

4 ERGEBNISSE

In der New Hampshire Linie war es nach Schätzung des mittleren Inzuchtgrades für 43 Generationen und Analyse der Homozygotie mit molekulargenetischen Methoden für die Generationen 1982 und 1994 möglich, die erwartete mit der realisierten Homozygotiezunahme über diesen Zeitraum von 12 Jahren zu vergleichen. Die Merkmale Wachstum, Legeleistung und Reproduktion konnten ab 1956, 1978 bzw. 1970 ausgewertet werden.

Zusätzlich wurde die Entwicklung von Inzuchtgrad, Homozygotie und Leistungsmerkmalen bei Vollgeschwisterpaarung (Abbildung 3.2) untersucht.

4.1 Entwicklung des mittleren Inzuchtgrades in der New Hampshire Linie

Die Entwicklung des mittleren Inzuchtgrades wurde anhand von zwei verschiedenen Schätzmethoden untersucht.

4.1.1 Schätzung über die Verwandtschaftsmatrix

Anhand der Verwandtschaftsmatrix konnte in der New Hampshire Linie nach 43 Generationen ein mittlerer Inzuchtgrad von 26,6% ermittelt werden (Abbildung 4.1). Von 1955 bis 1959 war aufgrund der Anpaarung von nicht verwandten Gründertieren kein Inzuchtzuwachs zu verzeichnen. Der leichte Abfall der Inzucht 1966 ergab sich aus der Immigration von insgesamt 20 Hennen in den Jahren 1965 und 1966, von denen 14 Hennen 1965 einen eigenen Stamm bildeten.

In der Generation 1971 führte die Anpaarung eines fremden Hahnes zu einem weiteren Minimum von 0% Inzucht. Das 1972 herausragende Inzuchtmaximum konnte auf eine Henne zurückgeführt werden, deren Eltern Vollgeschwister mit einem Inzuchtgrad von je 14,3% waren.

Letztmalig wurden 1975 insgesamt 9 fremde Hähne an je einen Stamm für bestimmte Schlüpfe angepaart, so daß hier erneut ein Abfall des Inzuchtgrades erkennbar wurde. Jedoch beeinflussten die Nachkommen dieser Hähne den Inzuchtgrad eher geringfügig, weil die Söhne nicht als Stammhähne ausgewählt wurden und die Töchter nur zu rund 37% an der Bildung der nächsten Generation beteiligt waren. Der 1976 folgende starke

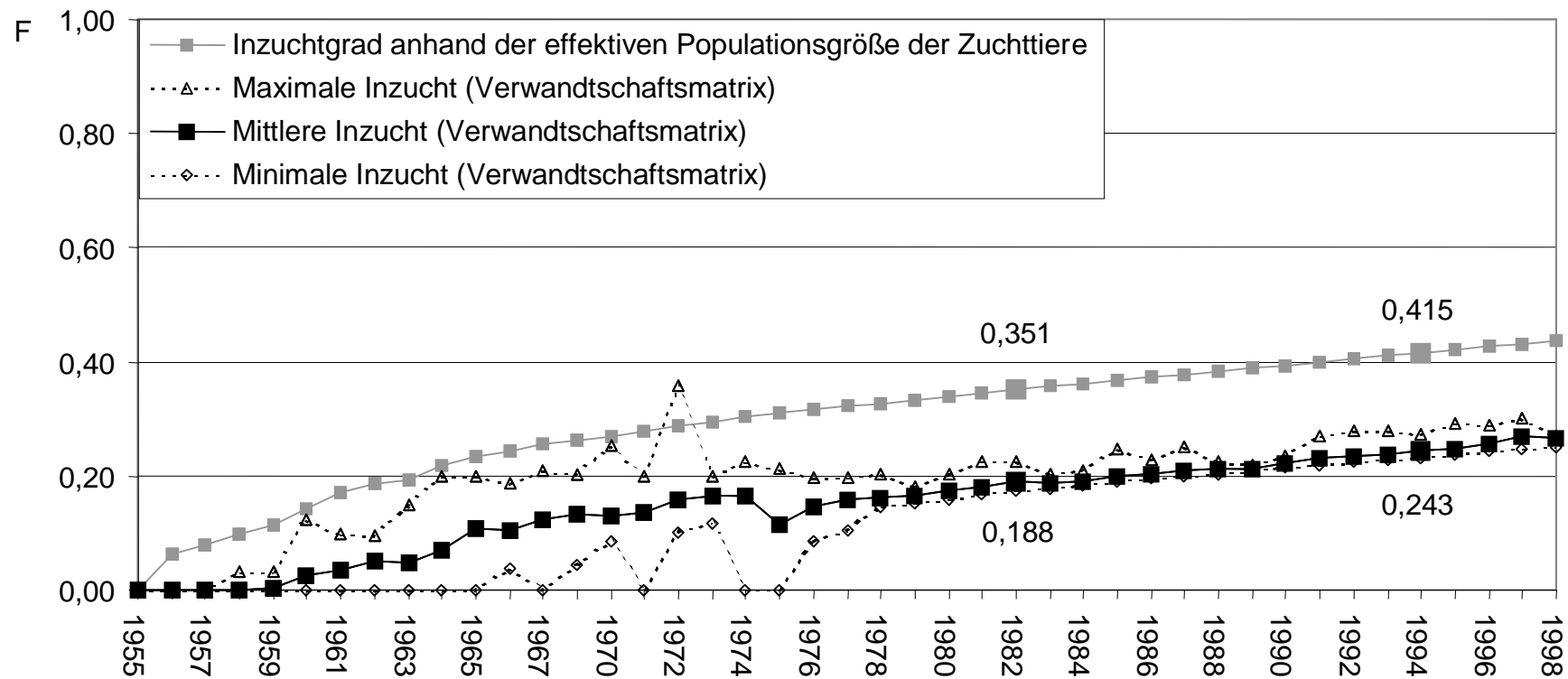


Abbildung 4.1: Mittlere Inzuchtkoeffizienten je Generation in der New Hampshire Zuchtpopulation von 1955 bis 1998

Inzuchtanstieg (>3%) war auf die aus der Population ausgewählten Hähne zurückzuführen, die, noch unbeeinflusst von der Fremdanpaarung, im Mittel eine relativ hohe Inzucht von 17,2% aufwiesen. In der Folgegeneration lag die mittlere Inzucht dann sowohl bei den Hähnen als auch bei den Hennen bei 14,6%. Bis 1998 stieg die mittlere Inzucht dann kontinuierlich an, wobei eine geringe Variation des Inzuchtgrades zwischen den Tieren einer Generation auffiel. In den beiden Tiergruppen, die stichprobenartig molekulargenetisch untersucht wurden, betrug die Inzucht im Mittel 1982 18,8% (17,3 - 22,4%) und 1994 24,3% (23,1 - 27,1%).

4.1.2 Bestimmung über die effektive Populationsgröße

Die Inzucht, die auf der Basis der effektiven Populationsgröße der Zuchttiere ermittelt wurde, lag erwartungsgemäß deutlich über den Schätzungen anhand der Verwandtschaftsmatrix (Abbildung 4.1). Da bei dieser Schätzmethode weder die Struktur der Population noch Fremdanpaarungen berücksichtigt werden, stieg der Inzuchtgrad kontinuierlich an und erreichte 1998 einen Wert von 43,7%. Zwischen den Generationen 1982 und 1994 stieg der Inzuchtgrad von 35,1% auf 41,5%.

Die Effektivität des eingesetzten Rotationssystems bei der Anpaarung der Hähne an die Stammhennen zur Verhinderung enger Inzucht wird in Abbildung 4.2 deutlich. Die realisierte effektive Populationsgröße, die aus dem Inzuchtzuwachs anhand der Verwandtschaftsmatrix geschätzt wurde, war im Mittel über 3 Jahre in allen Generationen der erwarteten effektiven Populationsgröße, die aus der Anzahl der zur Zucht verwendeten Hähne und Hennen je Generation berechnet wurde, deutlich überlegen. Das bedeutet, daß der niedrige Inzuchtzuwachs in der New Hampshire Linie mit weniger Tieren erreicht wurde als bei Zufallspaarung notwendig gewesen wären.

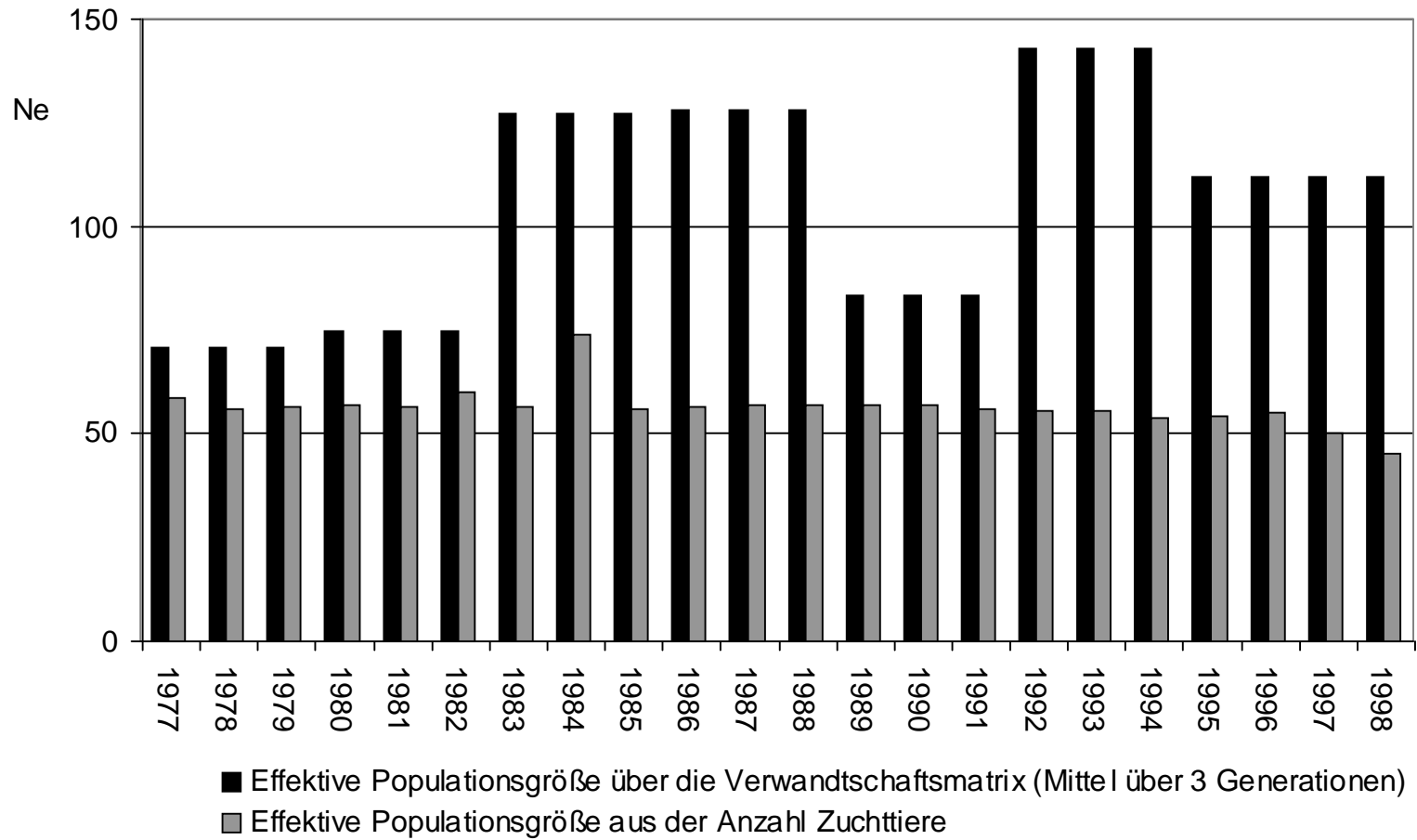


Abbildung 4.2:
Effektive Populationsgrößen (Ne) von 1977 bis 1998 (geschlossene Population)

4.2 Analyse der genetischen Variabilität mit Mikrosatelliten-Markern anhand von Stichproben in der New Hampshire Linie

Die Analyse der genetischen Variabilität erfolgte auf der Basis von 23 Mikrosatelliten-Markern bei stichprobenartig ausgewählten Tieren der Generationen 1982 und 1994. Nach der Genotypisierung bildeten die Allelzahl, die Allel- und die Genotypenfrequenzen je Mikrosatellit und im Mittel über alle Mikrosatelliten die Grundlage für die Charakterisierung der genetischen Variabilität in der New Hampshire Linie mittels Polymorphie der Marker, Homozygotiestatus, beobachteter und erwarteter Heterozygotie sowie Informationsgehalt der Mikrosatelliten (Polymorphic information content, PIC).

4.2.1 Polymorphie der Mikrosatelliten-Marker

Bei den untersuchten Mikrosatelliten wurden in den Generationen 1982 und 1994 zwischen 1 und 4 Allele je Markerlocus gefunden (Tabelle 4.1).

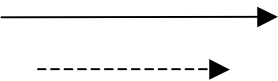
Auffällig war ein Allelverlust bei den Mikrosatelliten MCW 16, MCW 43 und ADL 20, bei denen in der Stichprobe 1982 je 4 Allele und bei den Tieren 1994 je 3 Allele detektiert wurden. Ein Verlust erscheint wahrscheinlich, denn diese Allele, die nur 1982 auftraten, gehörten mit einer Frequenz von 0,03 (MCW 16), 0,03 (MCW 43) bzw. 0,14 (ADL 20) zu den Allelen mit den niedrigsten Frequenzen bei diesen Markern.

Im Gegensatz dazu wurde bei den Markern MCW 41, MCW 75 und ADL 267 in der Stichprobe 1994 je ein Allel mehr bestimmt. Es ist jedoch eher unwahrscheinlich, daß es sich dabei um eine echte Allelzunahme handelt, weil 1994 eine absolut und relativ größere Stichprobe untersucht wurde. Von 148 Zuchttieren dieser Generation konnten alle Hähne, 14 Reservehähne und rund 38% der Zuchthennen (50 von 133 Zuchthennen) für die Analysen genutzt werden. Hingegen standen aus der Generation 1982 mit 266 Zuchttieren lediglich Blutplasma-proben von einem Drittel der Hähne (5 von 15 Zuchthähnen) und von rund 21% der Zuchthennen (53 von 251 Zuchthennen) zur Verfügung. Außerdem traten diese allein bei den Tieren aus 1994 detektierten Allele hier mit den jeweils niedrigsten Frequenzen von 0,11, 0,06 bzw. 0,20 im Vergleich mit den übrigen Allelen dieser Loci auf, so daß sie bereits 1982 vermutlich in der Zuchtpopulation, jedoch nicht in der Stichprobe, vorhanden waren.

Tabelle 4.1:
Anzahl Allele pro Mikrosatellit und Stichprobe

Mikrosatellit	1982 (n=58)	1994 (n=79)
MCW 1	2	2
MCW 2	2	2
MCW 4	2	2
MCW 5	2	2
MCW 14	3	3
MCW 16	4	3
MCW 41 (k)	2	3
MCW 43 (k)	4	3
MCW 49 (k)	3	3
MCW 51 (k)	2	2
MCW 59 (k)	2	2
MCW 75 (k)	1	2
ADL 158	2	2
ADL 176	3	3
ADL 210	2	2
ADL 267	1	2
ADL 20	4	3
ADL 39	3	3
ADL 44	2	2
HUJ 2	3	3
HUJ 6	2	2
HUJ 7	2	2
HUJ 8	1	1
Σ	54	54

(k) Marker in kodierender DNA-Region


Allelverlust
scheinbare Allelzunahme

Insgesamt wurden 1982 und 1994 jeweils 54 Allele an 23 Mikrosatelliten-Loci detektiert. Daraus resultierte eine im Vergleich zur Literatur relativ geringe mittlere Allelzahl von 2,3 Allelen pro Marker.

Aus Abbildung 4.3 ist zu entnehmen, daß in beiden Stichproben hauptsächlich Marker mit 2 Allelen in der Untersuchung vertreten waren. Zusätzlich wurde noch einmal deutlich, daß in der Stichprobe 1994 maximal 3 Allele je Locus auftraten. In beiden Stichproben war lediglich ein Marker (HUJ 8) vollständig homozygot.

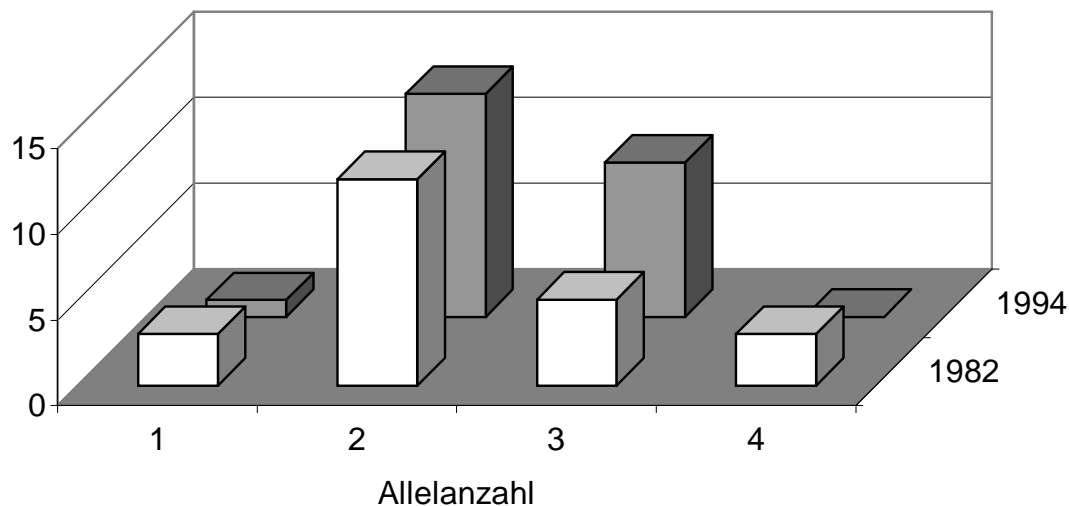


Abbildung 4.3:

Verteilung der Mikrosatelliten nach detektierter Allelzahl und Stichprobe

4.2.2 Analyse des Homozygotiestatus

Auf der Basis der individuellen Genotypisierung konnten die Anteile homozygoter Tiere je Mikrosatellit bestimmt werden (Abbildung 4.4). Die Marker sind hier entsprechend des Anteils und des Anstiegs bzw. des Abfalls der Homozygotie geordnet. Bei 12 von 23 Mikrosatelliten konnte eine Homozygotiezunahme zwischen 1982 und 1994 festgestellt werden (ADL 176 bis MCW 14 in Abbildung 4.4). Zwei Marker zeigten keine Veränderung (MCW 16 und HUU 8), während bei den übrigen 9 Mikrosatelliten der Anteil homozygoter Genotypen abnahm (MCW 75 bis ADL 39). Hervorzuheben ist, daß unter den Markern mit einer Heterozygotiezunahme 4 von 6 Mikrosatelliten aufzufinden waren, die innerhalb kodierender Bereiche liegen (MCW 75, MCW 59, MCW 41 und MCW 49). Die Veränderungen der Genotypenfrequenzen (AA, AB, BB, etc.) zwischen 1982 und 1994 waren bei 19 Markern signifikant (Tabelle 4.2).

Im Mittel der 23 Mikrosatelliten konnte in 12 Generationen eine Homozygotiezunahme von 56,4% (1982) auf 61,6% (1994) festgestellt werden (Tabelle 4.2). Diese gesamte Homozygotiezunahme wurde hauptsächlich durch die 17 Marker in nichtkodierenden DNA-Bereichen hervorgerufen, wohingegen die 6 Mikrosatelliten in kodierenden DNA-Abschnitten im Mittel eine gegensätzliche Tendenz (Heterozygotiezunahme) zeigten.

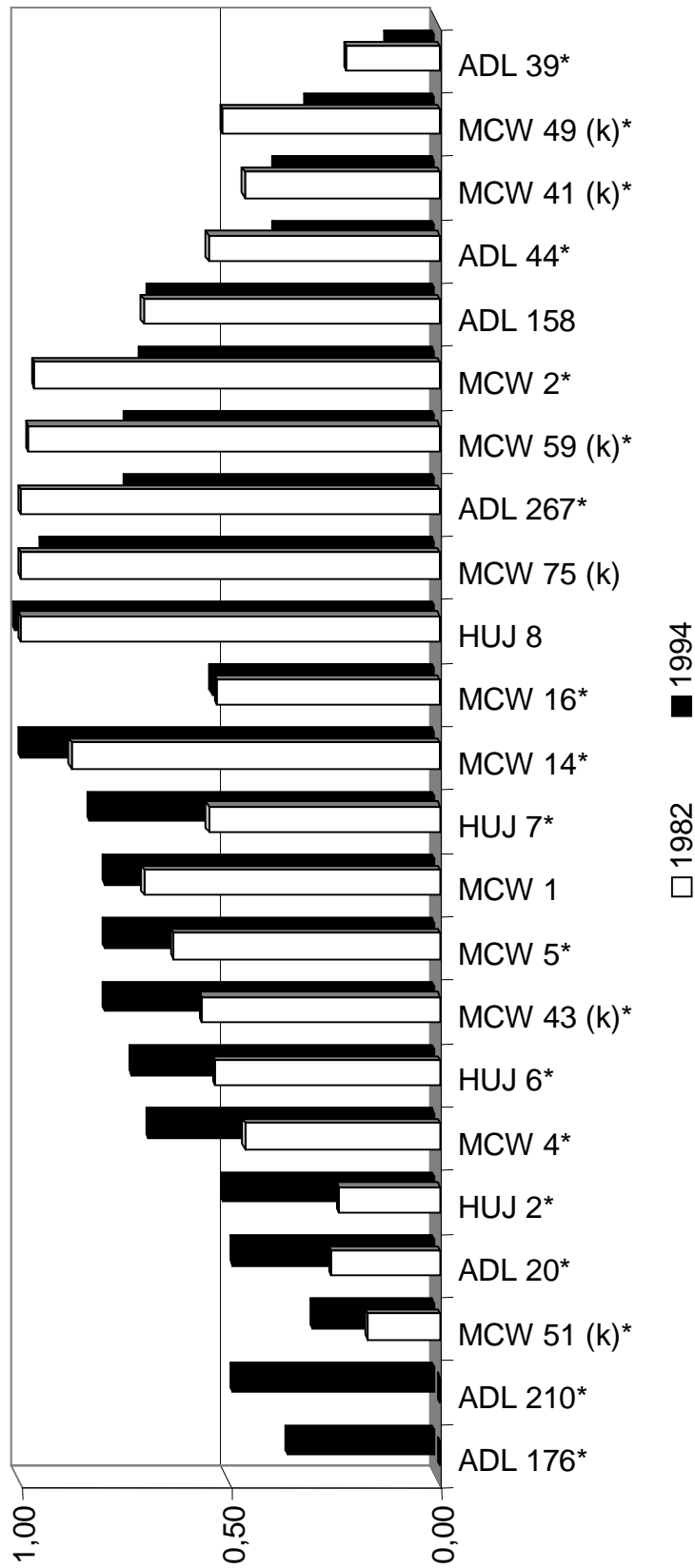


Abbildung 4.4:
 Anteil homozygoter Tiere je Mikrosatellit in den Stichproben 1982 und 1994
 [*: signifikante Änderung der Genotypenfrequenzen zwischen 1982 und 1994 ($\alpha < 0,05$),
 (k): Marker in kodierender DNA-Region]

Tabelle 4.2:

Anzahl und Anteil homozygoter und heterozygoter Genotypen in den Stichproben 1982 und 1994

Mikrosatellit	1982 (n=58)				α	1994 (n=79)			
	Homozygotie		Heterozygotie			Homozygotie		Heterozygotie	
	absolut	relativ	absolut	relativ		absolut	relativ	absolut	relativ
MCW 1	41	0,71	17	0,29	0,42	62	0,78	17	0,22
MCW 2	56	0,97	2	0,03	0,00	55	0,70	24	0,30
MCW 4	27	0,47	31	0,53	0,02	54	0,68	25	0,32
MCW 5	37	0,64	21	0,36	0,00	62	0,78	17	0,22
MCW 14	51	0,88	7	0,12	0,00	78	0,99	1	0,01
MCW 16	31	0,53	27	0,47	0,00	42	0,53	37	0,47
MCW 41 (k)	27	0,47	31	0,53	0,00	30	0,38	49	0,62
MCW 43 (k)	33	0,57	25	0,43	0,00	62	0,78	17	0,22
MCW 49 (k)	30	0,52	28	0,48	0,00	24	0,30	55	0,70
MCW 51 (k)	10	0,17	48	0,83	0,00	23	0,29	56	0,71
MCW 59 (k)	57	0,98	1	0,02	0,00	58	0,73	21	0,27
MCW 75 (k)	58	1,00	0	0,00	0,06	74	0,94	5	0,06
ADL 158	41	0,71	17	0,29	0,22	54	0,68	25	0,32
ADL 176	0	0,00	58	1,00	0,00	28	0,35	51	0,65
ADL 210	0	0,00	58	1,00	0,00	38	0,48	41	0,52
ADL 267	58	1,00	0	0,00	0,00	58	0,73	21	0,27
ADL 20	15	0,26	43	0,74	0,00	38	0,48	41	0,52
ADL 39	13	0,22	45	0,78	0,00	9	0,11	70	0,89
ADL 44	32	0,55	26	0,45	0,02	30	0,38	49	0,62
HUJ 2	14	0,24	44	0,76	0,00	40	0,51	39	0,49
HUJ 6	31	0,53	27	0,47	0,00	57	0,72	22	0,28
HUJ 7	32	0,55	26	0,45	0,00	65	0,82	14	0,18
HUJ 8	58	1,00	0	0,00		79	1,00	0	0,00
Mittelwerte		0,564		0,436			0,616		0,384
Marker (k)		0,618		0,382			0,572		0,428
Marker (nk)		0,545		0,455			0,632		0,368

Irrtumswahrscheinlichkeit α für die Unterschiede in den einzelnen Genotypenfrequenzen über 12 Generationen

(k) Marker in kodierender DNA-Region, (nk) Marker in nichtkodierender DNA-Region

Mit der Homozygotiezunahme war bei 8 von 23 Mikrosatelliten eine Zunahme der Allelfrequenz des am häufigsten auftretenden Allels in der Stichprobe 1982 verbunden (Abbildungen 4.5 a und b). Weitere 3 Marker tendierten in diese Richtung allerdings mit einem Allel, das 1982 nicht häufiger vertreten war (MCW 51, HJJ 6 und MCW 16). Die Allele der übrigen Mikrosatelliten neigten eher zu einer Angleichung ihrer Frequenzen ($p=q=1/2$ bzw. $p_1=p_2=p_3=1/3$). Entsprechend zeigten diese Marker überwiegend eine Heterozygotiezunahme beim Vergleich der Genotypenfrequenzen 1982 und 1994. Die Allelfrequenzen, die Allelfrequenzänderungen in 12 Jahren und deren Signifikanzen (α) sind in Tabelle 4.3 dargestellt.

Tabelle 4.3:

Allelfrequenzen (AF), Allelfrequenzänderung (Δ AF) und Signifikanzen (α) für 23 Mikrosatelliten 1982 und 1994

Mikrosatellit	Allele	AF 1982	AF 1994	Δ AF	α
MCW 1	A	0,15	0,12	-0,03	0,59
	B	0,85	0,88	0,03	
MCW 2	A	0,76	0,20	-0,56	0,00
	B	0,24	0,80	0,56	
MCW 4	A	0,72	0,82	0,10	0,06
	B	0,28	0,18	-0,10	
MCW 5	A	0,75	0,89	0,14	0,00
	B	0,25	0,11	-0,14	
MCW 14	A	0,16	0,44	0,28	0,00
	B	0,68	0,55	-0,13	
	C	0,16	0,01	-0,15	
MCW 16	A	0,03	0,00	-0,03	0,00
	B	0,60	0,27	-0,33	
	C	0,13	0,23	0,10	
	D	0,23	0,50	0,27	
MCW 41 (k)	A	0,27	0,41	0,14	0,00
	B	0,73	0,47	-0,26	
	C	0,00	0,11	0,11	
MCW 43 (k)	A	0,70	0,87	0,17	0,00
	B	0,26	0,10	-0,16	
	C	0,01	0,03	0,02	
	D	0,03	0,00	-0,03	
MCW 49 (k)	A	0,51	0,28	-0,23	0,00
	B	0,28	0,30	0,02	
	C	0,21	0,41	0,20	

Tabelle 4.3: Fortsetzung

Mikrosatellit	Allele	AF 1982	AF 1994	Δ AF	α
MCW 51 (k)	A	0,57	0,43	-0,14	0,03
	B	0,43	0,57	0,14	
MCW 59 (k)	A	0,01	0,13	0,12	0,00
	B	0,99	0,87	-0,12	
MCW 75 (k)	A	1,00	0,94	-0,06	0,01
	B	0,00	0,06	0,06	
ADL 158	A	0,85	0,79	-0,06	0,21
	B	0,15	0,21	0,06	
ADL 176	A	0,49	0,42	-0,07	0,17
	B	0,02	0,06	0,04	
	C	0,49	0,53	0,04	
ADL 210	A	0,50	0,27	-0,23	0,00
	B	0,50	0,73	0,23	
ADL 267	A	1,00	0,80	-0,20	0,00
	B	0,00	0,20	0,20	
ADL 20	A	0,14	0,00	-0,14	0,00
	B	0,23	0,22	-0,01	
	C	0,20	0,27	0,07	
	D	0,43	0,51	0,08	
ADL 39	A	0,59	0,51	-0,08	0,00
	B	0,22	0,11	-0,11	
	C	0,20	0,38	0,18	
ADL 44	A	0,72	0,58	-0,14	0,02
	B	0,28	0,42	0,14	
HUJ 2	A	0,62	0,56	-0,06	0,28
	B	0,07	0,13	0,06	
	C	0,31	0,32	0,01	
HUJ 6	A	0,49	0,70	0,21	0,00
	B	0,51	0,30	-0,21	
HUJ 7	A	0,22	0,09	-0,13	0,00
	B	0,78	0,91	0,13	
HUJ 8	A	1,00	1,00	0,00	

(k) Marker in kodierender DNA-Region

Tendenz zur Fixation:

MCW 1, MCW 4, MCW 5, MCW 43, ADL 176, ADL 210, ADL 20, HUJ 7

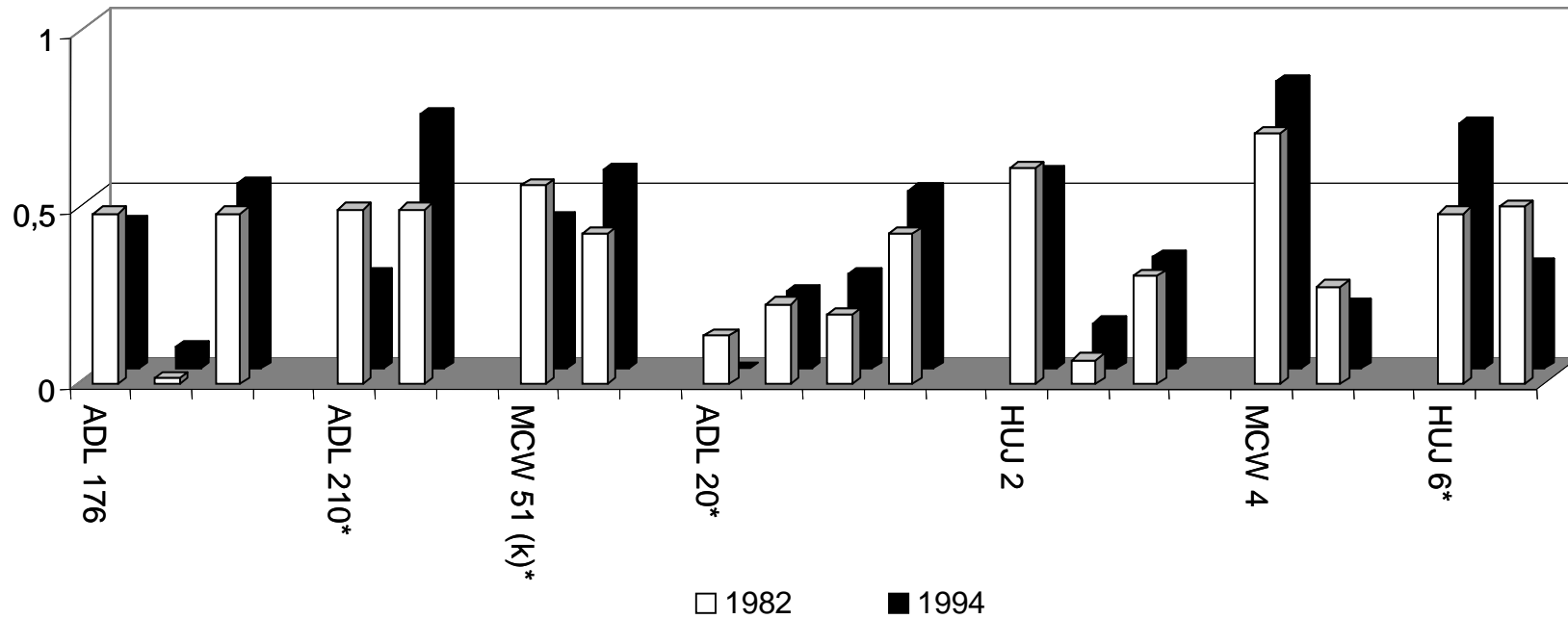


Abbildung 4.5 a:
 Allelfrequenzen der Mikrosatelliten 1982 und 1994 mit einer Homozygotiezunahme
 [*: signifikante Änderungen der Allelfrequenzen ($\alpha < 0,05$),
 (k): Marker in kodierender DNA-Region]

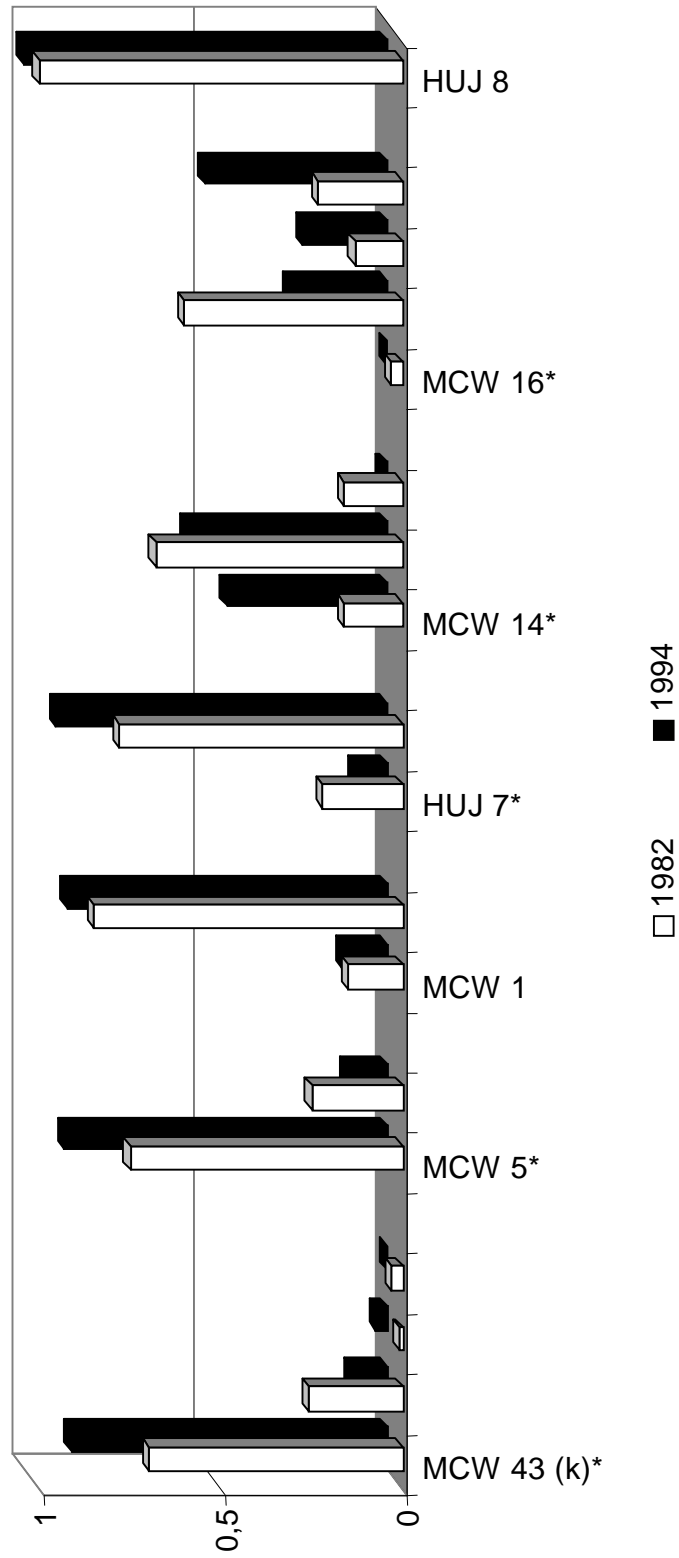


Abbildung 4.5 a: Fortsetzung

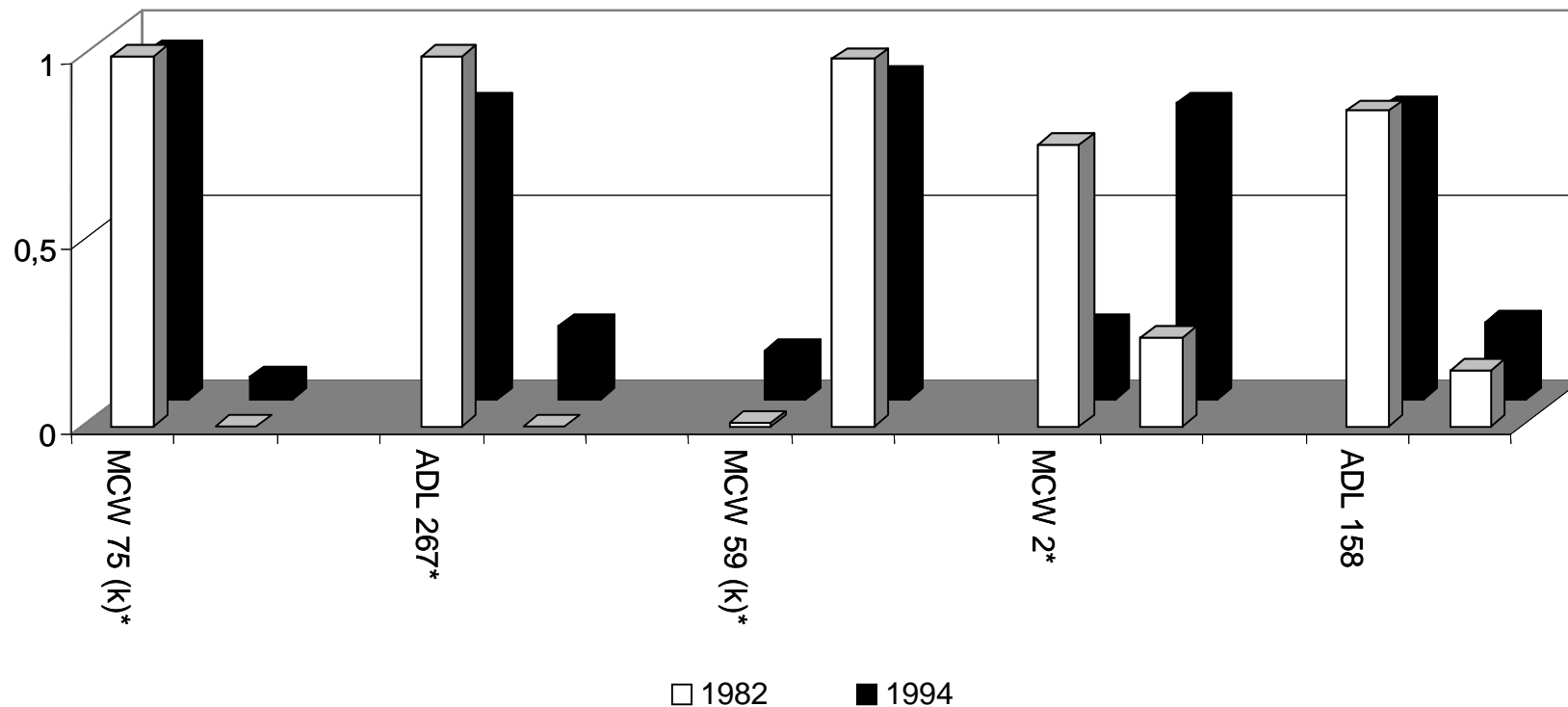


Abbildung 4.5 b:
 Allelfrequenzen der Mikrosatelliten 1982 und 1994 mit einer Homozygotieabnahme
 [*: signifikante Änderungen der Allelfrequenzen ($\alpha < 0,05$),
 (k): Marker in kodierender DNA-Region]

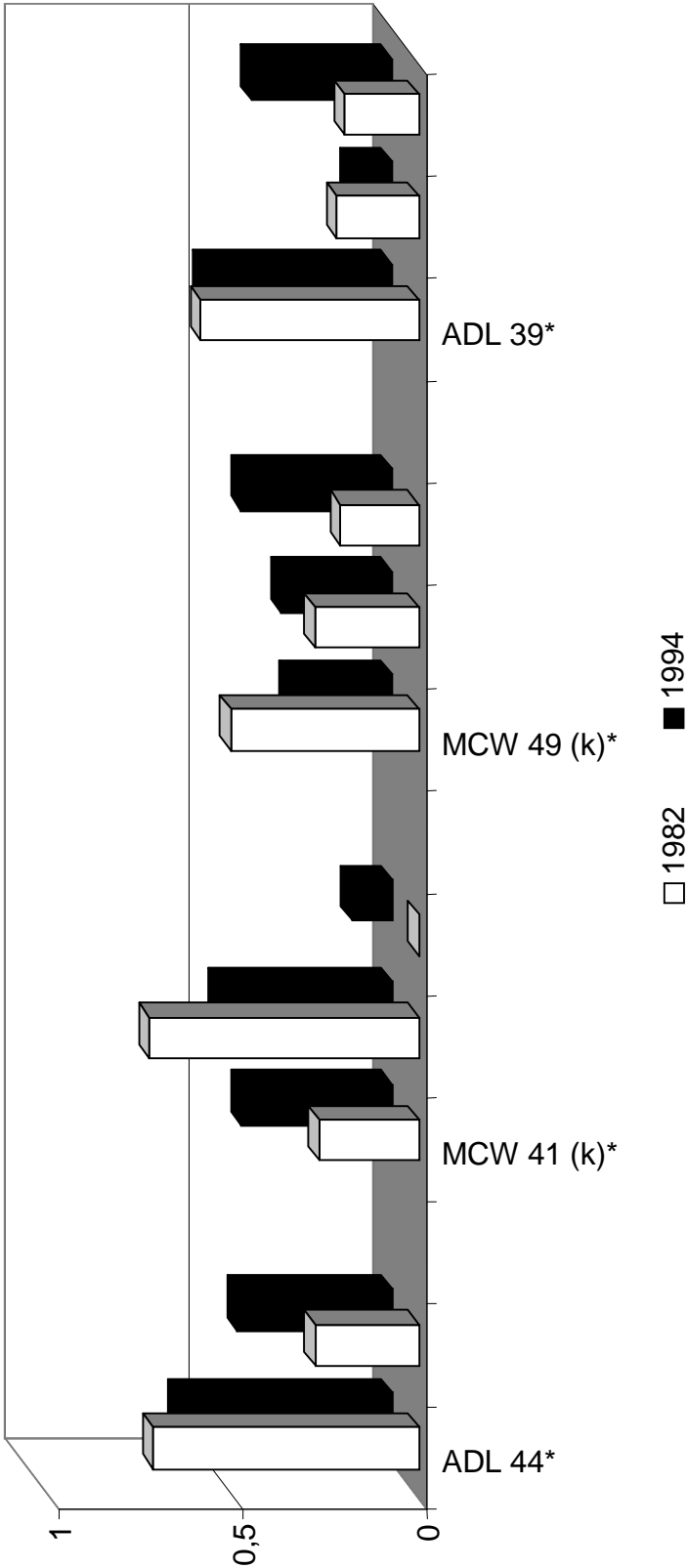


Abbildung 4.5 b: Fortsetzung

4.2.3 Entwicklung der beobachteten und der erwarteten Heterozygotie

Die beobachtete Heterozygotie wurde analog der Homozygotie als Anteil heterozygoter Tiere je Mikrosatellit aus den Genotypenfrequenzen berechnet. Bei ihrer Darstellung in den Abbildungen 4.6 a und 4.6 b wurde die bei der Betrachtung der Homozygotie festgelegte Reihenfolge beibehalten. Der erwartete Anteil heterozygoter Tiere ergab sich aus dem Hardy-Weinberg-Gesetz, das an die Erwartungen bei Inzucht angepaßt worden war [$2pq(1-F)$].

Sowohl in der Stichprobe der Generation 1982 als auch in der Stichprobe der Generation 1994 übertraf die beobachtete Heterozygotie mit 17 bzw. 18 von 23 Markern die Erwartungen (Abbildungen 4.6 a und 4.6 b). Abweichend von dieser Tendenz zeigten in der Stichprobe 1982 nur die Marker MCW 14, MCW 2 und MCW 49 mehr homozygote Tiere als erwartet (Abbildung 4.6 a), die übrigen drei Mikrosatelliten (HUJ 8, MCW 75 und MCW 59) waren vollständig homozygot, so daß keine Erwartungswerte berechnet werden konnten. In der Stichprobe 1994 tendierten lediglich die Marker HUJ 6, MCW 14 und MCW 75 zu mehr Homozygotie als erwartet (Abbildung 4.6 b), HUJ 8 zeigte sich auch hier monomorph und der Mikrosatellit MCW 16 bestätigte die Erwartung.

Ein Vergleich der beobachteten mit den erwarteten Genotypenfrequenzen lieferte in den Stichproben 1982 und 1994 bei 11 bzw. 5 Mikrosatelliten signifikante Abweichungen und unterstrich in 9 bzw. 4 Fällen die beobachtete Tendenz zu einer Abweichung von der Erwartung in Richtung Heterozygotie (Tabelle 4.4).

Zusammengefaßt im Mittel über alle 23 Marker (Tabelle 4.4) lag die beobachtete Heterozygotie in beiden Stichproben (1982: 0,44 und 1994: 0,38) über der erwarteten Heterozygotie (1982: 0,31 und 1994: 0,29). Dieses Ergebnis wurde hauptsächlich von den 17 Mikrosatelliten in nichtkodierenden Bereichen beeinflusst, wobei die Heterozygotieabnahme zugunsten der Homozygotie bei Inzucht hier noch einmal deutlich wurde. Im Gegensatz dazu zeichnete sich die Tendenz der Heterozygotiezunahme bei den 6 Mikrosatelliten innerhalb kodierender Bereiche sowohl bei den Beobachtungen (1982: 0,38 und 1994: 0,43) als auch bei den Erwartungen ab (1982: 0,26 und 1994: 0,29).

Die beobachteten Abweichungen von den Erwartungswerten mit der Tendenz zur Heterozygotie waren insofern nicht unerwartet, als die New Hampshire

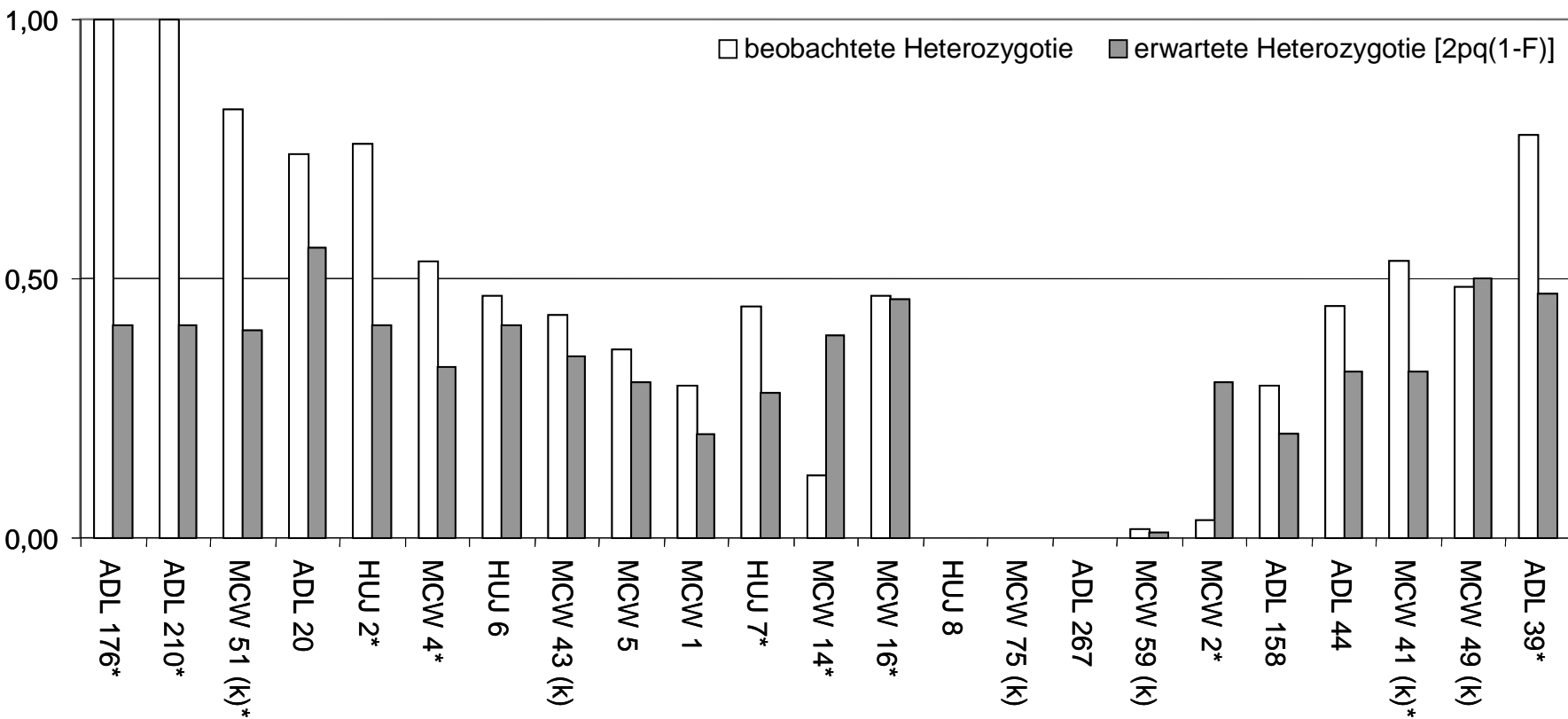


Abbildung 4.6 a:

Beobachtete und erwartete Heterozygotie 1982

[*: signifikante Abweichung der beobachteten von der erwarteten Heterozygotie ($\alpha < 0,05$),

(k): Marker in kodierender DNA-Region]

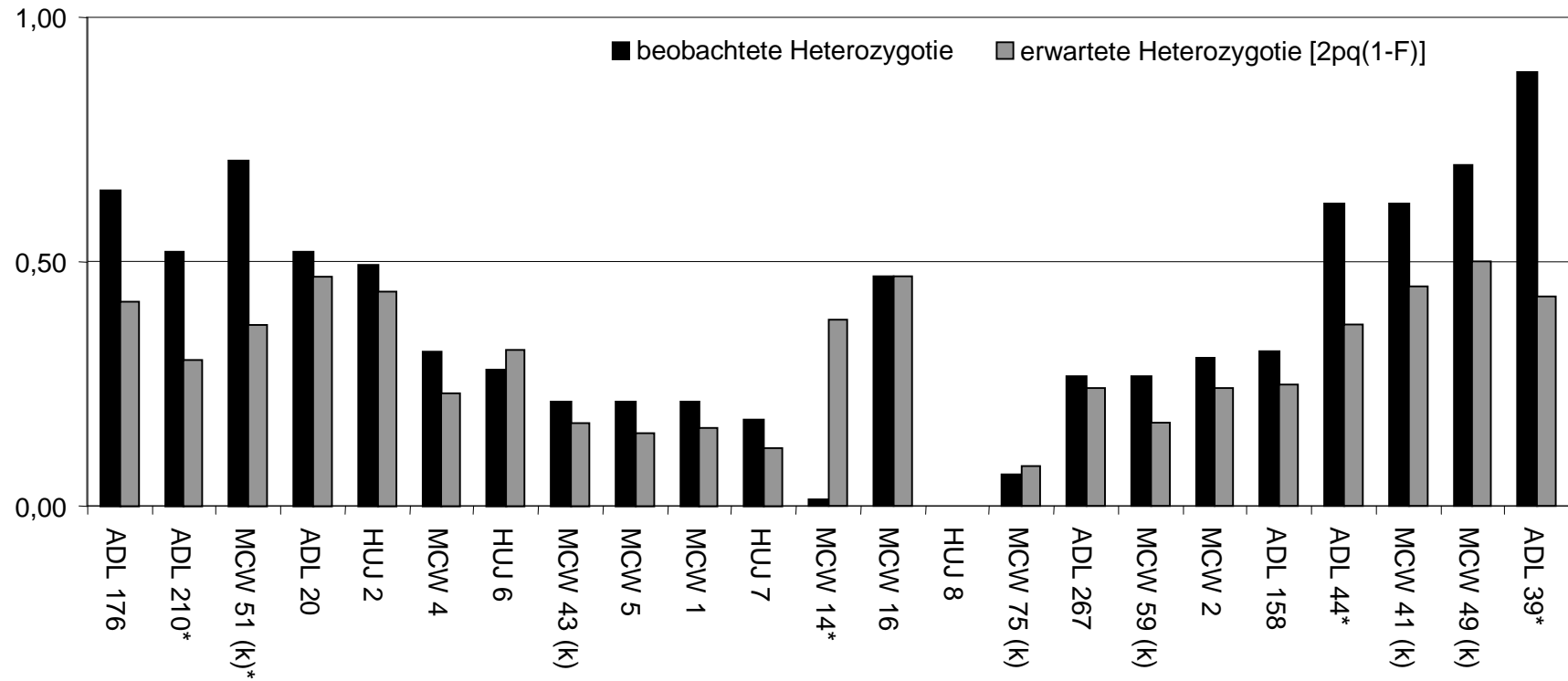


Abbildung 4.6 b:

Beobachtete und erwartete Heterozygotie 1994

[*: signifikante Abweichung der beobachteten von der erwarteten Heterozygotie ($\alpha < 0,05$),

(k): Marker in kodierender DNA-Region]

Linie im Sinne des Hardy-Weinberg-Gesetzes keine ideale Population darstellt. Das häufigere Auftreten heterozygoter Tiere könnte hier auf Selektionsvorteile gegenüber den homozygoten Tieren hindeuten, wengleich der Inzuchtanstieg je Generation moderat verlief.

Tabelle 4.4:

Beobachtete und erwartete Heterozygotie 1982 und 1994 sowie Signifikanzen (α) für Abweichungen der Beobachtung von den Erwartungswerten innerhalb der Stichprobe bei 23 Mikrosatelliten

Mikrosatellit	<u>Heterozygotie 1982</u>			<u>Heterozygotie 1994</u>		
	beobachtet	erwartet	α	beobachtet	erwartet	α
MCW 1	0,29	0,20	0,15	0,22	0,16	0,51
MCW 2	0,03	0,30	0,00	0,30	0,24	0,60
MCW 4	0,53	0,33	0,02	0,32	0,23	0,19
MCW 5	0,36	0,30	0,69	0,22	0,15	0,12
MCW 14	0,12	0,39	0,00	0,01	0,38	0,00
MCW 16	0,47	0,46	0,05	0,47	0,47	0,10
MCW 41 (k)	0,53	0,32	0,01	0,62	0,45	0,15
MCW 43 (k)	0,43	0,35	0,95	0,22	0,17	0,87
MCW 49 (k)	0,48	0,50	0,51	0,70	0,50	0,16
MCW 51 (k)	0,83	0,40	0,00	0,71	0,37	0,00
MCW 59 (k)	0,02	0,01	1,00	0,27	0,17	0,06
MCW 75 (k)	0,00	0,00		0,06	0,08	1,00
ADL 158	0,29	0,20	0,15	0,32	0,25	0,50
ADL 176	1,00	0,41	0,00	0,65	0,42	0,06
ADL 210	1,00	0,41	0,00	0,52	0,30	0,00
ADL 267	0,00	0,00		0,27	0,24	0,93
ADL 20	0,74	0,56	0,58	0,52	0,47	0,94
ADL 39	0,78	0,47	0,00	0,89	0,43	0,00
ADL 44	0,45	0,32	0,23	0,62	0,37	0,01
HUJ 2	0,76	0,41	0,00	0,49	0,44	0,53
HUJ 6	0,47	0,41	0,82	0,28	0,32	0,80
HUJ 7	0,45	0,28	0,02	0,18	0,12	0,31
HUJ 8	0,00	0,00		0,00	0,00	
Mittel über						
- 23 Marker	0,44	0,31		0,38	0,29	
- 6 Marker (k)	0,38	0,26		0,43	0,29	
- 17 Marker (nk)	0,46	0,32		0,37	0,29	

Irrtumswahrscheinlichkeit α für die Unterschiede in den einzelnen Genotypenfrequenzen
(k) Marker in kodierender DNA-Region, (nk) Marker in nichtkodierender DNA-Region

4.2.4 Untersuchung des Informationsgehaltes der Mikrosatelliten (PIC)

Per definitionem wird der Informationsgehalt (Polymorphic Information Content, PIC) einzelner Mikrosatelliten um so größer, je mehr Allele am Markergenort auftreten. Bei der Untersuchung der 23 Mikrosatelliten in der New Hampshire Linie nahm der PIC in den Stichproben 1982 und 1994 Werte zwischen 0 (Locus vollständig homozygot) und 0,65 (1982: ADL 20) bzw. 0,59 (1994: MCW 49) an (Tabelle 4.5).

Tabelle 4.5:

Informationsgehalt (PIC) der Mikrosatelliten in den Stichproben 1982 und 1994

Mikrosatellit	PIC 1982	PIC 1994
MCW 1	0,22	0,19
MCW 2	0,30	0,27
MCW 4	0,32	0,25
MCW 5	0,30	0,18
MCW 14	0,44	0,39
MCW 16	0,52	0,55
MCW 41 (k)	0,32	0,52
MCW 43 (k)	0,37	0,22
MCW 49 (k)	0,55	0,59
MCW 51 (k)	0,37	0,37
MCW 59 (k)	0,02	0,20
MCW 75 (k)	0,00	0,11
ADL 158	0,22	0,28
ADL 176	0,40	0,44
ADL 210	0,38	0,32
ADL 267	0,00	0,27
ADL 20	0,65	0,55
ADL 39	0,50	0,50
ADL 44	0,32	0,37
HUJ 2	0,44	0,49
HUJ 6	0,37	0,33
HUJ 7	0,28	0,15
HUJ 8	0,00	0,00
Mittel über 23 Marker	0,32	0,33
Mittel über		
- 6 Marker (k)	0,27	0,33
- 17 Marker (nk)	0,33	0,32

(k) Marker in kodierender DNA-Region,

(nk) Marker in nichtkodierender DNA-Region

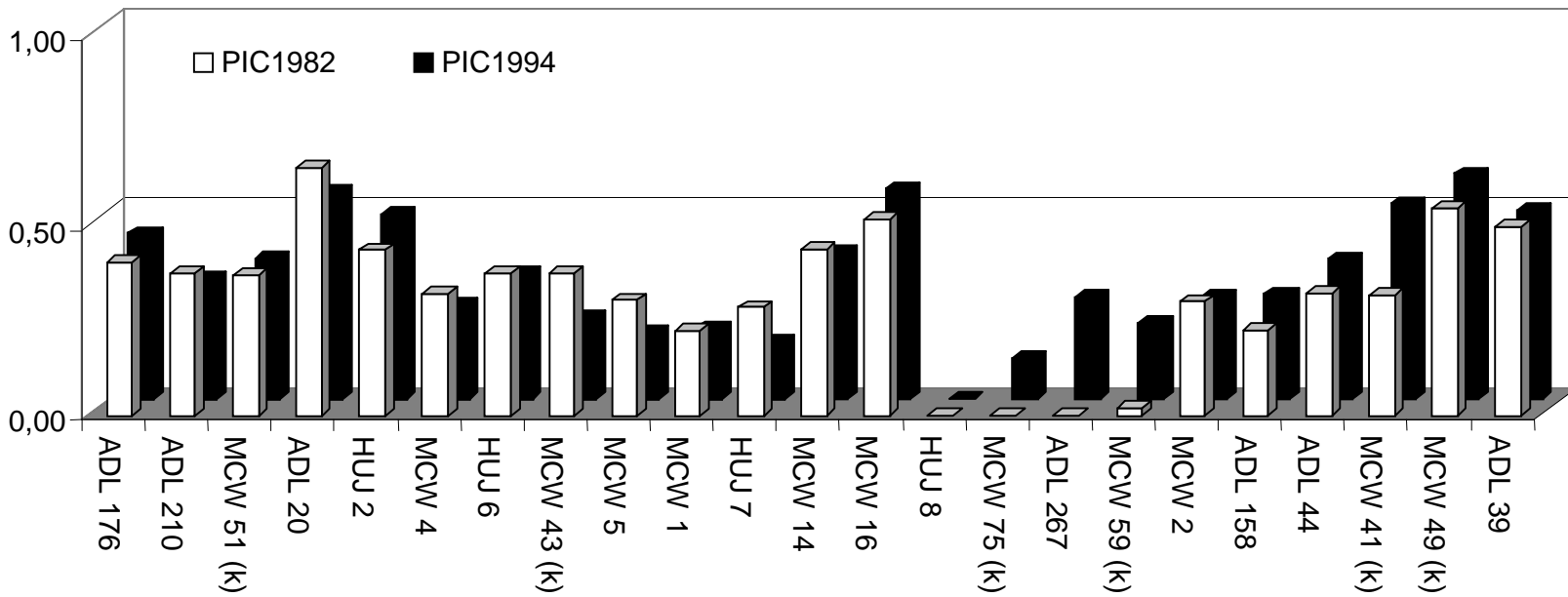


Abbildung 4.7:
 Polymorphic information content (PIC) in den Stichproben 1982 und 1994
 (Reihenfolge entsprechend des Homozygotieanteils und der Homozygotiezunahme)
 (k): Marker in kodierender DNA-Region

Vor allem bei den Mikrosatelliten mit 2 Allelen wurde mit zunehmender Homozygotie, wie erwartet, eine Abnahme des PIC deutlich (Abbildungen 4.4 und 4.7 ADL 210, MCW 51, MCW 4, HUJ 6, MCW 5, MCW 1, HUJ 7). Folglich ging die beobachtete Heterozygotiezunahme der Mikrosatelliten MCW 75 bis ADL 39 (Abbildung 4.4) mit einem höheren PIC 1994 einher (Abbildung 4.7).

Im Mittel blieb der Informationsgehalt über 12 Generationen von 0,32 (1982) und 0,33 (1994) annähernd konstant (Tabelle 4.5). Bei den 6 Mikrosatelliten innerhalb kodierender DNA-Regionen war eine deutliche Zunahme des Informationsgehaltes erkennbar (1982: 0,27, 1994: 0,33), während der PIC im Mittel der übrigen 17 Loci nahezu gleich blieb (PIC 1982: 0,33, PIC 1994: 0,32).

4.3 Vergleich von Inzucht- und Homozygotieentwicklung

Zum Vergleich der Inzucht- und der Homozygotieentwicklung in der New Hampshire Linie wurde einerseits die über den mittleren Inzuchtanstieg geschätzte Homozygotiezunahme der anhand von 23 Mikrosatelliten direkt beobachteten Homozygotieentwicklung gegenübergestellt. Andererseits wurden die individuellen Inzuchtkoeffizienten auf Korrelationen mit den individuellen Homozygotiegraden überprüft.

4.3.1 Schätzung der Homozygotiezunahme anhand des mittleren Inzuchtanstiegs je Jahr

In den beiden stichprobenartig untersuchten Generationen stieg die Inzucht von im Mittel 18,8% (1982) auf 24,3% (1994) um 5,4 % an (Abschnitt 4.1.1). Im gleichen Zeitraum nahm die Heterozygotie im Mittel von 43,6% (1982) um 5,2% auf 38,4% (1994) ab (Abschnitt 4.2.2). Da eine Inzuchtzunahme einen Heterozygotieverlust zugunsten homozygoter Genotypen bezogen auf die Heterozygotie des Ausgangsjahrgangs bedeutet, war eine Heterozygotieabnahme von 2,3% für 1994 geschätzt worden (Tabelle 4.6). Die basierend auf 23 Markergenorten direkt beobachtete Heterozygotieabnahme lag im Gegensatz dazu mit 5,2% deutlich über der Vorhersage durch die Inzuchtkoeffizienten. Die beobachtete Homozygotie stieg also stärker als erwartet an.

Tabelle 4.6:

Vergleich von Inzuchtanstieg und Homozygotiezunahme zwischen den stichprobenartig untersuchten Generationen 1982 und 1994

	Beobachtungen		Differenz der Beobachtungen	Vorhersage
	1982	1994		
F über Verwandtschaftsmatrix	0,188	0,243	0,054	
Homozygotie - Mittel über				
- 23 Marker	0,564	0,616	0,052	0,023
- 6 Marker (k)	0,618	0,572	-0,046	0,020
- 17 Marker (nk)	0,545	0,632	0,087	0,024
Heterozygotie - Mittel über				
- 23 Marker	0,436	0,384	-0,052	-0,023
- 6 Marker (k)	0,382	0,428	0,046	-0,020
- 17 Marker (nk)	0,455	0,368	-0,087	-0,024

(k) Marker in kodierender DNA-Region

(nk) Marker in nichtkodierender DNA-Region

Eigentlich wurde genau das Gegenteil erwartet, denn eine Homozygotiezunahme wirkt sich im Sinne von Inzuchtdepressionen nachteilig auf Fitness und Wachstum aus. Wenn sich Vitalitätsvorteile für heterozygote Tiere günstig hinsichtlich natürlicher Selektion auswirken, müsste die Vorhersage der Homozygotiezunahme anhand der Inzuchtkoeffizienten überschätzt sein. Die Tiere mit den besseren Überlebenschancen müssten vor allem in kodierenden DNA-Abschnitten, die für lebenswichtige Funktionen notwendig sind, heterozygot sein. In diesem Zusammenhang könnte die Position der Mikrosatelliten von Bedeutung sein.

Bei der Betrachtung der 6 Marker innerhalb kodierender Bereiche konnte eine zum Gesamtergebnis entgegengesetzte Tendenz festgestellt werden (Tabelle 4.6). Eine Abnahme der Homozygotie trat bei den Markern im Ovalbumin (MCW 41), im lysosomalen Membran-Glycoprotein 1A (MCW 49), im Herz-Phospholamban (MCW 59) und in der mRNA des Proteins p45 (MCW 75) mit steigender Inzucht auf. Im Mittel der 6 Mikrosatelliten in kodierenden DNA-Abschnitten nahm die Homozygotie um 4,6% in den 12 Generationen ab und führte zu der erwarteten Überschätzung durch die Inzuchtkoeffizienten. Diese Tendenz wurde jedoch von den 17 Markern in nichtkodierenden Bereichen mit einer deutlichen Homozygotiezunahme im Gesamtergebnis überdeckt. Es scheint, als ob sich die Entwicklung der Homozygotie in kodierenden und nichtkodierenden DNA-Bereichen bei steigender Inzucht unterscheidet.

4.3.2 Korrelationen zwischen individuellem Inzuchtkoeffizienten und Homozygotiegrad

Bei der Untersuchung der Beziehungen zwischen individuellem Inzuchtkoeffizienten und dem jeweiligen Homozygotiestatus des Einzeltieres, der aus verschiedenen Gruppen von Markern gebildet wurde, zeigten sich nur in der Stichprobe 1994 signifikante Korrelationen (Tabelle 4.7). Dabei war die geringe Variation der Inzuchtkoeffizienten 1982 (17,3-19,8%) im Vergleich zur Stichprobe 1994 (23,1-27,0%) ebenso zu berücksichtigen wie die absolut kleinere Stichprobe 1982. Die höchste Korrelation zu den Inzuchtkoeffizienten trat bei Mikrosatelliten mit 2 Allelen auf. Bei den übrigen signifikanten Korrelationen waren diese Mikrosatelliten in den jeweiligen Gruppen zu 50% und mehr vertreten.

Tabelle 4.7:

Korrelationen (r) und Signifikanzen (α) zwischen individuellem Inzuchtkoeffizienten und Homozygotiegrad in den Stichproben 1982 und 1994

Homozygotiestatus	Inzuchtkoeffizient			
	1982 (n=58)		1994 (n=79)	
	r	α	r	α
23 Mikrosatelliten	-0,08	0,57	0,26	0,02
6 Mikrosatelliten (k)	0,12	0,38	0,32	0,00
17 Mikrosatelliten (nk)	-0,18	0,19	0,12	0,28
Mikrosatelliten mit 2 Allelen	0,13	0,34	0,37	0,00
Mikrosatelliten mit 3 Allelen	-0,16	0,24	-0,01	0,96
Mikrosatelliten mit 4 Allelen	-0,20	0,13	-0,02	0,86
16 Mikrosatelliten aus FAO-Empfehlung	0,07	0,58	0,35	0,00
8 Mikrosatelliten mit Zunahme der Genotypen- und der Genfrequenzen	0,11	0,43	0,27	0,02

(k) Marker in kodierender DNA-Region

(nk) Marker in nichtkodierender DNA-Region

4.4 Phänotypische Merkmale

Die Entwicklung der Leistungsmerkmale Wachstum, Legeleistung, Einzeleimasse und Reproduktion wird nachfolgend für die fast vollständig geschlossene New Hampshire Linie dargestellt. Dabei konnten für die Beschreibung des Wachstums der Zuchttiere alle der über insgesamt 41 Generationen erhobenen Daten einbezogen werden. Die Auswertung der Legeleistung und der Einzeleimasse erfolgte ab 1978, da die Zuchttiere in den Generationen zuvor große Altersunterschiede zu Prüfbeginn aufwiesen (bis zu maximal 18 Wochen) und die Prüfzeiträume zum Teil erheblich variierten (242 bis 324 Tage). Die Umstellung des Haltungssystems in diesem Jahr von Boden- auf Käfighaltung erleichterte zudem die Zuordnung der Eier zu den Hennen, denn nicht alle Hennen suchten zum Legen die Fallnester auf. Die Reproduktionsdaten wurden ab 1970 in die Auswertung einbezogen, da ab dieser Generation das einjährige Generationsintervall umgesetzt wurde und erst damit eine Vergleichbarkeit der Leistung unter gleichaltrigen Hennen gegeben war.

4.4.1 Wachstum

Die Entwicklung der Wachstumsleistung der New Hampshire Zuchtpopulation über 41 Generationen wird in den Abbildungen 4.8 und 4.9 für Hähne und Hennen getrennt dargestellt. Am 56. Lebenstag waren die Hähne im Mittel zwischen 38 g (1959) und 320 g (1996) schwerer als die Hennen. Nach 41 Generationen erreichten die Hähne mit rund 1300 g fast das doppelte Gewicht wie zu Beginn der Datenerhebung 1957. Mittelwerte und Mediane stimmen größtenteils überein. Die relativ starke Leistungssteigerung bis 1975 ist auf eine gezielte Auswahl schwerer Hähne zur Zucht zurückzuführen. Von 1976 bis 1998 tritt eine Stabilisierung des Gewichtes am 56. Lebenstag mit einer leichten Steigerungstendenz auf. Diese Tendenzen finden sich auch abgeschwächt in der Gewichtsentwicklung der Hennen wieder. Die New Hampshire Zuchthennen wogen am 56. Lebenstag bei Liniengründung rund 600 g und nach 41 Generationen zum selben Zeitpunkt rund 1100 g. Auch hier stimmen Mittelwerte und Mediane überwiegend überein. Für das Jahr 1966 lagen keine Hennengewichte vor. Der Gewichtsabfall in den Generationen 1992 und 1993 in der gesamten Linie konnte weder durch Erkrankungen noch durch veränderte Umweltbedingungen plausibel erklärt werden.

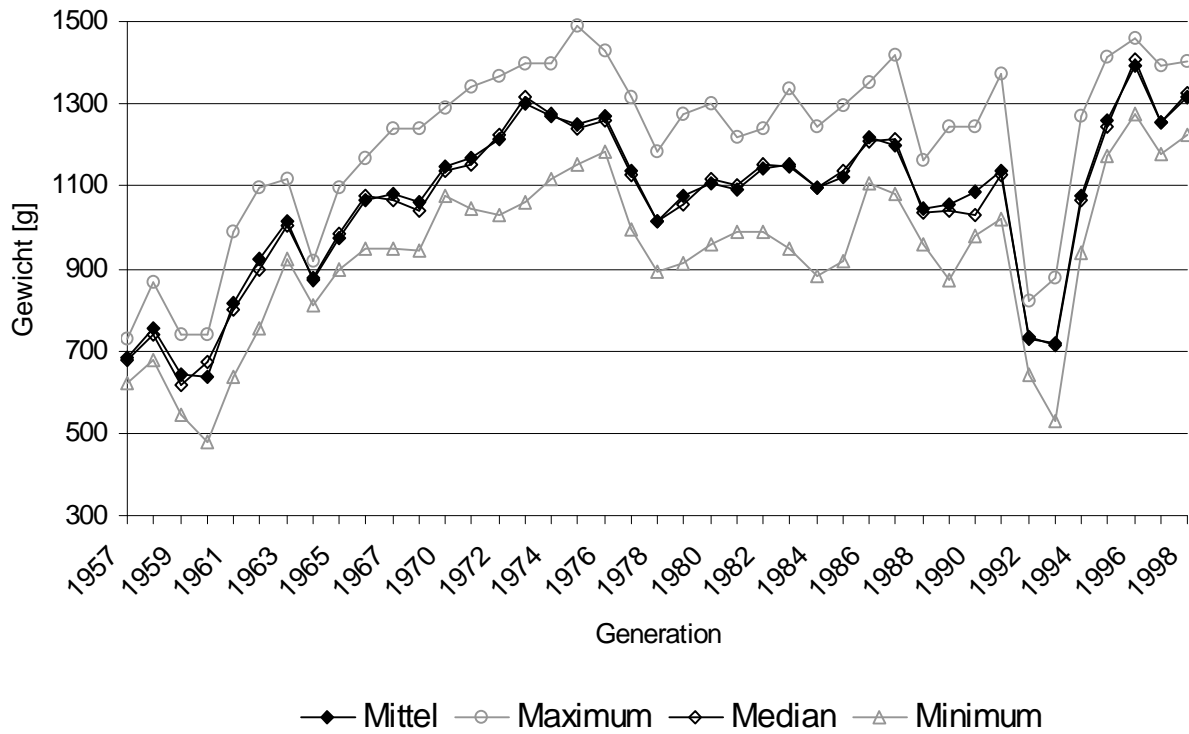


Abbildung 4.8:
Gewichtsentwicklung der New Hampshire Hähne am 56. Lebenstag von 1957 bis 1998

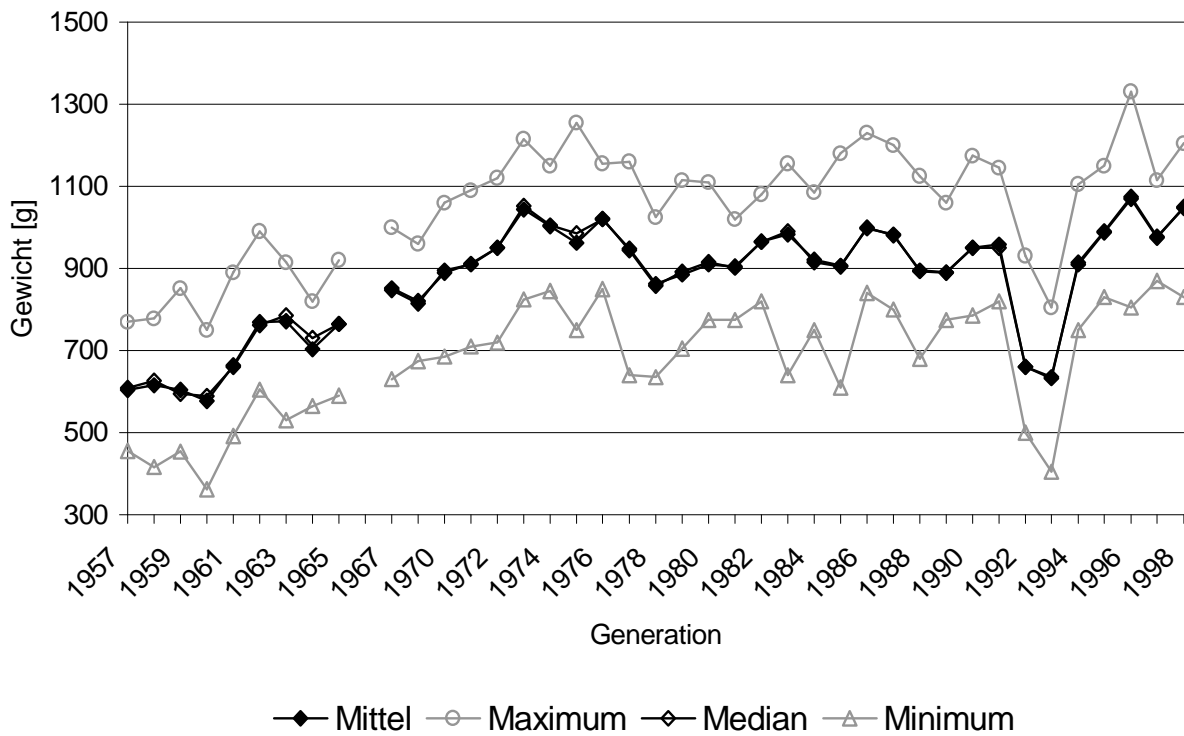


Abbildung 4.9:
Gewichtsentwicklung der New Hampshire Hennen am 56. Lebenstag von 1957 bis 1998

4.4.2 Legeleistung

Bei der Untersuchung der Legeleistung der New Hampshire Zuchthennen war eine Vergleichbarkeit verschiedener Generationen insofern erst ab 1978 gegeben, als die Hennen ab dieser Generation einen geringen Altersunterschied von maximal 4 Wochen zu Prüfbeginn um die 20. Lebenswoche aufwiesen und die Prüfperiode ab Juli bzw. August des Schlupfjahres im Mittel 313 Tage (296 – 336 Tage) betrug.

Aufgrund der variierenden Prüfperioden wurde die individuelle Legeleistung je Prüfzeitraum ermittelt und einheitlich auf 300 Tage hochgerechnet (Abbildung 4.10). Zwischen 60,4 (1980) und 73,9% (1990) variierte die Legeleistung im Mittel, die 181 bzw. 222 Eiern in 300 Tagen entspricht. Die Mediane lagen leicht über den Mittelwerten der jeweiligen Generation.

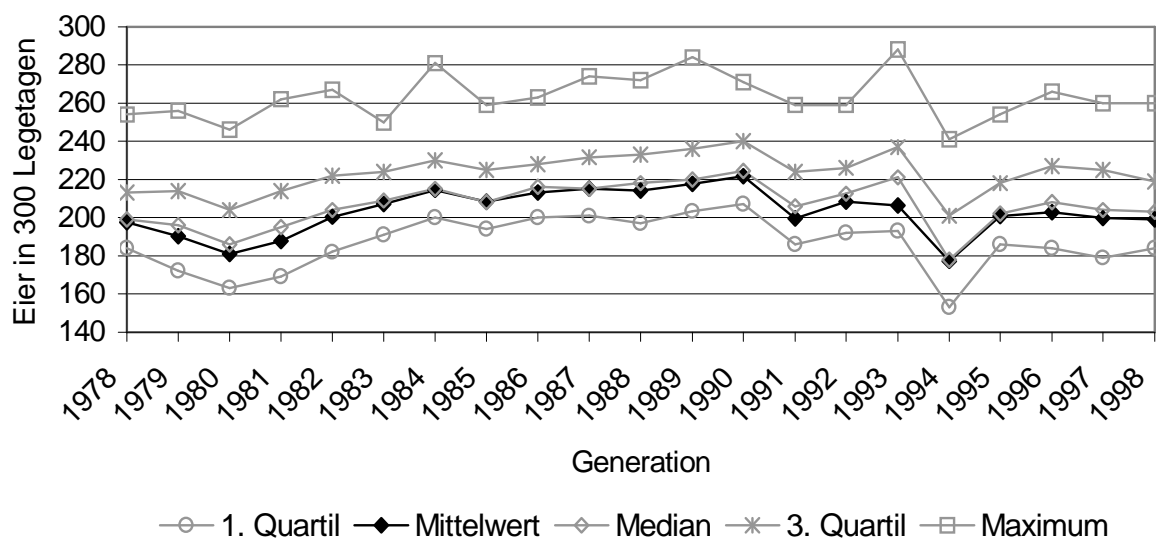


Abbildung 4.10:

Entwicklung der Legeleistung der New Hampshire Zuchthennen von 1978 bis 1998

Die Differenz zwischen den Hennen im ersten und dritten Quartil belief sich nahezu unabhängig von der Generation auf rund 40 Eier bezogen auf 300 Tage. Die Spitzenleistungen 1984 und 1989 entsprachen mit 93,8 bzw. 94,6% einer Leistung von 281 bzw. 284 Eiern in 300 Legetagen. Von 1980 bis 1990 ist eine deutliche Leistungssteigerung erkennbar. Der leichte Einbruch in der Generation 1985 könnte auf eine stark unterschiedliche Altersstruktur der Hennen zu Legebeginn zurückzuführen sein. Bei der Generation 1993 ist die kurze Prüfperiode von nur 11 Wochen zu berücksichtigen, die lediglich der

Reproduktion diene. In der Generation 1994 sind die starken Leistungseinbußen mit einem gestörten Lichtprogramm zu Legebeginn ursächlich in Verbindung zu bringen.

4.4.3 Einzeleimasse

Die Einzeleimasse zeigte in den betrachteten 21 Generationen von 1978 bis 1998 eine weitgehende Konstanz (Abbildung 4.11). Sie variierte zwischen 58,3 (1992) und 62,6 g (1997) und lag im Mittel bei 60,4 g. Mittelwerte und Mediane stimmen überwiegend überein. Bei der Hälfte der Hennen betragen die Unterschiede in der mittleren Eimasse lediglich rund 5 g. Hennen mit extremen Leistungen (z.B. mit einer Einzeleimasse unter 50 oder über 70 g) wurden nach Möglichkeit nicht für die Zucht berücksichtigt. Die unterschiedliche Altersstruktur der Hennen in der Generation 1985, die kurze Aufstallung zur Reproduktion 1993 und das beim Legebeginn 1994 gestörte Lichtprogramm hatten offenbar nur einen Einfluß auf die Extreme, nicht aber auf die Entwicklung der Einzeleimasse im Mittel.

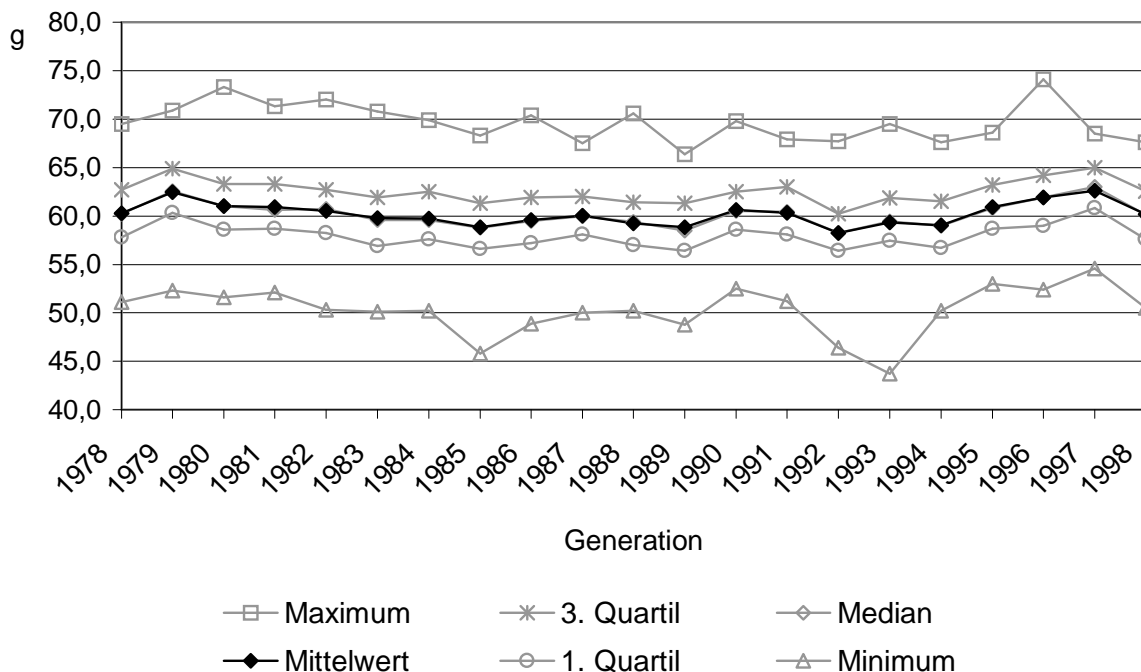


Abbildung 4.11:

Entwicklung der Einzeleimasse der New Hampshire Zuchthennen von 1978 bis 1998

4.4.4 Reproduktion

Die Reproduktionsleistung der New Hampshire Linie wird durch die Entwicklung der Fruchtbarkeit in Abbildung 4.12 und der Schlupffähigkeit in den Abbildungen 4.13 und 4.14 charakterisiert.

Der Anteil befruchteter Eier an der Einlage stieg im Mittel von 60,6% (1970) bis auf 96,8% (1981) an und lag seit 1973 stabil zwischen 87,1 und 96,8% (Abbildung 4.12). Seit 1976 bildeten Medianwert, 3. Quartil und Maximum überwiegend eine Einheit bei 100% Fruchtbarkeit. Unter Einbeziehung der Werte des 1. Quartils kann daraus abgeleitet werden, daß bei 75% der Hennen einer Generation mit Ausnahme der Generationen 1970 bis 1974 mindestens 8 von 10 eingelegten Eiern befruchtet waren.

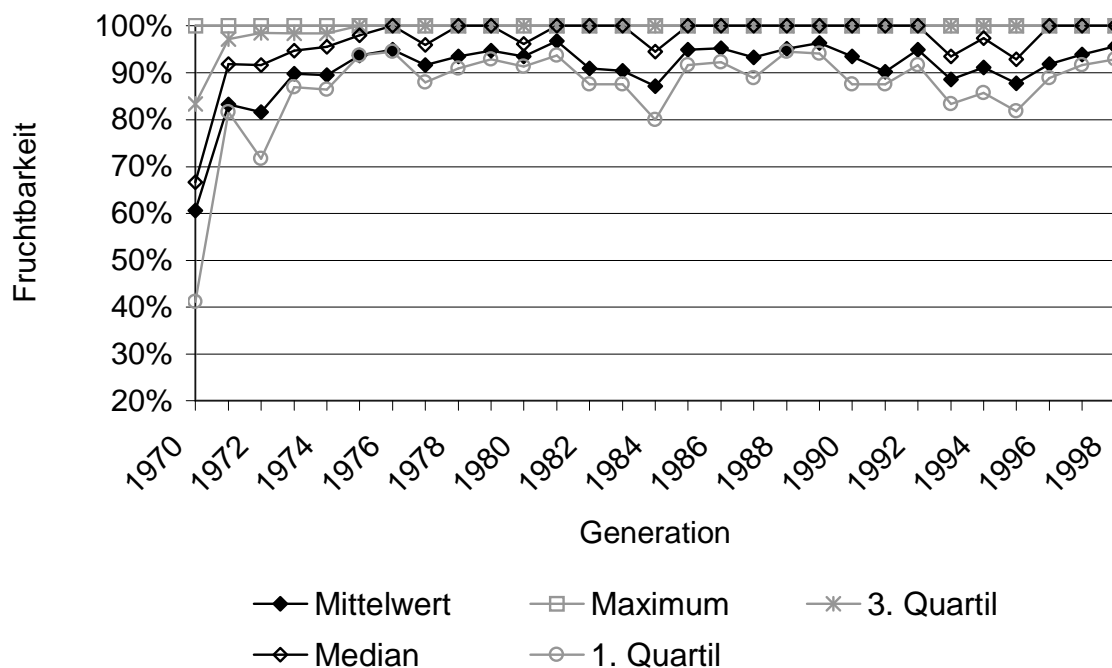


Abbildung 4.12:

Entwicklung der Fruchtbarkeit in der New Hampshire Linie von 1970 bis 1998

Die Schlupfrate aus befruchteten Eiern variierte im Jahresmittel zwischen 67,4% in der Generation 1971 bis 83,6% in der Generation 1988 und betrug in den dargestellten 29 Generationen im Mittel rund 75% (Abbildung 4.13). Der Medianwert lag, wie auch bei der Fruchtbarkeit beobachtet werden konnte, in allen Generationen über dem jeweiligen Mittelwert. Basierend auf den Werten des 1. Quartils wird gefolgert, daß mit Ausnahme der Generationen 1971 und 1991 bei 75% der Hennen mindestens 6 Küken aus 10 befruchteten Eiern schlüpften.

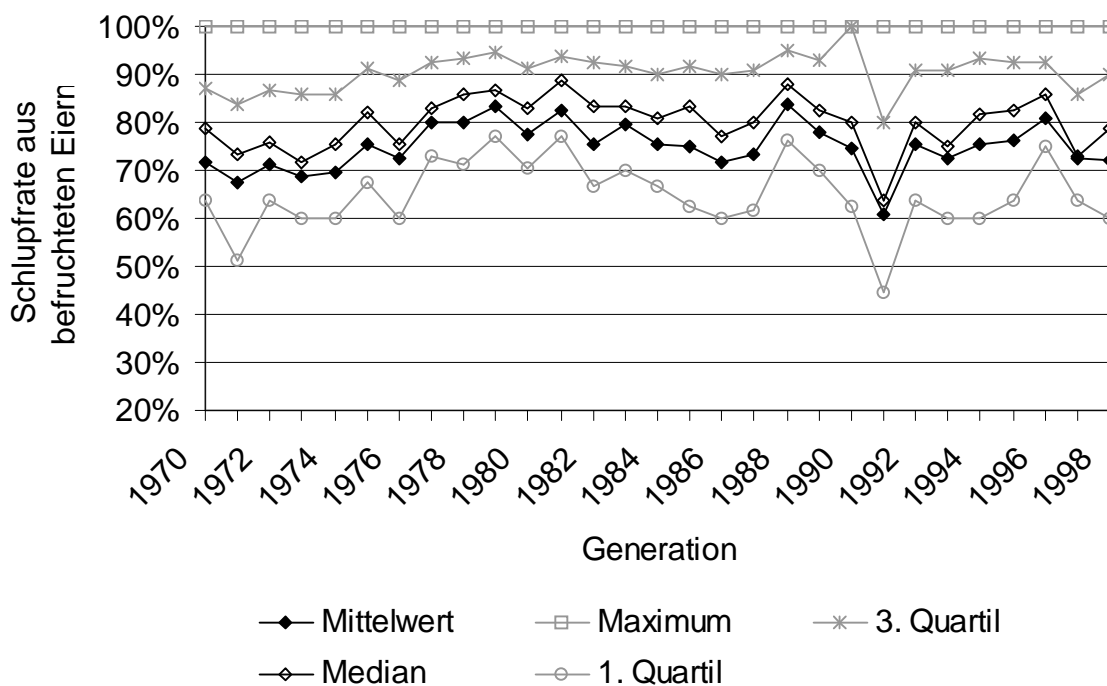


Abbildung 4.13:

Entwicklung der Schlupfrate aus befruchteten Eiern bei den New Hampshire Zuchthennen von 1970 bis 1998

Die Entwicklung der Schlupfrate aus der Einlage insgesamt (Abbildung 4.14) verlief ab 1973 parallel zu der eben beschriebenen Schlupfrate aus befruchteten Eiern. Der Anteil geschlüpfter Küken je Einlage stieg im Mittel von 45,0% in der Generation 1970 bis auf 80,2% in der Generation 1981 an. Insgesamt variierte diese Schlupfrate um das Mittel von rund 70%. Mit Ausnahme der ersten 3 dargestellten Generationen und der Generation 1991 schlüpften bei 75% der Hennen aus 10 eingelegten Eiern mindestens 5 Küken, wobei die Hälfte der Hennen jeweils überdurchschnittliche Leistungen zeigte.

Vor allem bei der Entwicklung der Fruchtbarkeit und der totalen Schlupfrate fallen deutlich niedrigere Werte der Generationen 1970 bis 1974 im Vergleich zu den übrigen Generationen auf. Sie könnten ursächlich mit einer Änderung des Zuchtmanagements im Jahr 1970 in Zusammenhang stehen, denn derzeit wurde das einjährige Generationsintervall eingeführt. Außerdem ist das Ruhen der Zucht ein Jahr zuvor zu berücksichtigen, das aus einer Diskussion um den Verbleib der Linie in der Station herrührte. Ab 1976 ist eine Stabilisierung bei den Reproduktionsleistungen festzustellen, die mit einem personellen Wechsel

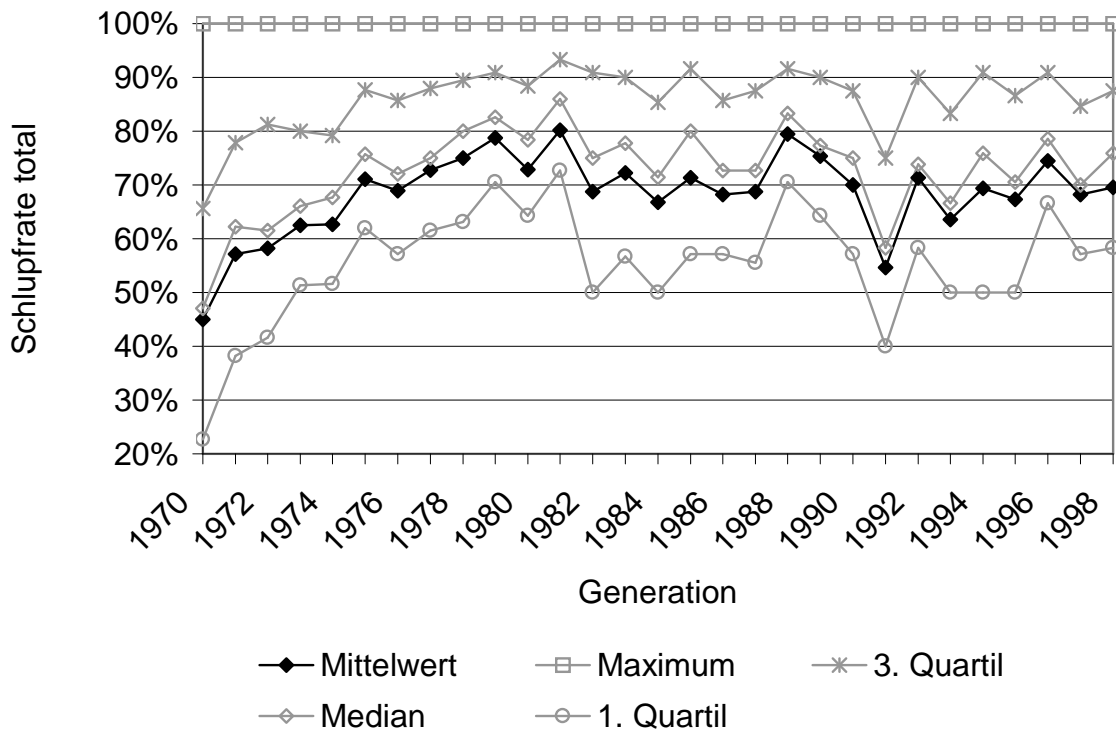


Abbildung 4.14:

Entwicklung der Schlupfrate aus der Einlage bei den New Hampshire Zuchthennen von 1970 bis 1998

in der Zuchtleitung einhergeht. Die Einführung der künstlichen Besamung im Jahr 1978 trug vermutlich ebenfalls zur beobachteten Stabilisierung der Reproduktionsleistung bei. Die Leistungseinbußen der Generation 1991 im Bereich der Schlupffähigkeit waren nicht plausibel zu erklären.

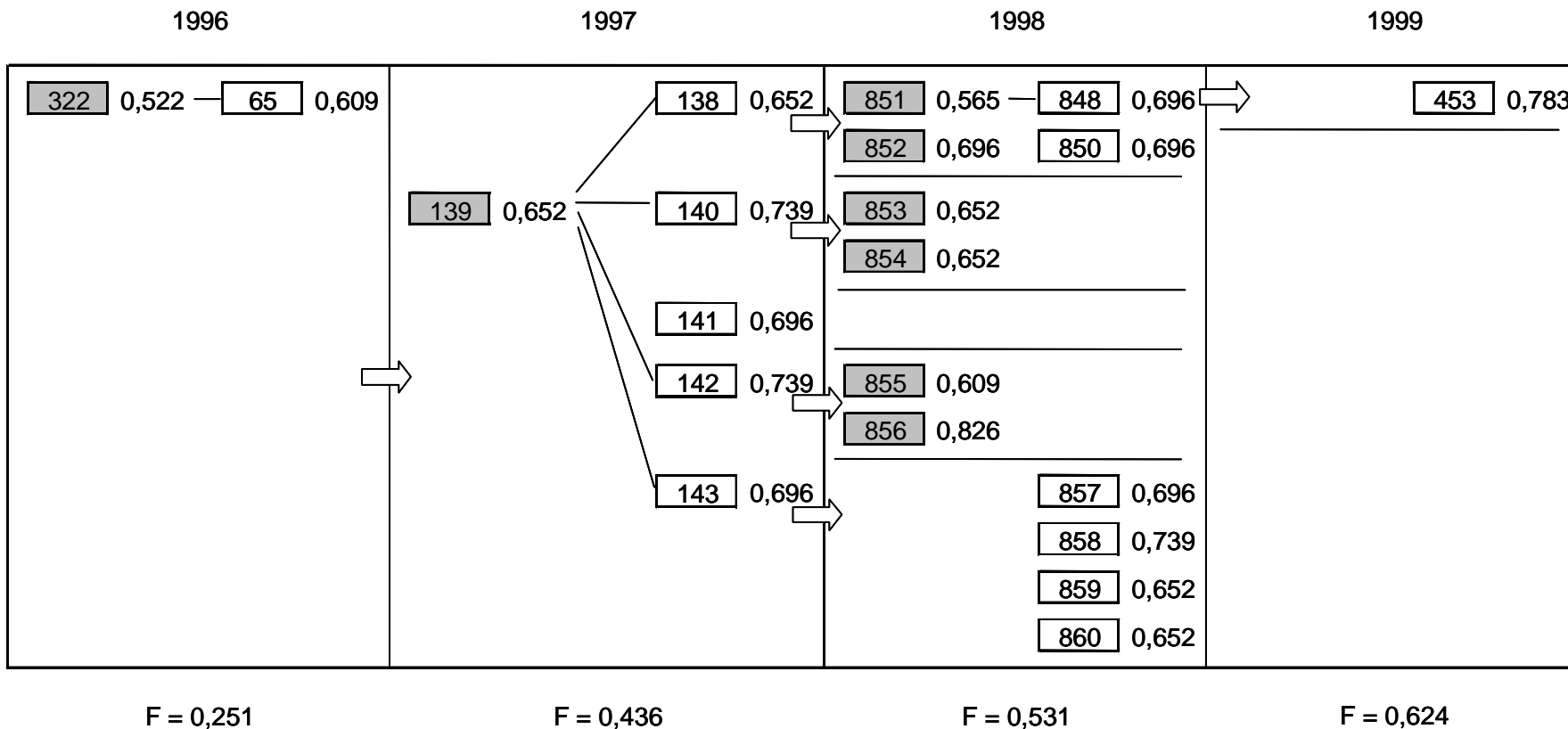
Bei den betrachteten Merkmalen Wachstum, Legeleistung, Einzeleimasse und Reproduktion sind systematische Einflüsse in den verschiedenen Jahren zu berücksichtigen. Vor allem bei der Wachstumsleistung und der Legeleistung sind Leistungssteigerungen erkennbar, die das von Lützenberg (1966) formulierte Zuchtziel weit übertreffen. Die geänderte Strategie bei der Elterntierauswahl ab 1976, die auf einen personellen Wechsel in der Zuchtleitung zurückzuführen ist, tritt besonders deutlich in der Gewichtsentwicklung der New Hampshire Linie hervor. Die Fleischleistung trat zugunsten der Lege- und Reproduktionsleistung bei den Selektionskriterien der Hennen in den Hintergrund. Insgesamt stellen die Zuchttiere keine zufällige Auswahl von Tieren dar, so daß aufgrund von Selektion eine Kompensation von Inzuchtdepressionen beobachtet werden konnte.

4.5 Entwicklung von Inzucht, Homozygotiestatus und Leistungsmerkmalen unter Vollgeschwisterpaarung

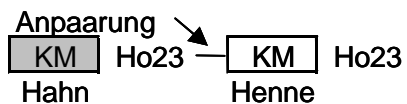
In den drei seit 1996 aus Vollgeschwisterpaarung hervorgegangenen Familien stieg die Inzucht, die über die Verwandtschaftsmatrix berechnet wurde, von rund 25% auf über 62% in der dritten Generationen (Familie 1) an (Abbildungen 4.15 a und 4.15 b). Innerhalb der Generationen hatten die Geschwister aufgrund gleicher Herkunft gleiche Inzuchtkoeffizienten. Der jeweils neben den Hähnen (grau) und den Hennen (weiß) angegebene Homozygotiestatus aus allen 23 Mikrosatellitenmarkern spiegelt jedoch deutlich die individuelle Variabilität bei gleicher geschätzter Inzucht wider.

Die Polymorphie der Mikrosatelliten unter Vollgeschwisterpaarung war, wie aufgrund der geringen Tierzahlen vermutet, niedriger als in den Stichproben der Generationen 1982 oder 1994 und blieb in den verschiedenen Generationen jeder einzelnen Familie erhalten (Tabelle 4.8). Je Locus wurden maximal 3 Allele detektiert. Die durchschnittliche Allelzahl je Mikrosatellit lag mit 1,5 (Familie 2) bzw. 1,7 Allelen je Marker (Familien 3 und 1 ohne Berücksichtigung der letzten Henne der Generation 1999) unter der für die Stichproben der Generationen 1982 und 1994 beobachteten mittleren Allelzahl von 2,3 Allelen je Markerlocus. Bei den Eltern 1996 waren je nach Familie zwischen 7 und 12 Markerloci vollständig homozygot.

Familie 1



Zeichenerklärung



- F individueller Inzuchtkoeffizient über die Verwandtschaftsmatrix
- KM Kükenmarke
- Ho23 individueller Homozygotiestatus aus 23 Markern
- ⇨ Eltern und Nachkommen

Abbildung 4.15 a:
 Inzuchtkoeffizienten und Homozygotiestatus unter Vollgeschwisterpaarung - Familie 1

Familie 2

1996		1997	
334	0,609	105	0,739
		145	0,826
		147	0,739
		144	0,739
		146	0,739
		148	0,739
		149	0,870
F = 0,284		F = 0,457	

Familie 3

1996		1997	
340	0,522	118	0,478
		150	0,696
		152	0,696
		153	0,522
		154	0,478
		155	0,652
		156	0,609
		158	0,478
F = 0,249		F = 0,436	

Abbildung 4.15 b:
Inzuchtkoeffizienten und Homozygotiestatus unter Vollgeschwisterpaarung –
Familie 2 und 3

Tabelle 4.8 :

Allelanzahlen je Mikrosatellit und Familie in den verschiedenen Generationen bei Vollgeschwisterpaarung

Mikrosatellit	<u>Familie 1</u>				<u>Familie 2</u>		<u>Familie 3</u>	
	1996 n=2	1997 n=6	1998 n=12	1999 n=1	1996 n=2	1997 n=6	1996 n=2	1997 n=8
MCW 1	1	1	1	1	1	1	1	1
MCW 2	2	2	2	1	2	2	2	2
MCW 4	2	2	2	2	2	2	2	2
MCW 5	1	1	1	1	2	2	2	2
MCW 14	1	1	1	1	1	1	1	1
MCW 16	1	1	1	1	2	2	1	1
MCW 41	2	2	2	1	1	1	2	2
MCW 43	2	2	2	2	1	1	1	1
MCW 49	3	3	3	1	1	1	2	2
MCW 51	2	2	2	2	1	1	2	2
MCW 59	2	2	2	1	2	2	2	2
MCW 75	1	1	1	1	1	1	1	1
ADL 158	2	2	2	1	2	2	2	2
ADL 176	2	2	2	1	1	1	2	2
ADL 210	2	2	2	1	1	1	2	2
ADL 267	1	1	1	1	2	2	2	2
ADL 20	2	2	2	1	2	2	3	3
ADL 39	2	2	2	2	2	2	2	2
ADL 44	2	2	2	1	1	1	2	2
HUJ 2	2	2	2	2	2	2	2	2
HUJ 6	1	1	1	1	1	1	1	1
HUJ 7	1	1	1	1	2	2	2	2
HUJ 8	1	1	1	1	1	1	1	1
Allele je Generation	38	38	38	28	34	34	40	40
Allele je Locus	1,7	1,7	1,7	1,2	1,5	1,5	1,7	1,7

Wie auch in der New Hampshire Linie traten unter Vollgeschwisterpaarung überwiegend Mikrosatelliten mit 2 Allelen auf, nur in Familie 2 waren mehr als die Hälfte der Marker schon 1996 homozygot (Abbildung 4.16). Markerloci mit 3 Allelen waren jeweils nur einfach in den Familien 1 und 3 vertreten.

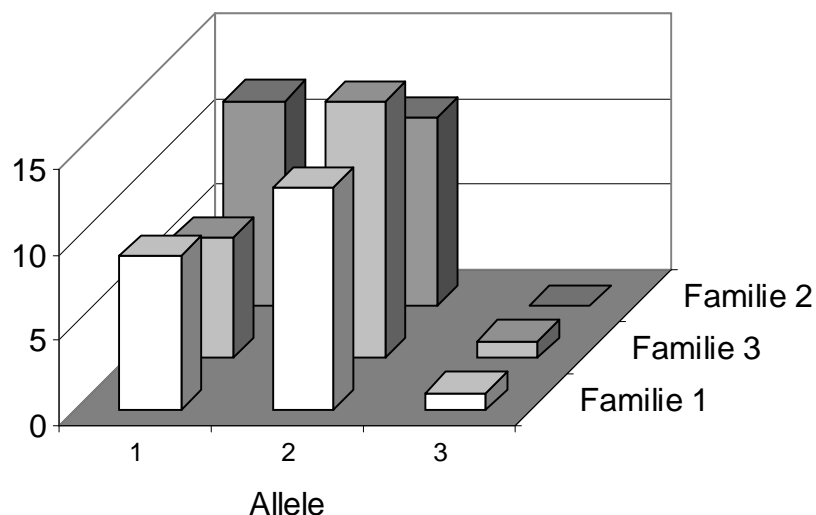


Abbildung 4.16:

Verteilung der Mikrosatelliten nach detektierter Allelzahl und Familie

Die Entwicklung von Inzucht und Homozygotie in den 3 Familien sowie der Vergleich der beobachteten Homozygotiezunahme mit der Erwartung aus den mittleren Inzuchtkoeffizienten ist in den Tabellen 4.9 a und 4.9 b dargestellt.

In allen Familien ist bei der hohen Inzuchtrate eine Homozygotiezunahme basierend auf 23 Mikrosatelliten zu beobachten. Eine Ausnahme bildet die leichte Homozygotieabnahme zwischen den Generationen 1997 und 1998 in Familie 1. Vermutlich wurde diese entgegengesetzte Entwicklung durch die Anpaarung des Vollbruders (KM 139) an 4 seiner Schwestern verursacht, denn dieser Hahn hatte im Vergleich zu seinen Schwestern einen relativ niedrigen Homozygotiestatus. Insgesamt müssen die geringen Tierzahlen in den 3 Familien bei der Interpretation berücksichtigt werden, durch die die individuelle Variation stärker in den Vordergrund rückt als es bei den Stichproben der Generationen 1982 und 1994 der Fall ist. Interessant erscheint trotzdem, daß die Familie 2, die den höchsten Inzuchtkoeffizienten 1996 (28,4%) aufweist, auch absolut den höchsten Homozygotiestatus (0,674) erreicht.

Tabelle 4.9 a:

Vergleich von Inzucht- und Homozygotieentwicklung bei Vollgeschwisterpaarung - Familie 1

Familie 1

	1996		1997		1998		1999			
	n=2	Differenz	n=6	Differenz	n=12	Differenz	n=1			
Fverw	0,2510	0,1846	0,4356	0,0949	0,5305	0,0937	0,6242			
Homozygotie über			<u>Vorhersage</u>		<u>Vorhersage</u>		<u>Vorhersage</u>			
23 Marker	0,5652	0,1305	0,0803	0,6957	-0,0182	0,0289	0,6775	0,1051	0,0302	0,7826
6 Marker (k)	0,3333	0,2223	0,1231	0,5556	0,0277	0,0422	0,5833	0,0834	0,0390	0,6667
17 Marker (nk)	0,6471	0,098	0,0651	0,7451	-0,0343	0,0242	0,7108	0,1127	0,0271	0,8235
Heterozygotie über										
23 Marker	0,4348	-0,1305	-0,0803	0,3043	0,0182	-0,0289	0,3225	-0,1051	-0,0302	0,2174
6 Marker (k)	0,6667	-0,2223	-0,1231	0,4444	-0,0277	-0,0422	0,4167	-0,0834	-0,0390	0,3333
17 Marker (nk)	0,3529	-0,098	-0,0651	0,2549	0,0343	-0,0242	0,2892	-0,1127	-0,0271	0,1765

(k) Marker in kodierender DNA-Region

(nk) Marker in nichtkodierender DNA-Region

Tabelle 4.9 b:

Vergleich von Inzucht- und Homozygotieentwicklung bei Vollgeschwisterpaarung – Familien 2 und 3

Familie 2	1996		1997	
	n=2	Differenz	n=6	
<u>Fverw</u>	<u>0,2838</u>	<u>0,1729</u>	<u>0,4567</u>	
Homozygotie über			<u>Vorhersage</u>	
23 Marker	0,6739	0,1015	0,0564	0,7754
6 Marker (k)	0,8333	0,1111	0,0288	0,9444
17 Marker (nk)	0,6176	0,0981	0,0661	0,7157
Heterozygotie über				
23 Marker	0,3261	-0,1015	-0,0564	0,2246
6 Marker (k)	0,1667	-0,1111	-0,0288	0,0556
17 Marker (nk)	0,3824	-0,0981	-0,0661	0,2843
Familie 3				
	n=2	Differenz	n=8	
<u>Fverw</u>	<u>0,2487</u>	<u>0,1868</u>	<u>0,4355</u>	
Homozygotie über			<u>Vorhersage</u>	
23 Marker	0,5	0,1087	0,0934	0,6087
6 Marker (k)	0,5	0,2292	0,0934	0,7292
17 Marker (nk)	0,5	0,0662	0,0934	0,5662
Heterozygotie über				
23 Marker	0,5	-0,1087	-0,0934	0,3913
6 Marker (k)	0,5	-0,2292	-0,0934	0,2708
17 Marker (nk)	0,5	-0,0662	-0,0934	0,4338

(k) Marker in kodierender DNA-Region

(nk) Marker in nichtkodierender DNA-Region

Beim Vergleich der beobachteten Homozygotiezunahme mit der Vorhersage über den Inzuchtkoeffizienten wird die gleiche Tendenz wie bei den Stichproben in der Linie deutlich. Die anhand der Mikrosatelliten beobachtete Homozygotiezunahme ist größer als die Vorhersage durch den Inzuchtkoeffizienten. Die Abhängigkeit der Vorhersage von der Ausgangsheterozygotie tritt in diesem Zusammenhang besonders klar hervor. Bei ähnlichem Inzuchtanstieg in den 3 Familien zwischen den Generationen

1996 und 1997 (17,3 bis 18,7%) weist Familie 3 mit einer Ausgangsheterozygotie von 0,50 die größte erwartete Zunahme auf.

Werden jedoch die Marker in kodierenden und nichtkodierenden DNA-Bereichen getrennt betrachtet, ist ein großer Unterschied zur Tendenz der Heterozygotiezunahme der Marker in kodierenden Bereichen in der New Hampshire Linie festzustellen. Unter Vollgeschwisterpaarung wurde in allen 3 Familien eine stärkere Homozygotiezunahme bei den 6 Markern in kodierenden DNA-Abschnitten beobachtet als bei den übrigen 17 Mikrosatelliten in nichtkodierenden DNA-Regionen. Die Homozygotiezunahme bei den Markern in kodierenden DNA-Bereichen bezieht sich dabei vor allem auf die Mikrosatelliten MCW 41 (Ovalbumin), MCW 49 (lysosomales Membranglycoprotein) und MCW 59 (Herz-Phospholamban).

Ein weiter Unterschied zur New Hampshire Linie besteht unter Vollgeschwisterpaarung in der Ausprägung von Inzuchtdepressionen in allen untersuchten Leistungen.

Insgesamt war bei diesen stark ingezüchteten Tieren das gehäufte Auftreten von Tieren mit krummen Zehen auffällig. In Familie 3 hatten in der Generation 1997 3 Hähne, und in Familie 1 in der Generation 1998 3 Hähne und 3 Hennen diese anatomische Veränderung, die sie jedoch in Bodenhaltung nicht beeinträchtigte.