

TECHNISCHE UNIVERSITÄT MÜNCHEN

Lehrstuhl für Tierzucht

**Überprüfung der hennenspezifischen Eizuordnung eines
Transponder-gestützten Systems mittels DNA-Analyse**

Andrea Berglehner

Vollständiger Abdruck der von der Fakultät Wissenschaftszentrum
Weihenstephan für Ernährung, Landnutzung und Umwelt der Technischen
Universität München zur Erlangung des akademischen Grades eines

Doktors der Naturwissenschaften

genehmigten Dissertation.

Vorsitzender: Prof. Dr. Heinz Bernhardt

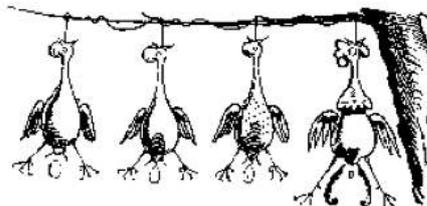
Prüfer der Dissertation: 1. Prof. Dr. Hans-Rudolf Fries
2. Prof. Dr. Rudolf Preisinger

Die Dissertation wurde am 12.12.2016 bei der Technischen Universität München eingereicht
und durch die Fakultät Wissenschaftszentrum Weihenstephan für Ernährung, Landnutzung
und Umwelt am 07.04.2017 angenommen.

Für meine Eltern

*Mancher gibt sich viele Müh´
Mit dem lieben Federvieh;
Einesteils der Eier wegen,
Welche diese Vögel legen;
Zweitens: Weil man dann und wann
Einen Braten essen kann;
Drittens aber nimmt man auch
Ihre Federn zum Gebrauch
In die Kissen und die Pfühle,
Denn man liegt nicht gerne kühle.*

Wilhelm Busch



Inhaltsverzeichnis

Abbildungsverzeichnis	VII
Tabellenverzeichnis	IX
Abkürzungsverzeichnis	X
1 Einleitung	1
2 Literaturübersicht	3
2.1 Legeleistung in verschiedenen Haltungssystemen	3
2.2 Technische Möglichkeiten der Ei-Hennen-Zuordnung	6
2.2.1 Verschiedene Nestbauweisen	6
2.2.2 Das Weihenstephaner Muldennest	9
2.3 Genotypisierung zur Abstammungsanalyse	11
2.3.1 Genotypisierung mittels Mikrosatelliten	12
2.3.2 Genotypisierung mittels Single-Nucleotid-Polymorphismen . .	13
3 Tiere, Material und Methoden	17
3.1 Stallungen und Versuchstiere	17
3.1.1 Allgemeiner Stallaufbau	17
3.1.2 Analytierte Tiergruppen	18
3.1.3 Tierhaltung und Betreuung	18
3.2 Analyse der hennenspezifischen Eizuordnung auf DNA-Ebene	19
3.2.1 Rechtsgrundlage	19
3.2.2 Bebrüten der Eier und Sektion der Embryonen	19
3.2.3 Gewinnung von DNA aus Embryonen	20
3.2.4 Gewinnung von DNA aus Vollblut der Legehennen	20
3.2.5 Quantifizierung und Qualitätskontrolle mittels NanoDrop . . .	21
3.2.6 Quantifizierung und Qualitätskontrolle mittels PCR-Reaktion .	21
3.2.7 Genotypisierung an ausgewählten Markern	22
3.2.8 Auswertungsmethodik	22
3.3 Überprüfung der hennenspezifischen Eizuordnung auf Datenbasis . . .	23
3.3.1 Definition und Generierung benötigter Datensätze	23
3.3.2 Etablierung der halbautomatischen Überprüfung der Kontrolleier	25
3.3.3 Einordnung der Problemeier in Fehlerkategorien	26
3.4 Plausibilisierung der hennenspezifischen Eizuordnung mittels Leistungs-	
untersuchungen	27
3.4.1 Ermittlung der Legeleistung	27
3.4.2 Erfassung der Eiquantitätsmerkmale	27
3.4.3 Auswertungsmethodik	29
4 Ergebnisse	31
4.1 Analyse der Ei-Hennen-Zuordnung auf DNA-Basis	31
4.1.1 Verteilung der SNPs über die Chromosomen	31

4.1.2	Qualitätskontrolle von DNA-Proben und SNPs	31
4.1.3	Abstammungsüberprüfung	35
4.1.4	Plausibilisierung der hennenspezifischen Eizuordnung	37
4.2	Überprüfung der hennenspezifischen Eizuordnung auf Datenbasis	40
4.2.1	Zuordnungsgenauigkeit des Systems	40
4.2.2	Auffälligkeiten innerhalb einzelner Fehlerkategorien und Prinzipien der manuellen Zuordnung der Problemeier	45
4.2.3	Zuordnungsgenauigkeit nach der manuellen Zuordnung	54
4.2.4	Umsetzung der Zuordnungsprinzipien der Fehlerkategorien auf alle Eier	58
4.2.5	Anteil nicht zugeordneter Eier an der Gesamtzahl	66
4.2.6	Einfluss menschlicher Interaktionen im Verfahrensablauf auf die Zuordnungsgenauigkeit	67
4.3	Plausibilisierung der hennenspezifischen Eizuordnung mittels Leistungsuntersuchungen	69
4.3.1	Legeleistung und verlegte Eier	69
4.3.2	Heritabilitätsschätzungen von Eiquantitätsmerkmalen	70
5	Diskussion	79
5.1	Abstammungsüberprüfung mithilfe der Genotypisierung	79
5.1.1	DNA-Extraktion	79
5.1.2	Verteilung der SNPs	80
5.1.3	Zuordnungsgenauigkeit	81
5.1.4	Möglichkeit der Anwendung in großtechnischen Versuchen	82
5.2	Datenauswertung	84
5.2.1	Zuordnungsgenauigkeit des Systems	84
5.2.2	Genauigkeit der manuellen Zuordnung	86
5.3	Legeleistung und Eiquantität	88
5.3.1	Datenerfassung und Auswertungsgenauigkeit	88
5.3.2	Leistungsprüfung und Heritabilitätsschätzung	89
5.4	Schlussfolgerung	93
6	Zusammenfassung	95
7	Summary	97
8	Literaturverzeichnis	99
A	Anhang	117

Abbildungsverzeichnis

2.1	Fallennest u.a. in WOOD-GUSH (1963)	6
2.2	Nestsystem zur Erfassung tierindividueller Legeleistung von BUREL ET AL. (2002)	7
2.3	Marienseer Autonest von MARX ET AL. (2002)	8
2.4	Weihenstephaner Mudennest von THURNER ET AL. (2005b)	9
3.1	Stallskizze	17
4.1	Verteilung der verwendeten SNPs über das Genom	31
4.2	Ausschluss von SNPs aufgrund fehlender Heterozygotie	33
4.3	Minimumallelfrequenz der SNPs	34
4.4	SNP-Ausschluss aufgrund zu vieler Mendelfehler	35
4.5	Matrix mit Mendel-Fehlern	36
4.6	Anzahl Mendel-Fehler bei zugeordneten Ei-Hennen-Kombinationen	36
4.7	Anzahl Mendel-Fehler bei nicht-zugeordneten Ei-Hennen-Kombinationen	37
4.8	Durch Genotypisierung erkannte Falschzuordnung	39
4.9	Mehrfachbelegung des Weihenstephaner Muldenestes	43
4.10	Eier mit Zuordnungsschwierigkeiten	44
4.11	Zuordnungsproblem nach Transponder-Lesefehler	47
4.12	Zuordnungsproblem aufgrund eines Herdeneies	49
4.13	Zuordnungsproblem aufgrund von Mehrfachzuordnungen	52
4.14	Zuordnungsproblem aufgrund von Mehrfachbelegungen	55
4.15	Ursache Falschbeklebung der Eier durch Personal	68
5.1	Optimale Verteilung der verwendeten SNPs über das Genom	81
A.1	Versuchsplan für die Embryo-Entnahme	118
A.2	Phasen der Embryonalentwicklung	122
A.3	Verfahrensablauf der Embryoentnahme	124
A.4	Datenblatt für die tägliche Eiabnahme	128
A.5	Liste der Kontrolleier für die Datenüberprüfung	129
A.6	Ausschnitt eines Datensatzes	130
A.7	Herdenliste zur Datenüberprüfung	131
A.8	Liste der auszuschließenden Nester	132
A.9	Outputliste des Python-Skripts: check white	134
A.10	Outputtabelle des Python-Skripts:check white	134
A.11	Outputliste des Python-Skripts: indi eggs	135
A.12	Outputliste des Python-Skripts: indi eggs	135
A.13	Zuordnungsprobleme aufgrund von Doppel-/Mehrfachbelegungen I	137
A.14	Zuordnungsprobleme aufgrund von Doppel-/Mehrfachbelegungen II	138
A.15	Zuordnungsprobleme aufgrund von Herdeneiern	140
A.16	Zuordnungsprobleme aufgrund von Mehrfachzuordnungen	142
A.17	Zuordnungsprobleme aufgrund von Eizahldiskrepanzen I	144
A.18	Zuordnungsprobleme aufgrund von Eizahldiskrepanzen II	145

Abbildungsverzeichnis

A.19	Normalverteilung der Schalendicken	146
A.20	Korrelation der Ergebnisse aus 2 bzw. 4 Schalendickemessungen	147

Tabellenverzeichnis

3.1	Herden im WMN	18
3.2	Überblick über erfasste Eiqualitätsmerkmale	28
4.1	Genotypisierungsraten der DNA-Proben	32
4.2	Ausschluss aufgrund fehlender Heterozygotie	33
4.3	Ausschluss aufgrund überproportional vieler Mendel-Fehler	34
4.4	Überblick über getestete Herden vor manueller Zuordnung	41
4.5	Einteilung der Eier in Fehlerkategorien vor manueller Zuordnung	45
4.6	Überblick über getestete Herden nach manueller Zuordnung	56
4.7	Einteilung Eier in Fehlerkategorien nach manueller Zuordnung	57
4.8	Anzahl und Zuordnungsverteilung von Eier aus Doppel-& Mehrfachbelegungen	59
4.9	Anzahl und Zuordnungsverteilung von Eiern mit Index 100	60
4.10	Anzahl und Zuordnungserfolg der Herdeneier	61
4.11	Anzahl und Ausschlussrate aufgrund ID-Fehler	62
4.12	Häufigkeit der Diskrepanznester über die Herden	63
4.13	Bestandsreduzierung und Anzahl Diskrepanznester	63
4.14	Ursachenverteilung der Diskrepanznester	64
4.15	Ursachen der Diskrepanznester	65
4.16	Aufteilung der verworfenen Eier in Fehlerkategorien	66
4.17	Alter der Hennen zu Legebeginn	69
4.18	Legeleistung und Bodeneier der einzelnen Herden	70
4.19	Heritabilitäten für die Leistungsmerkmale von Herde 22	71
4.20	Heritabilitäten für die Leistungsmerkmale von Herde 23	72
4.21	Heritabilitäten für die Leistungsmerkmale von Herde 24	73
4.22	Heritabilitäten für die Leistungsmerkmale von Herde 25, Linie LB_t57	75
4.23	Heritabilitäten für die Leistungsmerkmale von Herde 25, Linie LB_t97	76
4.24	Heritabilitäten für die Leistungsmerkmale von Herde 26	77
5.1	Kostenschätzung für großtechnischen Versuch	84
5.2	Vergleichstabelle für Extremwerte der Heritabilitäten	90
A.1	Vergleich DNA-Extraktions-Methoden	126
A.2	Literaturübersicht Eigewicht	149
A.3	Literaturübersicht Bruchfestigkeit	160
A.4	Literaturübersicht Schalendicke	164
A.5	Literaturübersicht Eiform	167

Abkürzungsverzeichnis

Abb.	Abbildung
BF	Bruchfestigkeit
BGBL	Bundesgesetzblatt
bp	Basenpaare
BRD	Bundesrepublik Deutschland
bzw.	beziehungsweise
CC	Chicken Checker
DB	Doppelbelegung
DKNS	Doppelkippnestsensor
DNA	Desoxyribonukleinsäure
dNTP	Desoxyribonukleosidtriphosphat
DOPTO	Doppelbelegungs-Timeout
EDTA	Ehtylendiamintetraacetat
EF	Eiform
EG	Eigewicht
EU	Europäische Union
FLI	Friedrich-Löffler-Institut
FI	Fehlerindex
FoI	Formindex
GCTA	genome-wide complex trait analysis
GHS	Globally Harmonized System
h	hora, Stunde
h^2	Heritabilität
HE	Herdenei
HWE	Hardy-Weinberg-Equilibrium
ID	Identifikation
ID-F	ID-Fehler
ILT	Institut für Landtechnik und Tierhaltung
KASP	KBioscience Competitive Allele-Specific PCR genotyping system
LB	Lohmann Brown
LBP	Lohmann Brown Plus
LF	Low-frequency
LfL	Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft
LL	Legeleistung
LS	Lohmann Silver
LSL	Lohmann Selected Leghorn
LT	Lohmann Tradition
LW	Lebenswoche
MAF	Minimumallelfrequenz
min	Minuten
MZ	Mehrfachzuordnung
N	Anzahl
N	Newton

n.a.	nicht angegeben
PBS	phosphate buffered saline
PCR	Polymerasekettenreaktion
PIT	passive integrated transponder
PK	PK-Waschpuffer
P-Satz	precautionary statement, Sicherheitshinweis
REML	Restricted Maximum Likelihood
RF	radio frequency
RFID	radio-frequency-identification
RFLP	Restriktionsfragment-Längenpolymorphismus
RFLPs	Restriktionsfragment-Längenpolymorphismen
s	Sekunden
sd	Standardabweichung
SD	Schalendicke
SE	Standardfehler
SF	Schreibfehler
SNP	Single-Nucleotid-Polymorphismus
SNPs	Single-Nucleotid-Polymorphismen
SW-F	Software-Fehler
TAGTO	Tages-Timeout
TBE	Tris-Borat-Ethylendiamintetraacetat
TE	Tris-EDTA Puffer
TierSchG	Tierschutzgesetz
TierSchNutztV	Tierschutz-Nutztierhaltungsverordnung
u.a.	und andere
u.a.	unter anderem
UEP	unique-event polymorphism
UEPs	unique-event polymorphisms
Upm	Umdrehungen pro Minute
V	Volt
v.a.	vor allem
vgl.	vergleiche
VNTR	variable number of tandem repeat
VNTRs	variable number of tandem repeats
WMN	Weihenstephaner Muldenest
z.B.	zum Beispiel

1 Einleitung

Mit der Umsetzung der europäischen Tierschutzrichtlinie (99/74/EG) ist seit Januar 2012 die konventionelle Käfighaltung in den Mitgliedstaaten der Europäische Union (EU) verboten. Eine Übergangsregelung zur Haltung von Legehennen in ausgestalteten Käfigen war in der Bundesrepublik lediglich bis Ende 2011 gültig (EG 1999).

Durch die Umstellung auf Boden- und Freilandhaltung wurden die Tiere mit anderen Umwelteinflüssen konfrontiert. Anforderungen an die Tiere änderten sich. Merkmalskomplexe und Verhaltensmuster traten in den Vordergrund, die in der konventionellen Käfighaltung bislang nur peripher beachtet worden waren. Verhaltensmerkmale wie Nestgängigkeit oder Federpicken sind in Gruppenhaltungssystemen ebenso wirtschaftlich interessant wie Legeleistung und Eiqualität und müssen deshalb in der Legehennenzucht berücksichtigt werden (PREISINGER 2007). Eine exakte Datenerfassung relevanter Merkmale in einem der Produktionsumwelt ähnlichen System ist Grundlage für die Berücksichtigung von Genotyp-Umwelt-Interaktionen und einem möglichst großen Zuchtfortschritt. Die Leistungsprüfung für Eizahl und Eiqualität erfolgt jedoch weiterhin in Käfighaltung. Ist dies die richtige Testumwelt zur Datenerfassung für Boden- und Freilandhaltung?

Die ursprünglichste Form der Erfassung tierindividueller Daten in der Bodenhaltung stellen die Fallennester dar. Der hohe Arbeitsaufwand und die geringe Datendichte bei großen Tiergruppen führten jedoch zu Weiterentwicklungen auf diesem Gebiet. Eine automatische Datenerfassung erfolgte bei BUREL ET AL. (2002) und MARX ET AL. (2002) mithilfe der Transpondertechnik. Tierindividuelle Leistungsmerkmale kleiner Tiergruppen konnten hiermit über einen bestimmten Zeitraum erfasst werden. Das von THURNER ET AL. (2005b) vorgestellte Weihenstephaner Muldennest ermöglicht die automatische Erfassung tierindividueller Leistungs- und Nestverhaltensdaten in einem Gruppenhaltungssystem für 200 bis 500 Tiere.

Erste Untersuchungen zur Funktionalität des Systems zeigten Tiererfassungsgenauigkeiten von 98 % (THURNER ET AL. 2005b) und Ei-Hennen-Zuordnungsgenauigkeiten von 95 % (THURNER ET AL. 2005b; ICKEN 2009; LASSNER 2009). Erblichkeitswerte von Eiquälitätsmerkmalen außerhalb des dokumentierten Bereichs der Literatur gaben allerdings Hinweise auf Inkonsistenzen in der hennenspezifischen Eizuordnung (ICKEN 2009). Dies bestätigten auch Überprüfungen auf Datenebene (THURNER ET AL. 2005b; KNEUER 2006). Zur Etablierung einer optimalen Zuchtauslese für Legeleistung und Eiqualität ist die zweifelsfreie Zuordnungsgenauigkeit von Ei und Henne jedoch eine wichtige Voraussetzung. Deshalb sollte im Muldennest die Zuordnungssicherheit überprüft werden.

Ziel der im Rahmen der vorliegenden Dissertation durchgeführten Studie war außerdem, den Ursachen von falschen Ei-Hennen-Zuordnungen auf den Grund zu gehen. Über Genotypisierung zur Abstammungskontrolle und detaillierte Datenanalyse sollte die Genauigkeit der hennenspezifischen Eizuordnung überprüft werden. Heritabilitätschätzungen von Eiquälitätsmerkmalen sollten zur Plausibilisierung der Zuordnungsgenauigkeit herangezogen werden.

2 Literaturübersicht

2.1 Legeleistung in verschiedenen Haltungssystemen

Eines der Hauptziele der Legehennenzucht, möglichst viele verkaufsfähige Eier zu minimalen Kosten zu produzieren, ist unabhängig vom Haltungssystem (FLOCK 1977). In zahlreichen Experimenten wurde die Legeleistung von Hennen in **konventionellen** und **ausgestalteten** Käfigen analysiert (VITS ET AL. 2005; TACTACAN ET AL. 2009; TAUSON ET AL. 1999; GUESDON & FAURE 2004). TAUSON ET AL. (1999) untersuchten unter anderem die Legeleistung von Lohmann Brown (LB) und Lohmann Selected Leghorn (LSL)-Hennen in konventionellen Drei-Hennen-Käfigen und Volieren. Hierbei war die Legeleistung sowohl bei LSL- als auch bei LB-Hennen in der Käfighaltung signifikant höher als in Volierenhaltung. Auf einen Unterschied in der Legeleistung zwischen **Käfig** und **Bodenhaltung** wurden Lohmann-Hennen zwischen der 29. und 33. Lebenswoche untersucht (BANGA-MBOKO ET AL. 2010). In Bodenhaltung wurden signifikant weniger Eier registriert als in Käfighaltung. Erklärt wurde dies damit, dass Eier mit Rissen in Bodenhaltung von den Hühnern aufgepickt und gefressen und damit der Registrierung entzogen wurden (BANGA-MBOKO ET AL. 2010). Die Unterschiede der Legeleistung zwischen **Käfighaltung** und **Freilandhaltung** untersuchten WANG ET AL. (2009). Hierbei wurde unter anderem die Legeleistung von Dongxiang Blaulegern zwischen der 20. und 60. Lebenswoche analysiert. Die Legespitze erreichten die Tiere in der 25. Lebenswoche mit einer Legeleistung von 63 % in Käfighaltung und 55 % in Bodenhaltung. Außerdem zeigte sich, dass die Tiere in Käfighaltung das Leistungsmaximum bis zu 15 Wochen halten konnten, wohingegen das Leistungsmaximum der Tiere in Bodenhaltung rasch sank.

Suggestieren die Untersuchungen von TAUSON ET AL. (1999), BANGA-MBOKO ET AL. (2010) und WANG ET AL. (2009) eine höhere Legeleistung in Käfighaltung im Vergleich zu alternativen Haltungssystemen wie Voliere, Bodenhaltung oder Freilandhaltung, so konnte bei TACTACAN ET AL. (2009) und GUESDON & FAURE (2004) hingegen kein Einfluss des Haltungssystems auf die Legeleistung beobachtet werden. PETEK (2004) stellte überdies fest, dass die Legeleistung einer gut organisierten Freilandhaltung vergleichbare Ergebnisse wie die Käfighaltung erzielen kann. In Anlehnung an WANG ET AL. (2009) konnte die Legeleistung der Tiere in Käfig- und Freilandhaltung längere Zeit über 90 % gehalten werden als in Volierenhaltung. Die Anzahl der Eier pro Jahr und Henne war bei Tieren in Volierenhaltung im Vergleich zur Käfig- oder Freilandhaltung reduziert (273 Eier vs. 302 Eier bzw. 304 Eier).

Im Herkunftsvergleich 2010/2011 des Haus Düsse in Zusammenarbeit mit dem Lehr-, Versuchs- und Fachzentrum für Geflügelhaltung (LVFZ) in Kitzingen wurden Legehennen verschiedener Herkünfte auf Legeleistung und andere Parameter in **Kleingruppen-** bzw. **Bodenhaltung** untersucht. Unabhängig von den Linien zeigten übereinstimmend die in Bodenhaltung eingestellten Herden geringere Eizahlen im Vergleich zur Kleingruppenhaltung. Dies ist möglicherweise auf eine höhere Anzahl von Tierverlusten oder Knick- und Brucheiern zurückzuführen. Die größten Unterschiede in der Eizahl je Anfangshenne wurden bei den Lohmann-Brown-Classic-Legehennen festgestellt (Δ 31 Eier). Tetra Brown (Δ 25 Eier),

2 Literaturübersicht

Hubbard Novogen Brown (Δ 25 Eier), Lohmann Experimental (Δ 15 Eier), Burford Brown Experimental (Δ 15 Eier) und Lohmann Selected Leghorn Tiere (Δ 12 Eier) wiesen geringere Unterschied auf (SIMON ET AL. 2012).

Zudem ist Stress in größeren Tiergruppen für einen Rückgang der Legeleistung denkbar. Der Grund ist möglicherweise eine weniger stabile Rangordnung in größeren Tiergruppen (PREISINGER 2007; HUNEAU-SALAUEN ET AL. 2011). Bei PLATZ ET AL. (2009) wurden jeweils 270 Lohmann-Silver-Hennen ab der 18. Lebenswoche in ausgestalteten Käfigen (sechs Käfige à 45 Hennen, 1.004 cm² pro Tier) und Volieren (drei Volieren à 90 Hennen, 1.600 cm² pro Tier) untersucht. Die mittlere Legeleistung über alle Eier betrug 87,0 % im Volierensystem und 89,5 % im ausgestalteten Käfigsystem.

Bodeneier bedeuten wirtschaftliche Einbußen (ENGSTRÖM & WEYDE 1986; APPLEBY 1984; COOPER & APPLEBY 1996b; GUESDON & FAURE 2004). Diese errechnen sich aus einem geringeren Vermarktungswert aufgrund des höheren Anteils an Schmutz- und Knickeiern sowie einem durch das manuelle Einsammeln erhöhten Arbeitszeitbedarf (APPLEBY 1984; SETTAR ET AL. 2006). Zudem tragen verlegte Eier ein erhöhtes Risiko in Bezug auf Kontamination mit Keimen (DUNN ET AL. 2005; WALL ET AL. 2008; REU ET AL. 2005; HOCKING 2010). Das Auftreten von Bodeneiern wird durch vielfältige Faktoren beeinflusst, die im Folgenden dargestellt werden.

Genotyp: Generell werden für mittelgewichtige Hybriden wie Braunleger höhere Verlegeraten als bei leichtgewichtigen Hybriden wie Weißlegern berichtet. FAURE & BRYANJONES (1982) zeigten, dass die Unfähigkeit „aufzusitzen“, d.h. auf Sitzstangen aufzufiegen, bei mittelgewichtigen Hybriden stärker vertreten ist als bei leichtgewichtigen. Bei APPLEBY ET AL. (1983) wurde das Auftreten von Bodeneiern mit dem Aufsitzen in Zusammenhang gesetzt. Ein Erhöhen der Nestboxen hatte keinen Effekt auf die leichtgewichtigen Hybriden, wohingegen bei den mittelgewichtigen Tieren ein Anstieg der Bodeneier um 25 % beobachtet werden konnte.

Die **Haltungsbedingungen in der Aufzucht** sollten auf die Produktionsumgebung abgestimmt sein. Dieses Training fördert das Zurechtfinden der Tiere in der späteren Umgebung und das Zeigen von nestorientierendem Verhalten. Tiere, die in der Aufzucht keine Sitzstangen zur Verfügung haben, zeigen später möglicherweise schlechtes Aufsitzverhalten (FAURE & BRYANJONES 1982). Andererseits hatten Hennen mit Sitzstangen während der Aufzucht im adulten Alter keine Probleme, die Nester aufzusuchen. Im Umkehrschluss belegten APPLEBY ET AL. (1983), dass viele Hennen, die schlechtes Aufsitzverhalten zeigten, sich zu Bodenlegern entwickelten. Da im Normalfall die Aufzucht keine Nester enthält, müssen die Junghennen vor dem ersten Ei in die Produktionsumgebung umgestellt werden. Junghennen der Linie White Leghorn, die bereits in der Aufzucht das erste Ei gelegt hatten und in Lebenswoche 23 eingestallt wurden, legten später mehr Bodeneier als Tiere, die bereits mit 18 Lebenswochen eingestallt wurden (DORMINEY 1974).

Die **Attraktivität der Nester** kann durch ihre Zugänglichkeit beeinflusst werden. Besonders bei mehretägigen Nestanordnungen ist die Zugänglichkeit durch Anflugstangen gewährleistet. Exponierte und damit hellere Nester werden möglicherweise weniger gerne angenommen als geschlossene und damit dunklere Nester (APPLEBY & MCRAE 1986). Ein Abdunkeln der Nester kann demnach die Nestattraktivität für die Tiere erhöhen. Die Analyse des Erkundungs-

und Nestbauverhalten vor der Eiablage als auch die örtliche Verteilung des nestorientierten Verhaltens zwischen Legenest und Käfig lassen Rückschlüsse auf die Attraktivität der Nester zu. Unterschiede in diesen Verhaltensweisen bei Tieren mit und ohne Erfahrung mit Legenestern konnten von COOPER & APPLEBY (1995, 1996b, 1997); FREIRE ET AL. (1997) und WALL ET AL. (2002) festgestellt werden. Trotz vielfältiger Barrieren, welche die Tiere auf dem Weg zum Nest überwinden mussten, so auch bei THURNER ET AL. (2005b), ergaben sich keine Probleme mit Bodeneiern.

Eine ausreichende **Anzahl an Legenestern** kann das Auftreten von Bodeneiern eindämmen. Ein Nest:Hennen-Verhältnis von 1:4 oder 1:5 bis maximal 1:7 wird dabei von führenden Legehennenzüchtern empfohlen (LOHMANN TIERZUCHT 2013a, b; HY-LINE 2013). Ein Wettbewerb der Tiere untereinander um Nester kann Nestmeidungsverhalten und folglich Bodeneier hervorrufen (APPLEBY 1984). Die Geselligkeit und Sozialität der Legehennen kann jedoch auch zur Präferenz bestimmter Nester und damit keiner willkürlichen Nestauswahl führen (APPLEBY & MCRAE 1986).

HUNEAU-SALAUEN ET AL. (2011) beschreiben den Einfluss der Gruppengröße auf das Auftreten von Bodeneiern. In Gruppengrößen mit weniger als ca. 30 Tieren würde eine klare **Dominanzstruktur** die Gruppe definieren, wohingegen bei größeren Tiergruppen ein stabiles Sozialsystem entsteht. Beide Arten der Strukturbildung sind in mittelgroßen Gruppen instabil und können infolge dessen zu Bodeneiern führen (HUNEAU-SALAUEN ET AL. 2011). Auch WALL (2011) stellte eine gesteigerte Rate an Bodeneiern in mittelgroßen Gruppen fest. Die Raten an Bodeneiern variierten bei COOPER & APPLEBY (1996b), VAN HORNE (1996) und TAYLOR & HURNIK (1996) zwischen 11,5 % und 0,3 %.

Die Rate an Bodeneiern nimmt über die Beobachtungszeit kontinuierlich ab (COOPER & APPLEBY 1996b). Auch bei HUNEAU-SALAUEN ET AL. (2011) konnte dieser Verlauf beobachtet werden. Lag die Rate an verlegten Eiern im Alter von 23 Wochen noch bei 7,3 %, verringerte sie sich bis zur 71. Lebenswoche kontinuierlich auf 4,1 %. Die in diesen beiden Studien festgestellte negative Korrelation zwischen der täglichen oder wöchentlichen Eierproduktion und den Bodeneiern wurde von SETTAR ET AL. (2006) statistisch belegt. Dieses Ergebnis weist auf ein **Lernverhalten der Tiere** hin, das sich mit der Zeit entwickelt (SETTAR ET AL. 2006).

COOPER & APPLEBY (1996b) stellten fest, dass 80 % der gelegten Bodeneier (78 von 96 Eier) von denselben sechs Bodenlegern stammten. Bei SETTAR ET AL. (2006) gehörten die Hennen, die mehr als 95 % der Eier verlegten, einigen wenigen Familien an. Ein tägliches und frühzeitiges Absammeln der Bodeneier aus der Herde würde das Lernverhalten der anderen Hennen bereits eindämmen. Hierüber kann besonders in der Anfangszeit des Legezeitraums die Rate an Bodeneiern reduziert werden. Allerdings sollte hierbei der Legevorgang der Hennen so wenig wie möglich gestört werden, um nicht aus einer Präventionsmaßnahme doch wieder Bodeneier zu generieren. Ein Entfernen der speziellen „**Wiederholungstäter**“ aus einer Herde kann auch zu einem späteren Zeitpunkt das Erlernen dieses unerwünschten Verhaltens verhindern und so langfristig die Rate an Bodeneiern senken.

2.2 Technische Möglichkeiten der Ei-Hennen-Zuordnung

2.2.1 Verschiedene Nestbauweisen

Fallennester (Abbildung 2.1) stellen die älteste Methode zur Erfassung tierindividueller Daten dar. Der Nesteingang, eine nach hinten schwingende Sperrholzplatte, verschließt sich nach Nesteintritt. Die Henne ist daraufhin im Nest eingeschlossen und muss durch den Züchter wieder befreit werden. WOOD-GUSH (1963, 1972) und WOOD-GUSH & GILBERT (1964) untersuchten in unterschiedlichen Versuchen das Nestverhalten von Hennen mittels Fallennestern. Nachteil dieses Nestsystems stellt jedoch der erhöhte personelle Aufwand dar. SPERL (1999) empfiehlt eine Kontrolle der Nester mindestens alle zwei Stunden und eine maximale Besatzdichte von zwei bis drei Hennen pro Nest, wobei eine fast stündliche Nestkontrolle erforderlich sein kann (HALAWANI 1980). Die Erfassung tierindividueller Daten einer praxisähnlichen Anzahl an Tieren ist in diesem System nicht möglich. Fallennester werden in der kommerziellen Geflügelzucht nicht mehr verwendet, obgleich sie in der Rassegeflügelzucht noch genutzt werden (THURNER ET AL. 2005b). RISHELL (1997) verweist auf den Einsatzbereich der Fallennester in der Mastelertierzucht.



Abbildung 2.1: Das Fallennest als älteste Methode zur Erfassung tierindividueller Daten. Das Bild stammt mit freundlicher Genehmigung von FREUND (2013).

JANSEN ET AL. (1998) entwickelten ein Verfahren „zum Individualisieren eines Eies hinsichtlich seiner Legehenne“. Bei diesem System kommen Transponder und Antennen zum Einsatz. Bei der Nestkonstruktion sind für die hennenspezifische Eizuordnung keinerlei manuelle Eingriffe erforderlich. Informationen bezüglich der Nutzung dieses Systems in der Züchtung sind nicht bekannt.

BUREL ET AL. (2002) entwickelten ein Transponder-basiertes System zur Erfassung der individuellen Legeleistung in Hennengruppen. Die Transponder werden den Tieren im Nackenbereich subkutan appliziert sowie am Ständer befestigt. Ein runder Eingangsbereich bewirkt eine geregelte Trennung der Hennen beim Betreten des Nestes. Mehrfachbelegungen werden durch eine sich nach hinten verjüngende Nestkonstruktion vermieden. Abrollende Eier werden an einem Eisensor registriert und kommen in der Eisammelrinne in Legereihenfolge zu liegen. Die Kombination aus Position in der Sammelrinne, dem Signal des Eidetektors und

der Transpondersignale führt zur Ei-Hennen-Zuordnung. Insgesamt wurden drei Gruppen mit jeweils 15 bis 20 Tieren getestet; 89 % der Tiere zeigten eine gute Nestakzeptanz. Die Zuordnungsgenauigkeit der gelegten Eier betrug bei diesem System 92 % (BUREL ET AL. 2002).

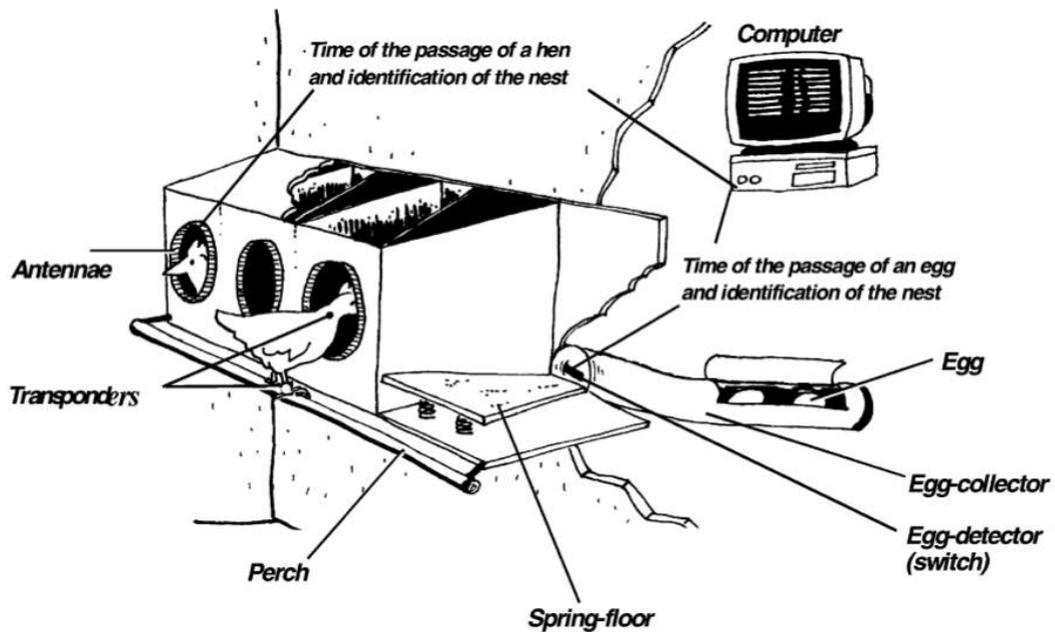


Abbildung 2.2: Ein automatisches Registrierungssystem zur Identifizierung von Legehennen im Nest und ihrer Legeleistung (BUREL ET AL. 2002)

Am Institut für Tierzucht und Tierverhalten Mariensee der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft wurde das sogenannte Marienseer „Autonest“ (MAN) entwickelt (MARX ET AL. 2002). Es dient der Lege- und Abstammungskontrolle von Hühnern in Gruppenhaltungssystemen und basiert auf der Low-frequency (LF)-Transpondertechnik. Jede Henne wird mit einem Transponder am Flügel versehen, der bei Betreten des Nestes von zwei Antennen, die im Inneren des Nestes installiert sind, registriert wird. Die Transponder-ID, die Dauer des Nestbesuches und das Nest werden erfasst. Ein spezieller Vereinzelmehanismus trennt die Hennen beim Nesteintritt. Dieser besteht aus zwei zueinander im 100°-Winkel angeordneten Klappen (siehe Abbildung 2.3 und MARX ET AL. (2002)). Zur Evaluierung des Nestprototyps wurden zehn Hennen und ein Hahn mit vier Autonestern in Bodenhaltung eingestellt. Die Daten von 38 Tagen wurden ausgewertet. Aufgrund der Nestgängigkeit konnten die Daten von sechs Hühnern ausgewertet werden. Die Zuordnungsgenauigkeit von 150 registrierten Eiern lag bei 96 %, die Zuordnungsgenauigkeit von Ei zu Henne betrug 98 % (MARX ET AL. 2002).

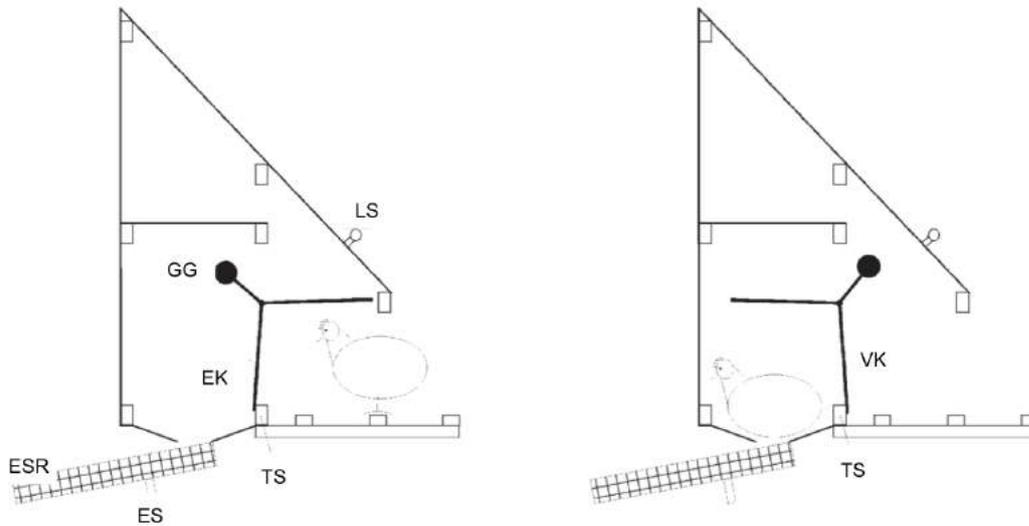


Abbildung 2.3: Das Marienseer Autonest als schematischer Querschnitt mit offenem Nesteintritt (links) und geschlossenem Nesteintritt (rechts)(ESR = Eisammelrinne, ES = Eisensor, TS = Türschwelle, EK = Eingangsklappe, GG = Gegengewicht, LS = Lichtsignal, VK = Verschlussklappe) (nach MARX ET AL. (2002))

Zusätzlich ist seit dem Jahr 2010 Novogen von der Group Grimaud als Züchter für Legehennen im Geflügeljahrbuch gelistet (DAMME & MÖBIUS 2010, 2012). Mittels eines speziellen Nestes, das mit radio-frequency-identification (RFID)-Technologie arbeitet, ist die Erfassung von Legeleistung in Gruppenhaltungssystemen möglich. Parameter wie die Zeit der Eiablage, die Legerate im Nest, die Verweildauer der Henne im Nest und das Zeitintervall zwischen zwei aufeinanderfolgenden Eiablagen werden erfasst (MÖBIUS 2013). Zur Erfassung von tierindividuellen Leistungs- und Verhaltensdaten werden die Tiere am Hals mit einem Chip ausgestattet (BAL 2012). Weitere Details zur Funktionalität oder Bauweise des Nestes sind nicht bekannt.

2.2.2 Das Weihenstephaner Muldennest

Das Weihenstephaner Muldennest (WMN) wurde vom Institut für Landtechnik und Tierhaltung (ILT) der Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) in Kooperation mit der Lohmann Tierzucht GmbH entwickelt. Es handelt sich um eine Weiterentwicklung des Marienseer „Autonestes“ (THURNER ET AL. 2005b).

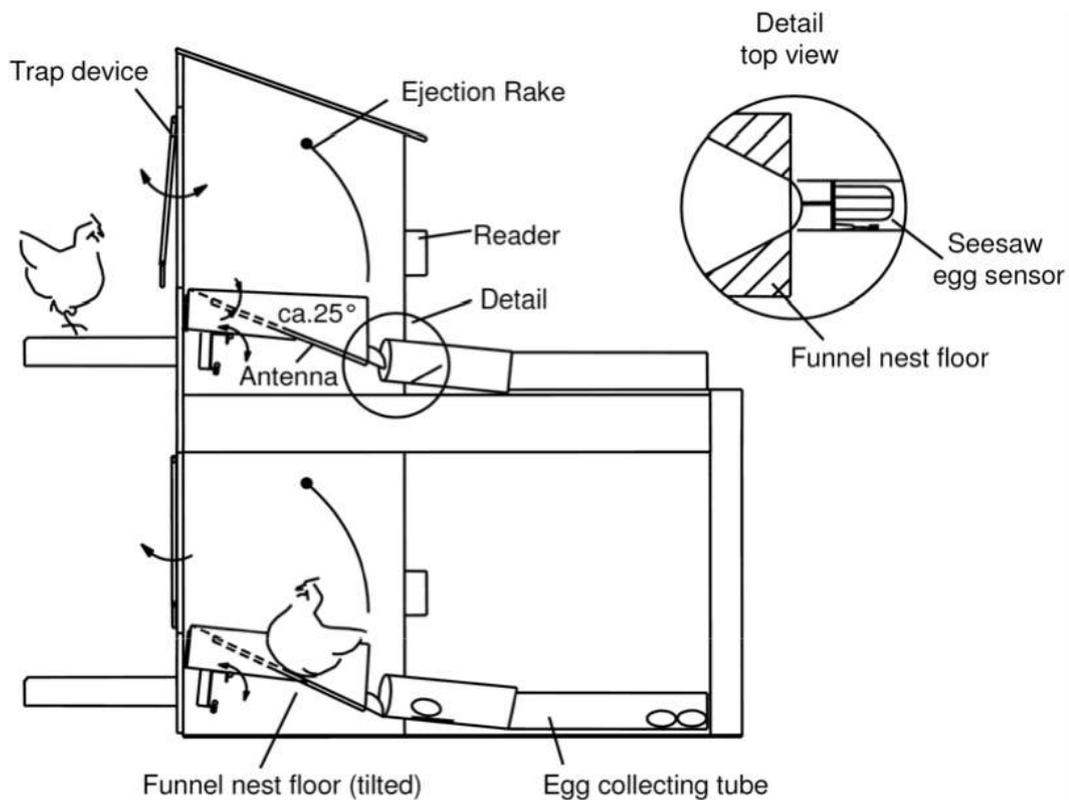


Abbildung 2.4: Schematische Darstellung des Weihenstephaner Muldennestes zur automatischen Erfassung von Leistungs- und Nestverhaltensparametern von Legehennen in alternativen Haltungssystemen aus THURNER ET AL. (2005b)

Wie das MAN basiert das WMN ebenfalls auf LF-Transpondertechnik (FRÖHLICH ET AL. 2007). Die Separation der Tiere wird im WMN durch ein Fanggabelsystem am Eingang eines jeden Nestes ermöglicht, das im Detail in THURNER ET AL. (2005b) und ICKEN ET AL. (2010a) beschrieben wird.

Die Ausrichtung der Henne sowie die Form und die Nesterinlage (Rihs-Agro AG, Vencomat von Vencomatic) fördern das zügige Abrollen des gelegten Eies aus dem Nest in die Eisammelrinne. Die Öffnung des Nestes zur Eisammelrinne ist am hinteren Ende des Nestes lokalisiert. Beim Passieren der Eiwippe (mechanischer Sensor), die zwischen Nest und Eisammelrinne montiert ist, werden Eiablage und Ablagezeitpunkt exakt registriert. Alle Eier eines Nestes kommen in der Legereihenfolge in der jeweiligen Eisammelrinne hinter dem Nest zu liegen. Nach dem Ende der Legetätigkeit werden die Nester am Nachmittag automatisch geschlossen. Noch im Nest sitzende Hennen werden dabei sanft hinausgeschoben. Die Eier werden in der Sammelrinne entsprechend ihrer Reihenfolge gekennzeichnet und abgesammelt (INSTITUT FÜR LANDTECHNIK 2006).

Voraussetzung für die hennenspezifische Eizuordnung ist die Identifizierung der Henne, die sich zum Zeitpunkt der Eiregistrierung im Nest aufhält. Die technischen Hintergründe werden detailliert in THURNER ET AL. (2005b), FRÖHLICH ET AL. (2007) sowie INSTITUT FÜR LANDTECHNIK (2006) beschrieben. Während der Dauer des Nestaufenthalts werden die hennenspezifischen Daten zusammen mit der Uhrzeit in einem PC registriert. Aus der Kombination der Daten der Antenne im Muldenboden, der Eiwappe und der Position des Eies in der Eissammelrinne ergibt sich die Zuordnung von Ei zu Henne. Neben den erfassten Eiablage- und Besuchszeiten können die Legeleistung oder Eiqualitätsmerkmale der einzelnen Henne in einem Gruppenhaltungssystem erfasst werden.

Die Überprüfung der Zuordnungsgenauigkeit von Ei zu Henne im WMN wurde bei THURNER ET AL. (2005b) mit 337 Lohmann-Silver-Hennen (LS, Braunleger) und 29 Lohmann- Selected-Leghorn-Hennen (LSL, Weißleger) als Kontrolltiere durchgeführt. Diese Tiere wurden in eine Pilotanlage mit 48 WMN eingestallt. Ein Positionsabgleich der weißschaligen Eier zeigte eine Zuordnungsgenauigkeit von 94,9 %. Anhand von 40 Lohmann-Tradition-Hennen (LT), in einem Abteil mit vier WMN, wurden mittels Videoaufzeichnungen die Identifizierungssicherheit und die Zuordnungssicherheit des Systems überprüft. Die Identifizierungssicherheit der einzelnen Henne lag bei 98 %, die Zuordnungssicherheit von Ei zu Henne bei 95,9 %.

Das Nest:Hennen-Verhältnis variiert bei den einzelnen Untersuchungen zwischen 1:2 bei MARX ET AL. (2002) und 1:4 bei BUREL ET AL. (2002). Zur Untersuchung des Nestverhaltens von Legehennen wurden Versuche durchgeführt, bei denen eine Henne ein Nest für sich alleine hatte (COOPER & APPLEBY 1996b, a, 1997; FREIRE ET AL. 1996). Das bei THURNER ET AL. (2005b) angewandte Nest:Hennen-Verhältnis von 1:7 entspricht dabei am besten den Praxisbedingungen und Managementempfehlungen der Züchter (LOHMANN TIERZUCHT 2013b; HY-LINE 2013).

Sowohl die Hardware als auch die Software für das Weihenstephaner Muldennest wurden am ILT der LfL entwickelt. Bezüglich der genauen Funktionsweise der Hard- und Software wird an dieser Stelle auf INSTITUT FÜR LANDTECHNIK (2006) verwiesen.

Die **Software** *Chicken Checker* (CC) bereitet alle eingehenden Daten auf, die als .csv-Datei zur Auswertung exportiert werden können. Mithilfe des CC werden Plausibilitätstests durchgeführt, die bestimmte Parameter abdecken. Beim Auftreten von Unplausibilitäten werden bestimmte Indices vergeben. Die für die Vergabe der Indices zugrunde liegenden Kriterien werden ausführlich in INSTITUT FÜR LANDTECHNIK (2006) beschrieben. Im Folgenden wird auf die Indices genauer eingegangen, die für die vorliegende Studie relevant sind.

Bei Doppel- und Mehrfachbelegungen werden durch die Software die Indices 70,71 und 72 vergeben. Index 70 wird vergeben, wenn während einer Doppel- oder Mehrfachbelegung insgesamt weniger Eier registriert werden, als Hühner an der Doppelbelegung beteiligt sind. Alle Eizuordnungen werden entfernt, da nicht klar ist, welche Henne wirklich das Ei gelegt hat. Index 71 wird vergeben, wenn insgesamt mehr Eier registriert werden, als Hühner an der Doppelbelegung beteiligt sind. Allen Hühnern wird hierbei ein Ei zugeordnet; den zu viel registrierten Eiern wird die Zuordnung zum Huhn entzogen. Werden insgesamt genauso viele Eier registriert, wie Hühner an der Doppelbelegung oder Mehrfachbelegung beteiligt sind, wird Index 72 vergeben. Wenn ein Huhn hierbei zwei Eier zugeordnet bekommen hat, wird

ein Ei davon der anderen Henne zugewiesen. Die Zuordnung erfolgt hierbei zufällig (DEMMELEMEIER 2013). Zusätzlich werden Plausibilitätsabfragen durchgeführt. Werden Hennen während eines Doppelbelegungszeitraumes zeitgleich in einem anderen Nest registriert, wird die Zuordnung ausgeschlossen. Ein weiterer Index (Indices 20, 40 und 41) wird angehängt.

Mit einem Tages-Timeout (TAGTO) wird die Legesequenz einer einzelnen Henne untersucht. Auf diese Weise wird sichergestellt, dass zwischen zwei Eiablagen einer Henne eine realistische Zeitspanne liegt. Für die Auswertung wurde vom ILT ein TAGTO von 14 Stunden gewählt. Innerhalb dieses Zeitraumes ist die Ablage zweier Eier einer Henne unwahrscheinlich (DEMMELEMEIER 2013). Zudem wird über eine zusätzliche Abfrage sichergestellt, dass eine Henne pro Tag nur ein Ei legt.

Bei einer Mehrfachzuordnung wurde mindestens ein Ei nicht korrekt zugeordnet. Der Index 100 wird vergeben und die Zuordnung entfernt.

Stimmt die Anzahl der Eier in der Eisammelrinne am Ende des Tages nicht mit der Anzahl registrierter Eier an der Eiwappe/im Nest überein, wird dies getrennt erfasst und die Eier werden gekennzeichnet. Die Anzahl tatsächlich vorhandener Eier in der Sammelrinne wird in einem elektronischen Arbeitsprotokoll hinterlegt, das zur Auswertung mit dem CC herangezogen werden kann. Der Index 60 wird von der Software CC vergeben, wenn in einem Nest mehr Eier in der Sammelrinne vorgefunden wurden als registriert waren. Die Zuordnung der registrierten Eier bleibt bestehen. Index 61 wird vergeben, wenn weniger Eier in der Sammelrinne vorlagen, als registriert wurden. Die Eier unbekannter Herkunft werden als fälschlicherweise registriert interpretiert und deren Zuordnungen entfernt. Index 62 wird vergeben, wenn in der Eisammelrinne weniger Eier lagen als im Nest registriert wurden, jedoch nicht festgestellt werden kann, welche Eier fälschlicherweise registriert wurden. Die Zuordnungen aller Eier zu den Hennen werden entfernt.

Wird zu einem Ei kein Transponder registriert, wird eine Pseudo-ID „0000000000000000“ vergeben (DEMMELEMEIER 2013). Dieser Sachverhalt tritt auf, wenn Hennen ihren Transponder verlieren, ohne ID im Nest sitzen und ein Ei legen.

2.3 Genotypisierung zur Abstammungsanalyse

Genetische Variationen aufrechtzuerhalten, ist eine wichtige Voraussetzung für zukünftige Zuchtstrategien, um Tiere unterschiedlichen Haltungssystemen und sich verändernden Umweltbedingungen züchterisch anzupassen (LENSTRA ET AL. 2012). Verschiedene DNA-Marker-Systeme können für die Untersuchung der genetischen Diversität innerhalb einer oder zwischen verschiedenen Hühnerpopulationen sowohl einheimischer als auch kommerzieller Rassen verwendet werden. Diese liefern Informationen über die Variationen der Allele eines bestimmten Lokus. Hierzu zählen unter anderem die Restriktionsfragment-Längenpolymorphismen (RFLPs), die variable number of tandem repeats (VNTRs), die sowohl die Minisatelliten als auch Mikrosatelliten beinhalten, sowie die Single-Nucleotid-Polymorphismen (SNPs) (SOLLER ET AL. 2006). Die Genotypisierung von molekularen Markern behandelt vielfältige biologische Fragestellungen, wie zum Beispiel Genkartierungen oder populationsgenetische Themen, phylogenetische Rekonstruktionen, Abstammungsnachweise oder forensische Fragestellungen (SCHLÖTTERER 2004).

2.3.1 Genotypisierung mittels Mikrosatelliten

Mikrosatelliten stellen die meist verwendete Klasse der hochpolymorphen Marker dar (SCHLÖTTERER 2004; SOLLER ET AL. 2006). Hierbei handelt es sich um DNA-Abschnitte aus kleinen, sich wiederholenden Sequenzen mit sehr kurzer Basenfolge (< 100bp), sogenannten „tandem repeats“ (SOLLER ET AL. 2006). Die meisten Mikrosatelliten-Loci können über eine Standard PCR amplifiziert werden. Sie sind hochpolymorph, häufig, relativ gleichmäßig über das Genom verteilt und werden codominant vererbt (CHENG ET AL. 1995; ROMANOV & WEIGEND 2001). Des Weiteren sind sie hochinformativ und ermöglichen eine einfache, akkurate Analyse.

Allerdings weisen Mikrosatelliten komplexe Mutationsraten auf, die bei populationsgenetischen Fragestellungen Probleme bereiten können. Sie sind meist in nicht-proteincodierenden Regionen lokalisiert und erlauben deshalb lediglich eine indirekte Bewertung möglicher Unterschiede zwischen Rassen (HOCKING 2010; WEIGEND 2002). Außerdem kann die Dichte der Mikrosatelliten für bestimmte Untersuchungen zu gering sein (SCHLÖTTERER 2004). Für bestimmte Methoden ist es nötig, für eine über 90-%ige Unterscheidung zwischen Voll- und Halbgeschwistern 40 Mikrosatelliten oder mehr zu verwenden. Diese hohe Anzahl ist allerdings schwierig umzusetzen (GLAUBITZ ET AL. 2003).

Mikrosatelliten werden für verwandtschaftliche Untersuchungen zwischen Rassen oder anderen Gruppen von Individuen und für Diversitätsstudien eingesetzt (GROENEVELD ET AL. 2010; TIXIER-BOICHARD ET AL. 2012). Außerdem können einzelne Individuen einer Rasse zugeordnet oder Abstammungstests durchgeführt werden (WEIGEND 2002; MANEL ET AL. 2005; VAN DE GOOR ET AL. 2011a, b; MARX ET AL. 2002). Obwohl Populationen geografisch getrennt sein können oder phänotypisch unterschiedlich auftreten, muss dies nicht bedeuten, dass beide Populationen genetisch verschieden sind. Aufschluss über die Populationsstrukturen geben genetische Analysen ohne Einbeziehung externer Informationen (ROSENBERG ET AL. 2001).

GRANEVITZE ET AL. (2007), CUC ET AL. (2010) sowie MUCHADEYI ET AL. (2007) führten im Rahmen von **Diversitätsstudien** oder Untersuchungen zur **Populationsstruktur** Genotypisierungen mit Mikrosatelliten durch. CUC ET AL. (2010) untersuchten die genetische Diversität innerhalb und zwischen neun lokalen vietnamesischen und zum Vergleich zwei chinesischen Hühnerrassen. Die neun vietnamesischen Rassen stammten aus acht verschiedenen Gebieten aus vier agro-ökologischen Zonen sowohl Süd- als auch Nord-Vietnams. Insgesamt wurden 353 Tiere (32 Tiere pro Rasse) anhand von 29 Mikrosatelliten genotypisiert. Die Analysen ergaben insgesamt vier homogene Cluster sowie zwei gemischte Cluster von unterschiedlichen Rassen. Eine durchschnittliche Anzahl von sechs Allelen pro Rasse und eine durchschnittliche erwartete Heterozygotie von 0,63 zeigten eine hohe Diversität innerhalb der vietnamesischen Rassen (CUC ET AL. 2010). Diese Werte decken sich auch mit Ergebnissen von GRANEVITZE ET AL. (2007) und BERTHOULY ET AL. (2009), die bei vietnamesischen Rassen Allelanzahlen pro Rasse von 2,30 und 6,72 sowie Werte für die erwartete Heterozygotie von 0,28 bis 0,67 feststellten.

Mikrosatelliten werden hauptsächlich zur **Abstammungsüberprüfung** verwendet (VAN DE GOOR ET AL. 2011b), beispielsweise zur Rassezuordnung oder der Zuordnung von Tieren

zu ihren Familien. Dabei ist bereits mit einer geringen Anzahl an Markern ein hoher Zuordnungserfolg möglich (BLOTT ET AL. 1999). BJORNSTAD & ROED (2002) genotypisierten 310 Pferde aus acht Rassen anhand 26 Mikrosatelliten. Mit nur 13 Mikrosatelliten wurden 95 % der Tiere der richtigen Rasse zugeordnet. Außerdem genotypisierten VAN DE GOOR ET AL. (2011a) 4.162 Rinder aus 20 Rassen an 16 Mikrosatelliten und konnten 88,2 % der Tiere der jeweiligen Rasse richtig zuordnen. In vier Rassen lag die Zuordnungsgenauigkeit bei 100 %.

ROSENBERG ET AL. (2001) genotypisierten im Rahmen des AVIANDIV-Projektes, einem EU-weiten Forschungsprojekt, 600 Hennen aus 20 Hühnerpopulationen anhand von 27 Mikrosatelliten. Die Verwendung aller 27 Marker ergab eine Zuordnungsgenauigkeit von 98 %. Die selektive Nutzung der Marker mit der höchsten Heterozygotie führte mit acht bis zehn Markern zu 95 % Zuordnungsgenauigkeit. Eine zufällige Markerauswahl bedingte zehn bis zwölf Mikrosatelliten, um 95 % Zuordnungsgenauigkeit zu erreichen (ROSENBERG ET AL. 2001). BERTHOULY ET AL. (2008) genotypisierten 687 Tiere aus 20 französischen und asiatischen Hühnerlinien mit 22 Mikrosatelliten. Dies ergab nach Vergleich mit den Genotypen des AVIANDIV-Projektes eine Zuordnungsgenauigkeit von 93,7 % der Tiere zur richtigen Linie.

Dem gegenüber stellt die Zuordnung von Tieren zu ihren **Familien** eine besondere Herausforderung dar. Die richtige Zuordnung von Tieren zu den richtigen Müttern innerhalb einer Linie erfordert aufgrund der hohen genetischen Ähnlichkeit der Mütter untereinander eine präzise Auswahl der genetischen Marker.

Dieser Herausforderung stellten sich MARX ET AL. (2002) zur Verifizierung der automatisierten Ei-Hennen-Zuordnung des Marienseer Autonestes durch ein gänzlich unabhängiges System. Sechs der zehn ausgewählten hochpolymorphen Mikrosatelliten erlaubten eine präzise Abstammungsanalyse. Vier Autonester standen für zehn Hennen zur Verfügung, wobei sechs Hennen die Nester nutzten und an 38 Beobachtungstagen 150 Eier legten. Sechs Eier wurden aufgrund fehlender technischer Hennen-Zuordnung von der Auswertung ausgeschlossen. Von 144 angebrüteten Eiern waren 102 Eier befruchtet. Durch die Genotypisierung konnten 100 Eier richtig zugeordnet werden. Die durch die Genotypisierung zugeordnete Henne stimmte mit der durch das technische System zugeordneten Henne überein. Bei den zwei falsch zugeordneten Eiern konnte der Fehler auf eine Vertauschung der Eier bei der Eiabnahme zurückgeführt werden (MARX ET AL. 2002).

2.3.2 Genotypisierung mittels Single-Nucleotid-Polymorphismen

Die Verfügbarkeit der Methoden und des Laborequipments bedingte ursprünglich die Auswahl der passenden Marker (SCHLÖTTERER 2004). Mittlerweile wird die Wahl der Marker von der Art der Untersuchungen abhängig gemacht. SNPs werden in vielen Fällen aufgrund der im folgenden Kapitel genannten Vorteile präferiert. Für Nicht-Modell-Organismen werden dennoch Mikrosatelliten empfohlen, da ihre Etablierung einfacher ist und aufgrund ihres höheren Informationsgehalts im Vergleich zu SNPs eine geringere Anzahl an Loci benötigt wird. Für Abstammungsstudien werden hingegen SNPs angewandt, da ein besserer Automatisierungsgrad erreicht werden kann (SCHLÖTTERER 2004).

Vorteile von SNPs als Marker sind die Verfügbarkeit von schnellen, verlässlichen und reproduzierbaren High-through-put- oder High-density-Genotypisierungsprotokollen (FRIES & DURSTEWITZ 2001; SCHLÖTTERER 2004; ANDERSON & GARZA 2005; KRUGLYAK 1997; LIVAK ET AL. 1995), moderate Kosten pro Datenpunkt (SCHLÖTTERER 2004), geringe Mutationsraten (KRAWCZAK 1999; AMORIM & PEREIRA 2005), hohes Aufkommen (HEATON ET AL. 2002; BRUMFIELD ET AL. 2003; SCHLÖTTERER 2004), besseres Handling im Labor und in der Dateninterpretation (KRAWCZAK 1999; FRIES & DURSTEWITZ 2001; ANDERSON & GARZA 2005) sowie wenig Genotypisierungsfehler (RANADE ET AL. 2001). Ein weiterer bedeutender Vorteil von SNPs ist ihre zufällige Verteilung im Genom sowohl in proteinkodierenden als auch nicht-codierenden Bereichen. Diese Tatsache ermöglicht die Untersuchung der molekularen Variabilität in funktionalen Bereichen der DNA (WEIGEND 2002; HOCKING 2010).

Zu den Nachteilen der SNPs gegenüber den Mikrosatelliten zählen die zeitaufwändige Etablierung eines SNP-Assays aufgrund des höheren Sequenzierungsbedarfs (GLAUBITZ ET AL. 2003) und der geringere Informationsgehalt eines SNPs gegenüber einem Mikrosatelliten (SCHLÖTTERER 2004; WERNER ET AL. 2004; GÄRKE ET AL. 2012; GLAUBITZ ET AL. 2003). Der unterschiedliche Informationsgehalt von SNPs und Mikrosatelliten aufgrund der differierenden Anzahl an Allelen wurde in vielfältigen Studien untersucht. SCHOPEN ET AL. (2008) stellten bei Geflügel und Rindern fest, dass pro Mikrosatellit einer bis drei SNPs bzw. drei bis vier SNPs nötig waren um den gleichen Informationsgehalt zu erreichen. Eine höhere Anzahl an SNPs gegenüber Mikrosatelliten bei Genotypisierung bestätigten auch CHAKRABORTY ET AL. (1988); KRAWCZAK (1999); GLAUBITZ ET AL. (2003); BLOTT ET AL. (1999) und GÄRKE ET AL. (2012). Der Nachteil der geringeren Informativität eines SNPs kann durch eine erhöhte Anzahl an genotypisierten SNPs und über eine spezifischere Auswahl der Marker kompensiert werden (WERNER ET AL. 2004; TWITO ET AL. 2007). Als die aussagekräftigsten Marker bezüglich der Rassezuordnung wurden Marker mit hoher Heterozygotie und höherer Allelfrequenz angeführt (BLOTT ET AL. 1999; ROSENBERG ET AL. 2001).

Mit der Veröffentlichung des Hühnergenoms 2004 (HILLIER ET AL. 2004) eröffnete sich die Möglichkeit, Millionen von SNPs durch genomweite Resequenzierung zu identifizieren. Eine Frequenz von 1 SNP pro 225 bp (SCHMID ET AL. 2000) führte schließlich zur überwiegenden Verwendung von SNPs als genomische Marker (VIGNAL ET AL. 2002; SOLLER ET AL. 2006; SCHLÖTTERER 2004). Mehrere Tausend SNPs können gleichzeitig auf Microarrays oder Beadarrays gespeichert werden (LENSTRA ET AL. 2012) und sind mittlerweile für die meisten Nutztierarten verfügbar, wie z. B. Rind (MATUKUMALLI ET AL. 2009; BOVINE HAPMAP CONSORTIUM ET AL. 2009), Schwein (RAMOS ET AL. 2009), Ziege (INTERNATIONAL GOAT GENOME CONSORTIUM 2014) und Schaf (INTERNATIONAL SHEEP GENOMICS CONSORTIUM 2013). Für das Huhn wurde nach der Publizierung des Hühnergenoms eine *genetic variation map* mit über 2,8 Millionen SNPs generiert (WONG ET AL. 2004). MUIR ET AL. (2008) validierten aus dieser *genetic variation map* 3.000 SNPs über Genotypisierung an 2.580 DNAs aus 24 kommerziellen Linien. GROENEN ET AL. (2011) entwickelten einen *moderate density* 60K SNP-Chip. Ziel war die Erstellung eines SNP-Chips mit SNPs mit hohen bis mittleren Allelfrequenzen in Leger- und Broilerlinien, die alle Chromosomen abdecken und eine optimale Anzahl an SNPs für maximalen Nutzen gewährleisten (GROENEN ET AL. 2011). Der Affymetrix® Axiom® 600K SNP *high density array* ist im Gegensatz zum 3K und

60K SNP-Chip kommerziell verfügbar und für jeden zugänglich (KRANIS ET AL. 2013). Zur Etablierung dieses Arrays wurden 243 Tiere aus 24 Linien sequenziert und etwa 139 Millionen SNPs identifiziert. An 282 Tieren wurden 1,8 Millionen SNPs durch Genotypisierung validiert und daraus ungefähr 600.000 SNPs über diverse Kriterien (Polymorphie, Typisierungsrate > 98 %, Hardy-Weinberg-Equilibrium (HWE) und Verteilung über das Genom) ausgewählt (KRANIS ET AL. 2013).

SNPs werden zur Tieridentifikation oder für Abstammungsstudien verwendet (MATUKUMALI ET AL. 2009). Dabei ist es bedeutsam zu unterscheiden, ob Tiere zur richtigen Population, Linie oder Rasse zugeordnet werden, oder ob Tiere der richtigen Familie/Mutter zugeordnet werden. Da Tiere aus unterschiedlichen Populationen oder Linien untereinander nicht verwandt sind bzw. einen geringen Verwandtschaftsgrad besitzen, führt bereits eine geringe Anzahl an spezifisch ausgewählten SNPs zu einem verhältnismäßig hohem Zuordnungserfolg zur jeweiligen Population oder Linie.

In einer Diversitätsstudie von TWITO ET AL. (2007) wurde versucht, 60 Individuen aus zwölf Hühnerpopulationen über Genotypisierung der richtigen Abstammung zuzuordnen. Der Zuordnungserfolg lag mit 22 genomischen SNPs bei 95 %, mit 20 SNPs bei 75 %.

Die Zuordnung von Tieren innerhalb einer Population zur richtigen Familie oder sogar zur richtigen Mutter stellt eine Herausforderung dar. Die Tiere innerhalb einer Population haben einen höheren Verwandtschaftsgrad als Tiere aus unterschiedlichen Populationen. Die Auswahl und Anzahl an SNPs, die für die Zuordnung von Tieren zur richtigen Familie verwendet werden, muss demnach spezifischer und höher sein um die Zuordnung zur Familie belegen zu können.

3 Tiere, Material und Methoden

3.1 Stallungen und Versuchstiere

Von Juni 2009 bis Oktober 2012 wurden in der Versuchsstation Thalhausen der Technischen Universität München sechs Herden aufeinanderfolgend in einem Volito-Volierensystem aufgestellt und hinsichtlich ihrer Leistungs- und Nestverhaltensmerkmale getestet. Die Erfassung der Hennen-individuellen Parameter war durch den Zugang zu 72 Weihenstephaner Muldennestern gewährleistet, die in das Volierensystem integriert waren.

3.1.1 Allgemeiner Stallaufbau

Das Gebäude ist in zwei Stallungen (Stall 1 und Stall 2) mit je zwei Abteilen gegliedert. An den Außenseiten der jeweiligen Stallungen befindet sich für jedes Abteil ein sogenannter Kaltscharraum oder Wintergarten. Stall 1 enthält Gruppennester mit den breiten elektronischen Schlupflöchern nach außen. Da in der vorliegenden Arbeit nicht mit dem Gruppennest gearbeitet wurde, wird auf diese Stallung nicht weiter eingegangen.

Stall 2 enthält Einzellegenester mit schmalen elektronischen Schlupflöchern nach außen. Die Eiablage erfolgt in diesem Abteil im Weihenstephaner Muldennest. Stallabteil b verfügt über 48 Muldenester, die auf zwei Etagen angeordnet sind. In der oberen Etage befinden sich die Nester 49 bis 72, in der unteren Etage die Nester 73 bis 96.

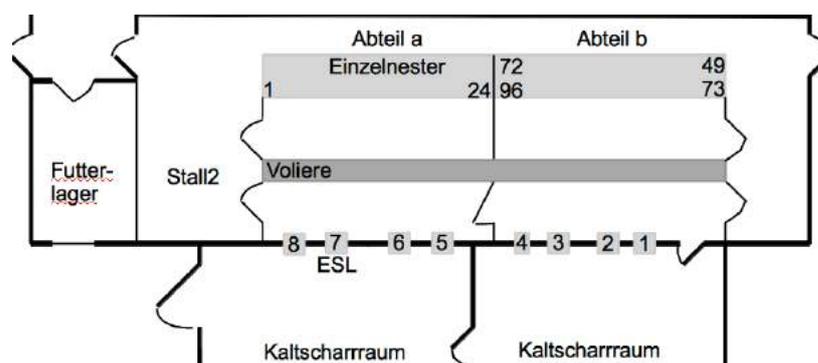


Abbildung 3.1: Aufbau des Versuchsstalls mit Anordnung der Weihenstephaner Muldenester (ESL = Elektronisches Schlupfloch)

Stallabteil a enthält 24 Muldenester, die in einer Ebene installiert sind. In der Mitte des Stalles befindet sich ein Volierensystem von Volito, in dem die Tränke- und Futterversorgung installiert ist. Wasser und Futter stehen *ad libitum* zur Verfügung. Jedes Stallabteil besitzt vier Schlupflöcher, über welche die Tiere 24 Stunden am Tag ins Freie gelangen können. Der Kaltscharraum verfügt über eine Fläche von ca. 40 m², die mit Stroh eingestreut ist. Er wird durch ein Gitter eingezäunt und das Dach ist mit transparenten Plastikwellplatten eingedeckt. Es wird weder Wasser noch Futter angeboten. Abbildung 3.1 zeigt eine schematische Darstellung des Stallaufbaus.

3 Tiere, Material und Methoden

3.1.2 Analyisierte Tiergruppen

Tabelle 3.1 zeigt die im Weihenstephaner Muldennest getesteten Tiergruppen. Diese waren unterschiedlicher Herkunft. Die Anzahl eingestallter Hennen stimmt nicht exakt mit den durchgehend registrierten oder ausgewerteten Hennen überein. Dies liegt daran, dass manche Hennen bei Reduktionen des Tierbestandes aufgrund Mehrfachbelegungen aus den Herden entfernt wurden, einzelne Hennen keine Nester besuchten, Tiere starben oder ihren Transponder verloren hatten und somit nicht dauerhaft registriert worden waren. Die Differenz zwischen eingestallter und durchgehend registrierter Anzahl von Legehennen war bei den Herden 23, 24 und 27 am größten. Erklärt werden kann dies durch die Bestandsreduzierungen, die aufgrund der hohen Mehrfachbelegungsraten nötig waren. Von Herde 19 wurden mit 203 Tagen die meisten Tage zur Ermittlung der Zuordnungsgenauigkeit ausgewertet. Zur Erzeugung befruchteter Eier für den Abstammungsnachweis wurde pro Hennenherde eine bestimmte Anzahl an Hähnen eingestallt. Die Anzahl an Hähnen ist ebenfalls in Tabelle 3.1 dargestellt. Dabei betrug bei den Herden 23 und 24 das Hahn:Hennen-Verhältnis ungefähr 1:10, wobei bei den restlichen Herden das Hahn:Hennen-Verhältnis größer war.

Tabelle 3.1: Analyisierte Herden im Weihenstephaner Muldennest. LB = Lohmann Brown, LBP = Lohmann Brown Plus, LSL = Lohmann Selected Leghorn, LT = Lohmann Tradition

Herde	Herkunft	Einstellungszeitraum	Testtage [N]	Hennen (Kontrolltiere) /Hähne [N]	Nester [N]	durchgehend registrierte / ausgewertete Tiere [N]	ausgewertete Tage [N]
19	LB	02/2008 - 10/2008	214	295 (15) / 0	48	261	203
20	LB	11/2008 - 05/2009	175	517 (36) / 31	72	502	152
21	LB	06/2009 - 01/2010	177	629 (24) / 55	72	600	148
22	LB	01/2010 - 08/2010	191	648 (30) / 58	72	634	179
23	LB	09/2010 - 01/2011	138	670 (42) / 40	72	393	110
24	LBP/LSL	03/2011 - 08/2011	146	519 (262) / 48	72	438	116
25	LB/LT	10/2011 - 04/2012	163	500 (40) / 20	72	494	158
26	LB	04/2012 - 10/2012	183	447 (40) / 20	72	434	115
27	LSL	11/2012 - 06/2013	220	475 (143) / 4	72	304	126

3.1.3 Tierhaltung und Betreuung

Die Tiere der Herden 19 bis 27 wurden unter gleichen Bedingungen aufgezogen. Hierzu stand ein separates Stallabteil in der Versuchsstation Thalhausen zur Verfügung, in dem eine Voliere, ähnlich der des WMN Legestalles, integriert war. Die Tiere wurden im Alter von 17 bis 19 Wochen in den Legestall umgestallt und der künstliche Lichttag für alle Herden schrittweise auf 16 Stunden verlängert. Die Muldennester waren täglich von 3 Uhr morgens bis 15 Uhr nachmittags geöffnet. Danach wurden sie durch einen Sperrmechanismus verschlossen und

waren für die Hennen nicht mehr zugänglich. Bei dem Sperrmechanismus handelte es sich um einen NESTAUSTRIEBRECHEN, der durch eine Zeitschaltuhr gesteuert wurde und um 15 Uhr noch im Nest befindliche Hennen sanft aus dem Nest schob. Die Mehrzahl der Hennen hatte bei beschriebenen Lichtprogramm ihre Legetätigkeit um 15 Uhr nachmittags abgeschlossen, sodass die Schließung der Nester zu dieser Uhrzeit geeignet erschien.

3.2 Analyse der hennenspezifischen Eizuordnung auf DNA-Ebene

Zur Überprüfung der automatisierten hennenspezifischen Eizuordnung des Weihenstephanner Muldennestes als alternatives Haltungssystem wurde eine Abstammungsstudie mittels Genotypisierung durchgeführt. Hierfür wurden einerseits die befruchteten Eier eines Tages angebrütet und aus den Embryonen DNA isoliert. Andererseits wurde den adulten Hennen Blut abgenommen und aus dem Blut DNA isoliert. Die Methodik der DNA-Extraktion und weitere Aufarbeitung wird im Folgenden näher beschrieben:

3.2.1 Rechtsgrundlage

Da es sich bei der Blutabnahme um einen invasiven Eingriff am Tier handelte, war eine Tierversuchsanzeige bei der Regierung von Oberbayern erforderlich. Diese wurde fristgerecht (laut §8a Absatz 1 Satz 1 TierSchG) zwei Wochen vor Versuchsbeginn eingereicht und anerkannt. Versuchsleiter waren Herr Prof. Dr. Fries vom Lehrstuhl für Tierzucht der TU München und Frau Dr. Elke Heyn vom Lehrstuhl für Tierschutz, Verhaltenskunde, Tierhygiene und Tierhaltung der LMU München. Die Blutabnahme und der Gesundheitszustand der Tiere von Herde 23 wurden von Dr. Elke Heyn betreut und am 1. März 2011 durchgeführt. Insgesamt wurde von 458 Tieren aus Herde 23 je eine Blutprobe entnommen.

3.2.2 Bebrüten der Eier und Sektion der Embryonen

Zur Ermittlung der adäquaten Größe des Embryos und zur Optimierung der Methodik der Embryoentnahme wurden in einem Vorversuch Eier in einem *BRUJA* Motorbrüter angebrütet und die Größe sowie Extrahierbarkeit von Embryonen im Alter von drei, vier und fünf Tagen untersucht und ausgewertet. Die Ergebnisse des Versuches und die Entwicklung der Entnahmemethodik können Kapitel A entnommen werden. Die Methodik des Bebrütens sowie die Entnahme der Embryonen aus den Eiern wird im Folgenden kurz beschrieben.

Die Eier vom 17. Februar 2011 wurden aufgrund der hohen Heritabilität für das Eigewicht von $h^2 = 0,64$ an diesem Tag für die Abstammungsüberprüfung durch Genotypisierung verwendet. Sie wurden in einem konventionellen Brüter der Firma *Petersime* mit einer Kapazität von 10.000 bis 15.000 Eiern in fahrbaren Wagen in den Brüter gefahren und angebrütet. Sie wurden mit dem spitzen Pol nach unten in die Bruthorden positioniert. Das Wenden der Eier wurde vom Gerät automatisch durchgeführt. Die Eier wurden vier Tage angebrütet, wobei die Temperatur auf 37°C eingestellt wurde und die Luftfeuchte 65 % betrug. Der Versuchsplan mit Brutdaten und dem Embryoentnahmedatum ist in Abbildung A.1 dargestellt. Vor der Embryo-Entnahme lagerten die Eier für 20 min mit spitzem Pol nach unten in den Horden,

3 Tiere, Material und Methoden

um die Embryonen nach dem Transport einheitlich zu positionieren. Das aufzuschlagende Ei wurde mit dem stumpfen Pol nach oben auf einen umgedrehten Deckel eines 50 ml Röhrchens positioniert. Mit einer Ethanol-getränkten Pinzette wurde der stumpfe Pol aufgebrochen, die Schale kreisrund entfernt und die Eihaut nach außen geklappt. Der Embryo wurde mit einer 200 μ l Pipette (mit abgeschnittener Spitze) aus dem Ei abgesaugt und direkt in ein beschriftetes, nummeriertes 1,5 ml Reaktionsgefäß überführt. Für die Präparation eines Embryos wurde ein Zeitraum von 30 Sekunden bis zu einer Minute benötigt. Dies ermöglichte die Entnahme aller Embryonen eines Legetages innerhalb eines Labortages (7 h x 60 min = 420 min $\hat{=}$ mind. 420 Eier) und gewährleistete ein ungefähr gleiches Alter und eine gleiche Größe der Embryonen.

3.2.3 Gewinnung von DNA aus Embryonen

Im Vorfeld wurden verschiedene Methoden zur DNA-Gewinnung getestet und eine Methode zur DNA-Extraktion durch Salzfällung etabliert. Mehrere Protokolle wurden im Hinblick auf DNA-Qualität, DNA-Quantität, Zeitbedarf und Kosten verglichen, um im Endeffekt eine effektive, aber zeitsparende, umweltverträgliche, nachhaltige und kostengünstige Methode auswählen zu können. Die Ergebnisse dieser unterschiedlichen Verfahren sind in Anhang A dargestellt. Die gewählte Extraktion der DNA basierte auf der Aussalzmethode von HEYEN ET AL. (1997). Über einige Optimierungsschritte wurde folgendes Protokoll etabliert: Jeder Embryo wurde aufgetaut, abzentrifugiert und mit 1 x PBS-Lösung gewaschen. Eiweiß- oder Eigelb-Reste wurden dadurch entfernt. Für Verdauung und Zellaufschluss wurde der Embryo mit Extraktionspuffer (198 μ l) und 40 μ g Proteinase K (2 μ l, 20 mg/ml) versetzt, gemischt und im Inkubationsschüttler in horizontaler Position bei 100 Upm und 60°C für 3 bis 3,5 h inkubiert. Nach Abzentrifugation wurde für die Proteinfällung gesättigte NaCl-Lösung (64 μ l) zugegeben, auf Eis inkubiert und zentrifugiert. Der Überstand wurde in ein 1,5 ml Reaktionsgefäß mit 2,5 Volumen Ethanol (100 %) überführt und bis zur DNA Ausfällung invertiert. Das Reaktionsgemisch wurde abzentrifugiert und der Überstand verworfen. Um Restsalze auszuwaschen, wurde das Pellet mit Ethanol (70%, 300 μ l) versetzt und zentrifugiert. Dieser Waschschritt wurde optional wiederholt, bevor das Reaktionsgefäß bei Raumtemperatur bis zur vollständigen Verdunstung des Ethanols stehen gelassen wurde. Das Pellet wurde in 100 μ l 1 x TE gelöst und über Nacht bei Raumtemperatur stehen gelassen. Bis zur weiteren Verarbeitung der DNA wurde das Reaktionsgefäß bei -20°C gelagert.

3.2.4 Gewinnung von DNA aus Vollblut der Legehennen

Das Vollblut wurde den Tieren aus der Flügelvene (Vena cutanea ulnaris superficialis) entnommen. Hierzu wurden Einmal-Injektionskanülen verwendet und das Vollblut in Kalium-EDTA-beschichteten 2 ml Röhrchen aufgefangen. Nach dem Eingriff wurde das Blut bei -20°C bis zur DNA-Gewinnung gelagert.

Die Extraktion der DNA basierte auf der Aussalzmethode von HEYEN ET AL. (1997). Um Zeit und Material zu sparen, wurde dieses Protokoll in mehreren Schritten weiter optimiert, bis eine Extraktion im 1,5 ml Reaktionsgefäß möglich war.

Zur Zelllyse wurden 6 μ l Blut mit H₂O bidest. und NaCl (1,8 %) versetzt. Nach Zentrifugation wurde das Pellet für den Proteinverdau mit NP40 (0,1 %) versetzt und erneut zentrifugiert. Der Überstand wurde abgegossen und das Pellet mit 1x PK Puffer, SDS (10 %) und 30 μ g Proteinase K (1,5 μ l, 20 mg/ml) versetzt, vorsichtig invertiert und 3 h bei 55 °C unter Schütteln inkubiert. Zur Proteinfällung wurde gesättigte NaCl (5 M) zugegeben, zentrifugiert und der Überstand in ein 1,5 ml Reaktionsgefäß überführt. Nach Zugabe von einem Volumen (300 μ l) 100 %igem Isopropanol wurde dieses bis zum Ausfallen der DNA langsam geschwenkt und abschließend abzentrifugiert. Der Überstand wurde verworfen. Mit 70 %igem Ethanol wurden restliche Salze der Fällung entfernt und das Pellet gewaschen. Der Vorgang wurde zweimal wiederholt und das Reaktionsgefäß danach bis zur vollständigen Verdunstung des Ethanol an der Luft oder alternativ im Trockenschrank gelagert. Danach wurde das Pellet in 25 μ l 1 x TE über Nacht bei Raumtemperatur gelöst. Die gewonnene DNA wurde bis zur weiteren Verwendung bei -20°C gelagert.

3.2.5 Quantifizierung und Qualitätskontrolle mittels NanoDrop

Die Quantifizierung erfolgte spektrophotometrisch über die Adsorption bei einer Wellenlänge von 260 nm mit dem Spektrophotometer NanoDrop 1000 und der zugehörigen Software „Nucleic Acids“. Die Parameter A260/280 und A260/230 wurden zusätzlich zur Überprüfung auf Verunreinigungen durch Proteinrückstände oder aus der Extraktion betrachtet. Außerdem wurde die DNA-Qualität untersucht, indem die Proben mit MassRuler DNA Loading Dye versetzt und gelelektrophoretisch auf einem 0,8 %igen Agarosegel (0,001 % Ethidiumbromid, 0,5 x Tris-Borat-Ethylendiamintetraacetat (TBE-Puffer, 50 V Spannung, 1 h Laufzeit) mit dem Standard Lambda-DNA aufgetrennt wurden. Die Analyse der Banden erfolgte unter UV-Licht mit einer Wellenlänge von 254 nm. Degradierete oder verunreinigte DNA-Proben wurden von weiteren Versuchen ausgeschlossen. Für die Qualitätskontrolle mittels PCR wurde die DNA auf eine Konzentration von 10 ng/ μ l und für die Genotypisierung bei KBioscience auf 25 ng/ μ l eingestellt.

3.2.6 Quantifizierung und Qualitätskontrolle mittels PCR-Reaktion

Ein PCR-Ansatz von 20 μ l Volumen enthielt 50 ng genomische DNA, Coral Load PCR-Puffer, 1,5 mM MgCl₂, 200 μ M eines jeden Nucleotids, 0,25 μ M von forward und reverse Primer sowie 0,5 Units der Taq DNA-Polymerase. Die PCR wurde im Thermocycler unter folgenden Bedingungen durchgeführt: initiale Denaturierung bei 94°C für 5 Minuten, gefolgt von 35 Zyklen bei 94°C für 40 Sekunden, 60°C für 1 Minute (Annealing), 72°C für 1 Minute (Elongation) und die finale Elongation bei 72°C für 3 Minuten. PCR-Produkte wurden mit dem Längenstandard GeneRuler™ 100bp DNA Ladder® auf einem 1,5 %igen Agarosegel (0,001% Ethidiumbromid, 0,5 x TBE, 100 V, 30 min) aufgetrennt. Unter Verwendung der Primer 3671/3672 sollte die Fragmentlänge 400 bp betragen. Proben, die mittels PCR nicht amplifiziert werden konnten, wurden von weiteren Analysen ausgeschlossen.

Alle zur Embryoentnahme und DNA-Gewinnung aus Hennenvollblut oder Embryonengewebe notwendigen Geräte und Reagenzien oder Chemikalien sind detailliert in Anhang A aufgelistet.

3.2.7 Genotypisierung an ausgewählten Markern

Dr. Steffen Weigend vom Friedrich-Löffler-Institut (FLI), Mariensee, übermittelte 384 SNPs, die für vorangegangene Projekte über Amyloidose und E.coli bei KBioscience an Braunlegern typisiert worden waren. Von den 384 validierten SNPs wurde für dieses Projekt eine Auswahl einer möglichst großen Anzahl an SNPs nach folgenden Kriterien zusammengestellt:

1. eine möglichst gleichmäßige Verteilung im Genom auf allen verfügbaren Chromosomen
2. eine möglichst gleichmäßige Verteilung innerhalb der Chromosomen
3. eine Frequenz des seltenen Allels $> 0,25$

Es wurden für die Genotypisierung 249 SNPs ausgewählt.

Ein Volumen von 500 μl einer DNA-Lösung mit einer Konzentration von 25 $\text{ng}/\mu\text{l}$ wurde je DNA-Probe für die Genotypisierung mittels KBioscience Competitive Allele-Specific PCR genotyping system (KASP)-Assay an 249 SNPs zur Verfügung gestellt. Die Quantifizierung erfolgte mittels Nanodrop. Die DNA-Proben von 458 Hennen und 335 Embryonen wurden in 96er-Mikrotiterplatten zur Genotypisierung zu KBioscience geschickt.

3.2.8 Auswertungsmethodik

Die Ergebnisse der Genotypisierung wurden im csv-Dateiformat zur Verfügung gestellt. In der ersten csv-Datei wurden für jede DNA und jeden SNP die Genotypen aufgelistet. In einer zweiten Datei wurden tabellarisch die SNP-ID, die Plattennummer und die Spezifikation Blut oder Embryo sowie die Häufigkeiten der homozygoten, heterozygoten und alternativ homozygoten Tiere, die Anzahl an nicht verwendeten, fehlenden oder qualitativ schlechten DNAs und die Häufigkeiten der Allele aufgelistet. Die Rohdaten wurden in das Statistikprogramm R (R Development Core Team, 2009) eingelesen und für die weitere Verwendung vorbereitet.

Die Auswertung der Genotypisierungsdaten wurde mithilfe des frei verfügbaren Programms *plink* (PURCELL ET AL. 2007) durchgeführt. Das Programm dient der Genotypen/Phänotypen-Analyse bis hin zur Durchführung genomweiten Assoziationsstudien. Folgende Faktoren wurden analysiert:

- tatsächliche SNP-Verteilung auf den Chromosomen und auf dem Genom
- DNA- und SNP-Qualität
- Analyse der Heterozygotie
- Minimumallelfrequenz
- Anzahl Mendel-Fehler
- Abstammungsüberprüfung

Zur DNA- und SNP-Qualitätsüberprüfung wurde bei DNA-Proben aus dem Hühnerblut und den Embryonen sowie den SNPs als Grenzwert eine Genotypisierungsrate (sogenannte call-rate) von 90 % festgesetzt.

Die Berechnung des Hardy-Weinberg-Gleichgewichtes war aufgrund der unterschiedlichen Herkunft der Hähne und Hennen nicht möglich. Deshalb wurde die Verteilung der Allelfrequenzen auf ihre Plausibilität hin untersucht. Die Frequenz des seltenen Allels > 0.25 ließ auf eine hohe Heterozygotenrate schließen. Als Ausschlussgrenze für die Auswertung wurden 200 oder weniger Heterozygote definiert.

Ein Mendel-Fehler beschreibt definitionsgemäß ein Allel eines Individuums, welches es auf Basis der Mendel'schen Vererbungsregeln weder vom Vater noch von der Mutter erhalten haben kann. Acht SNPs, die bei mehreren Paaren mehr als 20 Mendel-Fehler zeigten, wurden aus Plausibilitätsgründen von den weiteren Analysen ausgeschlossen. Die Genotypen der von der Software *Chicken Checker* zugeordneten Ei-Hennen-Kombinationen wurden hinsichtlich Mendel-Fehler überprüft. Insgesamt konnten 310 Ei-Hennen-Paare getestet werden. Zur Plausibilisierung der Abstammung wurde für jede mögliche Ei-Hennen-Kombination die Anzahl an Mendel-Fehlern bestimmt. Für 454 Hennen und 321 Embryonen ergibt dies 145.734 mögliche Kombinationen. Über die Anzahl an Mendel-Fehlern konnten die verschiedenen Ei-Hennen-Kombinationen plausibilisiert bzw. bestimmte Abstammungskombinationen ausgeschlossen werden.

3.3 Überprüfung der hennenspezifischen Eizuordnung auf Datenbasis

3.3.1 Definition und Generierung benötigter Datensätze

Die Zuordnungsgenauigkeit des WMN wurde für die Herden 19 bis 27 durch Datenanalyse ermittelt. Für diese Überprüfung wurde der Herde eine von der Lohmann Tierzucht GmbH definierte Anzahl an Tieren, die andersfarbige Eier legen, hinzugefügt. In allen Herden, mit Ausnahme von Herde 27, waren die Kontrolltiere Weißleger. Die Eier der Kontrolltiere werden im Folgenden Kontrolleier genannt.

Am Ende eines jeden Versuchstages wurden die Eier aus den Eisammelrinnen abgetragen und die Position der Kontrolleier manuell in einem Datenblatt erfasst (siehe Abbildung A.4). Die Eier der Kontrolltiere wurden zusätzlich mit einem Barcodelabel versehen, der die EiID enthielt. Diese wurde am Ende eines jeden Versuchstages automatisch vergeben. Zur Generierung der EiID wurde das Datum an die laufende Eizahl angehängt.

Nach der Eiabnahme wurden die Barcodelabels der Kontrolleier in der sogenannten **Liste der Kontrolleier** mit einem Scanner eingelesen und abgespeichert (siehe Abbildung A.5).

Der **Datensatz** (Beispiel siehe Abbildung A.6) enthielt nach Durchführung von Plausibilitätsabfragen der Software *Chicken Checker* folgende Angaben:

3 Tiere, Material und Methoden

- ID, d.h. die laufende Zeile im Datensatz
- Datum
- TransponderID der Henne
- Ort, d.h. das Nest des Nestbesuchs oder der Eiablage
- Beginn des Nestbesuches
- Ende des Nestbesuches
- Aufenthaltsdauer im Nest
- Eissignal von Eiwappe, ob ein Ei gelegt wurde oder nicht
- Legezeitpunkt
- EiID
- Eierkennung
- Doppelkippnestsensor (DKNS)
- Doppelbelegung, d.h. die Anzahl mehrerer Hennen in einem Zeitraum im Nest
- BesuchsID bei einer Doppelbelegung
- ehemRFID, enthält TransponderID nach Zuordnungsentfernung
- FehlerIndex1, FehlerIndex2, FehlerIndex3, die Aufschluss über Doppelbelegungen oder andere Zuordnungsschwierigkeiten geben.

Die **Herdenliste** enthielt alle eingestellten Tiere der jeweiligen Herde. Außerdem wurde vermerkt, welche Tiere während des Einstellungszeitraumes einen neuen Transponder erhalten hatten. Für jedes Tier ist die Kükenmarke, die TransponderID und die Linie (LB, LSL) aufgelistet und dient der Unterscheidung zwischen Tieren und Kontrolltieren. Abbildung A.7 zeigt einen Teil einer Herdenliste.

Die **Liste der auszuschließenden Nester** protokollierte Nester, die eine Diskrepanz zwischen registrierter und tatsächlicher Eizahl aufwiesen (Abbildung A.8). Kontrolleier dieser Nester wurden nicht für die Überprüfung der hennenspezifischen Eizuordnung verwendet, obgleich sie für die Analyse von Fehlzuordnungen interessant sind.

Im **Datenblatt** der Eiabnahme wurde die Anzahl der gelegten Eier pro Nest notiert, die Position eines jeden Kontrolleies festgehalten und die Anzahl der verlegten Eier im Abteil sowie die Gesamtanzahl der Eier registriert (siehe Abbildung A.4). Die täglich erhobenen Daten dienen als „Fixwerte“ und überprüften den Datensatz.

Für die Überprüfung der Zuordnungsgenauigkeit wurden der Datensatz, die Herdenliste, die Liste der Kontrolleier und eine Liste mit auszuschließenden Nestern benötigt. Außerdem wurden die Datenblätter der Eiabnahme aus der Station verwendet.

Für die Überprüfung der Zuordnungsgenauigkeit von Ei zu Henne wurden folgende Abfragen getätigt:

-
- Ist im Datensatz in Nest X an Position Y ein Transponder einer Kontrollhenne vermerkt, an der im Datenblatt ein Kontrollei vermerkt wurde?
 - Wurde dieses Ei gescannt?
 - Gibt es Kontrolleier, die zwar gescannt, jedoch nicht notiert wurden?

3.3.2 Etablierung der halbautomatischen Überprüfung der Kontrolleier

Für die Überprüfung einer großen Anzahl an Eiern auf hennenspezifische Zuordnungsgenauigkeit war eine weitgehende Automatisierung des Verfahrens Voraussetzung. Ei-Hennen-Kombinationen, bei denen Datensatz und Notizen der Datenblätter nicht übereinstimmten, mussten manuell überprüft werden, um Fehlzusordnungen zu entdecken oder möglicherweise Hinweise auf Verbesserungsmöglichkeiten zu erhalten. Eine Möglichkeit der Automatisierung war bei Ei-Hennen-Kombinationen mit Übereinstimmung von Datensatz und Datenblatt gegeben. Wurden der Datensatz, die Herdenliste, die Liste der weißen Eier und die Liste der auszuschließenden Eier mit der Programmiersprache Python (Python Software Foundation, Version 2.7, verfügbar auf www.python.org) eingelesen, so ließ sich mittels eines definierten Abfragealgorithmus die Überprüfung der Zuordnungsgenauigkeit zum Teil automatisieren. Folgende Fragestellungen wurden über das Skript abgefragt:

1. Wieviele Kontrolleier wurden im Datensatzzeitraum gelegt?
2. Wieviele Kontrolleier können Kontrollhennen zugeordnet werden?
3. Wieviele Kontrolleier wurden Hennen der Hauptgruppe zugeordnet?
4. Wieviele Kontrolleier können keiner Hennenlinie zugeordnet werden?
5. Wieviele Kontrolleier ohne registrierten Transponder wurden registriert?

Das Output des Skripts ist beispielhaft in Abbildung A.9 dargestellt. Weiterer Output war eine Auflistung aller Kontrollhennen-IDs und Tage. Für jeden Tag wurden pro Kontrollhenne die Ei-ID und das Nest, in dem das Ei gelegt wurde, gelistet (siehe Abbildung A.10). Der Vergleich mit den Datenblättern des jeweiligen Legetages ermöglichte eine zeitlich effektive Kontrolle einer großen Anzahl an Kontrolleiern. Fehlende Eier, die in dieser Tabelle nicht vermerkt wurden, jedoch im Datenblatt enthalten waren oder umgekehrt, wurden manuell im Datensatz überprüft.

Im weiteren Verlauf wurden über ein zweites Python-Skript „indi eggs“ für jeden Tag des Auswertungszeitraumes die TransponderIDs mit zugeordneten Ei-IDs für die Kategorie der Mehrfachzuordnungen angezeigt (Abbildung A.11). Konnte eine Ei-ID einer Kontrollhenne zugewiesen werden (Abbildung A.12: 1011130430 is from LSL), bestand die Möglichkeit der manuellen Zuordnung.

Eier, die über die halbautomatische Überprüfung nicht erfasst wurden, wurden manuell überprüft und dann den Fehlerkategorien zugeordnet. Gründe für eine fehlende Erfassbarkeit bei der halbautomatischen Überprüfung waren:

- Kontrollei wurde nicht gescannt und nicht in die Liste der Kontrolleier aufgenommen → Kontrollei wurde nicht über Python erfasst → Kontrollei wurde nicht in die Output-Liste integriert → auffällig beim Abgleich mit den Datenblättern
- Nest weist Eizahldiskrepanz auf → Eier erhalten kein Barcodelabel → müssen manuell überprüft werden
- Ei kommt in Output-Liste vor, aber Ei kommt nicht in Datenblatt vor
- Position des Eies in Output-Liste ist eine andere als im Datenblatt

3.3.3 Einordnung der Problemeier in Fehlerkategorien

Eier, die in ihrer Zuordnung zur Henne Auffälligkeiten aufwiesen und über die halbautomatische Überprüfung mithilfe von Python nicht zugeordnet werden konnten, wurden nachfolgend Problemeier genannt. Diese Problemeier wurden einer manuellen Überprüfung im Datensatz unterzogen und in Fehlerkategorien eingeteilt. Die fünf Fehlerkategorien wurden durch das ILT etabliert.

1. **ID-Fehler:** wenn die Position eines Kontrolleies aufgrund einer Diskrepanz zwischen tatsächlicher und registrierter Eianzahl nicht übereinstimmt
2. **Doppelbelegung:** wenn das Ei nach oder während einer Doppelbelegung oder Mehrfachbelegung falsch zugeordnet wurde
3. **Schreibfehler:** wenn ein Ei an falscher Stelle im Datenblatt notiert oder vergessen wurde zu notieren oder in die falsche Zeile eingetragen wurde
4. **Herdenei:** wenn einem Ei kein Transponder zugeordnet werden konnte, weil dieser von der Antenne nicht gelesen wurde oder die Henne ihren Transponder verloren hatte
5. **Software-Fehler:** wenn einem weißen Kontrollei ein Braunleger zugeordnet wurde und offensichtlich kein anderer Fehler vorlag

Außerdem wurde in dieser Arbeit eine weitere Fehlerkategorie hinzugefügt, da die Art des Fehlers zu keiner anderen Kategorie passte:

6. **Mehrfachzuordnung:** wenn an einem Tag einer Henne mehrere Eier zugeordnet wurden

Der Prozentanteil falsch/unsicher zugeordneter Eier an der Gesamtzahl der Eier wurde berechnet durch:

$$\frac{\text{Anzahl falsch/unsicher zugeordnete Eier aller Fehlerkategorien}}{\text{Gesamtzahl der ausgewerteten Kontrolleier}} 100$$

Der Anteil der einzelnen Fehlerkategorien an der Gesamtzahl der falsch/unsicher zugeordneten Eier berechnet sich durch:

$$\frac{\text{Anzahl falsch/unsicher zugeordnete Eier einer Fehlerkategorie}}{\text{Gesamtzahl der falsch/unsicher zugeordneten Kontrolleier}} 100$$

Die Anzahl an Diskrepanznestern pro Herde und Tag wurde berechnet durch:

$$\frac{\text{Anzahl Diskrepanznester im Auswertungszeitraum}}{\text{Anzahl ausgewerteter Tage}}$$

3.4 Plausibilisierung der hennenspezifischen Eizuordnung mittels Leistungsuntersuchungen

3.4.1 Ermittlung der Legeleistung

Unmittelbar nach dem Einstellen einer jeden Herde wurden die Fanggabeln mehrerer Nester fixiert, der Vereinzelnungsmechanismus entkoppelt und die Nester somit für alle Tiere gleichzeitig zugänglich gemacht. Die Tiere sollten an die Einzelnester gewöhnt, die Nestgängigkeit erhöht und folglich die Anzahl verlegter Eier minimiert werden. Von insgesamt 72 Muldennestern war die Hälfte der Nester für alle Hennen gleichzeitig zugänglich. Bei Erreichen einer Legeleistung von 50 % wurden die Fanggabeln geschlossen und mit der exakten Datenaufnahme begonnen. Die Daten, die bis zu diesem Tag erhoben worden waren, gingen nicht in die Auswertungen ein. Bei der maximalen Legeleistung wurden im Gegensatz zu allen anderen Legeleistungsangaben zu den Nesteriern zusätzlich die verlegten Eier gezählt. Die Legeleistung wurde für jede Legeperiode separat angegeben, wobei eine Legeperiode einen 28-Tages-Zeitraum darstellt. Die erste Legeperiode begann mit dem Tag, an dem ein Ei in einem Nest mit geschlossenen Fanggabeln gelegt worden war.

Bei der Berechnung der Legeleistung wurden nur die Nester gerechnet. Bodeneier und anderweitig verlegte Eier wurden nicht in der Berechnung berücksichtigt. Die Legeleistung fällt demnach geringer aus, als wenn alle gelegten Eier in die Berechnung mit einbezogen würden. Die Legeleistung wurde berechnet zu:

$$\frac{\text{Anzahl Nester}}{\text{Anzahl durchgehend registrierter Tiere}}$$

Für die Auswertungen wurden Eier aus Nestern mit Diskrepanzen zwischen tatsächlicher Eianzahl und registrierter Eianzahl prinzipiell ausgeschlossen, da eine exakte Ei-Hennen-Zuordnung nicht gewährleistet werden konnte.

3.4.2 Erfassung der Eiquantitätsmerkmale

Zur Schätzung der Heritabilitäten wurden korrigierte Datensätze erstellt. Eier, deren Zuordnung zur Henne durch die Software *Chicken Checker* entfernt worden war, wurden manuell zugeordnet, um so viele Eier wie möglich berücksichtigen zu können. Die Zuordnung der

3 Tiere, Material und Methoden

Eier erfolgte nach der unter Kapitel 4.2.2 beschriebenen Methodik. Bei allen Herden wurden Heritabilitäten nur von der Haupthennengruppe geschätzt, nicht von den Kontrolltieren.

Bei jeder Herde wurden mindestens zweimal in unterschiedlichen Zeitabständen jeweils zehn Tage am Stück die Eier entsprechend Tabelle 3.2 hinsichtlich Eigewicht, Bruchfestigkeit, Schalendicke und Eiform geprüft. Bei Herde 22 und 23 beschränkte sich die Erfassung der Eiquantitätsmerkmale in unterschiedlichen Durchgängen auf das Eigewicht. Ansonsten wurden mindestens Eigewicht und Bruchfestigkeit registriert. Bei den Herden 24 und 25 wurden durchgehend die Merkmale Eigewicht, Bruchfestigkeit, Schalendicke und Eiform erfasst. Bei Herde 27 wurden wegen der hohen Rate an Doppel-/Mehrfachbelegungen keine Eiquantitätsuntersuchungen durchgeführt und infolge dessen auch keine Erblichkeitswerte der Merkmale geschätzt.

Tabelle 3.2: Überblick über die untersuchten Eiquantitätsmerkmale einer jeden Herde mit Angabe der Herkunft der Tiere, Alter der Tiere bei Erfassung der Daten und der Anzahl an Versuchstagen (EG=Eigewicht, BF=Bruchfestigkeit, SD=Schalendicke, FoI=Formindex)

Herde	Herkunft	Alter[Wochen]	N [Tage]	erfasste Eiquantitätsmerkmale
22	Lohmann Brown	33/34	10	EG
		38/39	11	EG, BF, FoI
23	Lohmann Brown	26/27	10	EG
		36/37	10	EG, SD
		39/40	10	EG
24	Lohmann Brown	25/26	10	EG, BF, SD, FoI
		35/36	10	EG, BF, SD, FoI
25	Lohmann Brown	32/33	10	EG, BF, SD, FoI
		40/41	10	EG, BF, SD, FoI
26	Lohmann Brown	28/29	10	EG, BF, SD, FoI
		40/41	10	EG, BF

Das Alter der Hennen bei der ersten Merkmalerfassung variierte zwischen 25 Wochen (Herde 24) und 33 Wochen (Herde 22). Bei der zweiten Merkmalerfassung waren die Tiere zwischen 35 Wochen (Herde 24) und 40 Wochen (Herde 25) alt. Bei den Weißlegern entfiel die Erfassung der Eiquantitätsmerkmale, da diese Tiere nur zu Kontrollzwecken eingesetzt worden waren.

Eigewicht

Die einzelnen Eigewichte wurden mithilfe der digitalen Präzisionswaage Kern 440/35N der Firma Kern & Sohn GmbH erfasst, die direkt an einen PC angeschlossen war. Die Gewichte in Gramm wurden automatisch in eine Tabelle eingelesen. Eier, die beschädigt waren und Eiinhalt verloren hatten oder ganz gebrochen waren, wurden nicht gewogen. Windeier, Eier ohne Kalkschale, wurden gänzlich von den Eiquantitätsuntersuchungen ausgeschlossen.

Schalenstabilität

Die Schalenstabilität wurde anhand der Bruchfestigkeit durch das elektronische Bruchfestigkeitsmessgerät BMG 1.2 mc/D der Firma Messgerätebau Gutsch bestimmt. Dieses Gerät ermittelt die Kraft, die nötig ist, um die Eischale zu brechen. Diese Bruchkraft wird in Newton (N) ausgegeben. Es handelt sich hierbei um ein zerstörendes Verfahren. Da die Eischale hierbei beschädigt wird, kann jedes Ei nur einmal gemessen werden. Alle Messungen erfolgten am aufrechten Ei mit spitzem Polende nach oben. Dieses Bruchfestigkeitsmessgerät ermöglicht eine automatisierte Messung der Bruchfestigkeit. Mögliche Veränderungen der Messergebnisse durch äußere Einflüsse wie z. B. dem Bedienpersonal können nahezu ausgeschlossen werden. Jedes Versuchsei wurde visuell auf Risse und Beschädigungen untersucht und gegebenenfalls von der Untersuchung ausgeschlossen.

Schalendicke

Die Schalendicke wurde mit einer Mikrometerschraube der Firma Horex gemessen. Eihalt und Eihaut wurden hierfür von der Schale entfernt. Für die Messung wurden pro Ei zwei Schalenbruchstücke auf Höhe des Eiäquators verwendet (in Anlehnung an LEYENDECKER ET AL. (2002) und ICKEN ET AL. (2006b)) und mit der Mikrometerschraube deren Stärke in Millimetern (mm) gemessen. Aus beiden Schalendickewerten wurde der Mittelwert berechnet, der für die Auswertung verwendet wurde. Windeier wurden von den Untersuchungen ausgeschlossen. Die Verwendung zweier Schalenbruchstücke zur Ermittlung der Schalendicke erwies sich in einem Vorversuch als ausreichend. Hierfür wurden von 50 Eiern jeweils vier Schalenbruchstücke aus der Eiäquatorialgegend genommen. Die Korrelation des Mittelwertes aus vier Schalenbruchstücken und zufällig gewählten zwei Bruchstückwerten lag bei 99,9 % (siehe Kapitel A).

Eiform

Für die Erfassung der Eiform wurde eine kommerzielle digitale Schieblehre der Marke Mitutoyo verwendet. Hiermit wurden die Länge (L) und Breite (B) des Eies bestimmt, die wiederum über eine Schnittstelle in ein Tabellendokument automatisch übermittelt wurden. Anschließend wurde aus Länge und Breite der Formindex $FOI = B \frac{100}{L}$ berechnet. Eier, deren äußere Form beeinträchtigt war, wurden nicht berücksichtigt. Die Datenübertragung von der Schieblehre erfolgte automatisiert mithilfe einer Software. Output war ein Textfile (.txt), das mit einem Texteditor eingelesen wurde. Manuelle Eingaben erfolgten hierbei nicht. Eingabefehler konnten somit ausgeschlossen werden.

3.4.3 Auswertungsmethodik

Datenmaterial

Alle Daten von Eigewicht, Bruchfestigkeit, Schalendicke und Eiform wurden für die Auswertung in R (R Development Core Team, 2009) aufbereitet und in eine einheitliche Form

gebracht. Hennen ohne Kükenmarke wurden dabei ausgeschlossen, da sie in der Abstammungsdatei nicht mehr zugeordnet werden konnten. Es wurden generell alle Eier in die Auswertung einbezogen, deren Eigewicht zwischen 40 und 75 g lag. Diese Schwellengewichte wurden deshalb ausgewählt, da Eier unter 40 g möglicherweise kein Eigelb haben und über 75 g oftmals über zwei Dotter verfügen. Sie zählen somit nicht zu den klassisch vermarktungsfähigen Eiern und sollten von den Eiquantitätsuntersuchungen ausgeschlossen werden (Flock et al., 2007). Ansonsten wurden bei den anderen Eiquantitätsmerkmalen keine besonderen Ausschlusskriterien festgelegt. Ausreißer wurden entfernt, wenn zum Beispiel eine Bruchfestigkeit unter 20 N Hinweise auf Risse in der Eischale anzeigte, die mit dem Auge nicht erkennbar waren. Diese Grenze wurde nach Cordts et al. (2001) gewählt, die zeigten, dass Eier mit filigranen Schalendefekten Bruchfestigkeiten unter 20 N aufwiesen.

Statistische Analysen

Nach der Aufbereitung der Rohdaten aus dem WMN mithilfe der Softwarepakete IDC und CC wurden die Outputdaten in R (R Development Core Team, 2009) eingelesen und für die weitere Verwendung vorbereitet.

Varianzkomponenten für die Eiquantitätsmerkmale (Eigewicht, Bruchfestigkeit, Schalendicke und Eiform) wurden mit genome-wide complex trait analysis (GCTA) (YANG ET AL. 2011) mittels Restricted Maximum Likelihood (REML) für jeden Tag des Eiquantitätszeitraumes separat geschätzt. Folgendes Modell wurde verwendet:

$$y_i = \mu + a_i + e_i$$

wobei y_i der Phänotyp des i -ten Tieres für ein Merkmal ist; μ ist der Intercept, a_i ist der additiv genetische Tiereffekt $\sim N(0, A\sigma_a^2)$, wobei σ_a^2 die additive genetische Varianz ist und A die Verwandtschaftsmatrix aller Hennen rekursiv aufgebaut für 5 Generationen, und e_i ist der Vektor der zufälligen Resteffekte $\sim N(0, I\sigma_e^2)$. Die Heritabilität wurde über

$$\sigma_a^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_e^2)$$

berechnet.

4 Ergebnisse

4.1 Analyse der Ei-Hennen-Zuordnung auf DNA-Basis

Insgesamt waren am 17. Februar 2011 483 Hennen eingestallt, die 414 Eier legten. Dies entspricht einer korrekten Legeleistung von 86 %. Von diesen 414 Eiern waren 35 von Kontrolltieren; somit stammten 379 Eier von LB-Hennen. Bei einer Gesamtanzahl von 458 LB-Hennen entspricht dies einer korrekten LB-Legeleistung von 83 %. Ausgehend von 379 LB-Eiern gingen drei Stück aufgrund eines Handling-Fehlers während der Eiabnahme zu Bruch. Von den verbleibenden 376 braunen Eiern waren 15 Eier unbefruchtet. Dies entspricht einer Befruchtungsrate von 97 %. Weitere 20 Embryonen starben während der ersten vier Tage ab und sechs Embryonen trockneten aufgrund einer kaputten Eischale von Knick- und Brucheiern aus. Aus 379 Eiern konnten 335 DNA-Proben gewonnen werden, was einer Probenausbeute von 88 % entspricht. Bei der Genotypisierung konnten von 335 Proben 310 Proben untersucht werden (92,5 %). Von der Gesamtzahl an gelegten Eiern der Haupthennengruppe des 17. Februar 2011 wurden durch Genotypisierung 82 % auf die richtige hennenspezifische Eizuordnung überprüft.

4.1.1 Verteilung der SNPs über die Chromosomen

Die ausgewählten SNPs befanden sich ausschließlich auf den Chromosomen 1, 2, 3, 4, 5, 6, 8, 13, 15, 18 und 26. Auf den anderen Chromosomen lagen keine der ausgewählten SNPs. Auch innerhalb der Chromosomen war die Verteilung der SNPs nicht breit verteilt, sondern partiell gehäuft (Abbildung 4.1).

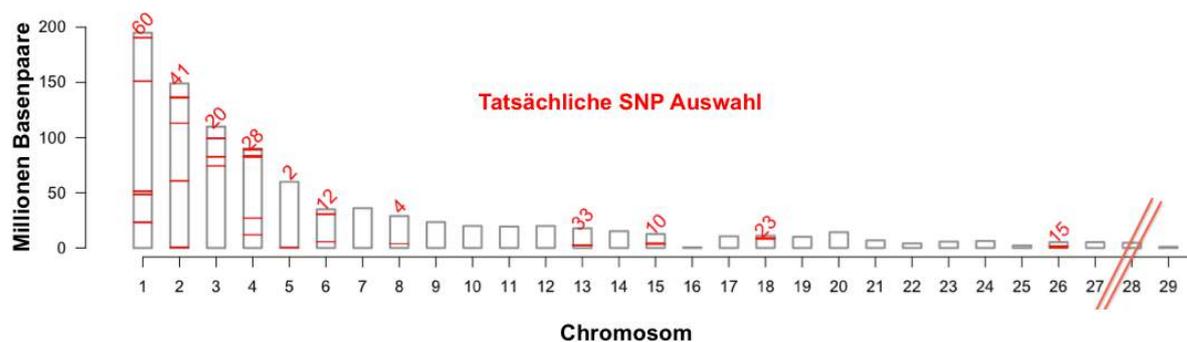


Abbildung 4.1: Verteilung der SNPs zur Genotypisierung auf dem Hühnergenom.

4.1.2 Qualitätskontrolle von DNA-Proben und SNPs

Genotypisierungsrate der Proben

Bei den DNA-Proben aus dem Blut der Hennen und den Embryonen wurde als Schwellenwert eine call-rate (Typisierungsrate) von 90 % festgesetzt. Insgesamt wiesen 18 Proben eine Typisierungsrate < 90 % auf. Die Tiere, deren Genotypen von der Zuordnungsauswertung

4 Ergebnisse

ausgeschlossen wurden, sind in Tabelle 4.1 aufgelistet. Bei der DNA-Probe einer Henne (ID 100) wurde kein einziger SNP typisiert (gecallt). Dies deutet auf eine mangelhafte DNA-Qualität hin. Bei den anderen 17 ausgeschlossenen Proben, die von 3 Hennen und 14 Embryonen stammten, konnten zwischen 14 % und 45 % der SNPs nicht abgerufen werden. Von ursprünglich 458 genotypisierten Hennen-DNAs blieben somit 454 im Datensatz für die Zuordnungsauswertung erhalten. Von den 335 genotypisierten Embryonen-DNAs blieben 321 bestehen.

Tabelle 4.1: Aufgrund zu geringer Genotypisierungsrate von der Auswertung ausgeschlossene DNA-Proben

Lab-ID der DNA-Probe	nicht gecallte SNPs [N]	genotypisierte SNPs [N]	Frequenz der nicht gecallten SNPs [%]
100	248	248	1
109	79	248	31
110	77	248	31
437	43	248	17
916	60	248	24
917	36	248	14
920	41	248	16
921	41	248	16
922	57	248	23
923	39	248	15
924	37	248	15
925	58	248	23
926	71	248	28
927	50	248	20
929	112	248	45
930	50	248	20
931	40	248	16
932	101	248	40

Genotypisierungsrate der SNPs

Dementsprechend wurde auch für die SNPs als Untergrenze eine call-rate von 90 % festgelegt. Die Ergebnisse der Genotypisierung zeigten bei jedem SNP eine call-rate > 94,2 %. Keiner der SNPs wurde aufgrund dieses Schwellenwertes von weiteren Analysen ausgeschlossen.

Ausschluss aufgrund fehlender Heterozygotie

Bei elf SNPs waren heterozygote Tiere und Embryonen deutlich unterrepräsentiert (siehe Abbildung 4.2). Aufgrund der unplausiblen Genotypenverteilung wurden diese elf SNPs ausgeschlossen. Die ausgeschlossenen SNPs sind in Tabelle 4.2 aufgelistet.

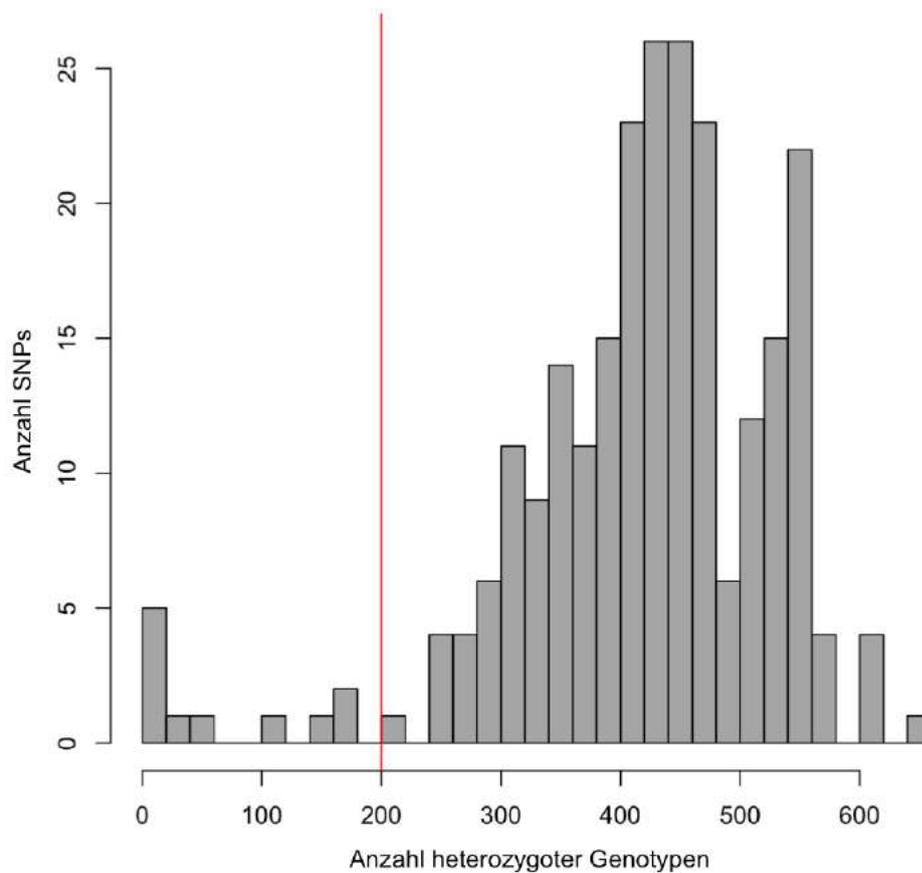


Abbildung 4.2: Verteilung der Anzahl heterozygoter Genotypen pro SNP. Auf der Ordinate ist die Anzahl an SNPs aufgetragen, auf der Abszisse die Anzahl heterozygoter Genotypen. Die Grenze von 200 heterozygoten Genotypen wurde willkürlich gewählt (rot hinterlegter Bereich). Eine niedrigere Anzahl heterozygoter Genotypen war für hochpolymorphe SNPs nicht plausibel. SNPs, die weniger als 200 heterozygote DNA-Proben bewirkten, wurden von der Auswertung ausgeschlossen.

Tabelle 4.2: Aufgrund zu weniger heterozygoter Genotypen von der Auswertung ausgeschlossene SNPs

SNP	homozygot	heterozygot	alternativ homozygot	Frequenz der Homozygotie
chr1_1142042	181	0	594	0,7467
chr1_2017220	251	0	517	0,7000
chr1_2017655	47	180	544	0,6589
chr2_2790426	170	146	457	0,7441
chr2_3078527	190	43	524	0,6672
chr2_3212662	235	38	497	0,6673
chr3_rs14375838	293	0	477	0,6816
chr3_3925866	245	0	527	0,7055
chr4_4586265	202	163	408	0,6805
chr13_373488	188	11	573	0,7379
chr26_2322058	188	120	465	0,7237

Ausschluss aufgrund der MAF

Es wurde kein SNP aufgrund der Minimumallelfrequenz (MAF) von der Zuordnungsauswertung ausgeschlossen, da für alle Allele eine MAF von $>0,18$ festgestellt werden konnte (siehe Abbildung 4.3).

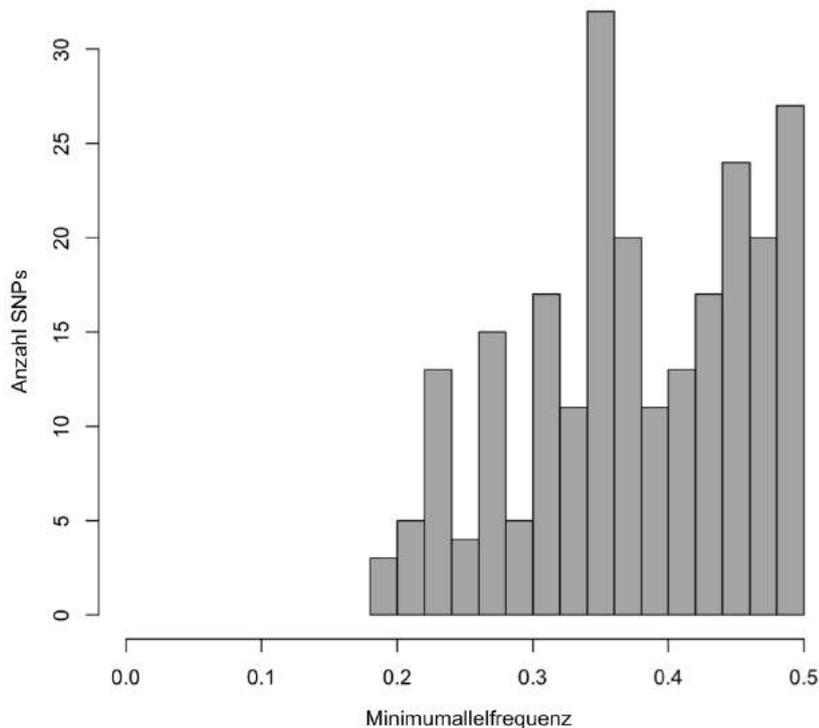


Abbildung 4.3: Übersicht über die Minimumallelfrequenz der SNPs

SNPs mit überproportional vielen Mendel-Fehlern

Bei bestimmten SNPs trat eine erhöhte Anzahl an Mendel-Fehlern auf (Abbildung 4.4). Acht SNPs mit übermäßig vielen Mendel-Fehlern wurden ausgeschlossen (Tabelle 4.3).

Tabelle 4.3: Aufgrund überproportional vieler Mendel-Fehler von der Auswertung ausgeschlossene SNPs

SNP	Anzahl Mendel-Fehler
chr1_1141823	30
chr1_1141842	31
chr1_1780986	86
chr4_4538949	22
chr6_5033291	66
chr6_5207477	43
chr13_371493	22
chr13_373475	58

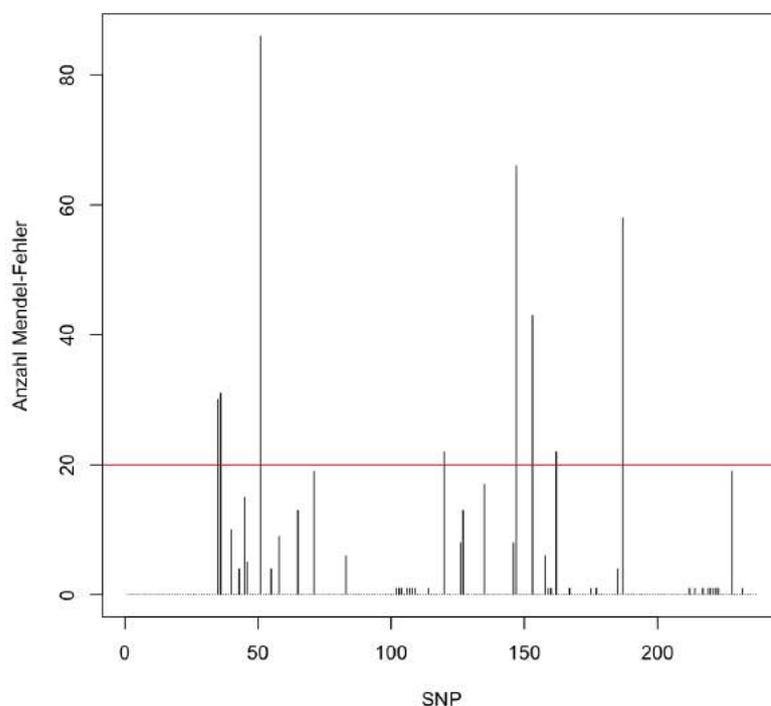


Abbildung 4.4: Anzahl aufgetretener Mendel-Fehler pro SNP. Acht SNPs wiesen bei manchen Embryo-Henne-Kombinationen über 20 Mendel-Fehler auf. Sie wurden von der weiteren Auswertung ausgeschlossen.

4.1.3 Abstammungsüberprüfung

Ein Mendel-Fehler beschreibt definitionsgemäß ein Allel eines Individuums, welches es auf Basis der Mendelschen Vererbungsregeln weder vom Vater noch von der Mutter erhalten haben kann. Für jede potentiell mögliche Ei-Hennen-Kombination wurde die Anzahl an Mendel-Fehlern ausgegeben. Abbildung 4.5 zeigt den oberen Teil der Matrix. Der finale Datensatz enthielt 454 Hennen und 321 Embryonen, deren Genotypen an 229 SNPs verglichen wurden.

Der Embryo mit Lab-ID 1000 zeigt in Kombination mit Henne 111 null Mendel-Fehler. Eine Mutterschaft wäre somit plausibel (grüne Umrahmung). Eine Mutterschaft der Henne mit Lab-ID 105 kann jedoch aufgrund von 30 Mendel-Fehlern mit Embryo 1000 nahezu ausgeschlossen werden (vgl. Abbildung 4.5, blaue Umrahmung).

Eine eindeutige Zuordnung von Ei zu Henne war nicht möglich, da für ein Ei mehrere Ei-Hennen-Kombinationen ohne Mendel-Fehler aufgezeigt wurden. Es konnte allerdings die Plausibilität einer Zuordnung überprüft werden.

4 Ergebnisse

	10	103	104	105	106	107	108	111	113	114	115	116	117	118	12	120	121	122	123	124
1000	9	24	25	30	27	19	23	0	24	8	30	23	20	16	13	33	23	22	9	7
1001	15	18	8	13	11	19	6	15	8	9	15	21	16	15	14	19	14	12	24	12
1002	24	21	10	9	10	15	6	19	5	10	9	14	3	5	12	7	24	11	26	18
1003	1	19	22	22	14	36	22	12	12	15	26	20	14	21	17	28	12	16	28	9
1004	12	14	13	16	16	15	11	10	10	5	15	18	15	7	9	19	12	12	14	5
1005	16	20	22	22	16	22	20	15	18	10	18	25	16	15	17	22	24	22	16	14
1006	14	23	20	18	21	24	14	13	21	13	17	8	9	4	9	21	23	19	18	9
1008	17	8	13	18	17	23	11	11	15	10	8	28	8	18	25	10	29	20	16	7
1009	22	20	11	12	10	16	11	9	10	14	16	14	8	10	10	4	23	11	22	12
1010	16	7	4	10	8	20	13	15	9	4	10	19	15	16	19	13	14	5	21	5
1011	6	14	24	31	16	17	16	11	16	3	19	24	18	28	26	28	16	15	20	10
1012	19	10	11	15	13	22	10	23	11	13	13	21	13	18	24	17	12	17	25	4
1014	18	25	18	22	19	28	27	15	18	6	31	16	16	11	13	23	30	15	21	17
1015	9	17	24	29	21	21	16	16	20	14	18	29	12	20	25	18	20	27	13	8
1017	28	20	11	13	12	28	18	23	15	15	17	16	13	18	18	11	28	17	32	21
1018	16	9	17	21	21	23	11	19	14	6	11	20	15	17	27	8	22	15	23	8
1019	28	27	19	30	22	33	30	20	24	7	26	30	6	19	18	22	43	30	24	23
1020	14	11	19	24	17	22	29	9	17	11	28	17	20	25	21	30	12	9	26	7
1021	18	24	19	19	24	29	14	13	20	7	19	15	16	8	18	14	25	17	24	6
1022	19	21	8	15	10	19	9	16	11	3	18	21	13	8	8	19	23	13	20	20

Abbildung 4.5: Oberer Teil der Mendel-Fehler-Matrix mit jeweils 20 Embryonen (Lab-IDs nach unten) und Hennen (Lab-IDs nach rechts) sowie der Anzahl an Mendel-Fehlern in den jeweiligen Embryo-Henne-Kombinationen

Abbildung 4.6 zeigt die Verteilung der Mendel-Fehler, spezifisch der Ei-Hennen-Kombination, die durch das Weihestephaner Muldennest erfasst worden waren. Die hennenspezifische Eizuordnung von 283 Embryonen konnte über null bzw. einen Mendel-Fehler plausibilisiert werden. Hierbei zeigten:

- 175 Ei-Hennen-Kombinationen null Mendel-Fehler,
- 108 Ei-Hennen-Kombinationen einen Mendel-Fehler,
- 24 Ei-Hennen-Kombinationen zwei Mendel-Fehler,
- 2 Ei-Hennen-Kombinationen drei Mendel-Fehler,
- 1 Ei-Hennen-Kombination 20 Mendel-Fehler.

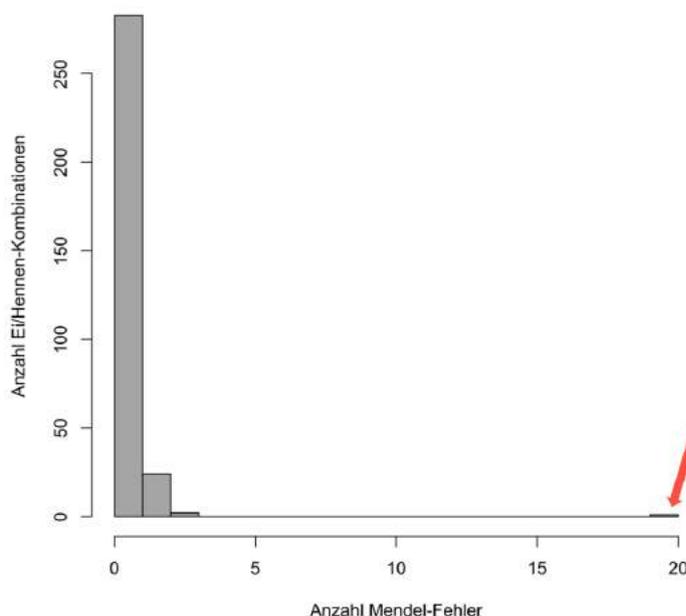


Abbildung 4.6: Verteilung der Mendel-Fehler der Ei-Hennen-Zuordnungen in der Eierstichprobe

Dreizehn Embryonen stammten laut Weihenstephaner Muldennest von Hennen ab, zu denen sie zwei oder drei alternativ homozygote Allele zeigten, obwohl es durchaus andere Hennen gab, zu denen sie null Mendel-Fehler aufzeigten. HAYES (2011) benennt Genotypisierungsfehler als Ursache hierfür.

4.1.4 Plausibilisierung der hennenspezifischen Eizuordnung

Es wurde die Anzahl der Mendel-Fehler aller Embryo-Hennen-Kombinationen mit Ausnahme der spezifischen Kombinationen des Weihenstephaner Muldennestes aufgetragen. Die Verteilung zeigt einen parabelförmigen Verlauf, der zu der höheren Mendel-Fehler-Anzahl hin ausläuft (Abbildung 4.7). Um eine Plausibilisierung der hennenspezifischen Eizuordnung durchführen zu können, wurde eine Plausibilitätsgrenze von 5 % gewählt. Entsprechend wurde davon ausgegangen, dass Hühner, die sechs oder mehr Mendel-Fehler zu einem Embryo aufwiesen, von der Zuordnung ausgeschlossen werden konnten. Die Abstammung eines Embryos zu einer Henne mit fünf oder weniger Mendel-Fehlern wurde als plausibel angesehen.

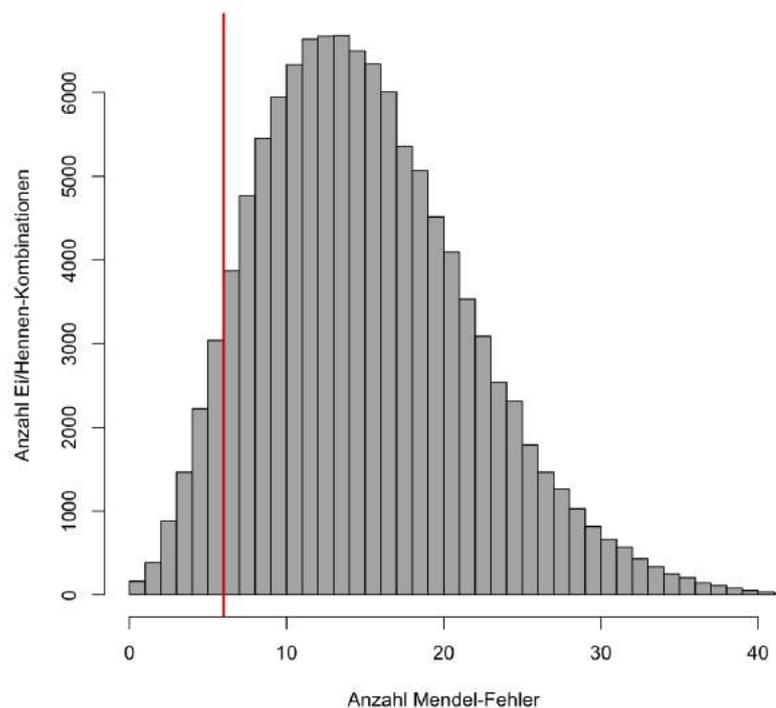


Abbildung 4.7: Anzahl Mendel-Fehler aller Embryo-Hennen-Kombinationen mit Ausnahme der spezifischen Kombinationen des Weihenstephaner Muldennestes. Grenze der Abstammungsplausibilität bei sechs Mendel-Fehlern.

Mit einer Ausnahme waren alle durch das Weihenstephaner Muldennest etablierten Ei-Hennen-Zuordnungen plausibel. Die Zuordnung von 309 Eiern zu ihren Hennen konnte durch die Genotypisierung bestätigt werden. Eine Ausnahme bildete die in Abbildung 4.6 erkennbare Ei-Hennen-Kombination mit 20 Mendel-Fehlern. Diese Zuordnung, die durch das

4 Ergebnisse

Transponder-gestütztes System etabliert wurde, wird durch die Genotypisierungsdaten nicht bestätigt. Hierbei handelt es sich um das Ei mit der EiID 1102170430 von der Henne mit dem Transponder B2E4AE (Abbildung 4.8).

Der Datensatz zeigt für den Nestbesuch der Henne B2E4AE keine Auffälligkeiten. Die Erkennungsgenauigkeit lag bei 100 %; es wurden keine Fehler-Indices vermerkt. Die manuelle Prüfung des Datensatzes für diese Henne ergab, dass sie an diesem Tag kein anderes Ei gelegt und an 132 Beobachtungstagen 84 Eier gelegt hatte. Dies entspricht unter Berücksichtigung ausschließlich der Nesteier einer Legeleistung von 63,6 %. Das darauf folgende Ei mit EiID 1102170431 wurde mit einem Fehler-Index 1 versehen. Die Zuordnungsgenauigkeit war auf 99 % reduziert. Aufgrund welcher Kriterien dieser Index vergeben wurde, war zum Zeitpunkt der Auswertungen nicht bekannt. Die korrekte Zuordnung dieses Eies zur Henne wurde durch die Genotypisierung nicht bestätigt. Ob Henne B2E4AE dieses Ei tatsächlich gelegt hat, kann somit nicht eindeutig geklärt werden. Die Zuordnung auf Grundlage der Transponder-gestützten Daten zeigte ein sicher zugeordnetes Ei, was aber über die Genotypisierung nicht unterstützt werden konnte.

Zusammenfassend kann festgehalten werden, dass aufgrund der hohen Verwandtschaftsbeziehung zwischen den Tieren die Transponder-gestützten Daten zusätzlich mit verwendet wurden, um die spezifischen Zuordnungen dieser Eier zu prüfen. Andernfalls wären für manche Eier mehrere Hennen plausibel gewesen. Weiterhin war es durch die Genotypisierung möglich, bestimmte Ei-Hennen-Zuordnungen auszuschließen und so andere Zuordnungen als wahrscheinlich zu betrachten. Insgesamt konnten 309 von 310 Ei-Hennen-Zuordnungen des Weihenstephaner Muldenestes plausibilisiert werden. Dies entspricht einer Zuordnungsgenauigkeit von 99,7 %.

```

ID;Datum;TransponderID;Ort;Beginn;Ende;Aufenthaltsdauer;EiSignal;Legezeitpunkt;EiID;Eierkennung;DKNS;Doppelbelegung;BesuchsID;ehemRFID;FehlerIndex1;FehlerIndex2;FehlerIndex3
96151;17.02.2011;8000F58289B2E4AE;Neg;03;24;41;03;31;47;00;07;06;1;03;24;44;1102170430;100;0;0;0; ;0;0;0
96152;17.02.2011;8000F58289B2E6FE;Neg;04;33;29;04;45;00;00;11;31;1;04;42;33;1102170431;99;0;0;0; ;1;0;0
96153;17.02.2011;8000F58289B25575;Neg;04;47;04;04;47;35;00;00;31;0;00;00;00;0;100;0;0;0; ;0;0;0
96154;17.02.2011;8000F58289B25575;Neg;04;49;06;04;50;09;00;01;03;0;00;00;00;0;100;0;0;0; ;0;0;0
96155;17.02.2011;8000F58289B25575;Neg;04;51;22;04;59;42;00;08;20;1;04;56;35;1102170432;100;0;0;0; ;0;0;0
96156;17.02.2011;8000F58289B2D1E1;Neg;05;02;40;05;20;14;00;17;34;1;05;10;52;1102170433;100;0;0;0; ;0;0;0
96157;17.02.2011;8000F58289B272F7;Neg;05;21;35;06;00;14;00;38;39;1;05;36;04;1102170434;99;0;0;0; ;1;0;0
96158;17.02.2011;8000F58289B260C4;Neg;06;09;52;06;20;21;00;10;29;1;06;19;39;1102170435;100;0;0;0; ;0;0;0
96159;17.02.2011;8000F58289B25D00;Neg;06;35;23;07;05;34;00;30;11;1;06;57;14;1102170436;100;0;0;0; ;0;0;0
96160;17.02.2011;8000F58289B25D00;Neg;07;59;37;08;09;07;08;09;30;1;08;07;38;1102170437;100;0;0;0; ;0;0;0

```

Abbildung 4.8: Die Zuordnung des Eies mit der EiID 1102170430 zu Henne mit TP B2E4AE wurde durch die Genotypisierung nicht unterstützt.

4.2 Überprüfung der hennenspezifischen Eizuordnung auf Datenbasis

4.2.1 Zuordnungsgenauigkeit des Systems

Bis zum Projektstart 2010 wurde die Genauigkeit der Ei-Hennen-Zuordnung ausschließlich manuell durchgeführt, indem sowohl Nest als auch Position jedes notierten Kontrolleies im Datenblatt mit dem Datensatz verglichen wurden. War an entsprechender Stelle im Datensatz eine Kontrollhenne registriert, galt das Ei als richtig zugeordnet. Die Abstammung der Henne konnte über die Herdenliste nachvollzogen werden. Hierbei wurde überprüft, ob die registrierte Henne zusätzlich für ein anderes Ei registriert worden war. Unstimmigkeiten wurden in Fehlerkategorien eingeteilt, die in dieser Arbeit übernommen wurden. Die Überprüfung der Ei-Hennen-Zuordnungsgenauigkeit wurde für die jeweiligen Eiqualitätszeiträume durchgeführt. Die Anzahl der kontrollierten Eier war aufgrund des erheblichen Zeitaufwandes für die Überprüfung mit Hilfe der rein manuellen Methodik begrenzt. Um in den verschiedenen Herden möglichst alle Kontrolleier überprüfen zu können, wurde eine halbautomatische Überprüfungsmethodik entwickelt.

Vergleich der Zuordnungsgenauigkeiten

Bei jeder Herde wurde der Zeitraum zwischen dem Tag der Schließung der Fanggabeln und dem Umstallen der Herde in das Gruppennest ausgewertet. Die Anzahl der Eier der Kontrolltiere variierte entsprechend der Anzahl eingestallter Kontrollhennen und der Anzahl der Nestleger. In Herde 24 betrug der Anteil der Kontrolltiere ca. 50 % der eingestellten Tiere, sodass hierdurch die vergleichbar hohe Anzahl an Kontrolleiern erklärt werden kann (vgl. Tabelle 4.4). Insgesamt wurden 54.107 Eier der neun Herden auf Übereinstimmung des Nestes und der Position zwischen Datensatz und Datenblatt kontrolliert.

Die Zuordnungsgenauigkeiten variierten bei den verschiedenen Herden (vor der Bestandsreduzierung) zwischen 89 % (Herde 21) und 97 % (Herde 25). Bei sechs Herden lag die Zuordnungsgenauigkeit unter 95 %, bei drei Herden über 95 % (vgl. Tabelle 4.4).

Einfluss der Bestandsreduzierung auf Mehrfachbelegungen, verlegte Eier und Zuordnungsgenauigkeit

Zu Beginn der Einstellungszeit wurden bei mehreren Herden Mehrfachbelegungen von Einzelnestern festgestellt. Auffällig ist die extrem hohe Mehrfachbelegungsrate der Herde 27. Die Haupthennengruppe bestand bei dieser Herde, entgegen den anderen Herden, aus Lohmann-Selected-Leghorn-Tieren. Diese zeigten bereits bei Herde 24 eine erhöhte Rate an Mehrfachbelegungen. Aus diesem Grund sowie vergleichbaren Erfahrungen von ICKEN (2009) wurden bei den Herden 19, 21, 22, 23, 24 und 27 sechs bis 14 Wochen nach dem Einstellen Bestandsreduzierungen durchgeführt.

Die Mehrfachbelegungsrate konnte dadurch um bis zu 7 % reduziert werden (vgl. Tabelle 4.4). Die Angaben zu den Mehrfachbelegungsraten basieren alle auf den von der Software erkannten Mehrfachbelegungen. Sobald zwei oder mehr Hennen innerhalb von 45 Minuten

abwechselnd im gleichen Nest identifiziert wurden, wurde von der Software eine Mehrfachbelegung registriert. Die Ergebnisse zu den Angaben der Mehrfachbelegungen wurden in der vorliegenden Arbeit nicht videobasiert überprüft. Nähere Erläuterungen hierzu geben ICKEN (2009) und LASSNER (2009).

Die Reduzierung des Tierbestandes beeinflusste ebenfalls die Bodeneier. So wurden z. B. bei Herde 19 die Bodeneier um über 1 % reduziert, bei Herde 24 sogar um 7 %. Alle Herden, ausgenommen Herde 22, 26 und 27, wiesen eine sehr gute Nestgängigkeit auf. Durch eine Reduzierung der Besatzdichte und eine darauf folgende Reduzierung der Mehrfachbelegungen konnte die Zuordnungsgenauigkeit im Mittel um 4 % verbessert werden. Während sich die Verbesserung der Zuordnungsgenauigkeit bei Herde 22 von 92 % auf 94 % um 2 Prozentpunkte erhöhte, konnte bei Herde 21 sogar ein Anstieg um 6 % beobachtet werden (vgl. Tabelle 4.4). Die Herden 19, 23 und 24 zeigten eine Verbesserung der Zuordnungsgenauigkeit um 4 %, Herde 27 um 5 %. Bei den Herden 20, 25 und 26 wurde aufgrund niedriger Mehrfachbelegungsraten keine Bestandsreduzierung durchgeführt.

Tabelle 4.4: Überblick über die getesteten Herden mit Angaben zu Mehrfachbelegungen, verlegten Eiern und Zuordnungsgenauigkeit des Systems (nach Bestandsreduzierung, DB = Doppelbelegungen)*

Herde	Versuchstage [N]	Kontroll-eier [N]	eingestellte Tiere			Nest/Hennen-Verhältnis	DB [%]	verlegte Eier [%]	Zuordnungsgenauigkeit des Systems [%]
			Haupt-hennen-gruppe	Kontroll-tiere					
				Herkunft	N				
19	215	2097	LB	280	15	1:6,1	8,6	2,3	93
				250*	11	1:5,4	<1	<1	97
20	152	4795	LB	481	36	1:7,9	7	<1	96
21	176	2107	LB	550	24	1:8,0	7	3	89
				516*	22	1:7,4	3	2	95
22	190	5180	LB	606	30	1:8,8	7	12	92
				552*	29	1:8,1	2	8	94
23	110	4087	LB	588	51	1:7,7	1	2	96
				460*	40	1:7,7	1	2	96
24	116	20980	LB	258	261	1:7,2	11	10	92
				240*	204	1:6,2	4	3	96
25	158	5738	LB/LT	460	40	1:6,9	3	<1	97
26	115	3211	LB	407	40	1:6,2	2	16	94
27	126	5912	LSL	334	143	1:6,6	20	22	90
				223*	81	1:4,2	16	7	95

THURNER & WENDL (2007) untersuchten den Einfluss der Besatzdichte auf das Auftreten und die Häufigkeit von Mehrfachbelegungen. Hierbei zeigte sich, dass bei den beiden Lohmann Silver (LS) Herden (mit LSL als Kontrolltiere) das Auftreten von Mehrfachbelegungen bei Bestandsreduzierung deutlich reduziert und die Erfassung der Legeleistung wieder als sicher eingestuft werden konnte. Bei einer LSL Herde jedoch (mit LS Kontrollhennen) konnte zwar durch die Bestandsreduzierung die Rate der Mehrfachbelegungen erheblich verringert werden, allerdings verblieb die Rate auf einem Niveau, das eine sichere Erfassung

der Legeleistung nicht gewährleistet. Ebenso können linienspezifische Unterschiede beim Auftreten von Mehrfachbelegungen erkennbar werden (THURNER ET AL. 2005b; THURNER & WENDL 2007). Auch bei Herden innerhalb einer Linie und bei ungefähr gleichem Nest-Hennen-Verhältnis kann es also zu unterschiedlichen Entwicklungen von Mehrfachbelegungsraten kommen. Die Ergebnisse von THURNER & WENDL (2007) decken sich mit den Ergebnissen dieser Arbeit und denen von ICKEN ET AL. (2013). Bei allen Herden, in denen eine Bestandsreduzierung durchgeführt worden war, konnte danach ein Rückgang der Mehrfachbelegungsrate beobachtet werden. Tabelle 4.4 zeigt weiterhin, dass mit der Reduzierung der Besatzdichte und der einhergehenden Verminderung der Doppelbelegungsrate gleichzeitig die Zuordnungsgenauigkeit des Systems anstieg. Die bei THURNER & WENDL (2007) sowie ICKEN (2009) diskutierte Doppelabkippvorrichtung erhöhte die Erkennung von Mehrbelegungen enorm und verbesserte hierdurch die Zuordnungsgenauigkeit. Hierbei senkt sich der Muldenboden bei Überschreiten eines definierten Gewichtes ($\hat{=}$ maximales Gewicht einer eingestellten Henne) ein weiteres Mal ab; in den Daten wird eine Mehrfachbelegung registriert. Die erhöhte Mehrfachbelegungsrate bei Herde 24 (11 %) vor Bestandsreduzierung konnte durch die Präferenz der LSL-Hennen, zu mehreren im Nest zu sitzen, erklärt werden und deckt sich mit den Ergebnissen der Herde 16 bei THURNER ET AL. (2005b). Die Tiere schaffen es, den Vereinzelmehrfachbelegungsmechanismus zu überlisten, indem sie direkt hintereinander das Nest betreten.

Die Fanggabeln fallen hinter der vorderen Henne nicht in die Ausgangsposition zurück, um das Nest zu arretieren und für die nachfolgende Henne zu sperren, sondern die zweite Henne marschiert zusammen mit der ersten Henne in dasselbe Nest (Abbildung A.13). Eine weitere Möglichkeit, den Schließmechanismus außer Kraft zu setzen, gelingt den Hennen mit Hilfe ihres schmalen Kopfes. Dieser passt in die Fanggabel-Zwischenräume. Beim Zurückweichen des Tieres bleibt ein Fanggabelstab auf dem Rücken der Henne liegen und wird nach außen aufgezogen. Die entstehende Lücke nutzt die Henne, um weitere Stäbe nach außen aufzudrücken und das Nest daraufhin zu betreten (siehe Abbildung 4.9). Aufgrund der schmalen Körperform ist es den Tieren relativ leicht möglich, das Nest auch bei Besatz zu betreten. Auch bei Herde 27, die hauptsächlich aus LSL-Hennen bestand, aber für die Positionskontrolle (braun/weiß) mit 26 % einen verhältnismäßig hohen Anteil an Braunlegern enthielt, zeigte sich eine erhöhte Mehrfachbelegungsrate. Mit mehrfachen Umstellungsmaßnahmen und Bestandsreduzierungen konnte die anfängliche Mehrfachbelegungsrate von 20 % auf noch 16 % gesenkt werden. Diese war aber bei einem Nest-Hennen-Verhältnis von 1:4 viel zu hoch, um die Zuordnungssicherheit des Systems zu gewährleisten. Die Abbildung 4.9 zeigt typische Doppel- und Mehrfachbelegungssituationen.

Bei den abgebildeten Konstellationen ist nicht gewährleistet, dass jedes Ei nach dem Legen sofort abrollt und registriert wird. Die Zuordnung zur richtigen Henne erfolgt in diesen Fällen nicht. Werden Eier an Randbereichen des Nestes abgelegt oder blockieren mehrere Eier beim Abrollen den Nestausgang, werden sie nicht von der Eiwippe registriert und keiner Henne zugeordnet. Derartig gelagerte Eier (Abbildung 4.10) werden möglicherweise überhaupt nicht über die Eiwippe registriert und der Henne wird ein Ei unterschlagen.

In der vorliegenden Studie wurde die Erkennungsgenauigkeit der Mehrfachbelegungen nicht mehr videobasiert überprüft. Betrug sie nach Icken (2009d) ohne Doppelkippvorrichtung ca. 50 %, sollte sie nach Installation der Doppelkippvorrichtung in jedem Fall über 50 %



Abbildung 4.9: Mehrfachbelegungen führen zur Überbelegung der Einzellegenester und verhindern eine exakte Datenaufnahme.

liegen. Videoaufzeichnungen oder Direktbeobachtungen könnten hierüber genauer Aufschluss geben.

Ein Ei aus einer Doppelbelegung oder Mehrfachzuordnung, dessen Zuordnung zur Henne von der Software *Chicken Checker* basierend auf den Plausibilitätsabfragen entfernt wurde, wurde nicht automatisch einer Fehlerkategorie zugeordnet und als „Problemei“ bezeichnet. Bei Eiern aus Doppelbelegungen/Mehrfachbelegungen wurde in der manuellen Zuordnung zunächst überprüft, ob der zugeordnete (und durch den CC entfernte) Transponder stimmt. Einerseits wurde kontrolliert, ob die Hennenlinie zum Transponder passt. Andererseits wurde getestet, ob die beteiligten Hennen an diesem Tag in einem anderen Nest bereits für ein Ei registriert worden waren. Im Optimalfall hatte eine Henne in einem anderen Nest ein Ei gelegt und konnte hier ausgeschlossen werden und die zugeordnete Henne wurde an diesem Tag in keinem anderen Nest zu einem Ei registriert. Dann galt das Ei als „von dem System richtig zugeordnet“ und es wurde nicht zu den Problemeiern gezählt. Andernfalls handelte es sich um ein Problemei. Es wurde im Nachgang versucht, Problemeier manuell zuzuordnen.

Einteilung der Problemeier in Fehlerkategorien

In allen beobachteten Herden wurden an den Versuchstagen, welche entsprechend Tabelle 4.5 zwischen 10 und 203 Tagen variierten, zwischen 68 und 1.096 Problemeier registriert. Dies entsprach einem Anteil von 3 % bis 11 % aller überprüfter Eier. Die Verteilung der Problemeier über die zugehörigen Fehlerkategorien bei der Zuordnungsgenauigkeit vor der manuellen Zuordnung ist in Tabelle 4.5 dargestellt. Die erhöhte Anzahl an Kontrolleiern bei Herde 24 basiert auf dem erhöhten Anteil der Kontrolltiere (LSL) in der Herde.

Im Zeitraum vor der Bestandsreduzierung waren die ID-Fehler (bei Herde 19, 21 und 22) und die Doppelbelegungen (bei Herde 24 und 27) die häufigsten Fehlerkategorien. Bei Herde 23 stellten die Herdeneier die häufigste Fehlerkategorie dar. Im Zeitraum nach der Bestandsreduzierung waren die Herdeneier (bei Herde 22, 23 und 24) die vorherrschende Fehlerkategorie. Bei den Herden, in denen keine Bestandsreduzierung nötig war, waren bei Herde 20 die Doppelbelegungen, bei Herde 25 die ID-Fehler und bei Herde 26 die Herdeneier die bedeutendsten Fehlerkategorien. Die häufigste Fehlerkategorie bei den Herden 22, 23 und 26 bildeten die Herdeneier.



Abbildung 4.10: Werden Eier durch Mehrfachbelegungen am Abrollen aus dem Nest gehindert, werden sie nicht durch die Eiwiippe registriert und eine Ei-Hennen-Zuordnung unterbleibt.

Bei Herde 24 kann der Anteil von 4 % Problemeier aufgrund von Doppel- und Mehrfachbelegungen durch den erhöhten Anteil an LSL-Tieren erklärt werden. Die höhere Wahrscheinlichkeit einer LB/LB- oder LSL/LSL-Kombination verringerte die Zuordnungswahrscheinlichkeit. Eine manuelle Zuordnung aufgrund der Hennenlinie war deshalb nur eingeschränkt möglich. Die Überprüfung der Zuordnung erfolgte dann ausschließlich über die Kontrolle eines bereits gelegten Eies an dem bestimmten Tag.

Der Anteil der ID-Fehler reduzierte sich mit einer Ausnahme (Herde 23) bei allen Herden nach der Bestandsreduzierung. Ähnliches konnte bei den Doppelbelegungen beobachtet werden (Ausnahme: Herde 21). Auch die Mehrfachzuordnungen nahmen nach Bestandsreduzierung bis auf eine Ausnahme (Herde 22) ab. Bei den Herdeneiern konnte keine Tendenz bezüglich der Bestandsreduzierung beobachtet werden.

Tabelle 4.5: Verteilung der Problemeier über die zugehörigen Fehlerkategorien bei der Zuordnungsgenauigkeit des Systems (* nach Bestandsreduzierung) (ID-F = ID-Fehler, DB = Doppelbelegung, SF = Schreibfehler, HE = Herdenei, SW-F = Software-Fehler, MZ = Mehrfachzuordnung)

Herde	Tierzahlen/ Herkunft	Versuchst- tage [N]	geprüfte Eier [N]	korrekt zugeordnete Eier [%]	Anteil Problemeier vor manueller Zuordnung [%]					
					ID-F	DB	SF	HE	SW-F	MZ
19	280 LB + 15 LSL	12	169	92,9	4,7	1,2	0,6	0	0	0,6
	250 LB + 11 LSL	203	1.928 *	96,9	0,7	0	1,6	0,3	0,4	0,1
20	481 LB + 36 LSL	152	4.795	95,5	0,9	1,3	0,9	1,1	0,1	0,2
21	550 LB + 24 LSL	28	536	88,8	3,9	0,2	1,7	3,7	1,3	0,4
	516 LB + 22 LSL	148	2.671*	95,3	2,1	0,4	1,5	0,4	0,2	0,1
22	606 LB + 30 LSL	11	304	91,5	3,6	1,0	1,3	2,0	0,6	0
	552 L + 29 LSL	179	4.876*	93,6	1,3	0,2	2,0	2,6	0,1	0,2
23	588 LB + 41 LSL	10	336	92,3	1,2	0,9	1,2	2,4	0,5	1,5
	460 LB + 40 LSL	110	4.087*	95,5	1,6	0,2	0,6	1,8	0,1	0,2
24	258 LB + 261 LSL	26	4.911	91,7	1,0	4,0	0,6	1,3	0,1	1,3
	240 LB + 204 LSL	90	16.069*	95,7	0,4	1,0	0,5	1,5	0,1	0,8
25	460 LB/LT + 40 LSL	158	5.738	96,7	1,5	0,3	0,5	0,5	0,1	0,4
26	407 LB + 40 LSL	115	3.211	96,0	1,1	0	0,1	2,2	0,2	0,4
27	334 LSL + 143 LB	21	353	90,4	2,8	3,7	0,6	0,3	0,5	1,7
	223LSL + 81 LB	105	5.559*	95,1	1,2	1,5	0,7	0,2	0,3	1,0

4.2.2 Auffälligkeiten innerhalb einzelner Fehlerkategorien und Prinzipien der manuellen Zuordnung der Problemeier

Nach der halbautomatischen und manuellen Kontrolle der Kontrolleier wurde versucht, Problemeier in einem zweiten Durchgang manuell zuzuordnen. Die detaillierte Analyse jeder Herde zeigte Auffälligkeiten auf, die entweder nur wenige Eier oder aber aufgrund stereotyper Wiederholungen eine größere Eizahl betrafen. Hier konnte ein fester Abfragealgorithmus entwickelt werden, der eine einheitliche systematische Zuordnung gewährleistete. Im Folgenden werden einzelne Auffälligkeiten beschrieben und die manuelle Zuordnungsmethodik erklärt. Im Anhang A werden Beispiele zu den einzelnen Fehlerkategorien zur Veranschaulichung näher betrachtet.

Doppel- und Mehrfachbelegungen der Nester

Eier erhielten von der Software *Chicken Checker* einen **Index 70**, wenn sie aus einer Doppel-/Mehrfachbelegung hervorgingen und weniger Eier im Nest registriert wurden, als Hennen an der Mehrfachbelegung beteiligt waren. Die Zuordnung wurde direkt durch den *Chicken Checker* entfernt, der Transponder in die „ehemRFID“-Spalte versetzt und in der Transponder ID-Spalte durch die Pseudo-ID „0000000000000000“ ersetzt (DEMMELEMEIER 2013). Wurde einem Ei aus einer Doppelbelegung die falsche Henne zugeordnet, galt dieses Ei nach dem ersten Durchgang als Problemei. Über die manuelle Abfrage, ob beide beteiligten Hennen an

diesem Tag bereits ein Ei gelegt hatten, konnte möglicherweise eine Henne für die Zuordnung ausgeschlossen werden. Nach Überprüfung der Hennenlinie konnte das Ei manuell zugeordnet werden und wurde dann als „nach der manuellen Zuordnung richtig zugeordnet“ angesehen. Stimmt die Hennenlinie nicht überein, galt es weiterhin als Problemei und falsch zugeordnet. Abbildung A.13a in Anhang A verdeutlicht dieses **Ausschlussprinzip**.

Abbildung 4.11 veranschaulicht das **Ausschlussprinzip innerhalb eines Nestes**. Diese Art der Auffälligkeit hatte keine Auswirkungen auf den Grad der Zuordnungsgenauigkeit, sondern lediglich auf den nachgeschalteten manuellen Aufwand. Die Hennen B2C8DC und B27878 waren an einer Doppelbelegung beteiligt. Aus dieser Doppelbelegung wurde ein Ei mit der EiID 1304100090 registriert, das um 9:07 Uhr gelegt worden war. Da nur ein Ei aus der Doppelbelegung entstand, wurde der Index 70 von der Software vergeben und die Zuordnung des Eies entfernt. Auffällig ist, dass die an der Doppelbelegung beteiligte andere Henne **in demselben Nest** um 8:16 Uhr ein Ei gelegt hatte und somit für das zweite Ei ausgeschlossen werden konnte. Manuell konnte das Ei mit EiID 1304100090 der Henne B27878 zugeordnet werden.

Ein **fehlerhaftes Lesen des Transponders** durch die Antennen führte zu Schein-Doppelbelegungen. Zwei Varianten des Lesefehlers wurden festgestellt: Entweder erschien der Transponder in gänzlich anderer Form als die normale Schreibweise der Transponder oder es war nur eine Ziffer am Beginn der 16-stelligen Kennung verändert (siehe Abbildungen A.13b und A.13c in Anhang A). Beide Lesefehler führten zu zwei offensichtlich verschiedenen Transpondern innerhalb des Doppelbelegungs-Zeitintervalls im Nest. Dies wurde über die Software als Doppelbelegung ausgelesen und der Index 70 vergeben. Effektiv handelte es sich dabei aber **nicht** um eine Doppelbelegung, da tatsächlich nur eine Henne im Nest war. Diese Eier galten als richtig zugeordnet und hatten weder Auswirkungen auf die Zuordnungsgenauigkeit des Systems noch auf die Zuordnungsgenauigkeit nach der manuellen Zuordnung.

Vollständig beseitigt werden konnte dieses Problem nicht, da solche Falschlesungen nach derzeitigem Stand der Dinge bei verschiedensten Transpondern auftreten können. In Herde 26 betraf dieses Problem insgesamt 71 Eier; davon stammten 5 Eier von Kontrolltieren. Im Verhältnis zur Gesamteizahl von 32.899 erscheinen 71 Eier als wenig einflussreich auf die gesamte Zuordnungsgenauigkeit. Wird jedoch die Tatsache, dass eine falsche Transponderlesung meist bei denselben Transpondern auftritt, berücksichtigt, so zeigt sich der Einfluss auf die Legeleistung jedes einzelnen Tieres. In früheren Publikationen über das WMN von ICKEN ET AL. (2006a, b, 2008a, b, 2009b, c); ICKEN & PREISINGER (2009); ICKEN (2009); ICKEN ET AL. (2009a, 2010a, b); ICKEN ET AL. (2012); W. ICKEN & PREISINGER (2012); ICKEN ET AL. (2013); THURNER ET AL. (2005a, b); THURNER (2006); THURNER ET AL. (2006); THURNER & WENDL (2007) sowie THURNER & WENDL (2008) wurde bisher nicht über diese Auffälligkeit berichtet. Rein technisch könnte diesem Problem dadurch begegnet werden, dass alle Transponder, die an den ersten 11 Stellen des 16-stelligen Transponders von der Norm 8000F5829B abweichen, im Datensatz nicht berücksichtigt werden.

Index 72 wurde von der Software vergeben, wenn nach einer Doppel-/Mehrfachbelegung genauso viele Eier registriert wurden, wie Hennen daran beteiligt waren. Beide Eier wurden jeweils einer Henne zugeordnet (Stefan Thurner, Dissertation, unveröffentlicht). Der Index 72 wurde nur dem jeweils ersten Ei der Doppel-/Mehrfachbelegung zugewiesen. Die Eierkennung

ID;Datum;TransponderID;Ort;Beginn;Ende;Aufenthaltsdauer;Eisignal;Legezeitpunkt;EiID;Eierkennung;DKMS;Doppelbelegung;BesuchsID;ehemRFID;FehlerIndex1;FehlerIndex2;FehlerIndex3;
1374;10.04.2013;8000F58289B264FD;Ne76;06:54:14;06:54:30;00:00:16:0;00:00:00:0;100;0;0;0; ;0;0;0;0;0;
1375;10.04.2013;8000F58289B2C8DC;Ne76;07:49:24;08:55:38;01:06:14;1;08:16:53;1304100089;100;0;0;0; ;0;0;0;0;0;
1376;10.04.2013;8000F58289B27878;Ne76;08:55:38;08:55:43;00:00:05:0;00:00:00:0;100;0;2;65; ;70;0;0;0;0;
1377;10.04.2013;8000F58289B2C8DC;Ne76;08:55:57;08:55:57;00:00:00:0;00:00:00:0;100;0;2;65; ;70;0;0;0;0;
1378;10.04.2013;8000F58289B27878;Ne76;08:55:57;08:56:11;00:00:14;0;00:00:00:0;100;31;2;65; ;70;0;0;0;0;
1379;10.04.2013;8000F58289B2C8DC;Ne76;08:56:28;08:56:28;00:00:00:0;00:00:00:0;100;0;2;65; ;70;0;0;0;0;
1380;10.04.2013;8000F58289B27878;Ne76;08:56:30;09:06:40;00:10;0;00:00:00:0;100;3;2;65; ;70;0;0;0;0;
1381;10.04.2013;8000F58289B2C8DC;Ne76;09:06:45;09:06:49;00:00:04;0;00:00:00:0;100;0;2;65; ;70;0;0;0;0;
1382;10.04.2013;8000F58289B27878;Ne76;09:06:52;09:31:59;00:25;07;0;00:00:00:0;0;2;65; ;1;70;0;0;0;0;
1383;10.04.2013;00000000000000;Ne76;09:07:44;09:07:44;00:00:00;2;09;07;44;1304100090;0;2;65;8000F58289B27878;1;70;0;0;0;0;
1384;10.04.2013;8000F58289B27878;Ne76;09:44:23;10:28:57;00:44;34;0;00:00:00;0;0;0;0;0;0; ;0;0;0;0;0;0;

Abbildung 4.11: Doppel-/Mehrfachbelegung mit Index 70 – manuelle Zuordnung möglich

4 Ergebnisse

wurde auf 0 (%) gesetzt. Das zweite oder die restlichen Eier der Doppel-/Mehrfachbelegung wurden nicht mit einem Index 72 versehen und die Eierkennung betrug weiterhin 100 (%). Allerdings erhält jeweils ein Nestbesuch ohne Eiablage der anderen beteiligten Hennen ebenfalls den Index 72 (Abbildung A.14a). Die heterogene Vergabe der Indices (wie auch bei Index 100) erschwerte oder verhinderte eine Automatisierung der Generierung eines korrigierten Datensatzes und erhöhte infolgedessen den manuellen Aufwand. Problemeier konnten nur aus einer falschen Ei-Hennen-Zuordnung bei heterogener **Linienzusammensetzung der Doppelbelegung** durch die halbautomatische Überprüfung erkannt werden. Bei der manuellen Zuordnung wurden beide Eier richtig zugeordnet.

Entstammte die Doppelbelegung jedoch einer LB/LB- oder LSL/LSL-Kombination, wurde eine Falschzuordnung weder durch den *Chicken Checker* noch durch die halbautomatische Überprüfung erkannt. Möglicherweise falsche Zuordnungen blieben zugeordnet und hatten keine Auswirkungen auf die Zuordnungsgenauigkeiten. Bei der Generierung des Datensatzes zur Schätzung der Heritabilitäten wurden diese unsicher zugeordneten Eier von der Zuordnung entfernt, um eine exakte Ei-Hennen-Zuordnung zu gewährleisten.

Die Abbildungen A.14b und A.14c in Anhang A veranschaulichen einen weiteren Sachverhalt, der keinen Einfluss auf die Rate der Zuordnungsgenauigkeit hatte, jedoch auf **Inkonsistenzen in der Index-Vergabe** hindeutet. Jeweils zwei Tiere waren an einer Doppelbelegung beteiligt. Diese sind erkennbar durch die Besuchs-IDs, die nur bei Doppelbelegungen vergeben wurden. Aus diesen Doppelbelegungen sind jeweils zwei Eier entstanden. Der Index 72 wurde jedoch nicht vergeben.

Herdeneier

Eier, die technisch keinem Transponder zugeordnet werden konnten, wurden im Datensatz in der Transponder ID-Spalte mit der ID „0000000000000000“ bezeichnet. Zusätzlich wurden diese Eier mit einem Fehlerindex 1 gekennzeichnet (DEMMELEI 2013). Alle derartigen Eier waren nach der halbautomatischen Überprüfung als Problemeier deklariert. Bei der manuellen Zuordnung im zweiten Durchgang wurde abgefragt, ob innerhalb der fünf Minuten vor dieser Eiablage ein Nestbesuch einer Henne ohne Eiablage vorgekommen war. Innerhalb dieser Zeit ist es realistisch, die richtige Henne zuzuordnen, da Hennen nach der Eiablage noch einige Zeit im Nest ruhen, bevor sie es verlassen (ICKEN ET AL. 2010b). Lag ein Nestbesuch innerhalb dieses Zeitintervalls, wurde überprüft, ob der Transponder einer Kontrollhenne zugeordnet war und ob diese Henne an diesem Tag ein anderes Ei gelegt hatte. Wurden alle Kriterien erfüllt, wurde dieser Henne das Ei zugeordnet und galt dann als „nach der manuellen Zuordnung richtig zugeordnet“. Abbildung A.15a in Anhang A veranschaulicht dieses Zuordnungsprinzip.

Weitaus häufiger trat folgende Auffälligkeit auf: Das Kontrollen ohne registrierten Transponder war meist von **zwei Nestbesuchen ohne Eiablage der gleichen Henne** begleitet (siehe Abbildung 4.12). Die Linie der Henne wurde kontrolliert und überprüft, ob für diese Henne an diesem Tag bereits ein Ei registriert worden war. Waren alle Kriterien passend erfüllt, wurde der Transponder zugeordnet und das Ei galt als „nach der manuellen Zuordnung richtig zugeordnet“. Dieses Beispiel wird detailliert in Abbildung A.15b in Anhang A beschrieben.

Nicht zugeordnet werden konnten Herdeneier, wenn vor dem Herdenei kein Nestbesuch ohne Eiablage einer Henne oder innerhalb der festgesetzten Zeitspanne verzeichnet war (Abbildung A.15c in Anhang A). Dies tritt auf, wenn Hennen ihren Transponder verlieren und nicht unverzüglich nachgezeichnet werden, d. h., einen neuen Transponder zugeordnet bekommen. Fällt der Glastransponder aus dem Fußring und geht in der Einstreu verloren, verfügt das Tier nach wie vor über den Fußring und das Fehlen des Transponders ist optisch nicht ersichtlich. Oder der Fußring lockert sich und rutscht vom Ständer der Henne. Nach Auffinden eines Transponders in der Einstreu bzw. innerhalb des Volierenbereiches wurde nach der betreffenden Henne gesucht. Diese wurde unverzüglich nachgezeichnet, um den Zeitraum, den sie unmarkiert in der Voliere verbrachte, so kurz wie möglich zu halten. Legte sie jedoch innerhalb dieses Zeitraumes ein Ei, wurde dieses zwar beim Abrollen an der Eiwippe registriert, konnte jedoch nicht zugeordnet werden. Möglicherweise ließe sich durch entsprechende Programmierung eine Art Erinnerungsmechanismus schaffen. Die Auswertung, die zeitnah nach jedem Legetag erfolgen müsste, würde dann einen Hinweis liefern, sobald ein Transponder ein oder zwei Tage nach dem letzten Nestbesuch in keinem Nest mehr registriert würde.

JAMISON ET AL. (2000) berichteten von Problemen bei der Datenerfassung aufgrund des Transponderverlustes bei jungen Leghorn-Hühnchen (3 bzw. 7 Tage alt bei der Injektion des passive integrated transponder (PIT)). BRÄNNÄS ET AL. (2001) untersuchten das Futteraufnahmeverhalten bei Hennen, die bei Injektion des PIT ein Jahr alt waren. WALL (2003) und WALL ET AL. (2004) untersuchten das Nestverhalten von Legehennen in ausgestalteten Käfigen. Der Transponder wurde bei BLEY & BESSEI (2008), anders als bei den anderen Projekten, nicht subkutan injiziert, sondern am Flügel angebracht.

Mehrfachzuordnungen

Eier erhielten von der Software *Chicken Checker* (Version 3.0.3) den Index 100, wenn an einem Tag für eine Henne zwei oder mehr Eier registriert wurden. In allen Fällen wurden zwei Eier einer Henne zugeordnet, die in einem Nest zwei aufeinanderfolgende Positionen belegten. Von der Software wurde der Henne ein Ei entzogen. Auffällig war hierbei, dass von beiden Eiern für eine Henne nur einem Ei der Index 100 zugeordnet wurde. Außerdem wurde nur bei einem Ei die Zuordnung zur Henne entfernt. Hierbei handelte es sich immer um das erste Ei, dem die Zuordnung entzogen wurde. Der zugehörige Transponder wurde in die „ehemRFID“-Spalte versetzt. Das zweite Ei blieb der Henne sicher zugeteilt (100 % Erkennung). Der Index 100 wurde diesem Ei nicht zugeordnet. Abbildung 4.13a verdeutlicht alle drei Punkte. In Anhang A wird das Beispiel detailliert beschrieben.

Manuell zugeordnet werden konnten diese Eier, wenn vor dem ersten Ei ein Nestbesuch ohne Eiablage einer anderen Henne registriert wurde. Lag dieser Nestbesuch innerhalb von fünf Minuten vor dem ersten Ei und stimmte die Hennenlinie für das betreffende Ei, so wurde es der Henne zugeordnet. Abbildung 4.13a verdeutlicht diesen Sachverhalt.

Nicht zugeordnet werden konnten Eier, wenn vor dem ersten Ei kein Nestbesuch ohne Eiablage registriert wurde (Abbildung A.16b). Des Weiteren wurde eine Zuordnung nicht durchgeführt, wenn der Nestbesuch einer zuvor registrierten Henne ohne Eiablage länger als fünf Minuten vorher stattgefunden hatte (siehe Abbildung A.16c in Anhang A). Konnte

weder ein Ei aufgrund der Linienunterscheidung noch beide Eier zweifelsfrei einer Henne zugeordnet werden, wurde beiden Eiern die Zuordnung zur Henne entfernt.

Bei Herde 27 wurde der Datensatz mit der modifizierten *Chicken Checker* Software (Version 3.0.4) bearbeitet. Dies hatte eine Änderung der Datenstruktur bei Mehrfachbelegungen zur Folge (Abbildung 4.13b).

Zwei Nestbesuche von Henne B26894, deren Endzeit des ersten Nestbesuches die Anfangszeit des zweiten Nestbesuches (in CC Version 3.0.3) war, wurden bei der *Chicken Checker* Software Version 3.0.4 zusammengefasst und mit dem Index 100 gekennzeichnet (Abbildung 4.13b). Die Folge war, dass sich die Reihenfolge der Eier, erkennbar an den EiIDs, verschob. Das Ei, das in diesem Nest an 2. Position gelegen hatte und in der Eisammelrinne abgelegt wurde (EiID 1303170053), steht nun im Datensatz an Position 3. Eine Verschiebung der Eier/EiIDs im Datensatz hatte zur Folge, dass die Kontrolle mit der halbautomatischen Überprüfung mehr „Falschzuordnungen“ detektierte, als tatsächlich vorhanden waren. Der Grund ist die Abfrage nach der Position des Kontrolleies im Datensatz durch die halbautomatische Überprüfung. Waren nun die Eier im Datensatz verschoben und die Position des Kontrolleies im Datensatz eine andere, wurde sie im Output falsch ausgegeben. Dies erforderte eine zusätzliche manuelle Kontrolle. Weiterhin war eine vereinfachte oder bessere manuelle Zuordnung durch die Zusammenfassung der Nestbesuche und hierdurch einhergehende Vertauschung der Eier nicht möglich.

ID;Datum;TransponderID;Ort;Beginn;Ende;Aufenthaltsdauer;EISignal;Legezeitpunkt;EIID;Eierkennung;DKNS;Doppelbelegung;BesuchID;ehemRFID;FehlerIndex1;FehlerIndex2;FehlerIndex3
5795;09.07.2012;8000F5828982E024;Ne70;06:31:53:06:32:05:00:00:12:10:00:00:00;100;0;0;0; ;0;0;0
5796;09.07.2012;8000F5828982E270;Ne70;06:54:54:08:49:13:01:54:19:11:07:41:20:1207090095;100;0;0;0; ;0;0;0
5797;09.07.2012;8000F582898261DC;Ne70;08:49:16:08:49:19:00:00:03:00:00:00:00;100;0;2;151; ;0;0;0
5798;09.07.2012;8000F5828982E270;Ne70;08:49:34:08:49:47:00:00:13:00:00:00:00;100;0;2;151; ;0;0;0
5799;09.07.2012;8000F582898261DC;Ne70;08:50:12:08:50:12:00:00:00:00:00:00;100;0;2;151; ;0;0;0
5800;09.07.2012;8000F58289820531;Ne70;08:52:51:08:52:29:11:09:03:09:1207090096;100;0;0;0; ;0;0;0
5801;09.07.2012;8000F5828982D323;Ne70;09:07:50:09:46:12:00:38:22:11:09:21:06:1207090097;100;0;0;0; ;0;0;0
5802;09.07.2012;8000F58289827D56;Ne70;09:59:42:10:23:00:00:23:18:10:00:00:00;100;0;0;0; ;2;100;0
5803;09.07.2012;8000F58289827415;Ne70;10:23:04:10:29:59:00:06:55:10:00:00:00;100;0;0;0; ;2;100;0
5804;09.07.2012;0000000000000000;Ne70;10:23:07:10:23:07:00:00:00:11:10:23:07:1207090098;0;0;0;0;8000F58289827415;2;100;0
5805;09.07.2012;8000F58289827415;Ne70;10:29:59:10:30:53:00:00:54:11:10:29:59:1207090099;100;0;0;0; ;0;0;0
5806;09.07.2012;8000F58289826983;Ne70;10:48:34:11:14:42:00:26:08:11:09:11:1207090100;100;0;0;0; ;0;0;0

(a)

ID;Datum;TransponderID;Ort;Beginn;Ende;Aufenthaltsdauer;EISignal;Legezeitpunkt;EIID;Eierkennung;DKNS;Doppelbelegung;BesuchID;ehemRFID;FehlerIndex1;FehlerIndex2;FehlerIndex3
4977;17.03.2013;8000F582898264FD;Ne65;06:27:29:08:27:09:01:59:40:11:07:14:15:1303170052;100;0;0;0; ;0;0;0;0
4978;17.03.2013;8000F58289826894;Ne65;08:27:17:08:55:00:00:27:43:11:08:55:00:00:00;1303170054;0;61;0;0; ;2;100;110;0;0;0
4979;17.03.2013;0000000000000000;Ne65;08:42:32:08:42:32:00:00:00:11:08:42:32:1303170053;0;61;0;0;8000F58289826894;2;100;0;0;0;0
4980;17.03.2013;8000F582898276E2;Ne65;08:58:41:10:33:54:01:35:13:00:00:00:00;100;0;0;0; ;0;0;0;0;0;0
4981;17.03.2013;8000F582898276E2;Ne65;11:11:17:57:11:20:42:00:02:45:00:00:00;100;0;0;0; ;0;0;0;0;0;0

(b)

Abbildung 4.13: Zuordnungsproblem aufgrund von Mehrfachbelegungen. (a) Werden zwei Eier einer Henne zugeordnet, wird der Index 100 vergeben, allerdings nur einem der zwei Eier. Ein Ei wird von der Zuordnung entfernt, das andere Ei bleibt zugeordnet. (b) Eine Henne, zwei Eier – Index 100 in der Chicken Checker-Version 3.0.4.

Identifikationsfehler

Eine Diskrepanz zwischen registrierter und tatsächlich in der Eisammelrinne vorgefundener Eianzahl in einem Nest führte zu Identifikationsfehlern. Hierbei wurden von der Software die Fehler-Indices 60, 61 und 62 vergeben (Erläuterungen siehe Kapitel 2.2.2). Da die Eier aus Nestern mit Eizahldiskrepanzen bei der Eiabnahme kein Barcodelabel erhielten, sondern speziell gekennzeichnet wurden, war eine Kontrolle dieser Eier durch die halbautomatische Überprüfung nicht möglich. Alle diese Eier wurden manuell überprüft.

Bei Nestern mit **Fehlerindex 60** wurde für die Berechnung der Zuordnungsgenauigkeit des Systems die Position des Kontrolleies in der Eisammelrinne abgezählt, der zugehörige Transponder mit der Herdenliste verglichen und das Ei als richtig oder falsch zugeordnet deklariert. Bei einem Problemei wurde für die Berechnung der Zuordnungsgenauigkeit nach der manuellen Zuordnung untersucht, ob in dem Nest vor der notierten Position ein Kontrollei im Datensatz registriert wurde. War dies der Fall, bedeutete dies, dass vor dem Kontrollei ein Ei nicht registriert worden war. Von diesem Kontrollei wurde der zugeordnete Transponder auf die Hennenlinie überprüft und bei Übereinstimmung als „nach der manuellen Zuordnung richtig zugeordnet“ deklariert. Abbildung A.17a in Anhang A verdeutlicht dieses Zuordnungsprinzip.

Für die Berechnung der Zuordnungsgenauigkeit des Systems wurde bei Nestern mit **Index 61** die Position des Kontrolleies von Datenblatt und Datensatz verglichen, die Hennenlinie überprüft und das Ei dann als entweder richtig zugeordnet oder als Problemei deklariert. Zur Berechnung der Zuordnungsgenauigkeit nach der manuellen Zuordnung wurden die fälschlicherweise registrierten Eier mit der „0000000000000000“-ID nicht beachtet und dann die Position des Kontrolleies laut Datenblatt wiederholt abgezählt. Handelte es sich dabei tatsächlich um ein Ei einer Kontrollhenne, galt dieses Ei als „nach der manuellen Zuordnung richtig zugeordnet“. Ein detailliertes Beispiel zur Veranschaulichung ist in Abbildung A.17b in Anhang A dargestellt.

Bei Nestern mit **Fehlerindex 62** wurde systemisch allen Eiern des Nestes die Zuordnung zur Henne entzogen, da nicht eindeutig war, welche Eier zu viel registriert wurden. Für die Berechnung der Zuordnungsgenauigkeit des Systems wurde die Position des Kontrolleies von Datenblatt und Datensatz verglichen und die Hennenlinie überprüft. Für die Berechnung der Zuordnungsgenauigkeit nach der manuellen Zuordnung wurde die Anzahl der verschiedenen Hennen, die in diesem Nest ein Ei gelegt hatten, und deren Zuordnungen wieder entfernt, anhand der verschiedenen Transponder gezählt und mit der Anzahl der gelegten Eier im Datenblatt verglichen. Diese Anzahl stimmte zum Beispiel bei Herde 25 während des Versuchszeitraums in 88 % aller Nester mit Index 62 überein. Die Position des Kontrolleies wurde wiederholt überprüft, wobei jeder Transponder nur einfach gezählt wurde. Handelte es sich tatsächlich um ein Ei einer Kontrollhenne, galt dieses Ei als „nach der manuellen Zuordnung richtig zugeordnet“. Falls der Transponder des Kontrolleies nicht zu einer Kontrollhenne gehörte, blieb die Einteilung als ID-Fehler weiterhin bestehen. Abbildung A.17c in Anhang A zeigt einen derartigen Sachverhalt.

Treten bei Nestern mit Index 62 mehr oder weniger registrierte Transponder auf, als Eier gelegt wurden, so ist eine Zuordnung nicht möglich. Abbildung 4.14 verdeutlicht diesen Sachverhalt. Am 27.07.2012 wurden in Nest 71 laut Datenblatt drei Eier gelegt, jedoch acht Eier registriert.

Laut System hatten jedoch fünf Hennen in diesem Nest ein Ei gelegt. Die Zuordnungen wurden durch den CC entfernt und die Transponder in die „ehem. RFID“-Spalte versetzt. Auch eine manuelle Zuordnung war hier nicht sicher möglich. Aufschluss über Ursachen für auftretende Diskrepanzen zwischen tatsächlicher und registrierter Eizahl könnten Videoaufzeichnungen (vgl. ICKEN (2009), THURNER ET AL. (2006) und THURNER & WENDL (2008)) liefern. Nester, die über mehrere aufeinanderfolgende Tage nicht verwertbare Daten aufgrund von Eizahldiskrepanzen liefern, wären für diese Art der Ursachenforschung geeignet. In der täglichen Routine wird ein derart auffälliges Nest auf technische Unstimmigkeiten überprüft.

In der Chicken-Checker-Version 3.0.4 wurde diese Zuordnungsmethodik berücksichtigt und umgesetzt. Jeder Henne wurde genau ein Ei zugeordnet; alle anderen Ei-Hennen-Zuordnungen wurden entfernt. Zur Erkennung wurden diese Eier mit **Index 63** gekennzeichnet. Bei Herde 27 wurden zwischen dem 27.02.2013 und 11.06.2013 insgesamt 63 Nester mit Index 63 registriert. Davon verfügten 21 Nester über Kontrolleier, die eine Überprüfung der Ei-Henne-Zuordnung ermöglichten. Bei 20 Nestern waren alle Kontrolleier einer Kontrollhenne korrekt zugeordnet. In einem Nest war das Kontrollei ein Herdenei. Die Zuordnung konnte nicht überprüft werden. Abbildung A.18a in Anhang A verdeutlicht diesen Sachverhalt.

Index 64 wurde vergeben, wenn in einem Nest mehr Eier registriert wurden, als im Nest lagen, aber die Anzahl der zu viel registrierten Eier kleiner war als die Anzahl der Eier unbekannter Hühner. Insgesamt wurden bei Herde 27 elf Nester mit Index 64 registriert, wovon acht Nester Kontrolleier führten. Bei vier Nestern stimmte die Position der Kontrolleier, da meist das erste oder zweite Ei des Tages das Kontrollei war und noch keine Auffälligkeiten zu verzeichnen waren. Bei jedem anderen der vier Nester mit Kontrolleiern wurde eine Doppelbelegung mit Index 70 registriert. Dies bedeutet, es waren mehr Hennen an der Doppelbelegung beteiligt, als Eier daraus registriert wurden. Abbildung A.18b in Anhang A zeigt einen derartigen Fall.

Aufgrund der Tatsache, dass Eier aus Nestern mit einer Diskrepanz zwischen tatsächlicher und registrierter Eianzahl bei der Schätzung genetischer Parameter ausgeschlossen wurden, hatte diese Zuordnungsmethodik keinerlei Einfluss auf die Schätzung der Heritabilitäten. Eine exakte Ei-Hennen-Zuordnung konnte hier trotz der Zuordnungsmethodik nicht gewährleistet werden. Vielmehr diente die Zuordnungsmethodik einer Fehler- oder Systematiksuche.

4.2.3 Zuordnungsgenauigkeit nach der manuellen Zuordnung

Vergleich der Zuordnungsgenauigkeiten und Einfluss der Bestandsreduzierung

Es wurde versucht, Eier, die nach der halbautomatischen Zuordnung falsch zugeordnet waren oder nicht zugeordnet werden konnten, über eine manuelle Zuordnung der richtigen Henne zuzuweisen. Die Auffälligkeiten bei der Bearbeitung der Datensätze und die daraus abgeleiteten Prinzipien der Zuordnungsmethodik wurden in Kapitel 4.2.2 ausführlich beschrieben. Über die manuelle Zuordnung konnte ein erheblicher Teil der falsch oder nicht zugeordneten Eier einer Henne zugeordnet werden. Die Plausibilität der richtigen Zuordnung wurde über die Schätzung von Heritabilitäten der Eiquantitätsmerkmale untersucht. Falschzuordnungen führen zu Abweichungen oder sogar zum Auftreten von Extremwerten bei

4 Ergebnisse

der Heritabilitätschätzung (Icken, 2009d). Die Ergebnisse der Eiquantitätsuntersuchungen sowie der Schätzung der Heritabilitäten werden in Kapitel 4.3.2 dargestellt. Tabelle 4.6 gibt einen Überblick über die Verbesserung der Zuordnungsgenauigkeit aller Herden im Vergleich zur Zuordnungsgenauigkeit vor der manuellen Zuordnung. Hierfür wurde Tabelle 4.4 um die Werte der Zuordnungsgenauigkeit nach der manuellen Zuordnung erweitert, um einen direkten Vergleich zu ermöglichen.

Tabelle 4.6: Überblick über die getesteten Herden mit Angaben zu Mehrfachbelegungen, verlegten Eiern und Zuordnungsgenauigkeit nach manueller Zuordnung (* nach Bestandsreduzierung) (DB = Doppelbelegungen)

Herde	Versuchstage [N]	Kontroll-eier	eingestellte Tiere			Nest/Hennen-Verhältnis	DB [%]	verlegte Eier [%]	Zuordnungsgenauigkeit des Systems [%]	Zuordnungsgenauigkeit nach manueller Zuordnung [%]
			Hauptthennen		Kontroll-tiere					
			Herkunft	N	N					
19	215	2.097	LB	280	15	1:6,1	8,6	2,3	93	98
				250*	11	1:5,4	<1	<1	97	99
20	152	4.795	LB	481	36	1:7,9	7	<1	96	98
21	176	2.107	LB	550	24	1:8,0	7	3	89	92
				516*	22	1:7,4	3	2	95	99
22	190	5.180	LB	606	30	1:8,8	7	12	92	97
				552*	29	1:8,1	2	8	94	98
23	110	4.087	LB	588	51	1:7,7	1	2	92	96
				460*	40	1:7,7	1	2	96	98
24	116	20.980	LB	258	261	1:7,2	11	10	92	95
				240*	204	1:6,2	4	3	96	98
25	158	5.738	LB/LT	460	40	1:6,9	3	<1	97	99
26	115	3.211	LB	407	40	1:6,2	2	16	94	96
27	126	5.912	LSL	334	143	1:6,6	20	22	90	93
				223*	81	1:4,2	16	7	95	97

Die Tatsache, dass eine Bestandsreduzierung erheblichen Einfluss auf die Zuordnungsgenauigkeit vor der manuellen Zuordnung hatte, wurde bereits in Kapitel 4.2.1 erläutert. Dieses Ergebnis bestätigte sich auch für die Zuordnungsgenauigkeit nach der manuellen Zuordnung. Zudem konnte festgestellt werden, dass unabhängig von der Bestandsreduzierung die manuelle Zuordnung eine Verbesserung der Zuordnungsgenauigkeit ergab. Sowohl vor als auch im Zeitraum nach der Bestandsreduzierung konnte die manuelle Zuordnung eine Verbesserung der Zuordnungsgenauigkeit erhöhen. Diese lag im Zeitraum vor der Bestandsreduzierung zwischen 2 % und 5 % und im Zeitraum nach der Bestandsreduzierung zwischen 2 % und 4 %. In den Herden 20, 25 und 26 wurde keine Bestandsreduzierung durchgeführt. Die manuelle Zuordnung verbesserte die Zuordnungsgenauigkeit bei allen drei Herden um jeweils 2 %. Dadurch konnten so bei den Herden 19, 21 und 25 Genauigkeiten von bis zu 99 % erzielt werden. Bei den anderen Herden betrug die Zuordnungsgenauigkeit nach manueller Zuordnung unabhängig von der Bestandsreduzierung 92 - 98 %.

Einteilung der Problemeier in Fehlerkategorien

Nach der manuellen Zuordnung waren in allen beobachteten Herden zwischen 91,6 % und 98,8 % der Kontrolleier richtig zugeordnet. Die Beschränkung auf den Zeitraum nach der Bestandsreduzierung erbrachte eine korrekte Zuordnung von 96,0 - 98,8 % der Kontrolleier. Die Verteilung der Anteile der Problemeier an den Fehlerkategorien der Zuordnungsgenauigkeit nach manueller Zuordnung ist in Tabelle 4.7 dargestellt. Der höhere Anteil an verbliebenen Problemeiern bei Herde 24 kann durch den erhöhten Anteil der Kontrolltiere (LSL) in der Herde erklärt werden. Schreibfehler konnten bei der Zuordnungsgenauigkeit nach manueller Zuordnung fast vernachlässigt werden, da ein Versäumen des Notierens eines Kontrolleies oder ein Verrutschen in der Zeile im Datenblatt nicht automatisch eine Falschzuordnung bedeutete.

Nach der manuellen Zuordnung waren bei den Herden 20, 22, 23 und 26 Herdeneier die häufigste verbleibende Fehlerkategorie. Bei den Herden 19, 21, 25 und 27 waren ID-Fehler aufgrund von Diskrepanzen zwischen tatsächlicher und registrierter Eizahl die dominierende Fehlerkategorie. Mehrfachbelegungen und Doppel-/ Mehrfachbelegungen bildeten bei Herde 24 die Fehlerkategorie mit den meisten verbleibenden Problemeiern nach der manuellen Zuordnung (vgl. Tabelle 4.7).

Tabelle 4.7: Verteilung der Problemeier über die zugehörigen Fehlerkategorien bei der Zuordnungsgenauigkeit nach manueller Zuordnung (* nach Bestandsreduzierung) (ID-F = ID-Fehler, DB = Doppelbelegung, SF = Schreibfehler, HE = Herdenei, SW-F = Software-Fehler, MZ = Mehrfachzuordnung)

Herde	Tierzahlen/ Herkunft	Versuchst- tage	geprüfte Eier [N]	korrekt zugeordnete Eier [%]	Anteil Problemeier nach manueller Zuordnung [%]					
					ID-F	DB	SF	HE	SW-F	MZ
19	280 LB + 15 LSL	12	169	98,2	1,8	0	0	0	0	0
	250 LB + 11 LSL	203	1.928 *	98,8	0,6	0	0	0,2	0,4	0
20	481 LB + 36 LSL	152	4.795	98,4	0,4	0,1	0	0,8	0,1	0,1
21	550 LB + 24 LSL	28	536	91,6	2,4	0,2	0,9	3,4	1,3	0,2
	516 LB + 22 LSL	148	2.671*	98,8	0,8	0	0	0,2	0,2	0
22	606 LB + 30 LSL	11	304	96,7	2,3	0	0	0,3	0,7	0
	552 LB + 29 LSL	179	4.876*	98,3	0,4	0	0	1,0	0,1	0,2
23	588 LB + 41 LSL	10	336	96,4	0,3	0	0	1,2	0,6	1,5
	460 LB + 40 LSL	110	4.087*	98,4	0,4	0	0,1	0,9	0,1	0,1
24	258 LB + 261 LSL	26	4.911	95,4	0,7	2,3	0	0,3	0,1	1,2
	240 LB + 204 LSL	90	16.069*	98,0	0,2	0,5	0	0,5	0,1	0,7
25	460 LB/LT + 40 LSL	158	5.738	98,7	0,6	0	0	0,4	0,1	0,2
26	407 LB + 40 LSL	115	3.211	96,0	1,1	0	0,1	2,4	0,1	0,5
27	334 LSL + 143 LB	21	353	92,6	2,6	2,6	0	0	0,5	1,7
	223LSL + 81 LB	105	5.559*	96,9	1,0	0,8	0,1	0,1	0,1	1,0

Bei allen Herden konnten durch die manuelle Zuordnung zwischen 33 % und 72 % der Problemeier der richtigen Henne zugeordnet werden. Außer bei den Herden 24, 26 und 27

lag der Zuordnungserfolg der Problemeier bei über 50 %. Zwischen den Fehlerkategorien gab es deutliche Unterschiede im Zuordnungserfolg. Da es sich bei **Schreibfehlern** um keine technischen Zuordnungsschwierigkeiten handelte, konnten bei dieser Fehlerkategorie die meisten Eier zugeordnet werden. Bei den **ID-Fehlern** war dies mit einer Ausnahme bei 36 - 73 % der Problemeier der Fall. Bei Herde 27 konnten lediglich 17 % der Eier mit ID-Fehlern zugeordnet werden. Bei Herdeneiern zeigte sich eine breitere Varianz zwischen den Herden mit Zuordnungserfolgen von 13 % bis 71 %. Der Zuordnungserfolg bei **Doppel-/Mehrfachbelegungen** lag mit Ausnahme der Linien 24 und 27 zwischen 91 % und 100 %. Dies hatte damit zu tun, dass die Wahrscheinlichkeit des Zusammentreffens mit einer Henne der anderen Linien sehr hoch war. Bei den Herden 24 und 27 betrug der Erfolg der manuellen Zuordnung 47 % bzw. 50 %. Die Wahrscheinlichkeit einer Doppelbelegung von Hennen der gleichen Linie war bei Herde 24 höher; somit fiel die Zuordnungswahrscheinlichkeit dem entsprechend geringer aus. Entsprechende Ergebnisse ergaben sich bei den Problemeiern mit Index 100. Ausgenommen Herde 24 und 27, konnten zwischen 38 % und 60 % dieser Eier manuell zugeordnet werden. Die Zuordnung auf Basis der Hennenlinie erwies sich auch hier aufgrund der Herdenzusammensetzung als schwierig. Dies resultierte für Herde 24 in einem Zuordnungserfolg von 7 %. Eier von Kontrollhennen, die Hennen der anderen Linie zugeordnet wurden, wurden zur Fehlerkategorie der Software-Fehler gezählt. Diese Eier waren meist vom System sicher zugeordnet und erhielten keinen Fehlerindex im Datensatz. Deshalb konnten diese Eier nur aufgrund der halbautomatischen Überprüfung erkannt werden. Die Möglichkeit einer nachträglichen Zuordnung zur richtigen Henne war in den meisten Fällen nicht möglich.

4.2.4 Umsetzung der Zuordnungsprinzipien der Fehlerkategorien auf alle Eier

Nach den in Kapitel 4.2.2 beschriebenen Zuordnungsprinzipien wurde auch versucht, die regulären Eier zuzuordnen. Für jede Herde wurde ein komplett korrigierter Datensatz erzeugt, um mit diesen Heritabilitätsschätzungen für Eiquantitätsmerkmale durchzuführen. Für Eier, deren Zuordnung zur Henne durch den *Chicken Checker* entfernt worden war, wurde eine manuelle Zuordnung versucht. Bei den Herden 19 bis 24 wurden jeweils die Tage der Eiquantitätszeiträume untersucht und korrigiert, wohingegen bei den Herden 25, 26 und 27 der Zeitraum zwischen 50 % Legeleistung und Ausstellung in die Auswertung mit einbezogen wurde.

Doppel- und Mehrfachbelegungen - Index 72

Die Zuordnungsprinzipien für Eier aus Doppel-/Mehrfachbelegungen mit Index 70 oder 71 sind klar definiert und führen zu einer Zuordnung oder zur Entfernung der Zuordnung des Eies für den korrigierten Datensatz. Schwierigkeiten bezüglich der zweifelsfreien Zuordnung zur Henne bereiteten die Eier aus Doppel-/Mehrfachbelegungen, bei denen genauso viele Eier gelegt wurden, wie Hennen an der Doppelbelegung beteiligt waren (Index 72). Die Zuordnung zur Henne erfolgte durch das System zufällig und wurde durch die Software *Chicken Checker* bei allen Eiern dieser Mehrfachbelegungen beibehalten. Bei der manuellen Überprüfung des Datensatzes wurden diese Zuordnungen überprüft.

Als zugeordnet galt ein Ei, wenn die Zuordnung zweifelsfrei nachvollzogen werden konnte. Dies war in erster Linie bei LSL/LB-Kombinationen der Fall. War die von der Software *Chicken Checker* erfolgte Zuordnung nicht richtig, konnten die Eier aus LSL/LB-Kombinationen manuell korrekt zugeordnet werden. Verworfen wurden Eier aus diesen Mehrfachbelegungen, wenn die vom *Chicken Checker* erfolgte Zuordnung nicht richtig war, jedoch auch manuell keine korrekte Zuordnung durchgeführt werden konnte. Stammten alle aus der Doppelbelegung entstandenen Eier von einer Hennenlinie, war eine manuelle Zuordnung dieser Eier nicht möglich. Deshalb wurden diese Zuordnungen als „unsicher“ bezeichnet.

Tabelle 4.8: Überblick über die Anzahl und Zuordnungsverteilung der Eier aus Doppel- und Mehrfachbelegungen mit Index 72

Herde	Auswertungszeitraum	Anzahl ausgewerteter Tage	Gesamtanzahl Eier mit Index 72	richtig zugeordnet [Anzahl]	manuell zuordbar [Anzahl]	verworfen [Anzahl]	unsicher	
							Anzahl	%
19	10.04.08 - 19.04.08	10	10	0	0	0	10	100
20	12.04.09 - 21.04.09	10	83	6	10	0	67	81
21	24.08.09 - 08.09.09	16	74	3	0	0	71	96
	16.11.09 - 20.11.09	4	0	0	0	0	0	0
22	03.05.10 - 12.05.10	10	13	1	2	1	9	69
	07.06.10 - 17.06.10	10	2	0	0	0	2	100
23	22.11.10 - 01.12.10	10	8	0	0	0	8	100
	31.01.11 - 09.02.11	10	8	0	0	0	8	100
	15.02.11 - 24.02.11	10	4	0	0	0	4	100
24	15.05.11 - 25.05.11	11	56	4	23	14	15	27
	18.07.11 - 27.07.11	10	20	12	4	2	2	10
25	31.10.11 - 10.04.12	162	193	42	12	0	129	72
26	29.06.12 - 21.10.12	115	50	13	1	2	34	68
27	27.02.13 - 11.06.13	105	820	102	17	23	678	83

Bei Herde 21 konnte im August/September-Zeitraum eine erhöhte Anzahl an Eiern aus Doppelbelegungen mit Index 72 beobachtet werden. Dies lag allerdings an dem längeren Eiquantitätszeitraum von 16 Tagen, wohingegen im November-Zeitraum, der lediglich vier Tage umfasste, keine Eier aus Doppelbelegungen mit Index 72 auftraten. Mit Ausnahme von Herde 24 waren zwischen 68 % und 100 % der Eier derartiger Doppelbelegungen unsicher zugeordnet. Lediglich bei Herde 24 war diese Rate geringer, obwohl der Anteil an Eiern aus Doppelbelegungen mit Index 72 im Vergleich zu anderen Zeiträumen erhöht war. Der gleich große Anteil an LB- und LSL-Hennen verringerte die Wahrscheinlichkeit einer Doppelbelegung aus zwei oder mehr Tieren der gleichen Linie. Dementsprechend war der Hauptanteil dieser Eier entweder durch das System zufällig richtig zugeordnet oder im Falle einer ursprünglichen Falschzuordnung manuell zuordenbar. Der übermäßig hohe Anteil an unsicher zugeordneten Eiern bei Herde 27 konnte durch den Hauptanteil der Herde an LSL-Hennen erklärt werden. Diese waren hauptsächlich an den Doppel-/Mehrfachbelegungen beteiligt. Tabelle 4.8 fasst die Ergebnisse der einzelnen Herden zusammen. Für die Etablierung der korrigierten Datensätze für die Schätzung der Heritabilitäten wurden diese unsicher zugeordneten

4 Ergebnisse

Eier verworfen, d. h., die Ei-Hennen-Zuordnung wurde entfernt, da die Wahrscheinlichkeit einer falschen Zuordnung bei 50 % lag. Für die Berechnung der Legeleistung konnten diese Eier mit einbezogen werden, da die exakte Zuordnung nicht ausschlaggebend war.

Mehrfachzuordnungen

Die Anzahl der Eier mit Index 100 sowie die Anzahl richtig zugeordneter, manuell zuordenbarer und verworfener Eier ist in Tabelle 4.9 dargestellt. Bei Herde 21 zeigte sich im August/September-Zeitraum ein erhöhter Anteil an Eiern mit Index 100, im November-Zeitraum dagegen ein geringerer Anteil dieser Eier, was sich durch die höhere bzw. geringere Anzahl an Versuchstagen in den verschiedenen Zeiträumen begründen ließ. Richtig zugeordnet waren diese Eier, wenn aufgrund der Hennenlinie und Eischalenfarbe die Zuordnung zweifelsfrei belegt werden konnte. Manuell zugeordnet werden konnten Eier aus Mehrfachbelegungen, wenn zum einen aufgrund der Hennenlinie und Eischalenfarbe unterschieden werden konnte oder zum anderen direkt vor dem ersten Index 100-Ei ein Nestbesuch ohne Eiablage einer Henne registriert wurde, die an diesem Tag für kein anderes Ei registriert worden war und der Nestbesuch innerhalb von fünf Minuten vor dem Index 100-Ei lag. Verworfen wurden Mehrfachbelegungseier, wenn keines der genannten Zuordnungskriterien angewandt werden konnte. Der Anteil an manuell zuordenbaren Eiern an Mehrfachbelegungen war im Vergleich zu den Daten der Kontrolleier niedriger.

Tabelle 4.9: Überblick über die Anzahl und Zuordnungsverteilung der Eier aus Mehrfachzuordnungen

Herde	Auswertungszeitraum		CC Version	Gesamtanzahl Eier Index 100	richtig zugeordnet		zuordenbar		verworfen	
	Datum	Anzahl Tage			Anzahl Eier	%	Anzahl Eier	%	Anzahl Eier	%
19	10.04.08 - 19.04.08	10	3.0.3	8	1	12,5	0	0	7	87,5
20	12.04.09 - 21.04.09	10	3.0.3	26	2	7,7	0	0	24	92,3
21	24.08.09 - 08.09.09	16	3.0.3	73	7	9,6	3	4,1	63	86,3
	16.11.09 - 20.11.09	4	3.0.3	4	1	25,0	0	0	3	75,0
22	03.05.10 - 12.05.10	10	3.0.3	36	9	25,0	4	11,1	23	63,9
	07.06.10 - 17.06.10	10	3.0.3	35	9	25,7	6	17,1	20	57,2
23	22.11.10 - 01.12.10	10	3.0.3	22	2	9,1	1	4,5	19	86,4
	31.01.11 - 09.02.11	10	3.0.3	20	4	20,0	5	25,0	11	55,0
	15.02.11 - 24.02.11	10	3.0.3	7	2	28,6	2	28,6	3	42,8
24	15.05.11 - 25.05.11	11	3.0.3	54	13	24,1	3	5,6	36	70,3
	18.07.11 - 27.07.11	10	3.0.3	40	9	22,5	1	2,5	29	72,5
25	31.10.11 - 10.04.12	162	3.0.3	520	83	16,0	76	14,6	361	69,4
26	29.06.12 - 21.10.12	115	3.0.3	305	64	21,0	37	12,0	204	67,0
27	27.02.13 - 11.06.13	126	3.0.4	721	43	6,0	9	1,2	669	92,8

Lag der Anteil zuordbarer Eier bei den Kontrolleiern mit einer Ausnahme (Herde 24) zwischen 38 % und 60 % (Mittelwert 44,5 %), so umfasste er bei der Gesamteizahl 0 % bis 28,6 % (Mittelwert 9,6 %) (Tabelle 4.9). Grund hierfür ist, dass die Kontrolleier gewöhnlich LSL-Eier waren und häufig aufgrund der Linienunterscheidung und der Position zugeordnet werden

konnten. Wird jedoch die Gesamteizahl betrachtet, entfällt der größte Anteil an Eiern aus Mehrfachbelegungen auf LB-Tiere, und die Linienunterscheidung ist nicht mehr möglich. Daher liegt der Anteil an Eiern mit Index 100, die verworfen werden mussten, bei allen Herden zwischen 42,8 % und 92,8 % und beträgt im Mittel 72,7 %.

Die veränderte Datenstruktur im Sinne der vertauschten EiIDs bei Herde 27 aufgrund der modifizierten *Chicken Checker* Software 3.0.4 wurde bereits in Kapitel 4.2.2 erläutert. Diese Änderungen führten zu erschwerten Bedingungen bei der manuellen Zuordnung dieser Eier. Aufgrund dessen erreicht der Anteil verworfener Eier mit Index 100 bei Herde 27 einen Höchstwert von 92,8 %.

Herdeneier

Herdeneier wurden manuell zugeordnet, wenn innerhalb von fünf Minuten vor diesem Herdenei ein Nestbesuch einer Henne registriert wurde, die an diesem Tag für kein anderes Ei registriert war und deren Hennenlinie passte. Zusätzlich wurden Eier zugeordnet, wenn vor und nach dem Herdenei Nestbesuche einer Henne verzeichnet waren, deren Linie passte und die an diesem Tag für kein anderes Ei registriert worden war.

Tabelle 4.10: Überblick über die Anzahl und den Zuordnungserfolg der Herdeneier

Herde	Auswertungszeitraum		Gesamt- anzahl Herdeneier	manuell zuordenbar			
	Datum	Anzahl Tage		ja		nein	
				Anzahl	%	Anzahl	%
19	10.04.08 - 19.04.08	10	5	1	20,0	4	80
20	12.04.09 - 21.04.09	10	5	1	20,0	4	80
21	24.08.09 - 08.09.09	16	43	2	4,7	41	95,3
	16.11.09 - 20.11.09	4	6	0	0	6	100
22	03.05.10 - 12.05.10	10	123	82	66,6	41	33,3
	07.06.10 - 17.06.10	10	176	105	59,7	71	40,3
23	22.11.10 - 01.12.10	10	51	36	70,6	15	29,4
	31.01.11 - 09.02.11	10	38	26	68,4	12	31,6
	15.02.11 - 24.02.11	10	56	42	75,0	14	25,0
24	15.05.11 - 25.05.11	11	90	43	47,8	47	52,2
	18.07.11 - 27.07.11	10	58	46	79,3	12	20,7
25	31.10.11 - 10.04.12	162	510	171	33,5	339	66,5
26	29.06.12 - 21.10.12	115	407	36	8,8	371	91,2
27	27.02.13 - 11.06.13	126	244	20	8,2	224	91,8

Auf diese Weise konnten in den Herden 22, 23 und 24 bis zu zwei Drittel der Herdeneier zugeordnet werden. In Herde 25 war es immerhin noch ein Drittel. Bei den Herden 19, 20 und 21, 26 und 27 musste jedoch der Großteil der Herdeneier von weiteren Auswertungen ausgeschlossen werden, weil sie nicht zugeordnet werden konnten. Tabelle 4.10 fasst die Ergebnisse der einzelnen Herden zusammen.

4 Ergebnisse

ID-Fehler

Zunächst wurden die Eier der Nester mit Diskrepanzen zwischen tatsächlicher und registrierter Eizahl betrachtet (Tabelle 4.11). Da bei Nestern mit Eizahldiskrepanzen oftmals mehr Eier registriert als tatsächlich gelegt wurden, ist die Anzahl registrierter Eier größer als die Anzahl tatsächlich gelegter. Dementsprechend wurde unterschieden zwischen dem Anteil registrierter Eier, die im Datensatz verworfen wurden, und dem Anteil tatsächlich gelegter Eier, die für weitere Untersuchungen, z. B. der Eiqualität, verworfen wurden. Bei Herde 27 wurden der 04.04.2013, 05.04.2013 und 15.04.2013 von der Auswertung ausgeschlossen, da Stromausfälle zu Datenverlusten führten. Von den registrierten Eiern wurden aufgrund von Eizahldiskrepanzen zwischen 1,4 % und 7,3 % der Gesamtanzahl verworfen. Bei den tatsächlich gelegten Eiern waren dies zwischen 1,0 % und 6,3 % der Gesamteizahl.

Tabelle 4.11: Überblick über die Gesamtanzahl an Eiern, die aufgrund von Diskrepanzen zwischen registrierter und tatsächlicher Eizahl von weiteren Auswertungen ausgeschlossen wurden

Herde	Auswertungszeitraum		registrierte Eier [N]	registrierte Eier aus Diskrepanznestern		tatsächlich gelegte Eier [N]	tatsächlich gelegte Eier aus Diskrepanznestern	
	Datum	Tage [N]		N	%		N	%
19	10.04.08 - 19.04.08	10	2447	68	2,8	2423	44	1,8
20	12.04.09 - 21.04.09	10	4595	280	6,0	4553	238	5,2
21	24.08.09 - 08.09.09	16	7638	432	5,7	7538	373	4,9
	16.11.09 - 20.11.09	4	1908	140	7,3	1886	118	6,3
22	03.05.10 - 12.05.10	10	4690	158	3,4	4650	119	2,6
	07.06.10 - 17.06.10	10	5124	177	3,5	5098	151	3,0
23	22.11.10 - 01.12.10	10	4507	221	4,9	4453	167	3,7
	31.01.11 - 09.02.11	10	4575	275	6,0	4542	240	5,3
	15.02.11 - 24.02.11	10	4579	269	5,9	4524	214	4,7
24	15.05.11 - 25.05.11	11	3778	106	2,8	3757	85	2,3
	18.07.11 - 27.07.11	10	3823	55	1,4	3800	37	1,0
25	31.10.11 - 05.04.12	158	72601	2758	3,8	72094	2257	3,1
26	29.06.12 - 21.10.12	115	33108	1518	4,6	32899	1314	4,0
27	27.02.13 - 11.06.13	103	26089	1587	6,1	25623	1141	4,5

Es wurde die Entwicklung der Häufigkeit des Auftretens von Diskrepanznestern betrachtet. Die Auswertungszeiträume begannen mit dem Tag nach der Einstallung und endeten am Tag vor der Umstallung der Herde. Bei allen Herden konnten im Durchschnitt 2-3 Nester mit Eizahldiskrepanzen pro Tag beobachtet werden (Tabelle 4.12). Die Anzahl an Diskrepanznestern blieb somit seit dem Jahr 2008 mit durchschnittlich 1,6 bis 3,1 Nestern in einem konstanten Bereich.

Um den Zusammenhang zwischen dem Auftreten von Mehrfachbelegungen und der Anzahl an Diskrepanznestern zu untersuchen, wurde in den Herden, in denen Bestandsreduzierungen vorgenommen worden waren, der Anteil an Diskrepanznestern vor und nach der Bestandsreduzierung getrennt betrachtet. Es zeigt sich sowohl in dieser Studie als auch bei ICKEN

Tabelle 4.12: Durchschnittliche Anzahl der Nester mit Diskrepanzen zwischen registrierter und tatsächlicher Eizahl pro Tag bei allen Herden

Herde	Auswertungszeitraum	Anzahl Tage	Diskrepanznester im Auswertungszeitraum [N]	Durchschnitt Diskrepanznester pro Tag [N]
20	12.12.08 - 18.05.09	158	316	2,0
21	15.07.09 - 24.12.09	163	501	3,1
22	22.02.10 - 30.08.10	190	402	2,1
23	12.11.10 - 27.02.11	108	279	2,6
24	15.04.11 - 07.08.11	115	181	1,6
25	31.10.11 - 05.04.12	158	396	2,5
26	29.06.12 - 21.10.12	115	265	2,3
27	08.01.13 - 11.06.13	152	452	3,0

ET AL. (2013), dass Bestandsreduzierungen das Auftreten von Mehrfachbelegungen erheblich reduzieren können. Deshalb wurde erwartet, dass nach der Bestandsreduzierung der Anteil an Diskrepanznestern abnimmt. Bestandsreduzierungen wurden in den Herden 21, 22, 23, 24 und 27 durchgeführt. Da bei Herde 23 vor dem Zeitpunkt der Bestandsreduzierung keine detaillierten Daten erhoben worden waren, wurde diese Herde bei dieser Auswertung nicht berücksichtigt. In allen anderen Herden sank nach der Bestandsreduzierung die Anzahl an Diskrepanznestern pro Tag um 0,5 (Herde 21) bis 1,4 (Herde 26 und 27) Nester (siehe Tabelle 4.13).

Tabelle 4.13: Entwicklung der Häufigkeit von Diskrepanznestern in Abhängigkeit von der Bestandsreduzierung (* nach Bestandsreduzierung)

Herde	Auswertungszeitraum		Anzahl falsche Nester	\bar{x} falsche Nester pro Tag	Δ falsche Nester pro Tag *
	Datum	Anzahl Tage			
21	15.07.09 - 11.08.09	28	98	3,5	
	12.08.09 - 24.12.09*	135	403	3,0	-0,5
22	22.02.10 - 04.03.10	11	36	3,3	
	05.03.10 - 30.08.10*	179	366	2,0	-1,3
24	15.04.11 - 10.05.11	27	71	2,6	
	11.05.11 - 07.08.11*	89	110	1,2	-1,4
27	08.01.13 - 26.02.13	50	195	3,9	
	27.02.13 - 11.06.13*	105	257	2,5	-1,4

Obwohl die durchschnittliche Anzahl an Diskrepanznestern in den letzten Herden nicht unverhältnismäßig anstieg und die Bestandsreduzierungen ebenfalls einen positiven Einfluss auf das Auftreten dieser Nester hatten, stieg seit Herde 24 dennoch der Anteil an Eier, die aufgrund der Eizahldiskrepanzen von den Auswertungen ausgeschlossen wurden (siehe Tabelle 4.11). Erklärt werden kann dies über reduzierte Tierzahlen in den Herden 26 und 27. Bleibt die Frequenz der Diskrepanznester gleich und sinkt die Gesamtzahl an Tieren, erhöht sich der Anteil an zu verwerfenden Eiern. Zudem wurden in den letzten Herden unterschiedliche

4 Ergebnisse

Linienkombinationen getestet. Die unterschiedlichen Eiablagezeiten und das unterschiedliche Nestverhalten können zudem zu einem erhöhten Auftreten an Diskrepanznestern führen.

Weiterhin wurden die Ursachen für Eizahldifferenzen untersucht. Für jede Herde wurde die Verteilung der Indices 60, 61, 62 und für Herde 27 zusätzlich Index 63 und Index 64 dokumentiert (Tabelle 4.14). Bis auf eine Ausnahme (Herde 26) wurden bei allen Herden mehr Eier registriert, als tatsächlich in der Eisammelrinne gefunden wurden (Index 61 und Index 62). Bei Herde 27, bei der die neue Software Version 3.0.4 des *Chichen Checker* erstmalig zum Einsatz kam, wurden zusätzlich Index 63 und Index 64 etabliert. Index 63 setzt das in Kapitel 4.2.2 vorgeschlagene Zuordnungsprinzip um. Es zeigt sich, dass bei Herde 27 von insgesamt 236 Nestern mit mehr registrierten als tatsächlich gelegten Eiern die Eier aus 106 Nestern (ca. 45 %) auf diese Weise zugeordnet werden konnten. Die manuelle Überprüfung der Kontrolleier dieser Nester zeigte eine 100 %ige Übereinstimmung mit den entsprechenden Aufzeichnungen der Datenblätter.

Tabelle 4.14: Ursachenverteilung von Nestern mit Eizahldiskrepanzen über alle Herden

Herde	Auswertungs- zeitraum	Nester mit 60er Index [N]	Index 60		Index 61		Index 62		Index 63		Index 64	
			N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
21	10.06.09 - 07.01.10	477	159	33,3	59	12,4	259	54,3				
22	19.01.10 - 31.08.10	356	152	42,7	39	11,0	165	46,3				
23	16.09.10 - 01.03.11	269	72	26,8	38	14,1	159	59,1				
24	19.03.11 - 09.08.11	166	51	30,7	32	19,3	83	50,5				
25	06.10.11 - 10.04.12	317	119	37,5	35	11,0	163	51,4				
26	29.06.12 - 22.10.12	263	151	57,4	28	10,6	84	32,0				
27	07.01.13 - 11.06.13	461	216	47,9	34	7,5	70	15,5	106	23,3	26	5,8

Tabelle 4.15 gibt einen detaillierten Überblick über drei Gründe, die im Zusammenhang mit fehlerhaften Registrierungen stehen, sowie die Anzahl an Diskrepanznestern, die mit den jeweiligen Ursachen erklärt werden konnten. blieb ein Ei beim Abrollvorgang aus dem Nest auf der Eiwanne liegen und rollte nicht in die Eisammelrinne weiter, wurde die Eiwanne blockiert. Dieses Ei wurde mehrmals registriert, bis ein Mitarbeiter das Ei von der Eiwanne entfernte oder ein nachfolgendes Ei das blockierende Ei von der Eiwanne stieß. Die Mehrzahl dieser Nester erhielt den Index 62. Zwischen 3 % und 13 % aller Diskrepanznester mit Index 62 konnten pro Herde durch die Blockierung der Eiwanne erklärt werden (im Vgl. mit Tabelle 4.14). Bei Herde 27 wurde den meisten der Eiwanne-blockierten Nestern der Index 63 zugeordnet. Diese erklärten sogar 32 % der gesamten Diskrepanznester mit Index 63. Bei Nestern, in denen eine Blockierung der Eiwanne zu keiner Fehlermeldung führte, wurde das Ei rechtzeitig von der Eiwanne entfernt.

Vor allem zu Beginn der Legetätigkeit legten viele Tiere ihre Eier im gleichen Nest. Überstieg die Anzahl der Eier die Fassungskapazität der Sammelrinne, führte dies zu einem Eistau auf der Eiwanne, die hierdurch blockiert wurde. Wurde dies frühzeitig bemerkt und die Eier wurden entfernt, blieb dies ohne Konsequenzen. Bewirkte die Überfüllung dagegen eine Blockierung der Eiwanne, wurden vor allem die Indices 61, 62 und 64 zugeteilt.

Wurden Eier im Nest gefunden, die nicht abgerollt waren, wurden diese aus dem Nest entfernt. Wurde ein derartiges Ei zu den tatsächlich gelegten Eiern gezählt, wurde systemisch der

Tabelle 4.15: Überblick über die Gründe für Diskrepanzen zwischen registrierter und tatsächlicher Eizahl und die Anzahl dadurch erklärbarer Diskrepanznester

Herde	Auswertungszeitraum	Ursachen					
		Eiwippe blockiert		Eisammelrinne voll		Ei im Nest	
		Eier [N]	Index	Eier [N]	Index	Eier [N]	Index
21	10.06.09 - 07.01.10	1	60			1	ohne
		1	61				
		7	62				
		1	ohne				
22	19.01.10 - 31.08.10	8	62	1	62	1	ohne
23	16.09.10 - 01.03.11	1	60				
		8	61				
		20	62				
		2	ohne				
24	19.03.11 - 09.08.11	6	61			1	ohne
		11	62				
		2	ohne				
25	06.10.11 - 10.04.12	2	60	1	60	1	60
		7	61	4	61		
		17	62	2	62	8	ohne
		2	ohne	1	ohne		
26	29.06.12 - 22.10.12	9	61	1	60	3	ohne
		11	62	1	ohne		
		3	ohne				
27	07.01.13 - 11.06.13	6	61	1	64	2	60
		5	62				
		34	63			8	ohne
		3	64				
		21	ohne				

Index 60 vergeben, da es nicht am Eisensor registriert worden war. Könnten durch geeignete Maßnahmen blockierte Eiwippen oder volle Eisammelrinnen verhindert werden, wäre es möglich, zum Beispiel bei Index 62 und Index 63 jeweils bis zu 8 % der Diskrepanznester des entsprechenden Index zu reduzieren.

Für die Herden 23 bis 27 wurde geprüft, ob nur Eiwippen bestimmter Nester Probleme beim Abrollen der Eier zeigten. Bei Herde 23 entfielen von 31 Fehlermeldungen aufgrund von Abrollschwierigkeiten neun auf die Nester 49 und 96. Bei Herde 25 waren an 28 Eiwippenblockaden Nest 57 und 63 je viermal, Nest 78 und 10 je dreimal beteiligt. Bei Herde 27 waren von 69 Fällen der blockierten Eiwippe elfmal Nest 63 und viermal Nest 49 beteiligt. Jedoch traten die Blockaden der Eiwippen nie an aufeinanderfolgenden Tagen auf. Es konnte keine Systematik erkannt werden.

4.2.5 Anteil nicht zugeordneter Eier an der Gesamteizahl

Die Überprüfung der Eier jeder Kontrollhenne zeigte, dass zwischen 95 % und 98 % der Kontrolleier der richtigen Henne zugeordnet werden konnten. Für die Generierung der Datensätze zur Schätzung von Heritabilitäten wurden nicht nur die Kontrolleier richtig zugeordnet, sondern es wurde die Zuordnung aller Eier geprüft und korrigiert. Mit einer Ausnahme wurden zwischen 3,2 % und 10,0 % der Gesamteizahl für Heritabilitätsschätzungen verworfen, da eine exakte Zuordnung nicht gewährleistet war. Bei Herde 27 mussten aufgrund des hohen Anteils an Doppel- und Mehrfachbelegungen 15 % der Gesamteizahl verworfen werden. Zwischen 46 % und 93 % aller verworfenen Eier waren auf ID-Fehler zurückzuführen. Bei Herde 27 betrug der Hauptanteil an verworfenen Eiern bei den Doppel- und Mehrfachbelegungen 40 % und entsprach dem Anteil der Eier aus Diskrepanznestern (39 %). Tabelle 4.16 zeigt die Anteile der einzelnen Fehlerkategorien an den verworfenen Eiern. Da Software-Fehler und Schreibfehler einen vernachlässigbaren Teil der verworfenen Eier an der Gesamteizahl ausmachten, wurde der Fokus auf die vier Hauptfehlerkategorien gerichtet.

Tabelle 4.16: Anteile der einzelnen Fehlerkategorien an der Gesamtzahl verworfener Eier, aufgeteilt nach Herden

Herde	Auswertungszeitraum	Anteile der Fehlerkategorien an verworfenen Eiern [%]			
		Doppelbelegung	Herdenei	Mehrfachbelegung	ID-Fehler
19	10.04.08 - 19.04.08	13	4	8	75
20	12.04.09 - 21.04.09	35	1	5	59
21	24.08.09 - 08.09.09	19	7	9	65
	16.11.09 - 20.11.09	2	4	2	92
22	03.05.10 - 12.05.10	8	17	10	65
	07.06.10 - 17.06.10	3	26	7	82
23	22.11.10 - 01.12.10	5	6	7	82
	31.01.11 - 09.02.11	2	4	4	90
	15.02.11 - 24.02.11	1	5	1	93
24	15.05.11 - 24.05.11	19	19	16	46
	18.07.11 - 27.07.11	18	10	25	47
25	31.10.11 - 10.04.12	6	9	10	75
26	29.06.12 - 21.10.12	6	17	9	68
27	27.02.13 - 11.06.13	40	5	16	39

4.2.6 Einfluss menschlicher Interaktionen im Verfahrensablauf auf die Zuordnungsgenauigkeit

Die Eiabnahme aus dem Weihenstephaner Muldennest benötigt personellen Aufwand. Es wird deshalb gesondert darauf eingegangen, welche Fehlermöglichkeiten bei der Eiabnahme im Zusammenhang mit der Ei-Hennen-Zuordnung stehen. Die Eiabnahme umfasst im Wesentlichen die Entnahme der gelegten Eier aus der Eisammelrinne eines jeden einzelnen Nestes und die Notierung der Position der Kontrolleier in der Eisammelrinne sowie der Gesamtanzahl der Eier.

Grundsätzlich besteht die Gefahr, dass beim Notieren der Positionen der Kontrolleier in die **Zeile eines anderen Nestes gerutscht** wird. Auf diese Weise wird ein reguläres Ei einer Kontrollhenne zugeordnet und das Datenblatt stimmt nicht mehr mit dem Datensatz überein. Die Folge ist, dass in der halbautomatischen Überprüfung eine Falschzuordnung auftritt, die manuell überprüft werden muss. Das Gleiche passiert, wenn eine **falsche Position für ein Kontrollei notiert** wird. Dies geschieht, wenn versucht wird, die Anzahl der Eier in der Eisammelrinne auf einen Blick zu erfassen, anstatt sie genau abzuzählen. Wird die Position eines Kontrolleies aus irgendeinem Grund **überhaupt nicht notiert**, fällt dies meist erst dann auf, wenn am Ende der Eiabnahme die Anzahl der Kontrolleier mit der Anzahl notierter Kontrolleier auf dem Datenblatt verglichen wird.

Jedes Kontrollei wird bei der Eiabnahme mit einem Barcodelabel versehen. Dieses Barcodelabel verknüpft über die EiID das Ei mit der zugehörigen Henne im Datensatz. Auch beim Bekleben des Eies gibt es Fehlermöglichkeiten. Wird die falsche Position für das Kontrollei gezählt und das **falsche Barcodelabel auf das Ei geklebt**, wird in der halbautomatischen Überprüfung kein Ei im Output verzeichnet, wenn das Ei einer regulären Henne zugeordnet wurde. Denn im Output der halbautomatischen Überprüfung werden lediglich die Eier der Kontrollhennen mit Nest und Position aufgelistet. Im Vergleich mit dem Datenblatt fällt auf, dass dieses Ei in der halbautomatischen Überprüfung nicht kontrolliert werden konnte. Eine manuelle Kontrolle dieses Eies war erforderlich.

Die Hauptursache für falsch zugeordnete Eier durch menschliche Fehler ist das Bekleben der Eier mit falschen Barcodelabels aufgrund der **falschen Leserichtung der Aufkleber bzw. der Nester**. Obwohl bei jedem Nest auf der Aufkleberrolle „Start“ und „Stop“ für den Beginn und das Ende der Leserichtung angezeigt werden, wird vom „Stop“ Ende her die Position des Kontrolleies abgezählt, oder die Eier in der Eisammelrinne von der falschen Richtung her abgelesen. Grund ist, dass die Eier genau in entgegengesetzter Richtung abgelesen werden müssen, wie die Eier in der Eisammelrinne liegen (Abbildung 4.15). Dies führt zu Verwirrung und Fehlern.

Für die Berechnung der Zuordnungsgenauigkeit vor der manuellen Zuordnung hatten Schreibfehler Einfluss auf die Zuordnungsgenauigkeit. Würden nur technisch Fehlermöglichkeiten bei der Berechnung der Zuordnungsgenauigkeit berücksichtigt, fielen diese etwas höher aus. Da Schreibfehler bei der manuellen Überprüfung entdeckt wurden und es sich in den meisten Fällen um tatsächlich korrekt zugeordnete Eier handelte, wurde dies bei der Berechnung der Zuordnungsgenauigkeit nach der manuellen Zuordnung entsprechend berücksichtigt. Da die richtige Ei-Hennen-Zuordnung bei den meisten Eiern mit Schreibfehlern trotzdem gewährleistet war, flossen diese Eier in die Leistungsprüfung mit ein.

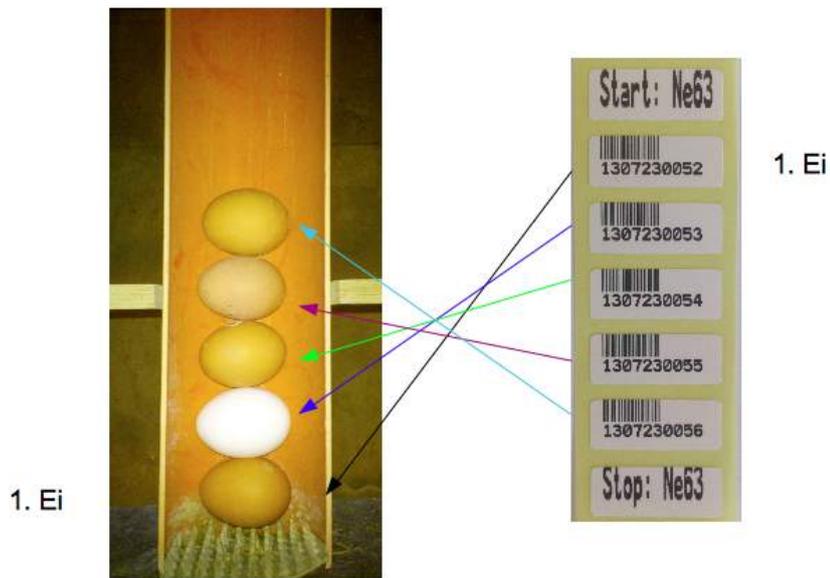


Abbildung 4.15: Eine Umkehrung der Lesereihenfolge führt zu Falschzuordnungen von Eiern.

Gut geschulte und konzentriert arbeitende Mitarbeiter sind für die Berechnung der Zuordnungsgenauigkeit des kompletten Weihenstephaner Muldennest-Systems von großer Bedeutung. Intensive Einarbeitung, Kontrollen und Korrekturen sind für eine möglichst fehlerfreie Datenaufnahme außerordentlich wichtig und reduzieren den manuellen Aufwand der Datenkorrektur neben der halbautomatischen Überprüfung.

4.3 Plausibilisierung der hennenspezifischen Eizuordnung mittels Leistungsuntersuchungen

4.3.1 Legeleistung und verlegte Eier

Die Gesamtanzahl an ausgewerteten Tagen (ab 50 % Legeleistung bis zur Ausstallung), sowie das Alter der Hennen zu Legebeginn und bei 50 % Legeleistung (vgl. Kapitel 3.4) sind in Tabelle 4.17 dargestellt. Das Alter zu diesem Zeitpunkt betrug bei den beobachteten Herden zwischen 21 und 24 Wochen. Die erste Legeperiode begann an dem Tag, an dem ein Ei in einem Nest mit geschlossenen Fanggabeln gelegt wurde. Das erste korrekt zugeordnete Ei entsprach demnach nicht zwingend dem ersten Nestei (NE).

Tabelle 4.17: Alter der Hennen zu Legebeginn und bei 50 % Legeleistung

Herde	Herkunft	ausgewertete Tage [N]	Legebeginn		Alter bei 50 % Legeleistung [LW]
			Tage nach Einstallung	Alter [Wochen]	
22	Lohmann Braun	190	13	20	23
23	Lohmann Braun	110	18	19	21
24	Lohmann Braun	116	15	19	21
25	Lohmann Braun	158	1	19	21
26	Lohmann Braun	115	21-35	20	24
27	Lohmann Selected Leghorn	126	29	21	23

Bei allen Herden war die Zunahme der Legeleistung von der ersten Legeperiode zur zweiten Legeperiode am größten (vgl. Tabelle 4.18). Bei den Herden 22 bis 25 und Herde 27 nahm die Legeleistung bis zur Legeperiode 5 zu. Die Mittelwerte der Legeleistungen aller Legeperioden bewegten sich zwischen 59,6 % und 84,1 %. Herde 26 zeigte aufgrund einer offensichtlichen Mattheit, die sich in Bewegungsreduktion und verminderter Nahrungsaufnahme äußerte, ein Legeleistungsdefizit in der dritten Legeperiode. Bei LT-Tieren konnte eine eingeschränkte Bewegungslust beobachtet werden, die sich in einer geringeren Nestgängigkeit äußerte. Ein Infekt in der dritten Legeperiode wurde mit Dosto[®] liquid behandelt. Die mittlere Legeleistung betrug bei 59,6 %, blieb allerdings hinter den anderen Herden zurück. Bei Herde 27 bestand die Haupthennengruppe aus LSL-Tieren, die eine sehr gute Nestgängigkeit aufwiesen. Dies resultierte in hohen Doppel-/Mehrfachbelegungsraten, die auch mit einer Bestandsreduzierung nur schwierig kontrolliert werden konnten. Die LB-Tiere zeigten eine Bewegungsunlust mit einer eingeschränkten Nestgängigkeit. Die Mehrzahl der verlegten Eier stammte von LB-Hennen. Die Legeleistung der gesamten Herden, aufgegliedert in die einzelnen Legeperioden samt Anteil verlegter Eier, zeigt Tabelle 4.18.

Durch Bestandsreduzierung kann der Anteil an verlegten Eiern reduziert werden (vgl. Tabelle 4.6). Der Anteil verlegter Eier an der Gesamteizahl je 28-Tage-Legeperiode wurde pro Herde untersucht. Bei den Herden 22, 23 und 24 lag der Tag der Bestandsreduzierung am Anfang der

4 Ergebnisse

zweiten Legeperiode. Danach konnte eine kontinuierliche Abnahme der Rate verlegter Eier beobachtet werden. Bei Herde 27 wurden in drei Umstellungen bzw. Bestandsreduzierungen in der zweiten und dritten Legeperiode einerseits die Gesamtanzahl der Herde reduziert und andererseits spezielle Bodenleger aus der Herde entfernt. Dies hatte deutliche Auswirkungen auf die Anzahl verlegter Eier. Dennoch waren bei den Herden 26 und 27 hohe Verlegeraten zu beobachten. Bei Herde 26 wurde aufgrund der geringen Mehrfachbelegungsrate keine Bestandsreduzierung durchgeführt. Es wurde nicht aktiv gegen den Anteil Bodeneier (BE) gegengesteuert.

Tabelle 4.18: Überblick über die Legeleistung [%] (obere Zeile, nur Nesteier (NE) berücksichtigt) sowie den Anteil der Bodeneier (BE) an der Gesamtzahl [%] jeder Herde, aufgeteilt nach Legeperioden. Nicht jede Herde war acht Legeperioden eingestallt.

Herde	Herkunft	28-Tage-Legeperiode								Mittelwert [%]
		1	2	3	4	5	6	7	8	
22	LB	28,8	74,1	78,1	79,6	79,8	78,8	76,6	79,3	71,8 % NE
		11,0	13,4	10,5	6,4	4,5	4,5	4,9	7,2	7,8 % BE
23	LB	57,8	88,7	90,5	91,6	91,8				84,1
		6,1	4,0	2,7	1,4	1,2				3,0
24	LB	57,1	84,8	85,5	85,9	86,3				79,9
		10,9	5,4	2,8	2,2	2,0				4,7
25	LB	31,6	90,5	92,0	93,1	92,8	91,4	92,0		83,3
		18,0	1,2	0,8	0,3	0,2	0,3	0,2		3,0
26	LB	26,9	62,6	59,9	67,1	71,4	70,3			59,6
		26,1	17,8	12,8	10,2	13,7	13,2			15,6
27	LSL	39,4	70,5	75,0	81,0	84,1				74,1
		17,9	22,2	18,1	9,1	6,4				14,7

4.3.2 Heritabilitätsschätzungen von Eiquantitätsmerkmalen

Von jeder Herde wurden im Abstand mehrerer Wochen jeweils an zehn aufeinanderfolgenden Tagen Eiquantitätsmerkmale erfasst. Die Schätzung der Heritabilitäten dieser Eiquantitätsmerkmale dient zur Plausibilisierung der Zuordnungsgenauigkeit im Weihenstephaner Muldennest. Eine reduzierte genetische Streuung auf Basis falscher Ei-Hennen-Zuordnungen führt möglicherweise zu niedrigen Erblichkeitswerten oder zu Erblichkeitswerten im Extrembereich ($h^2 = 0$ oder $h^2 = 1$). Zudem sind jeweils angegeben die Standardabweichungen (sd) für die Werte der Eiquantitätsmerkmale, die Varianzkoeffizienten (cv) zur Interpretation der Varianzen aufgrund der altersbedingten Unterschiede der Eiquantitätsmerkmale sowie der Standardfehler (SE) der geschätzten Heritabilität.

Heritabilitätsschätzungen für Herde 22

In Tabelle 4.19 werden die Werte von Eigewicht, Bruchfestigkeit und Eiform dargestellt, sowie die Heritabilität für jedes Merkmal und jeden einzelnen Tag des Erfassungszeitraumes. Im Mai wurde lediglich das Eigewicht erfasst. Die Eigewichte lagen im Mai 2010 im Mittel bei 66,8 g und im Juni bei 67,9 g. Um die altersbedingten Unterschiede im Eigewicht zu berücksichtigen und die Interpretation der Varianzen im Vergleich zu erleichtern, wurde außerdem der Variationskoeffizient berechnet. Das Eigewicht nahm in Übereinstimmung mit der Literatur mit dem Alter zu (vgl. u.a. SIMON ET AL. (2012) in Tabelle A.2).

Tabelle 4.19: Mittelwerte sowie geschätzte Heritabilitäten (h^2) für das tägliche Eigewicht (EG) sowie Bruchfestigkeit (BF) und Eiform (FoI) von Herde 22

Legedatum		Alter [LW]	N [Eier]			EG ^{1,2}		BF ³		FoI ⁴	
Monat	Tag		EG	BF	FoI	\bar{x} [g]	h^2	\bar{x} [N]	h^2	\bar{x} []	h^2
Mai	03.	33	422			66,5	0,74				
Mai	04.	33	417			66,5	0,59				
Mai	05.	33	400			66,8	0,61				
Mai	06.	34	409			66,6	0,60				
Mai	07.	34	402			66,5	0,87				
Mai	08.	34	407			66,8	0,74				
Mai	09.	34	412			66,8	0,57				
Mai	10.	34	399			67,0	0,67				
Mai	11.	34	412			66,9	0,66				
Mai	12.	34	415			67,1	0,74				
						SE	± 0,15				
Juni	07.	38	415	352	413	68,1	0,51	45,9	0,15	0,37	0,51
Juni	08.	38	424	348	413	68,2	0,56	44,1	0,14	0,38	0,43
Juni	09.	38	421	358	428	67,8	0,55	44,4	0,16	0,38	0,43
Juni	10.	39	380	307	384	67,8	0,53	43,1	0,20	0,38	0,47
Juni	11.	39	398	314	389	67,5	0,48	41,9	0,22	0,38	0,55
Juni	12.	39	405	322	398	68,1	0,64	42,5	0,11	0,38	0,41
Juni	13.	39	414	328	402	68,0	0,57	43,4	0,36	0,38	0,67
Juni	14.	39	416	324	402	68,0	0,57	42,3	0,05	0,37	0,49
Juni	15.	39	395	320	394	67,7	0,56	42,2	0,07	0,37	0,43
Juni	16.	39	378	297	373	67,7	0,57	42,2	0,07	0,38	0,23
						SE	± 0,15	SE	± 0,11	SE	± 0,15

¹ Mai: sd ± 4,6 - 5,0; cv[%]: 6,9 - 7,5

² Juni: sd ± 4,6 - 5,0; cv[%]: 6,8 - 7,4

³ sd ± 7,5 - 8,4; cv[%]: 17,0 - 19,8

⁴ sd ± 2,4 - 2,7; cv[%]: 3,1 - 3,5

Die Heritabilitätsschätzwerte für das Eigewicht ergaben sowohl für den Mai als auch den Juni Zeitraum Werte im hoch erblichen Bereich ohne größere Schwankungen. Auffällig hingegen ist die niedrige Heritabilität der Bruchfestigkeit an drei aufeinanderfolgenden Tagen im Juni (14.06 bis 16.06). Aufgrund der stabilen Werte der Eigewichtsheritabilität ($h^2 = 0,56$ und $h^2 = 0,57$) lässt sich die Ursache tendenziell eher in der Datenerfassung vermuten. Möglicherweise wurden Eier mit optisch nicht wahrnehmbaren Haarrissen in die Untersuchungen mit aufgenommen und die Werte dadurch unbewusst verfälscht.

4 Ergebnisse

Heritabilitätsschätzungen für Herde 23

Bei Herde 23 wurden an insgesamt 30 Tagen Eiquantitätsuntersuchungen für das Merkmal Eigewicht durchgeführt. Lediglich für den Zeitraum Anfang Februar konnte zusätzlich die Schalendicke erhoben werden. Die Bruchfestigkeit konnte für keinen der Untersuchungszeiträume erfasst werden, da kein Bruchfestigkeitsmeßgerät zur Verfügung stand.

Tabelle 4.20: Mittelwerte sowie geschätzte Heritabilitäten (h^2) für das tägliche Eigewicht (EG) und die Schalendicke (SD) von Herde 23

Legedatum		Alter [LW]	N [Eier]		EG ^{1,2,3}		SD ⁴	
Monat	Tag		EG	SD	\bar{x} [g]	h^2	\bar{x} [mm]	h^2
November	22.	26	373		62,1	0,43		
November	23.	26	372		62,3	0,58		
November	24.	26	357		62,5	0,55		
November	25.	27	378		62,6	0,42		
November	26.	27	364		62,6	0,50		
November	27.	27	374		63,3	0,39		
November	28.	27	370		62,9	0,49		
November	29.	27	364		62,9	0,46		
November	30.	27	353		63,1	0,48		
Dezember	01.	27	355		63,2	0,42		
					$\bar{S}E$	$\pm 0,51$		
Januar	31	36	391	386	65,9	0,72	0,37	0,28
Februar	01.	36	360	352	65,8	0,66	0,38	0,37
Februar	02.	37	381	379	66,0	0,62	0,38	0,46
Februar	03.	37	379	372	66,3	0,67	0,38	0,44
Februar	04.	37	382	373	66,1	0,62	0,38	0,32
Februar	05.	37	371	368	66,3	0,70	0,38	0,22
Februar	06.	37	374	367	66,7	0,70	0,38	0,45
Februar	07.	37	385	380	66,1	0,79	0,37	0,33
Februar	08.	37	390	386	66,5	0,72	0,37	0,37
Februar	09.	38	371	368	66,5	0,60	0,38	0,32
					$\bar{S}E$	$\pm 0,16$	$\bar{S}E$	$\pm 0,13$
Februar	15.	38	387		66,9	0,75		
Februar	16.	39	378		66,9	0,74		
Februar	17.	39	371		67,0	0,64		
Februar	18.	39	377		67,3	0,79		
Februar	19.	39	366		67,0	0,57		
Februar	20.	39	387		67,0	0,63		
Februar	21.	39	339		66,8	0,85		
Februar	22.	39	387		67,0	0,58		
Februar	23.	40	395		66,5	0,93		
Februar	24.	40	396		66,5	0,64		
					$\bar{S}E$	$\pm 0,50$		

¹ November: sd $\pm 4,1 - 4,6$; cv[%]: 6,5 - 7,4

² Jan./Feb.: sd $\pm 4,7 - 5,0$; cv[%]: 7,1 - 7,5

³ Februar: sd $\pm 4,9 - 5,1$; cv[%]: 7,3 - 7,6

⁴ sd $\pm 0,02$; cv[%]: 5,3

Aufgrund des fortgeschrittenen Zeitraums des Gesamtexperiments wurde ein Tag zur Verifizierung der Zuordnungsgenauigkeit des Systems mittels Genotypisierung ausgewählt. Da bis zu diesem Zeitpunkt die Heritabilitäten des Eigewichts in Verbindung mit den Heritabilitäten der Bruchfestigkeit keinen Verdacht auf Falschzuordnungen des Systems schließen ließen, wurde ein Tag, der 17. Februar, mit repräsentativer Heritabilität mit $h^2 = 0,64$ für das Eigewicht in möglichst homogener Umgebung ausgewählt. Lediglich die Heritabilität für das Eigewicht des 23. Februar erscheint vergleichsweise hoch mit $h^2 = 0,93$.

Heritabilitätsschätzungen für Herde 24

Herde 24 wurde im Mai 2011 mit 25/26 Lebenswochen und neun bis zehn Wochen später im Juli 2011 getestet. Das mittlere Eigewicht nahm deutlich zu. Während das durchschnittliche Eigewicht im Mai 2011 bei 60,3 g lag, erhöhte es sich bis Juli auf 66,6 g.

Tabelle 4.21: Mittelwerte (\bar{x}) und geschätzte Heritabilitäten (h^2) für das tägliche Eigewicht (EG), Bruchfestigkeit (BF), Schalendicke (SD) und Eiform (FoI) von Herde 24

Tag	N [Eier]				EG ^{1,2}		BF ^{3,4}		SD ^{5,6}		FoI ^{7,8}	
	EG	BF	SD	FoI	\bar{x} [g]	h^2	\bar{x} [N]	h^2	\bar{x} [mm]	h^2	\bar{x} [°]	h^2
15.	186	160	184	186	59,9	0,40	39,5	0,28	0,32	0,58	79,0	0,51
16.	155	136	152	155	59,4	0,43	41,8	0,23	0,33	0,53	78,8	0,63
17.	166	151	165	166	60,0	0,45	43,8	0,51	0,34	0,43	78,8	0,35
18.	177	141	176	177	60,8	0,28	45,4	0,02	0,34	0,88	78,7	0,58
19.	172	145	171	172	60,7	0,17	43,5	0,00	0,33	0,77	78,8	0,09
20.	170	141	165	170	60,3	0,33	43,8	0,08	0,34	0,66	78,9	0,16
21.	176	139	173	174	60,4	0,31	42,9	0,04	0,33	0,57	79,3	0,28
22.	167	137	164	167	60,6	0,51	42,3	0,45	0,33	0,47	79,6	0,82
23.	178	146	176	177	60,8	0,16	43,5	0,24	0,34	0,50	79,6	0,25
24.	177	152	175	177	60,2	0,19	43,8	0,21	0,34	0,65	80,0	0,24
					$\bar{S}E$	$\pm 0,18$	$\bar{S}E$	$\pm 0,19$	$\bar{S}E$	$\pm 0,19$	$\bar{S}E$	$\pm 0,19$
18.	181	137	180	181	66,2	0,02	45,7	0,00	0,35	0,88	78,7	0,50
19.	177	142	118	178	66,1	0,22	45,5	0,34	0,36	0,89	79,3	0,41
20.	187	0	187	186	66,7	0,33	n.a	n.a.	0,36	0,57	79,3	0,37
21.	182	154	182	181	66,9	0,24	45,6	0,00	0,36	0,80	79,3	0,33
22.	182	147	179	179	66,7	0,43	46,2	0,40	0,36	0,51	79,2	0,29
23.	182	138	179	179	67,0	0,21	45,7	0,36	0,35	0,75	79,2	0,29
24.	187	141	184	183	66,9	0,35	45,2	0,00	0,35	0,60	79,2	0,40
25.	185	154	184	184	66,6	0,44	46,5	0,06	0,36	0,55	79,5	0,65
26.	188	151	185	188	66,6	0,43	44,5	0,05	0,36	0,64	79,4	0,47
27.	193	150	193	193	66,5	0,30	44,6	0,24	0,35	0,72	79,4	0,40
					$\bar{S}E$	$\pm 0,17$	$\bar{S}E$	$\pm 0,19$	$\bar{S}E$	$\pm 0,19$	$\bar{S}E$	$\pm 0,19$

¹ Mai: sd \pm 3,9 - 4,8; cv[%]: 6,6 - 7,9

² Juli: sd \pm 4,0 - 4,6; cv[%]: 6,0 - 6,9

³ Mai: sd \pm 7,5 - 9,2; cv[%]: 17,0 - 21,0

⁴ Juli: sd \pm 6,5 - 7,7; cv[%]: 14,2 - 16,9

⁵ Mai: $\bar{s}d \pm$ 0,03; cv[%]: 8,8 - 9,4

⁶ Juli: $\bar{s}d \pm$ 0,03; cv[%]: 8,3 - 8,6

⁷ Mai: sd \pm 2,4 - 3,0; cv[%]: 3,0 - 3,8

⁸ Juli: sd \pm 2,6 - 2,9; cv[%]: 3,3 - 3,7

Auffällig ist die hohe Anzahl an Tagen mit niedrigen Heritabilitäten der Bruchfestigkeit im Vergleich zum Eigewicht. An einem Tag im Mai und drei Tagen im Juli beträgt die Heritabilität der Bruchfestigkeit $h^2 = 0,0$. Interessant sind dabei diejenigen Tage, an welchen die Heritabilität von Eigewicht und Bruchfestigkeit gleichzeitig niedrig ist, wie z.B. am 19. Mai 2011 und besonders am 18. Juli 2011. Trotz einer niedrigen Anzahl an getesteten Eiern ($N \sim 137$ für Bruchfestigkeit) kann hier eine Falschzuordnung von Ei zu Henne nicht ausgeschlossen werden. Die Erblichkeitswerte für die Schalendicke und der Eiform zeigen der Literatur entsprechende Werte auf.

An den anderen Versuchstagen beträgt die Heritabilität des Eigewichts mittlere Werte, die in Kombination mit der extrem niedrigen Heritabilität für die Bruchfestigkeit nicht auf eine Falschzuordnung schließen lassen. Wahrscheinlicher ist hier die Verzerrung der Werte aufgrund von Eiern, die möglicherweise mit visuell nicht erkennbaren Haarrissen trotzdem in die Auswertung mit aufgenommen wurden.

Das Auftreten von Heritabilitäten für die Bruchfestigkeit von $h^2 = 0$, $h^2 = 0,06$ und $h^2 = 0,05$ an mehreren aufeinanderfolgenden Tagen ist merkwürdig, jedoch mit der niedrigen Anzahl an getesteten Eiern und der Schätzung von Heritabilitäten basierend auf Tageseinzelwerten erklärbar.

Heritabilitätsschätzungen für Herde 25

Die eingestellten Braunleger der Herde 25 entstammten zwei separaten Elterntierlinien. Folglich wurden auch die Heritabilitätskoeffizienten separat geschätzt. Dies erklärt die reduzierten Tierzahlen im Vergleich zu den anderen Herden. Für Herde 25 wurden im Januar 2012 mit 32/33 Lebenswochen und Februar/März 2012 mit 40/41 Lebenswochen Eiquantitätsmerkmale erfasst. Die Tabellen 4.22 und 4.23 zeigen das durchschnittliche Eigewicht, Bruchfestigkeit, Schalendicke und Eiform sowie deren Heritabilitäten für jeden einzelnen Versuchstag. Bei den Braunlegern der Linie LB_t57 lag das mittlere Eigewicht im Januar bei 66,7 g und hatte sich bis zum März 2012 mit 66,6 g nicht verändert. Die durchschnittliche Bruchfestigkeit im Januar 2012 betrug 49 N, im März 2012 48 N.

Die Heritabilitäten für das Eigewicht von Linie LB_t57 zeigen im ersten Versuchszeitraum stärkere Schwankungen als im zweiten Zeitraum März. An den beiden Tagen mit geringeren Erblichkeitswerten ($h^2 = 0,17$ und $h^2 = 18$) zeigten auch die Heritabilitäten für die Bruchfestigkeit niedrigere Werte ($h^2 = 0,06$ und $h^2 = 0,11$). Der Erblichkeitswert für die Eiform nahm sogar Extremwerte an (Tabelle 4.22). Eine falsche Ei-Hennen-Zuordnung kann deshalb an diesen Tagen nicht ausgeschlossen werden.

Sowohl am 11. Januar als auch am 29. Februar wiesen die Erblichkeitswerte für die Eiform extrem niedrige Werte auf ($h^2 = 0,04$ und $h^2 = 0,08$). Da bei keinem anderen Merkmal Heritabilitäten im Extrembereich geschätzt wurden, ist die Ursache möglicherweise in der Datenaufnahme begründet. Die Erblichkeitswerte des Eigewichts wiesen während des zweiten Versuchszeitraumes einen stabileren Verlauf auf.

Für Linie LB_t97 von Herde 25 wurde am 29. Juli eine hohe Heritabilität für das Eigewicht von $h^2 = 0,8$, für die Bruchfestigkeit jedoch eine Heritabilität von $h^2 = 0,08$ geschätzt. Die Erblichkeitswerte von Schalendicke und Eiform zeigen der Literatur entsprechende Werte.

Tabelle 4.22: Mittelwerte (\bar{x}) und Heritabilitäten (h^2) für das tägliche Eigewicht (EG), Bruchfestigkeit (BF), Schalendicke (SD) und Eiform (FoI) der Eier von Linie LB_t57 der Herde 25

Tag	N [Eier]				EG ^{1,2}		BF ^{3,4}		SD ^{5,6}		FoI ^{7,8}	
	EG	BF	SD	FoI	\bar{x} [g]	h^2	\bar{x} [N]	h^2	\bar{x} [mm]	h^2	\bar{x} []	h^2
02.	198	173	190	196	65,9	0,17	48,3	0,06	0,37	0,41	79,0	0,00
03.	196	164	192	195	66,2	0,24	48,3	0,36	0,36	0,34	78,8	0,12
04.	197	165	195	195	67,0	0,27	48,0	0,63	0,37	0,48	78,7	0,23
05.	183	160	181	183	67,1	0,28	49,1	0,10	0,37	0,45	79,2	0,19
06.	197	169	193	195	66,0	0,31	49,8	0,55	0,37	0,33	79,6	0,16
07.	190	166	186	191	66,7	0,18	50,0	0,11	0,37	0,68	78,6	0,01
08.	193	168	191	193	67,1	0,61	50,4	0,35	0,37	0,61	78,5	0,35
09.	191	161	189	191	67,1	0,27	50,1	0,32	0,37	0,71	78,7	0,10
10.	198	176	196	198	67,0	0,49	49,2	0,42	0,37	0,71	78,7	0,22
11.	192	161	190	193	66,9	0,46	48,8	0,36	0,36	0,58	78,5	0,04
					$\bar{S}E$	$\pm 0,18$	$\bar{S}E$	$\pm 0,19$	$\bar{S}E$	$\pm 0,21$	$\bar{S}E$	$\pm 0,14$
28.	181	144	177	180	65,2	0,25	46,4	0,62	0,34	0,54	77,9	0,14
29.	173	138	169	173	65,2	0,44	45,8	0,30	0,34	0,37	77,7	0,08
01.	181	148	180	180	66,8	0,48	50,0	0,39	0,37	0,53	78,2	0,22
02.	191	156	187	186	66,9	0,35	52,1	0,12	0,37	0,53	78,7	0,25
03.	192	163	190	191	66,6	0,38	45,7	0,33	0,37	0,45	78,4	0,12
04.	195	170	195	195	66,3	0,58	48,6	0,33	0,38	0,37	78,2	0,30
05.	194	174	192	193	66,7	0,35	47,5	0,27	0,38	0,18	77,9	0,36
06.	193	162	193	192	66,4	0,49	47,9	0,11	0,38	0,38	78,0	0,51
07.	189	156	187	187	67,1	0,31	48,3	0,11	0,38	0,25	77,9	0,42
08.	193	164	191	190	67,7	0,40	47,8	0,28	0,38	0,62	77,7	0,23
					$\bar{S}E$	$\pm 0,20$	$\bar{S}E$	$\pm 0,19$	$\bar{S}E$	$\pm 0,21$	$\bar{S}E$	$\pm 0,14$

- ¹ Januar: sd \pm 4,1 - 4,6; cv[%]: 6,2 - 6,9
² März: sd \pm 4,5 - 4,6; cv[%]: 6,7 - 7,2
³ Januar: sd \pm 6,7 - 7,6; cv[%]: 13,3 - 16,0
⁴ März: sd \pm 7,0 - 8,4; cv[%]: 14,5 - 18,2
⁵ Januar: $\bar{s}d \pm$ 0,02; cv[%]: 5,4 - 5,6
⁶ März: $\bar{s}d \pm$ 0,02; cv[%]: 5,3 - 8,1
⁷ Januar: sd \pm 1,8 - 2,7; cv[%]: 2,3 - 2,7
⁸ März: sd \pm 2,0 - 2,3; cv[%]: 2,6 - 2,9

Eine Heritabilität der Bruchfestigkeit von $h^2 = 0,02$ in Kombination mit dem Erblichkeitswert von $h^2 = 0,38$ für das Eigewicht lässt eher auf Fehler in der Datenerfassung schließen, wie z.B. Haarrisse bei Eiern, die optisch nicht erkennbar waren. Zudem kann die Schätzung auf Heritabilitäten auf Basis von Einzeltageswerten einer relativ geringen Anzahl an Eiern zu diesen Schwankungen beitragen. Auffällig ist an diesem Tag allerdings die ebenfalls extrem niedrige Heritabilität für die Schalendicke und die Eiform.

An drei weiteren Tagen wurden sehr niedrige Heritabilitäten festgestellt. Am 03. März wurde der Erblichkeitswert für die Eiform mit $h^2 = 0,08$ geschätzt und am 06. März und 07. März wurde jeweils die Erblichkeit für die Schalendicke auf $h^2 = 0,06$ geschätzt. Da an jedem der drei Tage die Heritabilität nur eines Merkmals einen extrem niedrigen Wert aufwies, ist die Ursache davon möglicherweise eher in der Datenerfassung zu sehen, als in der automatisierten Ei-Hennen-Zuordnung des Systems.

4 Ergebnisse

Tabelle 4.23: Mittelwerte (\bar{x}) und Heritabilitäten (h^2) für das tägliche Eigewicht (EG), Bruchfestigkeit (BF), Schalendicke (SD) und Eiform (FoI) der Eier von Linie LB_197 der Herde 25

Tag	N [Eier]				EG ^{1,2}		BF ^{3,4}		SD ^{5,6}		FoI ^{7,8}	
	EG	BF	SD	FoI	\bar{x} [g]	h^2	\bar{x} [N]	h^2	\bar{x} [mm]	h^2	\bar{x} []	h^2
02.	205	142	196	201	66,8	0,36	48,6	0,37	0,35	0,29	78,5	0,29
03.	209	158	201	208	66,4	0,38	46,6	0,02	0,34	0,07	78,8	0,07
04.	211	169	205	206	67,1	0,38	48,8	0,83	0,35	0,23	78,9	0,23
05.	196	146	192	194	67,4	0,45	50,2	0,39	0,36	0,22	79,1	0,22
06.	203	158	198	200	66,8	0,52	48,9	0,17	0,35	0,10	79,2	0,10
07.	209	168	205	208	67,0	0,39	49,4	0,21	0,35	0,15	78,8	0,15
08.	198	162	195	198	67,2	0,42	50,3	0,29	0,36	0,37	78,1	0,37
09.	197	149	195	196	67,3	0,32	49,3	0,34	0,35	0,21	78,7	0,21
10.	205	162	202	206	67,3	0,36	48,2	0,18	0,35	0,12	78,5	0,12
11.	205	148	199	202	67,6	0,26	46,3	0,39	0,34	0,46	78,3	0,46
					$\bar{S}E$	$\pm 0,17$	$\bar{S}E$	$\pm 0,19$	$\bar{S}E$	$\pm 0,16$	$\bar{S}E$	$\pm 0,14$
28.	200	147	195	196	65,9	0,35	45,4	0,45	0,34	0,71	78,1	0,11
29.	172	132	165	168	66,7	0,80	44,1	0,08	0,33	0,31	77,7	0,27
01.	191	155	189	189	68,4	0,57	49,8	0,40	0,36	0,24	78,2	0,47
02.	199	161	197	196	68,1	0,50	51,2	0,21	0,37	0,44	78,7	0,33
03.	198	159	196	195	67,3	0,50	47,7	0,16	0,37	0,42	78,5	0,08
04.	198	169	196	193	67,7	0,53	47,3	0,24	0,37	0,07	78,1	0,25
05.	192	157	191	191	67,2	0,54	47,7	0,29	0,37	0,26	78,2	0,11
06.	201	170	196	196	67,5	0,27	48,0	0,51	0,37	0,06	77,7	0,28
07.	204	173	202	200	67,7	0,42	47,0	0,43	0,37	0,06	77,5	0,22
08.	197	162	193	194	68,1	0,54	46,6	0,62	0,37	0,19	77,4	0,24
					$\bar{S}E$	$\pm 0,19$	$\bar{S}E$	$\pm 0,20$	$\bar{S}E$	$\pm 0,18$	$\bar{S}E$	$\pm 0,19$

¹ Januar: sd \pm 4,9 - 5,3; cv[%]: 7,3 - 7,9

² März: sd \pm 4,7 - 5,7; cv[%]: 7,1 - 8,3

³ Januar: sd \pm 6,6 - 7,8; cv[%]: 13,6 - 16,7

⁴ März: sd \pm 7,5 - 9,0; cv[%]: 15,7 - 19,2

⁵ Januar: $\bar{s}d \pm$ 0,02; cv[%]: 5,6 - 5,9

⁶ März: $\bar{s}d \pm$ 0,02; cv[%]: 5,4 - 9,1

⁷ Januar: sd \pm 1,9 - 2,3; cv[%]: 2,4 - 2,9

⁸ März: sd \pm 2,0 - 2,3; cv[%]: 2,6 - 3,1

Heritabilitätsschätzungen für Herde 26

Für Herde 26 wurden während der 28./29. Lebenswoche und der 40./41. Lebenswoche das Einzeleigewicht, Bruchfestigkeit sowie Schalendicke und Eiform erfasst. Zwischen beiden Erfassungsdurchgängen erhöhte sich das durchschnittliche Tageseigewicht von 59,1 g im Juli 2012 auf 66,2 g im Oktober 2012.

Der erste Versuchszeitraum zeigte mit Heritabilitäten für das Eigewicht zwischen $h^2 = 0,04$ und $h^2 = 0,60$ einen heterogenen Verlauf. Die Erblichkeitswerte der Bruchfestigkeit wiesen an vier von zehn Tagen sehr niedrige Werte auf, jedoch nicht an aufeinanderfolgenden Tagen. Jeden zweiten Tag zeigte entweder die Heritabilität für das Eigewicht oder die Bruchfestigkeit extrem niedrige Werte von $h^2 < 0,1$. Lediglich am 27. Juli trat eine niedrige Heritabilität für das Eigewicht in Kombination mit einem niedrigen Erblichkeitswert für die Bruchfestigkeit auf. An diesem Tag könnte theoretisch eine systemische Falschzuordnung von Ei zu Henne

in Betracht gezogen werden. An allen anderen Tagen könnten Fehler in der Datenerfassung in Kombination mit der Schätzung der Heritabilitäten auf Basis von Tageseinzelwerten die Ursache der niedrigen Erblichkeitswerte darstellen.

Im zweiten Versuchszeitraum der Herde 26 konnten zwei Tage mit Extremwerten der Heritabilität für Bruchfestigkeit beobachtet werden. Allerdings wiesen die Erblichkeitswerte an diesen Tagen Werte im Bereich der Literatur auf. Des Weiteren traten die Extremwerte nicht an zwei aufeinanderfolgenden Tagen auf. Daher sind zur Erklärung dieser Heritabilitäts-Extremwerte ebenfalls die oben aufgeführten Gründe anzubringen.

Tabelle 4.24: Mittelwerte (\bar{x}) und Heritabilitäten (h^2) für das tägliche Eigewicht (EG), Bruchfestigkeit (BF), Schalendicke (SD) und Eiform (Fol) der Eier von Herde 26

Tag	N [Eier]				EG ^{1,2}		BF ^{3,4}		SD ⁵		Fol ⁶	
	EG	BF	SD	Fol	\bar{x} [g]	h^2	\bar{x} [N]	h^2	\bar{x} [mm]	h^2	\bar{x} []	h^2
20.	219	164	217	219	59,4	0,47	38,8	0,37	0,31	0,34	78,8	0,22
21.	224	162	220	222	59,1	0,51	39,1	0,07	0,31	0,13	79,0	0,21
22.	217	177	216	217	59,0	0,25	41,8	0,41	0,33	0,32	79,4	0,29
23.	209	192	208	215	59,9	0,28	45,4	0,06	0,35	0,28	79,3	0,28
24.	235	206	234	235	60,2	0,51	46,4	0,13	0,36	0,22	79,5	0,16
25.	212	189	210	213	59,6	0,60	48,4	0,03	0,36	0,49	79,5	0,24
26.	189	179	188	0	59,0	0,33	52,2	0,33	0,37	0,43	n.a.	n.a.
27.	197	186	197	197	58,4	0,09	53,4	0,15	0,37	0,41	79,0	0,35
28.	187	175	186	186	58,1	0,14	53,0	0,26	0,37	0,35	78,8	0,34
29.	178	161	177	178	58,7	0,04	53,9	0,36	0,37	0,38	78,6	0,57
					$\bar{S}E$	$\pm 0,19$	$\bar{S}E$	$\pm 0,20$	$\bar{S}E$	$\pm 0,20$	$\bar{S}E$	$\pm 0,19$
10.	280	229			66,6	0,37	46,6	0,31				
11.	280	229			65,7	0,43	49,4	0,12				
12.	264	214			66,0	0,54	51,0	0,00				
13.	273	223			66,4	0,45	51,5	0,31				
14.	279	234			66,6	0,59	51,3	0,21				
15.	270	227			66,2	0,41	49,9	0,21				
16.	271	221			66,1	0,55	49,8	0,43				
17.	266	210			65,9	0,36	49,1	0,08				
18.	273	228			66,5	0,46	49,5	0,17				
19.	277	222			66,3	0,27	50,6	0,38				
					$\bar{S}E$	$\pm 0,17$	$\bar{S}E$	$\pm 0,17$				

¹ Juli: sd \pm 4,2 - 4,7; cv[%]: 7,0 - 7,8

² Oktober: sd \pm 4,7 - 5,1; cv[%]: 6,9 - 7,7

³ Juli: sd \pm 7,5 - 8,7; cv[%]: 15,8 - 22,7

⁴ Oktober: sd \pm 7,3 - 8,2; cv[%]: 14,8 - 16,7

⁵ Juli: $\bar{s}d \pm$ 0,03; cv[%]: 8,1 - 9,7

⁶ Juli: sd \pm 2,2 - 2,5; cv[%]: 2,8 - 3,2

5 Diskussion

Das Weihenstephaner Muldennest ermöglicht die automatische Erfassung tierindividueller Leistungs- und Verhaltensmerkmale in der Boden- und Freilandhaltung innerhalb größerer Gruppen. Es stellt somit eine ideale Testumwelt für die Leistungsprüfung unter praxisnahen Bedingungen dar. Enorm wichtig für die optimale Zuchtauslese ist die richtige Ei-Hennen-Zuordnung auf Einzeltierebene. Verhaltensmerkmale wie die Nestaufenthaltsdauer oder der Eiablagezeitpunkt können erfasst und zu Legeleistungsdaten in Beziehung gesetzt werden. Diese Daten können von Züchtern zur optimalen Zuchtwertschätzung für die Selektion auf Alternativhaltung verwendet werden.

5.1 Abstammungsüberprüfung mithilfe der Genotypisierung

Die Heritabilitätschätzung für das tägliche Eigewicht ergab bei ICKEN (2009) in drei von vier getesteten LB-Herden an wenigen Tagen der Untersuchungszeiträume Extremwerte von $h^2 = 0$ oder $h^2 = 1$. Beide Varianten der Extrema erscheinen gleichermaßen unwahrscheinlich, sodass Heritabilitätschätzwerte in diesen Bereichen Unstimmigkeiten in der Datenaufnahme oder in der Ei-Hennen-Zuordnung signalisierten (ICKEN 2009).

Um Hinweise auf Zuordnungsungenauigkeiten zu erhalten, war zu Beginn der Studie angedacht, alle Eier der einzelnen Tage eines Zehn-Tages-Zeitraumes, deren geschätzte Heritabilitäten für das tägliche Eigewicht in Extrembereichen lagen, für die Genotypisierung anzubrüten. Es stellte sich heraus, dass für das Eigewicht bei keiner der untersuchten Herden Heritabilitäten im Extrembereich ermittelt worden waren und das ursprünglich geplante Verfahren daher nicht sinnvoll war (vgl. Kapitel 4.3.2). Gleichwohl bedeuteten diese Ergebnisse aber auch, dass sowohl die Datenaufnahme als auch die Ei-Hennen-Zuordnung des Systems bereits ein gutes Genauigkeitsniveau erreicht hatten. Dies bestätigen auch die Ergebnisse der Auswertung auf Datenbasis mit Zuordnungsgenauigkeiten von bis zu 97 % bzw. bis zu 99 % nach manueller Zuordnung (vgl. Kapitel 4.2.3). Aus diesem Grund wurde die Genotypisierung nun zur Überprüfung, zudem aber auch zur Bestätigung der Richtigkeit der Ei-Hennen-Zuordnung des Systems eingesetzt. Außerdem können so weniger offensichtliche Fehlerquellen in der Zuordnung aufgedeckt werden, die für die Weiterentwicklung des Systems dienlich sein können.

5.1.1 DNA-Extraktion

MARX ET AL. (2002) untersuchten die Zuordnungsgenauigkeit des „Marienseer Autonestes“ anhand einer Genotypisierung an zehn Mikrosatelliten. Hierbei waren zehn Hennen und ein Hahn der Rasse New Hampshire in Bodenhaltung einstellt, mit Zugang zu vier Nestern. Die DNA-Gewinnung aus Blut und aus Embryonen wurde hauptsächlich mit Extraktionskits durchgeführt (MARX ET AL. 2002; KLEIN & ELLENDORFF 2000). Der Embryo war bei diesen Studien bereits fünf Tage alt, da hierbei Blastodermzellen entnommen wurden (KLEIN & ELLENDORFF 2000). Auch VAN DE GOOR ET AL. (2011a, b); BERTHOULY ET AL. (2009);

ROMANOV & WEIGEND (2001) und FISHER ET AL. (2009) nutzten Extraktionskits zur Gewinnung von DNA aus Vollblut. Bei der Mehrzahl der Studien, z. B. von BJORNSTAD & ROED (2002); MUCHADEYI ET AL. (2007); GRANEVITZE ET AL. (2007); CHATTERJEE ET AL. (2010); HARA ET AL. (2010); LIU ET AL. (2011) und CUC ET AL. (2010), wurde für Diversitäts- oder Abstammungsuntersuchungen die DNA aus Vollblut mittels Phenol-Chloroform-Extraktion gewonnen. Hierzu wurde hauptsächlich auf die Protokolle von SAMBROOK ET AL. (1989) oder SAMBROOK ET AL. (2001) verwiesen.

Bisher war kein Verfahren zur material-effizienten, schnellen und kostengünstigen DNA-Extraktion in diesem Maße verfügbar. In Vorversuchen für die vorliegende Studie wurde die DNA-Extraktion mithilfe von DNA-Extraktionskits (DNeasy Blood & Tissue Kit von Qiagen), durch Phenol-Chloroform-Extraktion nach LIEN ET AL. (1990) und durch Salzfällung durchgeführt. Die einzelnen Methoden wurden nach Kriterien des Zeitaufwandes, der Kosten, des Durchsatzes und der DNA-Ausbeute evaluiert (siehe Anhang A).

Sowohl die Verwendung von DNA-Extraktionskits als auch die Methode der Phenol-Chloroform-Extraktion schied für vorliegende Analysen aus. Die Kosten beliefen sich bei beiden Methoden auf ca. drei Euro pro Probe im Vergleich zu weniger als einem Euro pro Probe bei der Extraktion durch Salzfällung. Unter dem Gesichtspunkt der nachhaltigen Verwendung von Forschungsgeldern war dies ein bedeutender Aspekt. Zudem stellten der Probendurchsatz pro Tag und das Gefährdungspotenzial der Phenol-Chloroform-Extraktion weitere negative Aspekte dar, die gegen diese Methodik sprachen. Das Verfahren von HEYEN ET AL. (1997) zur DNA-Extraktion aus Bullensperma mittels Salzfällung wurde für Embryonengewebe weiterentwickelt und auf einen hohen Durchsatz an Proben optimiert.

5.1.2 Verteilung der SNPs

Diverse Abstammungsstudien wurden bisher mit Mikrosatellitenmarkern durchgeführt (VAN DE GOOR ET AL. 2011a, b; BERTHOULY ET AL. 2008; BJORNSTAD & ROED 2002; GRANEVITZE ET AL. 2007; MUCHADEYI ET AL. 2007; MWACHARO ET AL. 2007; ROSENBERG ET AL. 2001; MARX ET AL. 2002). Vorteil der Mikrosatelliten ist ein höherer Zuordnungserfolg aufgrund der multi-allelischen Natur der Mikrosatelliten (TWITO ET AL. 2007). Allerdings stellen SNPs als Marker wegen der möglichen breiteren Verteilung im Genom und der geringeren Kosten eine effektive Alternative zu Mikrosatelliten dar (TWITO ET AL. 2007).

Die in dieser Studie verwendeten SNPs wurden von Dr. Steffen Weigend des Friedrich Löffler Institutes zur Verfügung gestellt. Diese SNPs waren bereits zuvor für spezielle Projekte bezüglich Amyloidose bzw. E.coli ausgewählt worden, in spezifischen Genomregionen lokalisiert und schon bei KBioscience validiert. Dies erklärt die Ansammlung der SNPs auf bestimmten Chromosomen und Chromosomenregionen (siehe Abbildung 4.1). Die Validierung neuer SNPs - der kostspieligste Teil der Genotypisierung - wurde aufgrund einer nachhaltigen Verwendung finanzieller Mittel nicht angestrebt. Insgesamt standen 384 SNPs zur Verfügung. Anhand einer MAF von 0,25 in der genotypisierten Population des ursprünglichen Projektes, einer möglichst gleichmäßigen Verteilung über das Genom und die Chromosomen sowie unter Berücksichtigung des Kostenaspektes wurden 248 SNPs für die Genotypisierung ausgewählt.

Nahe beieinander liegende SNPs stehen in hohem Kopplungsungleichgewicht. Daher ist davon auszugehen, dass die Anzahl informativer (da unabhängiger) SNPs deutlich geringer als 248 gewesen sein dürfte (KRANIS ET AL. 2013). Abbildung 5.1 zeigt im Vergleich die ideale Verteilung von SNPs innerhalb des Genoms und der Chromosomen. Eine breitere Verteilung der SNPs hätte eine bessere Informativität der einzelnen SNPs gewährleistet und möglicherweise eine hennenspezifische Zuordnung rein auf Basis der Genotypisierungsdaten ermöglicht.

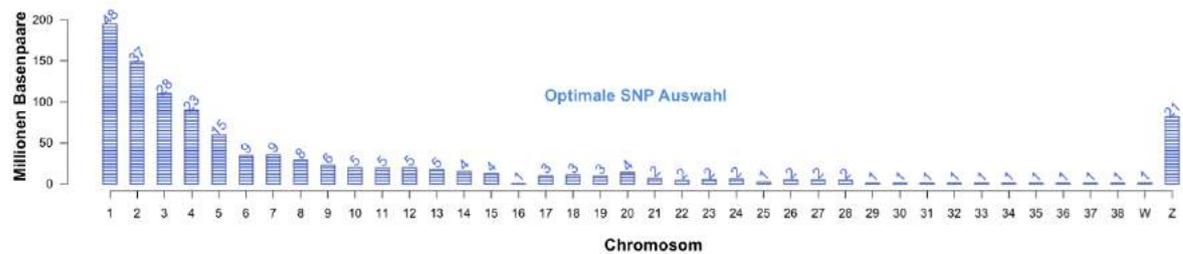


Abbildung 5.1: Optimale Verteilung der SNPs auf Chromosomen und Genom.

Bei einer Wiederholung des Experiments, zum Beispiel zur Überprüfung der Funktionalität der manuellen Zuordnungsprinzipien von Mehrfachzuordnungen, Herdeneiern, Doppelbelegungen und ID-Fehlern, wären daher die Auswahl spezifischer SNPs und ihre Validierung zu empfehlen. Dies würde die Aussagekraft der einzelnen SNPs erhöhen und eine Berechnung der benötigten SNP-Anzahl ermöglichen. Basis für die SNP-Auswahl könnte der 600 K Affymetrix® Axiom® HD Genotypisierungs-Array von KRANIS ET AL. (2013) sein. Über 580.000 SNPs stehen dort zur Verfügung, davon über die Hälfte polymorph, mit hohen Typisierungsraten, einheitlicher Verteilung über das Genom und stabiler Mendelscher Vererbung (KRANIS ET AL. 2013). Dieser Chip war zum Zeitpunkt der vorliegenden Untersuchungen noch nicht verfügbar.

5.1.3 Zuordnungsgenauigkeit

In der Vergangenheit wurde Mikrosatelliten aufgrund vielfältiger positiver genetischer und technischer Eigenschaften (siehe Kapitel 2) verwendet, um Rassen zu vergleichen und die Diversität zu untersuchen (GROENEVELD ET AL. 2010; MUCHADEYI ET AL. 2007; BERTHOULY ET AL. 2008), um Tiere einer Rasse zuzuordnen (MANEL ET AL. 2005), um Tiere zu identifizieren (VAN DE GOOR ET AL. 2011a, b) oder um Abstammungstests durchzuführen (MARX ET AL. 2002). BERTHOULY ET AL. (2008) konnten von 687 Tieren aus 20 französischen und asiatischen Linien, die an 14 Mikrosatelliten genotypisiert wurden, 94 % der Tiere der richtigen Linie zuordnen. Bei Rindern konnten von 4.162 genotypisierten Tieren aus 20 Rassen, an 16 Mikrosatelliten genotypisiert, 88 % der richtigen Rasse zugeordnet werden. Da Tiere aus verschiedenen Populationen oder Linien genetisch diverser sind als Tiere innerhalb einer Population oder gar innerhalb einer Familie, ist eine vergleichsweise unspezifische Auswahl an Mikrosatelliten für einen hohen Zuordnungserfolg ausreichend.

Eine Abstammungsüberprüfung **innerhalb der Familie** mittels Genotypisierung beim Huhn wurde von MARX ET AL. (2002) durchgeführt. Hierbei waren zehn Hennen und ein Hahn der Rasse *New Hampshire* in Bodenhaltung eingestallt, mit Zugang zu vier „Marienseer

Autonestern“. Die Ei-Hennen-Zuordnung erfolgte, wie in der vorliegenden Studie, mittels Transponder-System und spezifischer Legeabfolge in einer Sammelrinne. Für die Abstammungsüberprüfung wählten die Autoren zehn polymorphe Mikrosatellitenmarker aus, von denen sich sechs Marker als aussagekräftig erwiesen. Von 102 befruchteten und genotypisierten Eiern stimmte in 100 Fällen die vom elektronischen System zugeordnete Henne mit der über den DNA-Fingerprint zugeordneten Henne überein. Dies entsprach einer Zuordnungsrate von 98 %. Zwei falsch zugeordnete Eier wurden durch eine manuelle Falschzuordnung nach dem Legen erklärt. Bei einem Nest-Hennen-Verhältnis von 1:2,5 ist die Wahrscheinlichkeit von Falschzuordnungen gering. Allerdings stellt diese Aufstallung kein praxisübliches System dar, sondern ein reines Versuchssystem. In der vorliegenden Studie folgte das Nest-Hennen-Verhältnis von 1:7 bis 1:8 den Managementempfehlungen des Legehennenzüchters (LOHMANN TIERZUCHT 2013b) und entsprach somit praxisähnlichen Bedingungen. Damit einher ging eine zu erwartende höhere Fehlerfrequenz in Form von Doppelbelegungen bzw. Mehrfachbelegungen.

SNPs haben sich aufgrund ihrer hochfrequenten Verteilung im Genom, den niedrigeren Kosten pro Datenpunkt und der Verfügbarkeit von High-through-put-Protokollen in den Untersuchungen zur Abstammung und Differenzierung der Rassen durchgesetzt. In vorliegender Studie stimmte bei 309 von 310 befruchteten und genotypisierten Eiern die vom Weihenstephaner Muldennest zugeordnete Henne mit der über die Genotypisierung zugeordneten Henne überein. Dies entsprach einem Zuordnungserfolg von 99,7 %. Die Abstammungsüberprüfung mithilfe des unabhängigen Instruments der Genotypisierung erzielte in dieser Studie gute Zuordnungsgenauigkeiten. Eine hohe Genauigkeit in der hennenspezifischen Eizuordnung des Weihenstephaner Muldennestes konnte durch die Genotypisierung bestätigt werden. Eine Ei-Hennen-Zuordnung rein auf Basis der Genotypisierung war nicht möglich. Dies lag daran, dass die Verwandtschaft der Tiere einer Linie und innerhalb von Familien extrem hoch ist und zur eindeutigen Zuordnung von Tieren innerhalb einer Familie deshalb eine entsprechend hohe Anzahl an hoch-informativen SNPs nötig ist. Die geringe Anzahl an informativen SNPs ließ eine zweifelsfreie Zuordnung der Eier zu den Hennen nicht zu. Ähnliche Ergebnisse erzielten FISHER ET AL. (2009), die Kälber einer Herde der gleichen Rasse den richtigen Müttern zuordneten. Es zeigte sich, dass das 40-SNP-Panel vergleichbare, wenn nicht bessere Ergebnisse in der Zuordnung erzielte, als 14 Mikrosatelliten. Vierzig Mikrosatelliten mit einer MAF von 0,35 erreichten unter Zuhilfenahme von Abstammungsdaten einen Zuordnungserfolg von 100 %, wohingegen der Zuordnungserfolg ohne Abstammungsdaten bei 82 % lag. Vergleichbare Untersuchungen bei Hühnern liegen in der Literatur nicht vor.

5.1.4 Möglichkeit der Anwendung in großtechnischen Versuchen

Wird das Weihenstephaner Muldennest als alternatives Haltungssystem für Zuchttiere betrachtet, sind die korrekte hennenspezifische Eizuordnung und die exakte Erkennung von Hennen und Eiern von elementarer Bedeutung. Da die Legeleistung besonders zwischen der 25. und der 45. Lebenswoche bereits sehr hoch ist, kann nur ein Ei darüber entscheiden, ob mit einer Henne weiter gezüchtet wird oder nicht (ICKEN 2009). Dies verdeutlicht die Notwendigkeit einer eingehenden, genauen und umfangreichen Prüfung des Systems. Eine bereits jahrelange Kontrolle der produzierten Daten des Systems zeigte mit bis zu 97 % sehr gute Zuordnungsgenauigkeiten (THURNER ET AL. 2005a, b, 2006; FRÖHLICH

ET AL. 2007). Auch die Heritabilitätsschätzungen der Eiquantitätsmerkmale ließen auf gute Zuordnungswerte schließen (ICKEN ET AL. 2006a, 2008a, 2009c; ICKEN 2009). Eine Abstammungsüberprüfung auf Basis einer Genotypisierung als unabhängige Prüfmethode wurde für das Weihenstephaner Muldennest in dieser Studie zum ersten Mal durchgeführt und ergab ebenfalls eine beeindruckende Zuordnungsgenauigkeit. Zur Verifizierung dieses Ergebnisses sollte diese Untersuchung zu einem späteren Zeitpunkt wiederholt werden. Allerdings wäre es von Bedeutung, wie ursprünglich geplant, die Ei-Hennen-Zuordnungen eines Tages mit Extremwerten in der Eigewichtsheritabilität und Bruchfestigkeit zu prüfen, um Hinweise auf Falschzuordnungen zu erlangen. Es sollten zusätzlich mehr bzw. andere SNPs verwendet werden, die ein breiteres Spektrum der Chromosomen und des Genoms abdecken, um die Ei-Hennen-Zuordnungen ohne Unterstützung der Daten zu überprüfen. Hierbei könnten wichtige Erkenntnisse bezüglich Falschzuordnungen gewonnen werden. Außerdem könnten die Zuordnungsprinzipien auf ihre Richtigkeit hin überprüft werden. Im Folgenden wird kurz darauf eingegangen, ob ein umfangreicherer Versuchsaufbau aus zeitlicher und wirtschaftlicher Perspektive durchführbar wäre.

Als Beispiel wird mit vier Versuchstagen pro Herde mit Eigewichtsheritabilitäten im Extrembereich und mit 400 Elterntieren gerechnet. Bei maximal 400 Eiern pro Tag wären dies 1.600 Proben pro Herde und insgesamt bei drei Herden 4.800 Proben, also gerundet 5.000 Proben insgesamt.

Da jedes Ei drei bis vier Tage im Brutapparat bleibt, werden gleichzeitig maximal 1.600 Eier inkubiert. Entsprechend dieser Anzahl sollte ein passender Brutschrank/Inkubator vorhanden sein. Mithilfe des in Kapitel 3.2.2 beschriebenen zeit- und kostensparenden Protokolls zur Entnahme der Embryonen aus dem Ei ist eine problemlose Bearbeitung von ca. 500 Eiern pro Tag möglich. Sind die Embryonen aus den Eiern präpariert, kann ihr Gewebe bei -20 °C eingefroren und nach und nach bearbeitet werden. Mit der Laborausstattung der vorliegenden Studie gerechnet, bedeutete dies: Pro Tag können 48 Proben zur DNA-Extraktion bearbeitet werden. Für das saubere Lösen der DNA, die Herstellung von Vorverdünnung und Arbeitslösungen, bzw. die Zubereitung der Lösung in der geforderten Konzentration und Menge für die Genotypisierung muss zusätzlich Zeit eingeplant werden. Das Lösen der Stocklösung bedarf gut einer Woche, bevor eine Vorverdünnung angesetzt werden kann. Zusätzlich muss Zeit für die Messungen am NanoDrop und die Qualitätskontrollen durch DNA-Gel und PCR mit PCR-Gel eingerechnet werden. Zusätzlich könnten bestimmte Schritte automatisiert werden, wie etwa Messungen, Verdünnungen etc., was den Zeitbedarf erheblich verringert. Der Materialbedarf und die Materialkosten für die Präparation des Embryos aus dem Ei, die Blutentnahme und die DNA-Extraktion sind aufgrund der Optimierung aller Protokolle als relativ gering einzustufen.

Da die Genotypisierungskosten pro Probe geringer werden, wenn viele Proben in einem Durchgang bearbeitet werden können, sollten die Proben aller Herden möglichst gleichzeitig eingeschickt werden. Der kostspieligste Teil der Genotypisierung ist die Validierung, also die Überprüfung der Funktionalität der SNPs. Diese wurde zum Zeitpunkt der Versuchsplanung mit knapp 50 Euro pro SNP veranschlagt. Da die in dieser Studie verwendeten SNPs bereits validiert waren, konnte auf diesen Schritt verzichtet werden. Würden in einem umfangreicheren Versuch andere SNPs eingesetzt werden, müsste zur Genotypisierung an 300 SNPs mit zusätzlichen Kosten von ca. 15.000 Euro gerechnet werden. Der Preis für

5 Diskussion

die Genotypisierung variiert zwischen 1 und 11 Eurocent pro Genotypisierungsdatenpunkt. Die Genotypisierungskosten für 1.500.000 Genotypisierungsreaktionen - wenn 5.000 Proben mit 300 SNPs genotypisiert werden - würden sich mit einem Preis von durchschnittlich 6 Eurocent pro Genotypisierungsdatenpunkt überschlägig auf ca. 90.000 Euro belaufen. Mit den zusätzlich anfallenden Validierungskosten für die SNPs lägen die Gesamtkosten bei über 100.000 Euro. Zusammenfassend werden die geschätzten Kosten für den Gesamtversuch inklusive Material-, Personal- und Genotypisierungskosten in Tabelle 5.1 aufgeführt.

Tabelle 5.1: Kostenschätzung für einen großtechnischen Genotypisierungsversuch zur Untersuchung der hennenspezifischen Zuordnung von 5.000 Embryonen zu 400 Hennen mit 300 SNPs

Leistung	Preis pro Einheit	Preis für alle Proben
Blutentnahme 400 Elterntiere, 1 Tag, Tierarzt + 4 Tiermedizinstudenten + 4 Pflegepersonal	2.000 €/Tag	2.000 €
Material für Blutentnahme (EDTA-Blutröhrchen, Kanülen)	0,15 €/Probe	60 €
Material für Embryoentnahme	0,15 €/Probe	750 €
Material für DNA Extraktion	1 €/Probe	5.400 €
Personalkosten Labor	30.000 €/a	60.000 €
Personalkosten Versuchsleitung	45.000 €/a	90.000 €
Genotypisierung und Validierung (1.500.000 Genotypisierungsreaktionen)		105.000 €
		263.765 €

Diese Beispielrechnung verdeutlicht, dass eine großtechnische Umsetzung der Kontrolle der hennenspezifischen Eizuordnung des Weihenstephaner Muldennestes auf diese Art und Weise nur unter hohem monetärem Aufwand möglich wäre. Ob die Kosten in einem Verhältnis zu den Erkenntnissen stehen, die dadurch zur Verbesserung des Systems gewonnen werden können, bleibt hier bewusst offen gehalten, da die Ei-Hennen-Zuordnung bereits auf sehr hohem Niveau funktioniert. Es sollte außerdem berücksichtigt werden, dass aufgrund der schnellen Weiterentwicklungen in diesem Sektor Umstrukturierungen innerhalb der Firmen auch Einfluss auf die Preisentwicklung in diesem Sektor haben und sich Angebote deshalb innerhalb von Tagen oder Wochen ändern können. Zudem ist zu bedenken, dass bei einem technischen System, an dem Menschen arbeiten, sicherlich immer ein gewisser Anteil an Fehlern passieren wird. Deshalb wird bei der Auswertung die Frage immer offen bleiben, ob Zuordnungsfehler oder Personalfehler die Ursache waren.

5.2 Datenauswertung

5.2.1 Zuordnungsgenauigkeit des Systems

Eine exakte tierspezifische Zuordnung und die Erfassung von Daten einer hohen Tierzahl sind essentiell für die Schätzung genetischer Parameter (MIELENZ ET AL. 2003a). Durch das Transponder-gestützte System, das von der Landesanstalt für Landwirtschaft in Freising,

Weihenstephan entwickelt wurde, ist eine automatische hennenspezifische Eizuordnung möglich. Die dafür entwickelte Software *Chicken Checker* unterstützt über Plausibilitätsabfragen die Zuordnung von Ei zu Henne. Das Review von BONTER & BRIDGE (2011) zeigt die Entwicklung der RFID-Technik in den letzten Jahren innerhalb der Ornithologie auf. BUREL ET AL. (2002) testeten drei Gruppen von 15 bis 20 Hennen (jeweils über einen Zeitraum von zwölf Wochen) in einer Vierer-Einheit auf Identifizierbarkeit und Zuordbarkeit. Die Tiere wurden sowohl im Nacken als auch am Fuß mit einem Transponder versehen, um unterscheiden zu können, ob ein Tier tatsächlich im Nest war oder nur den Kopf hineingestreckt hatte. Bei diesen Versuchen konnten 92 % der gelegten Eier zugeordnet werden. Die restlichen 8 % konnten rein auf Basis des Systems nicht zugeordnet werden, da sie nicht aus dem Nest abrollten. Auch bei Marx et al. (2002) wurden Probleme beim Abrollen der Eier aus dem Nest beobachtet. Die spezielle Muldenform des Nestbodens des WMN wird als Schlüssel beschrieben, um nicht abrollende Eier in den Nestern fast vollständig ausschließen zu können (THURNER ET AL. 2005b). Tatsächlich betrug der Anteil an nicht abrollenden Eiern bei Herde 27 0,05 % der Gesamteizahl. Bei allen anderen in dieser Studie beobachteten Herden lag der Anteil nicht abrollender Eier unter der Rate von Herde 27.

THURNER ET AL. (2005b), THURNER & WENDL (2007), ICKEN (2009) und ICKEN ET AL. (2009b) verwendeten bereits das gleiche System wie in der vorliegenden Studie. Alle Tiere dieser Untersuchungen waren in Volieren untergebracht. THURNER ET AL. (2005b) und THURNER ET AL. (2006) untersuchten hierbei die Zuordnungsgenauigkeit von Ei zu Henne. Innerhalb von 337 Braunlegern wurden die Eier von 29 Weißlegern anhand der Eischalenfarbe und dem Vergleich der Position im Nest mit zugehörigem Transponder im Datensatz überprüft. Weiterhin wurden Videoaufzeichnungen durchgeführt, welche die Zuordnung zusätzlich verifizieren sollten. Die Ergebnisse ergaben mit 95,9 % und 94,9 % gut übereinstimmende Werte für die Zuordnung von Ei zur Henne. Fehlzuordnungen entstanden durch Identifizierungsfehler der Eier an der Eiwippe, wie zum Beispiel größere Kotkugeln, Stau im Bereich der Eiwippe oder sogenannte Windeier - Eier mit fehlender oder unvollständig ausgebildeter Kalkschale. Zudem erläuterten THURNER & WENDL (2007) den Einfluss von Mehrfachbelegungen auf die Zuordnungsgenauigkeit. Direktbeobachtungen ergaben, dass mit der eingesetzten technischen Ausstattung die Erkennung von Doppel- und Mehrfachbelegungen zum Teil über die Hälfte geringer ausfiel als die tatsächlichen Zahlen. Ein zusätzlicher Sensor - eine Wiegezeile, die das Gewicht des Muldenbodens erfasst - wurde mittlerweile in allen 72 Nestern eingebaut. Doppelbelegungen werden so verlässlicher erkannt, Eier aus Doppel- und Mehrfachbelegungen identifiziert und Maßnahmen zur Reduzierung können zeitnah eingeleitet werden. Eine Videoüberwachung oder Direktbeobachtungen zur Erfassungsgenauigkeit der Doppel- und Mehrfachbelegungen nach Installation des Doppelkippnestsensors wurden nicht mehr durchgeführt.

Die Zuordnungsgenauigkeit des Systems der in dieser Studie geprüften Herden lag gemäß Tabelle 4.4 zwischen 89 % und 97 %. Hierbei wurden, vergleichbar zu THURNER ET AL. (2005b) oder ICKEN (2009), die Kontrolleier anhand der korrekten Reihenfolge in der Sammelrinne und die Übereinstimmung mit dem jeweils zugeordneten Transponder überprüft. Der Anteil der Kontrolltiere betrug mit Ausnahme der Herden 24 und 27 zwischen 4 und 9 % der Gesamttierzahl. Bei Herde 24 lag der Anteil Kontrolltiere vor der Bestandsreduzierung 50 %, danach 46 %. Dagegen betrug bei Herde 27 der Anteil Kontrolltiere vor Bestandsreduzierung 30 % und danach 10 % der Gesamttierzahl. Dies bedeutet, dass die Kontrolleier an

jedem Tag nur einen Bruchteil der gesamten gelegten Eier ausmachten und somit auch die Zahl an Kontrolleiern pro WMN und Tag gering war. Die unterschiedlichen Legezeitpunkte von LSL- und LB-Hennen führten darüber hinaus zu einer ungleichmäßigen Verteilung der Kontrolleier in der Eisammelrinne. LSL-Hennen legen nach ICKEN & PREISINGER (2009) den Hauptanteil ihrer Eier innerhalb eines relativ engen Zeitraumes von 2-3 Stunden nach der Hauptlegezeit der Braunleger, die sich über einen längeren Zeitraum erstreckt. Dies wurde ebenso von ICKEN (2009) herausgearbeitet. In der vorliegenden Studie konnten diese Thesen durch die Beobachtung bekräftigt werden, dass in den Eisammelrinnen Kontrolleier hinter den Testeiern lagen und somit auf eine zeitlich spätere Ablage hindeuteten. Dies bewirkte eine geringe Durchmischung von weißen und braunen Eiern. Zudem gab es täglich Nester, in denen nur Eier einer Schalenfarbe gelegt wurden. Die Zuordnungsgenauigkeit konnte hier nicht überprüft werden.

5.2.2 Genauigkeit der manuellen Zuordnung

Da für Selektionsentscheidungen die Legeleistung des einzelnen Tieres eines der bedeutendsten Kriterien darstellt, ist jedes einzelne Ei wichtig (FLOCK ET AL. 2008). Deshalb wurde bei der manuellen Zuordnung einerseits versucht, so viele Eier wie möglich von Hand richtig zuzuordnen. Andererseits wurde versucht, Stereotypen bei Falschzuordnungen herauszufiltern, die Hinweise auf Verbesserungsmöglichkeiten geben könnten.

Manche Auffälligkeiten, die sich wiederholt in den Auswertungen der Datensätze zeigten, können sowohl organisatorisch als auch technisch möglicherweise über die Software kontrolliert und verbessert werden.

Bei **Doppel- und Mehrfachbelegungen** gibt es Eier, die manuell nicht zugeordnet werden können. Werden in einer Mehrfachbelegung genauso viele Eier gelegt, wie Hennen daran beteiligt sind (Index 72), werden die Eier willkürlich vom System zugeordnet. Die Richtigkeit der Zuordnung ist manuell nur bei einer LB/LSL-Kombination und der Unterscheidung der Eischalenfarbe überprüfbar. Bei Kombinationen der gleichen Linien kann die Zuordnung manuell nicht überprüft werden. Im Datensatz bleiben beide Zuordnungen bestehen und werden durch den *Chicken Checker* nicht entfernt. Für das Arbeiten mit der Legeleistung der Tiere ist diese Art der Zuordnung ausreichend, für Schätzungen der Erblichkeitswerte der Eiquantitätsmerkmale jedoch genügt diese unsichere Zuordnung nicht. Aus diesem Grund musste der generierte Datensatz für die Schätzung genetischer Parameter manuell verändert werden. Eine systemisch richtige Zuordnung würde durch die Möglichkeit der Farberkennung am Eisensor ermöglicht werden. Würden zusätzlich die Hennenlinien zu den Transpondern von der Software gespeichert, wäre über die Kombination mit der Eifarbe und der Zeit eine richtige Zuordnung zumindest der Mehrfachbelegungsseier von heterogenen Linienkombinationen möglich. Eier aus diesen Kombinationen stellen jedoch eine Minderheit dar, da die Anzahl an Kontrollhennen im Verhältnis gering ist. Deshalb ist der Aufwand für die systemisch richtige Zuordnung dieser Eier vergleichsweise hoch, da die Mehrzahl der Doppelbelegungsseier vor allem aus homogenen Linienkombinationen stammt. Die Auswirkungen auf die Zuordnungsgenauigkeit oder die Zuordnungsmöglichkeit bleibt bei Herden mit einem Hauptanteil an LB-Hennen mit LSL als Kontrollhennen relativ unauffällig. Aufgrund der geringen LSL-Stückzahlen verringert sich die Wahrscheinlichkeit einer LB/LSL-Kombination

bei einer Doppelbelegung und somit die Zuordnungsmöglichkeit. Doch Beobachtungen innerhalb der Herde ergaben, dass vor allem LSL-Tiere an Doppel-/Mehrfachbelegungen beteiligt sind. Dies zeigte sich bereits bei Herde 24 mit 50 % Kontrolltieren an der Gesamthennenzahl. Bei Herde 27 wurden die Auswirkungen noch deutlicher. 85 % aller Eier aus Doppel-/Mehrfachbelegungen mit Index 72 konnten aufgrund der LSL/LSL-Kombination nicht zugeordnet werden. Wie bei ICKEN (2009) und THURNER & WENDL (2007) diskutiert, könnte eine weitere Verengung der Nesteingänge bzw. die Reduzierung der Abstände zwischen den Alustäben der Abhängung zu einer Reduzierung der Mehrfachbelegungen bei LSL-Tieren führen.

Auch in der Kategorie der **Herdeneier** gibt es Fälle, bei denen vor und nach dem Nestbesuch mit Eiablage Nestbesuche verschiedener Hennen registriert wurden. Zwischen den Herden ist die Möglichkeit, Herdeneier manuell zuzuordnen, unterschiedlich groß. Konnten bei Herde 25 von insgesamt 500 Herdeneiern 34,2 % manuell zugeordnet werden, waren es bei Herde 26 von 407 Herdeneiern nur ca. 9 %. Ausgewertet wurde daher bei beiden Herden der Zeitraum zwischen dem Schließen der Nester und der Ausstallung. Er umfasste bei Herde 25 insgesamt 162 Tage, bei Herde 26 insgesamt 115 Tage. Bei den restlichen Herden 19 bis 24 wurden jeweils die Tage der Eiquantitätszeiträume ausgewertet und dokumentiert. Bei Herde 23 waren es insgesamt 30 Tage, an denen 145 Herdeneier gezählt wurden; 72 % davon konnten zugeordnet werden. Kritisch anzumerken ist, dass für die Herden 19 bis 24 die Auswertung der Herdeneier nur für die jeweiligen Eiquantitätszeiträume vorliegt und nicht, wie für die Herden 25 und 26, für einen längeren Zeitraum. Somit muss berücksichtigt werden, dass die Ergebnisse der Eiquantitätszeiträume lediglich eine Momentaufnahme bzw. das Ergebnis eines begrenzten Zeitraumes der Herde darstellen und keinesfalls einen Gesamteindruck der Herde vermitteln. Dennoch wird deutlich, dass das Zuordnungsprinzip, das bei den Herdeneiern zum Einsatz kam, einen Beitrag zur Erhöhung der Zuordnungsgenauigkeit liefern konnte.

Die Tatsache, dass vor und nach dem Herdenei der gleiche Transponder für einen Nestbesuch ohne Eiablage registriert ist, diese Henne an diesem Tag für kein anderes Ei registriert wurde und zudem die Linie dieser Henne zum Ei passte, spricht allerdings nicht für die Fehlerquelle, dass das Huhn den Transponder verloren hatte. Sonst wäre eine Registrierung des Transponders vor und nach dem Ei nicht möglich gewesen. Möglicherweise weist die große Zahl von Herdeneiern, die derart zugeordnet werden konnten, auf eine technische Ursache oder eine Programmierlücke hin. Diese Vermutung wurde auch durch die Überprüfung der Herdeneier über die Genotypisierung gestützt. Von sieben Herdeneiern am 17.02.2010 konnten vier überprüft werden, die alle über das beschriebene Zuordnungsprinzip manuell zugeordnet wurden. Die zugeordneten Hennen wurden für alle vier Eier über die Genotypisierung bestätigt.

Aufgrund der technischen Möglichkeiten und der hohen Kosten für die Zuordnungsmöglichkeit einer vergleichsweise geringen Anzahl an Eiern ist nach derzeitigem Stand der Dinge davon auszugehen, dass rein über das System und die Software IDC und CC eine Zuordnungsgenauigkeit über 98 % (z. B. Herde 19) nicht umsetzbar sein wird. Für die Bereitstellung von tierindividuellen Daten in Gruppenhaltungssystemen für die Züchtung ist das Weihenstephaner Muldennest hervorragend geeignet. Es bildet aufgrund der guten Ei-Hennen-Zuordnungsgenauigkeit eine Basis für die Berücksichtigung der Daten für Selektionsentscheidungen für die Züchtung von Tieren in Gruppenhaltungssystemen. Die

erhobenen Verhaltens- und Leistungsdaten leisten einen wertvollen Beitrag sowohl zur Verbesserung der genetischen Basis der Tiere für derartige Haltungsbedingungen als auch für die Entwicklung von Tierwohl-gerechteren Haltungssystemen.

5.3 Legeleistung und Eiqualität

5.3.1 Datenerfassung und Auswertungsgenauigkeit

Für Selektionsentscheidungen ist eine zweifelsfreie Ei-Hennen-Zuordnung unerlässlich (MIELENZ ET AL. 2003a; MARX ET AL. 2002). Wichtig ist, bei der Datenaufnahme der Eiquälitätsmerkmale keine Zuordnungsfehler zu machen, keine Eier zu vertauschen oder Werte falsch zuzuordnen. Das Bekleben der Versuchseier mit der EiID, die dem Ei eine Henne zuordnet, wurde per Hand durchgeführt. Obwohl stets konzentriert gearbeitet wurde, konnten menschliche Fehler *a priori* nicht ausgeschlossen werden. Es konnte vorkommen, dass die Abfolge der Eier in der Legerinne vom Legezeitpunktsende her abgelesen und beklebt wurde (siehe Abbildung 4.15). Die Folge war eine Zuordnung zur falschen Henne. Deshalb ist empfehlenswert, die Eier dauerhaft von gut geschultem Personal abnehmen zu lassen. Dies minimiert das Risiko von Falschzuordnungen auf dieser Ebene. Um außerdem den Einfluss verschiedener Personen auf die Datenaufnahme zu minimieren, wurde das jeweilige Merkmal über den gesamten Eiquälitätszeitraum einer Herde von derselben Person durchgeführt. Insgesamt wurden alle Daten von zwei Personen erhoben. Die Werte des Eigewichtes, der Eiform und der Bruchfestigkeit wurden in EiID-Reihenfolge direkt vom jeweiligen Gerät in ein Datenfile eingelesen. Eine manuelle Eingabe war nur bei der Erfassung der Eischalendicke notwendig. Vor jedem Ei wurde hierzu, wie bei jedem anderen Merkmal, die EiID im Datenfile mit der EiID auf dem Ei verglichen, um das Risiko von Falschzuordnungen aufgrund menschlicher Eingabefehler zu minimieren.

Bei der Erfassung der Bruchfestigkeit wurden Eier mit Rissen oder deutlichen Frakturen in der Eischale von der Datenaufnahme ausgeschlossen. Die hierdurch verursachten niedrigeren Bruchfestigkeitswerte hätten sowohl die Durchschnittswerte für die Bruchfestigkeit als auch die Heritabilitäten für das Merkmal beeinflusst. Die visuelle Inspektion und Aussortierung von angeschlagenen Eiern stellt jedoch eine subjektive Methode dar, die stark vom jeweiligen Probennehmer abhängt. Deshalb würde sich eine automatisierte Methode wie der „Crack Detektor“ besser eignen, um Eier mit optisch nicht wahrnehmbaren Defekten zu erkennen. Bei dieser Methode wird das Ei mit einem kleinen Hammer an vier Stellen auf Äquatorialebene beklopft. Dabei entstehen Vibrationen der Schale von ca. 10 ms Dauer, deren Frequenz durch ein Mikrofon aufgezeichnet werden kann. Intakte Eier zeigen dabei eine vergleichbare Impulsantwort über den gesamten Eiäquatorialbereich, wohingegen defekte Eier in ihrer Impulsantwort erheblich schwanken (COUCKE ET AL. 1999; KETELAERE ET AL. 2000). Die Unterschiede der Frequenzantworten ermöglichen das Aussortieren angeschlagener Eier. Diese Methode wurde von COUCKE ET AL. (1999) das erste Mal beschrieben und wird in kommerziellen Eiersortiermaschinen verwendet, um defekte Eier auszusortieren (DE KETELAERE ET AL. 2004).

Die Erfassung der Schalendicke wurde, wie die Mehrzahl der Untersuchungen in Tabelle A.4 im Anhang, mithilfe einer Mikrometerschraube durchgeführt. Die Schalendicken können

aufgrund des unterschiedlichen Schalenaufbaus, der unterschiedlichen Membran- und Feuchtigkeitsgehalte schwanken. Deshalb sind eine genaue Beschreibung der Methode und eine korrekte Vorbereitung der Schalenbruchstücke essentiell für eine aussagekräftige Interpretation der Ergebnisse (CORDTS ET AL. 2001). In dieser Studie wurden die Schalenbruchstücke in Anlehnung an LEYENDECKER ET AL. (2002) und ICKEN ET AL. (2006b) aus der Äquatorialzone des Eies gewonnen. Hierzu wurde ein Vorversuch durchgeführt, um mit möglichst wenigen Messungen pro Eischale eine möglichst hohe Repräsentativität der Messwerte zu erreichen (siehe Anhang A). Die Datenerfassung erfolgte im Vergleich zu Eigewicht, Eiform oder Bruchfestigkeit nicht automatisch. Deshalb konnten Eingabefehler nicht vollständig ausgeschlossen werden. Sie führten zu vertauschten Schalendickewerten, die möglicherweise Einfluss auf die Heritabilitätschätzung hatten.

5.3.2 Leistungsprüfung und Heritabilitätschätzung

Die Ergebnisse der Heritabilitätschätzungen nahmen Werte zwischen null und eins an. Erfassungsfehler konnten nicht vollständig ausgeschlossen werden und hatten möglicherweise bei niedrigeren Beobachtungszahlen Einfluss auf die Schätzwerte. Tage mit extrem hohen oder niedrigen Heritabilitätswerten gaben so Hinweise auf entweder Datenerhebungsfehler bei den Eiquantitätsexperimenten oder Fehlerquellen und Falschzuordnungen in der Software.

In Tabelle 5.2 wurden alle Tage jeder Herde aufgelistet, an welchen die Heritabilität von mindestens einem Eiquantitätsmerkmal $h^2 < 0,10$ und $h^2 = 0,0$ bzw. $h^2 > 0,93$ und $h^2 = 1,0$ geschätzt wurde. Insgesamt waren von 110 Versuchstagen

- an 0 Tagen die Heritabilitäten von allen vier Merkmale schlecht,
- an 1 Tag die Heritabilitäten von drei Merkmale schlecht,
- an 3 Tagen die Heritabilitäten von zwei Merkmale schlecht und
- an 25 Tagen die Heritabilität von einem Merkmal schlecht.

Für das Eigewicht wurden über alle Herden gemäß den Tabellen 4.19 bis 4.24 mittlere bis hohe Erblichkeiten geschätzt. Der Hauptteil dieser Schätzwerte für das Eigewicht ($h^2 = 0,40$ bis $h^2 = 0,70$) der im WMN geprüften Hennen lag im Bereich der aus der Literatur bekannten Werte ($h^2 = 0,37$ bis $h^2 = 0,74$) (Tabelle A.2). Vereinzelt wurden in dieser Studie jedoch niedrigere ($h^2 = 0,10$ bis $h^2 = 0,40$) oder höhere Werte ($h^2 = 0,70$ bis $h^2 = 0,93$) erfasst (Tabelle 5.2). Diese Schwankungen wurden auch von ICKEN ET AL. (2006a) und ICKEN (2009) beobachtet und auf die Schätzung der Heritabilitäten auf Basis von Einzeleigewichten pro Beobachtungstag zurückgeführt. Schätzungen von Heritabilitäten auf Basis gemittelter Eigewichte aus Drei-, Vier- oder Fünf-Tage-Produktionen führten ebenfalls zu hohen, jedoch stabileren Werten (ICKEN 2009). Die Angabe des Standardfehlers zum Heritabilitätsschätzwert zeigt zudem die mögliche Schwankungsbreite dieses Wertes.

Extrema bei den Heritabilitätsschätzwerten wurden von ICKEN (2009) auf Messfehler oder Fehler in der Ei-Hennen-Zuordnung zurückgeführt. Darüber hinaus wurde über Simulationsstudien nachgewiesen, dass ein einziges vertauschtes Ei, das sich deutlich im Einzeleigewicht von dem anderen Ei unterscheidet, bei geringen Beobachtungszahlen zu einer Heritabilitätsdifferenz von $\pm 0,4$ führen kann. Allerdings wurde auch beobachtet, dass eine beabsichtigte

5 Diskussion

Falschzuordnung von 5 %, 10 %, 15 % und 20 % der gewogenen Eier zu von den realen Schätzwerten nur gering abweichenden Heritabilitäten führt. Die Ergebnisse von ICKEN (2009) wurden durch die Standardfehler-Betrachtung der geschätzten Heritabilitäten dieser Studie gestützt. Die Standardfehler verdeutlichten die mögliche Schwankungsbreite der Erblichkeitswerte und relativierten so die absolute Aussagekraft der Heritabilitäten in Bezug auf die hennenspezifische Eizuordnung. Die durchweg mittleren bis hohen Heritabilitäten für das Tageseigewicht dieser Studie deuteten im Vergleich zu den auftretenden Extremwerten bei ICKEN (2009) dennoch auf eine Weiterentwicklung des Systems und eine damit einhergehende Verbesserung der Ei-Hennen-Zuordnung hin.

Table 5.2: Vergleichstabelle für Extremwerte geschätzter Heritabilitäten (h^2) des täglichen Eigewichtes (EG), Bruchfestigkeit (BF), Schalendicke (SD) und Eiform (FoI) über alle Herden

Herde	Tag	EG [h^2]	BF [h^2]	SD [h^2]	FoI [h^2]
22	14.6	0,57	0,05		0,49
	15.6	0,56	0,07		0,43
	16.6	0,57	0,07		0,23
23	23.2	0,93			
24	18.5	0,28	0,02	0,88	0,58
	19.5	0,17	0,00	0,77	0,09
	20.5	0,33	0,08	0,66	0,16
	21.5	0,31	0,04	0,57	0,28
	18.7	0,02	0,00	0,88	0,50
	21.7	0,24	0,00	0,80	0,33
	24.7	0,35	0,00	0,60	0,40
	25.7	0,44	0,06	0,55	0,65
	26.7	0,43	0,05	0,64	0,47
25LB_t57	02.1	0,17	0,06	0,41	0,00
	07.1	0,18	0,11	0,68	0,01
	11.1	0,46	0,36	0,58	0,04
	29.2	0,44	0,30	0,37	0,08
25 LB_t97	03.1	0,38	0,02	0,07	0,07
	29.2	0,80	0,08	0,31	0,27
	03.3	0,50	0,16	0,42	0,08
	06.3	0,27	0,51	0,06	0,28
	07.3	0,42	0,43	0,06	0,22
26	21.7	0,51	0,07	0,13	0,21
	23.7	0,28	0,06	0,28	0,28
	25.7	0,60	0,03	0,49	0,24
	27.7	0,09	0,15	0,41	0,35
	29.7	0,04	0,36	0,38	0,57
	12.10	0,54	0,00		
	17.10	0,36	0,08		

In vorliegender Studie wurden an vier von insgesamt 110 Versuchstagen Heritabilitäten für das Eigewicht von $h^2 < 0,10$, bzw. $h^2 > 0,90$ geschätzt. Dies entspricht einem Anteil von 3,6 %. An einem Tag davon, am 18. Juli in Herde 24, trat diese niedrige Heritabilität für das Eigewicht in Kombination mit einer ebenfalls sehr niedrigen Heritabilität für die Bruchfestigkeit auf. Dies entspricht einem Anteil von 0,9 % an der Gesamtanzahl an Versuchstagen. Eine systemische Falschzuordnung von Eier zu Hennen kann an diesem Tag nicht ausgeschlossen werden.

Bei den Schätzungen der Heritabilitäten für die Bruchfestigkeit wurden häufiger Extremwerte beobachtet (vgl. Tabelle 5.2). Die Anzahl der untersuchten Eier war bei diesen Schätzungen niedriger als bei den anderen Merkmalen, da Eier aufgrund von Rissen und Knicken von der Untersuchung ausgeschlossen wurden. Wurden Eier mit Haarrissen nicht erkannt und trotzdem in die Auswertung mit einbezogen, konnten Auswirkungen auf die Heritabilität nicht ausgeschlossen werden. Von insgesamt 69 Beobachtungstagen, an denen die Bruchfestigkeit erfasst werden konnte, wurden an fünf Tagen Extremwerte mit $h^2 = 0$ festgestellt. An vier von fünf Tagen zeigten die Heritabilitäten des Eigewichtes allerdings Werte, die mit der Literatur konform gingen ($h^2 = 0,17$ bis $h^2 = 0,54$). An weiteren 15 Versuchstagen wurden Heritabilitäten der Bruchfestigkeit $h^2 < 0,10$ geschätzt. Dies entspricht einem Anteil an Heritabilitäten $h^2 < 0,10$ inkl. $h^2 = 0$ von 29 %. An einem dieser 20 Versuchstage lag diese niedrige Heritabilität in Kombination mit einer ebenfalls niedrigen Heritabilität für das Eigewicht vor (siehe oben). Eine wiederholte Kontrolle des Datensatzes ergab jedoch keine offensichtlichen Falschzuordnungen und somit keine erkennbaren Erklärungen für die niedrigen Heritabilitäten. An drei Versuchstagen lag ebenfalls eine extrem niedrige Heritabilität für die Schalendicke oder die Eiform vor. An 16 Versuchstagen wurde nur der Erblichkeitswert der Bruchfestigkeit extrem niedrig geschätzt.

Augenscheinlich ist vor allem das Auftreten von extrem niedrigen Heritabilitäten für die Bruchfestigkeit bei Herde 24. An neun von insgesamt 20 Versuchstagen lag die Heritabilität bei $h^2 < 0,10$. Da derart niedrige Erblichkeitswerte auch an aufeinanderfolgenden Tagen auftraten, kann der Grund einerseits in der niedrigen Anzahl an getesteten Eiern und der Schätzung von Heritabilitäten basierend auf Tageseinzelwerten liegen. Andererseits kann jedoch ein systematischer Fehler bei der Erfassung der Bruchfestigkeit an dieser Stelle nicht ausgeschlossen werden.

Aus wirtschaftlicher Sicht ist nach ICKEN ET AL. (2006b) die Schalenstabilität das wichtigste Eiqualitytsmerkmal. Da im Handel nur Eier mit intakter Schale gekauft werden, wird neben dem Eigewicht auch auf Bruchfestigkeit selektiert. Allerdings sind nach ZHANG ET AL. (2005) und ICKEN ET AL. (2006b) Eigewicht und Bruchfestigkeit negativ miteinander korreliert. Steigt also das Eigewicht über einen bestimmten Wert hinaus, kommt es bei gleichem Management zu reduzierter Bruchfestigkeit. In der Literatur wurden, entsprechend Tabelle A.3 im Anhang, Heritabilitäten für die Bruchfestigkeit von $h^2 = 0,10$ bis $h^2 = 0,65$ angegeben. ICKEN ET AL. (2006b) schätzten für LB-Hennen Erblichkeitswerte von $h^2 = 0,10$, wohingegen FLOCK ET AL. (2007) für Reinzuchtlinien brauner und weißer Legehybriden für den Zeitraum zwischen der 28. und 44. Lebenswoche eine durchschnittliche Heritabilität von $h^2 = 0,38$ annahmen. Die Erblichkeitswerte der Bruchfestigkeit der Herden dieser Studie lagen bei zwei Dritteln der Versuchstage im Bereich der Literaturwerte.

Aufgrund der hohen positiven Korrelation der Schalendicke mit der Bruchfestigkeit (ZHANG ET AL. 2005; TUMOVA & LEDVINKA 2009; ICKEN ET AL. 2006b) ist die Schalendicke ein

weiteres wichtiges Merkmal, um die Schalenstabilität zu beschreiben (VOISEY & HUNT 1974). Für die Schalendicke wurden in der Literatur Werte gemäß Tabelle A.4 im Anhang zwischen $320 \mu\text{m}$ und $470 \mu\text{m}$ beschrieben. Speziell für Braunleger in Voliere berichteten LEYENDECKER ET AL. (2002) von $325 \mu\text{m}$ im 6. Legemonat. In der vorliegenden Studie lagen die Schalendicken aller Herden zwischen $340 \mu\text{m}$ und $380 \mu\text{m}$ und somit im idealen Rahmen, um heil vom Ort der Eiablage bis zum Konsumenten zu gelangen (ICKEN ET AL. 2006b). Die Heritabilitäten für die Schalendicke betragen gemäß den Untersuchungen in Tabelle A.4 im Anhang $h^2 = 0,19$ bis $h^2 = 0,61$. ICKEN ET AL. (2006b) schätzten die Erbliehkeitswerte für die Schalendicke bei Braunlegern zwischen der 37. und 39. Lebenswoche auf $h^2 = 0,19$. In der vorliegenden Studie lagen die Heritabilitäten für die Schalendicke bei Herde 22 und Herde 26 zwischen $h^2 = 0,13$ und $h^2 = 0,49$ und damit im Rahmen der Literaturwerte. Für Herde 23 schwankten die Erbliehkeitswerte zwischen $h^2 = 0,43$ und $h^2 = 0,89$ und waren somit zum Teil höher als die Literaturwerte. Die große Schwankungsbreite bei Herde 25 mit Heritabilitäten von $h^2 = 0,11$ bis $h^2 = 0,71$ für Linie LB_t57 und $h^2 = 0,07$ bis $h^2 = 0,71$ für Linie LB_t97 ließ sich durch das Einfließen nur eines Eies pro Henne und Beobachtungstag sowie durch die im Vergleich zu den anderen Herden geringen Beobachtungszahlen ($N < 205$) begründen. Außerdem zeigten die Standardfehler der Heritabilitäten die Schwankungsbreite dieser Werte auf. Von insgesamt 60 Erfassungstagen für die Schalendicke wurden an drei Versuchstagen extrem niedrige Heritabilitäten $h^2 < 0,10$ geschätzt. Dies entspricht einem Anteil von 5 %.

Auch die Eiform steht bezüglich des Handlings beim Verpacken und Ausliefern der Eier an die Kunden in Zusammenhang mit der Bruchfestigkeit (KRAWCZYK & GORNOWICZ 2010; NIKOLOVA & KOCEVSKI 2006) und hat demnach Einfluss auf die maximale Anzahl verkaufsfähiger Eier. In diversen Studien wurden positive Korrelationen mit der Bruchfestigkeit bestimmt (ZHANG ET AL. 2005; ICKEN ET AL. 2006b; MOULA ET AL. 2010). Dies bedeutet, dass Eier mit höherem Formindex – kugeligere Eier – eine höhere Bruchfestigkeit aufweisen als Eier mit niedrigerem Formindex – länglichere Eier. Da jedoch Eier mit einem Formindex von 74 die besten Schlupfergebnisse erzielen (TERNES ET AL. 1994), wird dieser angestrebt. Gemäß Tabelle A.5 im Anhang lagen die Formindices in diversen Studien zwischen 71 und 78. Speziell für Braunleger berichteten MONIRA ET AL. (2003) ohne Angabe der Haltungform von einem Formindex von 72, wohingegen ICKEN ET AL. (2006b) für die gleiche Linie einen Formindex von 78 bestimmten. Die Heritabilitäten für die Eiform werden in der Literatur zwischen $h^2 = 0,38$ und $h^2 = 0,52$ angegeben. In der vorliegenden Studie lagen die Formindices für alle Herden zwischen 77 und 79 und stimmen somit mit den Werten von ICKEN ET AL. (2006b) und den Literaturwerten überein. Die Heritabilitäten wurden hauptsächlich im mittleren bis hoch erblichen Bereich geschätzt und decken sich somit ebenfalls mit den Literaturwerten. Bei Herde 25 war am 2. Januar 2012 ein Extremwert ($h^2 = 0$) zu verzeichnen, der mit einer ebenfalls niedrigen Heritabilität für die Bruchfestigkeit von $h^2 = 0,06$ einherging. Allerdings lag die Beobachtungszahl mit $N = 196$ im unteren Bereich. Die Heritabilität für das Eigewicht wurde an diesem Tag für diese Linie mit $h^2 = 0,17$ geschätzt. Weitere sechs Versuchstage zeigten Erbliehkeitswerte von $h^2 < 0,10$. An zwei Tagen trat diese extrem niedrige Heritabilität in Kombination mit einer niedrigen Heritabilität für die Bruchfestigkeit auf. Insgesamt wurde an 59 Tagen die Heritabilität für die Eiform geschätzt. Der Anteil von Heritabilitäten mit $h^2 < 0,10$ inkl. $h^2 = 0$ an den Gesamttagen entspricht 12 %.

5.4 Schlussfolgerung

Das Weihenstephaner Muldennest bietet die Möglichkeit, tierindividuelle Daten des Verhaltens und der Eiqualität in einem alternativen Haltungssystem automatisch zu erfassen. Eine Abstammungsüberprüfung auf Basis einer Genotypisierung als unabhängige Prüfmethode wurde in dieser Studie für das Weihenstephaner Muldennest zum ersten Mal durchgeführt und zeigte eine beeindruckende Zuordnungsgenauigkeit. Insgesamt konnten 99,7 % aller Zuordnungen dieses Tages des WMN als plausibel eingestuft werden.

Die Überprüfung der Zuordnung von Henne zu Ei auf der Datengrundlage ergab Genauigkeitswerte von knapp 97 %, die nach manueller Überprüfung von Problemeiern auf knapp 99 % gesteigert werden konnten. Für manche Fehlerkategorien konnten Hinweise auf technische Lesemängel der Transponder oder Heterogenitäten in der Vergabe der Fehlerindices gefunden werden. Andererseits wurde für bestimmte Kombinationen festgestellt, dass für die sichere Ei-Hennen-Zuordnung ein erhöhter technischer und vor allem finanzieller Aufwand betrieben werden müsste. Zum derzeitigen Zeitpunkt sind die Gründe für manche Fehler in der hennenspezifischen Eizuordnung nicht bekannt, eine Systematik ist nicht erkennbar.

Die Leistungsprüfung und Schätzung der Heritabilitäten des Eigewichtes ergab für alle Untersuchungsstadien Werte im Rahmen der in der Literatur beschriebenen Bereiche. Extremwerte der Heritabilitäten wurden bei der Bruchfestigkeit häufiger beobachtet als bei anderen Merkmalen. Sie wurden vor allem mit der geringen Anzahl an getesteten Eiern begründet, sowie durch die Betrachtung der Standardfehler relativiert. Im Allgemeinen suggerieren die Werte der Schätzungen dieser Arbeit eine hohe Plausibilität der Ei-Hennen-Zuordnungen, welche die Ergebnisse der datenbasierten Untersuchungen stützen. Diese sehr guten Zuordnungswerte bestätigen und unterstützen die Verwendung dieser Daten nebst Daten aus den Einzelkäfigen für Selektionsentscheidungen. Für eine Umsetzung des Systems in der Praxis wären zwar weitere Untersuchungen und Optimierungen notwendig, jedoch funktioniert das System des Weihenstephaner Muldennestes zur hennenspezifischen Eizuordnung auf sehr hohem Niveau. Somit bieten die Daten des Weihenstephaner Muldennestes eine wertvolle Basis für die Zucht von Tieren in alternativen Haltungssystemen.

6 Zusammenfassung

Vorangegangene Studien mit dem Weihenstephaner Muldennest (WMN) zeigten von der Literatur abweichende Heritabilitäten unterschiedlicher Eiquantitätsmerkmale für verschiedene Versuchstage (ICKEN 2009). Diese verschiedenen Heritabilitätswerte wurden durch Ei-Hennen-Fehlzuordnungen im technischen System erklärt und von THURNER ET AL. (2005b) und THURNER & WENDL (2007) mithilfe der Auswertung sogenannter Kontrolleier bestätigt. Die Untersuchungen dieser Arbeit wurden durchgeführt, um die Genauigkeit der Ei-Hennen-Zuordnung im WMN durch andere und ergänzende Methoden zu überprüfen.

Eine Abstammungsüberprüfung auf Basis einer Genotypisierung als unabhängige Prüfmethode wurde für das WMN zum ersten Mal durchgeführt und zeigte eine beeindruckende Zuordnungsgenauigkeit. Es wurden 458 DNA-Proben der adulten Hennen und 335 DNA-Proben von Embryonen an 249 SNPs genotypisiert. Die DNA- und SNP-Qualität wurde anhand der Call-rates, der Minimumallelfrequenz sowie des Verhältnisses von Homozygoten und Heterozygoten untersucht. Insgesamt konnten 310 Embryonen auf die richtige Zuordnung zur Henne an 248 SNPs überprüft werden. Aufgrund der teilweise geringen Aussagekraft mancher SNPs und der hohen Verwandtschaft der Tiere untereinander war es nicht möglich, ohne Zuhilfenahme der Daten aus dem System eine konkrete Zuordnung zu tätigen. Deshalb wurden die vom System generierten Ei-Hennen-Zuordnungen auf die Anzahl an Mendel-Fehler getestet, um eine Aussage zur Wahrscheinlichkeit der Richtigkeit dieser Zuordnung treffen zu können. Mithilfe des Ausschlusses aufgrund von Mendel-Fehlern zwischen Henne und Embryo wurde die Abstammung plausibilisiert. 99,7 % der Zuordnungen des WMN konnten als wahrscheinlich eingestuft werden.

Die Überprüfung der hennenspezifischen Eizuordnung auf Systemebene ergab Genauigkeitswerte von knapp 97 %, die nach manueller Überprüfung der Problemeier auf knapp 99 % gesteigert werden konnten. Für manche Fehlerkategorien konnten Hinweise auf technische Lesemängel der Transponder und/oder Inkonsistenzen in der Vergabe der Fehlerindices gefunden werden. Ein systematisches Auftreten der Zuordnungsfehler wurde jedoch nicht festgestellt.

Die Leistungsprüfung und Schätzung der Heritabilitäten des Eigewichtes ergab für alle Untersuchungstage Werte in den von der Literatur beschriebenen Bereichen. Extremwerte der Heritabilitäten wurden bei der Bruchfestigkeit häufiger beobachtet als bei anderen Merkmalen. Dies wurde mit der geringen Anzahl an getesteten Eiern und der Schätzung der Heritabilitäten auf Basis von Tageseinzelwerten begründet, sowie auf Basis der Standardfehler relativiert. Im Allgemeinen suggerieren die Schätzwerte dieser Arbeit eine hohe Plausibilität der hennenspezifischen Eizuordnungen. Dies stützt die Ergebnisse der daten-basierten Untersuchungen.

Die ermittelten Zuordnungswerte bestätigen und unterstützen die Verwendung der vom System Weihenstephaner Muldennest generierten Daten zur Steigerung der Legeerate bei Hennen.

7 Summary

According to literature, previous studies dealing with the Weihenstephan Funnel Nest Box (WMN) have shown varying heritability values for different egg quality traits recorded in experiments over a number of days (ICKEN 2009). These different heritability values were results of incorrect assignments of egg to hen in the technical system (ICKEN 2009), duly confirmed by THURNER ET AL. (2005b) and THURNER & WENDL (2007) with the analysis of the so-called control eggs. The investigations in this study were performed to evaluate the accuracy of WMN's egg to hen assignment with differing and additional methods.

A parentage-control based on genotyping as an independent method, was performed with the WMN for the first time and impressively accurate results were obtained where assignment is concerned. A total of 458 DNA samples from adult hens and 335 DNA samples from embryos were genotyped on 249 SNPs. The quality of DNA and SNPs was investigated using call-rates, minimum allele frequency and ratio between homozygotes and heterozygotes. Altogether, 310 embryos were checked for their correct assignment to the hen using 248 SNPs. Based on the partial minimal significance of some SNPs and the high relationship between the hens, it was not possible to make an assignment based solely on the genotyping data. For this reason, the WMN hen to egg assignments were checked for Mendelian errors in order to draw conclusions regarding the plausibility of the system's assignment. With the aid of parentage exclusion based on the number of Mendelian errors, we tried to confirm the plausibility of egg-to-hen assignment. 99.7 % of the WMN assignments were rated plausible.

The analysis of the WMN hen-to-egg assignment data gave an accuracy rate of about 97 %. This could be improved after manual corrections to reach almost 99 %. In some categories where errors occurred, there were hints of technical transponder reading-errors and/or inconsistencies in the assignment of error indices. A systematic occurrence of assignment errors could therefore not be determined.

Performance tests and estimation of heritability values of egg weight coincide with literature. Extreme values of heritability were more obvious in the breaking strength of eggshells as compared to any other egg quality trait. This was accounted for by fewer tested eggs and the estimation of heritability values based on single day values as well as standard errors, which were put into perspective. Generally, values suggest a high plausibility of hen-specific egg assignments. This supports the results of data-based analyses.

The identified assignment data both confirm and support the usage of the Weihenstephan funnel nest box as a reliable system for generating data in order to achieve increasing laying rates in hens.

8 Literaturverzeichnis

- AMORIM, A. & PEREIRA, L. (2005) Pros and cons in the use of SNPs in forensic kinship investigation: a comparative analysis with STRs. *Forensic Science International* **150**:17–21.
- ANDERSON, E. C. & GARZA, J. C. (2005) The Power of Single-Nucleotide Polymorphisms for Large-Scale Parentage Inference. *Genetics* **172**:2567–2582.
- APPLEBY, M. & MCRAE, H. (1986) The individual nest box as a super-stimulus for domestic hens. *Applied Animal Behaviour Science* **15**:169–176.
- APPLEBY, M. C. (1984) Factors affecting floor laying by domestic hens: A review. *Worlds Poultry Science Journal* **40**:241–249.
- APPLEBY, M. C., MCRAE, H. E., & DUNCAN, I. (1983) Nesting and floor-laying by domestic hens: effects of individual variation in perching behaviour. *Behaviour analysis letters* **3**(6):345–352.
- BAL, A. (2012) Novogen makes good progress. *World Poultry* **28**(4).
- BANGA-MBOKO, H., MABAS, J. S., & ADZONA, P. P. (2010) Effect of Housing System (Battery Cages Versus Floor Pen) on Performance of Laying Hens under Tropical Conditions in Congo Brazzaville. *Research Journal of Poultry Sciences* **3**:1–4.
- BEDNARCZYK, M., KIECŁZEWSKI, K., SZWACZKOWSKI, T. ET AL. (2000) Genetic parameters of the traditional selection traits and some clutch traits in a commercial line of laying hens. *Archiv für Geflügelkunde* **64**(3):129–133.
- BERTHOULY, C., BED'HOM, B., TIXIER-BOICHARD, M., CHEN, C. F., LEE, Y. P., LALOË, D., LEGROS, H., VERRIER, E., & ROGNON, X. (2008) Using molecular markers and multivariate methods to study the genetic diversity of local European and Asian chicken breeds. *Animal Genetics* **39**:121–129.
- BERTHOULY, C., LEROY, G., VAN, T. N., THANH, H. H., BED'HOM, B., NGUYEN, B. T., CHI, C. V., MONICAT, F., TIXIER-BOICHARD, M., VERRIER, E., MAILLARD, J.-C., & ROGNON, X. (2009) Genetic analysis of local Vietnamese chickens provides evidence of gene flow from wild to domestic populations. *BMC Genetics* **10**:1–8.
- BESBES, B., DUCROCQ, V., FOULLEY, J., PROTAIS, M., TAVERNIER, A., TIXIER-BOICHARD, M., & BEAUMONT, C. (1992) Estimation of genetic parameters of egg production traits of laying hens by restricted maximum likelihood applied to a multiple-trait reduced animal model. *Genetics Selection Evolution* **24**:539–552.
- BJORNSTAD, G. & ROED, K. H. (2002) Evaluation of factors affecting individual assignment precision using microsatellite data from horse breeds and simulated breed crosses. *Animal Genetics* **33**:264–270.

BLEY, T. A. G. & BESSEI, W. (2008) Recording of Individual Feed Intake and Feeding Behavior of Pekin Ducks Kept in Groups. *Poultry Science* **87**:215–221.

BLOTT, S. C., WILLIAMS, J. L., & HALEY, C. S. (1999) Discriminating among cattle breeds using genetic markers. *Heredity (Edinb)* **82** (Pt 6):613–619.

BONTER, D. & BRIDGE, E. (2011) Applications of radio frequency identification (RFID) in ornithological research: a review. *Journal of Field Ornithology* **82**(1):1–10.

BOVINE HAPMAP CONSORTIUM, GIBBS, R. A., TAYLOR, J. F., VAN TASSELL, C. P., BARENDSE, W., EVERSOLE, K. A., GILL, C. A., GREEN, R. D., HAMERNIK, D. L., KAPPES, S. M., LIEN, S., MATUKUMALLI, L. K., MCEWAN, J. C., NAZARETH, L. V., SCHNABEL, R. D., WEINSTOCK, G. M., WHEELER, D. A., AJMONE-MARSAN, P., BOETTCHER, P. J., CAETANO, A. R., GARCIA, J. F., HANOTTE, O., MARIANI, P., SKOW, L. C., SONSTEGARD, T. S., WILLIAMS, J. L., DIALLO, B., HAILEMARIAM, L., MARTINEZ, M. L., MORRIS, C. A., SILVA, L. O., SPELMAN, R. J., MULATU, W., ZHAO, K., ABBEY, C. A., AGABA, M., ARAUJO, F. R., BUNCH, R. J., BURTON, J., GORNI, C., OLIVIER, H., HARRISON, B. E., LUFF, B., MACHADO, M. A., MWAKAYA, J., PLASTOW, G., SIM, W., SMITH, T., THOMAS, M. B., VALENTINI, A., WILLIAMS, P., WOMACK, J., WOOLLIAMS, J. A., LIU, Y., QIN, X., WORLEY, K. C., GAO, C., JIANG, H., MOORE, S. S., REN, Y., SONG, X. Z., BUSTAMANTE, C. D., HERNANDEZ, R. D., MUZNY, D. M., PATIL, S., SAN LUCAS, A., FU, Q., KENT, M. P., VEGA, R., MATUKUMALLI, A., MCWILLIAM, S., SCLEP, G., BRYC, K., CHOI, J., GAO, H., GREFENSTETTE, J. J., MURDOCH, B., STELLA, A., VILLA-ANGULO, R., WRIGHT, M., AERTS, J., JANN, O., NEGRINI, R., GODDARD, M. E., HAYES, B. J., BRADLEY, D. G., BARBOSA DA SILVA, M., LAU, L. P., LIU, G. E., LYNN, D. J., PANZITTA, F., & DODDS, K. G. (2009) Genome-wide survey of SNP variation uncovers the genetic structure of cattle breeds. *Science* **324**(5926):528–532.

BRÄNNÄS, E., WIKLUND, B., BUREL, C., CISZUK, P., LILJEDAHL, L., & KIESSLING, A. (2001) Note on a method for individual recognition in feed pecking in free running groups of hens. *Applied Animal Behaviour Science* **70**:239–243.

BRUMFIELD, R. T., BEERLI, P., NICKERSON, D. A., & EDWARDS, S. V. (2003) The utility of single nucleotide polymorphisms in inferences of population history. *Trends in Ecology and Evolution* **18**:249–256.

BUREL, C., CISZUK, P., WIKLUND, B.-S., BRÄNNÄS, E., & KIESSLING, A. (2002) Note on a method for individual recording of laying performance in groups of hens. *Applied Animal Behaviour Science* **77**:167–171.

CAVERO, D., SCHMUTZ, M., & PREISINGER, R. (2010) Genetic Evaluation For Pure-Line And Cross-Line Performance In Layers. In *Proc. of*, volume 9, 1–6.

CHAKRABORTY, R., MEAGHER, T. R., & SMOUSE, P. E. (1988) Parentage analysis with genetic markers in natural populations. I. The expected proportion of offspring with unambiguous paternity. *Genetics* **118**(3):527–536.

- CHATTERJEE, R. N., BHATTACHARYA, T. K., DANGE, M., & RAJKUMAR, U. (2010) Assessment of genetic relatedness of crossbred chicken populations using microsatellite markers. *Biochem Genet* **48**(9-10):727–736.
- CHENG, H. H., LEVIN, I., VALLEJO, R. L., KHATIB, H., DOGSON, J. B., CRITTENDEN, L. B., & HILLEL, J. (1995) Development of a genetic map of the chicken with markers of high utility. *Poultry Science* **74**(11):1855–1874.
- COOPER, J. J. & APPLEBY, M. C. (1995) Nesting behaviour of hens: Effects of experience on motivation. *Applied Animal Behaviour Science* **42**:283–295.
- COOPER, J. J. & APPLEBY, M. C. (1996a) Demand for nest boxes in laying hens. *Behavioural Processes* **36**:171–182.
- COOPER, J. J. & APPLEBY, M. C. (1996b) Individual variation in prelaying behaviour and the incidence of floor eggs. *Br Poult Sci* **37**(2):245–253.
- COOPER, J. J. & APPLEBY, M. C. (1997) Motivational aspects of individual variation in response to nestboxes by laying hens. *Animal Behaviour* **54**:1245–1253.
- CORDTS, C., SCHMUTZ, M., & PREISINGER, R. (2001) Züchterische Möglichkeiten zur Verbesserung der Schalenstabilität von Eiern. *Lohmann Information* **3**:1–4.
- COUCKE, P., DEWIL, E., DECUYPERE, E., & BAERDEMAEKER, J. D. (1999) Measuring the mechanical stiffness of an eggshell using resonant frequency analysis. *British Poultry Science* **40**:227–232.
- CUC, N. T. K., SIMIANER, H., EDING, H., TIEU, H. V., CUONG, V. C., WOLLNY, C. B. A., GROENEVELD, L. F., & WEIGEND, S. (2010) Assessing genetic diversity of Vietnamese local chicken breeds using microsatellites. *Animal Genetics* **41**:545–547.
- DAMME, K. & MÖBIUS, C., editors (2010) *Geflügeljahrbuch 2010. Jahrbuch des Zentralverbandes des Deutschen Geflügelwirtschaft e.V. (ZDG) und seiner Mitgliedsverbände*. Eugen Ulmer KG, Stuttgart (Hohenheim).
- DAMME, K. & MÖBIUS, C., editors (2012) *Geflügeljahrbuch 2012. Jahrbuch des Zentralverbandes der Deutschen Geflügelwirtschaft e.V. (ZDG) und seiner Mitgliedsverbände*. Eugen Ulmer KG, Stuttgart (Hohenheim).
- DAMME, K., URSELMANS, S., SCHNEIDER, M., & HILDEBRAND, R.-A. (2011) 9. *Bayerischer Herkunftsvergleich von Legehybriden in Bodenhaltung*. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL).
- DE KETELAERE, B., BAMELIS, F., KEMPS, B., DECUYPERE, E., & DE BAERDEMAEKER, J. (2004) Non-destructive measurements of the egg quality. *World's Poultry Science Journal* **60**(3):289–302.
- DEMMELEMEIER, C. (2013) Chicken Checker Version 3.0.4. Technical report, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft.

DORMINEY, R. (1974) Incidence of floor eggs as influenced by time of nest installation, artificial lighting and nest location. *Poultry Science* **53**(5):1886–1891.

DUNN, I. C., BAIN, M., EDMOND, A., WILSON, P. W., JOSEPH, N., SOLOMON, S., DE KETELAERE, B., DE BAERDEMAEKER, J., SCHMUTZ, M., PREISINGER, R., & WADDINGTON, D. (2005) Heritability and genetic correlation of measurements derived from acoustic resonance frequency analysis; a novel method of determining eggshell quality in domestic hens. *Br Poult Sci* **46**(3):280–286.

EG, A. (1999) Richtlinie 1999/74/EG des Rates vom 19. Juli 1999 zur Festlegung von Mindestanforderungen zum Schutz von Legehennen. *ABl EG Nr L 203*.

ENGSTRÖM, G. & WEYDE, C. (1986) Genetic correlations and heritabilities for frequency of cracked eggs, egg number and egg weight in laying hens. *British Poultry Science* **27**:55–61.

FAURE, J. & BRYANJONES, R. (1982) Effects of sex, strain and type of perch on perching behaviour in the domestic fowl. *Applied Animal Ethology* **8**:281–293.

FERRANTE, V., LOLLI, S., VEZZOLI, G., & CAVALCHINI, L. G. (2009) Effects of two different rearing systems (organic and barn) on production performance, animal welfare traits and egg quality characteristics in laying hens. *Italian Journal of Animal Science* **8**:165–174.

FISHER, P. J., MALTHUS, B., WALKER, M. C., CORBETT, G., & SPELMAN, R. J. (2009) The number of single nucleotide polymorphisms and on-farm data required for whole-herd parentage testing in dairy cattle herds. *Journal of Dairy Science* **92**:369–374.

FLOCK, D. (1977) Genetic analysis of part-period egg production in a population of White Leghorns under long-term RRS1. *Zeitschrift für Tierzüchtung und Züchtungsbiologie* **94**(1-4):89–103.

FLOCK, D. & PETERSON, J. (1973) 1. Altersabhängige Beziehung zwischen dem Eigewicht und Kriterien der Eischalenstabilität bei Leghorn-Kreuzungen. *Archiv für Geflügelkunde* **6**:224–228.

FLOCK, D., SCHMUTZ, M., & PREISINGER, R. (2007) Optimierung der Eiqualität aus züchterischer Sicht. *Züchtungskunde* **79**(4):309–319.

FLOCK, D., SCHMUTZ, M., & PREISINGER, R. (2008) Praxisorientierte Legehennenzüchtung. *Landbauforschung- Agriculture and Forestry Research* **322**(Sonderheft):70–92.

FRANCESCH, A., ESTANY, J., ALFONSO, L., & IGLESIAS, M. (1997) Genetic parameters for egg number, egg weight, and eggshell color in three Catalan poultry breeds. *Poult Sci* **76**(12):1627–1631.

FREIRE, R., APPLEBY, M. C., & HUGHES, B. O. (1996) Effects of nest quality and other cues for exploration on pre-laying behaviour. *Applied Animal Behaviour Science* **48**:37–46.

FREIRE, R., APPLEBY, M. C., & HUGHES, B. O. (1997) Assessment of pre-laying motivation in the domestic hen using social interaction. *Anim Behav* **54**(2):313–319.

- FREUND, M. (2013) <http://www.zimmerei-freund.de/fallnester.html> (letzter Aufruf: 23.07.2013).
- FRIES, R. & DURSTEWITZ, G. (2001) Digital DNA signatures for animal tagging. *Nature Biotechnology* **19**:508–508.
- FRÖHLICH, G., THURNER, S., BÖCK, S., WEINFURTNER, R., & WENDL, G. (2007) Elektronisches Identifikationssystem zur Erfassung des Verhaltens von Legehennen. *Elektronische Zeitschrift für Agrarinformatik (eZAI) der Gesellschaft für Informatik in der Land-, Forst- und Ernährungswirtschaft eV (GIL)* **2**(1):9.
- GÄRKE, C., YTOURNEL, F., BED'HOM, B., GUT, I., LATHROP, M., WEIGEND, S., & SIMIANER, H. (2012) Comparison of SNPs and microsatellites for assessing the genetic structure of chicken populations. *Anim Genet* **43**(4):419–428.
- GLAUBITZ, J. C., RHODES, O. E., & DEWOODY, J. A. (2003) Prospects for inferring pairwise relationships with single nucleotide polymorphisms. *Mol Ecol* **12**(4):1039–1047.
- GRANEVITZE, Z., HILLEL, J., CHEN, G. H., CUC, N. T., FELDMAN, M., EDING, H., & WEIGEND, S. (2007) Genetic diversity within chicken populations from different continents and management histories. *Anim Genet* **38**(6):576–583.
- GROENEN, M. A., MEGENS, H.-J., ZARE, Y., WARREN, W. C., HILLIER, L. W., CROOIJMANS, R. P., VEREIJKEN, A., OKIMOTO, R., MUIR, W. M., & CHENG, H. H. (2011) The development and characterization of a 60K SNP chip for chicken. *BMC Genomics* **12**:1–9.
- GROENEVELD, L. F., LENSTRA, J. A., EDING, H., TORO, M. A., SCHERF, B., PILLING, D., NEGRINI, R., FINLAY, E. K., JIANLIN, H., GROENEVELD, E., WEIGEND, S., & GLOBALDIV CONSORTIUM (2010) Genetic diversity in farm animals—a review. *Anim Genet* **41 Suppl 1**:6–31.
- GRUNDER, A. A., HAMILTON, R., FAIRFULL, R. W., & THOMPSON, B. K. (1989) Genetic Parameters of Egg Shell Quality Traits and Percentage of Eggs Remaining Intact Between Oviposition and Grading. *Poultry Science* **68**(1):46–54.
- GUESDON, V., AHMED, A. M. H., MALLET, S., FAURE, J. M., & NYS, Y. (2006) Effects of beak trimming and cage design on laying hen performance and egg quality. *British Poultry Science* **47**:1–12.
- GUESDON, V. & FAURE, J. M. (2004) Laying performance and egg quality in hens kept in standard or furnished cages. *Animal Research* **53**:45–57.
- HALAWANI, M. E. E. (1980) Effect of Nest-Deprivation on Serum Prolactin Level in Nesting Female Turkeys. *Biology of Reproduction* **23**:118–123.
- HARA, K., KON, Y., SASAZAKI, S., MUKAI, F., & MANNEN, H. (2010) Development of novel SNP system for individual and pedigree control in a Japanese Black cattle population using whole-genome genotyping assay: NOVEL SNP SYSTEM IN JAPANESE BLACK. *Animal Science Journal* **81**:506–512.

- HAYES, B. (2011) Technical note: Efficient parentage assignment and pedigree reconstruction with dense single nucleotide polymorphism data. *Journal of Dairy Science* **94**(4):2114–2117.
- HEATON, M. P., HARHAY, G. P., BENNETT, G. L., STONE, R. T., GROSSE, W. M., CASAS, E., KEELE, J. W., SMITH, T. P., CHITKO-MCKOWN, C. G., & LAEGREID, W. W. (2002) Selection and use of SNP markers for animal identification and paternity analysis in U.S. beef cattle. *Mamm Genome* **13**(5):272–281.
- HEYEN, D., BEEVER, J., DA, Y., EVERTS, R., GREEN, C., LEWIN, H., BATES, S., & ZIEGLE, J. (1997) Exclusion probabilities of 22 bovine microsatellite markers in fluorescent multiplexes for semiautomated parentage testing. *Animal Genetics* **28**(1):21–27.
- HIDALGO, A., ROSSI, M., CLERICI, F., & RATTI, S. (2008) A market study on the quality characteristics of eggs from different housing systems. *Food Chemistry* **106**(3):1031–1038.
- HILLIER, L. W., MILLER, W., BIRNEY, E., WARREN, W., HARDISON, R. C., PONTING, C. P., BORK, P., BURT, D. W., GROENEN, M. A. M., DELANY, M. E., DODGSON, J. B., ASSEMBLY, G., CHINWALLA, A. T., CLIFTEN, P. F., CLIFTON, S. W., DELEHAUNTY, K. D., FRONICK, C., FULTON, R. S., GRAVES, T. A., KREMITZKI, C., LAYMAN, D., MAGRINI, V., MCPHERSON, J. D., MINER, T. L., MINX, P., NASH, W. E., NHAN, M. N., NELSON, J. O., ODDY, L. G., POHL, C. S., RANDALL-MAHER, J., SMITH, S. M., WALLIS, J. W., YANG, S.-P., ROMANOV, M. N., RONDELLI, C. M., PATON, B., SMITH, J., MORRICE, D., DANIELS, L., TEMPEST, H. G., ROBERTSON, L., MASABANDA, J. S., GRIFFIN, D. K., VIGNAL, A., FILLON, V., KERJE, S., ANDERSSON, L., CROOIJMANS, R. P. M., AERTS, J., VAN DER POEL, J. J., ELLEGREN, H., CDNA SEQUENCING, CALDWELL, R. B., HUBBARD, S. J., GRAFHAM, D. V., KIERZEK, A. M., MCLAREN, S. R., OVERTON, I. M., ARAKAWA, H., BEATTIE, K. J., BEZZUBOV, Y., BOARDMAN, P. E., BONFIELD, J. K., CRONING, M. D. R., DAVIES, R. M., FRANCIS, M. D., HUMPHRAY, S. J., SCOTT, C. E., TAYLOR, R. G., TICKLE, C., BROWN, W. R. A., ROGERS, J., BUERSTEDDE, J.-M., WILSON, S. A., OVCHARENKO, I., GORDON, L., LUCAS, S., MILLER, M. M., INOKO, H., SHIINA, T., KAUFMAN, J., SALOMONSEN, J., SKJOEDT, K., WONG, G. K.-S., WANG, J., LIU, B., WANG, J., YU, J., YANG, H., NEFEDOV, M., KORIABINE, M., DEJONG, P. J., GOODSTADT, L., WEBBER, C., DICKENS, N. J., LETUNIC, I., SUYAMA, M., TORRENTS, D., VON MERING, C., ZDOBNOV, E. M., MAKOVA, K., ELNITSKI, L., ESWARA, P., KING, D. C., YANG, S., TYEKUCHEVA, S., RADAKRISHNAN, A., HARRIS, R. S., CHIAROMONTE, F., TAYLOR, J., HE, J., RIJNKELS, M., GRIFFITHS-JONES, S., HOFFMAN, M. M., SEVERIN, J., SEARLE, S. M. J., LAW, A. S., SPEED, D., WADDINGTON, D., CHENG, Z., TUZUN, E., BAO, Z., FLICEK, P., SHTEYNBERG, D. D., BRENT, M. R., BYE, J. M., HUCKLE, E. J., CHATTERJI, S., DEWEY, C., PACTER, L., KOURANOV, A., MOURELATOS, Z., HATZIGEORGIOU, A. G., PATERSON, A. H., IVARIE, R., BRANDSTROM, M., AXELSSON, E., BACKSTROM, N., WEBSTER, M. T., POURQUIE, O., REYMOND, A., UCLA, C., ANTONARAKIS, S. E., LONG, M., EMERSON, J. J., BETRÁN, E., DUPANLOUP, I., KAESSMANN, H., HINRICHS, A. S., BEJERANO, G., FUREY, T. S., HARTE, R. A., RANEY, B., SIEPEL, A., KENT, W. J., HAUSSLER, D., EYRAS, E., CASTELO, R., ABRIL, J. F., CASTELLANO, S., CAMARA, F., PARRA, G., GUIGO, R., BOURQUE, G., TESLER, G., PEVZNER, P. A., SMIT, A., FULTON, L. A., MARDIS, E. R., & WILSON, R. K. (2004)

Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. *Nature* **432**:695–716.

HOCKING, P. M. (2010) Developments in poultry genetic research 1960–2009. *British Poultry Science* **51**:44–51.

HUNEAU-SALAUEN, A., GUINEBRETIERE, M., TAKTAK, A., HUONNIC, D., & MICHEL, V. (2011) Furnished cages for laying hens: study of the effects of group size and litter provision on laying location, zootechnical performance and egg quality. *animal* **5**:911–917.

HY-LINE (2013) <http://www.hyline.com/UserDocs/redbookpdfs/> (letzter Aufruf: 13.5.2013) Hy-Line RedBook Online Management Guide.

ICKEN, W. (2009) Schätzung genetischer Parameter für Verhaltens- und Leistungsmerkmale von Legehennen in Gruppenhaltungssystemen. Ph.D. thesis, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel.

ICKEN, W., CAVERO, D., SCHMUTZ, M., & PREISINGER, R. (2012) New phenotypes for new breeding goals in layers. *World's Poultry Science Journal* **68**:387–400.

ICKEN, W., CAVERO, D., SCHMUTZ, M., THURNER, S., WENDL, G., & PREISINGER, R. (2008a) Analysis of the free range behaviour of laying hens and the genetic and phenotypic relationships with laying performance. *British Poultry Science* **49**(5):533–541.

ICKEN, W., CAVERO, D., SCHMUTZ, M., THURNER, S., WENDL, G., & PREISINGER, R. (2008b) Analysis of the time interval within laying sequences in a transponder nest. In *Proceedings of the XXIII World's Poultry Congress, Brisbane, Australia, W. Poult. Sci. J.*, 231.

ICKEN, W., CAVERO, D., THURNER, S., SCHMUTZ, M., WENDL, G., & PREISINGER, R. (2009a) Genotype environment interactions for laying hens housed in single cages and floor housing systems. In *Proceedings of the 6th European Poultry Genetic Symposium*, 1. World Poultry Science Organization.

ICKEN, W. & PREISINGER, R. (2009) New techniques to select laying hens for alternative systems. In *British Poultry Abstracts 2009*, 14–15. Spring Meeting of the World Poultry Science Association UK Branch, Southport, UK, 31 March-1 April 2009.

ICKEN, W., PREISINGER, R., THURNER, S., & WENDL, G. (2010a) New selection traits from group housing systems. *Lohmann Information* **45**(1):22–26.

ICKEN, W., SCHMUTZ, M., FRIES, R., THURNER, S., WENDL, G., PREISINGER, R. ET AL. (2006a) Genetic parameters for egg production and nesting behaviour in a non-cage environment. In *European Poultry Conference*.

ICKEN, W., SCHMUTZ, M., & PREISINGER, R. (2006b) Dynamic stiffness measurements with the "crack detector": a new method to improve egg shell strength. *Lohmann Information* **41**:13–19.

ICKEN, W., THURNER, S., CAVERO, D., SCHMUTZ, M., WENDL, G., & PREISINGER, R. (2009b) Analyse des Nestverhaltens von Legehennen in der Bodenhaltung. *Arch Geflügelkd* **73**(2):102–109.

ICKEN, W., THURNER, S., CAVERO, D., SCHMUTZ, M., WENDL, G., PREISINGER, R. ET AL. (2009c) Genetic analysis of the laying pattern in floor management in terms of new performance parameters for breeding. *Archiv für Tierzucht* **52**(2):187–199.

ICKEN, W., THURNER, S., HEINRICH, A., KAISER, A., CAVERO, D., WENDL, G., SCHMUTZ, M., & PREISINGER, R. (2013) Higher precision level at individual laying performance tests in cage free housing systems. *Poultry Science* **92**(9):2276–2282.

ICKEN, W., THURNER, S., WENDL, G., & PREISINGER, R. (2010b) Leistungsprüfung in Alternativsystemen. *DGS - Das Magazin für die Geflügelwirtschaft und Schweineproduktion* **9**:35–39.

INSTITUT FÜR LANDTECHNIK, B. U. U. D. L. F. L., editor (2006) *Umwelt- und artgerechte Legehennenhaltung, TVI: Entwicklung und Erprobung von elektronischen Registrierungssystemen*". Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Institut für Landtechnik, Bauwesen und Umwelttechnik (ILT), Vöttinger Strasse 36, Freising.

INTERNATIONAL GOAT GENOME CONSORTIUM (2014) <http://www.goatgenome.org/projects.html> (letzter Aufruf: 17.10.2014).

INTERNATIONAL SHEEP GENOMICS CONSORTIUM (2013) <http://sheepmap.org> (letzter Aufruf: 04.06.2013).

JAMISON, B., BEYER, R., ROBEL, R., & PONTIUS, J. (2000) Passive Integrated Transponder Tags as Markers for Chicks. *Poultry Science* **79**:946–948.

JANSEN, A., BEELEN, C., & RUPPERT, H. (1998) www.patentde.com/19980903/EP0855137.html (Verfahren und Vorrichtung zum Individualisieren eines Eies hinsichtlich seiner Legehenne) (letzter Aufruf: 02.10.2013).

JOHANSSON, K., ÖRBERG, J., CARLGREN, A.-B., & WILHELMSON, M. (1996) Selection for egg shell strength in laying hens using shell membrane characteristics. *British poultry science* **37**(4):757–763.

KEMPS, B., GOVAERTS, T., DE KETELAERE, B., MERTENS, K., BAMELIS, F., BAIN, M., DECUYPERE, E., & DE BAERDEMAEKER, J. (2006) The influence of line and laying period on the relationship between different eggshell and membrane strength parameters. *Poultry Science* **85**(7):1309–1317.

KETELAERE, B. D., COUCKE, P., & BAERDEMAEKER, J. D. (2000) Eggshell Crack Detection based on Acoustic Resonance Frequency Analysis. *Journal of Agricultural Engineering Research* **76**:157–163.

KLEIN, S. & ELLENDORFF, F. (2000) Localisation of Xho1 repetitive sequences on autosomes in addition to the W chromosome in chickens and its relevance for sex diagnosis. *Animal Genetics* **31**:104–109.

- KNEUER, T. (2006) Das automatische Legenest zur individuellen Leistungserfassung-Entwicklungsstand, Kosten und Probleme der Datenerfassung am Beispiel von Lohmann Silver und Lohmann Selected Leghorn Hybriden. Technical report, Lehr-, Versuchs- und Fachzentrum für Geflügel- und Kleintierhaltung Kitzingen.
- KRANIS, A., GHEYAS, A. A., BOSCHIERO, C., TURNER, F., YU, L., SMITH, S., TALBOT, R., PIRANI, A., BREW, F., KAISER, P. ET AL. (2013) Development of a high density 600K SNP genotyping array for chicken. *BMC genomics* **14**(1):1–13.
- KRAWCZAK, M. (1999) Informativity assessment for biallelic single nucleotide polymorphisms. *Electrophoresis* **20**(8):1676–1681.
- KRAWCZYK, J. & GORNOWICZ, E. (2010) Quality of eggs from hens kept in two different free-range systems in comparison with a barn system. *Arch Geflügelkd* **74**(3):151–157.
- KRUGLYAK, L. (1997) The use of a genetic map of biallelic markers in linkage studies. *Nature Genetics* **17**:21–24.
- LASSNER, C. (2009) Überprüfung und Bewertung des Doppelbelegungssensors und der Identifizierungssicherheit bei Legehennen im weiterentwickelten Weihenstephaner Muldennest. Master's thesis, Technische Universität München.
- LENSTRA, J. A., GROENEVELD, L. F., EDING, H., KANTANEN, J., WILLIAMS, J. L., TABERLET, P., NICOLAZZI, E. L., SÖLKNER, J., SIMIANER, H., CIANI, E., GARCIA, J. F., BRUFORD, M. W., AJMONE-MARSAN, P., & WEIGEND, S. (2012) Molecular tools and analytical approaches for the characterization of farm animal genetic diversity. *Anim Genet* **43**(5):483–502.
- LEYENDECKER, M., HAMANN, H., HARTUNG, J., GLÜNDER, M., G. AND NOGOSSEK, NEUMANN, U., SÜRIE, C., KAMPHUES, J., & DISTL, O. (2002) Untersuchungen zur Schalenfestigkeit und Knochenstabilität von Legehennen in drei verschiedenen Haltungssystemen. *Lohmann Information* **2**:1–6.
- LIEN, S., ROGNE, S., BROVOLD, M., & ALESTRÖM, P. (1990) A method for isolation of DNA from frozen (AI) bulls semen. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **107**(1-6):74–74.
- LIU, W., LI, D., LIU, J., CHEN, S., QU, L., ZHENG, J., XU, G., & YANG, N. (2011) A genome-wide SNP scan reveals novel loci for egg production and quality traits in white leghorn and brown-egg dwarf layers. *PLoS One* **6**(12).
- LIVAK, K. J., MARMARO, J., & TODD, J. A. (1995) Towards fully automated genome-wide polymorphism screening. *Nat Genet* **9**(4):341–342.
- LOHMANN TIERZUCHT (2013a) *Managementempfehlungen für die Aufzucht von Legehennen in Boden-, Volieren- und Freilandhaltung*. Lohmann Tierzucht GmbH.
- LOHMANN TIERZUCHT (2013b) *Managementempfehlungen für Legehennen in Boden-, Volieren- und Freilandhaltung*. Lohmann Tierzucht GmbH.

- LWELAMIRA, J., KIFARO, G., & GWAKISA, P. (2009) Genetic parameters for body weights, egg traits and antibody response against Newcastle Disease Virus (NDV) vaccine among two Tanzania chicken ecotypes. *Tropical Animal Health and Production* **41**(1):51–59.
- MANEL, S., GAGGIOTTI, O. E., & WAPLES, R. S. (2005) Assignment methods: matching biological questions with appropriate techniques. *Trends Ecol Evol* **20**(3):136–142.
- MARX, G., KLEIN, S., & WEIGEND, S. (2002) An automated nest box system for individual performance testing and parentage control in laying hens maintained in groups. *Archiv für Geflügelkunde* **66**(3):141–144.
- MATUKUMALLI, L. K., LAWLEY, C. T., SCHNABEL, R. D., TAYLOR, J. F., ALLAN, M. F., HEATON, M. P., O'CONNELL, J., MOORE, S. S., SMITH, T. P. L., SONSTEGARD, T. S., & TASSELL, C. P. V. (2009) Development and Characterization of a High Density SNP Genotyping Assay for Cattle. *PLOS One* **4**.
- MIELLENZ, N., KOVAC, M., GROENEVELD, E., PREISINGER, R., SCHMUTZ, M., & SCHÜLER, L. (2003a) Genetische Parameter für Merkmale der Eiproduktion geschätzt mit additiven und Dominanzmodellen bei Legehennen. *Arch Tierz, Dummerstorf* **46**(1):77–84.
- MIELLENZ, N., NURGIARTININGSIH, V., SCHMUTZ, M., & SCHÜLER, L. (2003b) Schätzung von Varianzkomponenten mit Gruppenmittelwerten am Beispiel von Legehennen, gehalten in Gruppenkäfigen. *Arch Tierz, Dummerstorf* **46**(5):491–498.
- MÖBIUS, C. (2013) Selektion von Legehennen unter Feldbedingungen als Teil des Natural Concept. *DGS - Das Magazin für die Geflügelwirtschaft und Schweineproduktion* **9**:13–17.
- MONIRA, K., SALAHUDDIN, M., & MIAH, G. (2003) Effect of Breed and Holding Period on Egg Quality Characteristics of Chicken. *International Journal of Poultry Science* **2**:261–263.
- MORRIS, J. (1964) Estimates of genetic parameters relevant in selection for certain aspects of egg quality. *Crop and Pasture Science* **15**(4):719–727.
- MOULA, N., ANTOINE-MOUSSIAUX, N., DECUYPERE, E., FARNIR, F., MERTENS, K., DE BAERDEMAEKER, J., & LEROY, P. (2010) Comparative study of egg quality traits in two Belgian local breeds and two commercial lines of chickens. *Archiv Für Geflügelkunde= European Poultry Science= Revue de Science Avicole Européenne* **74**(3):164–171.
- MUCHADEYI, F. C., EDING, H., WOLLNY, C. B. A., GROENEVELD, E., MAKUZA, S. M., SHAMSELDIN, R., SIMIANER, H., & WEIGEND, S. (2007) Absence of population substructuring in Zimbabwe chicken ecotypes inferred using microsatellite analysis. *Animal Genetics* **38**:332–339.
- MUIR, W. M., WONG, G. K., ZHANG, Y., WANG, J., GROENEN, M. A. M., CROOIJMANS, R. P. M. A., ZHANG, H. M., MCKAY, J., MCLEOD, C. W., OKIMOTO, R., FULTON, J. E., SETTAR, P., O'SULLIVAN, N. P., VEREIJKEN, A., JUNGERIUS-RATTINK, A., ALBERS, G. A. A., LAWLEY, C. T., DELANY, M. E., & CHENG, H. H. (2008) Review of the initial validation and characterization of a chicken 3K SNP array. *Worlds Poultry Science Journal* **64**:219–226.

- MWACHARO, J. M., NOMURA, K., HANADA, H., JIANLIN, H., HANOTTE, O., & AMANO, T. (2007) Genetic relationships among Kenyan and other East African indigenous chickens: Genetic relationships among Kenyan chickens. *Animal Genetics* **38**:485–490.
- NIKNAFS, S., NEJATI-JAVAREMI, A., MEHRABANI-YEGANEH, H., & FATEMI, S. A. (2012) Estimation of genetic parameters for body weight and egg production traits in Mazandaran native chicken. *Tropical animal health and production* **44**(7):1437–1443.
- NIKOLOVA, N. & KOCEVSKI, D. (2006) Forming egg shape index as influenced by ambient temperatures and age of hens. *Biotechnology in Animal Husbandry* **22**:119–125.
- NOVO, R., GAMA, L., & SOARES, M. C. (1997) Effects of oviposition time, hen age, and extra dietary calcium on egg characteristics and hatchability. *The Journal of Applied Poultry Research* **6**(3):335–343.
- NURGIARTININGSIH, V., MIELENZ, N., PREISINGER, R., SCHMUTZ, M., & SCHÜLER, L. (2002) Genetic parameters for egg production and egg weight of laying hens housed in single and group cages. *Arch Tierz, Dummerstorf* **45**(5):501–508.
- NURGIARTININGSIH, V. M., MIELENZ, N., PREISINGER, R., SCHMUTZ, M., & SCHUELER, L. (2004) Estimation of genetic parameters based on individual and group mean records in laying hens. *Br Poult Sci* **45**(5):604–610.
- PETEK, M. (2004) The productivity of commercial laying hens housed in battery cage, aviary, perchery and free-range housing systems. In *Proceeding of the 22th World's Poultry Congress, June*, 8–13.
- PLATZ, S., HEYN, E., HERGT, F., WEIGL, B., ERHARD, M. ET AL. (2009) Comparative study on the behaviour, health and productivity of laying hens in a furnished cage and an aviary system. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* **122**(7/8):235–240.
- PREISINGER, R. (2007) Struktur und Entwicklungsperspektiven in der Legehennenzucht. *Geflügeljahrbuch 2008 Eugen Ulmer KG, Stuttgart* 77–82.
- PURCELL, S., NEALE, B., TODD-BROWN, K., THOMAS, L., FERREIRA, M., BENDER, D., MALLER, J., SKLAR, P., BAKKER, P., DALY, M., & SHAM, P. (2007) PLINK: A Tool Set for Whole-Genome Association and Population-Based Linkage Analyses. *The American Journal of Human Genetics* **81**:559–575.
- RAMOS, A. M., CROOIJMANS, R. P. M. A., AFFARA, N. A., AMARAL, A. J., KERSTENS, H. H. D., MEGENS, H. J. W. C., GROENEN, M. A. M., CHURCHER, C., CLARK, R., DEHAIS, P., HANSEN, M. S., HEDEGAARD, J., HU, Z.-L., LAW, A. S., MEGENS, H.-J., MILAN, D., NONNEMAN, D. J., ROHRER, G. A., ROTHSCHILD, M. F., SMITH, T. P. L., SCHNABEL, R. D., TASSELL, C. P. V., TAYLOR, J. F., WIEDMANN, R. T., & SCHOOK, L. B. (2009) Design of a high density SNP genotyping assay in the pig using SNPs identified and characterized by next generation sequencing technology. *PLOS One* **4**(8):1–13.

RANADE, K., TING, C.-T., PEI, D., HSIAO, C.-F., PESICH, R., HEBERT, J., CHEN, Y.-D. I., DZAU, V. J., CURB, D., OLSHEN, R., COX, D. R., & BOTSTEIN, D. (2001) High-Throughput Genotyping with Single Nucleotide Polymorphisms. *Genome Research* **11**:1262–1268.

REU, K. D., GRIJSPEERDT, K., HEYNDRICKX, M., ZOONS, J., BAERE, K. D., UYTENDAELE, M., DEBEVERE, J., & HERMAN, L. (2005) Bacterial eggshell contamination in conventional cages, furnished cages and aviary housing systems for laying hens. *British Poultry Science* **46**:149–155.

RISHELL, W. (1997) Breeding and genetics—historical perspective. *Poultry Science* **76**(8):1057–1061.

ROMANOV, M. N. & WEIGEND, S. (2001) Analysis of genetic relationships between various populations of domestic and jungle fowl using microsatellite markers. *Poult Sci* **80**(8):1057–1063.

ROSENBERG, N. A., BURKE, T., ELO, K., FELDMAN, M. W., FREIDLIN, P. J., GROENEN, M. A., HILLEL, J., MÄKI-TANIILA, A., TIXIER-BOICHARD, M., VIGNAL, A., WIMMERS, K., & WEIGEND, S. (2001) Empirical evaluation of genetic clustering methods using multilocus genotypes from 20 chicken breeds. *Genetics* **159**(2):699–713.

SÁINZ, F., GONZÁLEZ, M., ROCA, P., & ALEMANY, M. (1983) Physical and chemical nature of eggs from six breeds of domestic fowl. *British Poultry Science* **24**:301–309.

SAMBROOK, J., FRITSCH, E. F., MANIATIS, T. ET AL. (1989) *Molecular cloning*, volume 2. Cold spring harbor laboratory press New York.

SAMBROOK, J., RUSSELL, D. W., & RUSSELL, D. W. (2001) *Molecular cloning: a laboratory manual (3-volume set)*. Cold Spring Harbor Laboratory Press Cold Spring Harbor New York.

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

SCHMID, M., NANDA, I., GUTTENBACH, M., STEINLEIN, C., HOEHN, M., SCHARTL, M., HAAF, T., WEIGEND, S., FRIES, R., BUERSTEDDE, J. M., WIMMERS, K., BURT, D. W., SMITH, J., A'HARA, S., LAW, A., GRIFFIN, D. K., BUMSTEAD, N., KAUFMAN, J., THOMSON, P. A., BURKE, T., GROENEN, M. A., CROOIJMANS, R. P., VIGNAL, A., FILLON, V., MORISSON, M., PITEL, F., TIXIER-BOICHARD, M., LADJALI-MOHAMMEDI, K., HILLEL, J., MÄKI-TANIILA, A., CHENG, H. H., DELANY, M. E., BURNSIDE, J., & MIZUNO, S. (2000) First report on chicken genes and chromosomes 2000. *Cytogenet Cell Genet* **90**(3-4):169–218.

SCHOLTYSSEK, S. (1987) *Geflügel*. Eugen Ulmer KG, Stuttgart (Hohenheim).

SCHOPEN, G. C., BOVENHUIS, H., VISKER, M. H., & VAN ARENDONK, J. A. (2008) Comparison of information content for microsatellites and SNPs in poultry and cattle. *Anim Genet* **39**(4):451–453.

- SETTAR, P., ARANGO, J., & ARTHUR, J. A. (2006) Evidence of genetic variability for floor and nest egg laying behavior in floor pens. In *XIIIth European Poultry Conference*. Verona, Italy.
- SHIMMURA, T., HIRAHARA, S., AZUMA, T., SUZUKI, T., EGUCHI, Y., UETAKE, K., & TANAKA, T. (2010) Multi-factorial investigation of various housing systems for laying hens. *British poultry science* **51**(1):31–42.
- SILVERSIDES, F. G. & SCOTT, T. A. (2001) Effect of storage and layer age on quality of eggs from two lines of hens. *Poult Sci* **80**(8):1240–1245.
- SIMON, I. & STEGMANN, J. (2000) Referat V: Geflügelhaltung- Berichte und Ergebnisse 2000. Technical report, Landwirtschaftszentrum Haus Düsse, Landwirtschaftskammer Nordrhein Westfalen, Ostinghausen, 59505 Bad Sassendorf.
- SIMON, I. & STEGMANN, J. (2004) Referat V: Geflügelhaltung- Berichte und Ergebnisse 2004. Technical report, Landwirtschaftszentrum Haus Düsse, Landwirtschaftskammer Nordrhein Westfalen, Ostinghausen, 59505 Bad Sassendorf.
- SIMON, I., STEGMANN, J., & PÖPPEL, M. (2012) 1. Nordrhein-Westfälischer Herkunftsvergleich von Legehybriden in Kleingruppenhaltung. Technical report, Landwirtschaftszentrum Haus Düsse, Landwirtschaftskammer Nordrhein Westfalen, Ostinghausen, 59505 Bad Sassendorf.
- SINGH, R., CHENG, K. M., & SILVERSIDES, F. G. (2009) Production performance and egg quality of four strains of laying hens kept in conventional cages and floor pens. *Poultry Science* **88**:256–264.
- SOLLER, M., WEIGEND, S., ROMANOV, M. N., DEKKERS, J. C. M., & LAMONT, S. J. (2006) Strategies to Assess Structural Variation in the Chicken Genome and its Associations with Biodiversity and Biological Performance. *Poultry Science* **85**:2061–2078.
- SOONCHARENYING, S. & EDWARDS, H. M. (1989) Modelling the relationships of egg weight, specific gravity, shell calcium and shell thickness. *British Poultry Science* **30**:623–631.
- SPERL, T. (1999) *Hühnerzucht für jedermann*. Oertel + Spörer Verlags-GmbH+Co., Reutlingen.
- TACTACAN, G. B., GUENTER, W., LEWIS, N. J., RODRIGUEZ-LECOMPTE, J. C., & HOUSE, J. D. (2009) Performance and welfare of laying hens in conventional and enriched cages. *Poultry Science* **88**:698–707.
- TANAKA, T. & HURNIK, J. F. (1992) Comparison of behavior and performance of laying hens housed in battery cages and an aviary. *Poult Sci* **71**(2):235–243.
- TAUSON, R., WAHLSTRÖM, A., & ABRAHAMSSON, P. (1999) Effect of two floor housing systems and cages on health, production, and fear response in layers. *The Journal of Applied Poultry Research* **8**(2):152–159.

TAYLOR, A. A. & HURNIK, J. F. (1996) The long-term productivity of hens housed in battery cages and an aviary. *Poult Sci* **75**(1):47–51.

TERNES, W., ACKER, L., & SCHOLTYSEK, S. (1994) *Ei und Eiprodukte, Charakteristische Merkmale des Eies und ihre Prüfverfahren*. Verlag Paul Parey, Berlin/Hamburg.

THURNER, S. (2006) Automatic registration and evaluation of the ranging behaviour of laying hens in group housing systems using RFID technology and electronic pop holes. Master's thesis, Wissenschaftszentrum Weihenstephan für Ernährung, Landnutzung und Umwelt der Technischen Universität München, Lehrstuhl für Agrarsystemtechnik.

THURNER, S. & WENDL, G. (2007) *Automatische Erfassung der Legeleistung und des Legeverhaltens von Legehennen in Gruppenhaltungssystemen - Optimierung der Legenester und Einfluss der Besatzdichte*. ISBN:978-3-939371-41-0. Kuratorium für Technik und Bauwesen in der Landwirtschaft e.V. (KTBL), Darmstadt.

THURNER, S. & WENDL, G. (2008) AUTOMATISCHE IDENTIFIKATIONS-UND REGISTRIERUNGSSYSTEM VON LEGEHENNEN MIT RFID TECHNOLOGIE AUTOMATIC IDENTIFICATION AND REGISTRATION OF LAYING HENS WITH RFID TECHNOLOGY. In *Engineering for Rural Development*.

THURNER, S., WENDL, G., BÖCK, S., WEINFURTNER, R., FRÖHLICH, G., & PREISINGER, R. (2005a) Individuelle und automatische Erfassung von Legeleistung und-verhalten. *Landtechnik* **60**(5):280–281.

THURNER, S., WENDL, G., & PREISINGER, R. (2006) Funnel nest box: a system for automatic recording of individual performance and behaviour of laying hens in floor management. In *European Poultry Conference*.

THURNER, S., WENDL, G., PREISINGER, R., FRÖHLICH, G., BÖCK, S., & WEINFURTNER, R. (2005b) *Entwicklung eines automatischen Legenestes zur elterntierbezogenen Erfassung von Verhaltens- und Leistungsparametern bei Legehennen in artgerechter Gruppenhaltung*, volume 441. Kuratorium für Technik und Bauwesen in der Landwirtschaft e.V. (KTBL) und Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft e.V. (DVG) KTBL-Schrift 441, Darmstadt und Gießen, ISBN: 3-7843-2189-5.

TIXIER-BOICHARD, M., LEENSTRA, F. R., FLOCK, D., HOCKING, A. D., & WEIGEND, S. (2012) A century of poultry genetics. *Worlds Poultry Science Journal* **68**:307–321.

TUMOVA, E. & EBEID, T. (2005) Effect of time of oviposition on egg quality characteristics in cages and in a litter housing system. *Czech J Anim Sci* **50**(3):129–134.

TUMOVA, E. & LEDVINKA, Z. (2009) The effect of time of oviposition and age on egg weight, egg components weight and eggshell quality. *Archiv für Geflügelkunde* **73**(2):110–115.

TŮMOVÁ, E., ZITA, L., HUBENÝ, M., & LEDVINKA, Z. (2007) The effect of oviposition time and genotype on egg quality characteristics in egg type hens. *Czech J Anim Sci* **52**(1):26–30.

- TWITO, T., WEIGEND, S., BLUM, S., GRANEVITZE, Z., FELDMAN, M. W., PERL-TREVES, R., LAVI, U., & HILLEL, J. (2007) Biodiversity of 20 chicken breeds assessed by SNPs located in gene regions. *Cytogenet Genome Res* **117**(1-4):319–326.
- VAN DE GOOR, L. H., KOSKINEN, M. T., & VAN HAERINGEN, W. A. (2011a) Population studies of 16 bovine STR loci for forensic purposes. *Int J Legal Med* **125**(1):111–119.
- VAN DE GOOR, L. H., VAN HAERINGEN, W. A., & LENSTRA, J. A. (2011b) Population studies of 17 equine STR for forensic and phylogenetic analysis. *Anim Genet* **42**(6):627–633.
- VAN DEN BRAND, H., PARMENTIER, H. K., & KEMP, B. (2004) Effects of housing system (outdoor vs cages) and age of laying hens on egg characteristics. *Br Poult Sci* **45**(6):745–752.
- VAN HORNE, P. L. (1996) Production and economic results of commercial flocks with white layers in aviary systems and battery cages. *Br Poult Sci* **37**(2):255–261.
- VIGNAL, A., MILAN, D., SANCRISTOBAL, M., & EGGEN, A. (2002) A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genet Sel Evol* **34**(3):275–305.
- VITS, A., WEITZENBÜRGER, D., HAMANN, H., & DISTL, O. (2005) Production, egg quality, bone strength, claw length, and keel bone deformities of laying hens housed in furnished cages with different group sizes. *Poult Sci* **84**(10):1511–1519.
- VOISEY, P. W. & HUNT, J. (1974) MEASUREMENT OF EGG SHELL STRENGTH*. *Journal of Texture Studies* **5**(2):135–182.
- W. ICKEN, M. S. & PREISINGER, R. (2012) Genotype-Environment Interaction: Breeding Layers with Different Requirement vor Varying Housing Systems. In SANDILANDS, V. & HOCKING, P. M., editors, *Alternative Systems for Poultry, Health, Welfare and Productivity*. CABI Publishing: Chapter 16.
- WALL, H. (2003) Laying Hens in Furnished Cages - Use of Facilities, Exterior Egg Quality and Bird Health. Ph.D. thesis, Swedish University of Agricultural Sciences.
- WALL, H. (2011) Production performance and proportion of nest eggs in layer hybrids housed in different designs of furnished cages. *Poult Sci* **90**(10):2153–2161.
- WALL, H., TAUSON, R., & ELWINGER, K. (2002) Effect of nest design, passages, and hybrid on use of nest and production performance of layers in furnished cages. *Poult Sci* **81**(3):333–339.
- WALL, H., TAUSON, R., & ELWINGER, K. (2004) Pop hole passages and welfare in furnished cages for laying hens. *British Poultry Science* **45**(1):20–27.
- WALL, H., TAUSON, R., & SORGJERD, S. (2008) Bacterial Contamination of Eggshells in Furnished and Conventional Cages. *Journal of Applied Poultry Research* **17**:11–16.

WANG, X. L., ZHENG, J. X., NING, Z. H., QU, L. J., XU, G. Y., & YANG, N. (2009) Laying performance and egg quality of blue-shelled layers as affected by different housing systems. *Poult Sci* **88**(7):1485–1492.

WEI, M. & VAN DER WERF, J. H. (1995) Genetic correlation and heritabilities for purebred and crossbred performance in poultry egg production traits. *J Anim Sci* **73**(8):2220–2226.

WEIGEND, S. (2002) Molekulare Marker zur Bewertung gentischer Vielfalt bei Geflügel. *ForschungsReport* **2**:34–37.

WERNER, F. A., DURSTEWITZ, G., HABERMANN, F. A., THALLER, G., KRÄMER, W., KOLLERS, S., BUITKAMP, J., GEORGES, M., BREM, G., MOSNER, J., & FRIES, R. (2004) Detection and characterization of SNPs useful for identity control and parentage testing in major European dairy breeds. *Anim Genet* **35**(1):44–49.

WOLC, A., LISOWSKI, M., HILL, W., & WHITE, I. (2011a) Genetic heterogeneity of variance in production traits of laying hens. *Br Poult Sci* **52**(5):537–540.

WOLC, A., STRICKER, C., ARANGO, J., SETTAR, P., FULTON, J. E., O’SULLIVAN, N. P., PREISINGER, R., HABIER, D., FERNANDO, R., GARRICK, D. J., LAMONT, S. J., & DEKKERS, J. C. (2011b) Breeding value prediction for production traits in layer chickens using pedigree or genomic relationships in a reduced animal model. *Genet Sel Evol* **43**:5–5.

WONG, G. K., LIU, B., WANG, J., ZHANG, Y., YANG, X., ZHANG, Z., MENG, Q., ZHOU, J., LI, D., ZHANG, J., NI, P., LI, S., RAN, L., LI, H., ZHANG, J., LI, R., LI, S., ZHENG, H., LIN, W., LI, G., WANG, X., ZHAO, W., LI, J., YE, C., DAI, M., RUAN, J., ZHOU, Y., LI, Y., HE, X., ZHANG, Y., WANG, J., HUANG, X., TONG, W., CHEN, J., YE, J., CHEN, C., WEI, N., LI, G., DONG, L., LAN, F., SUN, Y., ZHANG, Z., YANG, Z., YU, Y., HUANG, Y., HE, D., XI, Y., WEI, D., QI, Q., LI, W., SHI, J., WANG, M., XIE, F., WANG, J., ZHANG, X., WANG, P., ZHAO, Y., LI, N., YANG, N., DONG, W., HU, S., ZENG, C., ZHENG, W., HAO, B., HILLIER, L. W., YANG, S. P., WARREN, W. C., WILSON, R. K., BRANDSTRÖM, M., ELLEGREN, H., CROOIJMANS, R. P., VAN DER POEL, J. J., BOVENHUIS, H., GROENEN, M. A., OVCHARENKO, I., GORDON, L., STUBBS, L., LUCAS, S., GLAVINA, T., AERTS, A., KAISER, P., ROTHWELL, L., YOUNG, J. R., ROGERS, S., WALKER, B. A., VAN HATEREN, A., KAUFMAN, J., BUMSTEAD, N., LAMONT, S. J., ZHOU, H., HOCKING, P. M., MORRICE, D., DE KONING, D. J., LAW, A., BARTLEY, N., BURT, D. W., HUNT, H., CHENG, H. H., GUNNARSSON, U., WAHLBERG, P., ANDERSSON, L., KINDLUND, E., TAMMI, M. T., ANDERSSON, B., WEBBER, C., PONTING, C. P., OVERTON, I. M., BOARDMAN, P. E., TANG, H., HUBBARD, S. J., WILSON, S. A., YU, J., WANG, J., YANG, H., & INTERNATIONAL CHICKEN POLYMORPHISM MAP CONSORTIUM (2004) A genetic variation map for chicken with 2.8 million single-nucleotide polymorphisms. *Nature* **432**(7018):717–722.

WOOD-GUSH, D. (1963) The control of the nesting behaviour of the domestic hen. 1. The role of the oviduct. *Animal Behaviour* **11**:293–299.

WOOD-GUSH, D. (1972) Strain differences in response to sub-optimal stimuli in the fowl. *Animal Behaviour* **20**(1):72 – 76.

WOOD-GUSH, D. & GILBERT, A. (1964) The control of the nesting behaviour of the domestic hen. II. The role of the ovary. *Animal Behaviour* **12**(4):451 – 453.

YANG, J., LEE, S. H., GODDARD, M. E., & VISSCHER, P. M. (2011) GCTA: a tool for genome-wide complex trait analysis. *Am J Hum Genet* **88**(1):76–82.

ZHANG, L. C., NING, Z. H., XU, G. Y., HOU, Z. C., & YANG, N. (2005) Heritabilities and genetic and phenotypic correlations of egg quality traits in brown-egg dwarf layers. *Poult Sci* **84**(8):1209–1213.

A Anhang

Versuchsplan der Embryo-Entnahme aus dem Ei, der Embryopräparation sowie Vergleich der DNA-Extraktionsmethoden

THURNER ET AL. (2005b) und ICKEN (2009) führten Abweichungen der Eigewichtsheritabilitäten von der Literatur auf eine fehlerhafte Ei-Hennen-Zuordnung des Systems zurück. Ursprünglich war geplant, anhand von Hinweisen aus der Schätzung von Eigewichtsheritabilitäten die geeigneten Tage für die Genotypisierung herauszufiltern. Aus diesem Grund wurden alle Eier eines 10-Tages-Versuchszeitraumes gewogen, für vier Tage inkubiert und die Embryonen aus den Eiern isoliert. Der gesamte Ablauf vom Bekleben der Eier bis zur Embryoentnahme ist in Abbildung A.1 dargestellt. Da am 01.03.2011 eine andere Herde umgestellt wurde, wurde dieser Tag vom Versuchsplan ausgespart und der Versuchsablauf darum herum organisiert. Die Vorgänge eines Tages sind immer in der gleichen Farbe dargestellt und umfassen für jeden Versuchstag das Bekleben der Eier mit dem Barcode, das Wiegen der Eier, das Einlegen der Eier in den Brutschrank und das Aufschlagen der Eier zur Embryoisolation.

Da keine der geschätzten Eigewichtsheritabilitäten von den Literaturwerten abwich, wurden die Eier des 17.02.2011 zur Genotypisierung und somit Ermittlung der Ei-Hennen-Zuordnungsgenauigkeit ermittelt. Wegen der hohen Heritabilität für das Eigewicht ($h^2 = 0,64$) schienen sie für die Überprüfung als bestens geeignet.

Tag des Beklebezitraumes	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10											
Datum:	15.02.2011	16.02.2011	17.02.2011	18.02.2011	19.02.2011	20.02.2011	21.02.2011	22.02.2011	23.02.2011	24.02.2011	25.02.2011	26.02.2011	27.02.2011	28.02.2011	01.03.2011	02.03.2011	03.03.2011	04.03.2011	05.03.2011	06.03.2011	
Wochentag:	Dienstag	Mittwoch	Donnerstag	Freitag	Samstag	Sonntag	Montag	Dienstag	Mittwoch	Donnerstag	Freitag	Samstag	Sonntag	Montag	Dienstag	Mittwoch	Donnerstag	Freitag	Samstag	Sonntag	
Schritt	Bekleben 1	Wiegen 1 Bekleben 2	Einlegen 1 Wiegen 2 Bekleben 3	Einlegen 2 Wiegen 3 Bekleben 4	Einlegen 3 Wiegen 4 Bekleben 5	Einlegen 4 Wiegen 5 Bekleben 6	Einlegen 5 Wiegen 6 Bekleben 7	Aufschielen 2 Einlegen 6 Wiegen 7 Bekleben 8	Aufschielen 3 Einlegen 7 Wiegen 8 Bekleben 9	Aufschielen 4 Einlegen 8 Wiegen 9 Bekleben 10	Aufschielen 5	Aufschielen 6	Aufschielen 7	Aufschielen 8	Einlegen 9	Einlegen 10				Aufschielen 9	Aufschielen 10

Abbildung A.1: Versuchsplan für die Embryo-Entnahme aus dem Ei

Auflistung verwendeter Geräte und Chemikalien für die Gewinnung von Vollblut sowie für die DNA Gewinnung aus Vollblut und Embryonen

Im Labor wurden zur Präparation der Embryonen, zur Gewinnung und Aufbereitung der DNA, sowie zur Qualitäts- und Quantitätskontrolle folgende Gerätschaften und Chemikalien/Lösungen verwendet:

- Brutschränke
 - Bruja-Motorbrüter 190IDS, Brutmaschinen Janeschlitz GmbH, Hammelburg
 - Petersime, Incubators & Hatcheries, Mode: Pet.126-I, B-9870 Zulte, Olsene
- Eismaschine
 - Scotsman, AF80, Hubbard Systems, Ipswich, Großbritannien
- Thermocycler
 - T Professional Basic Gradient, Biometra, Göttingen
- Gelkammern
 - Model B1A, Owl Separation Systems, Thermo Scientific, Braunschweig
 - Model D3, Owl Separation Systems, Thermo Scientific, Braunschweig
 - Perfect Blue Gelsystem Midi S, 40-1515, Peqlab Biotechnologie GmbH, Erlangen
- Nucleinsäure-Messgeräte
 - Nano Drop ND 1000 Spectrophotometer, Peqlab Biotechnologie GmbH, Erlangen
- Pipettierhilfen
 - Pipetman, Gilson, Inc., Middleton, Wisconsin, USA
 - Transferpette-12, electronic, Brand GmbH & Co. KG, Wertheim
 - Eppendorf research, Eppendorf AG, Hamburg
- Schüttel-, Misch- und Heizgeräte
 - Thermomixer comfort, Eppendorf AG, Hamburg
 - Sanyo Inkubationsschüttler, Gallenkamp, Weiss Technik UK, Ebbw Vale, UK
 - Mixer, Retsch GmbH, Haan
- Trockenschrank
 - Heraeus, Heraeus Deutschland GmbH & Co. KG, Hanau
- Zentrifugen
 - Mikro 2000, Hettich Zentrifugen, Andreas Hettich GmbH & Co. KG, Tuttlingen
 - Centrifuge 5415R, Eppendorf AG, Hamburg

- Rotina 420R, Hettich Zentrifugen, Andreas Hettich GmbH & Co. KG, Tuttlingen
- Speed Vac Plus, Sc 11A, Thermo Scientific, Braunschweig
- Verwendete Chemikalien, Lösungen
 - Natriumchlorid (NaCl), Nr. 3957.2; Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe
 - NaCl gesättigt: ca. 5M (350,64g/l)
 - Nonidet P 40, Nr. 11754599001; Roche Diagnostics GmbH, Penzberg
 - Tris, Nr. 4855.2; Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe
 - EDTA, Nr. 8043.2; Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe
 - Lysepuffer: 1 M Tris, 10 % SDS, 1 M NaCl, 0,5 M EDTA
 - TBE-Puffer: für 5l: Tris 270 g, Borsäure 137,5 g, EDTA, 5M (pH 8,0) 100 ml, nicht autoklavieren
 - Sodiumdocecylsulfat, SDS Ultra Pure, Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe
 - Natriumdodecylsulfat (SDS), Nr. 2326.2; Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe
 - 10 x PK Puffer: 1 M Tris, 0,5 M EDTA, 5 M NaCl
 - 10 x PBS: 137 mM NaCl, 2,7 mM KCl, 4,3 mM Na₂HPO₄ * 2H₂O, 1,4 mM KH₂PO₄, mit H₂O bidest auf 1 l auffüllen (pH 7,3)
 - Ethanol absolut (C₂H₅OH; EtOH), Nr. 5054.1; Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe
 - Isopropanol (C₃H₈O), Nr. CP 41.1; Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe
 - Extraktionspuffer: 100 mM NaCl, 10 mM Tris (pH 8,2), 2 mM EDTA (pH 8,0), 1 % SDS, H₂O bidest.
 - Chloroform, Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe
 - Phenol, Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe
 - Isoamylalkohol, Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe
 - Ethidiumbromid, Firma unbekannt
 - Tris-EDTA Puffer (TE-Puffer)
- Ergänzende Materialien zur Analyse von Nukleinsäuren
 - dNTPs [10mM]/[100mM], Thermo Scientific, Braunschweig
 - Taq DNA Polymerase [5U/μl], Qiagen GmbH, Hilden
 - PCR Puffer (10x) mit MgCl₂ [15mM], Qiagen GmbH, Hilden
 - Proteinase K, (20mg/ml), Roche Diagnostics GmbH, Penzberg
 - GeneRuler TM 100bp DNA Ladder R, Thermo Scientific, Braunschweig

-
- Lambda/HindIII-Marker: SD0011 Thermo Scientific, Braunschweig
 - Mass Ruler DNA Loading Dye: R0621, 6 x Orange, Thermo Scientific, Braunschweig
 - Oligonukleotid-Primer: Primer 3671(up), Primer 3672(dn), GAP-DH-Gen; MWG Biotech AG, Eurofins Genomics, Ebersberg
 - * Sequenz 3671: 5'- GCA GAT GCA GGT GCT GAG TA- 3', Exon 2
 - * Sequenz 3672: 5'- TGA CTT TCC CCA CAG CCT TA- 3', Exon 5
 - * Bande Soll: 400 bp
 - Spezifische Plastik und Einwegmaterialien
 - Einmal- Injektions- Kanülen, 100 Sterican, 0,9 x 40mm, Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe (Artikelnr. 4657519)
 - Kalium- EDTA 2 ml Röhrchen, Sarstedt (Artikelnr. 36338), Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe
 - Rotilabo-R-Einmal-Pinzetten, Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe
 - 96-well-plates, 1,2 ml storage plate, AB-0564, ABgene, UK
 - Kommerzielle Systeme, Kits und Materialien
 - DNeasy Blood and Tissue Kit, Qiagen GmbH, Hilden

Präparation des Embryo aus dem Ei

Für die Untersuchung der hennenspezifischen Eizuordnung auf genomischer Ebene wurden zur DNA-Analyse Embryonen aus Eier präpariert. Die Eier eines kompletten Legetages wurden zur gleichen Zeit in den Inkubator eingelegt, um ein gleiches Alter und eine möglichst gleiche Größe der Embryonen zu gewährleisten sowie alle Embryonen innerhalb eines Kalendertages aus dem Ei zu präparieren. Werden für einen Tag 7 h Zeit für die Entfernung aller Embryonen eines Versuchstages aus dem Ei gerechnet, so ergibt sich bei 450 Eiern für ein Ei eine komplette Bearbeitungszeit von 56 Sekunden, also knapp einer Minute. Daher wurde eine Methode zu entwickelt, die wenig Zeit und Material in Anspruch nimmt. Vorversuche wurden durchgeführt, um die Entnahmetechnik zu optimieren.

Zuerst wurde das Ei komplett aufgeschlagen und der ganze Ei-Inhalt auf einen Teller oder in eine Petrischale überführt. Der Embryo wurde mit einer Pinzette gegriffen und in das Reaktionsgefäß transferiert. Ein Embryo-Alter von fünf Tagen war nötig, damit er groß genug war, um ihn mit der Pinzette greifen zu können. Allerdings war er dann für ein 1,5 ml Reaktionsgefäß zu groß und musste geteilt werden. Die Teilung in der Petrischale war zwar möglich, die Größe der einzelnen Gewebeteile jedoch unterschiedlich und ein Auswiegen zu zeitaufwändig. Aus diesem Grund wurde die Verwendung eines vier Tage alten Embryos oder jünger angestrebt (vgl. Abbildung A.2).



Abbildung A.2: Größe des Embryos nach drei Tagen Inkubationsdauer (links), vier Tagen Inkubationsdauer (mitte) und fünf Tagen Inkubationsdauer (rechts)

Das Greifen des Embryos mit einer Pinzette erforderte deren Reinigung zwischen den einzelnen Embryonen, um DNA-Vermischungen zu vermeiden. Diese Methode nahm wiederum Zeit in Anspruch, welche die Bearbeitungszeit pro Embryo erhöhte. Alternativ wurde die Verwendung von Einmal-Plastikpinzetten erprobt. Hierbei stellte sich die verhältnismäßig breite Spitze der Pinzette zum präzisen Greifen der dünnen Eihaut als ungeeignet heraus. Außerdem war die erhöhte Flexibilität dieser Einmal-Pinzetten nicht zum Öffnen der Eischale geeignet. Des Weiteren benötigte jeder Embryo eine neue, nicht-kontaminierte oder gewaschene Petrischale. Dieser erhebliche Material- oder Zeitaufwand war auf die angestrebte Embryonenanzahl nicht übertragbar. Wurde der Embryo beim Aufbrechen der Schale mittels Pinzette vorzeitig aus der „Blutgefäßverankerung“ gerissen, tauchte er ab und versank. Dies erforderte ein komplettes Aufschlagen des Eies, um den Embryo trotzdem zu gewinnen, was wiederum Zeit beanspruchte.

Es wurde die direkte Übertragung des Embryo in ein Reaktionsgefäß angestrebt, ohne das Ei komplett aufschlagen zu müssen. Hierfür war es notwendig, zu wissen, wo der Embryo zur Zeit der Entnahme im Ei lokalisiert war. Um das Schieren eines jeden einzelnen Eies vor Embryoentnahme zu vermeiden, wurde ein weiterer Vorversuch unternommen. Ziel war, bei der Eientnahme aus dem Inkubator nicht genau darauf achten zu müssen, wie das Ei in die Horde platziert werden muss. Es sollte genügen, jedes Ei mit dem spitzen Pol nach unten zu platzieren und die Position des Embryos im Ei nachher noch modifizieren zu können. Hierfür wurden 30 braune Eier angebrütet und jedes Ei an einer Stelle mit einem Kreis markiert. Dieser Kreis diente als Bezugspunkt am Ei bei der Lagerung im Brutapparat und vor der Öffnung der Eischale. Als Markierungsstellen wurden drei Punkte ausgewählt: am stumpfen Eipol, am spitzen Eipol oder am Äquator. Obwohl der Bruterfolg bei Lagerung der Eier im Inkubator mit dem stumpfen Pol nach oben am höchsten ist (SCHOLTYSSSEK 1987), wurden zu Testzwecken auch andere Lagerungspositionen ausprobiert: stumpfer Pol nach oben (hochkant), spitzer Pol nach oben (hochkant), beide Pole in der Horizontalen (längsseitig). Der Bezugspunkt (Kreis) war dabei immer oben lokalisiert. Dieser Versuch sollte zeigen, ob die unterschiedliche Lagerungsposition im Brutapparat Einfluss auf die Position des Embryos im Ei hatte. Vor dem Öffnen der Eier und der Entnahme des Embryos wurden die Eier für 15 min bei Raumtemperatur ruhen gelassen. Der Bezugspunkt wurde dabei genauso platziert wie im Inkubator bzw. genau entgegengesetzt. Hierdurch sollte überprüft werden, ob sich der Embryo, unabhängig von der Lagerung im Inkubator, bei längerer Lagerung immer nach oben orientiert. Erwartet wurde, dass der Embryo, unabhängig

von der Lagerungsposition im Inkubator, nach 15 Minuten Ruhezeit vor der Entnahme nach oben umgelagert wurde, egal wie das Ei nach der Inkubationszeit platziert wurde. Dem Zufolge wurden die Eier mit dem spitzen Pol nach unten in die Horde gesetzt, da sich die Luftblase gewöhnlich am stumpfen Pol befindet und der Embryo so beim Aufbrechen der Schale mit der Pinzette unter der Luftblase noch optimal geschützt war.

Ein Ei ging vor der Embryoextraktion zu Bruch und konnte nicht mehr ausgewertet werden. Von letztendlich 29 Eiern war der Embryo bei 28 Eiern oben unter der Luftblase bzw. in unmittelbarer Nähe zu ihr lokalisiert. In unmittelbarer Nähe zur Luftblase bedeutete, dass beim Öffnen der Eischale mit der Pinzette über die Ausprägung der Blutgefäße im Ei der Embryo exakt lokalisiert werden konnte. Die Schale wurde dann entsprechend lokal begrenzt geöffnet, was wiederum Zeit sparte. Bei 96 % der Eier war der Versuch erfolgreich. Dementsprechend wurden alle Eier mit dem stumpfen Pol nach oben in den Inkubator eingelegt, um einen möglichst hohen Bruterfolg zu erzielen. Vor der Embryoentnahme wurden die Eier dann für mindestens 15 Minuten mit dem spitzen Pol nach unten in der Horde gelagert, um den Embryo unter die Luftblase zu verlagern. Beachtet werden muss allerdings auch, dass die Eier vom Inkubator bis ins Labor zur Embryoentnahme ungefähr 20 Minuten in den Horden gelagert waren und sich somit eine Gesamtlagerungszeit vor der Embryoentnahme von ungefähr 30 Minuten ergab.

Es wurde versucht, den Embryo mit einer 200 μ l Pipette abziehen. Dieser passte jedoch aufgrund der engen Öffnung nicht in die Spitze und blieb mehr oder weniger unversehrt vor der Spitze hängen. Da auch Tierschutzaspekte berücksichtigt wurden, war es wichtig, dass das Embryogewebe nach Entnahme direkt zerlegt wurde. Hierzu boten sich abgeschnittene 200 μ l-Pipettenspitzen an. So wurde zusätzlich zum Embryo nur wenig Medium aufgesogen sowie der Embryo komplett aufgenommen und während des Aufnehmens vollständig zerstört. Dies hatte auch den Vorteil, dass ohne Mehraufwand eine größere Oberfläche für den Verdau zur Verfügung stand und das Gewebe nicht erst aufbereitet werden musste. Das Alter des Embryos wurde auf vier Tage festgelegt. Dieses Alter stellte den optimalen Kompromiss zwischen Mindest- und Maximalgröße dar. Mit drei Tagen war der Embryo zu klein und z. T. optisch kaum erkennbar (Abbildung A.2, links), wohingegen er mit fünf Tagen zu groß für ein 1,5 ml-Reaktionsgefäß war und hätte zerlegt werden müssen (Abbildung A.2, rechts). Außerdem wäre keine Zugabe von Reagenzien mehr möglich gewesen. Somit war der Embryo zwar so groß wie nötig, jedoch so klein wie möglich.

Der Embryo wurde aus dem Ei gesogen und direkt in ein 1,5 ml-Reaktionsgefäß übertragen. Bis zur weiteren Verarbeitung wurde das Embryonengewebe bei -20°C eingefroren. Das Ei wurde daraufhin verworfen und die Pipettenspitze erneuert. Die Pinzette wurde nach dem Aufschlagen einer Eischale bis zum Aufschlagen des nächsten Eies in Wasser gelagert. Da sie nicht mit dem Embryo in Kontakt kam, war keine weitergehende Reinigung erforderlich. Insgesamt wurde ein Zeitaufwand von ungefähr 30 Sekunden pro Ei benötigt, um den Embryo daraus zu entnehmen. Als Verbrauchsmaterial waren nur Pipettenspitzen erforderlich, die bei jedem Embryo gewechselt wurden. In Abbildung A.3 sind die einzelnen Arbeitsabläufe der Embryoentnahme aus dem Ei bildhaft dargestellt.

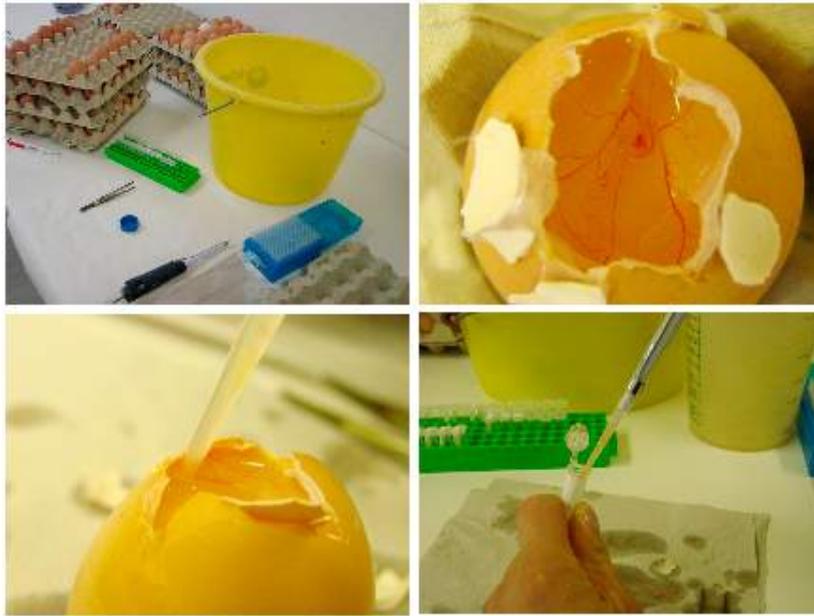


Abbildung A.3: Benötigtes Material (oben links) und Arbeitsabläufe bei der Embryoentnahme aus dem Ei. Die Schale wird am stumpfen Pol mit einer Pinzette geöffnet (oben rechts). Der Embryo wird mit einer abgeschnittenen Pipettenspitze aus dem Ei abgesogen (unten, links) und in ein 1,5 ml-Reaktionsgefäß überführt (unten rechts).

Vergleich der DNA-Gewinnungsmethoden

Zur Ermittlung einer geeigneten Methode zur DNA-Isolation aus Hühnerembryonen wurden verschiedene laborgängige Methoden durchgeführt und anhand unterschiedlicher Kriterien miteinander verglichen. Die Phenol-Chloroform-Extraktion, das DNeasy Blood & Tissue Kit von Qiagen und die DNA-Gewinnung mittels Salzfällung wurden erprobt und nach den Kriterien Zeitaufwand, Materialbedarf, Kosten, Durchsatz pro Tag und besonderem Umgang/Abfallentsorgung beurteilt. Die Ergebnisse des Vergleichs sind in Tabelle A.1 zusammengefasst.

Die Phenol-Chloroform-Extraktion zeichnete sich durch eine gute DNA-Quantität aus. Allerdings musste diese Extraktion unter dem Abzug durchgeführt werden (Phenol:H-Sätze nach GHS-Gefahrstoffkennzeichnung: 341-331-311-301-373-314; P-Sätze: 280-302+352-301+330-309-310-305+351+338 und Chloroform: H-Sätze nach GHS-Gefahrstoffverordnung: 302-315-351-373; P-Sätze: 302+352-314), da z. B. die inhalative Aufnahme von Phenol zu gesundheitlichen Schäden führen kann (Vergiftungserscheinungen wie Schwindel, Kopfschmerz, Erbrechen etc.). Der Abfall musste zusätzlich gesondert entsorgt werden. Dazu kam, dass ein erheblicher Materialbedarf für diese Methode notwendig war, da bei jeder Phasenteilung der Überstand in ein neues Reaktionsgefäß überführt wurde. Zusätzlich sollte laut Protokoll die DNA-Fällung über Ethanol in einem 15 ml-Reaktionsgefäß durchgeführt werden. Die Menge benötigter Proteinase K war mit 2.000 μg (100 μl) vorgegeben. Aufgrund der Tatsache, dass Proteinase K einen erheblichen Kostenfaktor darstellt, wurde dies als weiterer Nachteil gewertet. Wegen des Arbeitens unter dem Abzug und einer dort stationierten Zentrifuge für 24 Proben war nur ein Tagesdurchsatz von maximal 48 Proben möglich. Die Inkubation über Nacht bedeutete also 48 Proben pro zwei Tage oder umgerechnet 24 Proben pro Tag. Bei

anfänglich maximal 4.500 Proben hätte die komplette DNA-Extraktion für die Embryonen ungefähr ein halbes Jahr gedauert.

Das DNeasy Blood & Tissue Kit von Qiagen zeichnete sich durch ein zeitsparendes Verfahren aus. Für die Durchführung war kein Arbeiten unter dem Abzug notwendig. Aus diesem Grund betrug die Mindestanzahl, die mit zwei 24er-Zentrifugen parallel behandelt werden konnte, 48 Proben pro Tag. Die Inkubationszeit für den Verdau von 2-3 Stunden stellte sich als ausreichend heraus. Eine Inkubation über Nacht war nicht notwendig. Die DNA-Ausbeute war gleich hoch oder sogar höher. Ein Nachteil dieser Methodik ist zum einen der hohe Materialbedarf. Für die Verwendung der Waschpuffer AW1 und AW2 muss jedes Mal ein neues Sammelgefäß für die Zentrifugation eingesetzt werden. Insgesamt werden hierdurch pro Probe vier Reaktionsgefäße und ein Filterröhrchen verbraucht. Zum anderen wurden pro Probe 400µg (20 µl) Proteinase K empfohlen. Mit einem Listenpreis von ungefähr 700 Euro für das 250 Proben-Kit käme eine Extraktion auf ungefähr 2,50 Euro.

Bei der DNA-Gewinnung durch Salzfällung wurde die Inkubationszeit optimiert und mit ungefähr 3,5 Stunden festgesetzt. In dieser Zeit sollte der Embryo komplett verdaut sein. Ein Aufschneiden der Proben während der Inkubation unterstützte die Zeitersparnis, da durch die komplette Durchmischung der Reaktionslösung zusätzlich Gewebeoberfläche zugänglich gemacht wurde, was die Inkubationszeit positiv beeinflusste. Eine Über-Nacht-Inkubation war nicht notwendig. Dies bedeutete auch für diese Methode, die ebenfalls kein Arbeiten unter dem Abzug erforderte, dass mindestens 48 Proben pro Tag bearbeitet werden konnten. Bezüglich des Materialverbrauchs wurden für die Proteinfällung 3 µl Proteinase K eingesetzt. Außerdem wurden für die komplette DNA-Gewinnung nur zwei Reaktionsgefäße benötigt. Lösungen und Chemikalien für die Salzfällung sind gängige Labormaterialien und mussten nicht extra bestellt werden. Außerdem war durch die Etablierung des Protokolls in 1,5 ml-Reaktionsgefäßen der Verbrauch an Lösungen vergleichsweise gering. Darüber hinaus waren die DNA-Qualität und -Quantität vergleichbar mit der aus der Phenol-Chloroform-Extraktion.

Zusammenfassend kann festgestellt werden, dass die DNA-Gewinnung durch Salzfällung eine Alternative zur Phenol-Chloroform-Extraktion und zum DNeasy Blood & Tissue Kit darstellt. Die DNA-Qualität und -Quantität sind vergleichbar mit denen der anderen Methoden; die Salzfällung weist dabei aber zusätzlich Vorteile wie Zeitersparnis, Materialersparnis, einen vergleichsweise höheren Durchsatz bei geringeren Kosten auf. Eine besondere Behandlung oder Abfallentsorgung sind hierbei nicht notwendig. Die anderen Methoden konnten Nachteile wie höhere Kosten oder höheren Zeitaufwand nicht durch eine bessere Qualität oder Quantität kompensieren. Aus diesem Grund wurde für vorliegenden Versuchsaufbau die DNA-Extraktion mittels Salzfällung vorgezogen.

Tabelle A.1: Vergleich der DNA-Extraktionsmethoden anhand verschiedener Parameter (+ = Vorteil der Methode, - = Nachteil der Methode)

Kriterium	Phenol-Chloroform-Extraktion	DNeasy Blood & Tissue Kit	Salzfällung
DNA-Qualität & Quantität	sehr gut	gut	sehr gut
Materialbedarf	4 Reaktionsgefäße, 1 Falcon Tube, 2000 µg (100 µl) Prot.K	4 Reaktionsgefäße, 400 µg (20 µl) Prot.K	2 Reaktionsgefäße, 60 µg (3 µl) Prot.K
Zeitbedarf	Inkubation über Nacht notwendig, 2 Tage	halber Tag	halber Tag
Kosten pro Probe	2,50 - 3,00 Euro	2,50 - 3,00 Euro	< 1 Euro
Durchsatz pro Tag	maximal 24	mindestens 48	mindestens 48
Umgang/Abfallentsorgung	Abzug, gesonderte Abfallentsorgung	nichts Besonderes	nichts Besonderes
Gefährdung/Risiko	Arbeiten unter dem Abzug	nichts Besonderes	nichts Besonderes
Evaluierung	+,-,-,-,-,-,-	+,-,-,-,-,-,-	+,-,-,-,-,-,-

Erforderliche Unterlagen zur Überprüfung der hennenspezifischen Eizuordnung auf Datenbasis

Datenblatt

Im Datenblatt wurden für jeden Tag die Gesamtanzahl an Nesteiern pro Nest, die Position der Kontrolleier im jeweiligen Nest, Wind-/Knick-/Brucheier pro Nest und die Anzahl verlegter Eier am entsprechenden Ort (Abflugbalkon, Stall, Kaltscharrraum) notiert. In Abbildung A.4 ist ein entsprechendes Datenblatt dargestellt.

Liste der Kontrolleier

Die Kontrolleier werden jeden Tag mit einem Barcodeaufkleber beklebt. Dieser enthielt das Datum des Legetages sowie eine laufende Nummer. Die Barcodes der Kontrolleier wurden tagtäglich in eine Liste eingescannt, die zur Überprüfung der Ei-Hennen-Zuordnung auf Datenbasis herangezogen wurde. Abbildung A.5 zeigt eine Auflistung von gescannten Barcodes.

Datensatz

Der Datensatz ist der Output aus dem Weihenstephaner Muldennest nach Kombination der erfassten Daten aus dem Nest. Die Uhrzeiten von Nesteintritt und Nestaustritt werden zu einem Nestbesuch zusammengefasst und mit dem entsprechend detektierten Transponder gekoppelt. Des Weiteren wurden die Daten des Eiwippen-Sensors hinzugefügt, die den Nestbesuch um die Zeit der Eiablage ergänzen. Durch die nachgeschaltete Software IDC und *Chicken Checker* wurden diverse Plausibilitätsabfragen getätigt und zusätzliche Informationen über Doppel-/Mehrfachbelegungen und anderweitige Beeinträchtigungen in entsprechenden Spalten vermerkt (siehe Abbildung A.6).

Herdenliste

Die Herdenliste (vgl. Abbildung A.7) besteht aus Angaben zu den eingestellten Tieren der Herde. Durch sie wird die Kükenmarke mit dem Transponder gekoppelt. Bei der Auswertung des Datensatzes zur Kontrolle der Ei-Hennen-Zuordnung kann nach regulären Hennen und Kontrollhennen unterschieden werden.

Liste auszuschließender Nester

In der Liste der auszuschließenden Nester (vgl. Abbildung A.8) wurden die Nester mit Datum notiert, die aufgrund einer Diskrepanz zwischen registrierter und tatsächlicher Eianzahl in der Eissammelrinne von weiteren Auswertungen ausgeschlossen werden.

Datum: 2/9/2011 Wochentag: Mittwoch

Uhrzeit Beginn Nest 1-24				Uhrzeit Beginn Nest 49-72				Uhrzeit Beginn Nest 73-96						
Nest	Eier			Bemerkung	Nest	Eier			Bemerkung	Nest	Eier			Bemerkung
	gesamt	K/B S/W	Position weiße			gesamt	K/B S/W	Position weiße			gesamt	K/B S/W	Position weiße	
1	4		3/4		49	9				73	5			
2	8		7/8		50	8				74	5			
3	6		4/5/6		51	10				75	4			
4	4		4		52	6				76	4			
5	6		4		53	6				77	3			
6	4		3		54	11				78	7			
7	7				55					79	5			
8	5		3		56	11				80	5			
9	5		5		57	5				81	4			
10	6		6		58	6	1	4/6		82	4		4	
11	9		8		59	7		6		83	4			
12	6		5		60	12		12		84	4			
13	7		7		61	9				85	5			
14	7		4/6		62	8		8		86	6			
15	3		3		63	10		1/10		87	5		5	
16	6		5/6		64	8		8		88	2		2	
17	5				65	10				89	3			
18	3				66	5				90	5			
19	4		3		67	8/7		7		91	3		3	
20	4				68	9				92	6	1		
21	9				69	6		6		93	5		5	
22	6		5		70	12				94	5			
23	6				71	9				95	5			
24	5				72	13				96	5			
Σ	735				Σ	210				Σ	209		5	

Uhrzeit Ende Nest 1-24				Uhrzeit Ende Nest 49-72				Uhrzeit Ende Nest 73-96			
Eier gesamt/verlegte Eier		Abteil vorne Nest 1-24 gesamt K/B/S/W weiße Eier		Eier gesamt/verlegte Eier		Abteil hinten Nest 49-96 gesamt K/B/S/W weiße Eier		Bemerkungen Entmistet, Schlupf, vers. Datenerzeug. Anläufe, etc. Letzter Tag Beibehalten			
Nesteier				Nesteier							
Anflugbalkon				Anflugbalkon							
Stall				Stall	2						
Kaltscharraum	1			Kaltscharraum							
Eier gesamt				Eier gesamt							
Daten erfasst durch (Name)				Nestreinigung (Nestnummer + geputzt/ gesaugt)							

N69/72

Vordruck 135

457AP

Abbildung A.4: Datenblatt für die tägliche Eiabnahme

1104170340
1104170341
1104170331
1104170332
1104170333
1104170334
1104170335
1104170328
1104170329
1104170322
1104170324
1104170326
1104170318
1104170319
1104170320
1104170311
1104170315
1104170316
1104170306
1104170308
1104170309
1104170303
1104170304
1104170298
1104170288
1104170290
1104170296
1104170293
1104170299
1104170396
1104170393
1104170394
1104170387
1104170388
1104170389
1104170390
1104170392
1104170379
1104170381

Abbildung A.5: Liste der Kontrolleier mit den Ei-IDs

ID	Datum	TransponderID	Ort	Region	Ende Aufenthalt	Isdauer	Eisignal	Legzeitpunkt	EIID	Eierkennung	DKNS	Doppelbelegung	BesuchSID	ehemRFID	FehlerIndex1	FehlerIndex2	FehlerIndex3
1	11.10.2012	8000F582898262D6	Ne49	06:25:54	06:47:11	00:21:17	1	06:46:06	1210110000	100	0	0	0	0	0	0	0
2	11.10.2012	8000F58289825808	Ne49	07:58:55	07:40:18	00:01:23	0	00:00:00	0	100	0	0	0	0	0	0	0
3	11.10.2012	8000F58289825161	Ne49	07:49:40	08:25:31	00:35:51	1	08:21:01	1210110001	100	0	0	0	0	0	0	0
4	11.10.2012	8000F58289827803	Ne49	08:43:43	11:37:07	02:53:24	1	09:37:12	1210110002	100	0	0	0	0	0	0	0
5	11.10.2012	8000F5828982D203	Ne50	05:52:38	06:03:46	00:11:08	1	06:01:46	1210110003	100	0	0	0	0	0	0	0
6	11.10.2012	8000F58289826868	Ne50	06:51:09	06:51:42	00:00:33	0	00:00:00	0	100	0	0	0	0	0	0	0
7	11.10.2012	8000F58289826868	Ne50	07:09:42	07:13:35	00:03:53	1	07:11:47	1210110004	100	0	0	0	0	0	0	0
8	11.10.2012	8000F58289825108	Ne50	07:44:12	08:07:39	00:23:27	1	08:03:31	1210110005	100	0	0	0	0	0	0	0
9	11.10.2012	8000F58289826778	Ne51	06:07:33	06:27:30	00:19:57	1	06:23:34	1210110006	100	0	0	0	0	0	0	0
10	11.10.2012	8000F5828982C83F	Ne51	08:18:10	08:29:53	00:11:43	0	00:00:00	0	100	0	0	0	0	0	0	0
11	11.10.2012	8000F5828982D373	Ne51	13:51:43	14:15:53	00:24:10	1	14:12:44	1210110007	100	0	0	0	0	0	0	0
12	11.10.2012	8000F58289827041	Ne52	06:22:10	06:40:41	00:18:31	1	06:39:52	1210110008	100	0	0	0	0	0	0	0
13	11.10.2012	8000F582898272E0	Ne52	06:42:46	06:57:51	00:15:05	1	06:54:12	1210110009	100	0	0	0	0	0	0	0
14	11.10.2012	8000F58289828380	Ne52	07:03:01	07:44:16	00:41:15	1	07:36:13	1210110010	100	0	0	0	0	0	0	0
15	11.10.2012	8000F5828982D15C	Ne52	07:58:30	08:30:02	00:31:23	0	00:00:00	0	100	0	0	0	0	0	0	0
16	11.10.2012	8000F5828982D15C	Ne52	08:43:28	09:03:28	00:20:00	1	08:52:49	1210110011	100	0	0	0	0	0	0	0
17	11.10.2012	8000F5828982D15C	Ne52	09:14:19	09:14:23	00:00:04	0	00:00:00	0	100	0	0	0	0	0	0	0
18	11.10.2012	8000F5828982E4C6	Ne52	09:15:15	09:41:33	00:26:18	1	09:39:42	1210110012	100	0	0	0	0	0	0	0
19	11.10.2012	8000F58289825802	Ne52	11:33:19	11:56:07	00:22:48	0	00:00:00	0	100	0	0	0	0	0	0	0
20	11.10.2012	8000F58289825F78	Ne53	05:45:27	06:00:52	00:15:25	1	05:58:27	1210110013	100	0	0	0	0	0	0	0
21	11.10.2012	8000F58289825F1A	Ne53	06:03:21	06:25:14	00:21:24	1	06:24:14	1210110014	100	0	0	0	0	0	0	0
22	11.10.2012	8000F58289827702	Ne53	06:32:21	06:48:37	00:16:16	1	06:48:12	1210110015	100	0	0	0	0	0	0	0
23	11.10.2012	8000F5828982E1B83	Ne53	06:51:20	07:38:06	00:46:46	1	07:06:13	1210110016	100	0	0	0	0	0	0	0
24	11.10.2012	8000F58289826795	Ne53	07:42:45	10:24:49	02:42:04	1	08:44:55	1210110017	100	0	0	0	0	0	0	0
25	11.10.2012	8000F58289826CED	Ne54	05:52:26	06:02:52	00:10:26	1	06:01:44	1210110018	100	0	0	0	0	0	0	0
26	11.10.2012	8000F5828982D54A	Ne54	06:17:41	07:04:44	00:47:03	1	06:30:56	1210110019	100	0	0	0	0	0	0	0
27	11.10.2012	8000F58289827208	Ne54	07:07:20	07:39:51	00:32:31	1	07:30:52	1210110020	100	0	0	0	0	0	0	0
28	11.10.2012	8000F58289826AF6	Ne54	07:43:34	07:53:04	00:09:30	1	07:52:16	1210110021	100	0	0	0	0	0	0	0
29	11.10.2012	8000F582898255A4	Ne54	08:12:03	08:55:29	00:43:26	1	08:22:17	1210110022	100	0	0	0	0	0	0	0
30	11.10.2012	8000F5828982E1E0A	Ne54	09:43:17	10:06:11	00:22:54	0	00:00:00	0	100	0	0	0	0	0	0	0
31	11.10.2012	8000F5828982E1E0A	Ne54	06:24:40	06:31:01	00:06:21	1	06:30:38	1210110023	100	0	0	0	0	0	0	0
32	11.10.2012	8000F58289827437	Ne55	07:53:57	08:24:37	00:30:40	1	08:05:56	1210110024	100	0	0	0	0	0	0	0
33	11.10.2012	8000F5828982C83F	Ne55	08:47:10	09:03:39	00:16:29	1	08:54:14	1210110025	100	0	0	0	0	0	0	0
34	11.10.2012	8000F58289826DEF	Ne55	10:49:01	12:30:45	01:41:44	1	11:14:01	1210110026	100	0	0	0	0	0	0	0
35	11.10.2012	8000F5828982573D	Ne56	06:11:22	06:31:10	00:19:48	1	06:30:29	1210110027	100	0	0	0	0	0	0	0
36	11.10.2012	8000F582898276A6	Ne56	06:34:01	06:55:47	00:21:46	1	06:51:42	1210110028	100	0	0	0	0	0	0	0
37	11.10.2012	8000F58289826AF6	Ne56	07:15:18	07:29:50	00:14:32	0	00:00:00	0	100	0	0	0	0	0	0	0
38	11.10.2012	8000F5828982D8A96	Ne56	08:18:30	08:44:59	00:26:29	1	08:40:20	1210110029	100	0	0	0	0	0	0	0

Abbildung A.6: Ausschnitt eines Datensatzes

Kuekenmarke	Abteil	Transponder
10710	WMN	289B273D3
10711	WMN	289B2DDA1
10712	WMN	289B2615F
10713	WMN	289B2E187
10715	WMN	289B2CEEF
10716	WMN	289B27EA9
10717	WMN	289B25E5C
10718	WMN	289B26F02
10720	WMN	289B2EB04
10722	WMN	289B25867
10723	WMN	289B2612A
10727	WMN	289B27574
10728	WMN	289B25740
10729	WMN	289B25C49
10730	WMN	289B26DF1
10731	WMN	289B2D404
10733	WMN	289B25A2C
10734	WMN	289B25A24
10735	WMN	289B25E83
10736	WMN	289B27B76
10737	WMN	289B26F95
10738	WMN	289B26E4A
10739	WMN	289B282F0
10740	WMN	289B254ED
10750	WMN	289B2E2B2
10751	WMN	289B2D0F8
10752	WMN	289B2CD06
10753	WMN	289B26178
10776	WMN	289B2D1DA
10777	WMN	289B257AB
10778	WMN	289B2760E
10780	WMN	289B25A55
10781	WMN	289B2E169
10782	WMN	289B2E60A
10783	WMN	289B2D323
10787	WMN	289B25EF4
10788	WMN	289B2D229
10789	WMN	289B2D26A
10790	WMN	289B26EF1
10791	WMN	289B25B27
10792	WMN	289B25BD0
10793	WMN	289B25EDA
10794	WMN	289B2EAD0
10795	WMN	289B2E0A1
10796	WMN	289B27533
10821	WMN	289B26D88
10822	WMN	289B278D5
10823	WMN	289B25FEB
10824	WMN	289B2EB6A
10866	WMN	289B2565B
10867	WMN	289B2E08D
10868	WMN	289B26B36
10869	WMN	289B2600B
10883	WMN	289B27E64
10884	WMN	289B282A9

Abbildung A.7: Herdenliste zur Datenüberprüfung mit Kükenmarke, Stallabteil und TransponderID

Datum	Nest
15.04.2011	Ne55
15.04.2011	Ne76
15.04.2011	Ne78
16.04.2011	Ne14
16.04.2011	Ne18
16.04.2011	Ne19
16.04.2011	Ne23
16.04.2011	Ne24
16.04.2011	Ne55
16.04.2011	Ne89
17.04.2011	Ne55
17.04.2011	Ne23
17.04.2011	Ne24
17.04.2011	Ne60
17.04.2011	Ne74
17.04.2011	Ne83
17.04.2011	Ne96
18.04.2011	Ne13
18.04.2011	Ne50
18.04.2011	Ne61
18.04.2011	Ne65
18.04.2011	Ne67
18.04.2011	Ne74
18.04.2011	Ne81
18.04.2011	Ne86
18.04.2011	Ne89
18.04.2011	Ne94
19.04.2011	Ne12
19.04.2011	Ne80
19.04.2011	Ne94
20.04.2011	Ne24
20.04.2011	Ne94
21.04.2011	Ne12
21.04.2011	Ne18
21.04.2011	Ne24
21.04.2011	Ne49
21.04.2011	Ne53
21.04.2011	Ne81
21.04.2011	Ne93
22.04.2011	Ne12
22.04.2011	Ne76
22.04.2011	Ne81
23.04.2011	Ne3
23.04.2011	Ne9
23.04.2011	Ne70
24.04.2011	Ne64
25.04.2011	Ne10
25.04.2011	Ne71
25.04.2011	Ne91
26.04.2011	Ne74
27.04.2011	Ne87
29.04.2011	Ne20
29.04.2011	Ne78
30.04.2011	Ne65
30.04.2011	Ne86
01.05.2011	Ne94
02.05.2011	Ne86
03.05.2011	Ne49

Python Skript zur Überprüfung der Positionen und Herkunft der Kontrolleier und Outputs

Durch einen bestimmten Abfragealgorithmus (vgl. Kapitel 3.3.2) konnte mittels der Programmiersprache Python die halbautomatische Überprüfung der Kontrolleier etabliert werden.

Mit Hilfe des Skripts „check white“ wurde die Zuordnungskontrolle einer großen Anzahl von Eiern möglich. Aufgelistet wurde die Anzahl an Eier, die einer Kontrollhenne zugeordnet wurden, in Abbildung A.9 zum Beispiel 3.392 Stück. Des Weiteren wurde die Anzahl an Kontrolleier aufgeführt, die keinen Kontrollhennen zugeordnet werden konnten. Außerdem wurde die Anzahl an Kontrolleier, die einer regulären Henne zugeordnet wurden, angegeben. Hierbei handelte es sich meist um Doppelbelegungen mit Index 72 und einer LB/LSL-Nestbelegung, wodurch die Transponder durch das System falsch zugeordnet wurden. In seltenen Fällen lag eine tatsächliche Falschzuordnung des Systems vor. Wurde ein Ei mit unzuordbaren Transponder angezeigt, so handelte es sich um eine Falschlesung des Transponders, die eine Doppelbelegung hervorrief.

Weiterer Output war eine Auflistung aller Kontrollhennen-IDs und Tage. Für jeden Tag wurden pro Kontrollhenne die Ei-ID und das Nest, in dem das Ei gelegt wurde, gelistet (siehe A.10). Der Vergleich mit den Datenblättern des jeweiligen Legetages ermöglichte eine zeitlich effektive Kontrolle einer großen Anzahl an Kontrolleiern.

Im weiteren Verlauf wurden über ein zweites Python-Skript - „indi eggs“ - für jeden Tag des Auswertungszeitraumes die TransponderIDs mit zugeordneten EiIDs für die Kategorie der Mehrfachzuordnungen (Index 100) angezeigt (Abbildung A.11). Konnte eine EiID einer Kontrollhenne zugewiesen werden (Abbildung A.12: 1011130430 is from LSL), bestand Möglichkeit der manuellen Zuordnung.


```

Local-Administrators-iMac:raw_data Andrea$ ./indi_eggs
mkdir: output_16092010_01032011: File exists
01.10.2010
more than one egg for hen 289B25655 (['1010010005', '1010010006'])
02.10.2010
more than one egg for hen 289B2D5A4 (['1010020005', '1010020008'])
03.10.2010
more than one egg for hen 289B26505 (['1010030011', '1010030013'])
more than one egg for hen 289B25D11 (['1010030009', '1010030015'])
04.10.2010
more than one egg for hen 289B282BF (['1010040014', '1010040015', '1010040016'])
more than one egg for hen 289B25F58 (['1010040017', '1010040020'])
more than one egg for hen 000000000 (['1010040000', '1010040003', '1010040009', '1010040024'])
05.10.2010
more than one egg for hen 289B25BD0 (['1010050014', '1010050015'])
more than one egg for hen 000000000 (['1010050008', '1010050034', '1010050035'])
more than one egg for hen 289B26B38 (['1010050029', '1010050030'])
more than one egg for hen 289B26A8F (['1010050037', '1010050042'])
more than one egg for hen 289B26973 (['1010050009', '1010050010'])
more than one egg for hen 289B2CB24 (['1010050026', '1010050027'])
more than one egg for hen 289B25F58 (['1010050043', '1010050044'])
more than one egg for hen 289B25D11 (['1010050023', '1010050024'])
06.10.2010
more than one egg for hen 289B2EB38 (['1010060041', '1010060042'])
more than one egg for hen 289B27B8B (['1010060035', '1010060046'])

```

Abbildung A.11: Python-Outputliste des Skripts indi_eggs nach der halbautomatischen Überprüfung der Kontrolleier. Eine manuelle Zuordnung von Eier mit Mehrfachzuordnungen wird möglich gemacht.

```

12.11.2010
more than one egg for hen 289B2D59E (['1011120097', '1011120098'])
more than one egg for hen 289B2CD06 (['1011120367', '1011120368'])
    1011120367 is from LSL
    1011120368 is from LSL
more than one egg for hen 000000000 (['1011120041', '1011120129', '1011120264', '1011120294',
'1011120420', '1011120438'])
    1011120438 is from LSL
more than one egg for hen 289B27573 (['1011120004', '1011120005'])
13.11.2010
more than one egg for hen 289B26A17 (['1011130325', '1011130326'])
more than one egg for hen 000000000 (['1011130047', '1011130050', '1011130122', '1011130124',
'1011130128', '1011130216', '1011130294', '1011130298', '1011130330', '1011130398',
'1011130430'])
    1011130430 is from LSL
14.11.2010
more than one egg for hen 000000000 (['1011140128', '1011140132', '1011140148', '1011140282',

```

Abbildung A.12: Python-Outputliste des Skripts indi_eggs nach der halbautomatischen Überprüfung der Kontrolleier. Eine manuelle Zuordnung von Eier mit Mehrfachzuordnungen wird möglich gemacht. Bei einer LSL/LB-Kombination ist eine manuelle Zuordnung möglich.

Demonstration der Unstimmigkeiten bei der hennenspezifischen Eizuordnung anhand detaillierter Beispiele

Doppel-/Mehrfachbelegungen von Nestern

Index70 Laut Datenblatt der Eiabnahme an diesem Tag wurde das Ei auf Position 4 mit EiID 1105230196 von einer LB-Henne gelegt (vergleiche (vgl.) Abbildung A.13a). Der von der Zuordnung entfernte Transponder für dieses Ei, B276C9, ist laut Herdenliste für eine LSL-Henne registriert. Dieser Transponder kann für die Zuordnung ausgeschlossen werden, da genau diese Henne bei Position 3 in dem gleichen Nest für das Ei mit EiID 1105230195 registriert wurde. Zusätzlich bekräftigt die Hennenlinie den Ausschluss dieses Transponders für dieses Ei. Die an der Doppelbelegung weiterhin beteiligte Henne mit Transponder B25682 ist eine LB-Henne und hat an diesem Tag kein anderes Ei gelegt. Manuell wird folglich diese Henne dem Ei zugeordnet und das Ei gilt dann als nach der manuellen Zuordnung richtig zugeordnet (siehe Abbildung A.13a).

Die Zuordnung des Transponders 8000F58289B2C936 wurde von EiID 1207140005 entfernt, da eine Falschlesung zu C0007AC144D9649B führte (vgl. Abbildung A.13b).

Eine Ziffer am Beginn der 14-stelligen Kennung war anders (Abbildung A.13c). Die Zuordnung des Transponders 8000F58289B26A1B wurde von EiID 908260163 entfernt, da eine Falschlesung zu 0000F58289B26A1B führte.

Index72 Laut Datenblatt der Eiabnahme sollte das Ei mit EiID 1201180135 auf Position 5 von einer LB-Henne stammen, das Ei mit EiID 1201180136 auf Position 6 von einer LSL-Henne (siehe Abbildung A.14a). Registrierte Transponder zeigen auf Position 5 mit B2E63E aber eine LSL-Henne und auf Position 6 mit B2E2B2 eine LB-Henne. Manuell konnten beide Eier der richtigen Henne zugeordnet werden.

Die Abbildung A.14b veranschaulicht einen weiteren Sachverhalt, der keinen Einfluss auf die Rate der Zuordnungsgenauigkeit hatte, jedoch eventuell Inkonsistenzen in der Index-Vergabe aufzeigt. Bei dieser Doppelbelegung waren zwei Tiere an einer Doppelbelegung beteiligt. Diese sind erkennbar durch die Besuchs-IDs, die nur bei Doppelbelegungen vergeben werden. Aus diesen Doppelbelegungen sind jeweils zwei Eier entstanden. Der Index 72 wurde jedoch nicht vergeben.

Bei Abbildung A.14c wurden während einer Doppel-/Mehrfachbelegung mit fünf Hennen fünf Eier gelegt. Die Besuchs-ID ist bei allen fünf Eiern (EiID 1304250157 bis 1304250161) dieselbe. Der Index 72 wurde jedoch nicht vergeben. Bei der Berechnung der Zuordnungsgenauigkeit wurden diese Eier nicht mit berücksichtigt. Jedoch ist nicht sicher, ob ihre richtige Zuordnung gewährleistet werden kann.

Herdeneier

Für das Ei mit der EiID 1105220348 wurde kein Transponder vermerkt. Die Henne mit Transponder B27422 war bis 1,5 min vorher im Nest und wurde für diesen Tag in keinem anderen Nest für ein Ei registriert. Außerdem war der Transponder einer LSL-Henne zugeordnet. Deshalb wurde bei der manuellen Zuordnung Henne B27422 dem Ei mit EiID 1105220348 zugeordnet (siehe Abbildung A.15a).

Weitaus häufiger trat jedoch folgendes Phänomen auf: Das Kontrollei ohne registrierten Transponder war meist von zwei Nestbesuchen ohne Eiablage der gleichen Henne umgeben (siehe Abbildung A.15b). Das Ei mit der EiID 1101310120 wurde von zwei Nestbesuchen der Henne mit Transponder B255DF, der einer LSL-Henne zugeordnet war, umgeben. Da diese Henne an diesem Tag für kein anderes Ei registriert worden war, wurde das Ei manuell dieser Henne zugeordnet.

War das Herdenei das einzige Ei im Nest ohne zugeordneten Transponder, so konnte diesem Ei auch bei der manuellen Zuordnung kein Transponder zugeordnet werden (siehe Abbildung A.15c). Das Ei mit der EiID 1202070428 konnte auch manuell keiner Henne zugeordnet werden, da alle anderen Eier präzise einer Henne zugeordnet werden konnte. Entweder konnte der Transponder nicht ausgelesen werden oder das Tier hatte den Transponder verloren.

Mehrfachzuordnungen

Die EiIDs 1207090098 und 1207090099 entstammen laut Datensatz der gleichen Henne mit Transponder B27415 (siehe Abbildung A.16a). Ei 1207090098 wird der Index 100 zugeordnet; der Transponder wird in die „ehemRFID“-Spalte versetzt und somit der Zuordnung entzogen. Ei 1207090099 bleibt hingegen zugeordnet, bekommt aber keinen Index 100. Auffällig ist weiterhin, dass der erste Nestbesuch von Henne B27415 um 10:23:04 beginnt und um 10:29:59 endet, der zweite Nestbesuch der gleichen Henne um 10:29:59 beginnt und um 10:30:53 endet. Endzeit des ersten Nestbesuches und Anfangszeit des zweiten Nestbesuches stimmen somit exakt überein. Vor dem Ei mit ID 1207090098 wurde ein Nestbesuch der Henne mit Transponder B27D56 registriert. Diese Henne war an diesem Tag für kein anderes Ei registriert. Zusätzlich betrug die Dauer dieses Nestbesuches 23 min, also lange genug, um ein Ei legen zu können. Außerdem dauerte der Nestbesuch bis zu genau der Minute, in der die Eiablage passierte. Somit wird der Henne mit Transponder B27D56 das Ei 1207090098 manuell zugeordnet. Henne B27415 behält Ei 1207090099.

Nicht zugeordnet werden konnten Eier, wenn vor dem ersten Ei kein Nestbesuch ohne Eiablage registriert worden war. Abbildung A.16b zeigt diesen Sachverhalt. Die Eier mit EiIDs 1202160268 und 1202160269 entstammen laut Datensatz der gleichen Henne mit Transponder B2D568 (LB). Ei 1202160268 wurde der Index 100 zugeordnet und der Transponder in die „ehemRFID“-Spalte versetzt; die Zuordnung wurde entzogen. Ei 1202160269 blieb hingegen zugeordnet und wurde mit keinem Index versehen. Vor den Index 100-Eiern wurde kein Nestbesuch ohne Eiablage einer anderen Henne vermerkt. Deshalb konnte keine manuelle Zuordnung erfolgen. Keines der Eier wurde zugeordnet, da es sich um Eier zweier LB Hennen handelte und somit über einen Ausschluss der Hennenlinie keine Zuordnung vorgenommen werden konnte.

Des Weiteren wurde eine Zuordnung nicht durchgeführt, wenn der Nestbesuch einer zuvor registrierten Henne ohne Eiablage länger als 5 min vorher stattgefunden hatte (siehe Abbildung A.16c). Die EiIDs 1202120114 und 1202120115 stammen laut Datensatz von Henne B2E4CF (LB). Die Zuordnung zum Transponder wurde bei Ei 1202120114 entfernt und ein Index 100 vergeben. Bei Ei 1202120115 blieb die Zuordnung bestehen; außerdem wurde kein Index 100 erteilt. Davor wurde ein Nestbesuch ohne Eiablage der Henne mit Transponder B27721 registriert. Dieser Nestbesuch hatte mit einer Länge von über 45 min das Potenzial für eine Eiablage. Die Henne war laut Herdenliste eine LB-Henne und für kein anderes Ei an diesem Tag registriert. Allerdings lag der Nestbesuch von Henne B27721 10 min vor der Eiablage und lag somit außerhalb der von der LfL vorgegebenen 5-Minuten-Frist. Eine Zuordnung erfolgte demnach nicht, da eine zweifelsfreie Zuordnung der Henne nicht mehr möglich war.

Identifikationsfehler

Index 60 Laut Datenblatt wurden am 20.12.2011 in Nest 50 sechs Eier gelegt, jedoch nur fünf Eier registriert (Abbildung A.17a). Die Eier der Positionen 3 und 6 sollten von Kontrollhennen stammen. Das Ei auf Position 3 (EiID 1112200011) stammt von B255DF, einer Kontrollhenne. Ein Ei auf Position 6 gibt es eigentlich nicht, da nur fünf Eier registriert wurden. Das zuletzt registrierte Ei (EiID 1112200013) stammt von Henne B27448, einer Kontrollhenne. Vor diesem Ei gibt es einen Nestbesuch ohne Eiablage von Henne B2E2D4. Vielleicht wurde das Ei dieser Henne beim Abrollen nicht registriert.

Index 61 In Nest 63 wurden am 09.12.2011 acht Eier registriert, doch nur sieben Eier aus der Eisammelrinne entnommen. Da das Ei auf Position 8 (EiID 1112090093) vom System nicht zugeordnet werden konnte, wurde die Pseudo-ID „0000000000000000“ vergeben. Das auf Position 7 notierte Kontrollei wurde korrekt einer Kontrollhenne (TP B25699) zugeordnet (Abbildung A.17b).

Index 62 Abbildung A.17c zeigt einen derartigen Sachverhalt. Für Nest 71 wurden am 12.01.2012 vom System neun Eier registriert. Laut Datenblatt wurden an dem Tag nur 6 Eier eingesammelt. Auf Position 5 war ein weißes Ei vermerkt. Bei der primären Zuordnungsgenauigkeit gilt das Ei auf Position 5 als falsch zugeordnet, da auf das Ei mit EiID 1201120145 Transponder B2E2B2 registriert wurde, der auf eine LB-Henne registriert war. Dem Ei wurde ein ID-Fehler zugeordnet. Bei der manuellen Zuordnung der Problemeier wurde dann jeder Transponder der entfernten Zuordnungen jeweils nur einmal gezählt, egal wie oft er auf ein Ei registriert wurde (z. B. B25EF4 für drei Eier). Dann wurde wiederholt fünf Positionen nach unten gezählt: B2D3CB, B25EF4, B2E2B2, B27D50 und B25699. Der Transponder B25699 war auf eine LSL-Henne registriert. Somit galt dieses LSL-Ei als nach der manuellen Zuordnung richtig zugeordnet.

Index 63 Die Eier auf Position 1 und 4 stammen laut Datenblatt von Kontrollhennen. Die Zuordnungen der Eier mit EiIDs 1303280001 bis 1303280004 wurden entfernt, da sie zu viel registriert wurden. Werden diese Eier bei der Positionszählung vernachlässigt, hat das Ei auf Position 4 die EiID 1303280007. Tatsächlich stammen die Eier mit den EiIDs 1303280000 und 1303280007 von zwei Kontrollhennen (B2760E und B2D34D) und wurden somit korrekt zugeordnet (siehe Abbildung A.18a).

Index 64 Abbildung A.18b zeigt einen Fall, bei dem laut Datensatz fünf Tiere an der Mehrfachbelegung beteiligt waren (B259B3, B2569C, B2EB55, B272C4, B2E752), jedoch nur vier Eier einem Transponder zugeordnet wurden (EiIDs 1305060190 bis 1305060193). Sechs Eier wurden in der Eisammelrinne gefunden, jedoch sieben Eier an der Eiwappe registriert; es handelte es sich folglich um ein Diskrepanznest und Index 64 wurde zugeteilt.

(a)	(b)	(c)
<p>ID;Datum;TransponderID;Ort;Beginn;Ende;Aufenthaltsdauer;Eisignal;Legezeitpunkt;EiID;Eierkennung;DKNS;Doppelbelegung;BesuchtsID;ehemRFID;FehlerIndex1;FehlerIndex2;FehlerIndex3</p> <p>5396;20.12.2011;8000F582898253FE;Ne50;04;18:33:04;45:12:100;26:39;2:104;38;39;1112200000;100;0;0;0; ;60;0;0</p> <p>5397;20.12.2011;8000F58289826C44;Ne50;04;46:05;05:11:30;00:25:25;1:05;33;33;1112200010;100;0;0;0; ;60;0;0</p> <p>5398;20.12.2011;8000F582898255DF;Ne50;05;11:37:06;44:33:01;32:56;2:25;30;1112200011;100;0;0;0; ;60;0;0</p> <p>5399;20.12.2011;8000F5828982816F;Ne50;06;50:06;07:13:57;00:23:51;2:07;10;57;1112200012;100;0;0;0; ;60;0;0</p> <p>5400;20.12.2011;8000F5828982E2D4;Ne50;07;15:33:07;26:41:00;11:08;0;00;00;0;100;0;0;0; ;0;0;0</p> <p>5401;20.12.2011;8000F58289827448;Ne50;07;27:05;09:45:28;02:18;23;1;08;28;31;1112200013;100;0;0;0; ;60;0;0</p> <p>5402;20.12.2011;8000F58289827448;Ne50;09;54:06;10:44:58;00:50;52;0;100;00;0;100;0;0;0; ;0;0;0</p>	<p>ID;Datum;TransponderID;Ort;Beginn;Ende;Aufenthaltsdauer;Eisignal;Legezeitpunkt;EiID;Eierkennung;DKNS;Doppelbelegung;BesuchtsID;ehemRFID;FehlerIndex1;FehlerIndex2;FehlerIndex3</p> <p>4944;09.12.2011;8000F58289826C44;Ne63;04;23:36;04:33;23;36;04:56;59;00;33;23;1:04;55;32;1112090086;100;0;0;0; ;61;0;0</p> <p>4945;09.12.2011;8000F582898276CD;Ne63;05;00:23;05:39;33:00;39;10;1:05;32;56;1112090087;100;0;0;0; ;61;0;0</p> <p>4946;09.12.2011;8000F5828982C80C;Ne63;05;40:04;06:10;28:00;30:24;1:05;57;12;1112090088;100;0;0;0; ;61;0;0</p> <p>4947;09.12.2011;8000F58289826D28;Ne63;06;12:25;06:12:45;00:00;20;00;00;00;0;0;0;0; ;0;0;0</p> <p>4948;09.12.2011;8000F582898276C9;Ne63;06;13:00;06:36;15;00;23;15;1:06;26;30;1112090089;100;0;0;0; ;61;0;0</p> <p>4949;09.12.2011;8000F5828982588D;Ne63;06;36:26;07:23;11;00;46:45;1:06;54;15;1112090090;100;0;0;0; ;61;0;0</p> <p>4950;09.12.2011;8000F5828982816F;Ne63;07;23:31;08:00;06:00;36;35;1:07;50;21;1112090091;100;0;0;0; ;61;0;0</p> <p>4951;09.12.2011;8000F58289825699;Ne63;08;12:18;09:28;30:01;16;12;1:08;28;00;1112090092;100;0;0;0; ;2;61;0</p> <p>4952;09.12.2011;0000000000000000;Ne63;11;02:31;11:02:31;00:00;00;1:11;02:31;1112090093;0;0;0;0; ;1;61;0</p>	<p>ID;Datum;TransponderID;Ort;Beginn;Ende;Aufenthaltsdauer;Eisignal;Legezeitpunkt;EiID;Eierkennung;DKNS;Doppelbelegung;BesuchtsID;ehemRFID;FehlerIndex1;FehlerIndex2;FehlerIndex3</p> <p>845;12.01.2012;8000F5828982D3CB;Ne71;04;17:10;04:33;58;00;16;48;0;00;00;00;0;0;0;0; ;62;0;0</p> <p>846;12.01.2012;0000000000000000;Ne71;04;33:27;04:33:27;00:00;00;1;04;33;27;1201120141;0;0;0;0; ;8000F5828982D3CB;62;0;0</p> <p>847;12.01.2012;8000F582898282F0;Ne71;04;34:09;04:34:09;00:00;00;00;00;00;0;0;0;0; ;10;0;0</p> <p>848;12.01.2012;8000F58289825EF4;Ne71;04;34:41;05:56;00:29;15;00;00;00;0;0;0;0; ;2;62;0</p> <p>849;12.01.2012;0000000000000000;Ne71;04;58:53;04:58:53;00:00;00;1;04;58:53;1201120142;0;0;0;0; ;8000F58289825EF4;2;62;0</p> <p>850;12.01.2012;0000000000000000;Ne71;05:03:57;05:03:57;00:00;00;1;05:03:57;1201120143;0;0;0;0; ;8000F58289825EF4;2;62;0</p> <p>851;12.01.2012;8000F58289825EF4;Ne71;05:03:57;05:05:20;00:01;23;00;00;00;0;0;0;0; ;2;62;0</p> <p>852;12.01.2012;8000F58289825EF4;Ne71;05:05:21;05:32;15;00;26;34;0;00;00;00;0;0;0;0; ;62;0;0</p> <p>853;12.01.2012;0000000000000000;Ne71;05:05:21;05:05:21;00:00;00;1;05:05:21;1201120144;0;0;0;0; ;8000F58289825EF4;62;0;0</p> <p>854;12.01.2012;8000F5828982E2B2;Ne71;05:32:54;05:41:52;00:00;58;00;00;00;0;0;0;0; ;2;62;0</p> <p>855;12.01.2012;0000000000000000;Ne71;05:38:32;05:38:32;00:00;00;1;05:38:32;1201120145;0;0;0;0; ;8000F5828982E2B2;2;62;0</p> <p>856;12.01.2012;8000F5828982E2B2;Ne71;05:41:52;05:41:52;00:00;33;14;0;00;00;0;0;0;0; ;62;0;0</p> <p>857;12.01.2012;0000000000000000;Ne71;05:41:52;05:41:52;00:00;00;1;05:41:52;1201120146;0;0;0;0; ;8000F5828982E2B2;62;0;0</p> <p>858;12.01.2012;8000F58289827050;Ne71;06:15:07;06:46;05;00;30;58;0;00;00;00;0;0;0;0; ;62;0;0</p> <p>859;12.01.2012;0000000000000000;Ne71;06:24:00;06:24:00;00;00;1;06:24:00;1201120147;0;0;0;0; ;8000F58289827D50;62;0;0</p> <p>860;12.01.2012;8000F58289825699;Ne71;06:46:12;08:28;21:01;34;09;0;00;00;00;0;0;0;0; ;62;0;0</p> <p>861;12.01.2012;0000000000000000;Ne71;06:57:10;06:57:10;00:00;00;1;06:57:10;1201120148;0;0;0;0; ;8000F58289825699;62;0;0</p> <p>862;12.01.2012;8000F582898276C9;Ne71;08:50:12;09:45;30;00;55;18;0;00;00;00;0;0;0;0; ;62;0;0</p> <p>863;12.01.2012;0000000000000000;Ne71;08:59:14;08:59:14;00:00;00;1;08:59:14;1201120149;0;0;0;0; ;8000F582898276C9;62;0;0</p> <p>864;12.01.2012;8000F582898276C9;Ne71;09:57:02;09:57:51;00:00;49;0;00;00;00;0;0;0;0; ;0;0;0</p>

Abbildung A.17: Zuordnungsproblem aufgrund von Eizahldiskrepanzen. (a) Index 60. Ein Nestbesuch ohne Eiablage von Henne B2E2D4 weist darauf hin, dass möglicherweise die Eiablage und das Ei dieser Henne beim Abrollen nicht registriert wurden. (b) Index 61 (c) Index 62. Alle Ei-Hennen-Zuordnungen wurden entfernt.

Vereinheitlichung der Schalendickemessung

Verwendet wurde für alle Messungen eine elektronische Mikrometer-Schraube mit Digitalanzeige von *Holex*. Die Datenübertragung erfolgte nicht automatisiert. Die erhobenen Schalendicke-Messwerte wurden manuell in ein Tabellen-Datenblatt übertragen. Zur Ermittlung der optimalen Anzahl an Messwerten für die Erfassung der Schalendicke wurde ein Vorversuch unternommen. Von 50 Eiern wurden jeweils vier Messungen der Schalendicke durchgeführt, die jeweils am Äquator des Eies genommen wurden, um eine möglichst einheitlich dicke Eischale zu messen. Die Schalendicke ist an den Polen des Eies dicker als am restlichen Ei (SCHOLTYSSSEK 1987; VOISEY & HUNT 1974). Außerdem wurde die Schalendicke-Messung ohne Eihaut durchgeführt. Dies wurde auch von LEYENDECKER ET AL. (2002) beschrieben. Zunächst wurde die Verteilung der Schalendicke-Werte untersucht, die eine Normalverteilung der Daten aufwies (Abbildung A.19). Mit einer Korrelationsanalyse in R (R Development Core Team, 2009) wurde die durchschnittliche Eischalendicke aus den vier Werten gegen die durchschnittliche Eischalendicke aus zwei zufällig gewählten Messungen aufgetragen und es zeigte sich eine Korrelation von 99 % (Abbildung A.20). Somit war es für die Messungen und einem präzisen Wert für das Ei ausreichend, zwei Eischalendicke-Werte an der Äquatorialebene des Eies zu messen. Dies ermöglichte eine Zeitersparnis bei gleicher Genauigkeit der Messwerte.

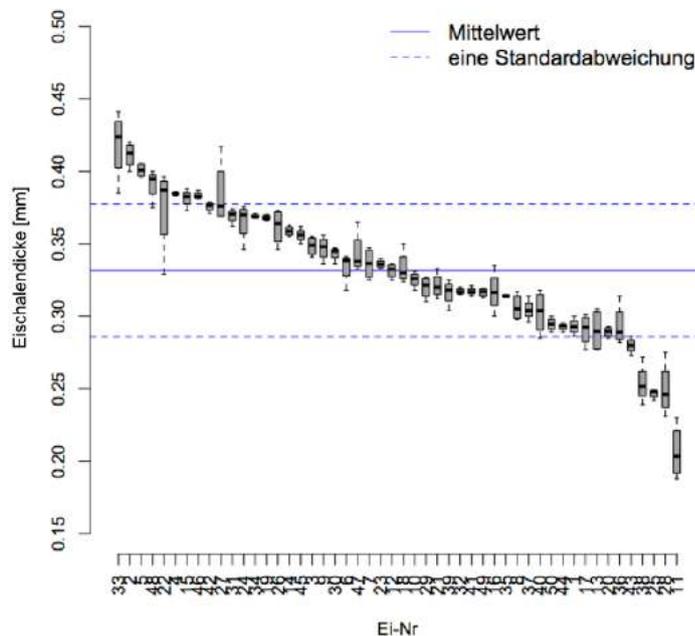


Abbildung A.19: Überprüfung der Schalendickemessungen auf Normalverteilung

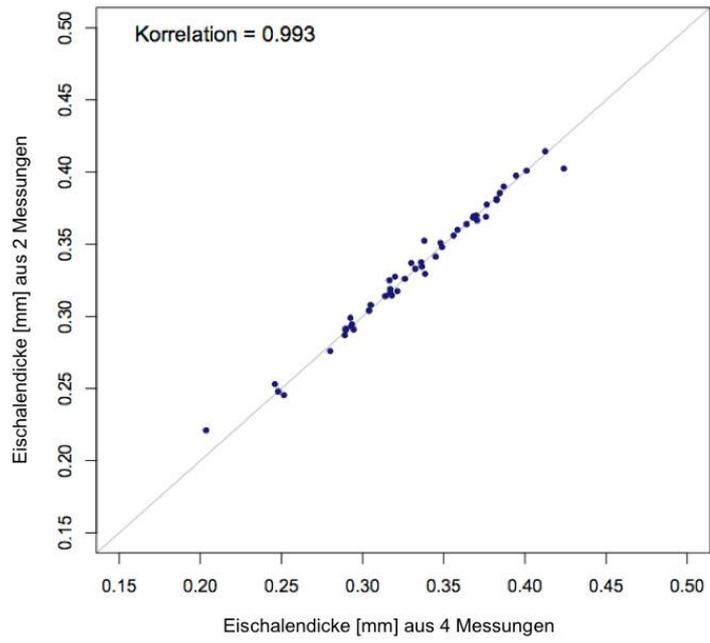


Abbildung A.20: Korrelation der Ergebnisse aus zwei bzw. vier Schalendickemessungen

Ergebnisse von Eequalitätsuntersuchungen und Heritabilitätschätzungen der Merkmale Eigewicht, Bruchfestigkeit, Schalendicke und Eiform in der Literatur

In den Tabellen A.2 bis A.5 werden die Ergebnisse verschiedener Studien über die Eequalitätsmerkmale Eigewicht, Bruchfestigkeit, Schalendicke und Eiform, sowie deren Heritabilitäten übersichtlich zusammengefasst.

Tabelle A.2: Zusammenfassende Darstellung von Eigewichten und Heritabilitäten des Eigewichts in der Literatur

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Eigewicht [g] ± SD	Heritabilität ± SE	Tiermodell
(BANGA-MBOKO ET AL., 2010)	32	Lohmann (keine weiteren Angaben)	Gruppenkäfig Bodenhaltung	62,43	k.A.	k.A.
	32			60,97		
(BEDNARCZYK ET AL., 2000)	33	Rhode Island White Ästra S"	Einzelkäfig	59,8 ± 4,1 (SD)	weiblich 0,39 ± 0,07 (SE) männlich 0,30 ± 0,07 (SE)	Muttermodell Vatermodell
(BESBES ET AL., 1992)	Alter 1	Linie A (k.A.)	k.A.	k.A.	0,47	Tiermodell
	Alter 2				0,49	
	Alter 1				0,51	
	Alter 2				0,47	
(CAVERO ET AL., 2010)	29-45	White Leghorn (Reinlinie)	Einzelkäfig	60,1	0,67	Tiermodell
		White Leghorn (Kreuzungslinie)	Gruppenkäfig	62,6	0,66	
		Rhode Island Red (Reinlinie)	Einzelkäfig	61,9	0,64	
		Rhode Island Red (Kreuzungslinie)	Gruppenkäfig	64,9	0,59	
(DUNN ET AL., 2005)	38-42	Rhode Island Red	k.A.	66,0 ± 4,9 (SD)	0,60	Tiermodell
(ENGSTRÖM & WEYDE 1986)	68-80	White Leghorn	Einzelkäfig	61,75 ± 4,37	0,65 ± 0,14	k.A.
	35-45			56,62 ± 3,51	0,63 ± 0,12	
	57-63			59,64 ± 4,38	0,58 ± 0,11	
(FERRANTE ET AL., 2009)	20-70	Hy-Line Brown	Bodenhaltung Ökologische Haltung Bodenhaltung und Ökologische Haltung	65,49	k.A.	k.A.
	27			63,44		
				61,87		
				62,82		
				65,35		
				66,27		
				65,28		
65,18						
(FLOCK & PETERSON 1973)	27-32	4901 HNL Nick aus Leghorn	Leghallen	54,1 ± 3,25 (SD)	k.A.	k.A.
	31-36			55,9 ± 3,42		
	35-40			57,5 ± 3,67		
	39-44			58,4 ± 3,81		
	43-48			59,1 ± 4,00		

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...	Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Eigewicht [g] ± SD	Hertabilität SE	±	Tiermodell
		47-52			59,8 ± 4,15			
		51-56			60,5 ± 4,23			
		55-60			60,9 ± 4,41			
		59-64			61,5 ± 4,39			
		63-68			62,1 ± 4,49			
(FLOCK ET AL. 2007)		28-44	Lohmann Selected Leghorn Linie 1 (Reinlinie)	k.A.	k.A.	0,64		k.A.
			Lohmann Selected Leghorn Linie 2 (Reinlinie)			0,69		
			Lohmann Selected Leghorn Linie 3 (Reinlinie)			0,59		
			Lohmann Selected Leghorn Linie 4 (Reinlinie)			0,56		
		60	Lohmann Selected Leghorn Linie 1 (Reinlinie)			0,55		
			Lohmann Selected Leghorn Linie 2 (Reinlinie)			0,56		
			Lohmann Selected Leghorn Linie 3 (Reinlinie)			0,52		
			Lohmann Selected Leghorn Linie 4 (Reinlinie)			0,55		
		28-44	Lohmann Brown Linie 1 (Reinlinie)			0,69		
			Lohmann Brown Linie 2 (Reinlinie)			0,67		
			Lohmann Brown Linie 3 (Reinlinie)			0,67		
			Lohmann Brown Linie 4 (Reinlinie)			0,64		
		60	Lohmann Brown Linie 1 (Reinlinie)			0,56		k.A.
			Lohmann Brown Linie 2 (Reinlinie)			0,59		
			Lohmann Brown Linie 3 (Reinlinie)			0,62		
			Lohmann Brown Linie 4 (Reinlinie)			0,50		
(FRANCESCH ET AL. 1997)		39	Penedesca Negra	k.A.	55,43 ± 5,0	0,59 ± 0,06		Tiermodell
			Prat Lleonada		56,79 ± 4,7	0,48 ± 0,05		
			Empordanesa Roja		56,91 ± 4,6	0,50 ± 0,05		
(GRUNDER ET AL. 1989)		42-45	White Leghorn	Einzelkäfig	59,3	0,59		k.A.
		67-68			63,5	0,48		
(GUESDON ET AL. 2006)		28	ISA Brown	Gruppenkäfig 5er	63,2 ± 4,9 (SD)	k.A.		k.A.
		47			67,2 ± 5,4			
		65			68,4 ± 5,4			

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Eigewicht [g] ± SD	Heritabilität ± SE	Tiermodell		
(HIDALGO ET AL., 2008)	28	k.A.	Gruppenkäfig 6er	62,9 ± 5,9	k.A.	k.A.		
	47			67,8 ± 5,9				
	65			68,3 ± 6,5				
	28			63,1 ± 5,0				
	47			67,8 ± 5,1				
	65			67,2 ± 5,8				
	28			62,8 ± 5,1				
(ICKEN ET AL., 2006a)	47	Lohmann Silver	ausgestalteter Käfig 15 er	68,6 ± 5,6	k.A.	Tiermodell		
	65			69,1 ± 6,4				
	k.A.			ausgestalteter Käfig 17 er			63,4 ± 1,19 (SE)	
							Käfighaltung	66,7 ± 1,39
							Freilandhaltung	62,1 ± 0,44
							Bodenhaltung	64,9 ± 1,31
							Ökologische Haltung	
(ICKEN ET AL., 2006b)	37	Red Island Red (Reinlinie)	k.A.	64,0 ± 5,2	0,26	Tiermodell		
	38			63,5 ± 5,2				
	39			64,1 ± 5,1				
(ICKEN 2009)	57-70	Lohmann Silver (1) Lohmann Silver (2) Lohmann Silver (3) Lohmann Silver (4) Lohmann Selected Leghorn	Voliere	64,4 ± 4,9	k.A.	k.A.		
	24-38			63,2 ± 5,3				
	25-43			63,7 ± 5,4				
	25-27			64,0 ± 4,6				
	24-38			64,4 ± 5,0				
(JOHANSSON ET AL., 1996)	20-62	White Leghorn	Einzelkäfig	63,5 ± 5,1	0,54	k.A.		
	33-45			64,4 ± 4,8 (SD)				
				48-63			64,8 ± 4,8	
(KEMPS ET AL., 2006)	66-78	Bovans Brown	Einzelkäfig	65,4 ± 4,8	k.A.	k.A.		
	33-45			59,0 ± 3,16 (SD)				
				48-63			64,5 ± 0,3 (SEM)	
	66-78			65,2 ± 0,3				
				65,8 ± 0,3				

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...									
Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Eigewicht [g] ± SD	Heritabilität ± SE	Tiermodell			
(KRAWCZYK & GORNOWICZ 2010)	33-45	Hisex Brown	Einzelkäfig	60,3 ± 0,3	k.A.				
	48-63			59,9 ± 0,3					
	66-78			60,8 ± 0,2					
(LEYENDECKER ET AL. 2002)	32-36	Messa 45 (Hybriden) aus deutsche Meis-terhybriden	Bodenhaltung	64,1 ± 4,18	k.A.				
	52-56			67,7 ± 2,87					
	32-36 52-56			62,7 ± 4,27 67,3 ± 5,54					
(LEYENDECKER ET AL. 2002)	6. Legemonat	Lohmann Silver	Käfighaltung 4er ausgestaltete Käfige Voliere	62,7 ± 0,5 (SD)	k.A.				k.A.
	9. Legemonat			62,4 ± 0,4 62,5 ± 0,2 64,4 ± 0,3					
	14. Legemonat			64,0 ± 0,4 63,6 ± 0,2 65,8 ± 0,2 65,4 ± 0,1 65,0 ± 0,2					
(DAMME ET AL. 2011)	25-29	Lohmann Brown Classic	Bodenhaltung	59,4	k.A.				k.A.
		Tetra Brown		59,9					
		Burford Brown Experimental		55,5					
		Lohmann Experimental		59,0					
		Lohmann Selected Leghorn Classic		58,8					
		Hubbard Novogen Brown		60,7					
	35-39	Lohmann Brown Classic		63,5					
		Tetra Brown		63,4					
		Burford Brown Experimental		60,1					
		Lohmann Experimental		62,9					
		Lohmann Selected Leghorn Classic		63,1					
		Hubbard Novogen Brown		65,0					
	45-49	Lohmann Brown Classic		65,9					
	Tetra Brown	65,6							
	Burford Brown Experimental	63,3							
	Lohmann Experimental	65,5							
	Lohmann Selected Leghorn Classic	65,9							
55-59	Hubbard Novogen Brown	67,1							
	Lohmann Brown Classic	66,8							
	Tetra Brown	66,4							

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Eigewicht [g] ± SD	Heritabilität ± SE	Tiermodell
(LWELAMIRA ET AL., 2009)	33-36	Burford Brown Experimental Lohmann Experimental Lohmann Selected Leghorn Classic Hubbard Novogen Brown	Einzelkäfig	64,1 65,8 66,2 67,3 45,0 ± 0,24 (SE) 42,4 ± 0,18 (SE)	0,43 ± 0,08 (SE) 0,50 ± 0,07 (SE)	k.A. k.A.
(MIELENZ ET AL., 2003a)	28 33 40 28 33 40	Kuchi (Tanzania) Medium (Tanzania) k.A.	Gruppenkäfig	k.A.	0,47 0,46 0,47 0,48 0,47 0,47	Tiermodell
(MIELENZ ET AL., 2003b)	28 33 40 28 33 40	White Leghorn (Hahnenlinie) White Leghorn (Hennenlinie)	Einzelkäfig	k.A.	0,48 ± 0,02 0,41 ± 0,02 0,46 ± 0,02 0,41 ± 0,02 0,37 ± 0,02 0,47 ± 0,02	Elternpaarmodell Tiermodell Tiermodell
(MORRIS 1964)	34	White Leghorn x Australorps	Käfighaltung	49,3	0,45	Vatermodell
(MOULA ET AL., 2010)	56	Ardenaise CoqArd Famenoise ISA Brown	Bodenhaltung	50,1 ± 0,44 (SE) 61,0 ± 0,37 56,5 ± 0,61 67,3 ± 0,40	k.A.	k.A.
(NIKNAFS ET AL., 2012)	28 30 32	Mazandaran (Indien)	k.A.	46,91 48,12 49,22	0,32 ± 0,01 0,41 ± 0,02 0,43 ± 0,01	Tiermodell
(NOVO ET AL., 1997)	46 65	Cobb 500	Bodenhaltung	58,41 61,3	k.A.	k.A.
(NURGIARTINGSIH ET AL., 2002)	28	White Leghorn (männlich, Reinlinie)	Einzelkäfig	60,19	0,54	Tiermodell
	33 28 33 28	White Leghorn (weiblich, Reinlinie)		61,62 57,78 60,22 58,57	0,44 0,40 0,39 0,36	Vatermodell

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...

Author	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Eigewicht [g] ± SD	Hertabilität SE	±	Tiermodell
(NURGIARTINGSIH ET AL. 2004)	33	White Leghorn (weiblich, Reinlinie)	Einzelkäfig	61,08	0,38		
	28			55,20	0,25		
	33			58,75	0,27		
	33	White Leghorn (1)	Gruppenkäfig	59,13 ± 4,98	0,50		k.A.
	40			61,93 ± 4,41	0,48		
	33	White Leghorn (2)	Gruppenkäfig	59,36 ± 3,63	0,41		
	40			62,09 ± 3,19	0,45		
	33			58,08 ± 4,72	0,45		k.A.
	40			61,40 ± 3,86	0,46		
	33			57,39 ± 3,10	0,27		
40	61,18 ± 3,25	0,26					
(PETEK 2004)	5%LL + 28 Tage	Tetra SL (Brown)	Gruppenkäfig	64,32	k.A.		
(SÁINZ ET AL. 1983)	k.A.	Rhode Island Red	Voliere	64,33			
		White Leghorn		Freilandhaltung	64,16		
		Sussex	k.A.	56,5 ± 2,5	k.A.		k.A.
		Maran		72,5 ± 2,2			
		Dwarf Sussex		60,8 ± 2,1			
	Engl. Gamecock	59,1 ± 3,4					
			37,2 ± 0,7				
			38,6 ± 2,7				
(SHIMMURA ET AL. 2010)	k.A.	White Leghorn x Rhode Island Red	Gruppenkäfig	60,7	k.A.		k.A.
(SILVERSIDES & SCOTT 2001)	25	ISA Brown	ausgestalteter Käfig	61,8			
	31			61,1			
	45			61,1			
	59	ISA White	Voliere	56,44	k.A.		k.A.
	25			58,50			
	31			63,39			
	45			63,65			
59			52,49				
25			55,97				
31			60,49				
45			61,71				
59							
(SIMON & STEGMANN 2000)	k.A.	Bovans White	Gruppenkäfig	58,3	k.A.		k.A.
	Hisex White	61,7					

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Eigewicht [g] ± SD	Heritabilität ± SE	Tiermodell
		Lohmann Selected Leghorn (1)		63,8		
		Lohmann Selected Leghorn (2)		62,7		
		Lohmann Selected Leghorn (3)		62,7		
		Durchschnitt Weißflieger		61,8		
		Bovans Goldline		63,7		
		DeKalb Gold		63,4		
		Hisex Brown		62,2		
		ISA Brown (1)		64,2		
		ISA Brown (2)		63,2		
		Shaver 579		63,8		
		Lohmann Brown (1)		62,7		
		Lohmann Brown (2)		61,9		
		Lohmann Brown (3)		62,9		
		Tetra SL (1)		64,4		
		Tetra SL (2)		63,3		
		Durchschnitt Braunleger		63,3		
(SIMON & STEGMANN 2004)	k.A.	Lohmann Selected Leghorn Classic	Gruppenkäfig	64,8	k.A.	k.A.
		Lohmann Selected Leghorn (1)		65,5		
		N&N Nick Chick		63,2		
		Lohmann Selected Leghorn (2)		64,2		
		Shaver 2000		63,7		
		Hisex White		62,8		
		DeKalb White		65,5		
		Durchschnitt Weißflieger		64,3		
		Tetra SL (1)		65,6		
		Lohmann Brown (1)		67,3		
		Lohmann Tradition (1)		66,4		
		Lohmann Brown (2)		67,1		
		Lohmann Tradition (2)		68,2		
		N&N Nick Brown		63,8		
		ISA Brown		65,8		
		Lohmann Brown (3)		65,4		
		Hisex Brown		63,8		
		Bovans Goldline		66,6		
		Hubbard ISA GC		66,5		
		Durchschnitt Braunleger		66,2		
(SIMON ET AL. 2012)	25-29	Lohmann Brown Classic	Kleingruppenhaltung	60,2	k.A.	k.A.
		Tetra Brown		59,9		
		Burford Brown Experimental		56,3		

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...	Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Eigewicht [g] ± SD	Hertabilität SE	±	Tiermodell
			Lohmann Experimental		59,8			
			Lohmann Selected Leghorn Classic		59,1			
			Hubbard Novogen Brown		61,0			
		35-39	Lohmann Brown Classic	Kleingruppenhaltung	64,7	k.A.		k.A.
			Tetra Brown		64,3			
			Burford Brown Experimental		61,4			
			Lohmann Experimental		64,4			
			Lohmann Selected Leghorn Classic		64,5			
			Hubbard Novogen Brown		66,2			
		45-49	Lohmann Brown Classic	Kleingruppenhaltung	65,8	k.A.		k.A.
			Tetra Brown		65,2			
			Burford Brown Experimental		64,4			
			Lohmann Experimental		65,8			
			Lohmann Selected Leghorn Classic		65,9			
			Hubbard Novogen Brown		67,0			
		55-59	Lohmann Brown Classic	Kleingruppenhaltung	66,1	k.A.		k.A.
			Tetra Brown		65,6			
			Burford Brown Experimental		65,7			
			Lohmann Experimental		65,9			
			Lohmann Selected Leghorn Classic		65,4			
			Hubbard Novogen Brown		66,8			
(SINGH ET AL. 2009)		20	Lohmann White	Gruppenkäfig	45,2 ± 0,26 (SEM)			
		30			55,0 ± 0,26			
		40			56,3 ± 0,26			
		50			58,7 ± 0,26			
		20		Bodenhaltung	41,3 ± 0,27			
		30			57,9 ± 0,27			
		40			58,2 ± 0,27			
		50			61,2 ± 0,27			
		20	Lohmann Brown	Gruppenkäfig	46,7 ± 0,29			
		30			57,4 ± 0,29			
		40			57,4 ± 0,29			
		50			58,9 ± 0,29			
		20	Lohmann Brown	Bodenhaltung	43,0 ± 0,25			
		30			59,4 ± 0,25			
		40			61,0 ± 0,25			
		50			60,8 ± 0,25			
		20	H&N White	Gruppenkäfig	44,3 ± 0,26			
		30			53,1 ± 0,26			
		40			56,3 ± 0,26			

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Eigewicht [g] ± SD	Heritabilität ± SE	Tiermodell
	50			56,0 ± 0,26		
	20	H&N White	Bodenhaltung	38,7 ± 0,29		
	30			55,9 ± 0,29		
	40			59,2 ± 0,29		
	50			60,3 ± 0,29		
	20	Rhode Island Red (male) x Barred Plymouth Rock (female)	Gruppenkäfig	47,5 ± 0,35		
	30			59,0 ± 0,35		
	40			59,1 ± 0,35		
	50			64,0 ± 0,35		
	20	Rhode Island Red (male) x Barred Plymouth Rock (female)	Gruppenkäfig	43,9 ± 0,36		
	30			60,9 ± 0,36		
	40			62,7 ± 0,36		
	50			63,5 ± 0,36		
(SOONCHARENYING & EDWARDS 1989)	24	Broiler	k.A.	53,9	k.A.	k.A.
	56			66,9		
	24	White Leghorn		49,9		
	56			68,1		
(TACTACAN ET AL. 2009)	21-24	Shaver White	Gruppenkäfig	50,66	k.A.	k.A.
	25-29			57,09		
	26-28			58,73		
	29-33			60,27		
	34-38			60,42		
	39-43			60,78		
	44-48			62,11		
	49-53			62,48		
	54-58			62,22		
	59-64			62,21		
	21-24	Shaver White	ausgestalteter Käfig	50,21	k.A.	k.A.
	25-29			56,49		
	26-28			58,55		
	29-33			59,59		
	34-38			60,19		
	39-43			59,87		
	44-48			61,89		
	49-53			62,55		
	54-58			62,59		

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...	Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Eigewicht [g] ± SD	Hertabilität SE	±	Tiermodell
		59-64			62,30			
(TANAKA & HURNIK 1992)		23 27 31 35 39 43 47 51 55 59 63 23 27 31 35 39 43 47 51 55 59 63	DeKalb White Leghorn	Gruppenkäfig 3er	46,9 52,1 55,8 57,7 57,9 59,0 60,8 61,5 61,7 61,9 63,4 46,9 52,6 55,7 56,8 58,7 60,0 60,4 59,7 62,0 63,0 62,6	k.A.		k.A.
(TUMOVA & EBEID 2005)		20-64 20-64	ISA Brown	Gruppenkäfig Bodenhaltung	61,2 63,07	k.A.		k.A.
(TŮMOVÁ ET AL. 2007)		20-64	Blue Strain Plymouth Rock Blue Strain (male) x Plymouth Rock (female)	Bodenhaltung	59,3 62,4 62,7	k.A.		k.A.
(TUMOVA & LEDVINKA 2009)		20-24 38-42 56-60	Hisex Brown	Einzelkäfig	52,5 60,4 63,5	k.A.		k.A.
(VAN DEN BRAND ET AL. 2004)		25-59	ISA Waaren medium	Käfighaltung Freilandhaltung	56,38 56,41	k.A.		k.A.
(VITS ET AL. 2005)		k.A.	Lohmann Brown	Gruppenkäfig	64,6 ± 0,3	k.A.		k.A.
Fortsetzung folgt...								

Fortsetzung...

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Eigewicht [g] ± SD	Heritabilität ± SE	Tiermodell
(WALL 2011)	k.A.	Lohmann Selected Leghorn Hy-Line White	ausgestalteter Käfig	62,0 ± 0,3 65,8 ± 0,15 (SE) 65,7 ± 0,15 64,9 ± 0,15 65,2 ± 0,15 64,6 61,4 65,3 64,4	k.A.	k.A.
(WANG ET AL. 2009)	26-50	Lohmann Brown Lohmann Selected Leghorn Hy-Line White Hy-Line Brown	Käfighaltung Freilandhaltung	46,11 46,42	k.A.	k.A.
(WEI & VAN DER WERF 1995)	30-35	White Leghorn (1) pureline White Leghorn (2) pureline	Einzelkäfig	k.A.	0,63 ± 0,08 0,52 ± 0,09	Vatermodell
(WOLC ET AL. 2011b)	26-28	Braunleger (Reinlinie)	k.A.	57,66 ± 4,86 (SD)	0,74 ± 0,02	Tiermodell
(WOLC ET AL. 2011a)	30	Rhode Island White	k.A.	58,0 ± 4,2 57,1 ± 4,7 57,9 ± 4,4 57,0 ± 4,3 58,0 ± 4,3 58,5 ± 4,5 59,6 ± 4,0 58,4 ± 4,3	0,44 0,55 0,44 0,40 0,42 0,48 0,52 0,43	k.A.
(ZHANG ET AL. 2005)	40	New Hampshire Barred Plymouth Rock Braunleger	Einzelkäfig	53,85	0,63 ± 0,11 (SE)	Tiermodell

Tabelle A.3: Zusammenfassende Darstellung von Bruchfestigkeiten und Heritabilitäten der Bruchfestigkeit in der Literatur

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Bruchfestigkeit [N]	Heritabilität	Messgerät
(CAVERO ET AL., 2010)	40-46	White Leghorn (Reinlinie)	Einzelkäfig	47,6	0,38	k.A.
		White Leghorn (Kreuzungslinie)	Gruppenkäfig	48,6	0,25	
		Rhode Island Red (Reinlinie)	Einzelkäfig	46,7	0,43	
		Rhode Island Red (Kreuzungslinie)	Gruppenkäfig	50,8	0,18	
(FLOCK ET AL., 2007)	28-44	Lohmann Selected Leghorn Linie 1 (Reinlinie)	k.A.	k.A.	0,38	k.A.
		Lohmann Selected Leghorn Linie 2 (Reinlinie)			0,35	
		Lohmann Selected Leghorn Linie 3 (Reinlinie)			0,19	
		Lohmann Selected Leghorn Linie 4 (Reinlinie)			0,24	
		Lohmann Selected Leghorn Linie 1 (Reinlinie)			0,22	
		Lohmann Selected Leghorn Linie 2 (Reinlinie)			0,26	
		Lohmann Selected Leghorn Linie 3 (Reinlinie)			0,19	
		Lohmann Selected Leghorn Linie 4 (Reinlinie)			0,15	
		Lohmann Brown Linie 1 (Reinlinie)			0,45	
		Lohmann Brown Linie 2 (Reinlinie)			0,65	
		Lohmann Brown Linie 3 (Reinlinie)			0,42	
		Lohmann Brown Linie 4 (Reinlinie)			0,36	
		Lohmann Brown Linie 1 (Reinlinie)			0,30	
		Lohmann Brown Linie 2 (Reinlinie)			0,40	
		Lohmann Brown Linie 3 (Reinlinie)			0,32	
		Lohmann Brown Linie 4 (Reinlinie)			0,29	
(GRUNDER ET AL., 1989)	42-45 67-68	White Leghorn	Einzelkäfig	35,8 31,1	0,24 0,21	k.A.
		ISA Brown	Gruppenkäfig 5er	34,8 ± 0,8 (SE)	k.A.	Instron Number 1 102, High New- combe, UK
(GUESDON & FAURE 2004)	33	ISA Brown	Gruppenkäfig 6er	33,2 ± 1,0 33,7 ± 0,7 29,5 ± 1,4 33,4 ± 1,1		

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Bruchfestigkeit [N]	Heritabilität	Messgerät
	44			34,2 ± 1,0		
	52			30,2 ± 0,9		
	62			32,8 ± 1,0		
	33	ISA Brown	ausgestalteter Käfig 7er	34,9 ± 1,3		
	44			32,6 ± 1,1		
	52			32,2 ± 1,1		
	62			27,0 ± 1,3		
	33	ISA Brown	ausgestalteter Käfig 15er	34,3 ± 1,5		
	44			31,3 ± 1,3		
	52			29,5 ± 1,5		
	62			32,2 ± 1,1		
(GUESDON ET AL., 2006)	28	ISA Brown	Gruppenkäfig 5er	38,5 ± 6,5 (SD)	k.A.	Instron, UK527, Coronation Road, High Wycombe, UK
	47			35,0 ± 6,5		
	65			32,4 ± 7,2		
	28		Gruppenkäfig 6er	38,5 ± 6,0		
	47			35,3 ± 6,9		
	65			31,4 ± 6,5		
	28		ausgestalteter Käfig 15 er	39,3 ± 6,3		
	47			36,5 ± 6,2		
	65			34,1 ± 7,4		
	28		ausgestalteter Käfig 17 er	37,9 ± 6,1		
	47			36,2 ± 6,0		
	65			31,2 ± 7,7		
(HIDALGO ET AL., 2008)	k.A.	k.A.	Käfighaltung	41,9 ± 1,27 (SE)	k.A.	Istron Ltd., High Wycombe, England
			Freilandhaltung	37,6 ± 1,47		
			Bodenhaltung	500 ± 0,01		
			Ökologische Haltung	36,4 ± 2,12		
(ICKEN ET AL., 2006b)	37	Red Island Red (Reinlinie)	k.A.	56,2 ± 12,2	0,10	BMG 1.2, Melßgeräte Gutsch, Nauendorf, Deutschland
	38			57,3 ± 12,6		
	39			58,2 ± 11,3		

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Bruchfestigkeit [N]	Heritabilität	Messgerät
(KRAWCZYK & GORNOWICZ 2010)	32-36	Messa 45 (Hybriden) aus deutsche Meis-terhybriden	Bodenhaltung	30,6 ± 7,23	k.A.	Egg Crusher, VEIT Electronics, Czech Republic
	52-56		Freilandhaltung	27,4 ± 6,17		
	32-36			26,6 ± 3,55		
	52-56			26,1 ± 5,23		
(LEYENDECKER ET AL. 2002)	6. Legemonat	Lohmann Silver	Käfighaltung 4er	36,4 ± 0,5 (SE)	k.A.	Zwicki-Z2,5/TNIS
	9. Legemonat		ausgestaltete Käfige Voliere	34,6 ± 0,5		
			Käfighaltung 4er	37,9 ± 0,5		
			ausgestaltete Käfige	38,7 ± 0,6		
			Voliere	37,6 ± 0,5		
	14. Legemonat		Käfighaltung 4 er	38,9 ± 0,6		
			ausgestaltete Käfige	33,7 ± 0,9		
			Voliere	31,1 ± 0,9		
				31,4 ± 0,9		
(DAMME ET AL. 2011)	42	Lohmann Brown Classic	Bodenhaltung	49,7	k.A.	k.A.
		Tetra Brown		43,5		
		Burford Brown Experimental		49,7		
		Lohmann Experimental		49,4		
		Lohmann Selected Leghorn Classic		49,0		
		Hubbard Novogen Brown		46,7		
	58	Lohmann Brown Classic		44,8	k.A.	k.A.
		Tetra Brown		39,5		
		Burford Brown Experimental		45,1		
		Lohmann Experimental		43,9		
		Lohmann Selected Leghorn Classic		44,9		
		Hubbard Novogen Brown		41,4		
	60	Lohmann Brown Classic		40,4	k.A.	k.A.
		Tetra Brown		35,6		
		Burford Brown Experimental		44,1		
		Lohmann Experimental		41,7		
		Lohmann Selected Leghorn Classic		40,8		
		Hubbard Novogen Brown		38,7		
(MOULA ET AL. 2010)	56	Ardenaise	Bodenhaltung	34,4 ± 0,64 (SE)	k.A.	k.A.
		CoqArd		37,1 ± 0,53		
		Famenoise		38,4 ± 0,88		
		ISA Brown		37,2 ± 0,56		

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Bruchfestigkeit [N]	Heritabilität	Messgerät
(SIMON ET AL., 2012)	42	Lohmann Brown Classic	Kleingruppenhaltung	49,7	k.A.	k.A.
		Tetra Brown		41,9		
		Burford Brown Experimental		52,1		
		Lohmann Experimental		48,7		
		Lohmann Selected Leghorn Classic		49,2		
		Hubbard Novogen Brown		42,0		
	60	Lohmann Brown Classic	Kleingruppenhaltung	50,0	k.A.	k.A.
		Tetra Brown		44,9		
		Burford Brown Experimental		49,8		
		Lohmann Experimental		48,4		
		Lohmann Selected Leghorn Classic		49,5		
		Hubbard Novogen Brown		47,4		
	68	Lohmann Brown Classic	Kleingruppenhaltung	42,1	k.A.	k.A.
Tetra Brown		35,4				
Burford Brown Experimental		44,7				
Lohmann Experimental		42,4				
Lohmann Selected Leghorn Classic		39,1				
Hubbard Novogen Brown		38,5				
(TUMOVA & EBEID 2005)	20-64	ISA Brown	3er Käfig	44,67	k.A.	QCA device (TSS,England)
			Bodenhaltung	46,30		
(TUMOVÁ ET AL., 2007)	20-64	Blue Strain	Bodenhaltung	38,5	k.A.	QCA device (TSS,England)
				34,4		
(VITS ET AL., 2005)	k.A.	Lohmann Brown	Gruppenkäfig	35,5	k.A.	Zwicki-Z2,5/TNIS
(ZHANG ET AL., 2005)	40	Braunleger (Zwerghühner)	Einzelkäfig	39,8 ± 0,5	0,24 ± 0,08	Veterinary and Livestock Instruments (VLI)

Tabelle A.4: Zusammenfassende Darstellung von Schalendicken und Heritabilitäten der Schalendicke in der Literatur

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Schalendicke [μm]	Heritabilität	Methodik	Instrument
(BANGA-MBOKO ET AL. 2010)	32	Lohmann (n.d.)	4er Käfig	400	k.A.	1Stück, getrocknet	Meßschieber
(HIDALGO ET AL. 2008)	k.A.	k.A.	Bodenhaltung Käfighaltung	470 410 \pm 0,01 (SE)	k.A.	1Stück am Äquator, mit Membranen	550-502 Mikrometer, NSK, Japan
(ICKEN ET AL. 2006b)	37	Red Island Red (Reinlinie)	Freilandhaltung Bodenhaltung Ökologische Haltung	500 \pm 0,01 (SE) 500 \pm 0,01 (SE) 480 \pm 0,01 (SE)			
(JOHANSSON ET AL. 1996)	20-62	White Leghorn	Einzelkäfig	390 \pm 30 400 \pm 30 410 \pm 30	0,19	Äquator	k.A.
(KEMPS ET AL. 2006)	33-45	Bovans Brown	Einzelkäfig	342 \pm 27,0 (SD) 361,9 \pm 2,3	0,33 \pm 0,11 (SE)	Örberg(1990)	Örberg(1990)
(KRAWCZYK & GORNOWICZ 2010)	48-63 66-78 33-45 48-63 66-78	Hisex Brown	Einzelkäfig	353,3 \pm 2,2 350,9 \pm 2,3 360,8 \pm 2,2 351,3 \pm 2,2 346,9 \pm 1,6	k.A.	Durchschnitt aus 3 Stücken an Äquatorialebene	Mikrometer, Serie 500, Mitutoyo, Tokyo, Japan
(KRAWCZYK & GORNOWICZ 2010)	32-36	Messa 45 (Hybriden) aus deutsche Meisterhybriden	Bodenhaltung	350 \pm 36,18	k.A.	k.A.	Mikrometer, Mitutoyo, Japan
(LEYENDECKER ET AL. 2002)	52-56 32-36 52-56	Lohmann Silver	Freilandhaltung	346 \pm 28,56 343 \pm 18,03 341 \pm 22,17	k.A.	1Stück, ohne Eihaute, Äquatorialebene	Mikrometer QCT der Firma TSS, York, UK
(LEYENDECKER ET AL. 2002)	6.Legemonat	Lohmann Silver	Käfighaltung 4er	320,2 \pm 1,8 (SE)	k.A.		
	9. Legemonat		ausgestaltete Käfige Vollere Käfighaltung 4er	312,1 \pm 1,7 325,2 \pm 1,7 325,8 \pm 1,9			

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Schalendicke [μm]	Heritabilität	Methodik	Instrument
(LWELAMIRA ET AL. 2009)	33-36	Kuchi (Tanzania)	ausgestaltete Käfige Voliere Käfighaltung 4 er ausgestaltete Käfige Voliere	326,3 \pm 1,9 328,3 \pm 1,9 311,2 \pm 3,2 308,8 \pm 3,1 309,0 \pm 3,2	0,53 \pm 0,11 (SE)	Stück torialebene, Durchschnitt aus 3 Stücken	Mikrometer
(MOULA ET AL. 2010)	56	Ardenaise CoqArd Famenoise ISA Brown	Bodenhaltung	373 \pm 0,20 (SE) 322 \pm 0,24 318 \pm 0,40 372 \pm 0,26	0,62 \pm 0,13 (SE) k.A.	3 Stück am Äqua- tor, Durchschnitt	Mikrometer
(SÁINZ ET AL. 1983)	k.A.	Rhode Island Red White Leghorn Sussex Maran Dwarf Sussex Engl. Gamecock	k.A.	34 \pm 1 37 \pm 2 36 \pm 1 38 \pm 1 29 \pm 1 30 \pm 1	k.A.	k.A.	Mikrometer
(SHIMMURA ET AL. 2010)	k.A.	White Leghorn x Rhode Island Red	konventioneller 2er Käfig ausgestalteter 2er Käfig	360 340 370	k.A.	k.A.	k.A.
(TUMOVA & EBEBID 2005)	20-64 20-64	ISA Brown	3er Käfig Bodenhaltung	387 390	k.A.	k.A.	k.A.
(TUMOVÁ ET AL. 2007)	20-64	Blue Strain Plymouth Rock Blue Strain (male) x Plymouth Rock (female)	Bodenhaltung 380	353 357	k.A.	k.A.	k.A.

Fortsetzung folgt...

Fortsetzung...

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Schalendicke [μm]	Heritabilität	Methodik	Instrument
(TUMOVA & LEDVINKA 2009)	20-24	Hisex Brown	Einzelkäfig	321	k.A.	k.A.	Mikrometer QCT der Firma TSS, York, UK
(VAN DEN BRAND ET AL. 2004)	38-42 56-60	ISA Warren medium	Käfighaltung	321	k.A.	Äquatorialebene, ohne Eimembranen	Mitutoyo, Miyazaki, Japan
(VITS ET AL. 2005)	k.A.	Lohmann Brown	Freilandhaltung Gruppenkäfig	326,9 \pm 1,4 (SE) 323,4 \pm 1,4 (SE)	k.A.	1 Stück am Äquator, ohne Membranen	Mikrometer, TSS, York, UK
(WANG ET AL. 2009)	26-50	Lohmann Selected Leghorn Dongxiang Blaulager	Käfighaltung Freilandhaltung	330 330	k.A.	Durchschnitt aus 3 Stücken, ohne Membranen	k.A.
(ZHANG ET AL. 2005)	40	Braunleger	Einzelkäfig	343	0,34 \pm 0,09 (SE)	1 Stück an jedem Pol + 1 Stück Äquatorialebene, Durchschnitt aus 3 Stücken	Veterinary and Livestock Instruments, Fujihira Industry Co., Tokyo, Japan

Tabelle A.5: Zusammenfassende Darstellung von Formindizes und Heritabilitäten der Eiform in der Literatur

Autor	Alter [LW]	Herkunft	Haltungssystem	Formindex	Heritabilität
(HIDALGO ET AL. 2008)	k.A.	k. A.	Käfighaltung Freilandhaltung Bodenhaltung Ökologische Haltung	76,9 ± 0,44 (SE) 76,0 ± 1,04 77,1 ± 0,25 76,1 ± 0,48	k.A.
(ICKEN ET AL. 2006b)	37 38 39	Red Island Red (Reinlinie)	k.A.	78,4 ± 2,9 77,9 ± 3,0 77,8 ± 2,6	0,38
(KRAWCZYK & GORNOWICZ 2010)	32-36	Messa 45 (Hybriden) aus deutsche Meis- terhybriden	Bodenhaltung	78,2 "pm" 3,59	k.A.
(LWELAMIRA ET AL. 2009)	52-56 32-36 52-56	Kuchi (Tanzania) Medium (Tanzania)	Einzelkäfig	74,3 ± 2,98 77,1 ± 3,12 73,9 ± 2,92	0,48 ± 0,13 (SE) 0,52 ± 0,10 (SE)
(MONIRA ET AL. 2003)	32-37	Barred Plymouth Rock White Leghorn Rhode Island Red White Rock	k. A.	71,14 71,34 72,32 74,10	k.A.
(MOULA ET AL. 2010)	56	Ardenaise CoqArt Famennoise ISA Brown	Bodenhaltung	75,2 ± 0,28 (SE) 78,3 ± 0,23 73,1 ± 0,38 76,3 ± 0,52	k.A.
(TUMOVA & EBEID 2005)	20-64	ISA Brown	3er Käfig Bodenhaltung	76,20 76,08	k.A.
(TŮMOVÁ ET AL. 2007)	20-64	Blue Strain Plymouth Rock Blue (male) x Plymouth Rock (female)	Bodenhaltung	76,2 76,8 74,6	k.A.
(VAN DEN BRAND ET AL. 2004)	25-59	ISA Warren medium	Käfighaltung Freilandhaltung	74,70 75,44	k.A.
(WANG ET AL. 2009)	26-50	Dongxiang Blauleger	Käfighaltung Freilandhaltung	74,23 73,82	k.A.
(ZHANG ET AL. 2005)	40	Braunleger	Einzelkäfig	74	0,40 ± 0,10 (SE)

Danke an...

- Herrn Prof. Dr. Hans-Rudolf Fries für die Bereitstellung, Betreuung und Begutachtung dieser Doktorarbeit. Danke für Ihr Engagement, klärende Gespräche, hilfreiche Hinweise und eine durchweg konstruktive Kritik. Die Zeit bei bei Ihnen am Lehrstuhl für Tierzucht war sehr wichtig für mich. Ich wünsche Ihnen alles Gute.
- Herrn Prof. Rudolf Preisinger. Danke für die Betreuung, hilfreiche Hinweise, Motivation und Finanzierung dieser Arbeit. Ich wünsche Ihnen alles Gute.
- das Team des Lehrstuhl für Tierzucht. Danke für Eure freundschaftliche Aufnahme, nette Gespräche und fruchtbare Diskussionen. Danke für alles, was ich bei Euch lernen durfte. Ich hoffe, wir sehen uns wieder.
- an alle Mitarbeiter der Lohmann Tierzucht GmbH für die Betreuung, Korrekturen, Hilfestellungen in wissenschaftlichen sowie technischen Fragen. Alles Gute weiterhin.
- alle meine Kollegen meiner Arbeitsstellen. Ohne Eure Flexibilität, Rücksichtnahme und Geduld hätte ich dieses Arbeitspensum nicht bewältigen können. Danke für die Möglichkeit, über den Tellerrand hinaus zu schauen.
- alle meine Freunde. Danke für viele motivierende Gespräche, Kraft und Geduld. Danke, dass Ihr noch da seid.
- meinen Mann Jupp. Es gibt tatsächlich ein Leben neben der Arbeit?! Danke, dass ich meine Leidenschaft für meine Projekte so ausleben kann.
- meine Familie. Ohne Euch wäre ich nicht so weit gekommen. Danke für Ausdauer, Geduld, Zuspruch und Motivation in allen Lebenslagen.

Curriculum Vitae



Andrea Berglehner

geboren am 07.10.1981 | Straubing | verheiratet

Diplom Biologin

Diplom Umweltwissenschaftlerin

Universitäts- und Schulausbildung

04/2010 - 06/2013	Technische Universität München Lehrstuhl für Tierzucht Wissenschaftliche Mitarbeiterin mit Promotion (Vollzeit)
10/2009 - 04/2014	Universität Koblenz-Landau Angewandte Umweltwissenschaften Aufbauender Fernstudiengang Abschluss: Dipl. Umweltwissenschaftlerin
10/2006 - 03/2009	Julius-Maximilians-Universität Würzburg Studium der Biologie Schwerpunkte: Tierökologie, Verhaltensphysiologie, Neurobiologie Abschluss: Dipl. Biologin
10/2003 - 09/2006	Universität Regensburg / Justus-Liebig Universität Gießen Studium der Biologie
09/1993 - 07/2002	Gymnasium der Ursulinen-Schulstiftung, Straubing Leistungskurse: Englisch, Biologie Abschluss: allgemeine Hochschulreife

Berufliche Erfahrung und Praktika

seit 01/2014	OmniCert Umweltgutachter GmbH, Bad Abbach Wissenschaftlicher Mitarbeiter zur Implementierung von Cradle to Cradle Bayern, Mitarbeit bei der Gutachten-Erstellung und an Forschungsprojekten (Vollzeit)
--------------	--

07/2013 - 12/2013

BLUES GmbH, München

Bayuwarische Logistik Umwelt & Entsorgungs Systeme GmbH
Tätigkeit: Anfertigung der Diplomarbeit für das Studium der
Angewandten Umweltwissenschaften (Vollzeit)

09/2009 - 02/2010

Universität zu Köln, Köln

Zoologisches Institut
Tätigkeit: Wissenschaftliche Mitarbeiterin (Vollzeit)

03/2009 - 09/2009

Julius-Maximilians-Universität Würzburg

Institut für Genetik und Neurobiologie
Tätigkeit: Wissenschaftliche Mitarbeiterin (Vollzeit)

09/2009

Max-Planck Institut, München

Institut für Neurobiologie
Praktikum (Vollzeit)

07/2002 - 10/2002

Blindenführhundschiule Claudia Detzer, Straubing

Praktikum (Teilzeit)

Auslandsaufenthalte

08/2012

Brasilien, Weltkongress der Geflügelwissenschaften WPC2012

Mit Präsentation eines wissenschaftlichen Posters: „Verification of the automatic „egg to hen“ assignment in the Weihenstephan Funnel Nest Box“

09/2008

Chicago, Weltkongress der Neurowissenschaften „Neuroscience“

Mit Präsentation eines wissenschaftlichen Posters: “Serotonin modulates ethanol tolerance in *Drosophila melanogaster*“

02/2007 - 04/2007

Loro Park, Papageien-Zuchtstation, Puerto de la Cruz, Teneriffa

Tätigkeit: Wissenschaftlicher Mitarbeiter (Vollzeit)

Sprachen- und Computerkenntnisse

Sprachkenntnisse

Deutsch	Muttersprache
Englisch	fließend in Wort und Schrift
Latein	Latinum

Computerkenntnisse

MS Office	Fortgeschrittene Kenntnisse
Macintosh	Gute Kenntnisse
R	Grundkenntnisse
Latex	Gute Kenntnisse

Ehrenamtliche Tätigkeiten

12/2002 - 09/2003 **Patenschaft** für einen Labrador-Welpen
Seit 2004 ausgebildeter Blindenführhund in Köln

Studienfinanzierende Tätigkeiten

seit 09/2002 **H&M Hennes & Mauritz B.V. & Co. KG, Straubing**
Sales advisor und Area Conscious Team

07/2008 - 12/2008 **Julius-Maximilians-Universität Würzburg**
Lehrstuhl für Genetik
Wissenschaftliche Betreuung von Medizinstudenten

06/1995 - 06/2002 **Saatzucht Ackermann, Irlbach**
Erntehelfer

Veröffentlichungen

Icken, W., Thurner, S., Heinrich, A., Kaiser, A., Caverio, D., Wendl, G., Schmutz, M., & Preisinger, R. (2013) Higher precision level at individual laying performance tests in cage free housing systems. Poultry Science 92(9):2276–2282

Xu, L., He, J., Kaiser, A., Gräber, N., Schläger, L., Ritze, Y. & Scholz, H. (2016) A single pair of serotonergic neurons counteracts serotonergic inhibition of ethanol attraction in Drosophila. PLoS One. 2016; 11 (12): e0167518