn man den Kostenfaktor zunächst einmal außer Acht lässt, im Vergleich zur konventionellen Selektion effektiver ist und zur Steigerung des Zuchtwerts führen kann. Ist das Hauptziel jedoch die Gewinnmaximierung per Einheitskosten, so ist die MAS gegenüber der konventionellen Selektion in den meisten untersuchten Selektionsschemen unterlegen. Diese Unterlegenheit gilt nur unter der Voraussetzung, dass das Kostenverhältnis (r) zur Erhaltung von phänotypischen Messdaten bis hin zur Wertung der Markerloci kleiner als die Einheit ($r \leq 1,0$) und die Heritabilität (h^2) größer als 0,3 ist. Die Effizienz der MAS steigt bei zunehmendem (r) und abnehmendem (h^2). XIE und XU (1998) weisen außerdem darauf hin, dass der Einsatz der MAS in Zukunft effektiver werden kann, wenn die Kosten für die Untersuchungen von molekularen Markern weiterhin sinken.

HAYES und GODDARD (2004) untersuchten den zusätzlichen ökonomischen Gewinn durch die Nutzung von direkten Gentests in einem kommerziellen Schweinezuchtunternehmen. Dazu wurde eine Schweinepopulation mit segregierenden QTL und Markern simuliert. Der QTL beeinflusste die Merkmale Wachstumsindex (GI), Netto-Futteraufnahme (NFI), lebend geborene Ferkel (PBA) und Fleischqualität-Index (MQI). Untersucht wurden dabei vier Strategien: GAS-GI, GAS-NFI, GAS-PBA und GAS-MQI. Der zusätzliche Gewinn durch das GAS-Schema wurde in Dollar unter Verwendung des ökonomischen Modells des Schweinezuchtunternehmens berechnet. Nach fünf Generationen der Selektion wurde der zusätzliche Ertrag durch den Einsatz von GAS als die Differenz der Selektionsstrategien mit GAS und ohne GAS berechnet. Der Zuchtwert (EBV) wurde in jeder Generation jeweils mit GAS und ohne GAS geschätzt. Die Anwendung von GAS erfolgte mit Hilfe eines einzelnen identifizierten Loci. Für die Merkmale Wachstumsindex (GI), Netto-Futteraufnahme (NFI), lebend

geborene Ferkel und Fleischqualität-Index (MQI) lassen sich ca. 25% der gesamten genetischen Varianz über die identifizierten Loci erklären. Durch GAS-GI und GAS-NFI konnte ein größeren Zuchtfortschritt (\$) erzielt werden als ohne GAS (Abbildung 6.4).



Quelle: HAYES und GODDARD (2004)

Abbildung 6.3: Zuchtfortschritt durch die Anwendung der genotyp-gestützten Selektion (Zuchtfortschritt in Generation 0 = 0\$).

GAS-GI und GAS-NFI hatten bei den ökonomischen Bewertungen durch HAYES und GODDARD (2004), den größten Ertrag und die höchste Gewinnschwelle der Genotypisierungskosten (Tabelle 6.3). Damit GAS auf Dauer gewinnbringend bleibt, sollten die Kosten für die Genotypisierung eines identifizierten Locus, der den Wachstumsindex (GI) und die Netto-Futteraufnahme (NFI) beeinflusst, kleiner als 104\$ bzw. 97\$ sein (HAYES und GODDARD, 2004). Weiterhin wurde gefolgert, dass die Genotypisierung der Loci, die ca. 25% der genetischen Varianz erklären, für Loci, die insbesondere die Merkmale NFI und GI beeinflussen, gewinnbringend ist.

Tabelle 6.3: Ertrag (\$) und Gewinnschwelle der Genotypisierungskosten
Nucleus-Schweine für GAS-GI, GAS-NFI, GAS-PBA und
GAS-MQI.

Strategie	Ertrag (\$)	Gewinnschwelle der Genotypisierungskosten (\$/Schwein)
GAS-GI	8,38	104,36
GAS-NFI	7,79	97,09
GAS-PBA	7,36	78,13
GAS-MQI	7,53	80,04

Quelle: HAYES und GODDARD (2004)

GOOTWINE et al. (2001) untersuchten die wirtschaftlichen und die genetischen Aspekte des Einsatz von Introgression bei Milchschaafen. Durch die Einführung des B Alleles vom FecB (Booroola)-Gen in den Awassi und Assaf Rassen war es möglich, die Anzahl der Lämmer von ca. 1,2 auf 2 Lämmer pro Mutterschaf zu erhöhen und damit die Produktivität und die Wirtschaftlichkeit zu steigern.

Zusammenfassend ist festzuhalten, dass der Nutzen einer markergestützten Selektion den Kosten gegenübergestellt werden sollte. Die Zusatzkosten durch MAS sind zur Zeit noch hoch verglichen mit dem erzielten Zuchtfortschritt. Um die Kosten langfristig zu senken, sollte in einem Legehennenzuchtprogramm, das MAS anwendet, zusätzlich eine neue Infrastruktur für die molekulargenetische Analyse und begleitende QTL-Forschung aufgebaut werden. Nur so kann langfristig das Potential der MAS, insbesondere im Hinblick auf die Verbesserung der Krankheitsresistenz und die Verbesserung der Merkmale mit niedriger Erblichkeit, ausgeschöpft werden.

7 Zusammenfassung

Die Aufgabenstellung der vorliegenden Arbeit bestand zunächst einmal in der Analyse der konventionellen Legehennenzucht. Zu diesem Zweck wurden unter anderem die Inzuchtentwicklung, der Zuchtfortschritt sowie unterschiedliche Selektions- und Anpaarungsstrategien untersucht. Basierend auf den Untersuchungsergebnissen der konventionellen Legehennenzucht wurden anschließend moderne Methoden zur Verbesserung des Legehennenzuchtprogramms einbezogen und Optimierungsvorschläge erarbeitet. Für die Untersuchung standen drei kommerzielle Linien aus dem Zuchtprogramm der LSL (Lohmann Selected Leghorn) zur Verfügung. Für diese Linien wurden verschiedene Szenarien simuliert. Dazu gehörte die Auswahl der geeigneten Paarungssysteme, die Zahl der selektierten Hennen und Hähne sowie der Homozygotiegrad. Um festzustellen, inwieweit der Zuchtfortschritt von der Anzahl der selektierten Tiere beeinflusst wird, wurde die Zahl der selektierten Hennen und Hähne variiert.

In der großen Population mit 4000 Einzelkäfigen konnte ein hoher Zuchtfortschritt erzielt werden, wenn 500 Hennen und 50 Hähne selektiert wurden. Bei der mittleren Population mit 1500 Einzelkäfigen war die Selektion von 200 Hennen und 50 Hähnen in Bezug auf den Zuchtfortschritt optimal. In der kleinen bzw. Reservepopulation mit 500 Einzelkäfigen konnte ein hoher Zuchtfortschritt bei der Selektion von 120 Hennen und 30 Hähnen erreicht werden.

Bei dem Vergleich der verschiedenen Paarungssysteme wurde festgestellt, dass der mittlere Inzuchtkoeffizient bei der assortativen Paarung im Vergleich zur Zufallspaarung mit 91% sehr hoch liegt. Bei der assortativen Paarung konnte allerdings ein nur noch um 5% größerer Zuchtfortschritt erzielt werden als bei der Zufallspaarung. Der Zuchtfortschritt und der Inzuchtzuwachs bei minimaler Verwandtschaftspaarung und disassortativer Paarung lag unterhalb der Zufallspaarung. Die Auswahl der geeigneten Paarungssysteme und Selektionsintensitäten sind deshalb im Hinblick auf den Inzuchtzuwachs und Zuchtfortschritt von großer Bedeutung. In der Simulationsstudie konnte bei den untersuchten Populationen der Allelverlust innerhalb von zehn Generationen gezeigt werden. In der großen Population blieben von den

ursprünglich 100 Allelen der 50 Basisväter und 1000 Allelen der 500 Basismütter nach zehn Generationen der Selektion nur noch weniger als jeweils 18 verschiedene Allele in der Population übrig.

Um eine Maximierung des Zuchtfortschritts mit begrenztem Inzuchtzuwachs erreichen zu können, wurde die optimum genetic contribution (OGC) Theorie, die von MEUWISSEN entwickelt wurde, eingesetzt. Die Theorie basiert auf dem Ausgleich des genetischen Beitrags der „Basistiere“ zu den nachfolgenden Generationen. Dafür wurde das Programmpaket GENCONT verwendet. Mit Hilfe dieses Programmes kann unter bestimmten Vorgaben die optimale Einsatzfrequenz der Zuchttiere bestimmt werden, um damit die Inzuchtrate einzuschränken und die unterschiedlichen Leistungen auszugleichen. Die Vorgabe wird in der Regel anhand der durchschnittlichen Verwandtschaft bzw. der durchschnittlichen Inzucht vorgenommen. Als alternatives Szenario wurde die Einschränkung durch die Festlegung der Anzahl der Nachkommen pro Hahn bzw. Henne vorgenommen. Die drei Szenarien wurden anschließend mit dem Standardverfahren der kommerziellen Zuchtunternehmen verglichen. Dabei zeigte sich, dass durch den Einsatz von GENCONT bei vergleichbar niedrigem Verwandtschaftszuwachs ein großer Zuchtfortschritt erzielt werden konnte. Das alternative Szenario führt zur deutlichen Abnahme des Zuchtwertes bei allen untersuchten Linien.

Unabhängig davon, ob die vorgegebene maximal zulässige verwandtschaftliche Beziehung anhand der durchschnittlichen Verwandtschaft oder der durchschnittlichen Inzucht begrenzt wurde, konnte in Bezug auf den Zuwachs des durchschnittlichen Zuchtwertes kein Unterschied festgestellt werden. Bei der Berücksichtigung der überlappenden Generation wurde keinen nennenswerten Einfluss beobachtet.

Weiterhin wurde das Potenzial der markergestützten Selektion unter Verwendung von Simulationen untersucht. Dabei wurden drei Selektionsstrategien miteinander verglichen. Die erste Selektionsstrategie, die phänotypgestützte Selektion (PAS), basierte ausschließlich auf phänotypischen Merkmalen. QTL-Informationen wurden dabei nicht berücksichtigt. Die zweite Selektionsstrategie, die genotypgestützte Selektion (GAS), stellte die Selektion anhand genotypischer Informationen dar. Bei der

dritten Selektionsstrategie, der markergestützten Selektion (MAS), wurde anhand von Markerinformationen, die mit QTL gekoppelt sind, selektiert. Durch den Vergleich der phänotypgestützten Selektion mit der genotypgestützten Selektion konnte gezeigt werden, dass die genotypgestützte Selektion bezüglich des Zuchtfortschritts kurzfristig (<5 Generationen) überlegen war. Durch GAS konnte ein bis zu 20,6% größerer Zuchtfortschritt erreicht werden. Langfristig (>5 Generationen) nimmt die Überlegenheit des Zuchtfortschritts durch GAS ab. Markergestützte Selektion (MAS) und phänotypgestützte Selektion (PAS) führte zu gleichem Zuchtfortschritt.

Untersucht wurde weiterhin der Einfluss der Anzahl der Markerallele und die Chromosomensegmentlänge. Die Untersuchung wurde für die unterschiedlichen Selektionsstrategien (PAS, MAS und GAS) im Verlauf von zehn Generationen durchgeführt. Dazu wurde zunächst die Anzahl der Allele pro Marker von zwei auf zehn erhöht. Dadurch konnte kein größerer Zuchtfortschritt erzielt werden. Die Länge der Chromosomensegmente zeigte, wie auch bei der Markerallelanzahl, keinen Einfluss in Bezug auf den Zuchtfortschritt. Entscheidend ist vermutlich nicht die Anzahl der Allele bzw. die Länge der Chromosomen, sondern wie informativ die einzelnen Markergenotypen sind.

8 Summary

Studies on the design of breeding programs in the breeding of laying hens.

The primary objective of the present study was to analyse the conventional layer breeding. Among others, inbreeding, selection response, different selection and mating strategies were evaluated for this purpose. Finally, modern methods and optimization concepts were designed to improve the layer breeding programs based on the research results of conventional layer breeding schemes. Three lines of commercial Lohmann LSL layers were used for the evaluation. For these lines, different scenarios were simulated, including the mating system, the number of selected hens and cocks as well as homozygosity. Selected number of hens and cocks was modified to test the effect on selection response.

Three groups of 500, 1500 and 4,000 animals in single cage housing systems were used for the simulation study. The study showed that in a large flock of 4000 single cages, highest selection response was achieved by selecting 500 hens and 50 cocks. In a medium flock of 1500 single cages, the selection of 200 hens and 50 cocks were optimal. In a small (reserve) flock of 500 single cages, high selection response could be achieved by selecting 120 hens and 30 cocks.

The comparison of different mating systems showed that the average inbreeding coefficient when using assortative mating was 91% higher compared to that of random mating. However, assortative mating resulted in an increase in genetic response of only 5% compared with random mating. The genetic response and inbreeding with minimum coancestry mating and disassortative mating were below random mating. Therefore, regarding selection response and inbreeding, the choice of the appropriate mating system is of great importance.

The simulation showed, based on the population under study, the loss of alleles within 10 generations. After 10 generations of selection, from originally 100 alleles of 50 founder sires and 1000 alleles of 500 founder dams, respectively, remained less than only 18 different alleles in the large flock.

In this study, the optimum genetic contribution (OGC) theory (Meuwissen, 1997) was applied to maximize the genetic response at a predefined rate of inbreeding. The theory

is based on equalising the genetic contribution of the founder animals to the following generation. This could be implemented by the software package GENCONT. Under certain constraints, the optimal number of offspring for each candidate can be determined using this programme, to restrict the inbreeding rate and to balance the different contribution. Generally, the restriction can be carried out on the basis of average relationship or average inbreeding. As an alternate scenario, the restriction was carried out through predefining the number of offspring per hen and cock, respectively. Finally, the three scenarios were compared with the standard method of the commercial breeding company. The result showed that high rate of genetic gain with limited inbreeding could be achieved when using OGC. The alternate scenario resulted in decreased breeding value for all the evaluated lines. There was no difference in genetic response whether the maximum tolerated relationship was predefined on the basis of average relationship or average inbreeding. Taking the overlapping generation into account turned to have no remarkable effect.

The potential of marker assisted selection was evaluated using simulation studies. Three types of selection strategies were compared: (1) phenotypic selection (PAS): entirely based on phenotypic information (genotype information was not considered); (2) gene assisted selection (GAS): selection using information on the QTL; and (3) marker assisted selection (MAS): selection using information on markers linked to the QTL. The comparison of PAS and GAS showed only a short-term (i.e. less than 5 generation) advantage of GAS over PHE. GAS resulted in an increase of genetic gain by up to 20,6%. However the superiority of GAS declined in the long-term (i.e. greater than 5 generation). The genetic gain achieved with MAS and PAS was identical.

The effect of number of alleles per marker and length of chromosome segment was also evaluated. Simulations were carried out for three types of selection strategies (PAS, MAS and GAS) during 10 generations. At first, the number of alleles per marker was increased from 2 to 10. However, extra genetic gain couldn't be achieved when increasing the number of marker alleles. Increasing the length of the chromosome segment didn't have any effect on genetic gain either. This suggests that the information content of each marker genotype is more important than the number of alleles per marker and length of chromosome segment, respectively.

9 Verzeichnisse

9.1 Literaturverzeichnis

AJMONE-MARSAN, P., VALENTINI, A., CASSANDRO, M., VECCHIOTTI-ANTALDI, G., BRETONI, G. and KUIPER, M. (1997). "AFLPTM markers for DNA fingerprinting in cattle". Animal Genetics. **28**: 418-426.

AMMANN, D. und VOGEL, B. (2000). "Transgene Nutztiere". SAG-Studienpapiere. Basis-dokumente Expertisen Argumentationen. B4-März 2000.

AMELI, H., FLOCK, D.K. and GLODEK, P. (1991). "Cumulative inbreeding in commercial White Leghorn lines under long term reciprocal recurrent selection". British Poultry Science. **32**: 439-449.

ANANG, A. (2001). "Die Nutzung monatlicher Leistungen zur Zuchtwertschätzung bei Legehennen". Dissertation der Landwirtschaftlichen Fakultät Halle-Wittenberg.

BADER, A. (2001). "Molekulargenetische Untersuchungen zur Hornlosigkeit beim Rind". Inaugural-Dissertation. Institut für Tierzucht und Vererbungsforchung der Tierärztlichen Hochschule Hannover.

BRISBANE, J.R., and GIBSON, J.P. (1995). "Balancing selection response and rate of inbreeding by including genetic relationships in selection decisions". Theor. Appl. Genet. **91**: 421-431.

BRUGMANS, B., RON, G.M., VAN der HULST, RICHARD, G. F. VISSER, PIM LINDHOUT and HERMAN J. VAN ECK (2003). "A new and versatile method for the successful conversion of AFLP markers into simple single locus markers". Nucleic Acids Research. **31**: e55.

BUITENHUIS, A. J., CROOIJMANS, R.P.M.A., BRUIJNESTEIJN VAN COPPENRAET, E.S., VEENENDAAL, A., GROENEN, M.A.M. and VAN der POEL, J.J. (2002). "Improvement of the comparative map of chicken chromosome 13". Animal Genetics. International Society for animal Genetics. **33**: 249-254.

BULFIELD, G. (1997). "Strategies for the Future". Poultry Science. **76**: 1071-1074. Roslin Institute (Edinburgh), Roslin, Midlothian, EH25 9PS, United Kingdom.

BUMSTEAD, N., PALYGA, J. (1992). "A preliminary linkage map of the chicken genome". Genomics. Institute for animal health, England. **13**: 690-697.

BURT, D. W., BUMSTEAD, N. and CRITTENDEN, L.B. (1994). "The international Poultry Genome mapping project". Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. August 7-12, Guelph, Ontario, Canada.

CABALLERO, A., SANTIAGO, E. and TORO, M.A. (1996). "Systems of mating to reduce inbreeding in selected populations". Animal Science. **62**: 431-442.

CHENG, H. H. (1997). "Mapping the chicken genome". Poultry Science. USDA, Agriculture Research Service, Avian Disease and Oncology Laboratory. **76**: 1101-1107.

CHING LIU, H., KUNG, H.J., FULTON, J.E., MORGAN, R.W. and CHENG, H.H. (2001). "Growth hormone interacts with the Marek's disease virus SORF2 Protein and is associated with disease resistance in chicken". U.S. Department of Agriculture, East Lansing, MI.

DE KONING, D.J. DEKKERS, J. C. M., C. S. H. (2003). Designs for QTL detection in livestock and their implications for MAS. "Marker assisted selection: A fast track to increase genetic gain in plant and animal breeding?" FAO Conference in Turin, Italy.

DEKKERS, J. C. M. (1998). "Optimizing Strategies for Selection on Major Genes". National Poultry Roundtable Discussions. St. Louis, Department of Animal Science.

DEKKERS, J. C. M. (1999). "New Technologies in animal breeding". NSIF Proceedings. Department of Animal Science, Iowa State University.

DEKKERS, J. C. M. (2002). "The use of molecular genetics in the improvement of agricultural Populations". Genetics **3**: Reviews.

DEKKERS, J. C. M. (2004). "Optimizing Strategies for Selection on Major Genes". <http://www.genome.iastate.edu/MAS/Dekkers/>. Accessed: 30.12.2004.

DEKKERS, J. C. M. (2004a). "Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons". Journal of Animal Science. **82**: E313-E328.

DODGSON, J. B., CHENG, H.H. and OKIMOTO, R. (1997). "DNA Marker Technology: A Revolution in Animal Genetics". Poultry Science. **76**: 1108-1114.

DOLF, G. (2001). "Zytogenetik und Molekulargenetik in der Tierzucht". Institut für Tierzucht Universität Bern.

DOLF, G. (2003). "Genomanalyse". Institut für Genetik, Ernährung und Haltung von Haustieren. Universität Bern.

DONOGHUE, A.M. and WISHART, G.J. (2000). "Storage of Poultry semen". Animal Production Science. **62**: 213-232.

DORROCH, U. (2001). "Isolierung und Charakterisierung merkmalsassoziiert exprimierter DNA-Sequenzen mittels 'mRNA- differential display' in ausgewählten Geweben bei Rind und Schwein". Inaugural Dissertation. Tierärztliche Hochschule Hannover.

FALCONER, D. S., ed. (1984). "Einführung in die quantitative Genetik". Verlag Eugen Ulmer Stuttgart.

FALCONER, D.S., A. M., T.F.C. (1996). "Introduction to Quantitative Genetics". Longman. 464 pp.

FAO (2003). "Molecular marker assisted selection as a potential tool for genetic improvement of crops, forest trees, livestock and fish in developing countries". Background document to conference 10, FAO.

FLOCK, D.K. und J. PETERSEN (1973). "Altersabhängige Beziehungen zwischen dem Eigewicht und Kriterien der Eischalenstabilität bei Leghorn-Kreuzungen." Archiv Geflügelkunde. **6**: 224-228.

FLOCK, D.K. (1999). "Geflügelproduktion II: Züchtung", 7. – 8. Semester, Fachrichtung Tierproduktion.

FLOCK, D.K. and PREISINGER, R. (2002). "Breeding plans for poultry with emphasis on sustainability". 7th World Congress on Genetics Applied to livestock Production. August 19-23, Montpellier, France.

FÖRSTER, A. (1993). "Züchterische Möglichkeiten einer Verbesserung der Schlupfrate in Reinzuchtlinien eines Zuchtprogrammes für braune Legehybriden". Dissertation. Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Agrarwissenschaftlichen Fakultät der Christian-Albrecht-Universität zu Kiel.

FRENCH, N. A. and TULLET, S. G. (1991). "Variation in the eggs of poultry species". In: Avian Incubation, Poultry Science Symposium Nr. 22. Ed. S. G. Tullet, London, Butterworth-Heinemann. **22**: 59-77.

GIBSON, J. P. (1994). "Short-term gain at the expense of long-term response with selection of identified loci". Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada. **21**: 201-204.

GILL, S.P. and BARBATO, G.F. (2002). "Cryopreservation of Rooster Sperm: Influence of Genotypes and Methodologies". The Pennsylvania State University, University Park, Pennsylvania.

GOOTWINE, E., ZENU, A., BOR, A., YOSSAFI, S., ROSOV, A. and POLLOT, G.E. (2001). "Genetic and economic analysis of introgressing the B allele of the FecB (Booroola) gene into the Awassi and Assaf dairy breeds". Livestock Production Science. **71**: 49-58.

GOWE, R.S., FAIRFULL, R.W., MCMILLAN, I. and SCHMIDT, G.S. (1993). "A strategy for maintaining high fertility and hatchability in a multiple trait egg stock selection program". Poultry Science. **72**: 1433-1448.

GRUNDY, B., VILLANEUVA, B., and WOOLLIAMS, J. A. (2000). "Dynamic selection for maximizing response with constrained inbreeding in schemes with overlapping Generations". Animal Science. **70**: 373-382.

HANENBERG, E.H.A.T. and MERKS, J.W.M. (2001). "Optimisation of pig breeding programmes by implementing the optimal Genetic Contribution Theory" IPG, Institute for pig Genetics BV. Annual Meeting of the European Association for Animal Production. Abstracts No. 7.

HARDGE, T. (1999). "Untersuchungen zu den genetischen Ursachen von quantitativen Leistungsmerkmalen mittels Kandidatengenanalyse beim Schwein". Berlin, Humboldt-Universität, Fachbereich Nutztierwissenschaften, Habilitationsschrift.

HAYES, B., GODDARD, M.E. (2004). "Break- even cost of genotyping genetic mutations affecting economic traits in Australian pig enterprises". Livestock Production Science. **89**: 235-242.

HORST, P., WOLF M und PETERSEN, J. (1972). "Untersuchungen über die züchterische Bedeutung von Genotyp x Messzeit- Interaktionen für die Ausprägung von Merkmalen der Eiqualität bei der Legehennen". Archiv Geflügelkunde. **4**: 121-128.

HORST, P., und PETERSEN, J. (1975). "Untersuchungen zur Auswirkung hoher Umwelttemperaturen auf die Leistungsreaktion von Legehennen unterschiedlichen Körpergewichtes". Archiv Geflügelkunde. **6**: 225-231.

HORST, P., and PETERSEN, J. (1977). "The importance of the dwarf gene (dw) on laying hen breeding". Archiv Geflügelkunde. **41**: 246-252.

HUIYING, L., ZHANG, Q. and ZHANG, Y. (2001). "Relative efficiency of marker assisted selection when marker and QTL are incompletely linked". Chinese Science Bulletin. **46**: 2058-2063.

IRGANG, K. (2001). "Vergleich von Inzucht- und Homozygotieentwicklung anhand molekulargenetischer Marker in einer geschlossenen New Hampshire Linie". Dissertation. Fachgebiet Züchtungsmethodik und Züchtungsplanung des Instituts für Nutztierwissenschaften der Landwirtschaftlich-Gärtnerischen Fakultät der Humboldt-Universität zu Berlin.

JENNEN, D. G. J., CROOIJMANS, R. P. M. A., MORISSON, M., GROOTEMAAT, A. E., VAN der POEL, J. J. VIGNAL, A. and GROENEN, M. A .M. (2004). "A radiation hybrid map of chicken chromosome 15". Animal Genetics. **35**: 63-65.

JENNECKENS, I. M. (1999). "Untersuchungen über die Eignung biochemischer und molekulargenetischer Marker für eine Identifizierung von verschiedenen Störarten und deren Hybriden". Dissertation. Fakultät für Agrarwissenschaften der Georg-August-Universität Göttingen.

KATANBAF, M. N., DUNNINGTON, E. A. and SIEGEL, P. B. (1989). "Restricted feeding in early and late-feathering chickens". Reproductive responses. Poultry Science. **68**: 352-358.

KINGHORN, B. and VAN der WERF, J. (2000). "Identifying and incorporating genetic markers and major genes in animal breeding programs". Belo Horizonte, Brazil.

KIRK, S., EMMANS, G. G., MC DONALDS, R. and ARNOT, D. (1980). "Factors affecting the hatchability of eggs from broiler breeders". British Poultry Science. **21**: 37-53.

KNORR, C., CHENG, H.H. and DODGSON, J.B. (1999). "Application of AFLP markers to genome mapping in poultry". Animal Genetics. International Society for Animal Genetics. **30**: 28-35.

KÖNIG, S., HOFER, A. und SIMIANER, H. (2003). "Maximaler Zuchtfortschritt bei begrenztem Inzuchtzuwachs in Schweinezuchtprogrammen". Vortragstagung der DGFZ/ und der GFT am 17./18. September 2003 in Göttingen.

LAKSHMANAN, N., LAMONT, S. J. and KAISER, M.G. (1994). "Genetic markers linked with quantitative traits in chickens". Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. University of Guelph. Guelph, Ontario, Canada. **21**: 205-208.

LAKSHMANAN, N., GAVORA, J.S. and LAMONT, S.J. (1997). "Major Histocompatibility Complex Class II DNA Polymorphisms in Chicken Strains Selected for Marek's Disease Resistance and Egg Production or for Egg Production alone". Poultry Science. **76**: 1517-1523

LANDE, R. and THOMPSON, R. (1990). "Efficiency of Marker-Assisted Selection in the Improvement of Quantitative Traits". Genetics. **124**: 743-756.

LUKOWICZ, D. (1999). "Ein komplettes Embryo-Kultur-System zur Produktion transgener Hühner". Inaugural-Dissertation. Aus der chirurgischen Universitätsklinik der Albert-Ludwigs-Universität Freiburg / Br.

MAAK, S. (2001). "Untersuchungen zu Kandidatengenomen für Leistungseigenschaften und Erbfehler beim Schwein". Habilitationsschrift. Landwirtschaftliche Fakultät der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.

MALONEY, J. M. A., GILBREATH, J. C. and MORRISON, R.D. (1963). "Two-way selection for body weight in chickens". The effect of selections on other traits. Poultry Science. **42**: 334-344.

MARKS, H. L. (1985). "Direct and correlated responses to selection for growth". In: Poultry Genetics and Breeding. Ed. W. G. HILL, J. M. MANSON and D. HEWITT. Edinburgh.

MCDANIEL, G.R., BRAKE, J. and ECKMANN, M. K. (1981). "Factors affecting broiler breeder performance". The interrelationship of some reproductive traits. Poultry Science. **60**: 1792-1779.

MEUWISSEN, T. H. E. (1997). "Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding". J. Animal Science. **75**: 934-940.

MEUWISSEN, T. H. E. and GODDARD, M.E. (1997). "Optimization of progeny tests with prior information on young bulls". Livestock Production Science. **52**: 57-68.

MONTALDO, H. H. (1998). "Use of molecular markers and major genes in the genetic improvement of livestock". Electronic Journal of Biotechnology. Review Article **1**.

MOZDZIK, P.E. and PETITTE, J.N. (2004). "Status of Transgenic Chicken Models for Developmental Biology". Developmental Dynamics. **229**: 414-421. Reviews-a Peer reviewed forum.

MUIR, W. M. (1990). "Association between persistence of lay and part record egg production in White Leghorn hens and implications to selection programs for annual egg". Poultry Science. **69**: 1447-1460.

MUIR, W. M. (1997). "Genetic Selection Strategies: Computer Modeling". Poultry Science. **76**: 1066-1070.

O'SULLIVAN, N. P., DUNNINGTON, E. A. and SIEGEL, P. B. (1991). "Relationships among age of dam, egg components, embryo lipid transfer and hatchability of broiler breeder eggs". Poultry Science. **70**: 2180-2185.

PEEBLES, E. D. and BRAKE, J. (1987). "Egg shell quality and hatchability in broiler breeder eggs". Poultry Science. **66**: 596-604.

PEEBLES, E. D., ZUMWALT, C. D., DOYLE, S. M., GERARD, P. D., LATOUR, M. A., BOYLE, C. R. and SMITH, T. W. (2000). "Effects of breeder and dietary fat source and level on broiler hatching egg characteristics". Poultry Science. **79**: 698-704.

PIDDE, H. (1999). "Physikalische Kartierung und Genomische Struktur des Kariopherin Alpha 2 Gens- Untersuchungen zu Heterozygotieverlusten in der chromosomalen Region 17q23 und zum allgemeinen Mikrosatellitenstatus an mikrodisezierten kolorektalen und Mammakarzinomen beim Menschen". Dissertation. Institut für Veterinär-Pathologie des Fachbereichs Veterinärmedizin der Freien Universität Berlin.

PREISINGER, R. (1994). "Alternativen in der Zuchtwertschätzung in einem kommerziellen Legehennenzuchtprogramm". 2. Tierzucht-Symposium in Halle-Saale. Am 8. und 09.12.1994.

PREISINGER, R. (1996). "Zuchtwertschätzung und Selektion in einem Zuchtprogramm für Legehennen auf Basis von Reinzucht- und Kreuzungsleistung". Genetisch-statistischer Ausschuss der DGfZ -71. Sitzung 19.-21. März 1996, Berlin.

PREISINGER, R. (2003). "Bedeutung der Kreuzungszucht im Vergleich zur Reinzucht beim Geflügel". Workshop II-Huhnprotokoll. Workshop Ökologische Hühnerzucht am 02.07.03 in Kassel.

PREISINGER, R. (2004a). "Agrobiodiversität aus Sicht eines weltweit aktiven Hühnerzuchtunternehmens". Tagung am 4. und 5. Februar 2004 Umweltforum Berlin. Power-Point Präsentation zum Thema: Agrobiodiversität entwickeln, Handlungsstrategien und Impulse für eine nachhaltige Tier- und Pflanzenzucht.

PREISINGER, R. (2004b). "Agrobiodiversität aus Sicht eines weltweit aktiven Hühnerzuchtunternehmens". Tagung am 4. und 5. Februar 2004 Umweltforum Berlin. Zusammenfassung der Vortrag zum Thema: Agrobiodiversität entwickeln, Handlungsstrategien und Impulse für eine nachhaltige Tier- und Pflanzenzucht.

PREISINGER, R. und FLOCK, D.K. (1996). "Junghennenaufzucht: Hier kann die Legeleistung beeinflusst werden". Lohmann-Vermehrertagung. Das Magazin (Woche 31/96).

PREISINGER, R. and FLOCK, D.K. (1998). "Changes in genetic parameters and genetic progress in layers during two decades of intensive selection". 49th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. Session G 5.2: Sustainable breeding – a challenge? Warsaw, Poland (24th-27th August 1998).

PREISINGER, R. and FLOCK, D.K. (2000). "Genetic changes in layer breeding: Historical trends and future prospects". Proceeding of an Occasional meeting organised by the British Society of Animal Science. Edinburgh.

PREISINGER, R. und KÜHNE, W. (1999). "Legehennenzucht an der Schwelle zum nächsten Jahrtausend: Fakten und Visionen". Lohmann Information. Oktober-Dezember 1999-4/99, Seite 9.

PREISINGER, R., MÜLLER, J. und FLOCK, D.K. (1999). "Ökologische Eierproduktion aus züchterischer Sicht". Lohmann Information. April-Juni 1999 (2/99) Seite 7.

PREISINGER, R. und SAVAS, T. (2000). "Auswirkungen der Inzucht auf Leistungsmerkmale und deren genetischer Parameter bei Legehennen". Genetisch-statistischer Ausschuss der DGfZ, BLT Grub. Von 27.03.2000 bis 29.03.2000.

PREISINGER, R. und THIELE, H.H. (2000). "Struktur und Entwicklungsperspektiven in der Legehennen -und Masthuhnzucht". Festschrift zum 70. Geburtstag von Prof. Simon. Hannover (7-15).

PYM, R.A.E. (1985). "Direct and correlated responses to selection for improved food efficiency". In: Poultry genetics and breeding. W.G. HILL, J.M. MANSON, D. HEWITT, Edinburgh.

REESE, K. und WEIGEND, S. (2004). "Überraschungseier unerwünscht". Warum manche Eier nach Fisch riechen und andere nicht. In: Wissenschaft erleben 1/2004. Bundesforschungsanstalt Für Landwirtschaft (FAL).

REESE, K., PREISINGER, R. and WEIGEND, S. (2002). "Bestimmung von Trimethylamin ‚Fischgeruch‘ Im Eidotter – Determination of trimethylamine in the egg yolk". Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL).

ROBINSON, F. E., HARDIN, R. T., ROBINSON, A. and WILLAMS, B.J. (1991). "The influence of egg sequence position on fertility, embryo viability and embryo weight in broiler breeders". Poultry Science. **70**: 760-765.

ROMANOFF, A. L. (1972). "Pathogenesis of the avian egg". Wiley-Interscience. New York.

SAVAS, T. (1998). "Untersuchungen zur Verbesserung der Zuchtwertschätzung für Legeleistung bei Legehennen". Dissertation. Agrarwissenschaftliche Fakultät der Christian-Albrecht-Universität zu Kiel.

SHELLANDER, K. und WIMMERS, K. (1999). "Stand und Perspektiven der Genomanalytik in der Tierzucht". Vortrag anlässlich der 51. Hochschultagung der Landwirtschaftlichen Fakultät der Universität Bonn.

SCHLÖTTERER, C. (2004). "The evolution of molecular markers - just a matter of fashion?" Nature Reviews /Genetics **5**: 63-69.

SCHMUTZ, M., KÜHNE, W. und PREISINGER, R. (2000). "Beziehung zwischen Inzuchtkoeffizienten und Leistungsmerkmalen bei reinen Linien eines Zuchtprogrammes für Weiß- und Braunleger". Protokoll. 79. Sitzung des Ausschusses für Genetisch-Statistische Methoden der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde (DGfZ). Vom 4. bis 6. Oktober 2000.

SEWALEM, A., JOHANSSON, K., WILHELMSON, M. und LILLPERS, K. (1999). "Inbreeding and inbreeding depression on reproduction and production traits of white Leghorn lines selected for egg production traits". British Poultry Science. **40**: 203-208.

SHARIFI, R. (2004). "Reproduktives Adaptationsvermögen von Broiler-Muttertieren bei hohen Umwelttemperaturen unter Nutzung spezieller Majorgene". Dissertation. Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät der Humboldt-Universität zu Berlin.

SIEGEL, P.B. and DUNNINGTON, E. A. (1985). "Reproductive complications associated with selection for broiler growth." Poultry genetics and breeding. W.G. HILL, J.M. MANSON, D. HEWITT, Edinburgh.

SIMIANER, H., KÖNIG, S. und TIETZE, M. (2003). "Untersuchung zur optimalen Durchführung von Selektions- und Anpaarungsentscheidungen in der Rasse Schweizer Landrasse". Institut für Tierzucht und Haustiergenetik. Georg-August-Universität Göttingen.

SIMIANER, H. und KÖNIG, S. (2003). "Inzucht - wie groß ist das Problem in der deutschen Holsteinzucht?" Milchrind, 2003 Ausgabe 3. Institut für Tierzucht und Haustiergenetik. Georg-August-Universität Göttingen.

SIMIANER, H. (1996). "Biometrical aspects of genetic linkage". Animal Genetics Group, University of Hohenheim. Department of Animal Husbandry and Animal Breeding.

SIMIANER, H. (2003). "Grundlagen der Tierzucht, Inzucht und Verwandtschaft". Institut für Tierzucht und Haustiergenetik. Georg-August-Universität Göttingen.

SIMIANER, H. (2004). "Zuchtprogramme in der Geflügelzucht". Grundlage der Tierzucht, Sommersemester 2004. Institut für Tierzucht und Haustiergenetik. Georg-August-Universität Göttingen.

SITI-DARODJAH, R. (2001). "Abstammungs- und Identitätskontrolle beim Schwein mittels Mikrosatellitenanalyse". Dissertation. Institut für Tierzuchtwissenschaft, Landwirtschaftliche Fakultät, Universität Bonn.

SONESSON, A. K., GRUNDY, B., WOOLLIAMS, J. A. and MEUWISSEN, T.H.E. (2000). "Selection with control of inbreeding in populations with overlapping generations: a comparison of methods". Animal Science. **70**: 1-8.

SPELMAN, R. J. and J. A. VAN ARENDONK, (1997). "Effect of inaccurate parameter estimates on genetic response to marker-assisted selection in an outbreed population". J. Dairy Science. **80**: 3399-3410.

STEINHEUER, R. (2001). "Schätzung von Varianzkomponenten und Kandidatengeneffekten für die paternale und maternale Komponente von Fruchtbarkeitsmerkmalen beim Schwein". Inaugural-Dissertation. Aus dem Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung der Tierärztlichen Hochschule Hannover.

STELLA, A., LOHUIS, M. M, PAGNACCO, G. and JANSEN, G. B. (2002). "Strategies for Continual Application of Marker-Assisted Selection in an Open Nucleus Population". J. Dairy Science. **85**: 2358-2367.

STÖVE-SCHIMMELPFENNIG, K. und FLOCK, D. K. (1982). "Eigewicht und relative Fitness in der Legehennenzucht". Archiv Geflügelkunde. **46**: 270-275.

SZWACZKOWSKI, T., CYWA-BENKO, K. und WEZYK, S. (2003). " A note on inbreeding effect on productive and reproductive traits in laying hens". Animal science papers and reports. **21**: 121-129. Institute of Genetics and Animal Breeding, Jastrzebiec, Poland.

TRAPPMANN, W. und THOLEN, E. (1999). "Markergestützte Selektion in Nutztierzuchtprogrammen". Vortrag. Anlässlich der 51. Hochschultagung der Landwirtschaftlichen Fakultät der Universität Bonn.

UNI, Z., GUTMAN, M., LEITNER, G., LANDESMAN, E., HELLER, E. und CHANER, A. (1993). "Major histocompatibility complex class IV restriction fragment length polymorphism markers in replicated meat-type chicken lines divergently selected for high or low early immune response". Poultry Science. **72**: 1823-31

VAN der BEEK, S. (1995). "The use of genetic markers in poultry breeding". Doctoral Thesis. Wageningen Agricultural University.

VAN der BEEK, S. and VAN ARENDONK, J.A.M. (1994). "Marker assisted selection in a poultry breeding program". Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada. **21**: 237-240.

VAN ARENDONK, J. A. M., H. BOVENHUIS, S. VAN der BEEK and A.F. GROEN (1994). "Detection and exploitation of markers linked to quantitative traits in farm animals". Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada. **21**: 193-199.

VAN ARENDONK, J. A. M., BINK, M.C.A.M. P. BIJMA, BOVENHUIS, H., DE KONING, D. J. and BRASCAMP, P. (1999). "Use of phenotypic and molecular data for genetic evaluation of livestock". AgBiotechNet. <http://agbio.cabweg.org>.

VAN der WERF, J. (2000). "Introduction to some aspects of molecular genetics". In: Identifying and incorporating genetic markers and major genes in animal breeding programs. Belo Horizonte, Brazil.

VAN der WERF, J., and KINGHORN, B. (2003). "Beef breeding technologies: Marker assisted selection". <http://www.dpi.qld.au/beef/2240.html>. Abruf: 21.11.2003

VILLANUEVA, B., PONG-WONG, R. and WOOLLIAMS, J.A. (2002). "Marker assisted selection with optimised contributions of the candidates to selection". Genetic Selection Evolution. **34**: 679-703.

VOS, P., HOGERS, R., BLEEKER, M., REIJANS, M., VAN de LEE, T., HORNES, M., FRISTERS, A., POT, J., PELEMAN, J., KUIPER, M. and ZABEAU, M. (1995). "AFLP: a new technique for DNA fingerprinting". Nucleic Acids Research. **23**: 4407-4414.

WEIGEL, K. A., and LIN, S.W. (2002). "Controlling inbreeding by constraining the average relationship between parents of young bulls entering AI progeny test programs". Journal of Dairy Science. **85**: 2376-2383

WEIGEND, S., MATTHES, S., SÖLKNER, J. and LAMONT, S.J. (2001). "Resistance to Marek's Disease Virus in White Leghorn Chickens: Effekt of Avian Leukosis Virus Infection Genotype, Reciprocal Mating, and Major Histocompatibility Complex". 2001 Poultry Science. **80**:1064-1072

WEIGEND, S. (2002). "Strategien zur Bewertung genetischer Vielfalt beim Huhn". Schriftenreihe des BMVEL Angewandte Wissenschaft. "Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?". Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL). Institut für Tierzucht und Tierverhalten, Mariensee. Heft **494**: 65-71.

WHITTAKER J.C., C. R., HALEY C.S and THOMPSON R. (1995). "Using marker-maps in marker-assisted selection". Genetic Research. **66**: 255-65.

WILSON, H. R. and HARMS, R. H. (1986): "Performance of broiler breeders as affected by body weight during the breeding season". Poultry Science. **65**: 1052-1057.

WIMMERS, K. (1994). "Schätzung der Genomanteile bei Hühnern verschiedener Kreuzungsstufen durch DNA - Fingerprinting". Dissertation. Berlin, Humboldt-Universität, Fachbereich Nutztierwissenschaften.

WOOLLIAMS, J.A. and MEUWISSEN, T.H.E. (1993). "Decision rules and variance of response in breeding schemes". Animal Production. **56**:179.

XIE, C. A. and XU., S. (1998). "Efficiency of multistage marker-assisted selection in the improvement of multiple quantitative traits". The Genetical Society of Great Britain. **80**: 489-498.

YANCOVICH, A., LEVIN, I. CAHANER, A. and HILLEL, J. (1996) . "Introgression of the avian naked neck gene assisted by DNA fingerprints". Animal Genetic. **27**: 149-155.

YU, M. W., ROBINSON, F. E., CHARLES, R. G. and WEINGRAD, R. (1992). "Effect of feed allowance during rearing and breeding on female broiler breeders. Ovarian morphology and production". Poultry Science. **71**: 1750-1761.

ZHANG, W. and SMITH, C. (1992). "Computer-simulation of marker-assisted selection utilizing linkage disequilibrium". Theoretical and applied genetics. **83**: 813-820.

ZHU, J. J., LILLEHOJ, H. S., CHENG, H. H., POLLOCK, D. and EMARA, M. G. (2001). "Screening for highly heterozygous chickens in outbred commercial broiler lines for QTL mapping to increase detection power". Poultry Science. **80**: 6-12.

ZHOU, H. and LAMONT, S.J. (2003). "Chicken MHC class I and II gene effects on antibody response kinetics in adult chickens". Immunogenetics. Springer-Verlag. **55**: 133-140.

9.2 Abkürzungsverzeichnis

Abb.	Abbildung
AP	assortative Paarung
AFLP	amplified fragment length polymorphism
Avail	Available
BF	Bruchfestigkeit
BLUP	best linear unbiased prediction (beste lineare unverfälschte Schätzung)
bp	Basenpaare
cM	centimorgan
cmin	Minimaler Beitrag
cmax	Maximaler Beitrag
COMB	Kombination (EBV + Marker)
DFP	Multilocus-DNA-Fingerprint
DNA	Desoxyribonucleic acid
DNS	desoxyribonukleinsäure
DP	disassortative Paarung
EBV	Zuchtwert (estimated breeding value)
EG	Eigewicht
EL	East Lansing
F	weibliche
et al.	et alii
FISH	fluorescent in-situ hybridisation
GAS	genotype assisted selection
GC	GENCONT
Gi	Growth index (Wachstumsindex)
GP	Große Population
ibd	identical by descent
id	kodierte Nummer des Tieres
IK	Inzuchtkoeffizient
kbp	Kilobasenpaare (1 kb = 1000 bp)
KG	Körpergewicht

KP	Kleine Population
LINE	long interspersed nucleotide elements
M	männlich
MAS	marker assisted selection
MQI	Meat quality index (Fleischqualität-Index)
MQTL	Marker - QTL
MBLUP	Markergestützte BLUP
MHC	Majorhistokompatibilitätskomplex
MHS	malignant hyperthermia susceptibility
MP	Mittlere Population
MV	Minimaler Verwandtschaftspaarung
NFI	Net feed intake (Netto-Futtermittelaufnahme)
NK	Nachkommen
ncand	Anzahl der Selektionskandidaten
npedig	Anzahl der Tiere im Pedigree
Ne	effektive Populationsgröße
OGC	optimum genetic contribution
PAS	phenotype assisted selection
PCR	polymerase chain reaction
PIC	Polymorphic Information Content
PBA	Pig born alive (lebend geborene Ferkel)
QTL	quantitative trait loci
RAPD	random amplified polymorphic DNA
RFLP	restriction fragment length polymorphism
RH	radiation hybrid
RISH	radioactive in-situ hybridisation
SINE	short interspersed nucleotide elements
SNP	single nucleotide polymorphism
STS	sequence tagged site
Tab.	Tabelle
TMA	Trimethylamin

Ø VW	durchschnittliche Verwandtschaft
VNTR	variable number tandem repeat
z.B.	zum Beispiel
ZF	Zuchtfortschritt
ZP	zufällige Paarung
ZW	Zuchtwert

9.3 Abbildungsverzeichnis

Abbildung 2.1:	Hierarchische Aufgabenteilung in der Geflügelzucht.	4
Abbildung 2.2:	Trend in der Futtermittelverwertung in deutschen Legeleistungsprüfungen (1991/92-2001/02).	9
Abbildung 2.3:	Inzuchtsteigerung über 23 Generationen für zwei Linien des weißen Leghorns.	20
Abbildung 3.1:	Der zeitliche Ablauf der Produktion.	39
Abbildung 3.2:	Selektion und Anpaarung am Beispiel der großen Population.	41
Abbildung 3.3:	Zuchtwertschätzung und Selektion im Verlauf von Generationen.	42
Abbildung 3.4:	Inzuchtentwicklung bei unterschiedlichen Populationsgrößen im Laufe von zehn Generationen (additiv polygene Varianz = 0,3).	47
Abbildung 3.5:	Inzuchtentwicklung bei unterschiedlichen Populationsgrößen im Laufe von zehn Generationen (additiv-polygene Varianz = 0).	48
Abbildung 3.6:	Inzucht in der großen Population bei unterschiedlicher additiv-genetischer Varianz und Zufallspaarung.	48
Abbildung 3.7:	Einfluss der verschiedenen Paarungssysteme auf die Inzuchtentwicklung und den Zuchtfortschritt im Verlauf von zehn Generationen.	51
Abbildung 3.8:	Einfluss der verschiedenen Paarungssysteme auf die Inzuchtentwicklung und den Zuchtfortschritt nach zehn Generationen.	51

Abbildung 3.9:	Inzuchtkoeffizient und durchschnittliche Verwandtschaft (\bar{VW}) bei einem assortativen Paarungssystem.	52
Abbildung 3.10:	Inzuchtentwicklung bei unterschiedlichen Paarungssystemen und additiv-genetischer Varianz.	53
Abbildung 3.11:	Abnahme der Anzahl der Allele der Basisvater und -Mutter bei unterschiedlichen Paarungssystemen (AP, ZP, DP und MV) in der großen Population.	54
Abbildung 3.12:	Abnahme der Anzahl der Allele des Basisvaters und der Basismutter nach zehn Generationen bei unterschiedlichen Paarungssystemen.	55
Abbildung 3.13:	Theoretischer sowie empirischer Inzuchtkoeffizient bei unterschiedlichen Paarungssystemen im Verlauf von zehn Generationen.	56
Abbildung 3.14:	Vergleich des theoretischen Zuchtfortschritts mit dem empirischen Zuchtfortschritt.	57
Abbildung 3.15:	Der empirische Zuchtfortschritt unter Zufallspaarung im Verlauf von zehn Generationen.	57
Abbildung 3.16:	Vergleich des theoretischen Zuchtfortschritts mit dem simulierten Zuchtfortschritt in der großen Population nach 3 Generationen, bei der Selektion von einem Sohn bzw. zwei Söhnen pro Henne.	58
Abbildung 3.17:	Zuchtfortschritt in Abhängigkeit von der Populationsgröße bei einer Selektionsintensität von 500 Hennen und 50 Hähnen.	59

- Abbildung 3.18: Zuchtfortschritt bei einer Populationsgröße von 4000 Einzelkäfigen und unterschiedlicher Selektionsintensität auf der Hennenseite (750, 650, bzw. 500 Hennen), wobei die Anzahl der selektierten Hähne bei 50 liegt. 60
- Abbildung 3.19: Zuchtfortschritt bei einer Populationsgröße von 4000 und unterschiedlicher Selektionsintensität auf der Hennenseite (750, 650, 500, bzw. 400 Hennen), wobei die Anzahl der selektierten Hähne bei 40 liegt. 60
- Abbildung 3.20: Zuchtfortschritt bei einer Populationsgröße von 1500 und unterschiedlicher Selektionsintensität auf der Hennenseite (300, 250, 200 Hennen), wobei die Anzahl der selektierten Hähne bei 50 liegt. 61
- Abbildung 3.21: Zuchtfortschritt bei einer Populationsgröße von 500 und unterschiedlicher Selektionsintensität auf der Hennenseite (210, 150, 120 Hennen), wobei die Anzahl der selektierten Hähne bei 30 liegt. 62
- Abbildung 3.22: Zuchtfortschritt in Abhängigkeit vom Anpaarungsverhältnis bei einer Populationsgröße von 4000 Einzelkäfigen bei 50 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Anzahl von selektierten Hennen. 63
- Abbildung 3.23: Zuchtfortschritt in Abhängigkeit vom Anpaarungsverhältnis bei einer Populationsgröße von 4000 Einzelkäfigen, bei 40 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Anzahl von selektierten Hennen. 64
- Abbildung 3.24: Zuchtfortschritt in Abhängigkeit vom Anpaarungsverhältnis bei einer Populationsgröße von 1500 Einzelkäfigen, bei 50 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Anzahl von selektierten Hennen. 65

Abbildung 3.25:	Zuchtfortschritt in Abhängigkeit vom Anpaarungsverhältnis bei einer Populationsgröße von 500 Einzelkäfigen, bei 30 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Anzahl von selektierten Hennen.	65
Abbildung 3.26:	Zuchtfortschritt in Abhängigkeit von der Anzahl der Schlüpfе bei einer Populationsgröße von 4000 Einzelkäfigen, bei 50 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Selektionsintensität auf der Hennenseite.	66
Abbildung 3.27:	Zuchtfortschritt in Abhängigkeit von der Anzahl der Schlüpfе bei einer Populationsgröße von 1500 Einzelkäfigen, bei 50 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Anzahl von selektierten Hennen.	67
Abbildung 3.28:	Zuchtfortschritt in Abhängigkeit von der Anzahl der Schlüpfе bei einer Populationsgröße von 500 Einzelkäfigen, bei 30 selektierten Hähnen und unterschiedlicher Anzahl von selektierten Hennen.	67
Abbildung 5.1:	Schematische Darstellung der markergestützten Selektion.	98
Abbildung 5.2:	Der Vorteil der markergestützten Selektion gegenüber BLUP-Selektion.	99
Abbildung 5.3:	Vergleich des Zuchtfortschritts zwischen PAS, GAS und MAS.	100
Abbildung 5.4:	Zuchtfortschritt für die drei Szenarien (1. kein QTL, 2. halbe Standardabweichung, 3. ganze Standardabweichung).	101

- Abbildung 5.5: Vergleich der rein polygenen Selektion (phenotypic assisted selection = PAS) mit der QTL-Selektion (genotype assisted selection = GAS) für das genetische Modell $a=0,274$; $d=0$ bei unterschiedlicher Populationsgröße. 102
- Abbildung 5.6: Vergleich der rein polygenen Selektion (PAS) mit QTL-Selektion (GAS) für das genetische Modell $a=0,274$; $d=0,274$ in der großen Population mit 4000 Einzelkäfigen. 103
- Abbildung 5.7: Zuchtfortschritt bei unterschiedlichen genetischen Modellen in der großen Population, wenn die Selektion auf der QTL-Information (genotype assisted selection = GAS) basiert. 104
- Abbildung 5.8: Unterschiedliche Selektionsstrategien für das genetische Modell ($a=0,274$; $d=0$) bei zufälliger Anpaarung und einem selektierten Sohn pro Henne. 105
- Abbildung 5.9: Unterschiedliche Selektionsstrategien für das genetische Modell ($a=0,274$; $d=0,274$) bei zufälliger Anpaarung und einem selektierten Sohn pro Henne. 105
- Abbildung 5.10: Unterschiedliche Selektionsstrategien für das genetische Modell ($a=0,548$; $d=0$) bei zufälliger Anpaarung und einem selektierten Sohn pro Henne. 106
- Abbildung 5.11: Unterschiedliche Selektionsstrategien für das genetische Modell ($a=0,274$; $d=0,274$) bei zufälliger Anpaarung und zwei selektierten Söhnen pro Henne. 107
- Abbildung 5.12: Unterschiedliche Selektionsstrategien für das genetische Modell ($a=0,274$; $d=0$) bei zufälliger Anpaarung und zwei selektierten Söhnen pro Henne. 108

- Abbildung 5.13: Zuchtwert bei unterschiedlichen Paarungssystemen in einer großen Population mit 4000 Einzelkäfigen und bei Selektion von zwei Söhnen pro Henne. Selektion anhand der Information aus der LP und QTL. 109
- Abbildung 5.14: Vergleich des Zuchtfortschritts bei reduzierter polygener Komponente und unterschiedlichen QTL-Genotypeffekten. 110
- Abbildung 5.15: Zuchtfortschritt bei unterschiedlicher Anzahl selektierter Söhne für das genetische Modell ($a=0$; $d=0$) und polygener Selektion. 111
- Abbildung 5.16: Zuchtfortschritt bei unterschiedlicher Anzahl von Söhnen für das genetische Modell ($a=0,548$; $d=0$) bei QTL-Selektion. 111
- Abbildung 5.17: Zuchtfortschritt bei unterschiedlicher Anzahl Söhne pro Henne und markergestützter Selektion zwischen den Söhnen für das genetische Modell ($a=0,274$; $d=0$). 112
- Abbildung 5.18: Vergleich der Anzahl an Markerallelen für die unterschiedlichen Selektionsstrategien (PAS, MAS und GAS). 113
- Abbildung 5.19: Vergleich der Chromosomensegmentlänge bei PAS und GAS. 114
- Abbildung 6.1: Zuchtfortschritt und Verwandtschaft der drei untersuchten Linien nach der Umsetzung der OGC-Theorie gegenüber dem Standardverfahren der Zuchtunternehmen. 118

Abbildung 6.2:	Vergleich zwischen Zuchtfortschritt und Inzuchtzuwachs.	119
Abbildung 6.3:	Zuchtfortschritt durch die Anwendung der genotypgestützten Selektion (Zuchtfortschritt in Generation 0 = 0\$).	131

9.4 Tabellenverzeichnis

Tabelle 2.1:	Struktur der Legehennenzucht.	5
Tabelle 2.2:	Generationsintervall, Genauigkeit der Zuchtwerte (R_j) und relative Effizienz (RE) der Selektion anhand kumulativer Legeleistung der aktuellen Generation und der Gesamtleistung der Eltern bei unterschiedlicher Prüfdauer (Linie A).	8
Tabelle 2.3:	Zuchtfortschritt aus den Stichprobentestergebnissen.	12
Tabelle 2.4:	Vergleich verschiedener Molekular-Marker.	30
Tabelle 2.5:	Anwendungsgebiete ausgewählter molekulargenetischer Markersysteme beim Geflügel.	30
Tabelle 3.1:	Berechnung des Zuchtfortschritts für die unterschiedlichen Populationsgrößen.	49
Tabelle 4.1:	Die fünf aufgestellten Szenarien.	69
Tabelle 4.2:	Die aktuelle sowie die maximal tolerierbare mittlere Verwandtschaft.	70
Tabelle 4.3:	Aktuelle mittlere Inzucht der Selektionskandidaten.	71
Tabelle 4.4:	Verfügbare Infos aus dem Datenmaterial.	71
Tabelle 4.5:	Der Input-Parameterfile in GENCONT.	72
Tabelle 4.6:	Outputdatei der Linie 44 aus dem Programm GENCONT.	73
Tabelle 4.7:	Mindest- und Höchsteinsatzfrequenz der Tiere der drei Linien in der nächsten Generation.	75

Tabelle 4.8:	Die Berechnung von GENCONT für die Linie 44 mit 4395 Selektionskandidaten bei aktueller durchschnittlicher Verwandtschaft von 11,7% (überlappende Generationen).	77
Tabelle 4.9:	Die Berechnung von GENCONT für die Linie 22 mit 1777 Selektionskandidaten bei aktueller durchschnittlicher Verwandtschaft von 19,8% (überlappende Generation).	79
Tabelle 4.10:	Die Berechnung von GENCONT für die Linie 11 mit 4281 Selektionskandidaten bei aktueller durchschnittlicher Verwandtschaft von 13,3% (Generation nicht überlappend).	80
Tabelle 4.11:	Vergleich der Zuchtwerte der selektierten Elterntiere zwischen überlappenden bzw. nicht überlappenden Generationen für Szenario D (Standardverfahren).	82
Tabelle 4.12:	Ausschnitt aus der Berechnung der \emptyset Verwandtschaft nach der konkreten Anpaarung (Linie 12, Szenario D).	83
Tabelle 4.13:	Ausschnitt aus der Berechnung der Verwandtschaft und die Anpaarung innerhalb der Selektionskandidaten der Linie 44.	84
Tabelle 4.14:	Ausschnitt aus der Berechnung des Beitrags, die Inzucht sowie des Zuchtwerts der Selektionskandidaten der Linie 11 (Szenario C).	85
Tabelle 4.15:	Der Beitrag und die Anpaarungshäufigkeit der Linie 44 in Szenario A für überlappende Generationen bei 22 selektierten Hähnen und 435 selektierten Hennen.	86

Tabelle 4.16:	Ausschnitt aus der Berechnung der durchschnittlichen Verwandtschaft nach der konkreten Anpaarung (Linie 22, Szenario A).	87
Tabelle 4.17:	Durchschnittliche Verwandtschaft der Selektionskandidaten vor und nach der optimale Paarung für die Linie 11, Szenario A – E und für nicht überlappende Generationen.	88
Tabelle 4.18:	Durchschnittliche Verwandtschaft der Selektionskandidaten vor und nach der optimalen Paarung für die Linie 44, Szenario A – E und für überlappende Generationen.	89
Tabelle 4.19:	Durchschnittliche Verwandtschaft der Selektionskandidaten vor und nach der optimalen Paarung für die Linie 22, Szenario A – E und für überlappende Generationen.	90
Tabelle 5.1:	Tierzahlen, Anzahl der Einzelkäfige und Selektionsintensitäten in den drei betrachteten Populationstypen.	95
Tabelle 5.2:	Parameterkonstellationen der drei Szenarien.	96
Tabelle 6.1:	Vergleich der Allelfrequenzen für Mikrosatelliten bei Linien für ein braunes kommerzielles Zuchtprogramm und einer Experimentallinie.	116
Tabelle 6.2:	Durchschnittlicher Inzuchtkoeffizient nach 10 Generationen (Braunleger).	121
Tabelle 6.3:	Ertrag (\$) und Gewinnschwelle der Genotypisierungskosten Nucleus-Schweine für GAS-GI, GAS-NFI, GAS-PBA und GAS-MQI.	132

10 Anhang

Anhang 1: Inputdatei der Linie 44 für das Programm GENCONT

CONSTRAINT RELATIONSHIP 0.125
NCAND 5000
NPEDIG 25000
OVERLAP YES
CMAX 0.0455 0.0023
CMIN 0.0057 0.0012
INPUT DAT44_OV.TXT ID EBV SEXE AVAIL AGE
PEDIGREE PEDI_2004.TXT

Anhang 2: Outputdatei der Linie 44 aus dem Programm GENCONT

- G E N C O N T -

JOB = 24 2004-05-28:13:54							
GENCONT.INP :							
CONSTRAINT DELTAF 0.01							
NCAND 5000							
NPEDIG 25000							
OVERLAP YES							
CMAX 0.0455 0.0023							
cmin 0.0057 0.0011							
INPUT DAT44_OV.TXT ID EBV SEXE AVAIL AGE							
PEDIGREE PEDI_2004.TXT							
AVG. RELATIONS MALES / FEMALES							
AGE= 1 0.11811 0.11665							
AGE= 2 0.10941 ---							
AGE= 3 0.14087 ---							
POPULATION AVERAGE RELATIONSHIP (CURRENT) = 0.1175613066491118							
POPULATION AVERAGE RELATIONSHIP (NEW) = CONSTRAINT = 0.1363856935826207							
NO OF MALE CANDIDATES = 951							
NO OF FEMALE CANDS = 3444							
SOLUTION:							
POPULATION AVERAGE RELATIONSHIP (SOLUTION) = 0.1354817809331194							
GENETIC MERIT OF PARENTS = 135.1913500000001							
NO OF SELECTED MALES = 22							
NAME	%_PROGENY	%_CMIN	%_CMAX	EBV	AVG_RELAT	AGE	AVAIL
11792	0.000	0.570	4.550	31.000	0.080	3	1
11832	0.000	0.570	4.550	107.000	0.114	3	1
12063	0.000	0.570	4.550	109.000	0.105	3	1
11970	0.000	0.570	4.550	126.000	0.154	3	1
11893	0.000	0.570	4.550	94.000	0.186	3	1
11723	0.000	0.570	4.550	87.000	0.110	2	1
11736	0.000	0.570	4.550	118.000	0.123	2	1
11742	0.000	0.570	4.550	124.000	0.113	2	1
11745	0.000	0.570	4.550	105.000	0.108	2	1
NO OF SELECTED FEMALES = 435							
NAME	%_PROGENY	%_CMIN	%_CMAX	EBV	AVG_RELAT	AGE	AVAIL
18835	0.000	0.110	0.230	114.000	0.107	1	1
19723	0.000	0.110	0.230	82.000	0.122	1	1
18728	0.000	0.110	0.230	77.000	0.122	1	1

Anhang 3: Inputdatei für die Linie 44 aus dem Programm MATE

22 435	/* IM GENCONT WURDEN 22 HÄHNE UND 435 HENNEN SELEKTIERT*/	
20 1	/* 20 NACHKOMMEN VON HAHN 1, 1 NACHKOMMEN VON HENNE 1 */	
20 1	/* 20 NACHKOMMEN VON HAHN 2, 1 NACHKOMMEN VON HENNE 2 */	USW....
19 1		
20 1		
20 1		
19 1		
20 1		
20 1		
19 1		
20 1		
20 1		
19 1		
20 1		
20 1		
20 1		
20 1		
20 1		
20 1		
20 1		
20 1		
20 1		
19 1		
...		
0.088	/* AB HIER SIND DIE VERWANDTSCHAFT DER EINZELNE SELEKTIONSKANDIDATEN AUFGEListET*/	
0.088		
0.073		
0.102		
0.106		
0.106		
0.106		
0.055		
0.068		
0.068		
0.068		
0.062		
0.062		
0.075		

Anhang 4: Outputdatei der Linie 44 aus dem Programm MATE

1	1	0	
1	2	0	
1	3	1	/* HAHN 1 HAT EINEN NACHKOMMEN MIT HENNE 3*/
1	4	0	/* HAHN 1 HAT KEINEN NACHKOMMEN MIT HENNE 4*/
1	5	0	
1	6	0	
1	7	0	
1	8	1	/* HAHN 1 HAT SEINEN 2. NACHKOMMEN MIT HENNE 8*/
1	9	0	
1	10	0	
1	11	0	
1	12	0	
1	13	0	
1	14	0	
1	15	0	
1	16	1	
1	17	0	
1	18	0	
1	19	0	
1	20	0	
1	21	0	
1	22	0	
1	23	0	
1	24	0	
1	25	0	
1	26	0	
1	27	0	
1	28	0	
1	29	0	
1	30	0	
1	31	0	
1	32	0	
1	33	0	
1	34	0	
1	35	0	
1	36	0	
1	37	0	
1	38	0	

Anhang 5: Ausschnitt aus der Anpaarung innerhalb der Linie 44 und die durchschnittliche Verwandtschaft der einzelnen Selektionskandidaten

VATERTIER	MUTTERTIER	PAARUNG	HAHN	HENNE	VERWANDTSCHAFT
1	3	1	274316	367578	0,073364
1	8	1	274316	367652	0,055054
1	16	1	274316	367879	0,061188
1	51	1	274316	368429	0,073761
1	90	1	274316	368973	0,053162
1	91	1	274316	368974	0,053162
1	96	1	274316	369152	0,066223
1	128	1	274316	369465	0,080261
1	193	1	274316	370356	0,081604
1	277	1	274316	371102	0,085693
1	278	1	274316	371103	0,085693
1	289	1	274316	371360	0,08551
1	326	1	274316	371778	0,081604
1	329	1	274316	371813	0,073761
1	347	1	274316	371951	0,071747
1	363	1	274316	372102	0,07016
1	371	1	274316	372136	0,053162
1	404	1	274316	372409	0,080261
1	420	1	274316	372521	0,090546
1	431	1	274316	372611	0,080261
2	44	1	367586	368354	0,095718
2	45	1	367586	368356	0,095718
2	53	1	367586	368452	0,0793
2	61	1	367586	368564	0,098877
2	74	1	367586	368787	0,076965
2	78	1	367586	368930	0,087479

Anhang 6: Ausschnitt aus der Anpaarung innerhalb der Linie 11 und die durchschnittliche Verwandtschaft der einzelne Selektionskandidaten

VATERTIER	MUTTERTIER	PAARUNG (0 = KEINE PAARUNG)	HAHN	HENNE	VERWANDTSCHAFT
1	40	0	01430	31063	0,06292
1	41	1	01430	31064	0,0603
1	42	0	01430	31064	0,0603
1	43	0	01430	31065	0,06231
1	44	0	01430	31065	0,06695
1	45	0	01430	31065	0,06695
1	46	0	01430	31066	0,08032
1	47	0	01430	31068	0,05529
1	48	0	01430	31068	0,05529
1	49	0	01430	31070	0,05993
1	50	0	01430	31071	0,08294
1	51	0	01430	31079	0,09051
1	52	0	01430	31083	0,06817
1	53	0	01430	31083	0,06817
1	54	0	01430	31093	0,07867
1	55	0	01430	31097	0,07
1	56	0	01430	31097	0,07
1	57	1	01430	31099	0,06341
1	58	0	01430	31099	0,0628
1	59	0	01430	31105	0,06463
1	60	0	01430	31105	0,08374
1	61	0	01430	31105	0,0733
1	62	0	01430	31105	0,0733
1	63	0	01430	31106	0,06176
1	67	0	01430	31111	0,07904
1	68	0	01430	31111	0,07904
1	69	0	01430	31114	0,08905
1	70	0	01430	31114	0,06634
1	71	0	01430	31115	0,06481
1	72	0	01430	31115	0,06481
1	73	0	01430	31117	0,11712
1	74	0	01430	31120	0,10168
1	75	0	01430	31122	0,05902
1	76	0	01430	31123	0,05987
1	77	0	01430	31124	0,06927
1	78	0	01430	31124	0,0578
1	79	1	01430	31125	0,06695
1	80	0	01430	31133	0,08783
1	81	0	01430	31135	0,07989

Anhang 7: Ausschnitt aus der Berechnung des Beitrags, des Zuchtwerts und der Inzucht der Selektionskandidaten für die Linie 11

NUMMER	BEITRAG	MINIMALER BEITRAG	MAXIMALER BEITRAG	ZUCHTWERT	INZUCHT	NK HAHN	NK HENNE
8568	4,67	0,58	4,67	123	0,097	20	1
10631	4,67	0,58	4,67	158	0,195	20	1
11316	4,67	0,58	4,67	173	0,213	20	1
21074	4,67	0,58	4,67	147	0,195	20	1
21189	4,67	0,58	4,67	146	0,172	20	1
21229	2,612	0,58	4,67	135	0,154	11	1
21280	4,67	0,58	4,67	136	0,139	20	1
21311	0,688	0,58	4,67	134	0,134	3	1
21331	4,67	0,58	4,67	139	0,176	20	1
21405	4,67	0,58	4,67	135	0,152	20	1
21441	0,688	0,58	4,67	134	0,134	3	1
21442	4,67	0,58	4,67	151	0,188	20	1
21467	4,67	0,58	4,67	141	0,193	20	1
21598	4,67	0,58	4,67	139	0,152	20	1
21624	4,67	0,58	4,67	147	0,177	20	1
21660	4,67	0,58	4,67	146	0,172	20	1
21677	2,612	0,58	4,67	135	0,154	11	1
21696	4,67	0,58	4,67	147	0,195	20	1
21737	4,67	0,58	4,67	142	0,162	20	1
21820	4,67	0,58	4,67	141	0,193	20	1
21901	4,67	0,58	4,67	151	0,188	20	1
21920	4,67	0,58	4,67	136	0,155	20	1
21934	4,67	0,58	4,67	139	0,176	20	1
21936	4,67	0,58	4,67	143	0,164	20	1

DANKSAGUNG

Ich danke Herrn Prof. Dr. H. Simianer, Leiter des Fachgebietes Tierzucht am Institut für Tierzucht und Haustiergenetik der Georg-August-Universität Göttingen, der diese Arbeit angeregt hat, herzlich für seine Betreuung und die ständige Diskussionsbereitschaft während der Anfertigung dieser Arbeit.

Herrn Prof. Dr. R. Preisinger und Herrn Dr. M. Schmutz von der Lohmann Tierzucht GmbH danke ich für die Vergabe dieser Arbeit und für die Hilfe bei der Frage bezüglich des Datenmaterials.

Ich bedanke mich herzlich bei Herrn Dr. S. König für seine sachkundige Hilfe bei der Berechnung und Analyse des Datenmaterials. Dankbar bin ich auch Herrn M. Tietze für die Hilfe bei der Programmierung aber auch für seine stets hilfsbereite Unterstützung bei allen anderen Problemen.

Mein besonderer Dank gilt Frau K. Hillmer für die ständige Hilfsbereitschaft und Unterstützung bei allen Fragen fachlicher und nichtfachlicher Art. Ich bedanke mich herzlich bei Herrn Dipl.-Ing. agr. B. Möllers für die Unterstützung und Hilfe bei zahlreichen organisatorischen und computertechnischen Fragen.

Allen Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern am Institut danke ich für ihre Hilfsbereitschaft und Anregungen bei der Durchführung der Arbeit, insbesondere M. Sc. C. Flury, Dr. R. Sharifi, TA F. Bosselmann, M. Sommer, Dr. Sc. agr. H. Täubert, M. Sc. B. Lind und Dipl.-Biol. T. Pinent.

Meinen Freunden, insbesondere M. Sc. D. Agena, Dipl.-Ing. agr. J. Schmidtko, Dipl.-Biol. E. Gräber und S. Kühnhold danke ich für ihre Hilfe und konstruktiven Korrekturen dieser Arbeit.

Ich bedanke mich bei allen nicht namentlich erwähnten Kollegen und Freunden für die Hilfsbereitschaft und die Freundlichkeit.

Die arbeit wurde dankenswerter Weise von der Lohmann Tierzucht GmbH gefördert.

ERKLÄRUNG

Hiermit versichere ich, die vorliegende Promotionsarbeit mit dem Titel:

"Untersuchung zur Gestaltung von Zuchtprogrammen in der Legehennenzucht"
selbständig verfasst und keine weiteren als die angegebenen Hilfsmittel dazu verwendet
zu haben.

FITSUM TSEHAY

Göttingen, 19. Mai 2005