

Weiterführende Untersuchung zur Kurzbeinigkeit bei verschiedenen Hühnerrassen

Abschlussbericht

Bearbeitung:

Diplom-Biologe Armin Six

Dr. rer. nat. Mareike Fellmin

M. Sc. Saskia Neukirchen

Projektassistenz:

M. Sc. Mario Lamers und Arne Kutsche

Horschbach, April 2025

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	
2. Theoretischer Hintergrund	
2.1 Domestikation	
2.1.1 Domestikation des Huhns	
2.1.2 Rassenvielfalt.....	6
2.2 Anatomie des Huhns.....	7
2.3 Kurzbeinigkeit bei verschiedenen Hühnerrassen.....	9
2.4 Vorarbeiten am Wissenschaftlichen Geflügelhof des BDRG.....	17
2.5 Tierschutz.....	19
2.5.1 Haustiere und Tierschutz.....	20
2.5.2 Kurzbeinigkeit bei Hühnern und Tierschutz.....	21
2.6 Fragestellung.....	21
3. Methodik.....	22
3.1 Tiere.....	22
3.1.1 Haltung.....	23
3.1.2 Rassebeschreibungen.....	25
3.2 Zuchtmanagement.....	34
3.2.1 Tierzahlen.....	35
3.3 Experimentelles Prozedere.....	35
3.3.1 Vermessung der Tiere.....	36
3.4 Erhebung der Tarsometatarsus-Längen der Elterntiere und Küken.....	36
3.5 Erhebung von Schlupfdaten.....	37
3.5.1 Beobachtungen an geschlüpften Küken.....	40
3.6 Auswertung.....	42
3.6.1 Statistik.....	42

4.	Ergebnisse.....	44
4.1	Zuordnung der Elterntiere.....	44
4.1.1	Krüper.....	44
4.1.2	Zwerg-Krüper.....	45
4.1.3	Chabo.....	47
4.1.4	Vergleichsrassen.....	48
4.2	Erhebung von Absterbe- und Schlupfraten.....	49
4.2.1	Krüper.....	49
4.2.2	Zwerg-Krüper.....	51
4.2.3	Krüper und Zwerg-Krüper – gemeinsame Auswertung.....	53
4.2.4	Chabo.....	54
4.3	Beobachtungen an nicht geschlüpften Küken.....	57
4.3.1	Krüper.....	58
4.3.2	Zwerg-Krüper.....	61
4.3.3	Krüper und Zwerg-Krüper – gemeinsame Auswertung.....	64
4.3.4	Chabo.....	67
4.4	Beobachtungen an geschlüpften Küken.....	71
4.4.1	Zuordnung der Küken.....	71
4.4.2	Krüper.....	71
4.4.3	Zwerg-Krüper.....	75
4.4.4	Krüper und Zwerg-Krüper – gemeinsame Auswertung.....	79
4.4.5	Chabo.....	81
5.	Diskussion.....	86
5.1	Zuordnung der Elterntiere.....	88
5.2	Auswirkungen der Kurzbeinigkeit auf die Brutergebnisse.....	89
5.2.1	Erwartete Absterberaten.....	89
5.2.2	Krüper und Zwerg-Krüper.....	90
5.2.3	Chabo.....	94

5.3	Beobachtungen an geschlüpften Küken.....	97
5.3.1	Zuordnung der Küken.....	98
5.3.2	Krüper und Zwerg-Krüper.....	98
5.3.3	Chabo.....	101
5.4	Die Kurzbeinigkeit vor dem Hintergrund des Tierschutzgesetzes.....	104
5.4.1	Aktuelle Zuchttempfehlungen.....	105
5.5	Ausblick.....	107
6.	Zusammenfassung.....	108
7.	Literaturverzeichnis.....	111
	Danksagung.....	116

1 Einleitung

Das Haushuhn erfreut sich als Haustier einer großen Beliebtheit und weist eine enorme Rassenvielfalt auf. Allein in Deutschland gibt es über 180 verschiedene Hühnerrassen, die sich in ihrer Größe, Farbe und Form, aber auch aufgrund von anatomischen Besonderheiten teils stark unterscheiden. Eine anatomische Besonderheit ist die Verkürzung der Läufe und Flügelknochen, die sich am stärksten ausgeprägt vor allem bei den Rassen Krüper, Zwerg-Krüper und Chabo zeigt. Dabei treten Tiere dieser Rassen sowohl mit verkürzten Läufen (Kurzbeinigkeit) aber auch mit normal langen Läufen, auch als normal- oder langbeinig bezeichnet, auf. Die Kurzbeinigkeit der genannten Hühnerrassen stellt ein Schönheitsmerkmal dar, das züchterisch besonders gefördert wurde und wird. Bei Rassegeflügelausstellungen wird seit 2024 bei diesen Rassen neben der kurzbeinigen auch die langbeinige Variante für eine Bewertung zugelassen.

Die Literatur beschreibt schon seit längerem, dass mit der Verkürzung der Läufe ein Letalfaktor einhergeht. Dieser gilt als dominant und soll im reinerbigen (homozygoten) Zustand zu einem Absterben der Embryonen führen, während die mischerbigen (heterozygoten) Individuen kurzbeinig sind. Als Grundlage wird ein monogener autosomaler dominant-rezessiver Erbgang angenommen, bei dem bei der Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander zu 25 % reinerbige Individuen auftreten, die noch vor dem Schlupf im Ei absterben. Dies gilt insofern als problematisch, weil das Absterben der Embryonen gehäuft an zwei Zeitpunkten auftritt, von denen einer als kritisch anzusehen ist. Einmal zwischen den 3. und 4. Bebrütungstag und das zweite Mal zwischen dem 18. und 21. Tag kurz vor dem Schlupf der Küken. Hier gilt der zweite Absterbe-Zeitpunkt als kritisch, da zu diesem Zeitpunkt davon ausgegangen werden muss, dass sich das Schmerzempfinden der Nachkommen im Ei bereits entwickelt hat. Ein Absterben zu diesem Zeitpunkt stellt einen Konflikt mit dem derzeit in Deutschland geltenden Tierschutzgesetz dar.

Basierend auf dem in der Literatur beschriebenen Erbgang sind 50 % der Embryonen einer Verpaarung von Merkmalsträgern kurzbeinig und mischerbig, 25 % langbeinig ohne Letalfaktor und 25 % reinerbig für den Letalfaktor und nicht lebensfähig. Diese klare Verteilung wurde durch frühere Kreuzungsexperimente nachgewiesen, aber aufgrund des Alters der Studie bisher nicht durch molekulargenetische Untersuchungen abgesichert. Im Rahmen einer Bachelorarbeit von Frau Steinhoff in den Jahren 2013/14 am Wissenschaftlichen Geflügelhof des BDRG

ergaben sich einige Fragen in Bezug auf die Vererbung der Kurzbeinigkeit, die Anlass zur Überprüfung des gängigen Modells geben. Es wurde deutlich, dass auf diesem Themengebiet, vor allem aufgrund der Brisanz in Bezug auf das Tierschutzgesetz, weiterer Forschungsbedarf besteht. Erneut wurde daher am Wissenschaftlichen Geflügelhof des BDRG ein langfristiges Projekt über den Zeitraum von zwei Jahren geplant, um umfangreiche Daten sammeln zu können. Nach Ablauf dieser zwei Jahre im Mai 2018 wurde das Projekt im kleineren Maßstab bis 2022 weitergeführt.

Im Rahmen des Projektes wurden verschiedene Testverpaarungen der betroffenen Rassen Krüper, Zwerg-Krüper und Chabo durchgeführt. Dabei wurden sowohl Merkmalsträger als auch Nichtmerkmalsträger miteinander verpaart. Als Vergleichsrassen wurden die Hühnerrassen Deutsches Zwerghuhn und Deutsches Reichshuhn ausgewählt, bei denen das Merkmal nicht vorkommt.

2 Theoretischer Hintergrund

In der vorliegenden Studie wurde mit den Hühnerrassen Krüper, Zwerg-Krüper, Chabo, Deutsches Reichshuhn und Deutsches Zwerghuhn gearbeitet, allesamt Vertreter des Haushuhns (*Gallus gallus domesticus*). Ebenso wie die Wildgeflügelarten Felsentaube (*Columba livia*), Stockentente (*Anas platyrhynchos*), Moschusente (*Cairina moschata*), Graugans (*Anser anser*), Schwanengans (*Anser cygnoides*) und Truthuhn (*Meleagris gallopavo*), wurde auch das Rote Kammhuhn (*Gallus gallus*) vom Menschen domestiziert. Die über Jahrhunderte hinweg betriebene züchterische Selektion brachte eine erstaunliche Vielfalt verschiedener Hühnerrassen hervor, die sich insbesondere durch verschiedene Zuchtschwerpunkte, bspw. die Zucht zur Fleisch- oder Eierproduktion oder für Hahnenkämpfe, formten.

2.1 Domestikation

Es gilt als unbestritten, dass der Hund das älteste Haustier des Menschen ist und deren Annäherung vor mindestens 15.000 Jahren begonnen hat (Savolainen et al., 2002). Betroffen von der Domestikation verschiedener Tierarten war nicht nur das Tier, sondern auch der Mensch. Denn dieser konnte ebenfalls einen Vorteil aus der Gemeinschaft, bspw. in Form von Nahrung, Kleidung und Transportmöglichkeiten, ziehen (Benecke, 1994; Price 2002). Zu Beginn stellte die Zähmheit der Tiere ein besonderes Auswahlkriterium dar, auf das bewusst selektiert wurde (Hansen, 1996). So manifestierte sich die Zähmheit über Generationen hinweg auch genetisch (Belyaev et al., 1985). Doch nicht nur die Genetik allein, sondern auch das Handling spielt eine entscheidende Rolle und beeinflusst das Angstverhalten der Tiere (Heird et al. 1986; Boissy & Bouissou, 1988). Eine Prägung auf den Menschen wirkt sich ebenfalls positiv auf die Zähmheit aus (Sambraus & Sambraus, 1975). Dabei können Haustiere eine soziale Beziehung zu Menschen aufbauen, die mit einer sozialen Bindung zu Artgenossen vergleichbar ist.

Die Domestikation lässt sich durch drei Hauptmerkmale charakterisieren und wird als ein aktiver evolutionärer Prozess verstanden (Sossinka, 1982; Price, 1984; Price, 2002):

- 1 Eine Adaption der Tiere an das menschliche Umfeld
- 2 Der Mensch als Selektionsfaktor
- 3 Eine genetische Veränderung des Haustiers gegenüber dem Wildtier

Unter „menschlichem Umfeld“ sind neben dessen kultivierter Landschaft auch dessen Haushalt und Sozialverband zu verstehen. Als Grundvoraussetzung hierfür gilt, dass es sich bei allen domestizierten Tierarten um soziale Tiere handelt (Stricklin, 2001). Durch die Anpassung an das menschliche Umfeld veränderten die Tiere sich in ihrem äußeren Erscheinungsbild, sowie in ihrem Verhalten und ihrer Physiologie (Sossinka, 1982; Price, 2002). Dabei wird eine farbliche Veränderung des Hautieres gegenüber dem Wildtier als ein erstes Merkmal der vorangehenden Domestikation verstanden (Price, 2002). Auch folgt häufig eine Veränderung der Größe und der Form des Haustieres, sowie der Fruchtbarkeit und Futterverwertung (Darwin, 1868, Sossinka, 1982; Rehkämper et al., 1995; Price, 1999).

All diese Veränderungen sind im Zusammenhang mit dem zweiten Domestikationsmerkmal, dem Menschen als Selektionsfaktor, zu sehen. Im Zuge der Domestikation lenkt der Mensch die Verpaarung der Tiere gezielt und wählt die Paarungspartner nach denjenigen Kriterien aus, die in Abhängigkeit von dem angestrebten Nutzungsinteresse am vielversprechendsten scheinen (Price, 2002). Daran eng gekoppelt ist das dritte Domestikationsmerkmal, die genetische Veränderung des Haustiers gegenüber dem Wildtier (Sossinka, 1982; Price, 1984). Diese charakterisiert sich durch eine Verschiebung der Allelfrequenzen sowie der Manifestation von Homozygotie bestimmter Merkmale (Price, 2002).

2.1.1 Domestikation des Huhns

Der Domestikationszeitpunkt des Huhns wird auf den Zeitraum vor ca. 9500 bis 7000 Jahren geschätzt (Lawal et al., 2020; Wang et al., 2020). Dabei stellt die maßgebliche Stammform unseres Haushuhns das rote Kammmuhn (*Gallus gallus*) dar, welches auch als rotes Dschungelhuhn oder Bankivahuhn bezeichnet wird (Cutler, 1925; Zeuner, 1963; Crawford, 1990; Benecke, 1994). Darüber hinaus haben neuere Forschungen ergeben, dass auch die anderen drei Kammmuhnarten Sonnerathuhn (*Gallus sonneratii*), Lafayetthuhn (*Gallus lafayetti*) und Gabelschwanzhuhn (*Gallus varius*) moderate Anteile von jeweils ca. 10 % zum Genpool des Haushuhns beigetragen haben (Lawal et al., 2020).

Crawford 1984) benennt fünf verschiedene Unterarten des Roten Kammmuhns: Das Indische (*G. g. murghi*), das Tonkin (*G. g. jabouillei*), das Javanische (*G. g. bankiva*), das Burmesische (*G. g. spadiceus*) und das Cochinchina Bankivahuhn (*G. g. Gallus*).

Lange Zeit war ebenso unklar, welche Unterarten des Roten Kammmuhns an der Domestikation beteiligt waren und ob diese nur einmal oder mehrfach unabhängig

voneinander stattgefunden hat. Auch diese Frage konnte durch eine aktuelle Studie (Wang et al. 2020) weitgehend geklärt werden. Danach gab es lediglich ein Domestikationsereignis auf der Grundlage von *G. g. spadiceus*, was das Areal der Haustierwerdung auf den südostasiatischen Raum konzentriert. Daneben gab es zusätzlichen Genfluss von allen vier anderen Unterarten in das Haushuhn, der jedoch während der frühen Ausbreitung durch Mischung mit verschiedenen Wildpopulationen stattfand, also ein sekundärer Prozess ist.

Nicht eindeutig belegbar sind die Gründe für eine Domestikation des Huhns.



Abbildung 1: Rote Kammhühner am Wissenschaftlichen Geflügelhof des BDRG.

Dabei wird sowohl eine Domestikation zu kultischen Zwecken als auch zu Hahnenkämpfen diskutiert. Erst später gewann das Huhn als Nahrungslieferant in Form von Eiern und Fleisch an Bedeutung (Mackay, 1938; Zeuner, 1963; Crawford, 1990; Benecke, 1994). Eine gezielte Hühnerzucht und damit auch das Herauszüchten von verschiedenen Hühnerrassen begann in Europa vermutlich in der Römerzeit (Zeuner, 1963, Benecke, 1994). Zu stärkeren Züchtungsbemühungen mit einer größeren Vielfalt in Form und Farbe kam es dann erneut im Spätmittelalter. Erst in der Neuzeit setzten die gezielte Zucht und das Herauszüchten bestimmter Merkmale ein (Benecke, 1994). Heute hat eine Trennung der Rassegeflügel- und der Wirtschaftsgeflügelzucht stattgefunden.

2.1.2 Rassenvielfalt

Im Zuge der Domestikation wurden über die Jahrtausende hinweg aus der Stammform eine Vielzahl von Rassen gezüchtet (Darwin, 1868). Dabei unterscheiden sich diese zum Teil stark in ihrem Aussehen, in ihrer Genetik und ihrem Verhalten (Rosenberg et al., 2001; Rehkämper et al., 2003; Jensen, 2006; Tiemann & Rehkämper, 2008; Stringham et al., 2012).

Einen umfassenden Überblick über die gesamte Vielfalt der in Mitteleuropa gezüchteten Hühner- und Zwerghuhnrasen geben die Werke von Six & Höck (2022; 2023; 2025) sowie Wandelt & Wolters (1996; 1998). Vom Bund Deutscher Rassegeflügelzüchter (BDRG) sind etwa 180 dieser Rassen formal als Schaurassen anerkannt.

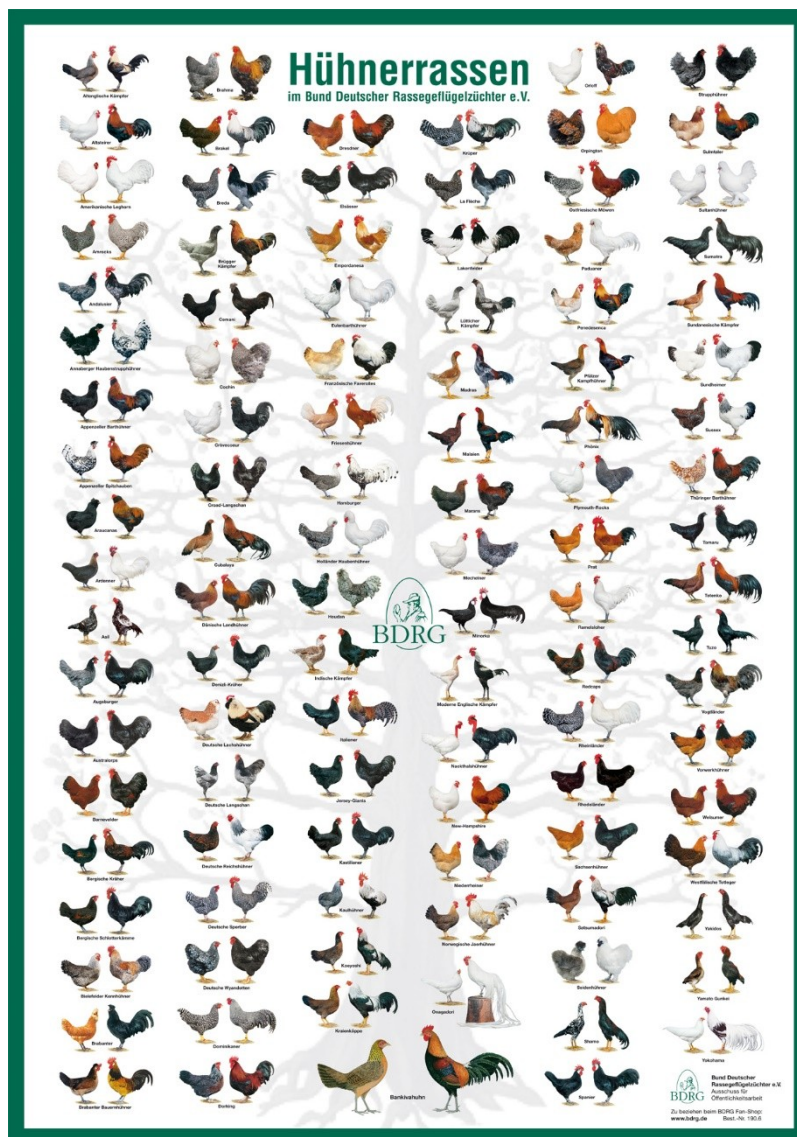
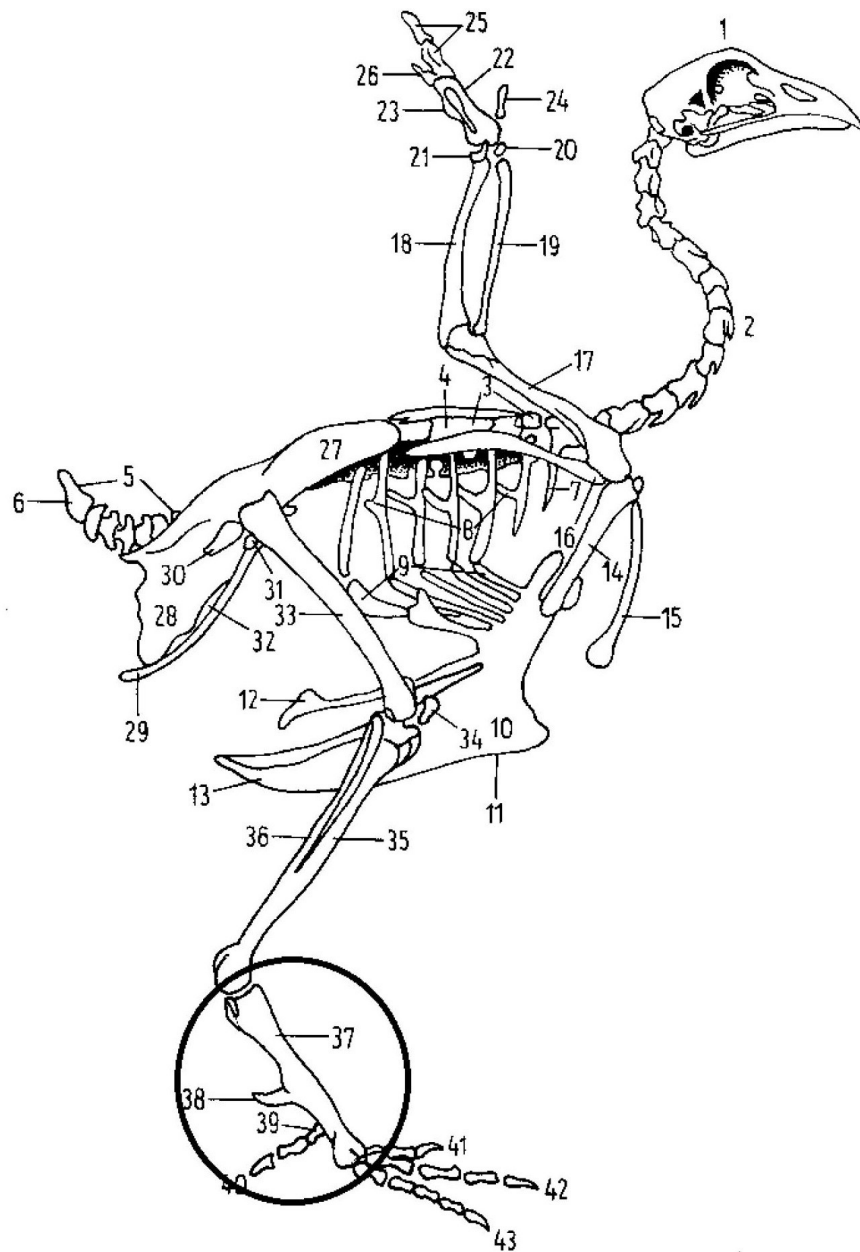


Abbildung 2: Übersicht über die derzeit im Bund Deutscher Rassegeflügelzüchter e. V. anerkannten Hühnerrassen.



- | | | |
|-------------------------------|--|-----------------------------|
| 1 Cranium | 16 Scapula | 29 Pubis |
| 2 Vertebrae cervicales | 17 Humerus | 30 Foramen ischiadicum |
| 3 Vertebrae thoracicae | 18 Ulna | 31 Foramen acetabuli |
| 4 Notarium | 19 Radius | 32 Fenestra ischiopubica |
| 5 Vertebrae caudales | 20 Os carpi radiale | 33 Femur |
| 6 Pygostylus | 21 Os carpi ulnare | 34 Patella |
| 7 Erste Rippe | 22 Os metacarpale majus | 35 Tibiotarsus |
| 8 Processus uncinati | 23 Os metacarpale minus | 36 Fibula |
| 9 Costae sternales | 24 Phalanx digiti alulae | 37 Tarsometatarsus |
| 10 Sternum | 25 Phalanx proximalis et
Phalanx distalis digiti
majoris | 38 Processus calcaris |
| 11 Carina sterni | 26 Phalanx digiti minoris | 39 Os metatarsale I |
| 12 Trabecula lateralis sterni | 27 Ilium | 40 Ossa digitorum pedis I |
| 13 Trabecula mediana sterni | 28 Ischium | 41 Ossa digitorum pedis II |
| 14 Coracoideum | | 42 Ossa digitorum pedis III |
| 15 Clavicula | | 43 Ossa digitorum pedis IV |

Abbildung 4: Hühnerskelett eines männlichen Tieres nach Salomon (2008). Der Kreis markiert den Bereich in dem der Tarsometatarsus, der Knochen der bei kurzbeinigen Hühnerrassen am stärksten verkürzt ist, liegt.

Im Hinblick auf die vorliegende Studie ist der passive Bewegungsapparat, also das Skelettsystem, von besonderer Bedeutung (Salomon, 2008).

Grundlegend finden sich am Skelett des Vogels die gleichen Knochen wieder wie bei Säugetieren. Unterschiede finden sich jedoch in folgenden Merkmalen:

- a Das Wachstum und die Verknöcherung sind früher abgeschlossen (bezogen auf die Lebensdauer)
- b Fast alle Knochen sind pneumatisiert
- c Die Knochen sind härter und spröder
- d Das Gewicht des Skeletts ist bezogen auf das Gesamtkörpergewicht geringer

2.3 Kurzbeinigkeit bei verschiedenen Hühnerrassen

Haustiere werden oft nach morphologischen Besonderheiten, z. B. in Bezug auf die Körpergröße, Farbe oder Gestalt, gezüchtet. Bei Haushühnern kennzeichnen sich einige Rassen durch eine als Kurzbeinigkeit bezeichnete Verkürzung der Läufe. Kurzbeinige Hühner gibt es mindestens seit mehreren Jahrhunderten. Die ältesten bekannten Knochenfunde stammen aus dem 16. Jahrhundert und wurden in Chester, England gefunden (Gordon et al., 2015). Einer der Ersten, der kurzbeinige Hühner wissenschaftlich beschrieb, war Cutler im Jahr 1925. Er charakterisierte die Tiere als gute Eierleger, schlechte Läufer und, obwohl sie wenig scharren, als gute Futtersucher. Außerdem könnten sie in Gehegen mit einem niedrigen Zaun gehalten werden. Die sog. „Creepers“ wurden als hervorragende Glucken beschrieben, da sie aufgrund der kurzen Beine nicht auf die Küken treten und die Küken sich gut wärmen könnten, weil die Federn der Mutter nahe am Boden sind (Cutler, 1925). Dabei wurde der Begriff „Creeper“ generell für kurzbeinige Hühner benutzt, ohne sie einer bestimmten Rasse zuzuordnen. Von der Gestalt her wirkten die Tiere sehr kräftig und plump (siehe auch Abbildung 5).

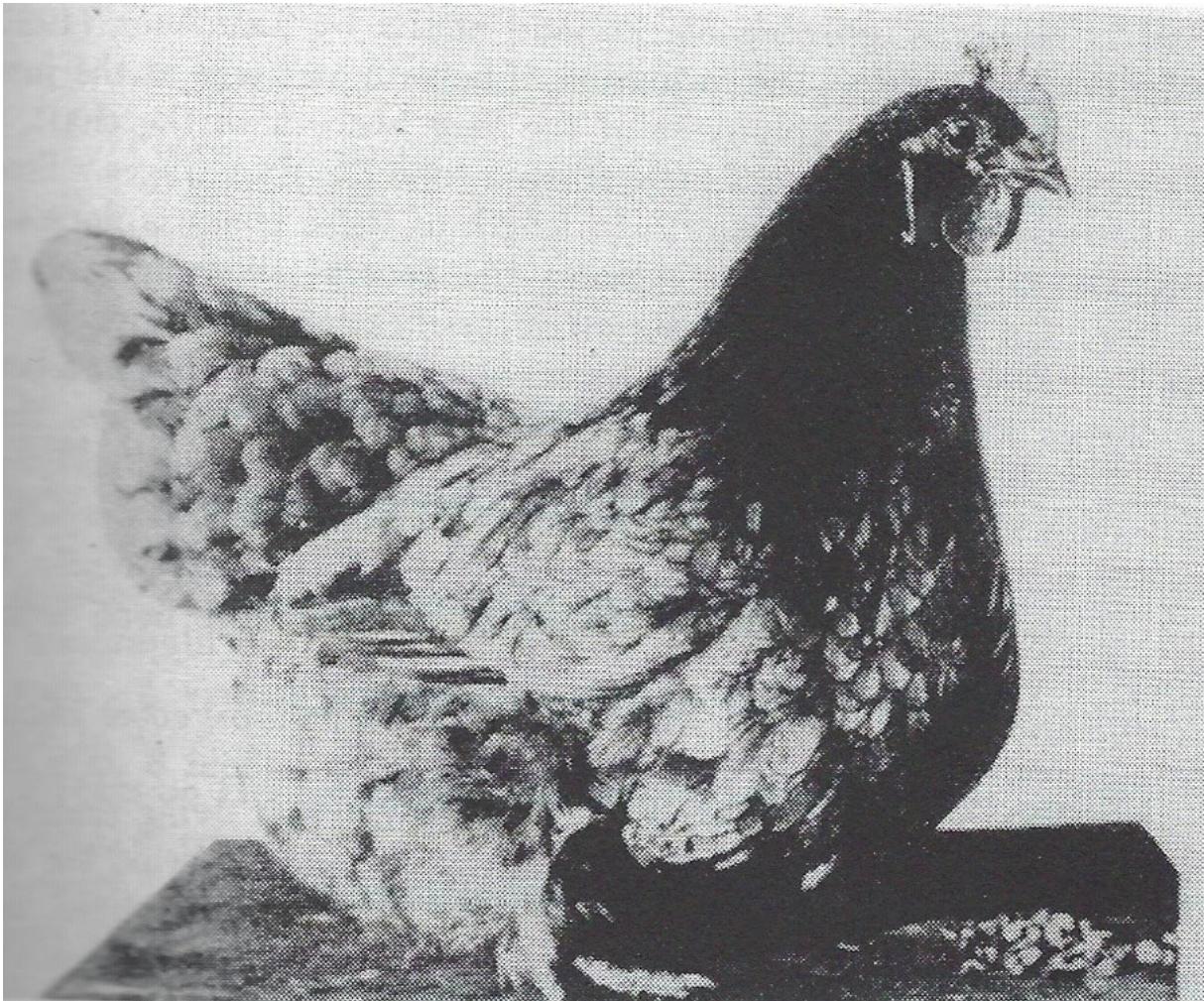


Abbildung 5: „Creeper Hen“ - Krüperhenne (Cutler, 1925)

Cutler (1925) setzte nur eine kleine Anzahl weißer *Creeper* für seine Untersuchung ein. Er selbst lebte und arbeitete in Amerika und auch seine Krüper wurden in späteren Studien als „Amerikanische Krüper“ beschrieben. Über ihren Ursprung ist nichts weiter bekannt, außer dass sie in vielen Farbvarianten vorkamen und in Amerika sehr selten waren. Er beobachtete, dass die Bein- und Flügelknochen der *Creeper* stark verkürzt waren. Außerdem beobachtete er, dass bei der Verpaarung eines *Creeper*s mit einem normalbeinigen Tier die eine Hälfte der Nachkommen *Creeper* und die andere Hälfte normalbeinig seien. Bei einer Verpaarung von *Creepern* untereinander gab es einen Teil *Creeper*, einen Teil normalbeinige Tiere und einen Teil Embryonen, der „extreme Abnormalitäten“ zeigte. Cutler (1925) schlussfolgerte daraus, dass die Tiere mit den „extremen Abnormalitäten“ homozygote (reinerbige) *Creeper* seien, die kurzbeinigen Tiere heterozygote (mischerbige) *Creeper* und die normalbeinigen Tiere solche ohne Erbanlage für die Ausprägung der Kurzbeinigkeit. Cutler selber hielt die Tiere eher aus Gründen der Nostalgie und weniger als Studienobjekte. Dennoch hielt er seine Beobachtungen zu

seinen *Creepern* fest und inspirierte dadurch Landauer und Dunn, sich sehr intensiv mit *Creepern* wissenschaftlich auseinanderzusetzen.

Im Jahr 1926 begannen Dunn & Landauer mit einer ihrer ersten Untersuchungen zur Kurzbeinigkeit. Hierfür bekamen sie einen *Creeper*-Hahn und zwei *Creeper*-Hennen von Cutler. Ihre Untersuchungen stützten die Beobachtungen von Cutler (1925) und sie fanden weiter heraus, dass der Großteil (45 %) der homozygoten *Creeper* noch vor dem sechsten Bebrütungstag im Ei verstarben. Dies war der Anfang einer Untersuchungsreihe, in der Landauer und Dunn alles rund um die Kurzbeinigkeit bei verschiedenen Hühnerrassen zu untersuchen begannen (Landauer & Dunn, 1930). Hierfür arbeiteten sie mit unterschiedlichen *Creeper*-Linien, die sie selbst benannten: „*American Creeper*“ (Amerikanische Krüper), „*German Creeper*“ (Deutsche Krüper), „*Scotch Creeper*“ (Schottische Krüper) oder auch „*Scotch Dumpies*“ genannt und „*Marquesan Creeper*“ (Marquesische Krüper; Marquesas ist eine Inselgruppe im südlichen pazifischen Ozean). Hieraus wird deutlich, dass die Kurzbeinigkeit bei Hühnern nicht nur lokal, sondern an vielen verschiedenen Orten auftritt. Sie arbeiteten sowohl mit reinen Verpaarungen zwischen den *Creepern*, als auch mit Kreuzungen zwischen *Creepern* und langbeinigen Hühnerrassen. Die Amerikanischen Krüper gingen auf die drei Ursprungstiere von Cutler zurück. Diese kreuzten sie untereinander und mit Leghornhennen, um die Tieranzahl zu erhöhen. Von den Deutschen Krüpern importierten sie 10 Tiere im schwarzen Farbschlag aus Deutschland von einem Züchter namens M. L. Büttner aus Lauscha, Thüringen. Auch diese Tiere kreuzten sie untereinander und mit Leghornhennen. Die Schottischen Krüper bekamen sie von einem Züchter namens James W. Brown, Rosehill, Summerston, Glasgow, Scotland. Wie viele Tiere sie erhielten, wurde nicht erwähnt. Vermutlich war die Anzahl gering. Auch hier wurden die Tiere wieder untereinander und diesmal mit Rhodeländern gekreuzt. Die Marquesischen Krüper gehen nur auf einen einzigen Hahn zurück, der durch die Verpaarung mit Leghornhennen die marquesische Linie begründete. Ihre umfangreichen Kreuzungsexperimente über mehrere Jahre hinweg lieferten die Basis des heutigen Verständnisses der Vererbung der Kurzbeinigkeit.

Es wird vermutet, dass ein sogenannter Krüper-Faktor Cp („Krüper-Gen“), benannt nach der kurzbeinigen Hühnerrasse Krüper, die Kurzbeinigkeit, die in den Grundzügen vergleichbar mit der Chondrodystrophie bei anderen Tierarten und beim Menschen ist, hervorruft (Landauer & Dunn, 1930; Landauer, 1942; Gleichauf, 1972). Dabei wird davon ausgegangen, dass es sich bei dem Krüper-Faktor um ein

dominantes Allel handelt, das autosomal vererbt wird. Dies ist insofern als problematisch anzusehen, als dass es in homozygoter (reinerbiger) Form letal wirkt, das Allel also als Letalfaktor einzustufen ist. Dieser Letalfaktor soll bewirken, dass homozygot kurzbeinige Tiere während der Inkubation im Ei noch vor dem Schlupf versterben (Landauer, 1931, 1932, 1933a; Fujio & Shibuya, 1974; Bartels, 1995). Als Hauptgrund für das Versterben zum frühen Zeitpunkt sieht Cairns (1941) die letale Wirkung des Krüperfaktors auf das Gefäßsystem der Tiere.

Aber auch in der heterozygoten Ausprägung schreiben Landauer und Dunn (1930) dem Krüperfaktor eine leichte (semiletale) Wirkung, wodurch auch ein Teil heterozygoten Nachkommen noch während der Bebrütung im Ei verstirbt.

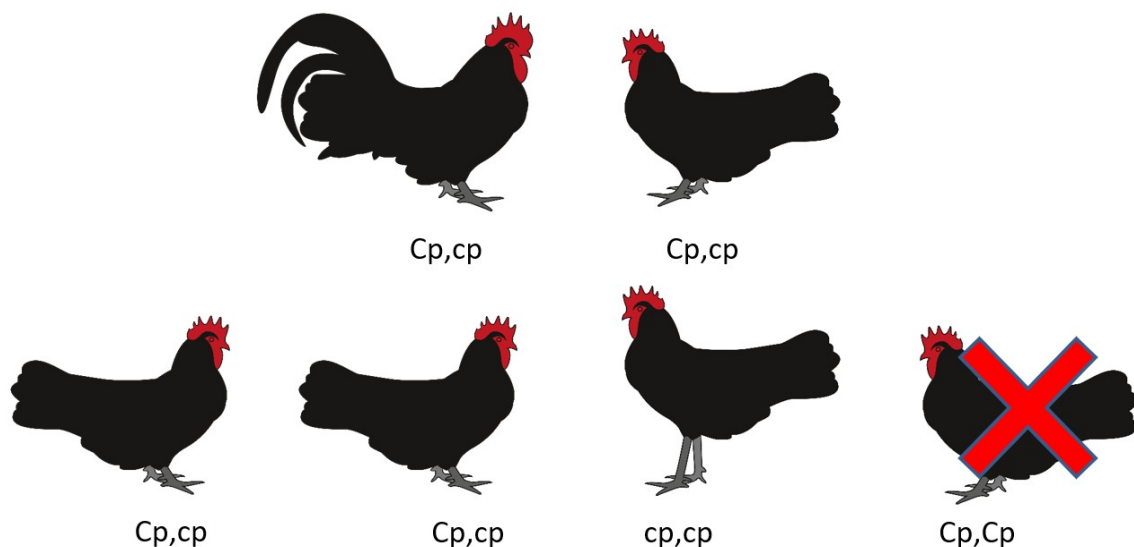


Abbildung 6: Vererbungsschema bei kurzbeinigen Hühnerrassen, hier dargestellt an dem Beispiel der Rasse Krüper. Bei der Vererbung des Merkmals der Kurzbeinigkeit soll es sich um einen autosomal dominant-rezessiven Erbgang handeln, der den Mendelschen Vererbungsgrundlagen folgt. Dargestellt ist eine Verpaarung von zwei kurzbeinigen Tieren untereinander (Merkmalsträgern). Laut Literatur ergibt sich daraus, dass 50 % der Nachkommen kurzbeinig (heterozygot für das Merkmal) und 25 % der Nachkommen langbeinig (keinen Krüperfaktor in sich tragend) sind, während 25 % der Nachkommen noch vor dem Schlupf absterben (homozygot für das Merkmal). Aus Gründen der Übersichtlichkeit sind bei den Nachkommen nur weibliche Tiere dargestellt.

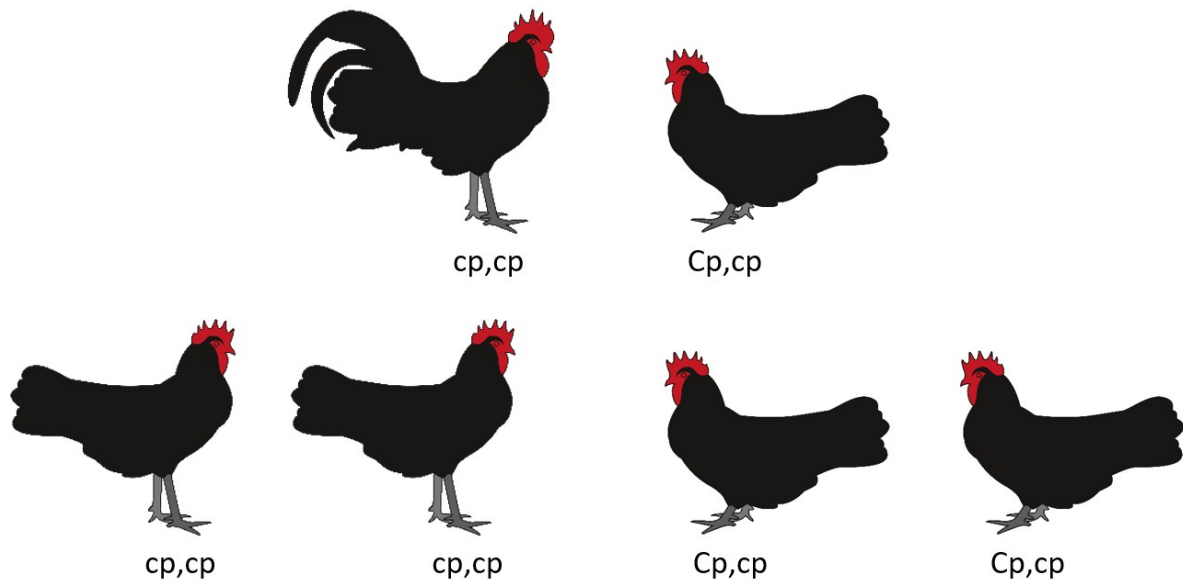


Abbildung 7: Vererbungsschema bei kurzbeinigen Hühnerrassen, hier dargestellt an dem Beispiel der Rasse Krüper. Bei der Vererbung des Merkmals der Kurzbeinigkeit soll es sich um einen autosomal dominant rezessiven Erbgang handeln, der den Mendelschen Vererbungsgrundlagen folgt. Dargestellt ist eine Verpaarung von einem kurzbeinigen (Merkmalsträger) mit einem langbeinigen Tier. Laut Literatur ergibt sich daraus, dass 50 % der Nachkommen kurzbeinig (heterozygot für das Merkmal) und 50 % der Nachkommen langbeinig sind. Aus Gründen der Übersichtlichkeit sind bei den Nachkommen nur weibliche Tiere dargestellt.

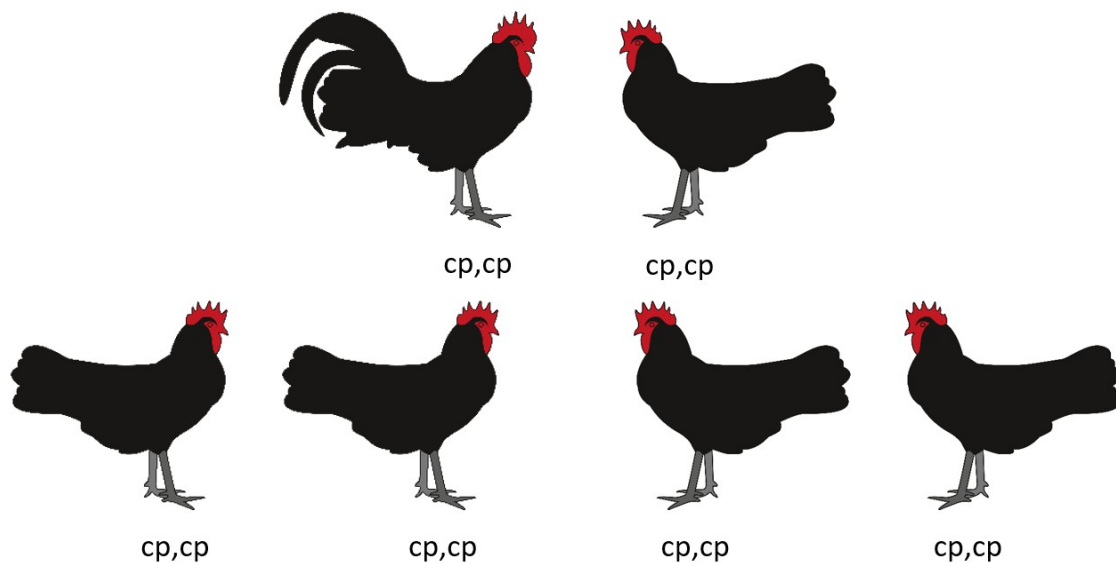


Abbildung 8: Vererbungsschema bei kurzbeinigen Hühnerrassen, hier dargestellt an dem Beispiel der Rasse Krüper. Bei der Vererbung des Merkmals der Kurzbeinigkeit soll es sich um einen autosomal dominant rezessiven Erbgang handeln, der den Mendelschen Vererbungsgrundlagen folgt. Dargestellt ist eine Verpaarung von langbeinigen Tieren untereinander. Laut Literatur ergibt sich daraus, dass alle Nachkommen langbeinig sind. Aus Gründen der Übersichtlichkeit sind bei den Nachkommen nur weibliche Tiere dargestellt.

Genetisch untersuchen konnte man das Phänomen der Kurzbeinigkeit mit den damaligen Untersuchungsmethoden noch nicht. Die Theorien von Cutler, Landauer & Dunn und weiteren beruhen auf Beobachtungen und den daraus resultierenden Rückschlüssen. Danach müsste folgendes gelten:

- a es gibt es keine lebenden Individuen, die in Bezug auf den Krüper-Faktor homozygot sind
- b alle kurzbeinigen Tiere sind in Bezug auf den Krüper-Faktor heterozygot (Landauer, 1932; Crawford, 1990)
- c alle langbeinigen Tiere tragen den Krüperfaktor nicht, wodurch auch alle ihre Nachkommen langbeinig sind

Rückschluss c) hätte durch die Verpaarung von langbeinigen Tieren aus der Krüperzucht untereinander überprüft werden können, doch führten Landauer & Dunn in ihren Untersuchungen keine solchen Verpaarungen durch.

Ein großer Anteil homozygoter Tiere soll während einer sogenannten Letalkrise gegen Ende des 3. und Anfang des 4. Bebrütungstages absterben. Eine zweite Letalkrise wird für den Zeitraum zwischen dem 18. und 21. Bebrütungstag wahrscheinlich gemacht und ist insofern als kritisch anzusehen, da Hühnerembryonen ab der Hälfte der Bebrütungsdauer (ca. 10,5 Bebrütungstage) als Nachzucht bezeichnet werden und ab diesem Zeitpunkt unter das Tierschutzgesetz fallen (Sachverständigengruppe Tierschutz und Heimtierzucht, 2002). Ein Teil dieser Nachkommen zeigt extreme Fehlbildungen in Form einer Phokomelie (Fehlbildung vor allem der Gliedmaßen; Landauer, 1931; Landauer, 1933a; Rudnick, 1945). Die Fehlbildungen einer Phokomelie können sowohl erblich bedingt sein als auch als Nebenwirkung bei der Einnahme von Hormonpräparaten oder Medikamenten auftreten. Eines der bekanntesten Beispiele einer durch Medikamente ausgelösten Phokomelie beim Menschen war der Wirkstoff Thalidomid im Medikament *Contergan*.

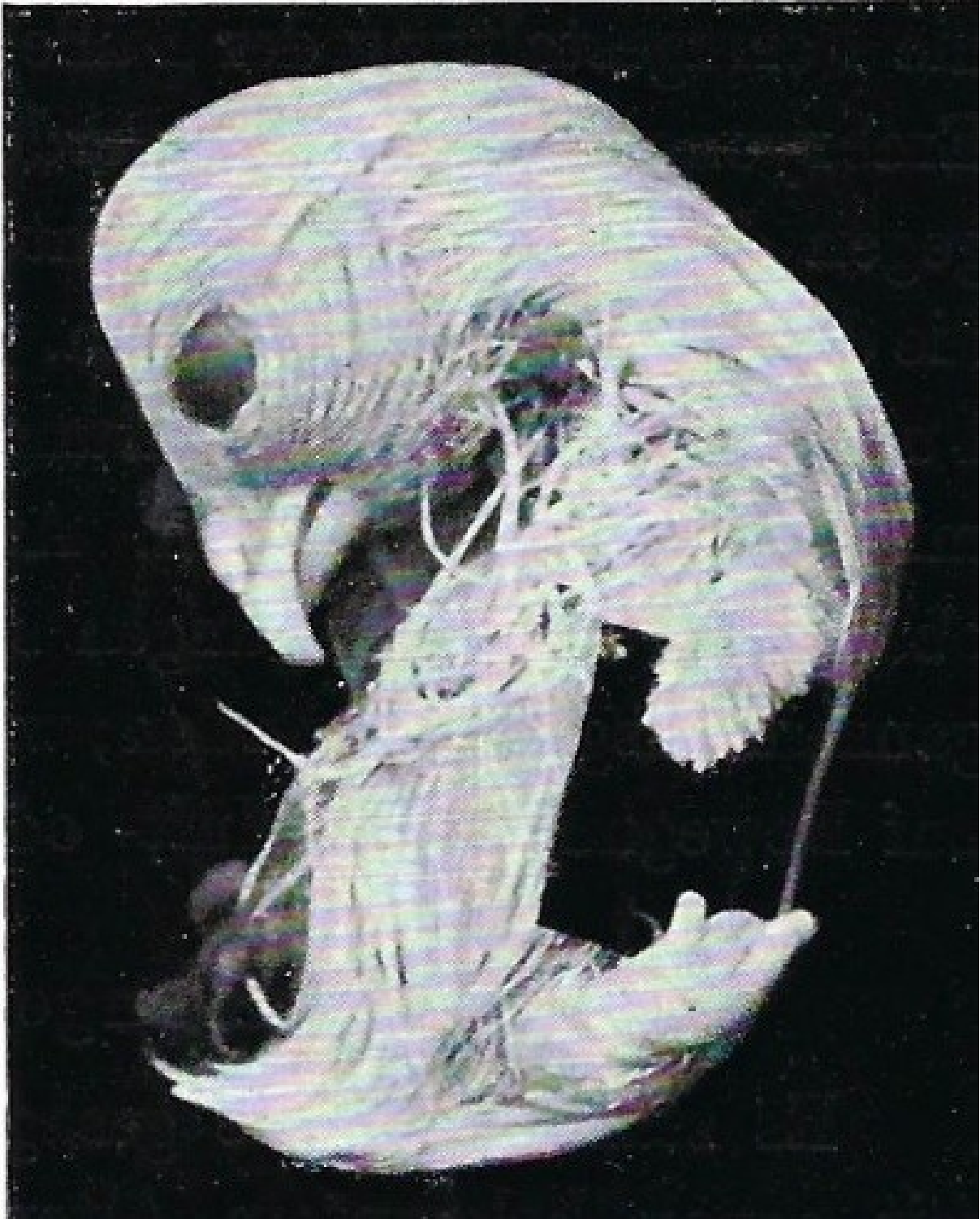


Abbildung 9: in Bezug auf den Krüperfaktor homozygoter Krüperembryo im Alter von 19 Bruttagen (Landauer, 1933).

Neben den zuvor genannten und unter dem Begriff „*Creeper*“ zusammengefassten Großassen gibt es vor allem eine Zwerghuhnrasse, die sich in besonderer Art und Weise durch ihre Kurzbeinigkeit kennzeichnet, die Chabo. Diese sehr alte, aus Japan stammende Hühnerrasse rückte 1942 in den Fokus der Untersuchungen von Landauer (Landauer, 1942). Er war daran interessiert, ob die genetische Grundlage bei den Chabo die gleiche wie bei seinen *Creepern* ist. Zu diesem Zweck kreuzte er

beide Rassen untereinander und kam zu der Schlussfolgerung, dass die Chabo entweder ein ähnliches Allel („abgewandelter Krüperfaktor“) oder ebenfalls den Krüperfaktor der *Creeper* besitzen, der dann aber durch einen Modifikator in seiner Ausprägung beeinflusst wird. Denn bei den Chabo starben mehr Küken in der zweiten Letalkrise ab als bei den *Creepern*. Daraus schlussfolgerte er, dass bei ihnen ein anderes Allel vorhanden sein könnte, dass durch ein Überleben vieler Embryonen bis zur späten Letalkrise gekennzeichnet ist. Viele, aber nicht alle Chabo tragen seiner Meinung nach den abgewandelten Krüperfaktor, denn er beobachtete enorme Unterschiede zwischen den einzelnen Chabohennen. Von manchen Hennen starben keine Embryonen in der späten Letalkrise ab, bei Anderen häufte sich das. Dieses „abgewandelte“ Krüpergen der Chabo war seiner Auffassung nach dominant gegenüber dem „normalen“ Krüpergen der *Creeper*. Ebenso hielt er für denkbar, dass der genetische Hintergrund der Chabo mit dem Krüperfaktor interagiert, dass also die Chabo den gleichen Krüperfaktor wie die *Creeper* besitzen, ein weiteres modifiziertes Gen aber die Ausprägung des Krüperfaktors beeinflusst. Wie seinerzeit nicht anders möglich, erfolgten diese Schlussfolgerungen einzig auf der Basis von Kreuzungsexperimenten, wobei jedoch keine Verpaarungen von Chabo untereinander vorgenommen wurden.

Da es sich bei den Zwerg-Krüpern um die verzweigte Form der Großrasse Krüper handelt, ist vom gleichen genetische Hintergrund wie bei dieser auszugehen.

Über diese genetischen Aspekte hinausgehend wurde weiterhin vermutet, dass die Expressivität der die Kurzbeinigkeit bedingenden Allele von verschiedenen Faktoren wie zum Beispiel dem Alter des Muttertiers oder dem Legezeitpunkt des Eies (ob früh oder spät im Jahr und somit der Legeperiode) beeinflusst wird (Fujio & Shibuya, 1974, Fujio, 1976).

Doch wo genau im Hühnergenom sich die betreffenden Allele befinden, war lange Zeit schwierig zu ermitteln, da das Wissen aus dem Bereich der Genomsequenzierung noch nicht vorhanden war. Was sich jedoch deutlich herausstellte war, dass sich ihr Genort ganz in der Nähe jenes Genortes befinden muss, welcher für die Ausprägung des Rosenkamms verantwortlich ist (Landauer, 1932 & 1933b; Shibuya et al., 1972).

Eine neuere Untersuchung (Jin et al., 2016) an der kurzbeinigen chinesischen Hühnerrasse Chinese Xingyi Bantam beschreibt erstmalig eine Genvariante, die für die Kurzbeinigkeit dieser Rasse verantwortlich ist. Dabei handelt es sich um eine Deletion im *Indian hedgehog*-Genort (IHH). Mischerbige Tiere sind kurzbeinig,

reinerbig führt diese Mutation zum frühen Absterben des Embryos im Ei. Diese Beschreibung deckt sich weitgehend mit dem in der früheren Literatur beschriebenen Erbgang.

Kinoshita et al. (2020) beschreiben, basierend auf einer Untersuchung an japanischen Chabo, dass von dieser Deletion neben dem *Indian hedgehog*-Genort (IHH) auch der benachbarte *non-homologous end-joining factor 1* (NHEJ1) betroffen ist und dies zum frühen Absterben der Embryonen führt.

2.4 Vorarbeiten am Wissenschaftlichen Geflügelhof des BDRG

Der Wissenschaftliche Geflügelhof des BDRG beschäftigte sich schon länger mit der Problematik der Kurzbeinigkeit bei verschiedenen Hühnerrassen. Erstmalig unterstützte die Untersuchung dieser Tiere der Club der Chabozüchter von 1925 im Jahre 2011 mit der Bereitstellung von Bruteiern. Gleichzeitig engagierte sich der Verein zur Förderung junger Wissenschaftler/innen in der Rassegeflügel-Forschung e. V. (JUWIRA) mit einer finanziellen Förderung für die Anschaffung von Untersuchungsmaterialien. Dadurch konnten u. a. Präparierbesteck, digitale Taschenmessschieber und ein für die Präparation der abgestorbenen Embryonen unerlässliches Stereomikroskop angeschafft werden. Von 2013 bis 2014 arbeitete Frau Anna Steinhoff im Rahmen ihrer Bachelorarbeit „Untersuchungen zur Kurzbeinigkeit bei verschiedenen Hühnerrassen (*Gallus gallus domesticus*)“ mit den Rassen Chabo und Krüper am Thema der Kurzbeinigkeit. Diese Bachelorarbeit wurde durch den Wissenschaftlichen Geflügelhof des BDRG betreut und mit den dort untergebrachten Tieren durchgeführt. Da eine Bachelorarbeit jedoch nur einen Zeithorizont von drei Monaten umfasst, konnte das Thema nur angerissen werden. In ihrer Kürze zeigte die Arbeit jedoch einige interessante Ergebnisse, die neue Fragen aufwarfen. So schlüpften bei der Rasse Krüper aus einer Testkreuzung von Nichtmerkmalsträgern untereinander auch Merkmalsträger. Aus einer Verpaarung von langbeinigen Tieren resultierten also kurzbeinige Nachkommen (siehe Abbildung 10), was ist laut Literatur nicht möglich sein kann.

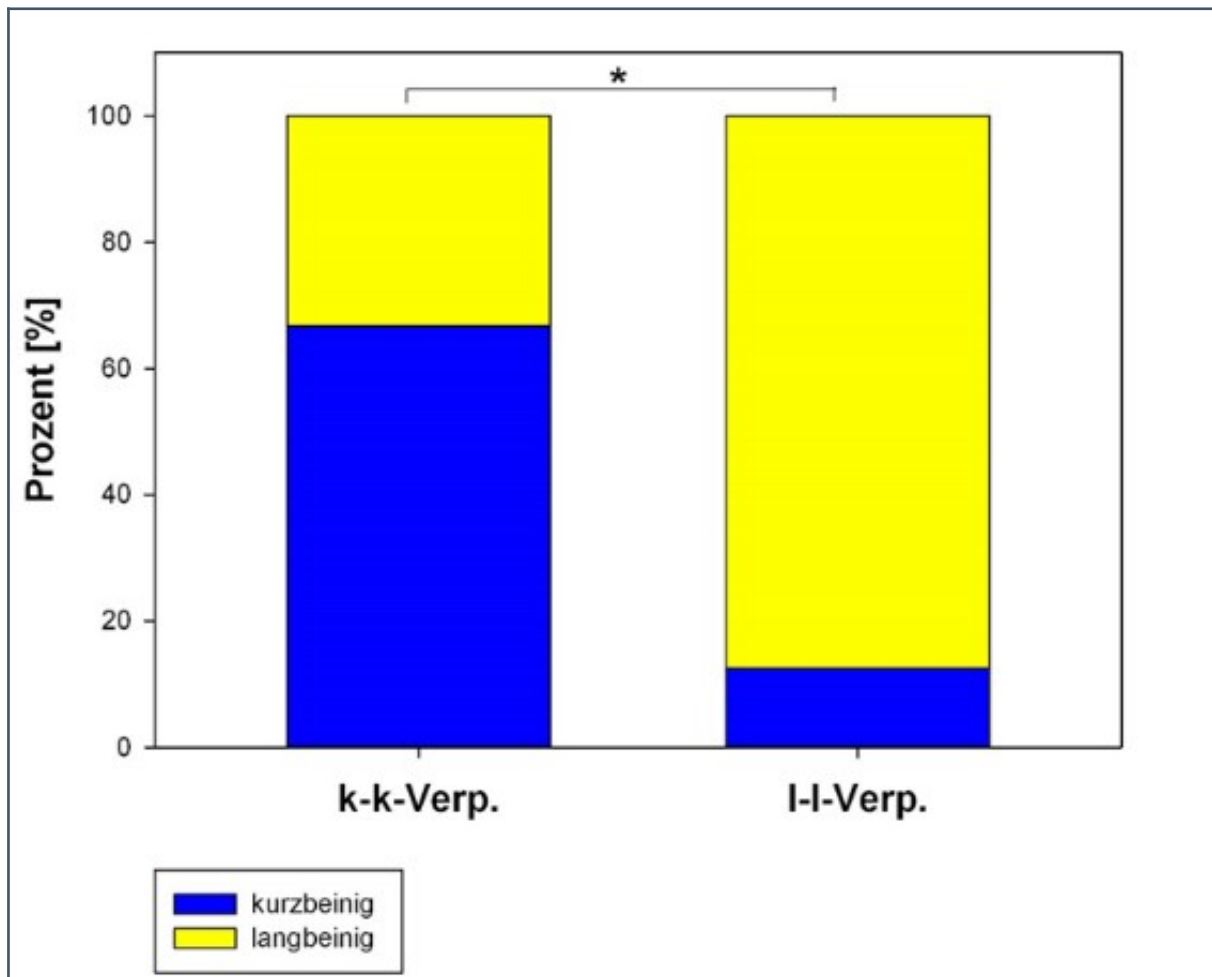


Abbildung 10: Schlupfergebnisse zweier Testverpaarungen bei der Rasse Krüper unter Berücksichtigung des Rassemerkmals der Kurzbeinigkeit. k-k steht für eine Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander; l-l für eine Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern. Die Ergebnisse sind prozentual auf 100 % normiert angegeben.

Eine reine Verpaarung von Merkmalsträgern bei der Rasse Chabo gibt weitere Rätsel auf. Hier besagt die Literatur, dass 50 % der Embryonen Merkmalsträger und 25 % Nichtmerkmalsträger sind. Die übrigen 25 % sollen aufgrund des Letalfaktors bereits während der Bebrütung versterben. Bezogen auf die tatsächlich geschlüpften Küken bedeutet dies, dass ca. 67 % der lebenden Nachkommen Merkmals- und ca. 33 % Nichtmerkmalsträger sind. Jedoch wurden in unserer Testverpaarung jeweils 50 % Merkmals- und 50 % Nichtmerkmalsträger erbrütet, was von den Werten in der Literatur abweicht (siehe Abbildung 11).

Zusätzlich zeigten sich in der Chabo-Zuchtgruppe, in der nur Merkmalsträger miteinander verpaart wurden, weitere interessante Ergebnisse. Laut Landauer (1942) unterscheiden sich die Chabo von den Krüpern dahingehend, dass zumindest bei einem großen Teil der Zuchttiere deren Nachkommen vorwiegend in der zweiten Letalkrise absterben. Dies konnte von Frau Steinhoff nicht belegt werden. Hier erfolgten alle Absterbe-Ereignisse (10 %) in der ersten Hälfte der Bebrütungszeit, in der zweiten Letalkrise starb kein einziges Tier ab, was auf einen partiell anderem

genetischen Hintergrund hindeutet. Die Ergebnisse sind auch insofern bemerkenswert, da die generelle Mortalitätsrate hinter den Erwartungen der Literatur in Höhe von 25 % geblieben ist.

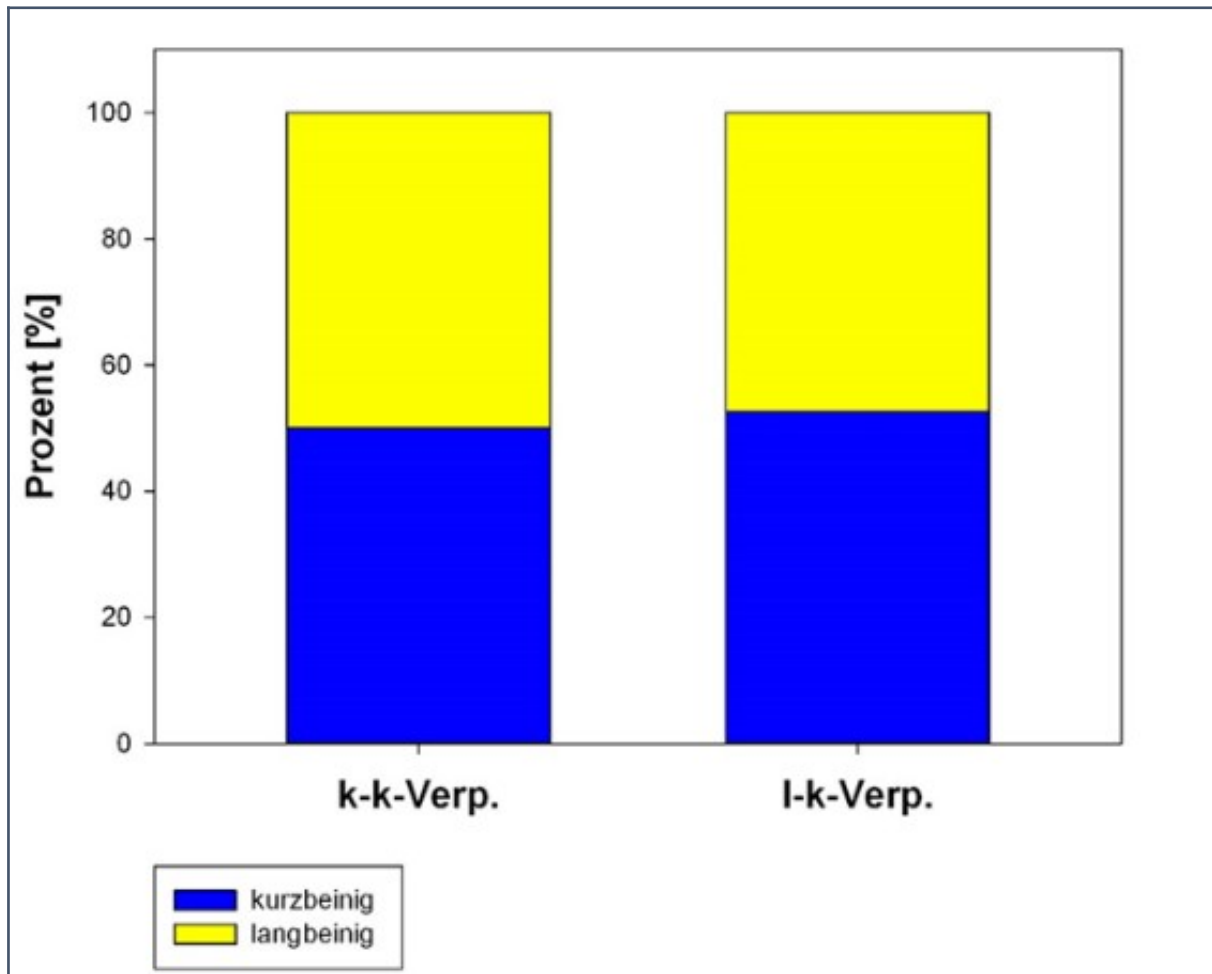


Abbildung 11: Schlupfergebnisse zweier Testverpaarungen bei der Rasse Chabo unter Berücksichtigung des Rassemerkmals der Kurzbeinigkeit. k-k steht für eine Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander; l-k für eine Verpaarung zwischen Nichtmerkmalsträgern mit Merkmalsträgern. Die Ergebnisse sind prozentual auf 100 % normiert angegeben.

Diese Ergebnisse machen deutlich, dass in Bezug auf die Vererbung der Kurzbeinigkeit bei Hühnern noch ein deutlicher Forschungsbedarf besteht, um einen tierschutzgerechten Umgang mit diesen Hühnerrassen zu gewährleisten.

2.5 Tierschutz

In Deutschland regelt das Tierschutzgesetz (TierSchG) den Umgang mit Tieren und ist zu dem Zweck erlassen worden, „aus der Verantwortung des Menschen für das Tier als Mitgeschöpf dessen Leben und Wohlbefinden zu schützen“ (§ 1 Satz 1). Der Grundsatz des Tierschutzgesetzes lautet: „Niemand darf einem Tier ohne vernünftigen Grund Schmerzen, Leiden oder Schaden zufügen“ (§ 1 Satz 2).

Das erste deutsche Tierschutzgesetz wurde am 24.11.1933 verabschiedet. Ab sofort wurde bestraft, wer *„ein Tier quält, wer ihm länger dauernde oder sich wiederholende erhebliche Schmerzen oder Leiden verursacht“*. Am 24. Juli 1972 wurde ein neues Tierschutzgesetz verkündet. *„Niemand darf einem Tier ohne vernünftigen Grund Schmerzen, Leiden oder Schaden zufügen“*, lautet sein erster Paragraph. Am 17. Mai 2002 wurde der Tierschutz im Grundgesetz verankert.

Das Tierschutzgesetz beruht heute verfassungsrechtlich auf dem Staatsziel des Tierschutzes nach Artikel 20a des Grundgesetzes für die Bundesrepublik Deutschland. Es umfasst die wesentlichen Vorschriften zur Tierhaltung, zur Tötung von Tieren (Schlachtung), Eingriffe und Versuche an Tieren sowie zahlreiche Regelungen zur Zucht und zum Handel mit Tieren. Das Gesetz ist vor allem verwaltungsrechtlich gestaltet, sodass es die Tierhaltung von Nutztieren teilweise unter Erlaubnisvorbehalt stellt.

2.5.1 Haustiere und Tierschutz

Auch im Haustierbereich in Bezug auf das Halten und Züchten von Haustieren hat das Tierschutzgesetz immer mehr an Bedeutung gewonnen. Hier ist besonders der § 11 b des Tierschutzgesetzes in der Fassung der Bekanntmachung vom 25. Mai 1998 von Interesse (BGBl. 1. S. 1105, 1818). So heißt es hier: *„...ist es verboten Wirbeltiere zu züchten oder durch bio- oder gentechnische Maßnahmen zu verändern, wenn damit gerechnet werden muss, dass bei der Nachzucht, den bio- oder gentechnisch veränderten Tieren selbst oder deren Nachkommen erblich bedingt Körperteile oder Organe für den artgemäßen Gebrauch fehlen oder untauglich oder umgestaltet sind und dadurch Schmerzen, Leiden oder Schäden auftreten.“*

Im Jahr 2002 hat die Sachverständigengruppe Tierschutz und Heimtierzucht das Gutachten zur Auslegung von Paragraph 11b des Tierschutzgesetzes formuliert. Hierin diskutiert die Sachverständigengruppe Tierschutz und Heimtierzucht das Verbot von sogenannten Qualzüchtungen. Das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft schreibt (26.10.2005): *„Das Gutachten soll insbesondere allen Züchtern von Heimtieren helfen, ihrer Verantwortung gerecht zu werden und die Vorschriften des Tierschutzgesetzes, welche die Züchtung betreffen, in vollem Umfang zu beachten. Ziel ist das vitale, gesunde, schmerz- und leidensfreie Tier.“*

2.5.2 Kurzbeinigkeit bei Hühnern und Tierschutz

Im Gutachten zur Auslegung von Paragraph 11b des Tierschutzgesetzes empfiehlt die Sachverständigengruppe Tierschutz und Heimtierzucht ganz klar das Verbot einer Verpaarung von Tieren „*die in beiden Geschlechtern den „Krüper-Faktor“ besitzen.*“ Dies soll einem Absterben von Nachkommen in der zweiten Bebrütungshälfte vorbeugen. Stattdessen sollen immer ein Merkmalsträger (kurzbeiniges Tier) mit einem Nichtmerkmalsträger (langbeiniges Tier) verpaart werden. Unberücksichtigt bleibt hierbei, dass laut Landauer & Dunn (1930) auch die Verpaarung von einem Nichtmerkmalsträger mit einem Merkmalsträger zu einer moderaten Erhöhung der Absterberate führen soll, also eine leichte Semiletalität der Heterozygoten vorliegt.

2.6 Fragestellung

Im Zuge der Domestikation sind aus der Stammform eine Vielzahl von verschiedenen Hühnerrassen hervorgegangen, die sich teils morphologisch, teils ethologisch stark voneinander unterscheiden. Eine besonders auffällige morphologische Besonderheit bei einigen wenigen Hühnerrassen ist die Kurzbeinigkeit. Dies betrifft in Deutschland vor allem die Rassen Krüper, Zwerg-Krüper und Chabo. Dabei gibt es nicht nur Tiere mit verkürzten Läufen, sondern auch solche mit einer „normalen“ Beinlänge. Nach aktuellem Stand der Forschung stirbt bei einer Verpaarung von Merkmalsträgern (kurzbeinige Tiere) untereinander ein Viertel der Embryonen noch im Ei ab. Geschieht dies in der zweiten Hälfte der Bebrütung, stellt das einen Konflikt mit dem Tierschutzgesetz dar. Eine Untersuchung des Themas im Rahmen einer Bachelorarbeit im Jahr 2014 am Wissenschaftlichen Geflügelhof des BDRG warf in Bezug auf das Auftreten und die Häufigkeit der bei den verschiedenen Verpaarungen zu erwartenden Phänotypen als auch die Absterberaten bzw. -zeitpunkte Fragen auf, die eine weitere Bearbeitung des Themenkomplexes erforderten.

Im Rahmen der vorliegenden Studie sollten umfangreichen Daten erhoben und ausgewertet werden. Hierfür waren die folgenden Fragestellungen von besonderer Bedeutung:

- a Lassen sich die in der Literatur beschriebenen Ergebnisse reproduzieren?
- b Finden sich Unterschiede zwischen den untersuchten Rassen?
- c Wenn Embryonen im Ei absterben, zu welchem Zeitpunkt geschieht dies?

3 Methodik

Der Zeitraum, in dem die vorliegende Studie durchgeführt wurde, umfasst die Jahre 2011 bis 2022. Dabei waren die zwei Projektjahre vom Mai 2016 bis April 2018 die umfangreichsten, da zu diesem Zeitpunkt eine Drittmittelförderung durch JUWIRA, dem Verein zur Förderung junger Wissenschaftler/-innen in der Rassegeflügel-Forschung e. V., bestand. Diese ermöglichte es, eine halbe Wissenschaftler*innen-Stelle einzurichten und die Arbeit am Projekt zu intensivieren. Die durchgeführten Experimente und die dabei verwendeten Hühnerrassen werden im Folgenden dargestellt.

3.1 Tiere

Im Rahmen der Untersuchung wurden fünf Haushuhnrasen – die Krüper, Zwerg-Krüper, Chabo, Deutschen Zwerghühner und Deutschen Reichshühner – näher betrachtet. Dabei wurden sowohl männliche als auch weibliche erwachsene Tiere und wenige Wochen alte Küken untersucht. Die Rassen Krüper, Zwerg-Krüper und Chabo wurden gewählt, da sie durch das zu untersuchende Merkmal einer Verkürzung der Läufe gekennzeichnet sind; die Deutschen Zwerghühner und Deutschen Reichshühner dienten als Vergleichsrassen. Im Rahmen der Untersuchungen wurden verschieden kombinierte Testverpaarungen von Merkmalsträgern (kurzbeinige Tiere) und nicht Merkmalsträgern (normal-/ langbeinige Tiere) vorgenommen.

Durch einen Fußring (Horst Stengel & Sohn e. K., Schmalkalden, Deutschland) wurde jedes Tier individuell gekennzeichnet. Die frisch geschlüpften Küken wurden zunächst mit Flügelmarken (Ketchum Manufacturing, New York, USA) gekennzeichnet, da sie noch zu klein für Fußringe waren bzw. diese zu Fehlzuordnungen führen konnten, da sie häufig abfielen. Zum Teil wurden die Küken sowohl mit Flügelmarken (Einzeltiernachweis) als auch mit Fußringen als Nachweis der Gruppenzugehörigkeit gekennzeichnet. Alle Tiere wurden am Wissenschaftlichen Geflügelhof des BDRG gehalten. Die Ausgangstiere für die Untersuchung waren Elterntiere, die von verschiedenen Züchtern aus ganz Deutschland zur Verfügung gestellt wurden. Über den Experimentalzeitraum wurden auch eigene Nachzuchten eingesetzt.

3.1.1 Haltung

Alle Experimentaltiere waren am Wissenschaftlichen Geflügelhof des BDRG, dem Bruno-Dürigen-Institut in Rommerskirchen, Rhein-Kreis Neuss, untergebracht. Dort fanden auch die Beobachtungen statt. Die Tiere wurden in Gruppen gehalten, wobei sich die Gruppenzusammensetzung an der jeweiligen Fragestellung orientierte.

Allen Tieren stand ein Stall mit angrenzendem Grünauslauf oder überdachter Voliere zur Verfügung. Über eine Hühnerklappe konnten die Hühner den Auslauf betreten. Die Ställe waren mit großen Fenstern ausgestattet, sodass den Tieren genügend Tageslicht zur Verfügung stand und auf den Einsatz von künstlichem Licht verzichtet werden konnte. Die Größe der Ställe betrug ca. 6 m², die überdachten Volieren maßen im Mittel 8 m² und die Grünausläufe variierten je nach Gehege und Besatzdichte zwischen 110 und 140 m². In den Ställen fanden die Tiere Sitzstangen mit darunterliegenden Kotbrettern, Legenestern, Futter (Deutsche Tiernahrung Cremer, Düsseldorf), Wasser und Grit (Klaus Gritsteinwerke GmbH & Co. KG, Bünde). Die Ställe wurden wochentags täglich gereinigt.



Abbildung 12: Frisch geschlüpfte Küken in einer beheizten Aufzuchtbox. Die Küken sind völlig entspannt und ruhen sich vom anstrengenden Schlupf aus.

Die Küken wurden in den ersten 7 Lebenstagen in beheizten Aufzuchtboxen untergebracht. Anschließend wurden Sie in über Wärmelampen und Wärmeplatten beheizte Ställe gesetzt. Nach einigen Tagen bekamen sie auch Zugang zu einer überdachten Außenvoliere. Sobald sie groß genug waren, wurden sie wie die Elterntiere in Ställe mit angrenzendem Grünauslauf gesetzt.



Abbildung 13: Aufzuchtstall mit Küken am Wissenschaftlichen Geflügelhof des BDRG

3.1.2 Rassebeschreibungen

3.1.2.1 Krüper



Abbildung 14: Gruppe von Krüpern (1,4) mit verschiedenen Beinlängen.

Der aus dem plattdeutschen stammende Begriff „Krüper“, bedeutet Kriecher (vgl. englisch „Creeper“), und beschreibt allgemein kurzbeinige Hühner, die auch als „Dachshühner“ oder „Erdhennle“ bezeichnet wurden. Kurzbeinige Hühner sind in Europa bereits seit dem 16. Jahrhundert bekannt und kamen in verschiedenen Ländern in Form unterschiedlicher Landschläge vor. So kannte man in Frankreich die Courtes Pattes, in England die Scots Dumpies, in Dänemark die Luttehühner und in Deutschland die Westfälischen Krüper, aus denen dann die Bergischen Krüper hervorgingen (Six & Höck, 2023). Während die Westfälischen und Bergischen Krüper 1916 als „Krüper“ zusammengefasst wurden, die Scots Dumpy in Form einer kleinen Population in Kenia überlebten (Wandelt & Wolters, 1996) und auch die Luttehühner heute noch gezüchtet werden, sind die französischen Courtes pattes ausgestorben und wurden später mithilfe Deutscher Krüper phänotypisch wieder „rekonstruiert“.

Wann und wie das Merkmal der Kurzbeinigkeit nach Europa kam und ob alle diese Rassen es von einem gemeinsamen Vorfahren erhalten haben, ist unklar. Denkbar ist ein einmaliger Import mit nachfolgender Ausbreitung und Übertragung in jeweilige

lokale Haushuhn-Populationen. Nicht ausgeschlossen sind jedoch auch mehrmalige Importe oder das mehrfache unabhängige Auftreten vergleichbarer Mutationen. Möglicherweise handelt es sich bei der Kurzbeinigkeit auch um ein sehr altes Merkmal, das bereits mit der Erstausbreitung des Haushuhns nach Europa gelangte.

Krüper gehören zu den ältesten beschriebenen Landhuhnrasen Mitteleuropas, deren aktuelle Population sich mindestens bis zur ersten Hälfte des 19. Jahrhunderts zurückverfolgen lässt (Six & Höck, 2023). Erstmals beschrieben wurden kurzbeinige Hühner bereits 300 Jahre früher durch den Schweizer Naturforscher Conrad Gessner, wobei unklar ist, in welchem Umfang diese Tiere in Zusammenhang mit der heutigen Zuchtform stehen.

Deren Basis bildeten kurzbeinige westfälische Landhühner, die in den 1840er Jahren erstmals beschrieben wurden. Dabei handelte es sich um eher kleine, sehr niedrig gestellte Tiere mit weiß-roten Ohrscheiben, die in verschiedenen Farben wie z. B. schwarz, schwarz-weißgescheckt oder „gelbgerieselt“ (vermutlich eine Form der Sprenkelung) vorkamen (Wieking 1985). Sie bildeten die Grundlage der später als „Westfälische Krüper“ bekannten Zuchtform.

Solche Hühner wurden dann in der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts ins benachbarte Bergische Land verbracht, wo es durch Mischung mit Bergischen Landhuhnschlägen und den seinerzeit sehr populären Minorka zur Entwicklung der größeren und kräftigeren Bergischen Krüper kam. Diese hatten stärker entwickelte Kämme und Kehllappen und wurden vorwiegend in schwarz gezüchtet.

Da zunächst nur die Westfälischen Krüper als Schaurasse anerkannt wurden, kam es bei der Bewertung häufig zu Missverständnissen. Daher entschloss man sich 1916, beide Varianten als „Krüper“ zusammenzufassen und einen Typ zu schaffen, der Merkmale beider Zuchtformen vereint (Schwarz & Six, 2004).

Von zunächst mehreren Farbvarianten konnten nur die Schwarzen kontinuierlich erhalten werden. Fotos aus den 1950er Jahren belegen, dass sie sich seitdem äußerlich kaum verändert haben. Die Weißen erschienen nach zwischenzeitlichem Verschwinden erneut nach dem zweiten Weltkrieg, starben aber wohl in den 1960er Jahren komplett aus. Sie wurden gut 10 Jahre später unter Zuhilfenahme weißer Leghorn und weißer Ramelsloher wieder neu erzüchtet. Ebenfalls in den 1970er Jahren rekonstruiert wurden die Gesperberten (aus schwarzen Krüpern und Deutschen Sperbern) sowie die Gedobbelten in Schwarz-Gelb und Schwarz-Weiß, zu deren Erzüchtung Bergische Kräher und schwarz-weißgedobbelte Bergische

Schlotterkämme hinzugenommen wurden. In den 1990er Jahren entstanden letztlich die Rebhuhnshalsigen, die aus schwarzen Krüpern, rehuhnshalsigen Luttehühnern und rebhuhnshalsigen Rheinländern hervorgegangen sind.

In der Neighbor-Joining-Analyse des Synbreed-Projekts (Malomane et al., 2019) bilden die schwarzen Krüper die Schwesterrasse der schwarzen Bergischen Schlotterkämme, mit denen über die regelmäßig anfallenden langbeinigen Tiere ein kontinuierlicher Zuchttieraustausch bestand bzw. Immer noch besteht, während die Gesperberten die Nächstverwandten der Deutschen Sperber sind. Beide Gruppen bilden einen gemeinsamen Zweig innerhalb der westeuropäischen Rassen, dem basal auch die Minorka und Kastilianer angehören, was den Einfluss ersterer auf alle diese Rassen belegt. Die Weißen zeigen in Einklang mit ihrer Entstehungsgeschichte einen starken Bezug zu den weißen Leghorn.

Die im Rahmen dieses Projekts weiterhin durchgeführte Admixture-Analyse bescheinigt den schwarzen Krüpern (ebenso wie den schwarzen Bergischen Schlotterkämmen) einen westeuropäischen Anteil von ca. 90 %. Sie liegen damit fast gleichauf mit den schwarzen Rheinländern und repräsentieren wie diese den Prototyp des mitteleuropäischen Landhuhnes, auch wenn sicher ein Teil dieser Komponente auf den direkten Einfluss der Rheinländer zurückzuführen ist, die ebenso wie die Minorka, in jüngerer Zeit zur Auffrischung dienten.

Früher hatte die Rasse lokal eine vergleichsweise große Beliebtheit, die aus den guten Nutzeigenschaften und ihrer Abnormität durch die kurzen Läufe resultierte. So sollen die Krüper keinen großen Schaden durch das Scharren anrichten und dennoch eine gute Fleisch- und Eierleistung mit großen weißschaligen Eiern erbringen. Die Legeleistung der Krüper hängt stark vom jeweiligen Farbenschatz und der Zuchtlinie ab. Nach den Aufzeichnungen des Zuchtbuches des BDRG legen die Schwarzen, Weißen und Gesperberten zwischen 90 und 180 weiße, mindestens 55 g schwere Eier pro Jahr, die Rebhuhnshalsigen erbringen sogar Leistungen von 190 bis 200 Eiern, sicher auch ein Erbe der rebhuhnshalsigen Rheinländer (Six & Höck, 2023).

Krüper sind leichte bis mittelschwere, widerstandsfähige Hühner, die an ein raues Klima gewöhnt sind. In der Aufzucht zeigen sie sich schnellwachsend, sofern das Wetter nicht zu nass ist, denn durch die Kurzbeinigkeit durchnässen sie schnell am Bauch, was Erkältungen zur Folge haben kann. Als europäische Landhühner besitzen einen gestreckten, waagerechten Körper im Bankivatyp, tragen einen Einfachkamm, haben weiße Ohrscheiben, je nach Farbenschatz schieferblaue bis

fleischfarbige Läufe und zeigen ein volles und langes Gefieder. Das charakteristische Merkmal, das sie von vergleichbaren Landhühnern unterscheidet, sind die kurzen Läufe. Seit 2024 sind auch die regelmäßig anfallenden langbeinigen Tiere im Schauwesen zugelassen.



Abbildung 15: Krüperhennen. Die weiße Henne wird als kurzbeinig, die schwarze Henne als langbeinig kategorisiert.

3.1.2.2 Zwerg-Krüper



Abbildung 16: Eine Gruppe Zwerg-Krüper (1,9) aus verschiedenen, zum Teil im BDRG nicht anerkannten Farbschlägen.

Wenngleich es schon früher Zwerg-Krüper gegeben hat, ist die heute gezüchtete Form eine Neuschöpfung der letzten Jahrzehnte. So schreibt Dürigen 1921 in dem Buch „Die Geflügelzucht“, dass die Zwerg-Krüper oder Zwerg-Dachshühner ein possierliches, jedoch bereits ausgestorbenes Miniaturbild der Krüper gewesen seien. Ende der achtziger Jahre des 20. Jahrhunderts begann eine erneute Erzüchtung, an der maßgeblich die Großrasse und weiße Deutsche Zwerghühner beteiligt waren (Wandelt & Wolters 1998). Daneben wurden noch Zwerg-Italiener, niederländische Zwerg-Drentehühner, Zwerg-Luttehühner, Zwerg-Rheinländer, Zwerg-Andalusier und Zwerg-Minorka zur Erzüchtung der jeweiligen Farbvarianten hinzugenommen, wobei unklar ist, ob und in welchem Umfang deren Input in der heutigen Population noch vorhanden ist. Es gelang, die Weißen und die aus ihnen angefallenen Silberhalsigen zur Anerkennung zu bringen, andere Farbvarianten, wie z. B. die Schwarzen, werden jedoch weiterhin gezüchtet. Wie die großen Vertreter zeigen sie einen waagerechten, gestreckten Körper im Bankivatyp mit vollem und langem Gefieder. Ein kleiner Einfachkamm zierte den mittelgroßen Kopf, die Ohrscheiben sind weiß, die Läufe je nach Farbschlag schieferblau bis bläulich weiß. Rassetypisch sind auch hier die

kurzen Läufe, wobei ebenso wie bei der Großrasse seit 2024 auch langbeinige Tiere ausgestellt werden dürfen. Das lebhafte Landzwerghuhn ist relativ zutraulich im Wesen und erbringt eine Leistung von etwa 120 weißschaligen Eiern im Jahr mit einem Bruteimindestgewicht von 35 g. Der Bruttrieb ist stärker ausgebildet als bei der Großform.

3.1.2.3 Chabo



Abbildung 17: Ein Hahn der Rasse Chabo aus dem Projekt.

Die Chabo sind eine Rasse japanischen Ursprungs und seit Jahrhunderten auf Gemälden nachweisbar. Sie stellen einen einzigartigen Typus unter den Hühnerassen und eine Jahrhunderte alte Züchtungskunst der Japaner dar. Die Entstehung der Chabo wird in die Zeit der Edo-Epoche (1603-1868) datiert, in der Japan weitgehend von der Außenwelt abgeschlossen war und lediglich limitierte Handelskontakte zu China und den Niederlanden bestanden. In deren Kontext sollen niederländische Handelsschiffe um 1650 Zwerghühner aus den Hafenstädten Indochinas mitgebracht haben, deren Name sich vom ehemaligen Königreich „Champa“ im heutigen Südvietnam ableitet und die in Japan zu den heutigen Chabo geformt wurden (Six & Höck, 2022).

Bestätigt wird diese Version durch die Ergebnisse der Admixture-Analyse im Synbreed-Projekt (Malomane et al., 2019), die den Chabo neben der mit gut 70 % dominierenden japanischen Komponente auch signifikante südostasiatische und chinesische Anteile im Umfang von etwa 20 % bzw. 10 % als augenscheinliches Erbe dieser Zwerghühner bescheinigt. Sicher nachweisbar werden sie in einer japanischen Beschreibung aus dem Jahr 1692 (Wandelt & Wolters 1998).

Erstmals kamen Chabo 1860 aus Japan über England, wo sie bereits 1850 eingeführt wurden, nach Deutschland. Zunächst auch als Japanische Zwerghühner oder Japanhuhn bezeichnet, wurden zuerst Tiere im Farbenschlager weiß mit schwarzem Schwanz eingeführt. Schnell erfuhr diese japanische Rasse wachsende Beliebtheit, sodass weitere Farbenschläger eingeführt oder später herausgezüchtet wurden. Mittlerweile sind es 23, welche im Schauwesen auch in seidenfiedrig und gelockt zugelassen sind.

Diese Beliebtheit der Rasse lässt sich vermutlich auf ihr Wesen und ihr Äußeres zurückführen. Rassetypisch ist der kleine, gedrungene und tiefgestellte Körper mit steil getragenen Schwanz, die großen Kopfpunkte und die kurzen gelben Läufen, wobei auch bei ihnen seit 2024 langbeinige Tiere im Schauwesen zugelassen sind. Ihre Brutfreudigkeit haben sie seit ihrer Einfuhr 1860 nicht verloren und auch ihre Zutraulichkeit gegenüber dem Menschen macht den Reiz dieser Rasse aus. Da sie zu den kleinsten Hühnerrassen gehören, ist ihr Platzbedarf geringer als bei den meisten anderen Zwerghühnern. Die Hennen legen nach den Angaben des Zuchtbuches des BDRG jährlich zwischen 70 und 100 beige- bis cremefarbene Eier pro Jahr mit einem Bruteindestgewicht von 28 g.

3.1.2.4 Deutsche Zwerghühner



Abbildung 18: Eine Gruppe Deutscher Zwerghühner (1,5) in verschiedenen Farbschlägen.

Deutsche Zwerghühner sind zwischen 1913 bis 1917 aus silber- und goldhalsigen Landzwerghühnern, Phönix, Bantam und Altenglischen Zwergkämpfern entstanden (Blancke, 1925), wobei es sich bei den Phönix nach Schwarz (2002) um Kreuzungen mit Bankivahühnern handelte. Bestätigt wird dies durch molekulargenetische Untersuchungen (Malomane et al. 2019), die in der Admixture-Analyse neben den von den Landzwerghühnern und Altenglischen Zwergkämpfern stammenden europäischen Komponenten auch japanische und südostasiatische Genanteile erkennen ließen, die deutlich auf die Beteiligung von Phönix und Bankivahühnern hinweisen. Weiterhin konnte eine für verschiedene europäischen Urzwerghühner typische Komponente („Sebright-Cluster“) sichtbar gemacht werden, die zusätzlich den Input der Bantam belegt. Die ältesten Farbvarianten sind Gold- u. Silberhalsig sowie Wildfarbig, Orangehalsig fielen kurze Zeit später an. In der Folge entstanden zahlreiche weitere Farbschläge.

Die Deutschen Zwerghühner sind somit die einzige heimische Zwerghuhnrasse, die maßgeblich auf die früher weit verbreiteten, seit Jahrhunderten bekannten und

überwiegend in den Wildfarben-Varianten vorkommenden west- und mitteleuropäischen Landzwerghühner zurückgehen (Six & Höck, 2022).

Sie zeigen eine edle Landhuhnform mit walzenförmigen Körper, schlanker Linienführung und enganliegenden Flügeln. Die Hähne haben einen reich besichelten, leicht angehobenen Schwanz. Die Hennen gleichen den Hähnen bis auf die geschlechtsbedingten Unterschiede. Deutsche Zwerghühner tragen einen kleinen Einfachkamm, haben weiße Ohrscheiben und graublaue Läufe.

Die Rasse zeichnet sich durch ihr lebhaftes und gewandtes Wesen aus. Die Tiere sind frohwüchsig und gute Futtersucher. Sie ziehen meist ihre schnellwachsenden Küken problemlos auf und legen konstant über alle Farbschläge hinweg 70 bis 100 weiße bis cremefarbige Eier pro Jahr mit einem Gewicht von mindestens 30 g. Sie sind etwas größer als Bantam oder Sebright und stehen diesbezüglich zwischen diesen und verzwerger Landhuhnrasen.

3.1.2.5 Deutsche Reichshühner



Abbildung 19: Eine Gruppe Deutscher Reichshühner (1,3) in verschiedenen Farbschlägen.

Die Idee zur Erzüchtung der Deutschen Reichshühner entstand bei Karl Cremat, dem Verleger der Zeitschrift „Nutzgeflügelzucht“ bereits 1895. Ziel war es, ein das

Deutsche Reich repräsentierendes Huhn zu erzüchten, dass sowohl gute Lege- als auch Masteigenschaften besitzt. Neben der Wirtschaftlichkeit wurden ein Rosenkamm und fleischfarbene Läufe gewünscht. Wenige Jahre später wurde die Idee Wirklichkeit, indem bis 1907 die Weißen aus jeweils weißen rosenkämmigen Orpington, Wyandotten, rosenkämmigen Minorka, La Fleche und möglicherweise auch Dorking sowie die Weiß-Schwarzcolumbia aus weißen rosenkämmigen Orpington, hellen Wyandotten, Minorka, Sundheimern und z. T. hellen Brahma entstanden. Ab 1908 wurden die Gestreiften aus weißen Mechelnern, gestreiften Plymouth Rocks, Dominikanern und möglicherweise Grauen Schotten erzüchtet, denen die Roten, entstanden von 1909 bis 1926 aus weißen Deutschen Reichshühnern, Rhodeländern und jeweils gelben Orpington und rosenkämmigen Italienern folgten. Später kamen noch die Farbenschläge Schwarz, Gelb-Schwarzcolumbia, Birkenfarbig, Silber-Schwarzgesäumt und Gold-Schwarzgesäumt hinzu.

Deutsche Reichshühner sind elegante, kräftige, gut mittelschwere Hühner mit mittelhohem Stand, einer abgerundeten Rechteckform und waagerechter, stolzer Haltung. Rassetypisch sind die fleischfarbenen Läufe und der fein geperlte Rosenkamm. Hahn und Henne gleichen sich in ihren Rassemerkmalen bis auf geschlechtsbedingten Unterschiede.

Die Tiere sind gute Futtersucher und weisen ein ruhiges Temperament auf. Dieses frühreife, wetterfeste und leistungsstarke Zwiehuhn legt nach den Angaben im BDRG-Zuchtbuch zwischen 110 und 160 rahmgelbe, mindestens 55 g schwere Eier im Jahr, wobei sich besonders die Weißen als gute Leger hervortun. Bestätigt wurden diese Werte in der Legeleistungserfassung 2018/2019 am Wissenschaftlichen Geflügelhof, wo im Mittel 139 Eiern in der ersten Legeperiode ermittelt wurden.

3.2 Zuchtmanagement

Die Zuchtgruppen wurden je nach Fragestellung entsprechend zusammengestellt.

Für die Verpaarungen wurden folgende Konstellationen vorgesehen:

1. ♂ Merkmalsträger x ♀ Merkmalsträger
2. ♂ Merkmalsträger x ♀ Nichtmerkmalsträger
3. ♂ Nichtmerkmalsträger x ♀ Merkmalsträger
4. ♂ Nichtmerkmalsträger x ♀ Nichtmerkmalsträger

Dabei wurde pro Gruppe nur ein Hahn eingesetzt, um eine genaue Nachverfolgung der Abstammung sicherzustellen. Um die Henne den jeweiligen Küken exakt zuordnen zu können, wurde mit Fallnestern gearbeitet. Ein Fallnest ist so konzipiert, dass sich eine Klappe am Nest schließt, sobald eine Henne das Nest betritt. Die Henne kann nun nicht mehr selbstständig das Nest verlassen. Um das Nest zu verlassen, muss es von einem Menschen geöffnet werden. Dabei kann die entsprechende Henne gefangen werden, die Ringnummer erfasst und mit Bleistift auf das gelegte Ei geschrieben werden. So ist eine Nachverfolgung der Mutter zu dem entsprechenden Ei und später dem entsprechenden Küken gegeben. Die Bruteier wurden täglich in einem Rhythmus von etwa zwei Stunden eingesammelt und in der klimatisierten Eierkammer im Bruno-Dürigen-Institut aufbewahrt. Jeden Montag um 20 Uhr wurden die Eier in die Brutmaschinen eingelegt. Ein erstes Schieren fand nach 10,5 Tagen, freitags morgens um 8 Uhr statt. Ein zweites Schieren bei der Umlage am 18. Tag.

3.2.1 Tierzahlen

Im Rahmen der Untersuchung wurde mit Elterntieren und Jungtieren der in das Projekt einbezogenen Rassen gearbeitet. Die folgende Tabelle gibt einen Überblick über die Anzahl der jeweiligen Individuen:

Tabelle 1: Anzahl der in die Untersuchung eingeflossenen Elterntiere und Nachkommen.

Altersgruppe	Krüper	Zwerg-Krüper	Chabo	Deutsches Zwerghuhn	Deutsches Reichshuhn
Alttiere	34	15	38	8	11
Geschlüpfte Küken	427	270	501	44	224
Vermessene Jungtiere	395	250	471	44	201

3.3 Experimentelles Prozedere

Bei dem experimentellen Prozedere wurde darauf geachtet, dass für die Tiere kein zusätzlicher Stress entsteht. Die Tiere wurden im Rahmen der normalen Tierkontrolle vermessen. Alle weiteren Abläufe gehörten zu den alltäglichen Routinen und stellten somit keine zusätzliche Belastung für die Tiere dar.

3.3.1 Materialien

Für die Durchführung der Untersuchung wurden Ringe und Flügelmarken zur individuellen Kennzeichnung, Fallnester, ein Taschenmessschieber und eine Waage

benötigt. Da es für Zwerghühner zum Zeitpunkt der Untersuchung keine funktionsfähigen Fallnester gab, wurden diese selbst, nach dem Vorbild der Fallnester für Großrassen, gebaut.

3.3.2 Vermessung der Tiere

Alle Elterntiere sowie alle geschlüpften Küken wurden vermessen. Hierbei wurden folgende Daten erhoben:

Länge des Laufs (Tarsometatarsus), Breite (medial-lateral) und Dicke (tibial-fibular) des Laufs, Länge eines Flügelknochens (Os metacarpale) sowie das Gewicht des Tieres.

Die Elterntiere wurden kurz vor dem Einsatz zur Zucht vermessen, die Küken einen Tag nach dem Schlupf und dann ein weiteres Mal nach einer Woche. Hierfür wurde der digitale Taschenmessschieber eingesetzt.

3.4 Erhebung der Tarsometatarsus-Längen der Elterntiere und Küken

Die gezielte Zusammenstellung der Zuchtstämme bei den Rassen Krüper, Zwerg-Krüper und Chabo in die Verpaarungsgruppen „kurz/kurz“, „kurz/lang“, „lang/kurz“ und „lang/lang“ sowie die Zuordnung der Küken in die aufgrund des angenommenen Vererbungsmodus zu erwartenden Phänotypen „kurzbeinig“ und „langbeinig“ erfordert die Kenntnis der Tarsometatarsus-Längen (Längen des Fußknochens) der für die Untersuchung genutzten Elterntiere und Küken. Diese Differenzierung erfolgte bei den Elterntieren jeweils für die einzelnen Geschlechter einer Rasse, bei den Küken lediglich für die einzelnen Rassen.

Verwendet wurden hierbei zwei methodische Ansätze, das visuelle und das hierarchische Clustern.

Beim visuellen Clustern werden die Tarsometatarsus-Längen der Individuen aufsteigend sortiert und deskriptiv auf Datensprünge untersucht, woraus dann die Einteilung in die verschiedenen Phänotypen resultiert. Diese Methode ermöglicht eine spezifische, hinsichtlich ihrer Plausibilität überprüfbare Einteilung. Ihr Nachteil ist jedoch, dass keine standardisierten Kriterien für die Einteilung festgelegt werden können.

Das hierarchische Clustern erfolgt mit der Ward-Methode im Statistik-Programm RStudio (RStudio, Boston, USA). Dabei werden die Tarsometatarsus-Längen der Tiere nach ihrer Ähnlichkeit gruppiert und als Output ein Dendrogramm erstellt, das die Beziehung der einzelnen Daten zueinander und die daraus resultierenden Cluster

darstellt. Zusätzlich werden für jedes Cluster die durchschnittlichen Messwerte, Standardabweichungen, Minima und Maxima angegeben. Der Vorteil dieser Methode ist eine schnelle und unkomplizierte Einteilung der Daten; der Nachteil ist, dass die Einteilung nicht hinsichtlich ihrer Plausibilität überprüft werden kann.

Da das visuelle Clustern generell zu den plausibleren Einteilungen führte, wurde diese Methode als Standardmethode für die Auswertung gewählt; die Ergebnisse der hierarchischen Clusterung werden zum Vergleich ergänzend dargestellt.

Die Ergebnisse der Messungen zeigten, dass speziell bei den Hennen eine eindeutige Differenzierung der Phänotypen nicht zweifelsfrei möglich war, sondern vielmehr ein kontinuierlicher Anstieg der aufsteigend sortierten Werte vorlag. Daher wurde im Fall einer unklaren Trennung zusätzlich zum vollen Datensatz deskriptiv ein reduzierter Datensatz erstellt, bei dem die visuellen Cluster „kurzbeinig“ und „langbeinig“ in die Subcluster „deutlich kurzbeinig“, „mäßig kurzbeinig“, „deutlich langbeinig“ und „mäßig langbeinig“ unterteilt und die Brutergebnisse und Nachkommen der als „deutlich kurzbeinig“ und „deutlich langbeinig“ eingestuften Elterntiere separat analysiert wurden. Da in diesem reduzierten Datensatz die Clusterung der Phänotypen zweifelsfrei erkennbar war und dementsprechend Fehlzuordnungen nahezu ausgeschlossen waren, diente diese Analyse zur Überprüfung der aus dem vollen Datensatz generierten Ergebnisse.

Die Tiere der langbeinigen Vergleichsrassen Deutsches Reichshuhn und Deutsches Zwerghuhn wurden zwar vermessen, eine anschließende Clusteranalyse jedoch nicht vorgenommen.

3.5 Erhebung von Schlupfdaten

Mit Hilfe von Fallnestern wurden die Bruteier gesammelt, gekennzeichnet und anschließend inkubiert. Die Bruteier wurden zu verschiedenen Zeitpunkten, einmal nach 10,5 und ein weiteres Mal nach 18 Bebrütungstagen, geschickt und abgestorbene Eier geöffnet, um die Todesursache der Embryonen festzustellen und fotografisch zu dokumentieren. Auch während des Schlupfes steckengebliebene Küken wurden anschließend untersucht. Die Küken wurden getrennt nach Rasse, Zuchtgruppe und Henne im Schlupfbrüter gebrütet und anschließend über Flügelmarken entsprechend markiert. Folgende Daten wurden erhoben:

- Anzahl der befruchteten bzw. unbefruchteten Eier
- Anzahl der abgestorbenen Embryonen in der frühen Brutperiode (Tag 1 bis Tag 10,5)
- Anzahl der abgestorbenen Embryonen in der mittleren Brutperiode (Tag 10,5 bis Tag 18)
- Anzahl der abgestorbenen Embryonen in der späten Brutperiode (Tag 18 bis Tag 21)
- Anzahl der „stummelbeinigen“, also aufgrund des angenommenen Letalfaktors missgebildeten Embryonen
- Anzahl der Embryonen mit sonstigen Missbildungen



Abbildung 20: Exemplarischer Aufbau des für die Erhebung der Schlupfdaten nötigen Equipments. Das Equipment wurde im Freien aufgebaut, da es bei dem Öffnen von Eiern mit abgestorbenen Embryonen zu einer enormen Geruchsentwicklung kommen konnte.



Abbildung 21: Untersuchung eines nicht geschlüpften Kükens, das zwischen dem 18. und 21. Tag der Bebrütung abgestorben ist.



Abbildung 22: Zwei nicht geschlüpfte Küken der Rasse Krüper im Alter von ca. 21 Bruttagen. Das linke Küken weist keine anatomischen Besonderheiten auf, das rechte Küken zeigt deutliche Missbildungen wie „Stummelbeine“ und einen Kreuzschnabel.

3.5.1 Beobachtungen an geschlüpften Küken



Abbildung 23: Bei diesen frisch geschlüpften Chaboküken wird deutlich ersichtlich, dass das linke Küken kurzbeinig und das rechte Küken langbeinig ist.

Alle frisch geschlüpften Küken wurden einen Tag nach dem Schlupf vermessen (siehe Abbildung 24), die ermittelten Werte wie in 3.4 beschreiben mittels Clusteranalyse den Phänotypen „kurzbeinig“ und „langbeinig“ zugeordnet.



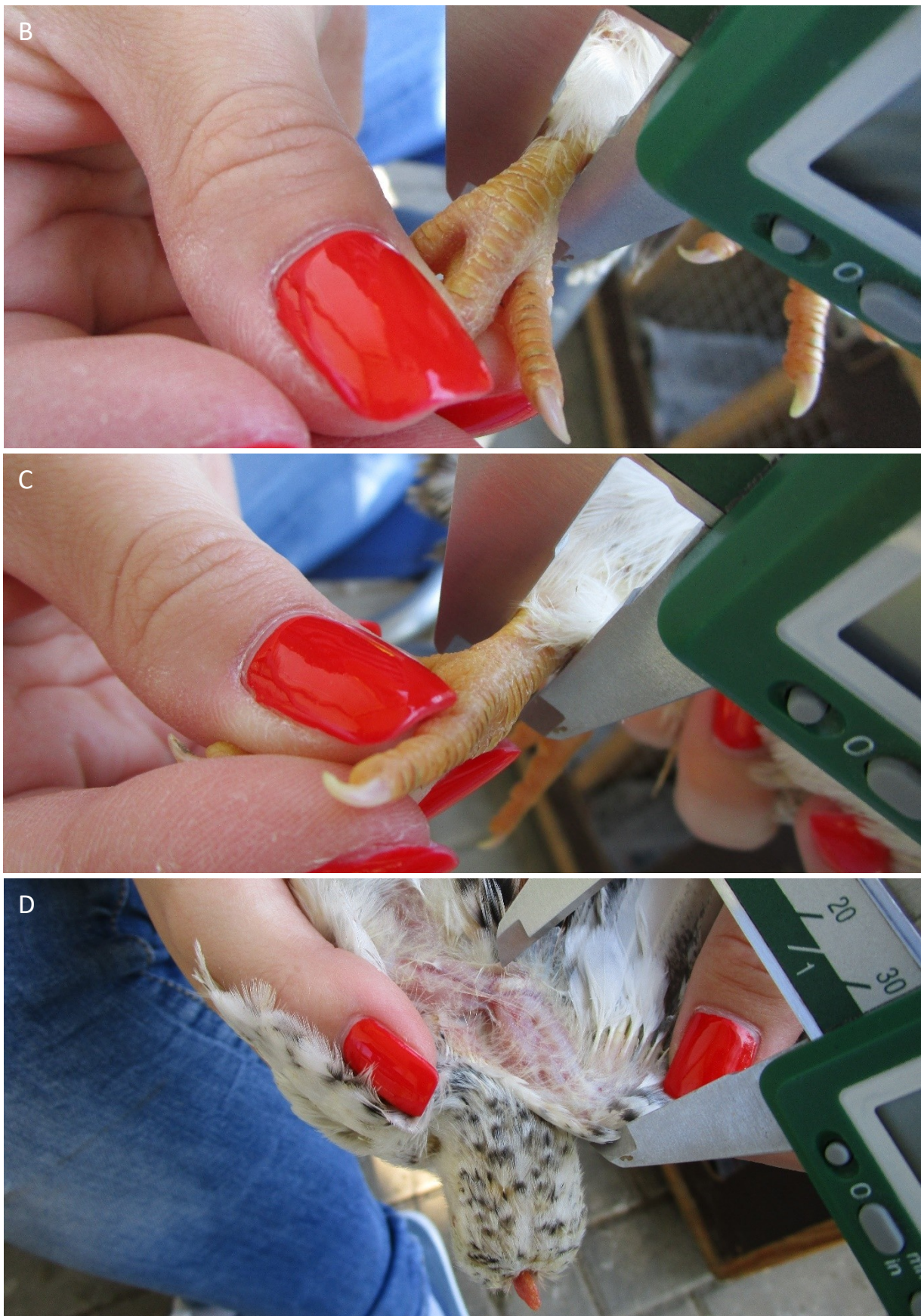


Abbildung 24: Die Vermessung eines Kükens. Aufgenommen wurden die Länge (A), die Breite (B) und die Dicke (C) des Tarsometatarsus sowie die Länge des Flügelknochens (D).

3.6 Auswertung

Die Variablen, die der Auswertung der Brutergebnisse zugrunde lagen, waren die Anzahl der abgestorbenen Embryonen zu einem frühen (vor dem Tag 10,5), mittleren (von Tag 10,5 bis zu Tag 18) und einem späten (nach Tag 18) Bebrütungszeitpunkt, die Anzahl der missgebildeten Küken („Stummelbeine“ und sonstige Missbildungen) sowie aus diesen Werten resultierend die Anzahl der geschlüpften Küken. Die Werte dieser Variablen bei den kurzbeinigen Rassen wurden zu denen der Vergleichsrassen in Beziehung gesetzt und statistisch ausgewertet.

Als weitere Variablen wurden bei den Küken die Anteile der Phänotypen („kurzbeinig“ oder „langbeinig“) erfasst und in Bezug auf die Erwartungswerte aus dem in der Literatur beschriebenen Vererbungsmodell ausgewertet.

3.6.1 Statistik

Die Datenaufnahme und -vorbereitung erfolgte mit Microsoft Excel (Microsoft Corporation, Redmond, USA), für die statistische Analyse der Daten wurde neben Microsoft Excel weiterhin das Programm RStudio (RStudio, Boston, USA) verwendet. Das Signifikanzniveau wurde auf $\alpha = 0,05$ festgelegt und dementsprechend $p \leq 0,05$ als signifikant, $p \leq 0,01$ als sehr signifikant und $p \leq 0,001$ als hoch signifikant definiert.

Um einen geeigneten statistischen Test auswählen zu können, wurden die Daten zunächst auf Normalverteilung getestet. Hierzu wurde der Shapiro-Wilk-Test gewählt. Da die aufgenommenen Daten überwiegend nicht normalverteilt waren, wurden im Folgenden ausschließlich nicht-parametrische Tests angewendet.

Der vorliegenden statistischen Auswertung liegen drei Testverfahren zu Grunde: der Signifikanztest, die Korrelationsanalyse und die Clusteranalyse. Signifikanztests wurden immer dann genutzt, wenn zwei oder mehr Datensätze verglichen wurden, um etwaige Unterschiede zwischen diesen Datensätzen zu ermitteln.

Zur Auswertung nominaler Datensätze wurde in der vorliegenden Studie der Chi²-Test (χ^2 Test) verwendet. Beispiele für nominale Datensätze sind die Absterbe- und Schlupfraten sowie die Phänotypen der Küken, deren statistische Verteilung mithilfe des Verteilungs- oder Anpassungstests bzw. ihre Unabhängigkeit von der Art der Verpaarung, also dem Phänotyp der Elterntiere, mithilfe des Unabhängigkeitstests geprüft wurde. Der Chi²-Test ist ein Hypothesentest, der statistische Zusammenhänge kategorialer Variablen, also mit nominalem oder ordinalskaliertem Skalen-

niveau, untersucht. Hierbei wird überprüft, ob sich die beobachteten Häufigkeiten einer Stichprobe von anhand des Vergleichs- bzw. Gesamtdatensatzes errechneten erwarteten Häufigkeiten statistisch signifikant unterscheiden. Für die Interpretation des Chi²-Tests ist dabei nicht nur der resultierende p -Wert, der über das Verwerfen oder Nicht-Verwerfen der Nullhypothese entscheidet, wichtig, sondern auch die errechneten statistischen Erwartungswerte. Anhand dieser kann im Falle einer Signifikanz ($p \leq 0,05$; Ablehnung der Nullhypothese) überprüft werden, wo und wie stark die beobachteten Häufigkeiten von den erwarteten Häufigkeiten abweichen. Die Erwartungswerte berechnen sich aus den im Datensatz befindlichen Daten. Wird also der Datensatz verändert, indem beispielsweise Daten hinzugefügt oder entfernt werden, verändern sich ebenfalls die Erwartungswerte. Die Ergebnisse des Chi²-Tests sind daher nur in dem Kontext des untersuchten Datensatzes interpretierbar. In den folgenden Ergebnissen wird explizit auf die aus dem Chi²-Test resultierenden Erwartungswerte verwiesen. Diese bilden die Grundlage für die statistische Interpretation der untersuchten Datensätze. Formulierungen wie „höher bzw. niedriger als statistisch zu erwarten gewesen wäre“ beziehen sich ebenfalls auf diese Erwartungswerte.

Die Clusteranalyse wurde verwendet, um Daten eines Datensatzes nach ihrer Ähnlichkeit zu ordnen und in Gruppen einzuteilen. Um verschiedene Eigenschaften verschiedener Individuen gleichzeitig untersuchen zu können, werden multivariate Methoden genutzt. In der vorliegenden Studie wurde eine hierarchische Clusteranalyse auf der Basis der Berechnung Euklidischer Distanzen verwendet, um die Tiere auf Basis ihrer individuellen Messwerte bezüglich der Länge des Tarsometatarsus zu gruppieren. Das Ziel dieser Clusteranalyse war die Klassifikation von Werte-Bereichen und Grenzwerten für die untersuchten Variablen ‚Kurzbeinigkeit‘ und ‚Langbeinigkeit‘. Das graphische Resultat einer Clusteranalyse stellt das sogenannte Dendrogramm dar, in dem die auf der y-Achse abgebildete Euklidische Distanz die statistische Entfernung zwischen den verschiedenen Individuen und Gruppierungen (Clustern) anzeigt. Je geringer die Distanz, desto ähnlicher sind sich die Individuen und Gruppierungen bzw. deren Messwerte (Field et al. 2012).

4 Ergebnisse

4.1 Zuordnung der Elterntiere

Für die Zuordnung der Elterntiere wurde parallel das visuelle und das hierarchische Clustern angewendet und beide Methoden hinsichtlich ihrer Plausibilität beurteilt. War der Übergang zwischen den Clustern kontinuierlich mit einer nur geringen Differenz zwischen den Grenzwerten, wurde ein reduzierter Datensatz als Basis für eine parallele Auswertung erstellt, bei dem die Differenzierung der Phänotypen zweifelsfrei erkennbar war. Als Standardmethode für die weitere Auswertung wurde das visuelle Clustern gewählt (siehe 3.4).

4.1.1 Krüper

Bei den Krüpern gingen 8 Hähne und 26 Hennen als Elterntiere in das Projekt ein.

Der visuellen Clusteranalyse folgend wurden von den Hähnen 5 Individuen als kurzbeinig und 3 als langbeinig eingestuft (Grenzbereich 70,13 – 113,66 mm), bei den Hennen 14 als kurzbeinig und 12 als langbeinig (Grenzbereich 64,45 – 65,52 mm).

Tabelle 2: Erhebung der Tarsometatarsus-Länge der Elterntiere der Rasse Krüper nach visueller Clusterung des vollen Datensatzes.

Geschlecht	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
männlich	kurzbeinig	5	64,24	70,13	5,89	67,44	2,21
	langbeinig	3	113,66	116,70	3,04	114,88	1,60
weiblich	kurzbeinig	14	50,23	64,45	14,22	57,90	4,67
	langbeinig	12	65,52	87,61	22,09	77,93	6,21

Während bei den Hähnen die Clusterung eindeutig war und die Differenz zwischen den Wertespektren 43,53 mm betrug, trennten die Hennen beider Gruppen lediglich 1,07 mm. Dementsprechend war auch die Variationsbreite bei den Hennen deutlich größer.

Daher wurde bei der Erstellung des reduzierten Datensatzes nur für die Hennen eine Subclusterung vorgenommen, bei dem die Differenz zwischen den beiden Clustern nunmehr 20,95 mm beträgt.

Tabelle 3: Erhebung der Tarsometatarsus-Länge der Elterntiere der Rasse Krüper nach visueller Clusterung des reduzierten Datensatzes.

Geschlecht	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
männlich	kurzbeinig	5	64,24	70,13	5,89	67,44	2,21
	langbeinig	3	113,66	116,70	3,04	114,88	1,60
weiblich	deutlich kurzbeinig	8	50,23	57,36	7,13	54,35	2,26
	deutlich langbeinig	8	78,31	87,61	9,30	81,45	3,09

Die hierarchische Clusterung erbrachte bei den Hähnen das selbe Ergebnis wie die Visuelle. Bei den Hennen lag der Grenzbereich zwischen den beiden Phänotypen etwas höher (68,96 mm – 73,94 mm), sodass 16 Individuen als kurzbeinig und 10 als langbeinig eingestuft wurden.

Tabelle 4: Erhebung der Tarsometatarsus-Länge der Elterntiere der Rasse Krüper nach hierarchischer Clusterung des vollen Datensatzes.

Geschlecht	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
männlich	kurzbeinig	5	64,24	70,13	5,89	67,44	2,21
	langbeinig	3	113,66	116,7	3,04	114,88	1,60
weiblich	kurzbeinig	16	50,23	68,96	18,73	59,07	5,43
	langbeinig	10	73,94	87,61	13,67	80,07	4,01

4.1.2 Zwerg-Krüper

Bei den Zwerg-Krüpern gingen 2 Hähne und 13 Hennen als Elterntiere in das Projekt ein.

Da sich die beiden Hähne in ihren Tarsometatarsus-Längen klar unterschieden (Differenz 12,64 mm), war die Zuordnung hier eindeutig; bei den Hennen wurden entsprechend der visuellen Clusterung 4 Tiere als kurzbeinig und 9 als langbeinig eingestuft, die Differenz zwischen beiden Clustern betrug 7,43 mm.

Tabelle 5: Erhebung der Tarsometatarsus-Länge der Elterntiere der Rasse Zwerg-Krüper nach visueller Clusterung des vollen Datensatzes.

Geschlecht	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
männlich	kurzbeinig	1	54,40	54,40	0,00	54,40	-
	langbeinig	1	67,04	67,04	0,00	67,04	-
weiblich	kurzbeinig	4	43,06	45,85	2,79	44,64	1,37
	langbeinig	9	53,28	83,64	30,36	60,58	10,62

Die Variationsbreite war bei den als kurzbeinig eingestuften Hennen sehr gering, bei den als langbeinig Eingestuften jedoch außerordentlich hoch. Daher wurde nur für die langbeinigen Hennen eine Subclusterung vorgenommen. Bedingt durch zwei extrem langbeinige Individuen (73,07 und 83,64 mm) ist der Variationsbereich jedoch immer noch sehr groß.

Tabelle 6: Erhebung der Tarsometatarsus-Länge der Elterntiere der Rasse Zwerg-Krüper nach visueller Clusterung des reduzierten Datensatzes.

Geschlecht	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
männlich	kurzbeinig	1	54,40	54,40	0,00	54,40	-
	langbeinig	1	67,04	67,04	0,00	67,04	-
weiblich	kurzbeinig	3	43,06	45,85	2,79	44,64	1,37
	deutlich langbeinig	3	60,23	83,64	23,41	72,31	11,72

Beim hierarchischen Clustern wurden alle Hennen mit Ausnahme der beiden extrem langbeinigen Individuen als kurzbeinig eingestuft, was wenig plausibel erscheint. Der Variationsbereich dieses Clusters würde nach dieser Analyse ein Wertespektrum von 43,06 mm bis 60,23 mm umfassen, das auch die Hennen der langbeinigen Vergleichsrasse Deutsches Zwerghuhn mit einschließt (48,97 mm bis 58,74 mm), also einer Rasse fast vergleichbarer Größe, die zudem zu den maßgeblichen Vorfahren der Zwerg-Krüper zählt.

Tabelle 7: Erhebung der Tarsometatarsus-Länge der Elterntiere der Rasse Zwerg-Krüper nach hierarchischer Clusterung des vollen Datensatzes.

Geschlecht	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
männlich	kurzbeinig	1	54,40	54,40	0,00	54,40	-
	langbeinig	1	67,04	67,04	0,00	67,04	-
weiblich	kurzbeinig	11	43,06	60,23	17,17	51,55	5,82
	langbeinig	2	73,07	83,64	10,57	78,35	7,47

4.1.3 Chabo

Bei den Chabo gingen 5 Hähne und 33 Hennen in die Untersuchung ein. Nach der visuellen Clusteranalyse wurden 4 Hähne als kurzbeinig und einer als langbeinig eingestuft. Bei den Hennen differenzierten sich 2 sehr kurzbeinige Individuen mit Lauflängen von unter 15 mm deutlich vom übrigen Datensatz, der Lauflängen von 26,97 mm bis 45,41 mm umfasste. Dieser große Variationsbereich macht das Vorhandensein mehrerer Phänotypen wahrscheinlich, sodass eine Clusterung in drei Gruppen, „sehr kurzbeinig“, „kurzbeinig“ und „langbeinig“ vorgenommen wurde.

Tabelle 8: Erhebung der Tarsometatarsus-Länge der Elterntiere der Rasse Chabo nach visueller Clusterung des vollen Datensatzes.

Geschlecht	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
männlich	kurzbeinig	4	35,68	39,52	3,84	37,18	1,86
	langbeinig	1	49,28	49,28	0,00	49,28	-
weiblich	sehr kurzbeinig	2	13,70	14,51	0,81	14,11	0,57
	kurzbeinig	14	26,97	35,98	9,01	31,60	2,85
	langbeinig	17	36,96	44,75	7,79	40,22	2,30

Während bei den Hähnen die Trennung zwischen den beiden Phänotypen mit einer Differenz von 9,76 mm eindeutig war, trennten die als lang- und kurzbeinig eingestuften Hennen lediglich 0,98 mm.

Daher wurde bei der Erstellung des reduzierten Datensatzes nur für die Gruppen der langbeinigen und kurzbeinigen Hennen eine Subclusterung vorgenommen.

Tabelle 9: Erhebung der Tarsometatarsus-Länge der Elterntiere der Rasse Chabo nach visueller Clusterung des reduzierten Datensatzes.

Geschlecht	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
männlich	kurzbeinig	4	35,68	39,52	3,84	37,18	1,86
	langbeinig	1	49,28	49,28	0,00	49,28	-
weiblich	sehr kurzbeinig	2	13,70	14,51	0,81	14,11	0,57
	deutlich kurzbeinig	6	26,97	30,44	3,47	28,78	1,27
	deutlich langbeinig	7	41,01	44,75	3,74	42,55	1,26

Das hierarchische Clustern des vollen Datensatzes führte bei beiden Geschlechtern zu exakt der gleichen Gruppierung wie das visuelle Clustern, was die Plausibilität der vorgenommenen Einteilung unterstreicht.

4.1.4 Vergleichsrassen

Da bei den untersuchten Vergleichsrassen Deutsches Reichshuhn und Deutsches Zwerghuhn das Merkmal der Kurzbeinigkeit nicht vorliegt, wurden die Tiere zwar vermessen, jedoch keine Clusteranalyse durchgeführt.

Tabelle 10: Erhebung der Tarsometatarsus-Länge der Elterntiere der Vergleichsrassen Deutsches Zwerghuhn und Deutsches Reichshuhn.

Geschlecht	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
Deutsches Reichshuhn	männlich	2	109,50	123,70	14,20	116,60	7,10
	weiblich	9	77,82	95,24	17,42	87,26	4,91
Deutsches Zwerghuhn	männlich	1	63,14	69,29	6,15	66,22	3,08
	weiblich	7	48,97	58,74	9,77	54,53	2,90

4.2 Erhebung von Absterbe- und Schlupfdaten

Die Auswertung der Brutergebnisse fokussierte sich auf den Zeitpunkt des Absterbens der Embryonen. Hierzu wurde die Brutperiode in drei Abschnitte unterteilt (siehe Kap. 3.5).

- a Die frühe Brutperiode: Sie umfasste den Zeitraum vom Brutbeginn bis zu Tag 10,5. Dieser Grenzwert wurde gewählt, da Hühnerembryonen ab der Hälfte der Bebrütungsdauer (ca. 10,5 Bebrütungstage) als Nachzucht bezeichnet werden und ab diesem Zeitpunkt unter das Tierschutzgesetz fallen (Sachverständigengruppe Tierschutz und Heimtierzucht, 2002)
- b Die mittlere Brutperiode: Sie begann ab dem Tag 10,5 und erstreckte sich bis zu Tag 18
- c Die späte Brutphase: Sie beinhaltete den Zeitraum von Tag 18 bis Tag 21. Die Differenzierung zwischen mittlerer und später Brutperiode wurde vorgenommen, da zwischen dem 18. und 21. Bebrütungstag eine zweite Letalkrise angenommen wird

4.2.1 Krüper

a) Voller Datensatz

Bezogen auf die gesamte Brutperiode konnte bei den Krüpern für die Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander eine hoch signifikante Erhöhung der Absterberate gegenüber den Vergleichsrassen mit einem Wert von 32,03 % gegenüber 18,54 % ermittelt werden ($\chi^2 = 27,848$; $p < 0,001$), die sich primär auf die frühe Brutperiode konzentrierte (24,68 % vs. 11,25 %; $\chi^2 = 41,736$; $p < 0,001$).

Da sich die Absterberaten der beiden gemischten Verpaarungen kurzbeinig x langbeinig und langbeinig x kurzbeinig nicht signifikant unterscheiden ($\chi^2 = 0,673$; $p = 0,412$), was aufgrund des angenommenen Erbgangs auch so zu erwarten war, können deren Ergebnisse zusammengefasst werden. Auf Basis dieses Datensatzes wird eine leichte Erhöhung der Absterberate in der frühen Brutperiode sichtbar (15,32 % vs. 11,25 %), die knapp über dem Signifikanzniveau liegt ($\chi^2 = 4,129$; $p = 0,042$).

Ebenso liegt für die Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern untereinander in der frühen Brutperiode eine leichte Erhöhung der Absterberate knapp über dem Signifikanzniveau vor (17,71 % vs. 11,25 %; $\chi^2 = 4,016$; $p = 0,045$).

Für die gesamte Brutperiode konnte ebenso wie für die mittlere und späte Brutperiode bei beiden Verpaarungstypen keine signifikante Erhöhung festgestellt werden.

Tabelle 11: Absterberaten bei den verschiedenen Verpaarungen der Rasse Krüper und den Vergleichsrassen über die gesamte Brutperiode hinweg sowie differenziert nach den einzelnen Brutperioden; voller Datensatz. Hellrot: hoch signifikante Erhöhung; Hellgelb: signifikante Erhöhung.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Absterberate			
		gesamte Brutperiode N (%)	frühe Brutperiode N (%)	mittlere Brutperiode N (%)	späte Brutperiode N (%)
kurz x kurz	231	74 (32,03)	57 (24,58)	3 (1,30)	14 (6,06)
kurz x lang	121	28 (23,14)	17 (14,05)	2 (1,65)	9 (7,44)
lang x kurz	127	24 (19,90)	21 (16,54)	0 (0,00)	3 (2,36)
Σ gemischt	248	52 (20,97)	38 (15,32)	2 (0,81)	12 (4,84)
lang x lang	96	22 (22,92)	17 (17,71)	1 (1,04)	4 (4,17)
Vergleichsrassen	329	61 (18,54)	37 (11,25)	2 (0,61)	22 (6,69)

b) Reduzierter Datensatz

Die Auswertung auf Basis des reduzierten Datensatzes bestätigt die generierten Ergebnisse. Auch hier liegt bei der Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander eine hoch signifikant erhöhte Absterberate gegenüber den Vergleichsrassen vor (29,85 % vs. 18,54 %; $\chi^2 = 11,348$; $p < 0,001$), die sich auf die frühe Brutphase konzentriert (25,27 % vs. 11,25 %; $\chi^2 = 26,792$; $p < 0,001$). Für die Summe der gemischten Verpaarungen sowie die Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern untereinander ist, wie auch beim vollen Datensatz, eine signifikante Erhöhung in der frühen Brutperiode erkennbar (18,18 % vs. 11,25 %; $\chi^2 = 4,771$; $p = 0,02894$ bzw. 18,07 % vs. 11,25 %; $\chi^2 = 3,875$; $p = 0,04901$).

Tabelle 12: Absterberaten bei den verschiedenen Verpaarungen der Rasse Krüper und den Vergleichsrassen über die gesamte Brutperiode hinweg sowie differenziert nach den einzelnen Brutperioden; reduzierter Datensatz. Hellrot: hoch signifikante Erhöhung; Hellgelb: signifikante Erhöhung.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Absterberate			
		gesamte Brutperiode N (%)	frühe Brutperiode N (%)	mittlere Brutperiode N (%)	späte Brutperiode N (%)
kurz x kurz	134	40 (29,85)	34 (25,27)	0 (0,00)	6 (4,48)
kurz x lang	58	15 (25,86)	11 (18,97)	1 (1,72)	3 (5,17)
lang x kurz	41	10 (24,39)	7 (17,07)	0 (0,00)	3 (7,32)
Σ gemischt	99	25 (25,25)	18 (18,18)	1 (1,01)	6 (6,06)
lang x lang	83	20 (24,10)	15 (18,07)	1 (1,20)	4 (4,82)
Vergleichs- rassen	329	61 (18,54)	37 (11,25)	2 (0,61)	22 (6,69)

4.2.2 Zwerg-Krüper

a) Voller Datensatz

Bezogen auf die gesamte Brutperiode konnte auch bei den Zwerg-Krüpern für die Verpaarung der Merkmalsträger untereinander eine statistisch hoch signifikante Erhöhung der Absterberate ermittelt werden (40,68 % vs. 18,54 %; $\chi^2 = 19,143$; $p < 0,001$), deren Schwerpunkt auf die frühe Brutperiode konzentriert war (35,59 % vs. 11,25 %; $\chi^2 = 35,039$; $p < 0,001$). Die Erhöhung war hier sogar noch deutlicher ausgeprägt als bei der Großform.

Von den gemischten Verpaarungen wurde nur die Kombination kurzbeinig x langbeinig angesetzt, deren Absterberate in der Summe niedriger war als statistisch zu erwarten (10,98 % vs. 18,54 %; $\chi^2 = 9,651$; $p = 0,002$), jedoch in der mittleren Brutperiode eine signifikante Erhöhung zeigte (1,96 % vs. 0,61 %; $\chi^2 = 7,725$; $p = 0,005$). Die sollte jedoch vor dem Hintergrund interpretiert werden, dass die Absterberate der Vergleichsrassen in der mittleren Brutperiode extrem niedrig war und bereits leichte Abweichungen nach oben zu einer Signifikanz führen. So ist der Unterschied zwischen dem ermittelten Wert und dem Erwartungswert bei einer relativ großen Stichprobe von N=255 eher gering (5 im Vergleich zu 1,55).

Bei der Verpaarung der Nichtmerkmalsträger untereinander ermöglicht die geringe Stichprobe von nur 13 befruchteten Bruteiern keine aussagekräftigen Schlussfolgerungen.

Tabelle 13: Absterberaten bei den verschiedenen Verpaarungen der Rasse Zwerg-Krüper und den Vergleichsrassen über die gesamte Brutperiode hinweg sowie differenziert nach den einzelnen Brutperioden; voller Datensatz. Hellrot: hoch signifikante Erhöhung; Hellorange: sehr signifikante Erhöhung.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Absterberate			
		gesamte Brutperiode N (%)	frühe Brutperiode N (%)	mittlere Brutperiode N (%)	späte Brutperiode N (%)
kurz x kurz	59	24 (40,68)	21 (35,59)	0 (0,00)	3 (5,08)
kurz x lang	255	28 (10,98)	10 (3,92)	5 (1,96)	13 (5,10)
lang x lang	13	5 (38,46)	0 (0,00)	1 (7,69)	4 (30,77)
Vergleichsrassen	329	61 (18,54)	37 (11,25)	2 (0,61)	22 (6,69)

b) Reduzierter Datensatz

Da bei den Zwerg-Krüpern nur für das Cluster der langbeinigen Hennen eine Subclusterung vorgenommen wurde, bestehen ausschließlich für die Verpaarung kurzbeinig x langbeinig Veränderungen zum vollen Datensatz. Dabei zeigten sich keine signifikanten Abweichungen von den Vergleichsrassen.

Tabelle 14: Absterberaten bei den verschiedenen Verpaarungen der Rasse Zwerg-Krüper und den Vergleichsrassen über die gesamte Brutperiode hinweg sowie differenziert nach den einzelnen Brutperioden; reduzierter Datensatz. Hellrot: hoch signifikante Erhöhung; Hellorange: sehr signifikante Erhöhung.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Absterberate			
		gesamte Brutperiode N (%)	frühe Brutperiode N (%)	mittlere Brutperiode N (%)	späte Brutperiode N (%)
kurz x kurz	59	24 (40,68)	21 (35,59)	0 (0,00)	3 (5,08)
kurz x lang	38	3 (7,89)	3 (7,89)	0 (0,00)	0 (0,00)
lang x lang	13	5 (38,46)	0 (0,00)	1 (7,69)	4 (30,77)
Vergleichsrassen	329	61 (18,54)	37 (11,25)	2 (0,61)	22 (6,69)

4.2.3 Krüper und Zwerg-Krüper – gemeinsame Auswertung

Da die Zwerg-Krüper direkte Nachfahren der Krüper sind und keine weitere kurzbeinige Rasse an ihrer Entstehung beteiligt war, müssen bei ihnen dieselben genetischen Faktoren zur Ausbildung dieses Merkmals vorliegen wie bei der Großrasse. Dementsprechend können die Brutergebnisse beider Rassen in einem gemeinsamen Datensatz ausgewertet werden. Bei der folgenden Darstellung wurden zudem die Werte für die gemischten Verpaarungen zusammengefasst (siehe Kap. 4.2.1).

a) Voller Datensatz

Auch in diesem Datensatz zeigt sich bei der Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander eine hoch signifikante Erhöhung der Absterberate (33,79 % vs. 18,54 %; $\chi^2 = 44,667$; $p < 0,001$) mit einer deutlichen Konzentration auf die frühe Brutperiode (26,90 % vs. 11,25 %; $\chi^2 = 71,163$; $p < 0,001$). Für die gemischten Verpaarungen und die Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern untereinander konnte weder für die gesamte noch für die frühe Brutperiode eine signifikante Abweichung vom Erwartungswert festgestellt werden. Eine leichte Erhöhung zeigt sich in der mittleren Brutperiode (1,39 % vs. 0,61 %; $\chi^2 = 5,114$; $p = 0,024$), die jedoch nicht überinterpretiert werden sollte (siehe S. 51).

Tabelle 15: Absterberaten bei den verschiedenen Verpaarungen der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper sowie den Vergleichsrassen über die gesamte Brutperiode hinweg und differenziert nach den einzelnen Brutperioden; voller Datensatz. Hellrot: hoch signifikante Erhöhung; Hellgelb: signifikante Erhöhung.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Absterberate			
		gesamte Brutperiode N (%)	frühe Brutperiode N (%)	mittlere Brutperiode N (%)	späte Brutperiode N (%)
kurz x kurz	290	98 (33,79)	78 (26,90)	3 (1,03)	17 (5,86)
Σ gemischt	503	80 (15,90)	48 (9,54)	7 (1,39)	25 (4,97)
lang x lang	109	27 (24,77)	17 (15,60)	2 (1,83)	8 (7,34)
Vergleichs- rassen	329	61 (18,54)	37 (11,25)	2 (0,61)	22 (6,69)

b) Reduzierter Datensatz

Die Auswertung des reduzierten Datensatzes bestätigt die auch für den vollen Datensatz generierten Ergebnisse.

Eine hoch signifikant erhöhte Absterberate liegt lediglich für die Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander (33,16 % vs. 18,54 %; $\chi^2 = 27,312$; $p < 0,001$) mit einer Konzentration auf die frühe Brutperiode (28,50 % vs. 11,25 %; $\chi^2 = 57,544$; $p < 0,001$) vor.

Die Ergebnisse legen somit nahe, dass die für den vollen Datensatz vorgenommene Zuordnung der Tiere zu den jeweiligen Phänotypen weitestgehend die realen Verhältnisse widerspiegelt.

Tabelle 16: Absterberaten bei den verschiedenen Verpaarungen der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper sowie den Vergleichsrassen über die gesamte Brutperiode hinweg und differenziert nach den einzelnen Brutperioden; reduzierter Datensatz. Hellrot: hoch signifikante Erhöhung.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Absterberate			
		gesamte Brutperiode N (%)	frühe Brutperiode N (%)	mittlere Brutperiode N (%)	späte Brutperiode N (%)
kurz x kurz	193	64 (33,16)	55 (28,50)	0 (0,00)	9 (4,66)
Σ gemischt	137	28 (20,44)	21 (15,33)	1 (0,73)	8 (4,38)
lang x lang	96	25 (26,04)	15 (15,63)	2 (2,08)	8 (8,33)
Vergleichs- rassen	329	61 (18,54)	37 (11,25)	2 (0,61)	22 (6,69)

4.2.4 Chabo

a) Voller Datensatz

Auch bei den Chabo zeigten sich für die Verpaarungen der Merkmalsträger untereinander (kurzbeinig x sehr kurzbeinig und kurzbeinig x kurzbeinig) in Bezug auf die Vergleichsrassen erhöhte Absterberaten (30,14 % vs. 18,54 %; $\chi^2 = 6,499$; $p = 0,011$ bzw. 35,96 % vs. 18,54 %; $\chi^2 = 22,915$; $p < 0,001$). Deutliche Unterschiede bestanden jedoch hinsichtlich des Zeitpunktes der Absterbe-Ereignisse zwischen den beiden Verpaarungstypen.

Während bei der Verpaarung kurzbeinig x sehr kurzbeinig diese Erhöhung nur in der frühen Brutperiode erkennbar war (19,18 % vs. 11,25 %; $\chi^2 = 4,601$; $p = 0,032$),

betrifft sie bei der Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig ausschließlich die mittlere und späte Brutperiode (9,65 % vs. 0,61 %; $\chi^2 = 154,231$; $p < 0,001$ bzw. 21,05 % vs. 6,69 %; $\chi^2 = 37,704$; $p < 0,001$).

Für die gemischten Verpaarungen, deren Brutergebnisse auch bei den Chabo nicht signifikant voneinander abwichen ($\chi^2 = 0,060$; $p = 0,806$) und die daher wie bei den Krüpern und Zwerg-Krüpern zusammengefasst ausgewertet wurden, konnten ebenso wie bei der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern untereinander keine Erhöhungen der Absterberaten festgestellt werden.

Tabelle 17: Absterberaten bei den verschiedenen Verpaarungen bei Rasse Chabo und den Vergleichsrassen über die gesamte Brutperiode hinweg sowie differenziert nach den einzelnen Brutperioden; voller Datensatz. Hellrot: hoch signifikante Erhöhung; Hellgelb: signifikante Erhöhung.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Absterberate			
		gesamte Brutperiode N (%)	frühe Brutperiode N (%)	mittlere Brutperiode N (%)	späte Brutperiode N (%)
kurz x sehr kurz	73	22 (30,14)	14 (19,18)	1 (1,37)	7 (9,59)
kurz x kurz	114	41 (35,96)	6 (5,26)	11 (9,65)	24 (21,05)
kurz x lang	312	43 (13,78)	20 (6,41)	3 (0,96)	20 (6,41)
lang x kurz	71	9 (12,68)	9 (12,68)	0 (0,00)	0 (0,00)
Σ gemischt	383	52 (13,58)	29 (7,57)	3 (0,78)	20 (5,33)
lang x lang	53	7 (13,21)	1 (1,89)	1 (1,89)	5 (9,43)
Vergleichs- rassen	329	61 (18,54)	37 (11,25)	2 (0,61)	22 (6,69)

b) Reduzierter Datensatz

Ebenso wie bei den Krüpern und Zwerg-Krüpern bestätigte auch bei den Chabo die Auswertung des reduzierten Datensatzes die für den vollen Datensatz ermittelten Ergebnisse. Die hoch signifikante Erhöhung der Absterberate in der mittleren und späten Brutperiode bei der Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig wird auch hier sichtbar (6,38 % vs. 0,61 %; $\chi^2 = 25,943$; $p < 0,001$ bzw. 25,53 % vs. 6,69 %; $\chi^2 = 26,750$; $p < 0,001$), während bei den gemischten Verpaarungen und der Verpaarung der Nichtmerkmalsträger untereinander keine Erhöhung zu beobachten war. Bei der

Verpaarung kurzbeinig x sehr kurzbeinig waren die Datensätze beider Auswertungen identisch.

Tabelle 18: Absterberaten bei den verschiedenen Verpaarungen der Rasse Chabo und den Vergleichsrassen über die gesamte Brutperiode hinweg sowie differenziert nach den einzelnen Brutperioden; reduzierter Datensatz. Hellrot: hoch signifikante Erhöhung; Hellorange: sehr signifikante Erhöhung; Hellgelb: signifikante Erhöhung.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Absterberate			
		gesamte Brutperiode N (%)	frühe Brutperiode N (%)	mittlere Brutperiode N (%)	späte Brutperiode N (%)
kurz x sehr kurz	73	22 (30,14)	14 (19,18)	1 (1,37)	7 (9,59)
Kurz x kurz	47	16 (34,04)	1 (2,13)	3 (6,38)	12 (25,53)
kurz x lang	162	19 (11,73)	14 (8,64)	0 (0,00)	5 (3,09)
lang x kurz	22	3 (13,64)	3 (13,64)	0 (0,00)	0 (0,00)
Σ gemischt	184	22 (11,96)	17 (9,24)	0 (0,00)	5 (2,72)
lang x lang	34	3 (8,82)	0 (0,00)	0 (0,00)	3 (8,82)
Vergleichs- rassen	329	61 (18,54)	37 (11,25)	2 (0,61)	22 (6,69)

4.3 Beobachtungen an nicht geschlüpften Küken

Missbildungen nicht geschlüpfter Embryonen traten bei fast allen untersuchten Rassen auf. Eine Ausnahme bilden die Deutschen Reichshühner, bei der keine Missbildungen verzeichnet wurden. Es handelte sich überwiegend um Fehlbildungen der Körpergliedmaßen, wie z. B. Fehlstellungen oder stark verkürzte Beine, und der Schnabelregion, wie Schnäbel mit Kreuz-, Unter- oder Überbiss. Stark verkürzte Beine werden in der gängigen Literatur auch als „Stummelbeine“ bezeichnet. Sie treten in der Nachzucht kurzbeiniger Rassen auf und werden ursächlich mit dem Letalfaktor in Zusammenhang gebracht.

Ein Erkennen bzw. eine morphologische Differenzierung von Missbildungen ist nur bei den in der späten Brutperiode abgestorbenen Embryonen eindeutig möglich. Im folgenden werden daher die Absterbe-Ereignisse der späten Brutperiode in die Kategorien

- „Stummelbeine“
- sonstige Missbildungen
- unauffällige Absterbe-Ereignisse (=keine Missbildungen erkennbar)

differenziert.



Abbildung 25: Abgestorbener Embryo mit Fehlbildungen in der Kopfregion und an den Gliedmaßen. Die Beine sind in charakteristischer Weise stark verkürzt.

4.3.1 Krüper

a) Voller Datensatz

Bei den Krüpern konnten Küken mit sog. „Stummelbeinen“ ausschließlich bei der Verpaarung vom Merkmalsträgern untereinander (kurzbeinig x kurzbeinig) beobachtet werden. Vorgefunden wurde dieses Merkmal bei 8 Embryonen, was einem Anteil von 3,46 % aller befruchteten Eier entspricht. Hinzu kamen 4 sonstige Missbildungen (1,73 %) und 2 unauffällige Absterbe-Ereignisse (0,87 %). Sonstige Missbildungen wurden auch bei den übrigen Verpaarungen in geringem Umfang (0,79 % bis 4,96 %) beobachtet, die unauffälligen Absterbe-Ereignisse nahmen Werte von 1,04 bis 2,48 % ein.

Tabelle 19: Absterbe-Ereignisse bei den verschiedenen Verpaarungen der Rasse Krüper und den Vergleichsrassen in der späten Brutperiode, differenziert nach Vorhandensein und Morphologie von Missbildungen; voller Datensatz. Hellrot: Auftreten von Stummelbeinen.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Abgestorben späte Brutperiode N	Absterbe-Ereignisse späte Brutperiode		
			„Stummelbeine“ N (%)	sonstige Missbildungen N (%)	keine Missbildungen N (%)
kurz x kurz	231	14	8 (3,46)	4 (1,73)	2 (0,87)
kurz x lang	121	9	0 (0,00)	6 (4,96)	3 (2,48)
lang x kurz	127	3	0 (0,00)	1 (0,79)	2 (1,57)
Σ gemischt	248	12	0 (0,00)	7 (2,82)	5 (2,02)
lang x lang	96	4	0 (0,00)	3 (3,13)	1 (1,04)
Vergleichs- rassen	329	22	0 (0,00)	1 (0,30)	21 (6,38)

Brutergebnis der Rasse Krüper - voller Datensatz

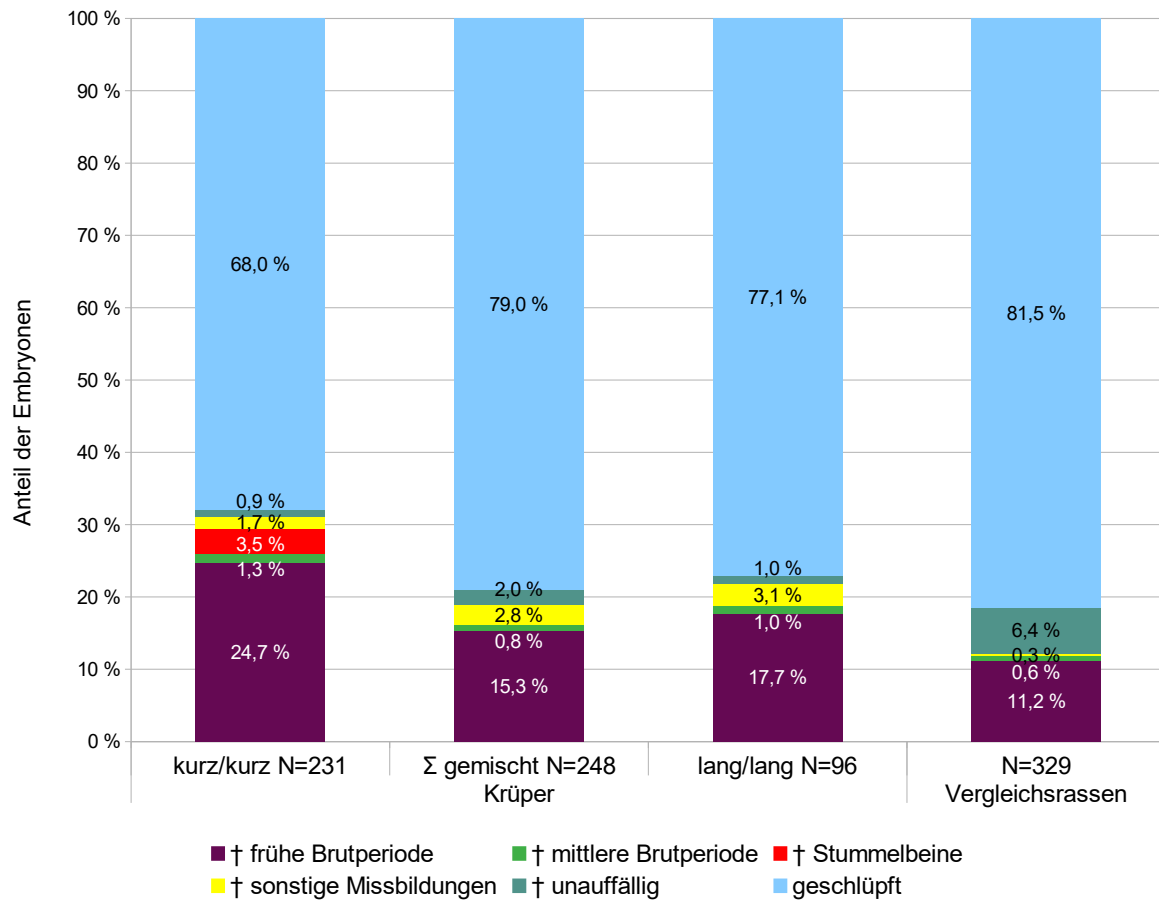


Abbildung 26: Brutergebnis der Rasse Krüper sowie der Vergleichsrassen, differenziert nach Brutperioden und Absterbe-Ursachen in der dritten Brutperiode; voller Datensatz.

b) Reduzierter Datensatz

Die Werte des reduzierten Datensatzes bestätigen weitgehend die auch für den vollen Datensatz ermittelten Ergebnisse.

Tabelle 20: Absterbe-Ereignisse bei den verschiedenen Verpaarungen der Rasse Krüper und den Vergleichsrassen in der späten Brutperiode, differenziert nach Vorhandensein und Morphologie von Missbildungen; reduzierter Datensatz. Hellrot: Auftreten von Stummelbeinen.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Abgestorben späte Brutperiode N	Absterbe-Ereignisse späte Brutperiode		
			„Stummelbeine“ N (%)	sonstige Missbildungen N (%)	keine Missbildungen N (%)
kurz x kurz	134	6	2 (1,49)	3 (2,24)	1 (0,75)
kurz x lang	58	3	0 (0,00)	2 (1,72)	2 (3,45)
lang x kurz	41	3	0 (0,00)	1 (2,44)	2 (4,88)
Σ gemischt	99	6	0 (0,00)	2 (2,02)	4 (4,04)
lang x lang	83	4	0 (0,00)	3 (3,61)	1 (1,20)
Vergleichs- rassen	329	22	0 (0,00)	1 (0,30)	21 (6,38)

Brutergebnis der Rasse Krüper - reduzierter Datensatz

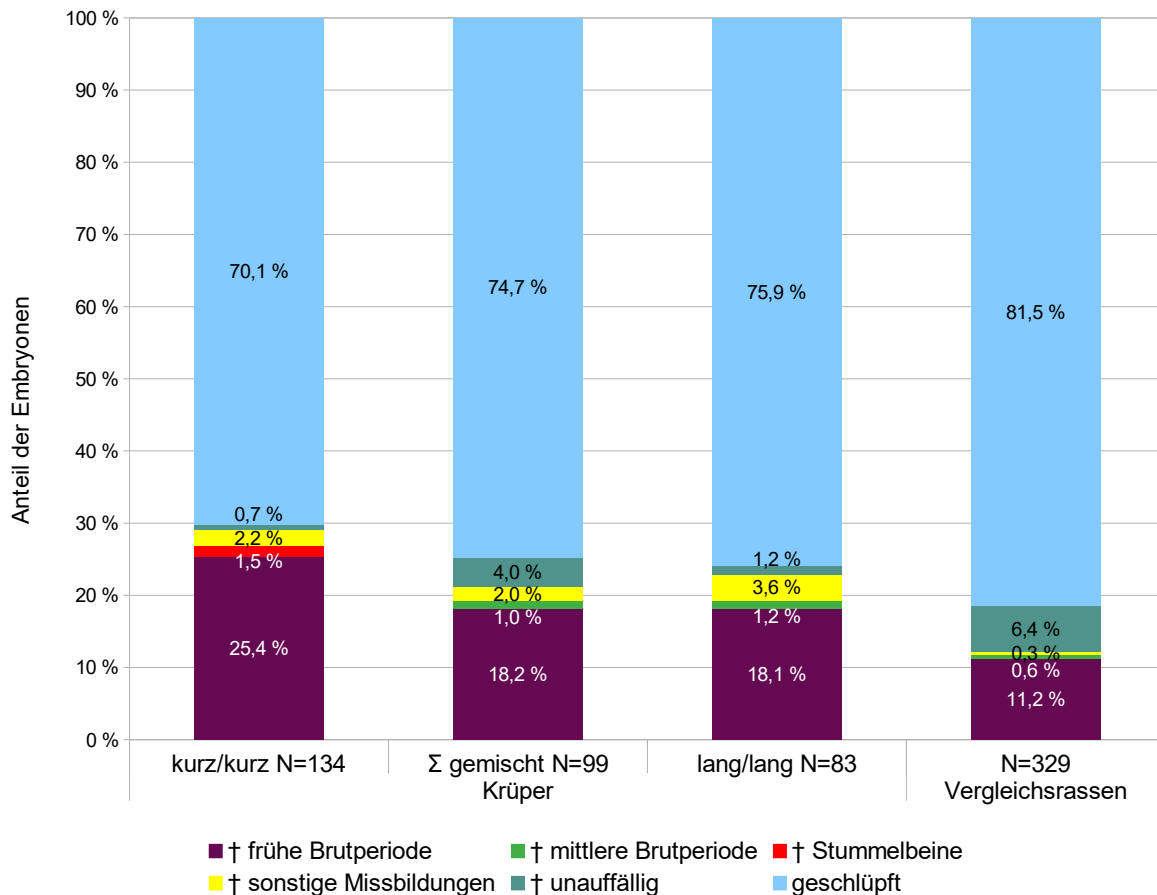


Abbildung 27: Brutergebnis der Rasse Krüper sowie der Vergleichsrassen, differenziert nach Brutperioden und Absterbe-Ursachen in der dritten Brutperiode; reduzierter Datensatz.

4.3.2 Zwerg-Krüper

a) Voller Datensatz

Auch bei den Zwerg-Krüpern wurden „stummelbeinige“ abgestorbene Embryonen nur bei der Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander vorgefunden und machten hier einen der Großrasse vergleichbaren Anteil von 3,39 % der befruchteten Eier aus. Sonstige Missbildungen traten nur bei der Verpaarung kurzbeinig x langbeinig in niedriger Frequenz (1,57 %) auf, während der hohe prozentuale Wert an unauffälligen Absterbe-Ereignissen bei der Verpaarung langbeinig x langbeinig der geringen Stichprobengröße von nur 13 befruchteten Eiern geschuldet ist.

Tabelle 21: Absterbe-Ereignisse bei den verschiedenen Verpaarungen der Rasse Zwerg-Krüper und den Vergleichsrassen in der späten Brutperiode, differenziert nach Vorhandensein und Morphologie von Missbildungen; voller Datensatz. Hellrot: Auftreten von Stummelbeinen.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Abgestorben späte Brutperiode N	Absterbe-Ereignisse späte Brutperiode		
			„Stummelbeine“ N (%)	sonstige Missbildungen N (%)	keine Missbildungen N (%)
kurz x kurz	59	3	2 (3,39)	0 (0,00)	1 (1,69)
kurz x lang	255	13	0 (0,00)	4 (1,57)	9 (3,53)
lang x lang	13	4	0 (0,00)	0 (0,00)	4 (30,77)
Vergleichs- rassen	329	22	0 (0,00)	1 (0,30)	21 (6,38)

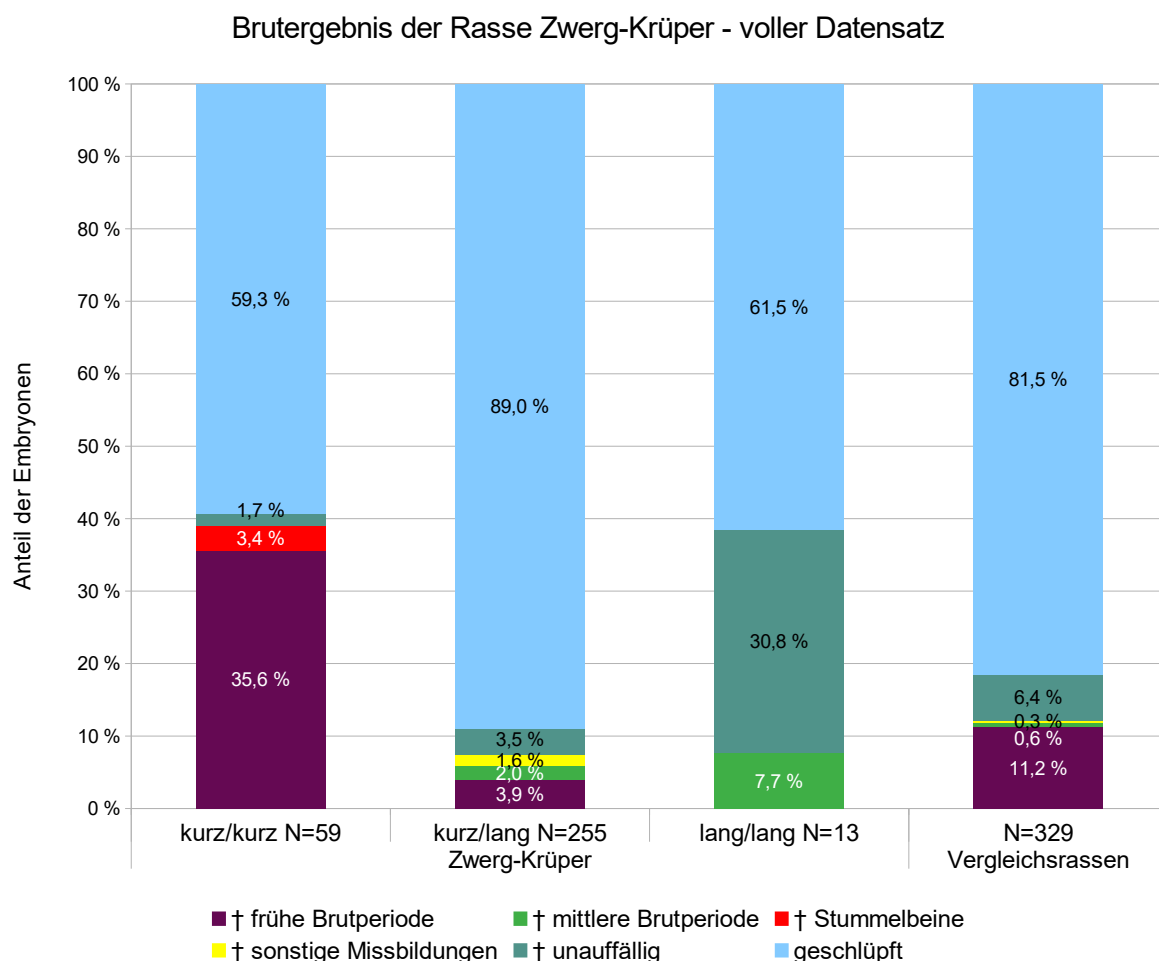


Abbildung 28: Brutergebnis der Rasse Zwerg-Krüper sowie der Vergleichsrassen, differenziert nach Brutperioden und Absterbe-Ursachen in der dritten Brutperiode; voller Datensatz.

b) Reduzierter Datensatz

Da bei den Zwerg-Krüpern nur für das Cluster der langbeinigen Hennen eine Subclustering vorgenommen wurde, bestehen für die Verpaarung der Merkmalsträger untereinander keine Veränderungen zum vollen Datensatz (siehe Kap. 4.1.2).

Bei der Verpaarung kurzbeinig x langbeinig konnten keine Absterbe-Ereignisse registriert werden, bei der Verpaarung langbeinig x langbeinig waren bereits im vollen Datensatz nur deutlich langbeinige Hennen, weshalb hier keine Unterschiede in den Ergebnissen bestehen.

Tabelle 22: Absterbe-Ereignisse bei den verschiedenen Verpaarungen der Rasse Zwerg-Krüper und den Vergleichsrassen in der späten Brutperiode, differenziert nach Vorhandensein und Morphologie von Missbildungen; reduzierter Datensatz. Hellrot: Auftreten von Stummelbeinen.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Abgestorben späte Brutperiode N	Absterbe-Ereignisse späte Brutperiode		
			„Stummelbeine“ N (%)	sonstige Missbildungen N (%)	keine Missbildungen N (%)
kurz x kurz	59	3	2 (3,39)	0 (0,00)	1 (1,69)
kurz x lang	38	0	0 (0,00)	0 (0,00)	0 (0,00)
lang x lang	13	4	0 (0,00)	0 (0,00)	4 (30,77)
Vergleichs- rassen	329	22	0 (0,00)	1 (0,30)	21 (6,38)

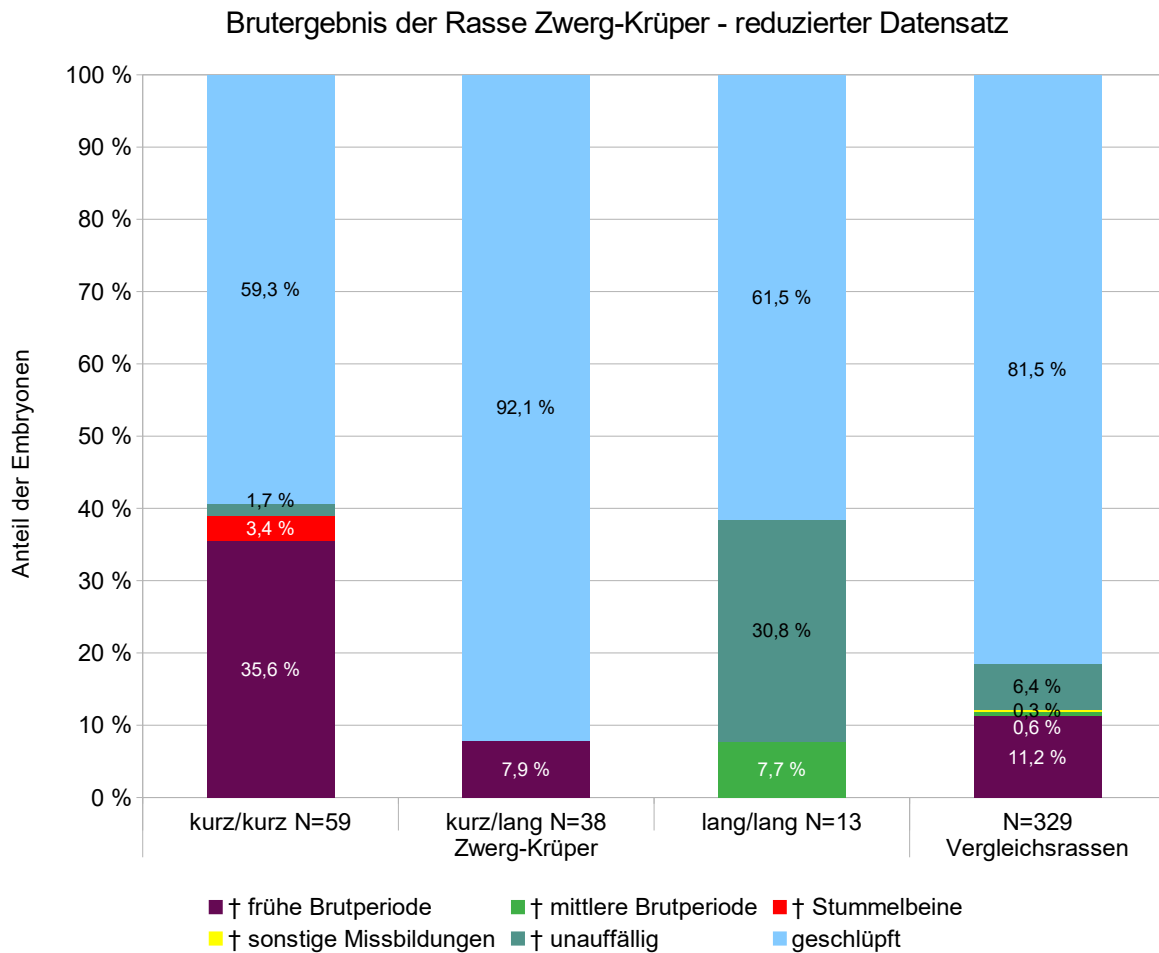


Abbildung 29: Brutergebnis der Rasse Zwerg-Krüper sowie der Vergleichsrassen, differenziert nach Brutperioden und Absterbe-Ursachen in der dritten Brutperiode; reduzierter Datensatz.

4.3.3 Krüper und Zwerg-Krüper – gemeinsame Auswertung

Wie bereits in Kap. 4.2.3 dargestellt, können die Datensätze der beiden Rassen zusammen ausgewertet werden. Die folgenden Tabellen und Abbildungen zeigen, dass sich die zuvor in der Einzelauswertung ermittelten Ergebnisse sowohl auf Basis des vollen wie auch des reduzierten Datensatzes weiter manifestieren.

a) Voller Datensatz

Tabelle 23: Absterbe-Ereignisse bei den verschiedenen Verpaarungen der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper sowie den Vergleichsrassen in der späten Brutperiode, differenziert nach Vorhandensein und Morphologie von Missbildungen; voller Datensatz. Hellrot: Auftreten von Stummelbeinen.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Abgestorben späte Brutperiode N	Absterbe-Ereignisse späte Brutperiode		
			„Stummelbeine“ N (%)	sonstige Missbildungen N (%)	keine Missbildungen N (%)
kurz x kurz	290	17	10 (3,45)	4 (1,38)	3 (1,03)
Σ gemischt	503	25	0 (0,00)	11 (2,19)	14 (2,78)
lang x lang	109	8	0 (0,00)	3 (2,75)	5 (4,59)
Vergleichs- rassen	329	22	0 (0,00)	1 (0,30)	21 (6,38)

Brutergebnis der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper - voller Datensatz

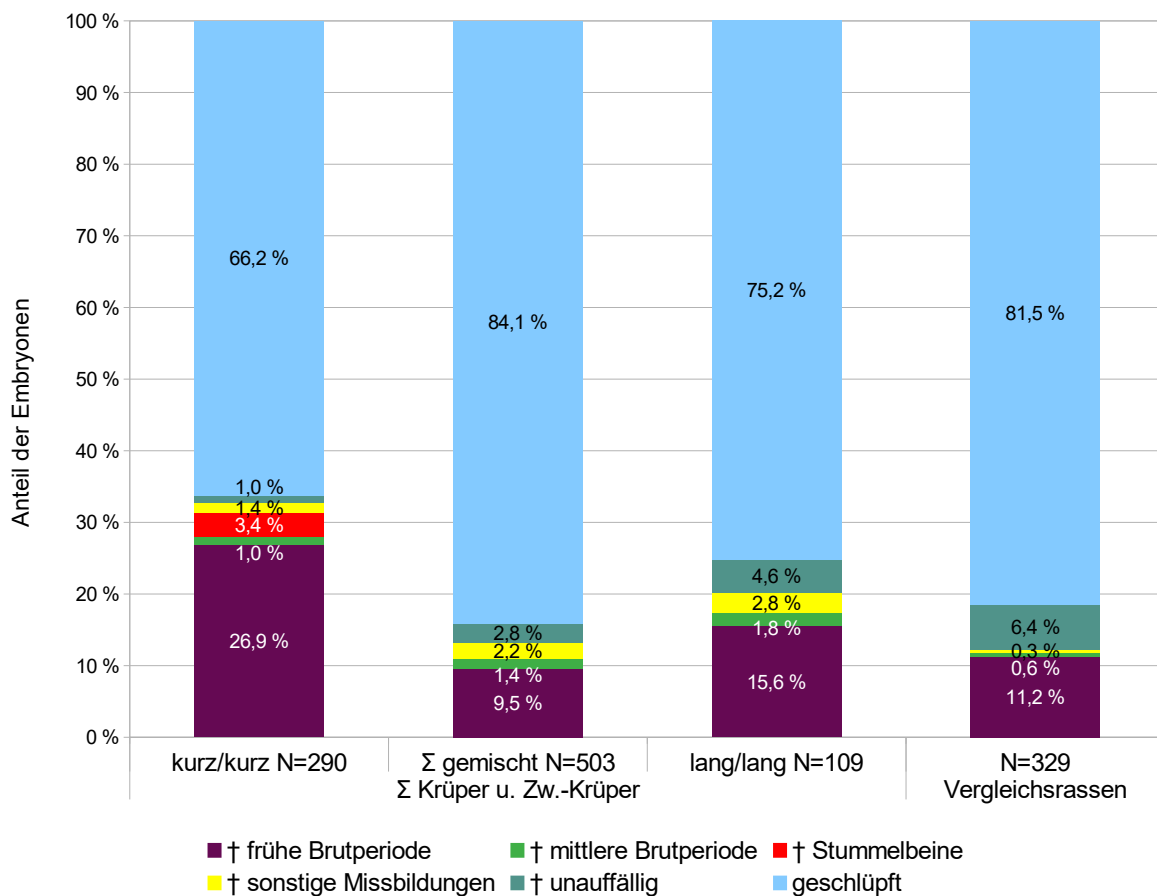


Abbildung 30: Brutergebnis der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper sowie der Vergleichsrassen, differenziert nach Brutperioden und Absterbe-Ursachen in der dritten Brutperiode; voller Datensatz.

b) Reduzierter Datensatz

Tabelle 24: Absterbe-Ereignisse bei den verschiedenen Verpaarungen der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper sowie den Vergleichsrassen in der späten Brutperiode, differenziert nach Vorhandensein und Morphologie von Missbildungen; reduzierter Datensatz. Hellrot: Auftreten von Stummelbeinen.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Abgestorben späte Brutperiode N	Absterbe-Ereignisse späte Brutperiode		
			„Stummelbeine“ N (%)	sonstige Missbildungen N (%)	keine Missbildungen N (%)
kurz x kurz	193	9	4 (2,07)	3 (1,55)	2 (1,04)
Σ gemischt	197	6	0 (0,00)	2 (1,46)	4 (2,92)
lang x lang	96	8	0 (0,00)	3 (3,13)	5 (5,21)
Vergleichs- rassen	329	22	0 (0,00)	1 (0,30)	21 (6,38)

Brutergebnis der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper - reduzierter Datensatz

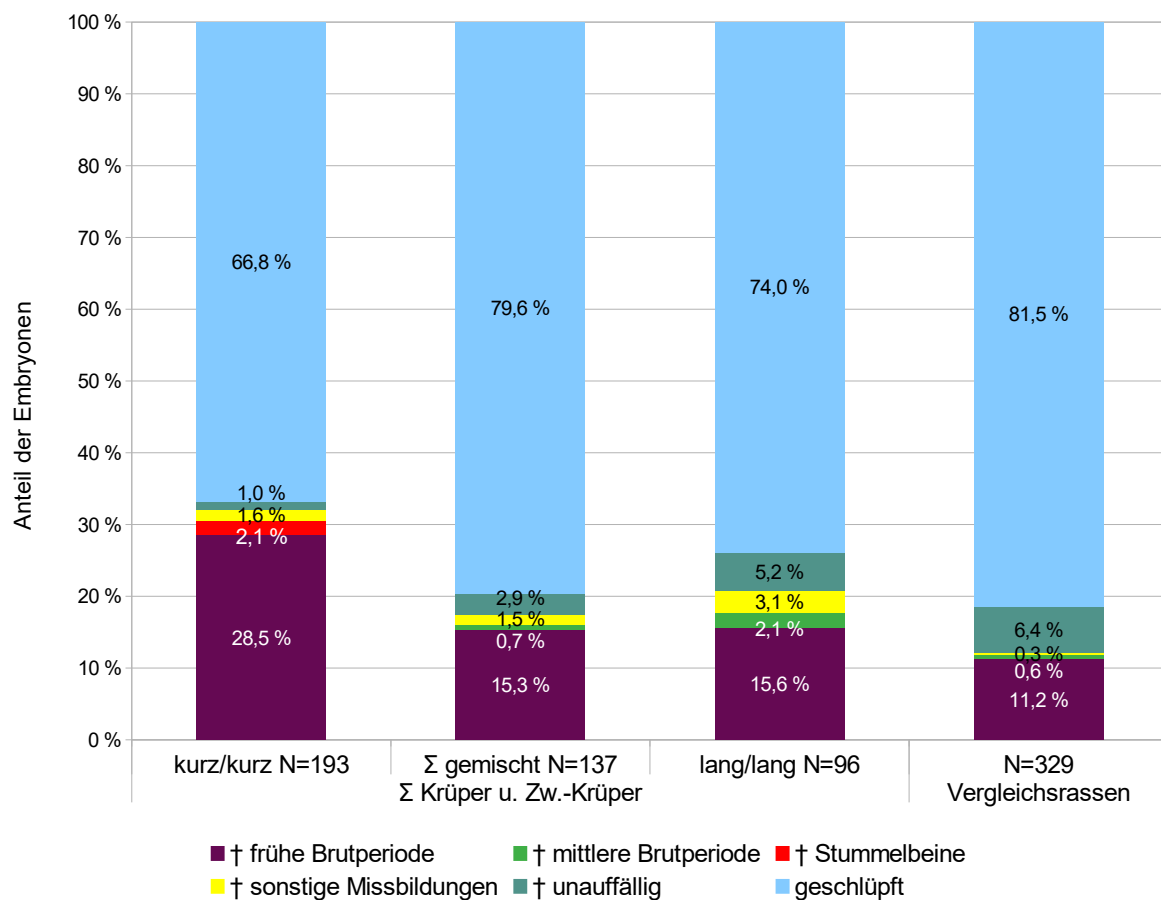


Abbildung 31: Brutergebnis der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper sowie der Vergleichsrassen, differenziert nach Brutperioden und Absterbe-Ursachen in der dritten Brutperiode; reduzierter Datensatz.

4.3.4 Chabo

a) Voller Datensatz

Bei den Chabo konnten „Stummelbeine“ lediglich bei der Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig und hier bei 6 Embryonen (5,26 % der befruchteten Bruteier) vorgefunden werden, während bei der zweiten Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander (kurzbeinig x sehr kurzbeinig) entgegen der Erwartungen keine diesbezüglichen Beobachtungen gemacht wurden.

Weiterhin fällt bei der Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig die gegenüber den Vergleichsrassen hoch signifikant erhöhte Anzahl unauffälliger Absterbe-Ereignisse auf (14,04 % vs. 6,38%; $\chi^2 = 11,171$; $p < 0,001$), die bei den anderen Verpaarungen nicht beobachtet wurde und deren Ursache unklar ist.

Tabelle 25: Absterbe-Ereignisse bei den verschiedenen Verpaarungen der Rasse Chabo und den Vergleichsrassen in der späten Brutperiode, differenziert nach Vorhandensein und Morphologie von Missbildungen; voller Datensatz. Hellrot: Auftreten von Stummelbeinen.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Abgestorben späte Brutperiode N	Absterbe-Ereignisse späte Brutperiode		
			„Stummelbeine“ N (%)	sonstige Missbildungen N (%)	keine Missbildungen N (%)
kurz x sehr kurz	73	7	0 (0,00)	2 (2,74)	5 (6,85)
kurz x kurz	114	24	6 (5,26)	2 (1,75)	16 (14,04)
kurz x lang	312	20	0 (0,00)	6 (1,92)	14 (4,49)
lang x kurz	71	0	0 (0,00)	0 (0,00)	0 (0,00)
Σ gemischt	383	20	0 (0,00)	6 (1,57)	14 (3,66)
lang x lang	53	5	0 (0,00)	4 (7,55)	1 (1,89)
Vergleichs- rassen	329	22	0 (0,00)	1 (0,30)	21 (6,38)

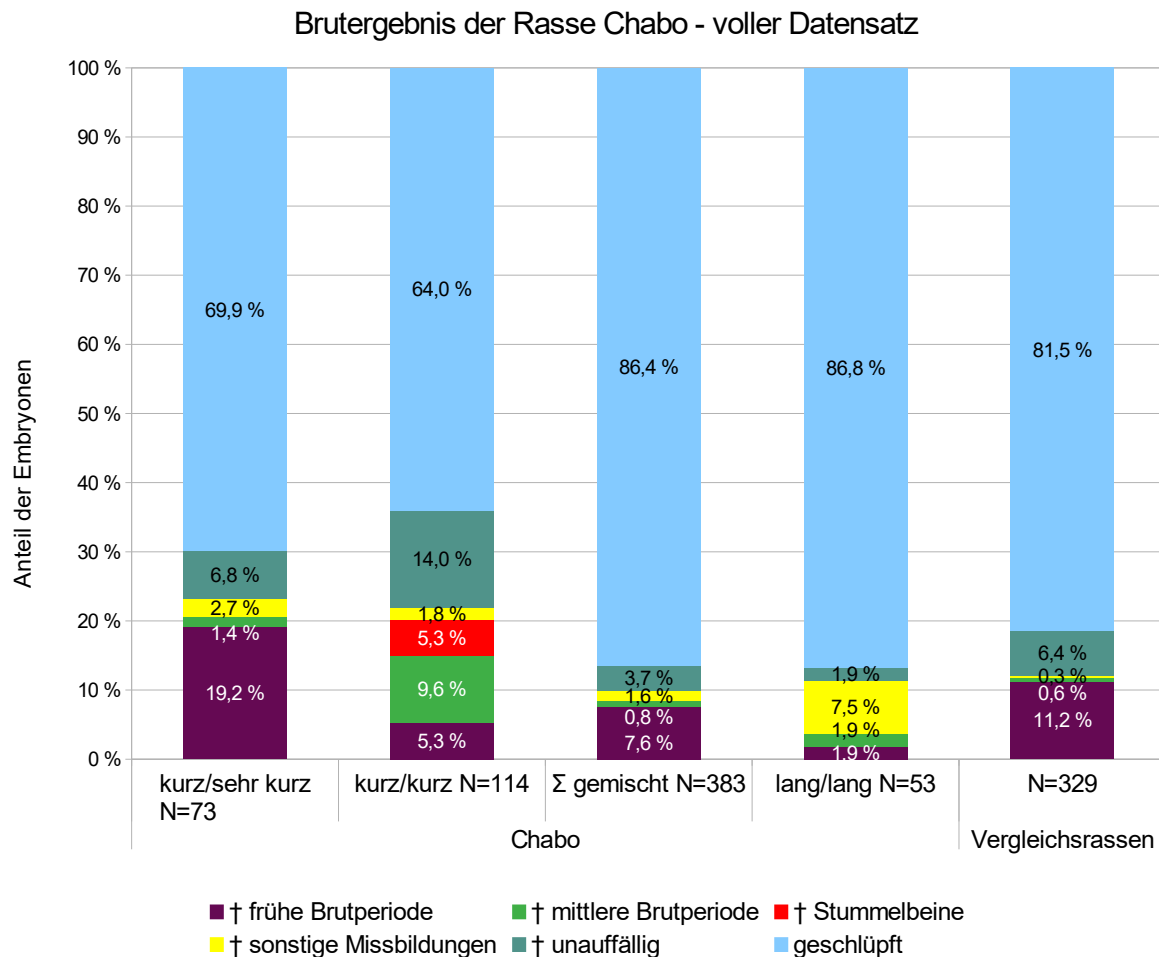


Abbildung 32: Brutergebnis der Rasse Chabo sowie der Vergleichsrassen, differenziert nach Brutperioden und Absterbe-Ursachen in der dritten Brutperiode; voller Datensatz.

b) Reduzierter Datensatz

Im reduzierten Datensatz konnten bei der Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig keine „stummelbeinigen“ Embryonen registriert werden, was vermutlich auf die geringere Stichprobengröße (47 im Vergleich zu 114) zurückzuführen ist. Ansonsten bestätigen sich auch hier die für den vollen Datensatz generierten Ergebnisse, speziell, was die statistisch signifikante Erhöhung der unauffälligen Absterbe-Ereignisse bei der Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig betrifft (21,28 % vs. 6,38%; $\chi^2 = 17,447$; $p < 0,001$).

Tabelle 26: Absterbe-Ereignisse bei den verschiedenen Verpaarungen der Rasse Chabo und den Vergleichsrassen in der späten Brutperiode, differenziert nach Vorhandensein und Morphologie von Missbildungen; reduzierter Datensatz.

Verpaarung	Bruteier befruchtet N	Abgestorben späte Brutperiode N	Absterbe-Ereignisse späte Brutperiode		
			„Stummelbeine“ N (%)	sonstige Missbildungen N (%)	keine Missbildungen N (%)
kurz x sehr kurz	73	7	0 (0,00)	2 (2,74)	5 (6,85)
kurz x kurz	47	12	0 (0,00)	2 (4,26)	10 (21,28)
kurz x lang	162	5	0 (0,00)	3 (1,85)	2 (1,23)
lang x kurz	22	0	0 (0,00)	0 (0,00)	0 (0,00)
Σ gemischt	184	5	0 (0,00)	3 (1,63)	2 (1,09)
lang x lang	34	3	0 (0,00)	3 (8,82)	0 (0,00)
Vergleichs- rassen	329	22	0 (0,00)	1 (0,30)	21 (6,38)

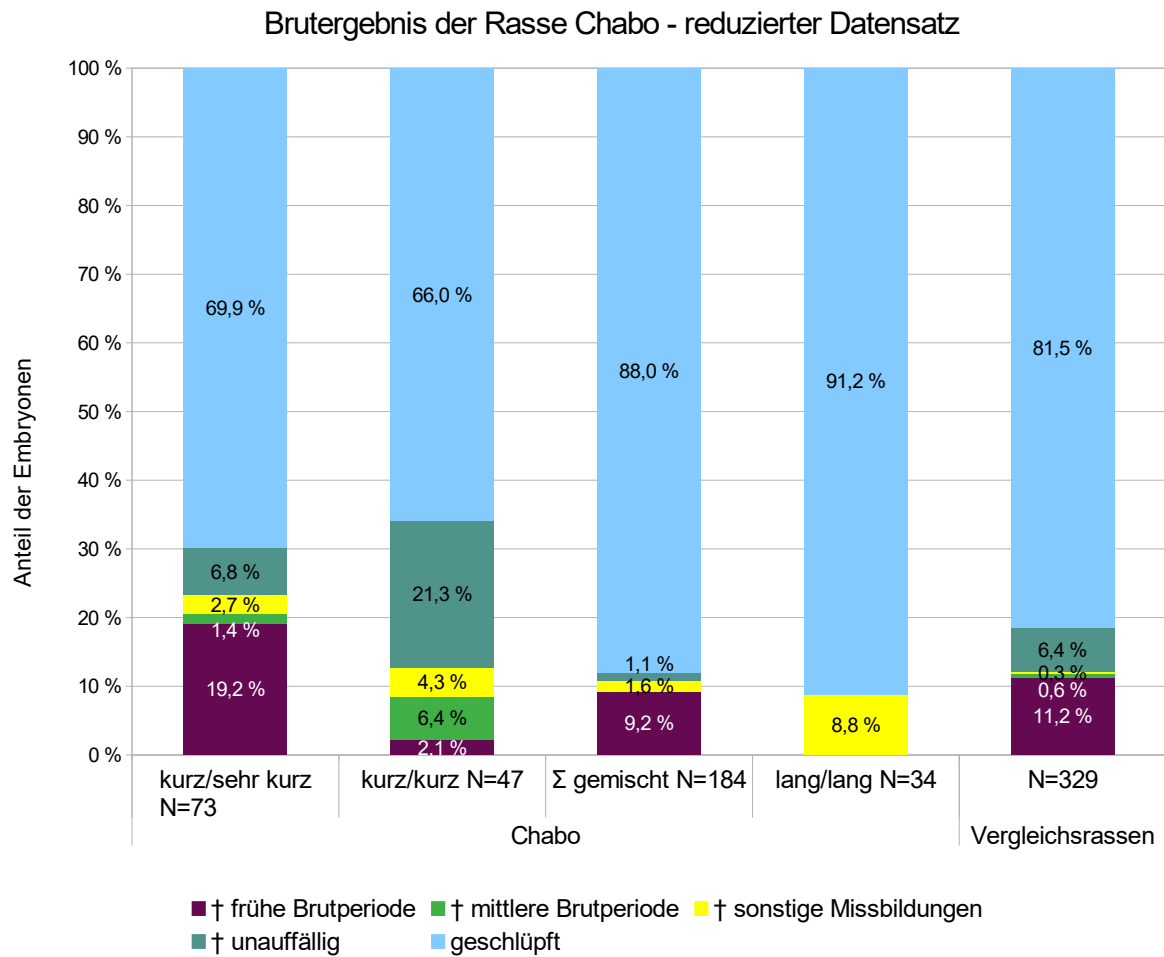


Abbildung 33: Brutergebnis der Rasse Chabo sowie der Vergleichsrassen, differenziert nach Brutperioden und Absterbe-Ursachen in der dritten Brutperiode; reduzierter Datensatz.

4.4 Beobachtungen an geschlüpften Küken

4.4.1 Zuordnung der Küken

Auch bei der Zuordnung der Küken zu den verschiedenen Phänotypen wurde parallel das visuelle und hierarchische Clustern auf Basis der Tarsometatarsus-Längen angewendet und beide Methoden hinsichtlich ihrer Plausibilität beurteilt. Zusätzlich wurden für alle untersuchten kurzbeinigen Rassen Vergleichssatzen erstellt, die nur die Nachkommen jener Elterntiere umfassten, die Bestandteil der zuvor definierten reduzierten Datensätze waren (siehe Kap 3.4).

Als Standardmethode für die Zuordnung wurde auch hier die visuelle Clusterung gewählt, da sie in den meisten Fällen zu den plausibleren Ergebnissen führte.

4.4.2 Krüper

Bei den Krüpern gingen insgesamt 395 Küken in das Projekt ein, davon 206 im reduzierten Datensatz.

a) Voller Datensatz

Der visuellen Clusteranalyse folgend wurden 173 Küken als kurzbeinig und 222 als langbeinig eingestuft (Grenzbereich 20,40 – 20,52 mm), nach der hierarchischen Clusterung 331 als kurzbeinig und nur 64 als langbeinig (Grenzbereich 24,25 – 24,37 mm).

Tabelle 27: Erhebung der Tarsometatarsus-Längen der Küken der Rasse Krüper nach visueller und hierarchischer Clusterung des vollen Datensatzes.

Methode Clusterung	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
visuell	kurzbeinig	172	13,13	20,40	7,27	17,66	1,59
	langbeinig	222	20,52	30,05	9,53	23,44	2,07
hierarchisch	kurzbeinig	331	13,13	24,25	9,12	19,90	2,71
	langbeinig	64	24,37	30,05	5,68	26,12	1,47

Die Verteilung der Küken auf die beiden Phänotypen zeigt z. T. deutliche Abweichungen von den aus dem Vererbungsmodell abgeleiteten Erwartungswerten. Dabei sind zwei Befunde besonders auffällig:

- 1 Der Anteil der kurzbeinigen Individuen ist bei der Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander sehr signifikant herabgesetzt (55,30 % vs. 66,67 %; $\chi^2 = 7,670$; $p = 0,006$)

- 2 Unter den Nachkommen der Verpaarung langbeinig x langbeinig treten kurzbeinige Küken mit einem Anteil von 19,72 % auf, was nach dem in der Literatur beschriebenen Erbgang nicht möglich ist

Hinzu kommt, dass auch bei den gemischten Verpaarungen in der Summe der Anteil der kurzbeinigen Küken unterrepräsentiert ist, auch wenn er noch nicht signifikant vom Erwartungswert abweicht (44,79 % vs. 50,00 %; $\chi^2 = 2,083$; $p = 0,149$).

Tabelle 28: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rasse Krüper, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; voller Datensatz. Hellorange: sehr signifikante Verringerung; Hellgelb: signifikante Verringerung; Fettdruck: Anteil kurzbeiniger Küken aus der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern.

Verpaarung	Anzahl Küken N	kurz N	lang N	kurz %	kurz erwartet %	lang %	lang erwartet %
kurz x kurz	132	73	59	55,30	66,67	44,70	33,33
kurz x lang	92	36	56	39,13	50,00	60,87	50,00
lang x kurz	100	50	50	50,00	50,00	50,00	50,00
Σ gemischt	192	86	106	44,79	50,00	55,21	50,00
lang x lang	71	14	57	19,72	0,00	80,28	100,00

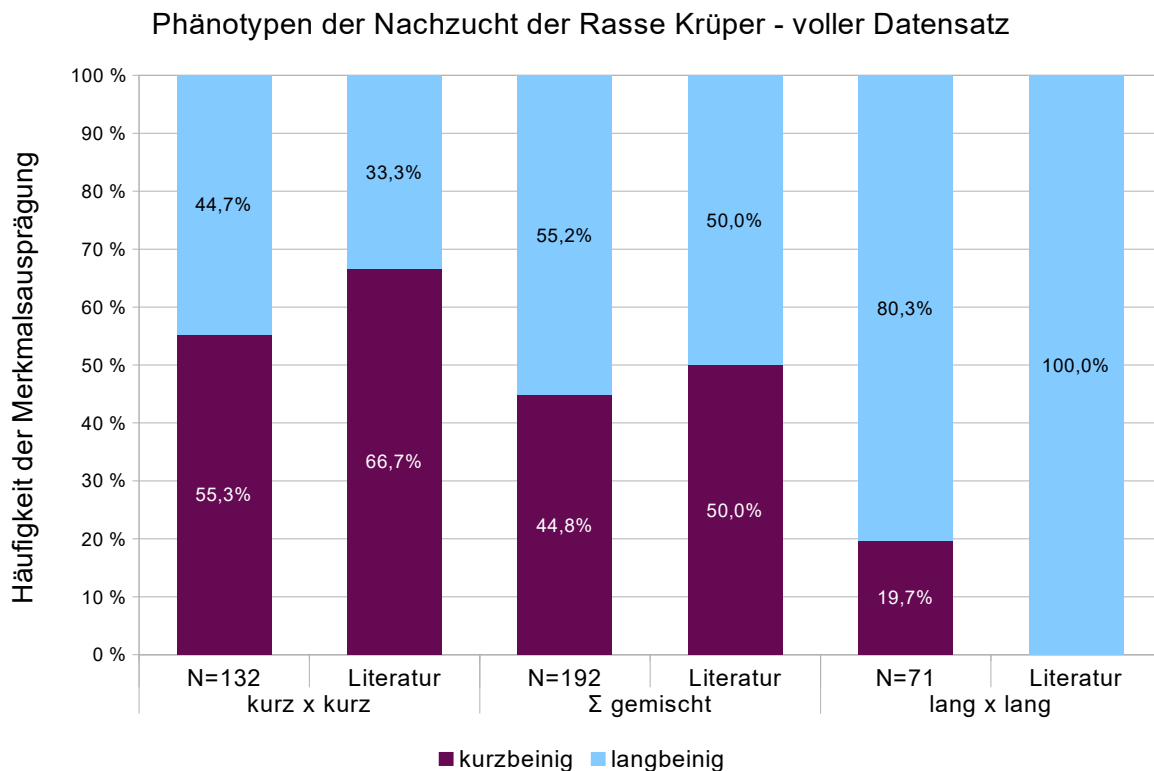


Abbildung 34: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rasse Krüper, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; voller Datensatz.

Der Vergleich der Tarsometatarsus-Längen zeigt, dass die Variationsbreite der kurzbeinigen Küken aus der Verpaarung langbeinig x langbeinig bis über 4 mm unter den oberen Grenzwert dieses Clusters (20,40 mm) reicht, was unwahrscheinlich macht, dass es sich hier komplett um Fehlzuordnungen handelte.

Tabelle 29: Erhebung der Tarsometatarsus-Längen der Küken der Rasse Krüper, differenziert nach den einzelnen Verpaarungen; voller Datensatz. Fettdruck: Kurzbeinige Küken aus der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern.

Verpaarung	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
kurz x kurz	kurzbeinig	73	13,13	20,25	7,12	17,43	1,52
	langbeinig	59	20,52	26,95	6,43	22,76	1,55
kurz x lang	kurzbeinig	36	13,95	20,40	6,45	17,99	1,61
	langbeinig	56	20,56	29,48	8,92	23,82	2,41
lang x kurz	kurzbeinig	50	14,02	20,39	6,37	17,55	1,66
	langbeinig	50	20,59	28,86	8,27	23,60	2,07
Σ gemischt	kurzbeinig	86	13,95	20,40	6,45	17,73	1,65
	langbeinig	106	20,56	29,84	9,28	23,65	2,26
lang x lang	kurzbeinig	14	16,27	20,24	3,97	18,44	1,38
	langbeinig	57	20,68	30,05	9,37	23,74	2,05

b) Reduzierter Datensatz

Im reduzierten Datensatz wurden 81 Küken als kurzbeinig und 125 als langbeinig eingestuft. Der Grenzbereich der beiden Cluster entsprach nach der visuellen Clusterung dem des vollen Datensatzes (20,40 – 20,52 mm).

Tabelle 30: Erhebung der Tarsometatarsus-Längen der Küken der Rasse Krüper; reduzierter Datensatz.

Methode Clusterung	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
visuell	kurzbeinig	81	13,13	20,40	7,27	17,96	1,51
	langbeinig	125	20,52	30,05	9,53	23,43	2,11

Die Auswertung bestätigt die im vollen Datensatz ermittelten Ergebnisse. Der Anteil der kurzbeinigen Individuen aus der Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander ist hier sogar noch geringer (49,32 %; $\chi^2 = 9,890$; $p = 0,002$), ihr Anteil aus der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern untereinander zeigt mit 17,74 % einen vergleichbaren Wert wie im vollen Datensatz.

Tabelle 31: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rasse Krüper, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; reduzierter Datensatz. Hellorange: sehr signifikante Verringerung; Fettdruck: Anteil kurzbeiniger Küken aus der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern.

Verpaarung	Anzahl Küken N	kurz N	lang N	kurz %	kurz erwartet %	lang %	lang erwartet %
kurz x kurz	73	36	37	49,32	66,67	50,68	33,33
kurz x lang	42	16	26	38,10	50,00	61,90	50,00
lang x kurz	29	18	11	62,07	50,00	37,93	50,00
Σ gemischt	71	34	37	47,89	50,00	52,11	50,00
lang x lang	62	11	51	17,74	0,00	82,26	100,00

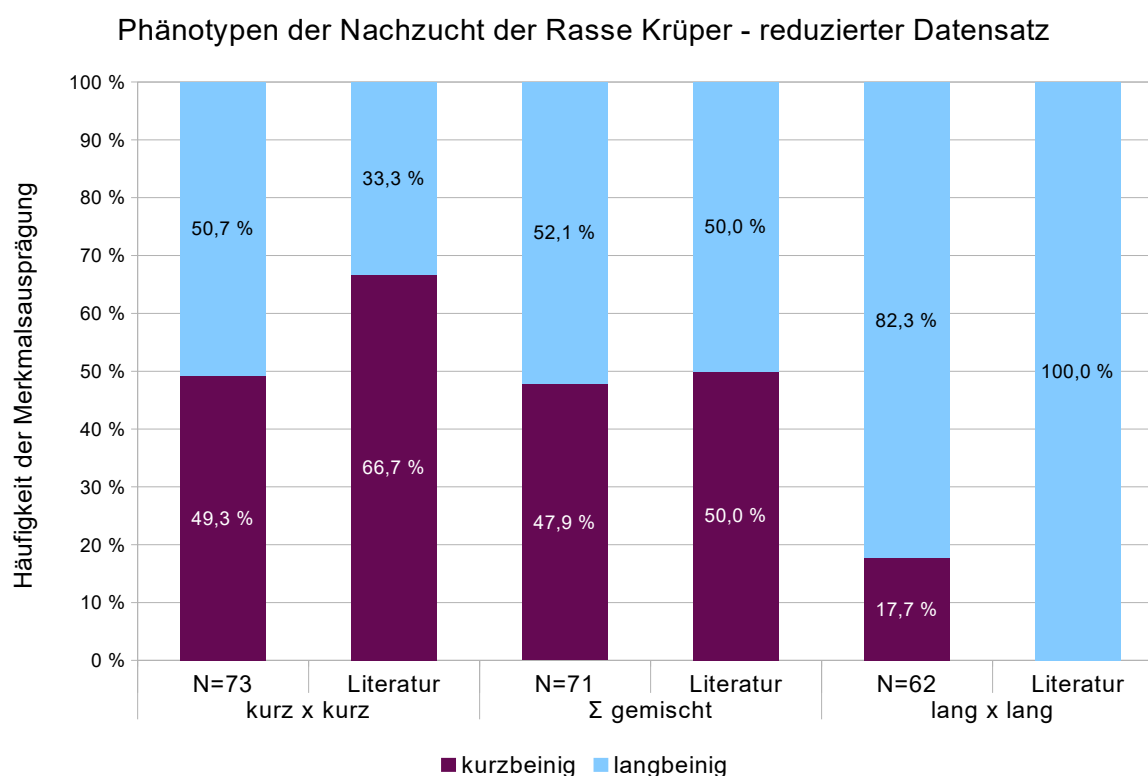


Abbildung 35: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rasse Krüper, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; reduzierter Datensatz.

Obwohl die Küken des reduzierten Datensatzes allesamt Nachkommen von deutlich kurz- und/oder deutlich langbeinigen Elterntieren waren, zeigen sie hinsichtlich ihrer Tarsometatarsus-Längen weder bezüglich des Wertespektrums, noch der Mittelwerte oder der Standardabweichung Unterschiede zum vollen Datensatz.

Die Variationsbreite der kurzbeinigen Küken aus der Verpaarung langbeinig x langbeinig reicht auch in diesem Datensatz bis über 4 mm unter den oberen Grenzwert dieses Clusters.

Tabelle 32: Erhebung der Tarsometatarsus-Längen der Küken der Rasse Krüper, differenziert nach den einzelnen Verpaarungen; reduzierter Datensatz. Fettdruck: Kurzbeinige Küken aus der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern.

Verpaarung	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
kurz x kurz	kurzbeinig	36	13,13	20,25	7,12	17,42	1,62
	langbeinig	37	20,52	26,71	6,19	22,65	1,64
kurz x lang	kurzbeinig	16	16,06	20,40	4,34	18,76	1,28
	langbeinig	26	20,56	28,89	8,33	23,84	2,62
lang x kurz	kurzbeinig	18	15,94	19,81	3,87	17,80	1,14
	langbeinig	11	20,77	25,36	4,59	23,17	1,42
Σ gemischt	kurzbeinig	34	15,94	20,40	4,46	18,25	1,29
	langbeinig	37	20,56	28,89	8,33	23,65	2,33
lang x lang	kurzbeinig	11	16,44	20,24	3,80	18,84	1,21
	langbeinig	51	20,68	30,05	7,37	23,85	2,12

4.4.3 Zwerg-Krüper

Bei den Zwerg-Krüpern wurden insgesamt 250 Küken in die Untersuchung einbezogen, davon 74 im reduzierten Datensatz.

a) Voller Datensatz

Der visuellen Clusteranalyse folgend wurden 119 Küken als kurzbeinig und 131 als langbeinig eingestuft (Grenzbereich 17,62 – 17,84 mm), nach der hierarchischen Clusterung 88 als kurzbeinig und 162 als langbeinig (Grenzbereich 16,37 – 16,52 mm). Auch hier erscheinen die Ergebnisse der visuellen Clusterung plausibler.

Tabelle 33: Erhebung der Tarsometatarsus-Längen der Küken der Rasse Zwerg-Krüper nach visueller und hierarchischer Clusterung des vollen Datensatzes.

Methode Clusterung	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
visuell	kurzbeinig	119	12,17	17,62	5,45	15,60	1,23
	langbeinig	131	17,84	23,88	6,04	20,43	1,50
hierarchisch	kurzbeinig	88	12,17	16,37	4,20	15,07	0,96
	langbeinig	162	16,52	23,88	7,36	19,79	1,89

Die Verteilung der Küken auf die beiden Phänotypen spiegelt die auch schon bei der Großrasse ermittelten Ergebnisse wider. Der Anteil der kurzbeinigen Individuen ist bei der Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander gegenüber dem Erwartungs-

wert herabgesetzt, auch wenn das Signifikanzniveau bei geringer Stichprobengröße (N=35) nicht erreicht wird (60,00 %; $\chi^2 = 0,700$; $p = 0,403$). Ebenso ist der Anteil der kurzbeinigen Nachkommen aus den gemischten Verpaarungen geringer als erwartet (44,98 %) und es treten analog zur Großrasse kurzbeinige Küken aus der Verpaarung langbeiniger Elterntiere untereinander auf. Deren hoher Anteil von 66,67 % sollte jedoch aufgrund der geringen Stichprobengröße von N=6 lediglich qualitativ interpretiert werden.

Tabelle 34: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rasse Zwerg-Krüper, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; voller Datensatz. Fettdruck: Anteil kurzbeiniger Küken aus der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern.

Verpaarung	Anzahl Küken N	kurz N	lang N	kurz %	kurz erwartet %	lang %	lang erwartet %
kurz x kurz	35	21	14	60,00	66,67	40,00	33,33
kurz x lang	209	94	115	44,98	50,00	55,02	50,00
lang x lang	6	4	2	66,67	0,00	33,33	100,00

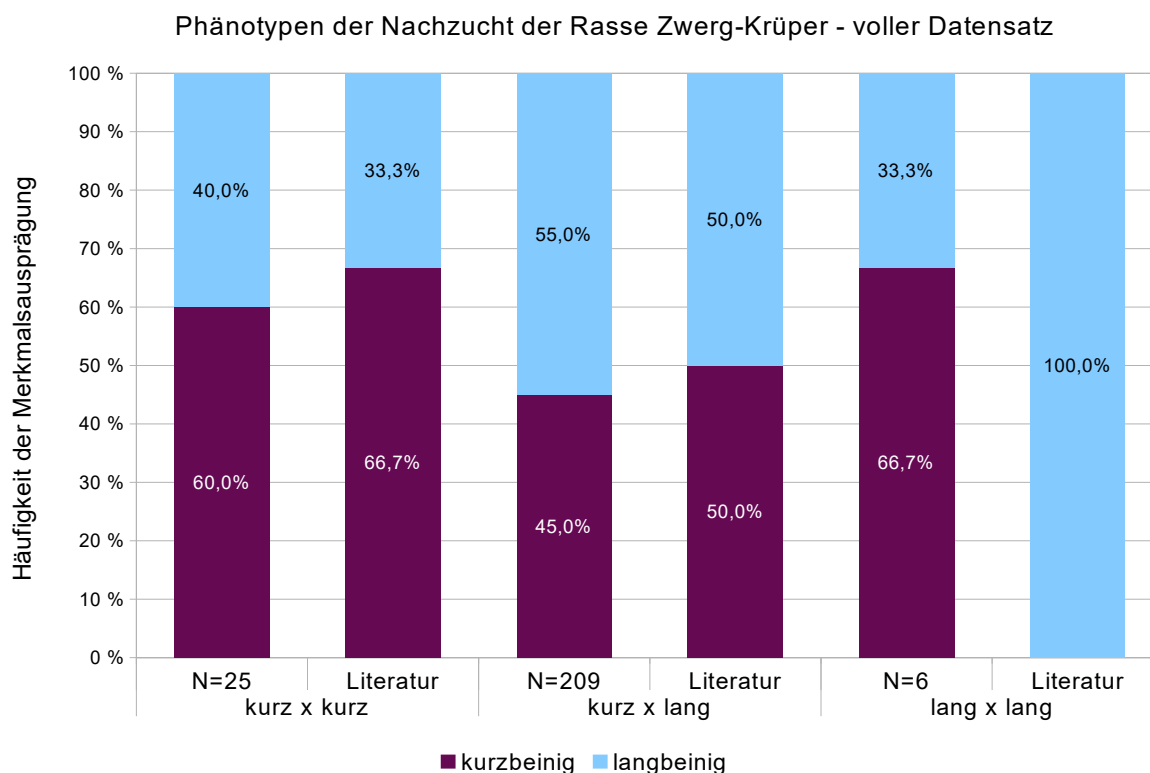


Abbildung 36: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rasse Zwerg-Krüper, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; voller Datensatz.

Auch bei der Zwergform zeigt sich, dass bei der Verpaarung von Nichtmerkmals-trägern untereinander der Variationsbereich der kurzbeinigen Küken den oberen Grenzwert dieses Clusters (17,62 mm) um fast 4 mm unterschreitet, Fehlzuordnungen also überwiegend unwahrscheinlich sind.

Tabelle 35: Erhebung der Tarsometatarsus-Längen der Küken der Rasse Zwerg-Krüper, differenziert nach den einzelnen Verpaarungen; voller Datensatz. Fettdruck: Kurzbeinige Küken aus der Verpaarung von Nicht-merkmalsträgern.

Verpaarung	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
kurz x kurz	kurzbeinig	21	13,59	17,53	3,54	15,57	1,13
	langbeinig	14	18,32	23,50	5,18	20,19	1,56
kurz x lang	kurzbeinig	94	12,17	17,62	5,45	15,62	1,26
	langbeinig	115	17,84	23,88	6,04	20,46	1,50
lang x lang	kurzbeinig	4	13,85	16,75	2,90	15,25	1,32
	langbeinig	2	19,35	21,06	1,71	18,91	1,21

b) Reduzierter Datensatz

Im reduzierten Datensatz wurden nach der visuellen Clusterung 44 Küken als kurzbeinig und 30 als langbeinig eingestuft (Grenzbereich 17,53 – 18,17 mm).

Tabelle 36: Erhebung der Tarsometatarsus-Längen der Küken der Rasse Zwerg-Krüper; reduzierter Datensatz.

Methode Clusterung	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
visuell	kurzbeinig	44	13,59	17,53	3,54	15,55	1,06
	langbeinig	30	18,17	23,50	5,33	20,41	1,52

Relevant für den Vergleich ist hier nur die gemischte Verpaarung kurzbeinig x langbeinig, da sich bei den übrigen Verpaarungen die beiden Datensätze nicht unterscheiden. In dieser stark reduzierten Stichprobe (N=33) ist der Anteil der kurzbeinigen Küken etwas höher (57,58 %), weicht jedoch nicht signifikant vom Erwartungswert (50 %) ab ($\chi^2 = 0,758$; $p = 0,384$)

Tabelle 37: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rasse Zwerg-Krüper, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; reduzierter Datensatz. Fettdruck: Anteil kurzbeiniger Küken aus der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern.

Verpaarung	Anzahl Küken N	kurz N	lang N	kurz %	kurz erwartet %	lang %	lang erwartet %
kurz x kurz	35	21	14	60,00	66,67	40,00	33,33
kurz x lang	33	19	14	57,58	50,00	42,42	50,00
lang x lang	6	4	2	66,67	0,00	33,33	100,00

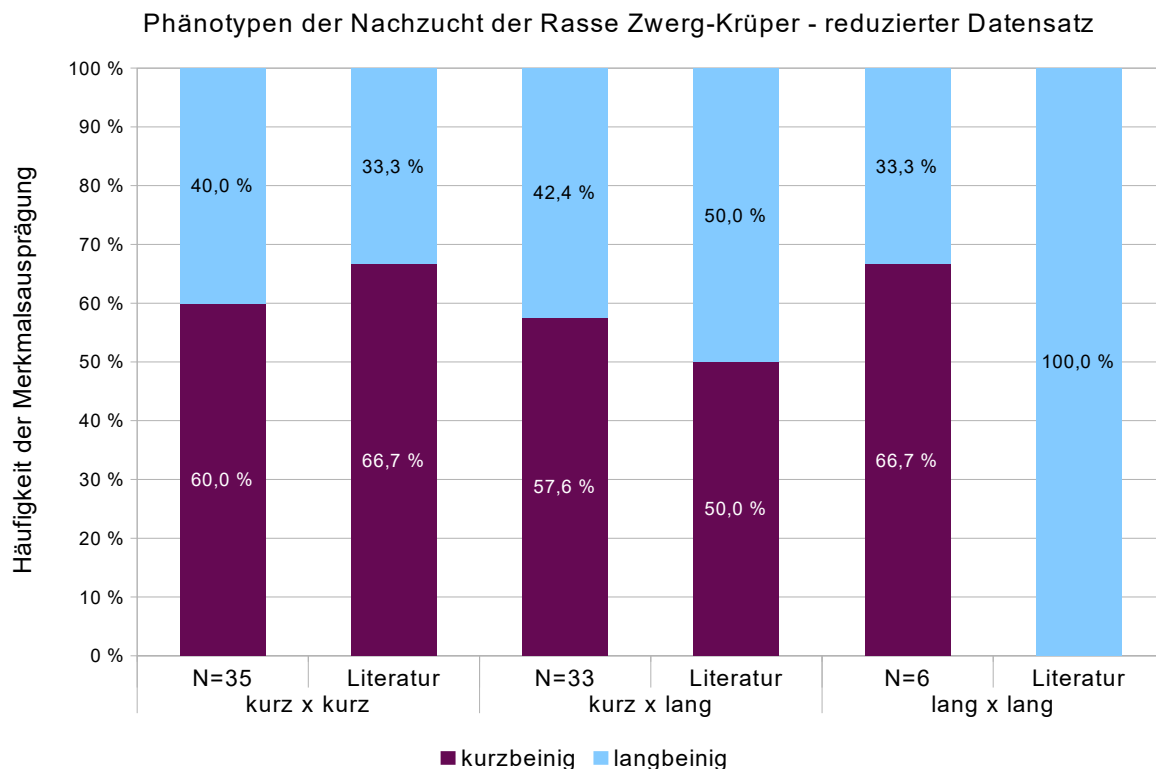


Abbildung 37: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rasse Krüper, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; reduzierter Datensatz.

Auch bei den Zwerg-Krüpern bestand eine weitgehende Übereinstimmung der beiden Datensätze hinsichtlich der Parameter Wertespektrum, Mittelwerte und Standardabweichung.

Tabelle 38: Erhebung der Tarsometatarsus-Längen der Küken der Rasse Zwerg-Krüper, differenziert nach den einzelnen Verpaarungen; reduzierter Datensatz. **Fettdruck: Kurzbeinige Küken aus der Verpaarung von Nicht-merkmalsträgern.**

Verpaarung	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
kurz x kurz	kurzbeinig	21	13,59	17,53	3,54	15,57	1,13
	langbeinig	14	18,32	23,50	5,18	20,19	1,56
kurz x lang	kurzbeinig	19	13,85	17,19	3,34	15,59	0,97
	langbeinig	14	18,17	22,75	4,58	20,66	1,56
lang x lang	kurzbeinig	4	13,85	16,75	2,90	15,25	1,32
	langbeinig	2	19,35	21,06	1,71	18,91	1,21

4.4.4 Krüper und Zwerg-Krüper – gemeinsame Auswertung

Wie bereits in Kap. 4.2.3 dargestellt, können die Datensätze der beiden Rassen zusammen ausgewertet werden.

a) voller Datensatz

Im vollen Datensatz befinden sich in der Summe 645 Tiere. Seine Auswertung bestätigt für die Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander die bereits für die Großrasse erkennbare sehr signifikante Verringerung des Anteils kurzbeiniger Küken gegenüber dem Erwartungswert (56,29 % vs. 66,67 %, $\chi^2 = 8,096$; $p = 0,004$).

Im nun größeren Datensatz wird zudem der verringerte Anteil kurzbeiniger Küken aus den gemischten Verpaarungen signifikant (44,89 % vs. 50,00 %, $\chi^2 = 4,192$; $p = 0,041$).

Tabelle 39: Verteilung der Phänotypen bei den Küken den Rassen Krüper und Zwerg-Krüper, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; voller Datensatz. Hellorange: sehr signifikante Verringerung; Hellgelb: signifikante Verringerung; Fettdruck: Anteil kurzbeiniger Küken aus der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern.

Verpaarung	Anzahl Küken N	kurz N	lang N	kurz %	kurz erwartet %	lang %	lang erwartet %
kurz x kurz	167	94	73	56,29	66,67	43,71	33,33
Σ gemischt	401	180	221	44,89	50,00	55,11	50,00
lang x lang	77	19	59	23,38	0,00	76,62	100,00

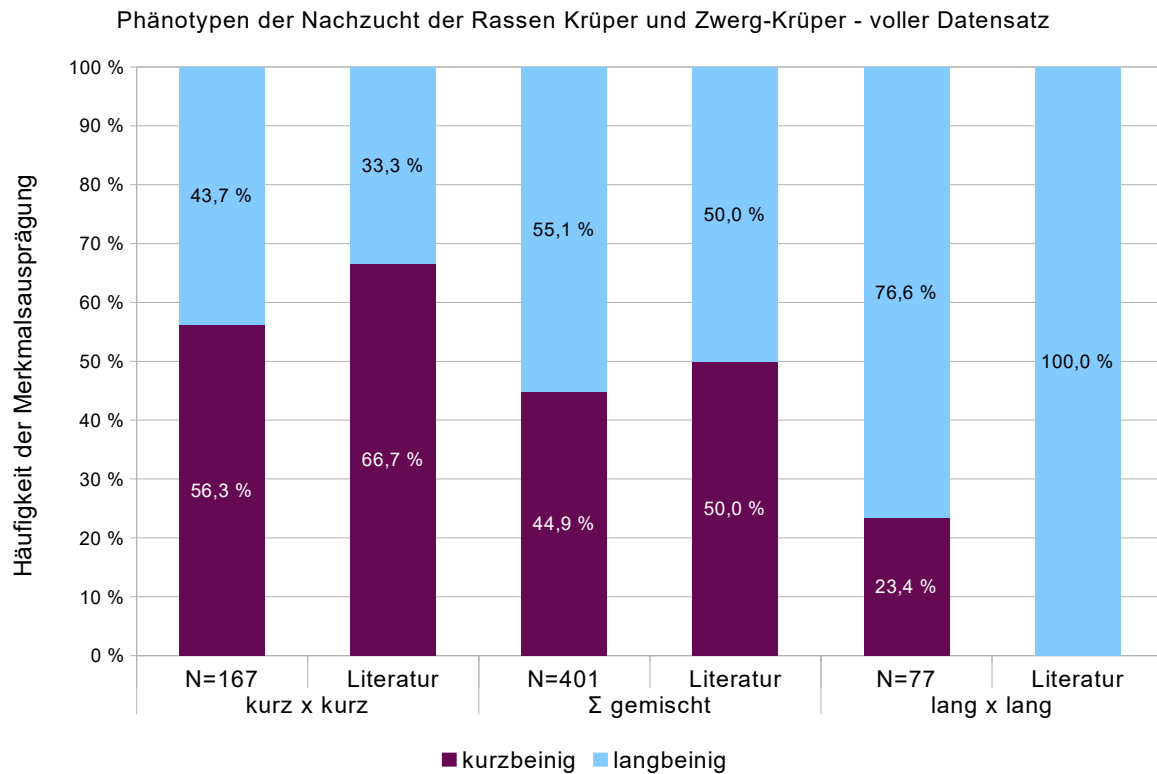


Abbildung 38: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; voller Datensatz.

b) Reduzierter Datensatz

Der reduzierte Datensatz umfasst in der Summe 280 Individuen. Seine Auswertung bestätigt weitgehend die für den vollen Datensatz generierten Ergebnisse. Der Anteil kurzbeiniger Küken aus der Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander ist auch hier gegenüber dem Erwartungswert sehr signifikant verringert (52,78 % vs. 66,67 %, $\chi^2 = 9,375$; $p = 0,002$).

Tabelle 40: Verteilung der Phänotypen bei den Küken den Rassen Krüper und Zwerg-Krüper, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; reduzierter Datensatz. Hellorange: sehr signifikante Verringerung; Fettdruck: Anteil kurzbeiniger Küken aus der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern.

Verpaarung	Anzahl Küken N	kurz N	lang N	kurz %	kurz erwartet %	lang %	lang erwartet %
kurz x kurz	108	57	51	52,78	66,67	47,22	33,33
Σ gemischt	104	53	51	50,96	50,00	49,04	50,00
lang x lang	68	15	53	22,06	0,00	77,94	100,00

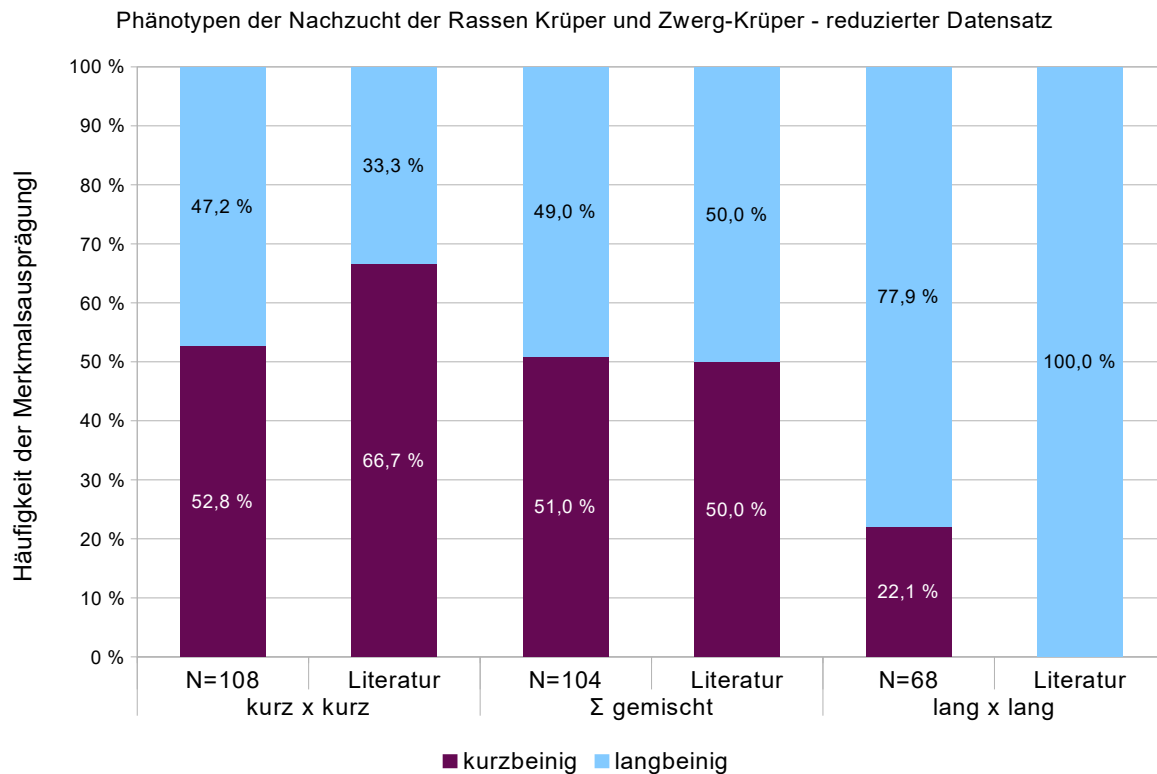


Abbildung 39: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; reduzierter Datensatz.

4.4.5 Chabo

Bei den Chabo gingen insgesamt 471 Küken in das Projekt ein, davon 263 im reduzierten Datensatz.

Eine Differenzierung in drei Cluster, wie sie bei den Hennen der Elterntiere beobachtet werden konnte, war bei den Küken, auch bei den Nachkommen der beiden sehr kurzbeinigen Hennen, nicht erkennbar. Es wurde daher, wie auch bei den anderen Rassen, eine Clusterung in zwei Gruppen, kurzbeinig und langbeinig, vorgenommen.

a) Voller Datensatz

Der visuellen Clusteranalyse folgend wurden 230 Küken als kurzbeinig und 241 als langbeinig eingestuft (Grenzbereich 15,83 – 15,90 mm), nach der hierarchischen Clusterung 287 als kurzbeinig und nur 184 als langbeinig (Grenzbereich 16,77 – 16,81 mm).

Tabelle 41: Erhebung der Tarsometatarsus-Längen der Küken der Rasse Chabo nach visueller und hierarchischer Clusterung des vollen Datensatzes.

Methode Clusterung	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
visuell	kurzbeinig	230	9,54	15,83	6,29	13,44	1,43
	langbeinig	241	15,90	25,47	9,57	18,07	1,67
hierarchisch	kurzbeinig	287	9,54	16,77	7,23	14,01	1,72
	langbeinig	184	16,81	25,47	8,66	18,61	1,54

Bei den Chabo war der Anteil der kurzbeinigen Nachkommen aus der Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander nur bei der Verpaarung kurzbeinig x sehr kurzbeinig gegenüber dem Erwartungswert zwar herabgesetzt (60,42 % vs. 66,67 %), erreicht jedoch bei einer relativ geringen Stichprobengröße (N=48) noch nicht Signifikanzniveau ($\chi^2 = 0,844$; $p = 0,358$). Bei der Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig wurde der Erwartungswert mit einem Anteil von 67,61 % fast exakt erreicht, bei den gemischten Verpaarungen war eine leichte, jedoch noch nicht signifikante Verringerung des Anteils kurzbeiniger Küken gegenüber dem erwarteten Ergebnis zu beobachten (47,08 % vs. 50,00 %; $\chi^2 = 1,052$; $p = 0,305$). Wie auch bei den Krüpern und Zwerg-Krüpern fielen aus der Verpaarung langbeiniger Elterntiere untereinander auch kurzbeinige Küken, hier mit einem Anteil von 18,18 %.

Tabelle 42: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rasse Chabo, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; voller Datensatz. Hellrot: hoch signifikante Verringerung; Fettdruck: Anteil kurzbeiniger Küken aus der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern.

Verpaarung	Anzahl Küken N	kurz N	lang N	kurz %	kurz erwartet %	lang %	lang erwartet %
kurz x sehr kurz	48	29	19	60,42	66,67	39,58	33,33
kurz x kurz	71	48	23	67,61	66,67	32,39	33,33
kurz x lang	248	130	118	52,42	50,00	47,58	50,00
lang x kurz	60	15	45	25,00	50,00	75,00	50,00
Σ gemischt	308	145	163	47,08	50,00	52,92	50,00
lang x lang	44	8	36	18,18	0,00	81,82	100,00

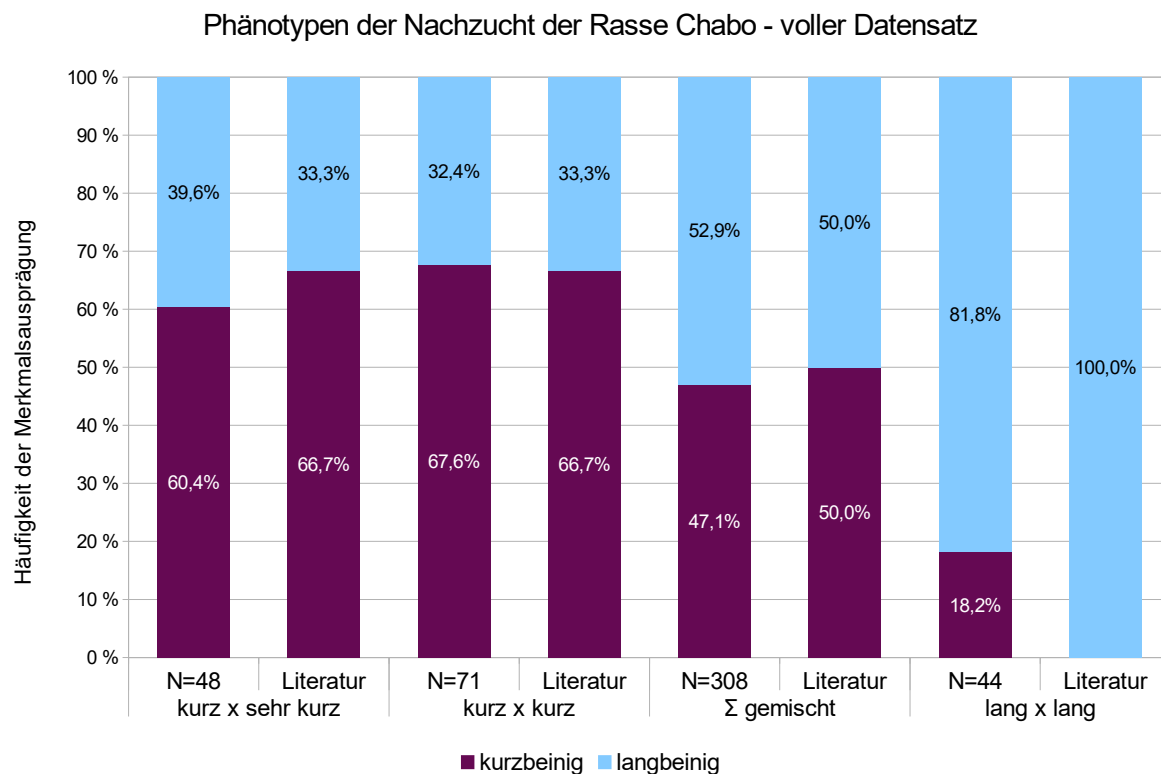


Abbildung 40: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rasse Chabo, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; voller Datensatz.

Die Variationsbreite der kurzbeinigen Küken aus der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern untereinander reicht bei den Chabo bis ca. 3 mm unter den oberen Grenzbereich dieses Clusters (15,83 mm), was auch hier Fehlzusordnungen zumindest bei einem Teil der Küken unwahrscheinlich macht.

Tabelle 43: Erhebung der Tarsometatarsus-Längen der Küken der Rasse Chabo, differenziert nach den einzelnen Verpaarungen; voller Datensatz. **Fettdruck:** Kurzbeinige Küken aus der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern.

Verpaarung	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
kurz x sehr kurz	kurzbeinig	29	10,88	15,72	4,84	13,76	1,38
	langbeinig	19	15,94	22,80	6,86	18,90	1,85
kurz x kurz	kurzbeinig	48	9,54	15,72	6,18	13,01	1,74
	langbeinig	23	16,08	21,27	5,19	17,60	1,40
kurz x lang	kurzbeinig	130	9,94	15,83	5,89	13,43	1,32
	langbeinig	118	15,90	25,47	9,57	17,98	1,67
lang x kurz	kurzbeinig	15	12,07	15,82	3,75	13,65	1,14
	langbeinig	45	15,91	24,07	8,16	17,73	1,48
Σ gemischt	kurzbeinig	145	9,94	15,83	5,89	13,46	1,30
	langbeinig	163	15,90	25,47	8,57	17,91	1,62
lang x lang	kurzbeinig	8	12,93	15,66	2,73	14,57	0,99
	langbeinig	36	16,02	23,87	7,85	18,64	1,74

b) Reduzierter Datensatz

Im reduzierten Datensatz wurden nach der visuellen Clusterung 123 Küken als kurzbeinig und 140 als langbeinig eingestuft (Grenzbereich 15,28 – 15,50 mm)

Tabelle 44: Erhebung der Tarsometatarsus-Länge der Küken der Rasse Chabo; reduzierter Datensatz.

Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
		Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
kurzbeinig	123	9,54	15,28	5,34	13,33	1,24
langbeinig	140	15,50	23,87	8,37	17,94	1,76

Die Auswertung bestätigt weitgehend die für den vollen Datensatz ermittelten Ergebnisse.

Tabelle 45: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rasse Chabo, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; reduzierter Datensatz. Fettdruck: Anteil kurzbeiniger Küken aus der Verpaarung von Nicht-merkmalsträgern.

Verpaarung	Anzahl Küken N	kurz N	lang N	kurz %	kurz erwartet %	lang %	lang erwartet %
kurz x sehr kurz	48	27	21	56,25	66,67	43,75	33,33
kurz x kurz	28	21	7	75,00	66,67	25,00	33,33
kurz x lang	136	63	73	46,32	50,00	53,68	50,00
lang x kurz	20	9	11	45,00	50,00	55,00	50,00
Σ gemischt	156	72	84	46,15	50,00	53,85	50,00
lang x lang	31	3	28	9,68	0,00	90,32	100,00

Phänotypen der Nachzucht der Rasse Chabo - reduzierter Datensatz

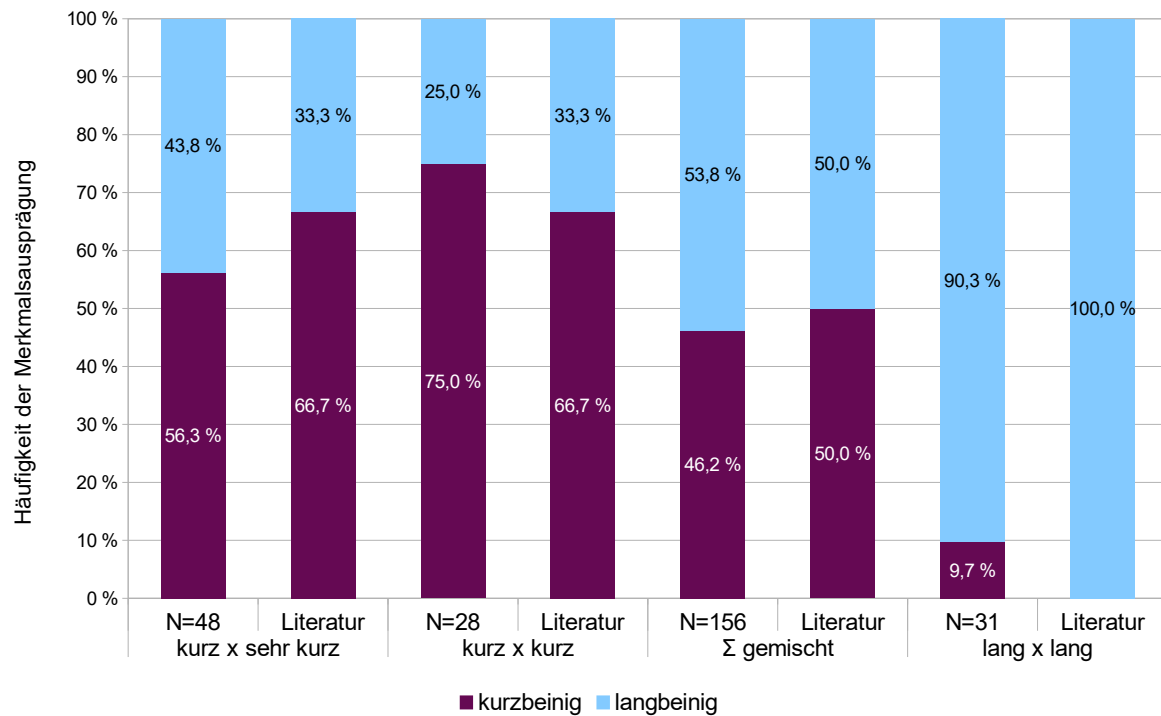


Abbildung 41: Verteilung der Phänotypen bei den Küken der Rasse Chabo, differenziert nach den verschiedenen Verpaarungen; reduzierter Datensatz.

Auch hier reichte die Lauflänge einzelner kurzbeiniger Küken aus der Verpaarung langbeinig x langbeinig deutlich unter den oberen Grenzbereich dieses Clusters (15,28 mm).

Tabelle 46: Erhebung der Tarsometatarsus-Länge der Küken der Rasse Chabo, differenziert nach den einzelnen Verpaarungen; reduzierter Datensatz. **Fettdruck:** Kurzbeinige Küken aus der Verpaarung von Nicht-merkmalsträgern.

Verpaarung	Zuordnung	Anzahl N	Tarsometatarsus-Länge [mm]				
			Minimum	Maximum	Bereich	Mittelwert	Standardabw.
kurz x sehr kurz	kurzbeinig	27	10,88	15,28	4,40	13,62	1,32
	langbeinig	21	15,62	22,80	7,18	18,59	2,01
kurz x kurz	kurzbeinig	21	9,54	15,20	5,66	12,77	1,67
	langbeinig	7	15,72	18,54	2,82	16,98	1,06
kurz x lang	kurzbeinig	63	10,82	15,28	4,46	13,35	1,02
	langbeinig	73	15,50	22,67	7,17	17,69	1,56
lang x kurz	kurzbeinig	9	12,07	14,90	2,83	13,24	0,81
	langbeinig	21	15,82	19,16	3,34	17,01	1,01
Σ gemischt	kurzbeinig	72	10,82	15,28	4,46	13,33	0,99
	langbeinig	84	15,50	22,67	7,17	17,60	1,51
lang x lang	kurzbeinig	2	13,79	15,27	1,48	14,68	0,79
	langbeinig	28	15,66	23,87	8,21	18,71	2,01

5 Diskussion

Im Rahmen der Untersuchung wurden verschiedene Testverpaarungen bei den kurzbeinigen Hühnerrassen Krüper, Zwerg-Krüper, Chabo und den normalbeinigen Hühnerrassen Deutsches Zwerghuhn und Deutsches Reichshuhn durchgeführt. Bei den kurzbeinigen Hühnerrassen wurden sowohl Merkmalsträger (kurzbeinige Tiere) als auch Nichtmerkmalsträger (langbeinige Tiere) miteinander verpaart. Die Variablen, die der Auswertung zugrunde lagen, waren die Anzahl an befruchteten Eiern, die Anzahl der abgestorbenen Embryonen zu einem frühen (vor dem Bebrütungstag 10,5), einem mittleren (von Tag 10,5 bis Tag 18) und einem späten (nach dem 18. Tag) Bebrütungszeitpunkt, die Anzahl missgebildeter Küken sowie die der geschlüpften Küken. Weiter wurde das Verhältnis der Merkmalsausprägung der Küken, ob lang- oder kurzbeinig, erfasst und ausgewertet.

Die ältere Literatur beschreibt die Vererbung der Kurzbeinigkeit als autosomal dominant-rezessiven Erbgang mit vollständiger Letalität der homozygoten Allelträger (Landauer & Dunn, 1930; Landauer, 1931, 1932, 1933a). Das bedeutet, dass bei einer Verpaarung von kurzbeinigen Tieren untereinander 25 % der sich entwickelnden Küken aufgrund des bei ihnen homozygot vorliegenden Krüperfaktors (Cp/Cp) noch im Ei absterben. Dieses Absterben findet im überwiegenden Maße innerhalb der ersten Letalkrise zwischen dem 3. und 4. Bebrütungstag und ein zweites Mal zwischen dem 18. und 21. Bebrütungstag statt. Vor allem zum späten Zeitpunkt lassen sich die durch den Krüperfaktor abgestorbenen Nachkommen eindeutig nachweisen, da sie die typische Ausprägung von „Stummelbeinen“ zeigen (vgl. Kap. 2.3 Kurzbeinigkeit bei verschiedenen Hühnerrassen). Bei allen anderen Verpaarungen wird nicht mit einem durch den Krüperfaktor bedingten Absterben gerechnet, da die Nachkommen entweder heterozygot sind oder der Krüperfaktor nicht vorliegt.

In neueren Untersuchungen konnte die zugrundeliegende Genvariante identifiziert und lokalisiert werden. Nach den von einer chinesischen Arbeitsgruppe an der Rasse Xingyi Bantam generierten Ergebnissen handelt es sich dabei um eine Deletion (Verlust-Mutation) im *Indian hedgehog* (IHH)-Genort auf Chromosom 7, einem Genort, der u. a. für die Ausbildung der Extremitäten verantwortlich ist (Jin et al., 2016). Reinerbiges Vorliegen dieser Genvariante führt zum Absterben der Embryonen vorwiegend in der frühen Brutperiode bis zum 4. Bebrütungstag.

Eine weitere Studie an Japanischen Chabo konnte diese Ergebnisse bestätigen und zeigen, dass bei den untersuchten Tieren noch ein benachbarter Genort, der *non-homologous end-joining factor 1* (NHEJ1), von der Deletion betroffen war, wobei die Verkürzung der Gliedmaßen (Chondrodystrophy) durch den DNA-Verlust am IHH-Genort verursacht wird, während der Verlust am NHEJ1-Genort zur Schädigung des Blutgefäß- und Nervensystems und so zum frühen Tod der Embryonen führt (Kinoshita et al., 2020). Einzelne der für den Krüperfaktor homozygoten Embryonen dieser Studie überlebten maximal bis zum 15. Bebrütungstag.

Schon Landauer (1942) beschrieb, dass die Vererbung der Kurzbeinigkeit bei den Rassen Krüper und Chabo unterschiedlich sei. Er vermutete, dass bei einem Teil der Chabo entweder ein ähnliches Allel („abgewandelter Krüperfaktor“) oder ein den Krüperfaktor beeinflussender Modifikator vorliegt, wodurch ein Überleben der Embryonen bis zur späten Letalkrise möglich wird.

Aufgrund des in der Literatur genannten Vererbungsmodus wird das Auftreten der entsprechenden Merkmalsausprägung und so das Verhältnis von kurz- zu langbeinigen Küken klar hervorgesagt. Bei der Verpaarung von Merkmalsträgern, also kurzbeinigen Tieren, untereinander entstehen statistisch zu 25 % homozygote Merkmalsträger (Cp/Cp), zu 50 % heterozygote Merkmalsträger (Cp/cp⁺) und zu 25 % Nichtmerkmalsträger (cp⁺/cp⁺). Da die homozygoten Merkmalsträger nicht überleben, sind bei den verbleibenden Küken zu 66,7 % kurzbeinige und zu 33,3 % langbeinige Küken zu erwarten. Bei den Verpaarungen von Merkmalsträgern (Cp/cp⁺) mit Nichtmerkmalsträgern (cp⁺/cp⁺) ist zu erwarten, dass jeweils die Hälfte der Nachkommen kurzbeinig, die andere Hälfte langbeinig ist. Bei der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern, also langbeinigen Tieren untereinander, ist zu erwarten, dass alle Küken langbeinig, also ebenfalls Nichtmerkmalsträger, sind.

Frühere Untersuchungen am Wissenschaftlichen Geflügelhof des BDRG ergaben, dass sich die in der Literatur beschriebenen Ergebnisse nicht eindeutig reproduzieren lassen. Daher war es von besonderem Interesse, mögliche Unterschiede zu früheren Untersuchungen mit einer genügend großen Stichprobe herauszustellen.

Im Folgenden werde die Ergebnisse zusammengefasst diskutiert, da sie unmittelbar miteinander zusammenhängen. Dies betrifft die Zuordnung der Elterntiere (siehe 4.1), die Erhebung der Schlupfdaten (siehe 4.2), die Beobachtungen an den nicht geschlüpften Küken (siehe 4.3) und die Beobachtungen bei geschlüpften Küken (siehe 4.4).

Die Ergebnisse der Krüper und Zwerg-Krüper werden gemeinsam betrachtet, da bei ihnen aufgrund ihrer Entwicklungsgeschichte die gleiche genetische Grundlage vorhanden sein muss. Zudem findet zwischen den beiden Rassen auch aktuell ein gelegentlicher Zuchttier austausch statt. Daher sind die Zwerg-Krüper in genetischer Hinsicht wie sekundäre, d. h. neuere, durch die Einkreuzung anderer Rassen entstandene Farbschläge der Krüper zu werten.

5.1 Zuordnung der Elterntiere

Die Zuordnung der Elterntiere zu den Phänotypen gestaltete sich vor allem bei den Hennen der untersuchten Rassen als schwierig, da eine klare, durch deutliche Datensprünge gekennzeichnete Clusterung vielfach nicht erkennbar war. Das spiegelte sich auch in den teils unterschiedlichen Ergebnissen der visuellen und hierarchischen Clusterung wider.

Eindeutig war die Clusterung bei den Hähnen aller Rassen sowie bei der Trennung der sehr kurzbeinigen Chabo-Hennen von den Kurzbeinigen und Langbeinigen. Weniger deutlich war die Differenzierung zwischen den Hennen der Krüper und Zwerg-Krüper sowie zwischen den kurzbeinigen und langbeinigen Chabo-Hennen.

Unterschiede in der Differenzierung zwischen visuellem und hierarchischem Clustern bestanden bei den Hennen der Krüper und Zwerg-Krüper, während die Ergebnisse bei den kurzbeinigen und normalbeinigen Chabo-Hennen übereinstimmten.

Da die visuelle Clusterung generell zu den plausibleren Einteilungen führte, wurde sie als Standardmethode für diese Untersuchung verwendet.

Die Ursachen für die schwierige Zuordnung der Elterntiere dürften z. T. auch methodisch bedingt sein. Um den Faktor Inzucht weitgehend zu minimieren, wurden Tiere verschiedener Farbschläge miteinander verpaart. Diese Farbschläge haben jedoch speziell bei den Krüpern und Zwerg-Krüpern eine partiell unterschiedliche Herkunft. Sie entstanden aus der Kombination der ursprünglichen schwarzen Krüper mit verschiedenen langbeinigen Rassen unterschiedlicher Lauflänge. So wurden die gedoppelten Farbschläge unter Verwendung der relativ hochstehenden Bergischen Kräher erzüchtet, während die Gesperberten, Weißen und Rebhuhn-halsigen unter Zuhilfenahme der niedriger stehenden Deutschen Sperber, Leghorn und Rheinländer entstanden. Die Varianzbereiche beider Phänotypen umfassen bei den einzelnen Farbschlägen also unterschiedliche Spektren, was in der Gesamtdarstellung einen „mittleren“ Bereich entstehen lässt, innerhalb dessen eine Zuordnung schwierig wird.

Um den Einfluss daraus möglicherweise folgender Fehlzuordnungen beurteilen zu können, wurden für die Hennen der Krüper und Zwerg-Krüper sowie die kurzbeinigen und langbeinigen Hennen der Chabo deskriptiv reduzierte Datensätze erstellt und ausgewertet, bei denen eine Subclusterung der Gruppen „kurzbeinig“ und „langbeinig“ in die Gruppen „deutlich kurzbeinig“, „mäßig kurzbeinig“, „deutlich langbeinig“ und „mäßig langbeinig“ vorgenommen wurde. Die Auswertung dieser Datensätze bestätigte für alle drei Rassen grundsätzlich die auch für die vollen Datensätze ermittelten Ergebnisse.

5.2 Auswirkung der Kurzbeinigkeit auf die Brutergebnisse

5.2.1 Erwartete Absterberaten

Nach dem in der Literatur (Landauer & Dunn, 1930; Jin et al., 2016; Kinoshita et al., 2020) beschriebenen Modell eines autosomalen dominant-rezessiven Erbgangs mit vollständiger Letalität der homozygoten Allelträger ist zu erwarten, dass bei der Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander ein Viertel der Embryonen im Brutei absterbt, die Absterberate bei dieser Verpaarung also um 25 % gegenüber den gemischten Verpaarungen oder der Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern erhöht ist.

Eine Berechnung des entsprechenden Erwartungswertes durch den Vergleich mit diesen beiden Verpaarungstypen ist jedoch problematisch, da Effekte wie eine mögliche Semiletalität der Heterozygoten oder eine unvollständige Penetranz der Kurzbeinigkeit mit dem daraus folgenden Vorhandensein verdeckter Allelträger nicht auszuschließen sind, was die Absterberaten dieser Verpaarungen erhöhen würde. Daher wird zur Berechnung des Erwartungswertes die Absterberate der Vergleichsrassen (18,54 %) herangezogen, woraus sich für die Verpaarungen von Merkmalsträgern untereinander ein Erwartungswert von 38,61 % ergeben würde:

$$EW_{\text{Absterberate}} = 0,1854 + (1 - 0,1854) \times 0,25 = 0,3861$$

Dabei muss jedoch berücksichtigt werden, dass bei einem Vergleich verschiedener Rassen spezifische, von der Kurzbeinigkeit unabhängige Faktoren Einfluss auf die Ergebnisse nehmen können. So zeigte sich bei den Vergleichsrassen, speziell den Deutschen Reichshühnern, einerseits ein hoher Anteil unauffälliger Absterbe-Ereignisse und andererseits ein sehr geringer Anteil sonstiger Missbildungen, was bei den anderen untersuchten Rassen in dieser Kombination nicht festgestellt wurde.

Daher wurden zur Ermittlung des Erwartungswertes lediglich die Ergebnisse der ersten beiden Brutperioden, in denen ein Absterben durch den Letalfaktor möglich ist, sowie die „stummelbeinigen“ Embryonen in der dritten Brutperiode, die gesichert mit dem Letalfaktor in Kontext stehen, herangezogen und die weiteren Absterbe-Ereignisse der dritten Brutperiode, für die ein Zusammenhang mit dem Letalfaktor unwahrscheinlich ist (unauffällige Absterbe-Ereignisse, sonstige Missbildungen), aus der Berechnung herausgefiltert.

Daraus resultierte für die Vergleichsrassen ein Wert von 12,70 %, basierend auf 39 Absterbe-Ereignissen (37 in der frühen und 2 in der mittleren Brutperiode) in einer Stichprobe von 307 Embryonen.

Der Erwartungswert für eine um 25 % erhöhte Absterberate beträgt danach 34,53 %:

$$EW_{\text{Absterberate}} = 0,1270 + (1 - 0,1270) \times 0,25 = 0,3453$$

5.2.2 Krüper und Zwerg-Krüper

Bei den Krüpern und Zwerg-Krüpern konnte bei der Verpaarung von Merkmals-trägern untereinander über die gesamte Brutperiode hinweg eine hoch signifikante Erhöhung der Absterberate gegenüber den Vergleichsrassen (33,79 % vs. 18,54 %; $\chi^2 = 44,667$; $p < 0,001$) mit einer deutlichen Konzentration auf die frühe Brutperiode (26,90 % vs. 11,25 %; $\chi^2 = 71,163$; $p < 0,001$) festgestellt werden, während für die gemischten Verpaarungen und die Verpaarung von langbeinigen Tieren untereinander weder für die gesamte noch für die frühe Brutperiode eine signifikante Abweichung vorlag.

Ebenso wurden analog zur Untersuchung von Landauer & Dunn (1930) Küken mit den charakteristischen „Stummelbeinen“ vorgefunden, die bis in die späte Brutperiode überlebten. Landauer & Dunn beschrieben, dass diese Embryonen z. T. noch bei der Öffnung der Eier am 22. Tag lebten, jedoch nicht zum Schlupf kamen. Sie wurden in der vorliegenden Untersuchung bei beiden Rassen vorgefunden und wiesen mit 3,45 % aller Embryonen eine höhere Frequenz auf als bei Landauer & Dunn (1930), wo sie bei den Deutschen Krüpern einen Anteil von 0,75 % ausmachten.

Bei Beschränkung der Auswertung auf die mit der Kurzbeinigkeit potenziell bzw. gesichert in Kontext stehenden Brutperioden und Absterbe-Ursachen ergibt sich über die gesamte Brutperiode eine Absterberate von 32,16 %, die dem auf die gleiche Weise geschätzten Erwartungswert von 34,53 % sehr nahe kommt und auch

statistisch nicht signifikant von diesem abweicht (siehe Tabelle 47). Auch für die übrigen Verpaarungen zeigten sich keine signifikanten Abweichungen von den Erwartungswerten.

Die Befunde der Brutergebnisse bestätigen damit in ihrer Gesamtheit das Modell eines autosomalen dominant-rezessiven Erbgangs mit vollständiger Letalität der homozygoten Allelträger.

Tabelle 47: Absterberaten und auf den Vergleichsrassen basierende Erwartungswerte (EW) bei den verschiedenen Verpaarungen der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper, begrenzt auf jene Brutperioden und Absterbe-Ursachen, die in potenziellem Kontext mit den die Kurzbeinigkeit hervorrufenden Letalfaktoren stehen; voller Datensatz.

Ver- paarung	Bruteier befruchtet N	Absterberate						
		gesamte Brutperiode N (%)	frühe Brutperiode N (%)	mittlere Brutperiode N (%)	„Stummel- beine“ N (%)	EW gesamte Brutperiode	χ^2	p
kurz x kurz	283	91 (32,16)	78 (27,56)	3 (1,06)	10 (3,53)	97,71 (34,53)	0,704	0,401
Σ gemischt	473	55 (11,63)	48 (10,15)	7 (1,48)	0 (0,00)	60,72 (12,70)	0,618	0,432
lang x lang	101	19 (18,81)	17 (16,83)	2 (1,98)	0 (0,00)	12,83 (12,70)	3,398	0,065
Vergleichs- rassen	307	39 (12,70)	37 (12,05)	2 (0,65)	0 (0,00)	-	-	-

Brutergebnis der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper Absterbeereignisse und Kurzbeinigkeit

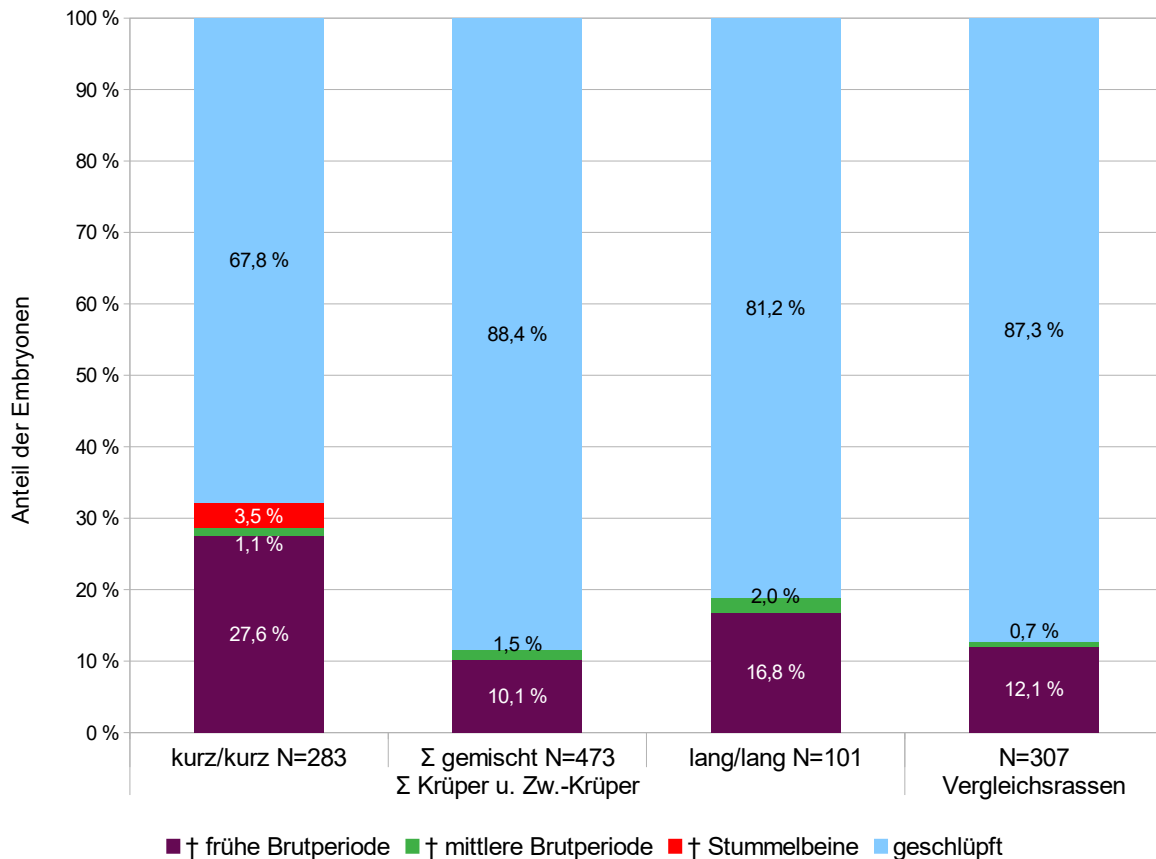


Abbildung 42: Brutergebnis der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper sowie der Vergleichsrassen bei Beschränkung der Auswertung auf die mit der Kurzbeinigkeit potenziell bzw. gesichert in Kontext stehenden Brutperioden und Absterbe-Ursachen, voller Datensatz.

Vor dem Hintergrund der vom Kinoshita et al. (2020) generierten Ergebnisse wirft das Auftreten der bis in die späte Brutperiode lebensfähigen und komplett entwickelten stummelbeinigen Embryonen jedoch Fragen auf. Denn bei Vorliegen einer Deletion, die neben dem IHH-Genort auch den Nachbargenort NHEJ1 betrifft, ist ein Überleben der Embryonen bis zum 22. Bebrütungstag nicht zu erwarten, da der dortige Verlust an Basenpaaren zum vorzeitigen Tod durch Schädigungen des Blutgefäß- und Nervensystems führt. Dies legt die Vermutung nahe, dass bei den Krüpern und Zwerg-Krüpern neben dieser Variante noch ein weiteres die Kurzbeinigkeit hervorrufendes Allel vorkommt, bei dem die Deletion am IHH-Genort zwar in gleicher Weise vorhanden ist, der benachbarte NHEJ1-Genort jedoch nicht oder nur in geringerem Umfang betroffen ist.

In diesen Kontext ist möglicherweise auch die Beobachtung einzuordnen, dass bei der Großrasse sechs der acht „stummelbeinigen“ Embryonen Nachkommen nur eines Hahns waren, während aus der Nachzucht der übrigen vier Hähne lediglich

zwei „stummelbeinige“ Küken anfielen. Weiterhin zeigt sich bei den Brutergebnissen dieses Hahns eine vergleichsweise niedrige Absterberate in der frühen Brutperiode, die sich mit 13,73 % (bei einer Gesamtanzahl von 51 befruchteten Eiern) kaum von jener der Vergleichsrassen unterscheidet und so ebenfalls auf eine partiell andere genetische Grundlage hinweist.

Zur abschließenden Klärung dieser Frage sind weitergehende molekulargenetische Untersuchungen dringend notwendig.

Landauer & Dunn (1930) verglichen bei verschiedenen kurzbeinigen Rassen, darunter auch den deutschen Krüpern, den Anteil der kurzbeinigen Individuen zwischen den Gruppen der geschlüpften und der kurz vor dem Schlupf abgestorbenen Küken und stellten dabei fest, dass der Anteil der kurzbeinigen Küken unter den Geschlüpften geringer war als unter den kurz vor dem Schlupf Abgestorbenen, die Schlupfrate der Kurzbeingen also niedriger war als die der Langbeinigen. Das zeigte sich besonders bei den gemischten Verpaarungen mit einer Differenz von 11 % und weniger ausgeprägt den inter-se-Verpaarungen kurzbeiniger Individuen untereinander mit einer Differenz von lediglich 4 %. Sie stellten weiterhin fest, dass besonders Küken mit starker Ausprägung der Kurzbeinigkeit nicht zum Schlupf kamen und führten dies auf mechanische Schwierigkeiten beim Schlupfvorgang zurück, die aus der starken Verkürzung der Läufe resultieren. Basierend auf diesen Befunden leiteten sie daher eine Semiletalität der Heterozygoten Merkmalsträger ab.

Dieser Zusammenhang konnte in der vorliegenden Untersuchung aus mehreren Gründen nicht überprüft werden. Zum einen waren die hier ermittelten Absterberaten deutlich niedriger als in der Untersuchung von Landauer & Dunn, sodass eine Auswertung der kurz vor dem Schlupf abgestorbenen Embryonen keine statistisch auswertbaren Ergebnisse erwarten ließ. Zum anderen gestaltete sich die Differenzierung in die beiden Phänotypen „kurzbeinig“ und „langbeinig“ bei den nicht geschlüpften Küken noch schwieriger als bei den Geschlüpften. Hinzu kam ein methodischer Unterschied: Landauer & Dunn verwendeten für die gemischten Verpaarungen Tiere anderer Rassen, was die Vergleichbarkeit sowohl mit den von ihnen durchgeführten inter-se-Verpaarungen, bei denen diese Semiletalität nur geringfügig ausgeprägt war, als auch den Ergebnissen der vorliegenden Studie erschwert.

5.2.3 Chabo

Auch bei den Chabo zeigten sich bei den Verpaarungen von Merkmalsträgern untereinander signifikant erhöhte Absterberaten gegenüber den Vergleichsrassen (kurzbeinig x sehr kurzbeinig 30,14 % vs. 18,54 %; $\chi^2 = 6,499$; $p = 0,011$; kurzbeinig x kurzbeinig 35,96 % vs. 18,54 %; $\chi^2 = 22,915$; $p < 0,001$).

Es bestanden jedoch starke Unterschiede bezüglich der Absterbe-Zeitpunkte: Während bei der Verpaarung kurzbeinig x sehr kurzbeinig die Absterberate in der frühen Brutperiode signifikant erhöht war (19,18 % vs. 11,25 %; $\chi^2 = 4,601$; $p = 0,032$), für die übrigen Perioden jedoch keine Erhöhung festgestellt wurde, waren bei der Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig die mittlere und die späte Brutperiode von einer hoch signifikanten Erhöhung betroffen (9,65 % vs. 0,61 %; $\chi^2 = 154,231$; $p < 0,001$ bzw. 21,05 % vs. 6,69 %; $\chi^2 = 37,704$; $p < 0,001$), wobei für die frühe Brutperiode keine Erhöhung, sondern vielmehr eine Verringerung gegenüber den Vergleichsrassen attestiert wurde.

Weitere Unterschiede ergeben sich bezüglich des Auftretens von „stummelbeinigen“ Küken. Während bei der Verpaarung kurzbeinig x sehr kurzbeinig keine derartigen Embryonen vorgefunden wurden, traten sie bei der Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig mit einer Frequenz von 5,26 % auf.

Für die gemischten Verpaarungen und die Verpaarung von langbeinigen Tieren untereinander konnten weder für die gesamte noch für die einzelnen Brutperioden Erhöhungen der Absterberaten festgestellt werden, vielfach lagen die Zahlen sogar deutlich unter den Erwartungswerten.

Diese Befunde legen nahe, dass bei den beiden sehr kurzbeinigen Hennen die von Kinoshita et al. (2020) beschriebene, die beiden Genorte IHH und NHEJ1 betreffende Deletion vorlag, die nicht nur zu einer vollständigen Letalität der homozygoten Allelträger, sondern auch einem frühen Absterben der betroffenen Embryonen führt.

Das Auftreten der „stummelbeinigen“ Embryonen und die niedrige Absterberate in der frühen Brutperiode bei der Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig deutet hingegen darauf hin, dass bei den als kurzbeinig eingestuft Tieren, wie möglicherweise auch bei einigen Krüpern und Zwerg-Krüpern, ein partiell anderer genetischer Hintergrund gegeben ist, bei dem die Deletion am IHH-Genort zwar in gleicher Weise vorliegt, der benachbarte NHEJ1-Genort davon aber nicht oder nur in geringerem Maße betroffen ist, was zu einer Verschiebung der letal bedingten Absterbe-Ereignisse in die mittlere

und späte Brutperiode führt. Dies würde auch den Beobachtungen von Landauer (1942) entsprechen, der vermutete, dass bei einem Teil der Chabo ein „abgewandelter Krüperfaktor“ vorliegt, der ein Überleben der Embryonen bis zur späten Letalkrise ermöglicht.

Aufgrund der Brutergebnisse wäre nach diesem Modell zu erwarten, dass der „Krüperfaktor“ der sehr kurzbeinigen Chabo über den der Kurzbeinigen dominant ist, da aus der Verpaarung beider Typen lediglich in der frühen Brutperiode eine Erhöhung der Absterberate zu beobachten war und keine „stummelbeinigen“ Embryonen auftraten. Letalität träte demnach bei jenen Individuen auf, bei denen einer der beiden Faktoren reinerbig vorliegt oder beide Faktoren kombiniert vorhanden sind.

Auch hier sind weiterführende molekulargenetische Untersuchungen zur Klärung dieser Fragen dringend erforderlich.

Bei Beschränkung der Auswertung auf die mit der Kurzbeinigkeit potenziell bzw. gesichert in Kontext stehenden Brutperioden und Absterbe-Ereignisse ergibt sich über die gesamte Brutperiode hinweg bei den Verpaarung kurzbeinig x sehr kurzbeinig eine Absterberate von 22,73 % und für die Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig ein ähnlicher Wert von 23,96 %. Diese im Vergleich zum gesamten Datensatz niedrigeren Zahlen liegen deutlich unter dem Erwartungswert von 34,53 % und resultieren vornehmlich aus dem Auftreten sonstiger Missbildungen und unauffälliger Absterbe-Ereignisse bei beiden Verpaarungstypen.

Sie lassen auf den ersten Blick eine unvollständige Letalität der homozygoten Allelträger vermuten, müssen jedoch vor dem Hintergrund generell niedriger Absterberaten bei den Chabo beurteilt werden. So liegen auch bei den gemischten Verpaarungen und der Verpaarung der Nichtmerkmalsträger untereinander die Absterberaten deutlich unter dem auf Basis der Vergleichsrassen ermittelten Erwartungswert, was das Vorhandensein rassespezifischer Faktoren vermuten lässt. Würde man den Erwartungswert für die Verpaarungen der Merkmalsträger untereinander auf Basis der übrigen Chabo-Verpaarungen berechnen, ergäbe sich ein Wert von 31,20 %, der zwar immer noch höher wäre als die ermittelten Absterberaten, jedoch nicht signifikant von diesen abweicht (kurzbeinig x sehr kurzbeinig $\chi^2 = 2,209$; $p = 0,1376$; kurzbeinig x kurzbeinig $\chi^2 = 2,348$; $p = 0,125$). Auch ist bei der Verpaarung kurzbeinig x sehr kurzbeinig die relativ geringe Stichprobengröße zu berücksichtigen und weiterhin nicht auszuschließen, dass sich

bei der Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig unentdeckte homozygote Allelträger innerhalb der relativ großen Gruppe der unauffälligen Absterbe-Ereignisse befanden.

Tabelle 48: Absterberaten und auf den Vergleichsrassen basierende Erwartungswerte (EW) bei den verschiedenen Verpaarungen der Rasse Chabo, begrenzt auf jene Brutperioden und Absterbe-Ursachen, die in potenziellem Kontext mit den die Kurzbeinigkeits hervorrufenden Letalfaktoren stehen; voller Datensatz. Hellorange: sehr signifikante Verringerung; Hellgelb: signifikante Verringerung.

Ver- paarung	Bruteier befruchtet N	Absterberate						
		gesamte Brutperiode N (%)	frühe Brutperiode N (%)	mittlere Brutperiode N (%)	„Stummel- beine“ N (%)	EW gesamte Brutperiode	χ^2	p
kurz x sehr kurz	66	15 (22,73)	14 (21,21)	1 (1,52)	0 (0,00)	22,79 (34,53)	4,065	0,044
kurz x kurz	96	23 (23,96)	6 (6,25)	11 (11,46)	6 (6,25)	33,15 (34,53)	4,744	0,029
Σ gemischt	363	32 (8,82)	29 (7,99)	3 (0,83)	0 (0,00)	46,11 (12,70)	4,948	0,0026
lang x lang	48	2 (4,17)	1 (2,08)	1 (2,08)	0 (0,00)	6,10 (12,70)	3,154	0,076
Vergleichs- rassen	307	39 (12,70)	37 (12,05)	2 (0,65)	0 (0,00)	-	-	-

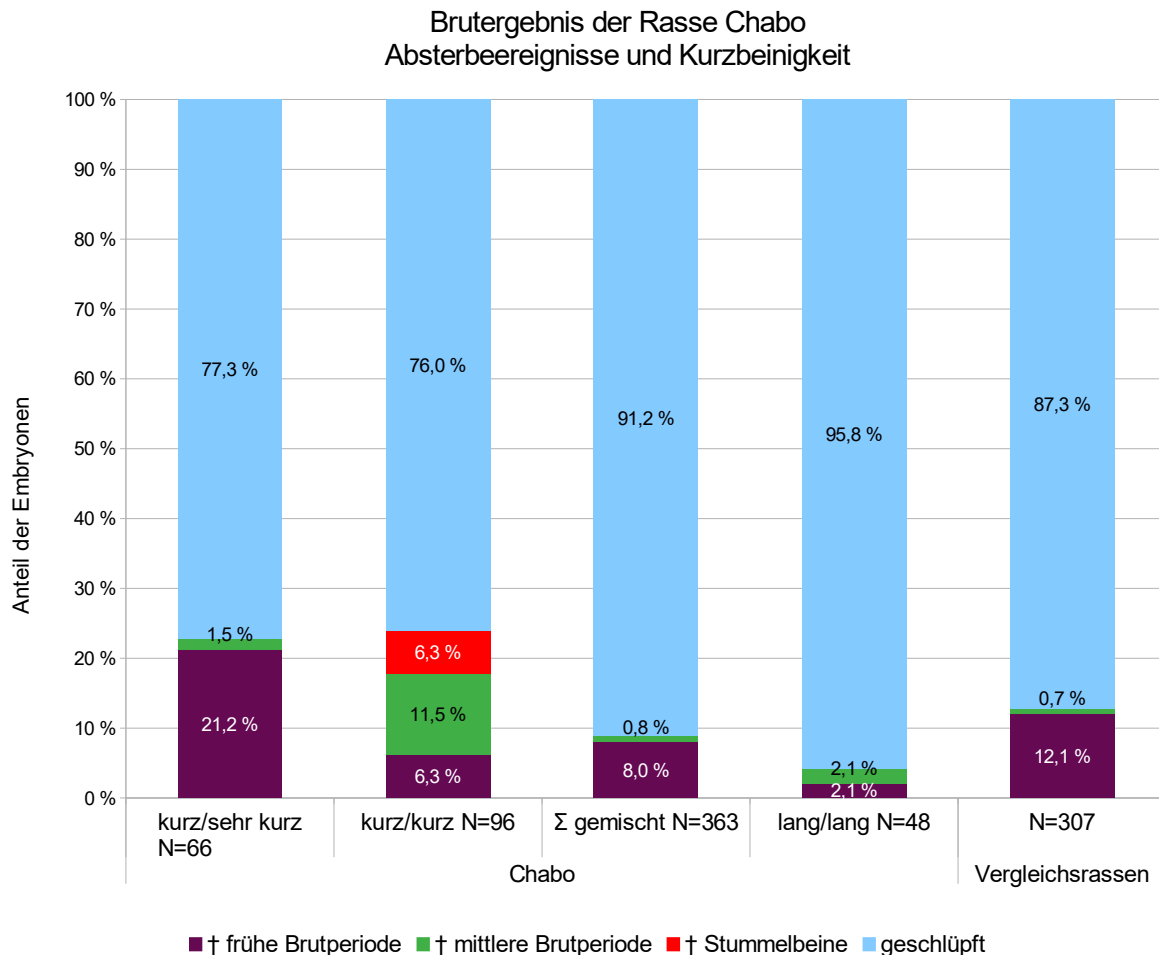


Abbildung 43: Brutergebnis der Rasse Chabo sowie der Vergleichsrassen bei Beschränkung der Auswertung auf die mit der Kurzbeinigkei potenziell bzw. gesichert in Kontext stehenden Brutperioden und Absterbe-Ursachen; voller Datensatz.

5.3 Beobachtungen an geschlüpften Küken

Aufgrund des in der Literatur beschriebenen und durch die im vorliegenden Projekt ermittelten Brutergebnisse prinzipiell bestätigten Modells eines autosomalen dominant-rezessiven Vererbungsmodus der Kurzbeinigkei mit vollständiger (wenngleich zeitlich variierender) Letalität der homozygoten Allelträger ist bei vollständiger Penetranz des betreffenden Allels (bzw. der betreffenden Allele) zu erwarten, dass bei der Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander zu 66,67 % kurzbeinige und zu 33,33 % langbeinige Nachkommen anfallen. Bei den gemischten Verpaarungen sollten beide Phänotypen zu je 50 % auftreten, während bei der Verpaarung langbeiniger Tiere, also Nichtmerkmalsträgern, untereinander ausschließlich langbeinige Nachkommen zu erwarten sind.

5.3.1 Zuordnung der Küken

Bei der Zuordnung der Küken zu den verschiedenen Phänotypen zeigte sich, dass eine klare, durch deutliche Datensprünge gekennzeichnete Clusterung nicht zu erkennen war, sondern vielmehr ein kontinuierlicher Übergang zwischen den einzelnen Typen vorlag. Auch hier wurde parallel das visuelle und hierarchische Clustern auf Basis der Tarsometatarsus-Längen angewendet und beide Methoden hinsichtlich ihrer Plausibilität beurteilt. Ebenso wie bei den Elterntieren, erwies sich auch bei den Küken das visuelle Clustern als plausibler, da bei der hierarchischen Clusterung die Grenzwerte zwischen den Phänotypen zumeist sehr hoch angesetzt waren und so die Anzahl der kurzbeinigen Küken überschätzt wurde.

Die auf Basis der Nachkommen besonders kurz- bzw. langbeiniger Elterntiere erstellten reduzierten Datensätze lieferten bei allen untersuchten Rassen ähnliche oder sogar weitgehend identische Ergebnisse bezüglich Wertebereich und Standardabweichung der einzelnen Cluster. Das spricht klar dafür, dass die Elterntiere beider Datensätze vergleichbare genetische Spektren abdeckten, die reduzierten Datensätze also repräsentativ für die gesamte Probe waren.

Auffällig war, dass bei den Küken der Chabo die bei den Elterntieren erkennbare Trennung in drei Cluster (sehr kurzbeinig, kurzbeinig und langbeinig) nicht sichtbar wurde. Sowohl nach der visuellen als auch der hierarchischen Clusterung konnten hier nur zwei Gruppen, kurzbeinig und langbeinig, differenziert werden. Eine mögliche Ursache ist, dass diese Ausdifferenzierung im Laufe der Juvenilentwicklung eintritt und so erst bei subadulten bzw. adulten Tieren erkennbar wird. Dies wurde im Rahmen der vorliegenden Untersuchung jedoch nicht überprüft.

5.3.2 Krüper und Zwerg-Krüper

Die Verteilungen der Nachkommen bei den verschiedenen Verpaarungen der Krüper und Zwerg-Krüper wichen in zweierlei Hinsicht von den erwarteten Werten ab:

1. Der Anteil der kurzbeinigen Küken bei den Verpaarungen von Merkmalsträgern untereinander und den gemischten Verpaarungen war gegenüber den Erwartungswerten signifikant herabgesetzt (56,29 % vs. 66,67 %, $\chi^2 = 8,096$; $p = 0,004$ bzw. 44,89 % vs. 50,00 %, $\chi^2 = 4,192$; $p = 0,041$).
2. Aus den Verpaarungen von Nichtmerkmalsträgern untereinander fielen bei beiden Rassen auch kurzbeinige Individuen an. Ihr Anteil machte bei den Krüpern 19,72 % und bei der Zusammenfassung beider Rassen 23,28 % aus. Dass es sich hierbei

komplett um Fehlzuordnungen handelt, ist unwahrscheinlich, da die Lauflängen der hier als kurzbeinig eingestuft Individuen z. T. tief in das Wertespektrum dieses Clusters hineinreichen. Ebenso sind Fehlzuordnungen der Elterntiere weitgehend auszuschließen, da sich die Ergebnisse des vollen Datensatzes in gleicher Weise im reduzierten Datensatz wiederfinden. Hinzu kommt, dass es auch bei den schwarzen Bergischen Schlotterkämmen, die als langbeinige Rasse den gleichen Ursprung haben wie die schwarzen Krüper und nachweislich deren nächste Verwandte sind (Malomane et al. 2019), gelegentlich zum Auftreten kurzbeiniger Tiere kommt (pers. Mitteilung Stefan Sommer).

Beide Befunde weisen auf eine unvollständige Penetranz der Kurzbeinigkeit hin, was bedeutet, dass nicht alle Allelträger das Merkmal auch ausbilden, also verdeckte Merkmalsträger sein können. Sollte sich eine unvollständige Penetranz im Laufe weiterer Untersuchungen bestätigen, würde dies bedeuten, dass auch bei den gemischten Verpaarungen und (wenngleich in sehr geringem Umfang) den Verpaarungen langbeiniger Tiere untereinander homozygote Allelträger entstehen können.

Die Penetranz kann anhand des Anteils der beobachteten kurzbeinigen Individuen (56,29 %) in Relation zum Erwartungswert (66,67 %) bei der Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander (bei der verdeckte Merkmalsträger ausgeschlossen sind) abgeschätzt werden. Für die gemeinsame Auswertung der Krüper und Zwerg-Krüper beträgt sie danach $0,5629 / 0,6667 = 0,8443$, also 84,43 %.

Die Differenz zwischen der Anzahl der erwarteten und beobachteten Merkmalsträger entspricht dann der Anzahl der verdeckten Merkmalsträger, die nach der visuellen Clusterung der Gruppe der Langbeinigen zugeordnet wurden. Anhand dieses Wertes lässt sich nun der relative Anteil der verdeckter Merkmalsträger an der Gesamtsumme der Langbeinigen abschätzen, wobei die Frequenz des „Krüperfaktors“ (bzw. der „Krüperfaktoren“) in der Gruppe der Langbeinigen der Hälfte dieser Relation entspricht. Voraussetzung für eine solche Modellierung ist die Annahme, dass die Kurzbeinigkeit bei allen Merkmalsträgern durch die Deletion am IHH-Genort verursacht wird, während die Deletion am NHEJ1-Genort lediglich die Letalität in der frühen Brutperiode hervorruft, sich also primär auf den Absterbe-Zeitpunkt auswirkt.

$$p_{Cp} = 0,5 \times (NK_{erw.} - NK_{beob.}) / NL_{beob.}$$

p_{Cp} = Frequenz der „Krüperfaktors“ (bzw. der „Krüperfaktoren“), NK = Anzahl der kurzbeinigen Küken, NL = Anzahl der langbeinigen Küken

Bezogen auf die Verteilungen bei den Krüpern und Zwerg-Krüpern (siehe Tabelle 39) ergibt sich danach eine Frequenz von 11,87 %:

$$p_{Cp} = 0,5 \times (111,33 - 94) / 73 = 0,1187$$

Dieser Wert kann nun verwendet werden, um bei den gemischten Verpaarungen und der Verpaarung der Nichtmerkmalsträger untereinander einerseits den Anteil der homozygoten Allelträger abzuschätzen und andererseits zu überprüfen, ob die auf Basis dieses Wertes modellierten Häufigkeiten den beobachteten Verhältnissen entsprechen.

a) gemischte Verpaarungen

Bei den Merkmalsträgern liegt die ausschließlich die Allelkonfiguration Cp/cp⁺ vor, beide Allele haben also eine Frequenz von 50 %. Bei den Nichtmerkmalsträgern hat das Allel cp⁺ eine geschätzte Frequenz von 88,13 % und das Allel Cp eine geschätzte Frequenz von 11,87 %. Daraus ergeben sich bei den Nachkommen folgende Kombinationen und Frequenzen:

Tabelle 49: Modellierung des Anteils der homozygoten Allelträger und der Phänotypen „kurzbeinig“ und „langbeinig“ bei den gemischten Verpaarungen der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper auf Basis einer Penetranz der Kurzbeinigkeit von 84,43 %.

Kombi- nation	Frequenz	Anteil Genotyp	Anteil Genotyp (nicht letal)	Pene- tranz	Anteil Phänotyp modelliert	Anteil Phänotyp beobachtet
Cp Cp	$0,5 \times 0,1187 = 0,0594$	0,0594 (letal)				
Cp cp ⁺ cp ⁺ Cp	$0,5 \times 0,8813 = 0,4406$ $0,5 \times 0,1187 = 0,0594$	0,5 (kurzbeinig)	0,5316 (kurzbeinig)	0,8443	0,4488 (kurzbeinig)	0,4489 (kurzbeinig)
cp ⁺ cp ⁺	$0,5 \times 0,8813 = 0,4406$	0,4406 (langbeinig)	0,4684 (langbeinig)		0,5512 (langbeinig)	0,5511 (langbeinig)

Nach dieser Modellierung kann abgeschätzt werden, dass unter der Annahme einer Penetranz von 84,43 % ca. 6 % homozygote Allelträger bei den gemischten Verpaarungen zu erwarten sind. Auffällig ist, dass die modellierten und beobachteten Werte für die Anteile der beiden Phänotypen nahezu identisch sind ($\chi^2 = 1,07 \times 10^{-5}$; $p = 1,000$), was die Plausibilität des Modells unterstützt.

b) Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern untereinander

Bei beiden Elterntieren hat das Allel cp^+ eine geschätzte Frequenz von 88,13 % und das Allel Cp eine geschätzte Frequenz von 11,87 %. Daraus ergeben sich bei den Nachkommen folgende Kombinationen und Frequenzen:

Tabelle 50: Modellierung des Anteils der homozygoten Allelträger und der Phänotypen „kurzbeinig“ und „langbeinig“ bei den gemischten Verpaarungen der Rassen Krüper und Zwerg-Krüper auf Basis einer Penetranz der Kurzbeinigkeit von 84,43 %.

Kombi-nation	Frequenz	Anteil Genotyp	Anteil Genotyp (nicht letal)	Pene-tranz	Anteil Phänotyp modelliert	Anteil Phänotyp beobachtet
$Cp\ Cp$	$0,1187 \times 0,1187 = 0,0141$	0,0141 (letal)				
$Cp\ cp^+$ $cp^+\ Cp$	$0,1187 \times 0,8813 = 0,1046$ $0,8813 \times 0,1187 = 0,1046$	0,2093 (kurzbeinig)	0,2122 (kurzbeinig)	0,8443	0,1792 (kurzbeinig)	0,2338 (kurzbeinig)
$cp^+\ cp^+$	$0,8813 \times 0,8813 = 0,7767$	0,7767 (langbeinig)	0,7878 (langbeinig)		0,8208 (langbeinig)	0,7662 (langbeinig)

Bei dieser Verpaarung ist der geschätzte Anteil homozygoter Allelträger mit 1,41 % erwartungsgemäß geringer. Die Werte für die modellierten und beobachteten Anteile der beiden Phänotypen stimmen auch hier relativ gut überein ($\chi^2 = 1,559$; $p = 0,212$) und unterstützen so die Plausibilität dieses Modells.

5.3.3 Chabo

Auch bei den Chabo zeigten die Verteilungen der Phänotypen Abweichungen von den erwarteten Werten.

Bei der Verpaarung kurzbeinig x sehr kurzbeinig war, ebenso wie bei den Krüpern, die Anzahl der kurzbeinigen Nachkommen gegenüber dem Erwartungswert herabgesetzt, jedoch bei relativ geringer Stichprobengröße ($N=48$) noch nicht im Signifikanzbereich (60,42 % vs. 66,67 %; $\chi^2 = 0,844$; $p = 0,358$).

Bei der Verpaarung kurzbeinig x kurzbeinig wurde der Erwartungswert hingegen fast erreicht (67,61 % vs. 66,67 %; $\chi^2 = 0,028$; $p = 0,867$), während bei den gemischten Verpaarungen eine geringfügige, jedoch nicht signifikante Verringerung des Anteils der Kurzbeinigen (47,08 % vs. 50,00 %; $\chi^2 = 1,052$; $p = 0,305$) ermittelt wurde.

Trotzdem weist das Auftreten kurzbeiniger Küken aus der Verpaarung langbeiniger Elterntiere mit einem Anteil von 18,18 % auch bei den Chabo auf eine unvollständige

Penetranz der Kurzbeinigkeit hin. Und ebenso wie bei den Krüpern und Zwerg-Krüpern reichen auch bei den Chabo die Lauflängen einiger dieser Nachkommen sowohl im vollen als auch im reduzierten Datensatz tief in das Wertespektrum der Kurzbeinigen hinein, was Fehlzusammenordnungen der Nachkommen und Elterntiere unwahrscheinlich macht.

Unter der Annahme, dass die Kurzbeinigkeit bei beiden Typen – sehr kurzbeinig und kurzbeinig – durch die Deletion am IHH-Genort verursacht wird, während die Deletion am NHEJ1-Genort die Letalität in der frühen Brutperiode hervorruft, sich also primär auf den Absterbe-Zeitpunkt auswirkt (vgl. Krüper und Zwerg-Krüper, Kap. 5.3.2), werden die Ergebnisse beider Verpaarungstypen zur Abschätzung der Penetranz zusammengefasst, woraus sich eine Anzahl von 119 Individuen, davon 77 Kurzbeinigen (64,71 %) und 42 Langbeinigen (35,29 %), ergibt (siehe Tabelle 42).

Die daraus abgeleitete Penetranz betrüge dann $0,6471 / 0,6667 = 0,9706$, also 97,06 %; die Frequenz des Krüperfaktors in der Gruppe der Langbeinigen kann wie bei den Krüpern und Zwerg-Krüpern (vgl. Kap. 5.3.2) mit dem Index $p_{Cp} = 0,5 \times (NK_{\text{erw.}} - NK_{\text{beob.}}) / NL_{\text{beob.}}$ auf 2,78 % abgeschätzt werden:

$$p_{Cp} = 0,5 \times (79,33 - 77) / 42 = 0,0278$$

Mit diesem Wert können nun die Verteilungen für die übrigen Verpaarungstypen modelliert werden:

a) gemischte Verpaarungen

Bei den Merkmalsträgern liegt ausschließlich die Allelkonfiguration Cp/cp^+ vor, beide Allele haben also eine Frequenz von 50 %. Bei den Nichtmerkmalsträgern hat das Allel cp^+ eine geschätzte Frequenz von 97,22 % und das Allel Cp eine geschätzte Frequenz von 2,78 %. Daraus ergeben sich bei den Nachkommen folgende Kombinationen und Frequenzen:

Tabelle 51: Modellierung des Anteils der homozygoten Allelträger und der Phänotypen „kurzbeinig“ und „langbeinig“ bei den gemischten Verpaarungen der Rasse Chabo auf Basis einer Penetranz der Kurzbeinigkeit von 97,06 %.

Kombi-nation	Frequenz	Anteil Genotyp	Anteil Genotyp (nicht letal)	Pene-tranz	Anteil Phänotyp modelliert	Anteil Phänotyp beobachtet
Cp Cp	$0,5 \times 0,0278 = 0,0139$	0,0139 (letal)				
Cp cp ⁺	$0,5 \times 0,9722 = 0,4861$	0,5 (kurzbeinig)	0,5070 (kurzbeinig)	0,9706	0,4921 (kurzbeinig)	0,4708 (kurzbeinig)
cp ⁺ Cp	$0,5 \times 0,0278 = 0,0139$					
cp ⁺ cp ⁺	$0,5 \times 0,9722 = 0,4861$	0,4861 (langbeinig)	0,4930 (langbeinig)		0,5071 (langbeinig)	0,5292 (langbeinig)

b) Verpaarung von Nichtmerkmalsträgern untereinander

Bei beiden Elterntieren hat das Allel cp⁺ eine geschätzte Frequenz von 97,22 % und das Allel Cp eine geschätzte Frequenz von 2,78 %. Daraus ergeben sich bei den Nachkommen folgende Kombinationen und Frequenzen:

Tabelle 52: Modellierung des Anteils der homozygoten Allelträger und der Phänotypen „kurzbeinig“ und „langbeinig“ bei der gemischten Verpaarung der Rasse Chabo auf Basis einer Penetranz der Kurzbeinigkeit von 97,06 %.

Kombi-nation	Frequenz	Anteil Genotyp	Anteil Genotyp (nicht letal)	Pene-tranz	Anteil Phänotyp modelliert	Anteil Phänotyp beobachtet
Cp Cp	$0,0278 \times 0,0278 = 0,0008$	0,0008 (letal)				
Cp cp ⁺	$0,0278 \times 0,9722 = 0,0270$	0,0540 (kurzbeinig)	0,0541 (kurzbeinig)	0,9706	0,0525 (kurzbeinig)	0,1818 (kurzbeinig)
cp ⁺ Cp	$0,9722 \times 0,0278 = 0,0270$					
cp ⁺ cp ⁺	$0,9722 \times 0,9722 = 0,9452$	0,9452 (langbeinig)	0,9559 (langbeinig)		0,9475 (langbeinig)	0,8182 (langbeinig)

Die Modellierung spiegelt bei den Chabo die realen Ergebnisse weniger deutlich wider als bei den Krüpern und Zwerg-Krüpern (gemischte Verpaarungen: $\chi^2 = 0,562$; $p = 0,453$; Nichtmerkmalsträger untereinander: $\chi^2 = 14,810$; $p < 0,001$).

Bei den gemischten Verpaarungen ist der reale Anteil der Kurzbeinigen etwas geringer als modelliert, bei der Verpaarung der Nichtmerkmalsträger untereinander hochsignifikant höher. Beides deutet daraufhin, dass die Penetranz niedriger ist als

der geschätzte Wert von 97,06 % und sich real wohl eher jener der Krüper und Zwerg-Krüper annähert, wo der Anteil kurzbeiniger Küken aus der Verpaarung langbeiniger Elterntiere ebenfalls ca. 20 % betrug. Möglicherweise trugen hier die relativ geringen Stichprobengrößen bei den Verpaarungen der Merkmalsträger bzw. Nichtmerkmalsträger untereinander zur Diskrepanz zwischen den ermittelten und modellierten Ergebnissen bei. Unabhängig vom Umfang legen die generierten Ergebnisse jedoch auch bei den Chabo eine unvollständige Penetranz der Kurzbeinigkeit nahe, deren molekulargenetische Grundlage Gegenstand weiterführender Untersuchungen sein sollte.

5.4 Die Kurzbeinigkeit vor dem Hintergrund des Tierschutzgesetzes

Wie bereits in Kap. 2.5.1 dargestellt, ist es nach § 11b des Tierschutzgesetzes (in der Fassung und Bekanntmachung vom 25.Mai 1998, BGBl. 1. S. 1105, 1818) verboten, Wirbeltiere zu züchten, wenn damit gerechnet werden muss, dass bei der Nachzucht erblich bedingt Körperteile oder Organe für den artgemäßen Gebrauch fehlen oder untauglich oder umgestaltet sind und dadurch Schmerzen, Leiden und Schäden auftreten.

Als Nachzucht gelten beim Haushuhn Hühnerembryonen ab der Hälfte der Bebrütungsdauer (ca. 10,5 Bebrütungstage). Sie fallen daher ab diesem Zeitpunkt unter das Tierschutzgesetz (Sachverständigengruppe Tierschutz und Heimtierzucht, 2002).

Basierend vor allem auf den Untersuchungen von Landauer & Dunn (1930) empfiehlt die Sachverständigengruppe Tierschutz und Heimtierzucht im Gutachten zur Auslegung von Paragraph 11b des Tierschutzgesetzes ganz klar das Verbot einer Verpaarung von Tieren „*die in beiden Geschlechtern den „Krüper-Faktor“ besitzen*“, um einem Absterben von Nachkommen in der zweiten Bebrütungshälfte vorzubeugen. Stattdessen sollen immer ein Merkmalsträger (kurzbeiniges Tier) mit einem Nichtmerkmalsträger (langbeiniges Tier) verpaart werden (siehe Kap. 2.5.2).

Da in der hier vorgestellten Studie das Vorhandensein einer mit dem homozygoten Vorliegen der Kurzbeinigkeit verbundenen Letalität, deren Auftreten sich bis über die Hälfte der Bebrütungszeit erstreckt, bei allen untersuchten Rassen bestätigt werden konnte, ist auch nach den aktuellen Befunden eine Verpaarung von Merkmals-trägern, also kurzbeinigen Tieren, untereinander nach Paragraph 11b des Tierschutzgesetzes nicht möglich.

Darüber hinaus sind auch die Verpaarungen von Merkmalsträgern (kurzbeinigen Tieren) mit Nichtmerkmalsträgern (langbeinigen Tieren), also die gemischten Verpaarungen, nicht unproblematisch, da

- es bei allen Rassen Hinweise auf eine unvollständige Penetranz des „Krüperfaktors“ (bzw. der „Krüperfaktoren“) gibt, was implizieren würde, dass auch aus den gemischten Verpaarungen homozygote Allelträger anfallen können. Dieser Anteil wurde bei den Krüpern und Zwerg-Krüpern unter der Annahme einer Penetranz von 84,4 % auf ca. 6 % der Embryonen aus einer solchen Verpaarung geschätzt. Für die Chabo sind die Schätzwerte weniger eindeutig, doch legen die Ergebnisse auch für sie eine unvollständige Penetranz der Kurzbeinigkeit nahe
- die Untersuchung zeigte, dass die Zuordnung der Tiere zu den beiden Phänotypen „kurzbeinig“ und „langbeinig“ z. T. schwierig und nicht in allen Fällen eindeutig möglich ist. Auch so kann es infolge von Fehlzuordnungen der Zuchttiere zum Auftreten homozygoter Allelträger kommen
- die von Landauer & Dunn (1930) vermutete Semiletalität der Heterozygoten konnte im Rahmen der vorliegenden Untersuchung aus vorwiegend methodischen Gründen nicht überprüft werden, ist also derzeit nicht auszuschließen. Sie soll bei Verpaarungen von Merkmalsträgern mit Nichtmerkmalsträgern zu einer moderaten Erhöhung der Absterberate führen, die sich durch ein verstärktes Absterben kurzbeiniger Küken am Ende der Bebrütungszeit äußert
- es keine gesetzliche Vorgabe zum Führen von Herdbüchern für Hühner gibt, eine Überprüfung der von den Züchtern vorgenommen Verpaarungen also nicht möglich ist

5.4.1 Aktuelle Zuchttempfehlungen

Vor dem Hintergrund der dargestellten Tierschutzkonflikte können folgende Zuchttempfehlungen für die drei untersuchten Rassen Krüper, Zwerg-Krüper und Chabo formuliert werden:

1. Verpaarungen von Merkmalsträgern, also kurzbeinigen Tieren untereinander, sollten unbedingt unterbleiben
2. Gemischte Verpaarungen, also Verpaarungen von Merkmalsträgern (kurzbeinige Tiere) mit Nichtmerkmalsträgern (langbeinige Tiere), sind bis zur Klärung der molekulargenetischen Grundlagen hinsichtlich der Penetranz des „Krüperfaktors“ bzw. der „Krüperfaktoren“ vorläufig möglich

3. Es sollte versucht werden, Indices auf Basis morphologischer Parameter zu entwickeln, die eine eindeutige Trennung der Phänotypen „kurzbeinig“ und „langbeinig“ ermöglichen
4. Um die Nachvollziehbarkeit der durchgeführten Verpaarungen zu gewährleisten, sollten die Züchter ein Zuchtbuch führen, in dem alle zur Zucht eingesetzten Tiere mit individueller Kennzeichnung, Angaben zur Tarso-metatarsus-Länge und Foto dokumentiert werden und sämtliche Verpaarungen dieser Tiere mit Angaben zur Anzahl der eingelegten und befruchteten Eier, der Anzahl der abgestorbenen Embryonen sowie der Anzahl der geschlüpften Küken auf Zuchtstammbasis dargestellt sind. Die Küken sind entsprechend ihrer Abstammung (Zuchtstamm) zu kennzeichnen und hinsichtlich ihrer Tarsometatarsus-Längen im Alter von einem Tag sowie zum Zeitpunkt der Beringung zu vermessen

5.5 Ausblick

Zur Klärung der molekulargenetischen Grundlagen bei den Krüpern und Zwerg-Krüpern und z. T. auch den Chabo wurde 2024 ein Forschungsprojekt bei Frau Prof. Dr. Gesine Lühken, Leiterin der Professur für Haustier- und Pathogenetik am Institut für Tierzucht und Haustiergenetik der Justus-Liebig-Universität Gießen, initiiert, das dazu beitragen wird, die im Rahmen der vorliegenden Untersuchung aufgetretenen Fragen, speziell zu den die Kurzbeinigkeit hervorrufenden Allelen und deren möglicherweise unvollständige Penetranz, zu beantworten und so auch für die praktische Zucht konstruktive Hinweise zu geben.

6 Zusammenfassung

Der Mensch hat aus dem roten Kammhuhn oder auch Bankivahuhn eine Vielzahl von verschiedenen Rassen gezüchtet. Zum Teil unterscheiden sich diese enorm in Größe, Farbe, Gestalt und Verhalten. Eine sehr prägnante morphologische Veränderung ist eine starke Verkürzung der Läufe und Flügelknochen (Chondrodystrophie), wie sie bei den in dieser Studie untersuchten Rassen Krüper, Zwerg-Krüper und Chabo vorkommt.

Die Literatur beschreibt den der Kurzbeinigkeit zugrundeliegenden Vererbungsmodus als autosomalen dominant-rezessiven Erbgang mit vollständiger Letalität der homozygoten (reinerbigen) Allelträger, bei dem die Verkürzung der Läufe durch den „Krüperfaktor“ *Cp* hervorgerufen wird, der im heterozygoten (mischerbigen) Zustand (*Cp/cp⁺*) zur Kurzbeinigkeit führt und homozygot (*Cp/Cp*) ein Absterben der Embryonen während der Bebrütung hervorruft. Dieses Absterben kommt nach Landauer & Dunn (1930) gehäuft an zwei Zeitpunkten vor, einmal zwischen dem 3. und 4. Bebrütungstag (1. Letalkrise) und das zweite Mal zwischen dem 18. und 21. Tag kurz vor dem Schlupf der Küken (2. bzw. späte Letalkrise), wobei dann die betroffenen Küken durch phokomelische Missbildungen an den Gliedmaßen („Stummelbeine“) gekennzeichnet sind.

Bestätigung fand dieses Modell durch die Untersuchung von Jin et al. (2016), in der bei der chinesische kurzbeinigen Rasse Xingyi Bantam eine Verlust-Mutation (Deletion) am *Indian hedgehog*-Genort (IHH) auf Chromosom 7, einem Genort, der u. a für die Ausbildung der Extremitäten verantwortlich ist, gefunden wurde, die für die Verkürzung der Gliedmaßen verantwortlich ist.

Eine darauf folgende Untersuchung an japanischen Chabo (Kinoshita et al., 2020) konnte darüber hinaus zeigen, dass bei den dort untersuchten Tieren diese Deletion auch den benachbarten Genort *non-homologous end-joining factor 1* (NHEJ1) betraf, wobei die Verkürzung der Gliedmaßen durch den DNA-Verlust am IHH-Genort verursacht wird, während der Verlust am NHEJ1-Genort zur Schädigung des Blutgefäß- und Nervensystems und so zum frühen Tod der Embryonen führt. Einzelne der für den Krüperfaktor homozygoten Embryonen dieser Studie überlebten maximal bis zum 15. Bebrütungstag.

Auch die Ergebnisse der vorliegenden Untersuchung, in der mittels experimenteller Kreuzungen der verschiedenen Phänotypen und dem Vergleich mit langbeinigen

Rassen Rückschlüsse auf den Vererbungsmodus der Kurzbeinigkeit und der damit einhergehenden Letalität gezogen wurden, bestätigen das Modell eines autosomalen dominant-rezessiven Erbgangs mit vollständiger Letalität der homozygoten Allelträger.

Es wurden jedoch, ebenso wie in der Arbeit von Landauer & Dunn (1930) und abweichend von den Ergebnissen der Studie an japanischen Chabo (Kinoshita et al., 2020), bei allen drei untersuchten Rassen phokomelisch missgebildete „stummelbeinige“ Küken in der späten Brutperiode kurz vor dem Schlupf vorgefunden, was darauf hindeutet, dass bei ihnen die Deletion am NHEJ1-Genort nicht oder nur in geringerem Umfang vorlag. Dies legt nahe, dass es mehrere „Krüperfaktoren“ gibt, die zwar bezüglich der Deletion am IHH-Genort identisch sind, sich jedoch hinsichtlich des Vorhandenseins bzw. des Umfangs der Deletion am NHEJ1-Genort unterscheiden und die bei allen drei untersuchten Rassen neben der von Kinoshita et al. (2020) beschriebenen Variante in teils unterschiedlichen Frequenzen vorkommen.

Darüber hinaus deuten die Ergebnisse der vorliegenden Studie darauf hin, dass der „Krüperfaktor“ bzw. die „Krüperfaktoren“ bei allen drei untersuchten Rassen eine unvollständige Penetranz aufweisen, das Merkmal also nicht bei allen Allelträgern ausgebildet wird und sich so verdeckte Allelträger in der Population befinden können.

Als schwierig gestaltete sich die Zuordnung der Elterntiere und Nachkommen zu den Phänotypen „kurzbeinig“ und „langbeinig“, da die Übergänge kontinuierlich und nicht durch deutlich erkennbare Datensprünge gekennzeichnet waren.

Nach dem Tierschutzgesetz § 11b ist auch nach der vorliegenden Studie eine Verpaarung von Merkmalsträgern untereinander nicht möglich, da es aufgrund des Letalfaktors bei allen drei Rassen zum Absterben homozygoter Embryonen in der zweiten Hälfte der Bebrütungszeit kommen kann. Doch auch gemischte Verpaarungen, d. h. Verpaarungen von Merkmalsträgern mit Nichtmerkmalsträgern, können problematisch sein, da aufgrund der möglicherweise unvollständigen Penetranz der Kurzbeinigkeit und Fehlzusammenordnungen der Elterntiere die Verpaarung von Allelträgern untereinander und so die Entstehung homozygoter Nachkommen nicht ausgeschlossen werden kann.

Daraus lassen sich folgenden Empfehlungen ableiten:

Gemischte Verpaarungen sind vorläufig möglich, bis die Frage nach der Penetranz des „Krüperfaktors“ bzw. der „Krüperfaktoren“ auch auf molekulargenetischer Ebene

geklärt ist. Weiterhin sollten Indices zur eindeutigen Trennung der Phänotypen „kurzbeinig“ und „langbeinig“ entwickelt werden.

Die Züchter sollten ein Zuchtbuch mit individueller Dokumentation der Zuchttiere, Auflistung der Verpaarungen und Erfassung der Nachkommen führen, um so den Modus der angesetzten Verpaarungen transparent zu machen.

7 Literaturverzeichnis

Bartels, T. (1995). Defective and abnormal breedings in poultry. Dtsch. Tierärztl. Wschr., 102, 117-119.

Belyaev, D. K., Plyusnina, I. Z., & Trut, L. N. (1985). Domestication in the silver fox (*Vulpes fulvus* Desm): Changes in physiological boundaries of the sensitive period of primary socialization. Applied Animal Behaviour Science, 13(4), 359-370.

Benecke, N. (1994): Der Mensch und seine Haustiere – Die Geschichte einer jahrtausendealten Beziehung. Konrad Theiss Verlag, Stuttgart.

Blancke, B., Klessner, W. & F. Pfenningstorff (1925): Unser Hausgeflügel – Das Großgeflügel, 426-438. Verlag Fritz Pfenningstorff, Berlin.

Boissy, A., & Bouissou, M. F. (1988). Effects of early handling on heifers' subsequent reactivity to humans and to unfamiliar situations. Applied Animal Behaviour Science, 20 (3-4), 259-273.

Cairns, J. M., (1941). The "Early Lethal" Action of the Homozygos Creeper Factor in the Chick. J. Exp. Zool. 88, 481-500.

Crawford, R. D. (1984). Domestic fowl. In Evolution of Domesticated Animals, ed. I. L. Masin, pp. 298-311. New York: Longman.

Crawford, R. D. (1990). Poultry Breeding and Genetics. Amsterdam: Elsevier.

Cutler, I. E. (1925). Reptilian fowls. Journ. Heredity, 16, 352 – 356.

Darwin, C. (1868). The variation of animals and plants under domestication by Charles Darwin: 1 (Vol. 2). J. Murray.

Dunn, L. C. & Landauer, W. (1926). The lethal nature of the `Creeper` variation in the domestic fowl. American Naturalist, 671, 574 – 575.

Dürigen, B. (1921): Die Geflügelzucht. 3. Auflage, S. 312. Verlag Paul Paray, Berlin.

Field, A., Field, Z., & Miles, J. (2012). Discovering statistics using R.

Fujio, Y. (1976). Maternal Effects on Expression of Lethality in Creeper Chicken. Japanese Journal of Genetics, 51(5), 347-354.

Fujio, Y., Shibuya, T. (1974). Expression of Lethality caused by creeper gene in the chicken. Japanese Journal of Genetics, 49, 87-91.

- Gleitsch, R. (1972). Züchtungs- und Vererbungslehre für Geflügelzüchter. Berlin: Verlag Fritz Pfenningstorff.
- Gordon, R., Thomas, R. & Foster, A. (2015). The health impact of selective breeding in poultry: A probable case of 'creeper' chicken (*Gallus gallus*) from 16th-century Chester, England. *International Journal of Paleopathology*, 9, 1-7.
- Hansen, S. W. (1996). Selection for behavioural traits in farm mink. *Applied Animal Behaviour Science*, 49(2), 137-148.
- Heird, J. C., Whitaker, D. D., Bell, R. W., Ramsey, C. B., & Lokey, C. E. (1986). The effects of handling at different ages on the subsequent learning ability of 2-year-old horses. *Applied Animal Behaviour Science*, 15(1), 15-25.
- Jensen, P. (2006). Domestication—from behaviour to genes and back again. *Applied animal behaviour science*, 97(1), 3-15.
- Jin, S., Zhu, F., Wang, Y., Yi, G., Li, J., Lian, L., Zheng, J., Xu, G., Jiao, R., Gong, Y., Hou, Z. & Yang, N. (2016): Deletion of Indian hedgehog gene causes dominant semi-lethal Creeper trait in chicken. *Sci. Rep.* 6, 30172, 1-10; doi: 10.1038/srep30172.
- Kinoshita, K., Suzuki, T., Koike, M., Nishida, C., Koike, A., Nunome, M., Uemura, T., Ichiyanagi, K. & Matsuda, Y. (2020). Combined deletions of IHH and NHEJ1 cause chondrodystrophy and embryonic lethality in the Creeper chicken. *Communications Biology* 3(144), 1-11; <https://doi.org/10.1038/s42003-020-0870-z>.
- Landauer, W. (1931). *Zeitschrift für mikroskopisch-anatomische Forschung*, Bd. 25 Untersuchungen über das Krüperhuhn; II. Morphologie und Histologie des Skelets, insbesondere des Skelets der langen Extremitätenknochen. Leipzig: Akademische Verlagsgesellschaft M. B. H. Leipzig.
- Landauer, W. (1932). Studies on the creeper fowl. III. The early development and lethal expression of homozygous creeper embryos. *J. Genetics*, 25(3), 367-394.
- Landauer, W. (1933a). *Zeitschrift für mikroskopisch-anatomische Forschung*, Bd. 32 Untersuchungen über das Krüperhuhn. IV. Die Mißbildungen homozygoter Krüperembryonen auf späteren Entwicklungsstadien. (Phokomelie und Chondrodystrophie) Leipzig: Akademische Verlagsgesellschaft M. B. H. Leipzig.
- Landauer, W. (1933b). Creeper and Single-Comb Linkage in Fowl. *Nat.*, 132, 606.
- Landauer, W. (1942). Studies on the creeper fowl XIV. The Japanese Bantam Fowl. *Nat.*, 308-317.

- Landauer, W. & L.C. Dunn, (1930): Studies on the creeper fowl I. Genetics. *J. Genetics*, 23, 394-413.
- Lawal, R. A., Martin, S. H., Vanmechelen, K., Vereijken, A., Silva, P., Al-Atiyat, R. M., Aljumaah, R. S., Mwacharo, J. M., Wu, D.-D., Zhang, Y.-P., Hocking, P. M., Jacqueline Smith, J., Wragg, D. & Hanotte, O. (2020): The wild species genome ancestry of domestic chickens. *BMC Biology* 18:13, 1-18; <https://doi.org/10.1186/s12915-020-0738-1>.
- Mackay, E. J. H. (1938): *Die Induskultur*. F. U. Brockhaus, Leipzig.
- Malomane, D. K., Simianer, H., Weigend, A., Reimer, C. , Schmitt, A. O. & Weigend, S (2019): The SYNBREED chicken diversity panel: a global resource to assess chicken diversity at high genomic resolution. *BMC Genomics* 20:345, 1-15; <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5727-9>.
- Price, E. O. (1984). Behavioral aspects of animal domestication. *The quarterly review of biology*, 59(1), 1-32.
- Price, E. O. (1999). Behavioral development in animals undergoing domestication. *Applied Animal Behaviour Science*, 65(3), 245-271.
- Price, E. O. (2002). *Animal domestication and behavior*. Cabi Publishing.
- Rehkämper, G., Frahm, H. D., & Mann, M. D. (1995). Brain composition and ecological niches in the wild or under man-made conditions (domestication). *Behavioural Brain Research in Naturalistic and Semi-Naturalistic Settings*, 83-103.
- Rehkämper, G., Kart, E., Frahm, H. D., & Werner, C. W. (2003). Discontinuous variability of brain composition among domestic chicken breeds. *Brain behavior and evolution*, 61(2), 59-69.
- Rosenberg, N. A., Burke, T., Elo, K., Feldman, M. W., Freidlin, P. J., Groenen, M. A. M., Hillel, J., Mäki-Tanila, 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.
- Rudnick, D. (1945). Differentiation of prospective limb material from Creeper Chick Embryos in coelomic grafts. *The Journal of Experimental Zoology*, 100 (1), 1-17.
- Sachverständigengruppe Tierschutz und Heimtierzucht (2002). Gutachten zur Auslegung von § 11 b des Tierschutzgesetzes (Verbot von Qualzüchtungen). Bonn: Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft.

- Salomon, F.-V. (2008): Anatomie für die Tiermedizin. Enke Verlag, Stuttgart.
- Samraus, H. H., & Samraus, D. (1975). Imprinting of farm animals on human beings. *Zeitschrift für Tierpsychologie*, 38(1), 1–17.
- Savolainen, P., Zhang, Y. P., Luo, J., Lundeberg, J., & Leitner, T. (2002). Genetic evidence for an East Asian origin of domestic dogs. *Science*, 298(5598), 1610-1613.
- Schwarz, W. (2002): Der große Geflügelstandard in Farbe. Band 2: Zwerghuhn-rassen. 5. Auflage. Verlag Oertel + Spörer, Reutlingen.
- Schwarz, W. & Six, A. (2004): Der große Geflügelstandard in Farbe. Band 1: Hühner – Trutühner – Perlhühner. 7. Auflage. Verlag Oertel + Spörer, Reutlingen.
- Shibuya, T., Kondo, K., & Fujio, Y. (1972). Studies on Action of Creeper Gene in Japanese Chicken. *Japanese Journal of Genetics*, 47(1), 23-32.
- Six, A. & Höck, R. (2022): Happy Huhn. Das Hühnerrassenbuch - Band 1. 2. Auflage. Cadmos-Verlag, München.
- Six, A. & Höck, R. (2023): Happy Huhn. Das Hühnerrassenbuch - Band 2. Cadmos-Verlag, München.
- Six, A. & Höck, R. (2025): Happy Huhn. Das Hühnerrassenbuch - Band 3. Cadmos-Verlag, Wien.
- Sossinka, R. (1982): Domestication in birds. *Avian Biology*, Volume IV, 373-403. Elsevier.
- Steinhoff, A. C. (2014). Untersuchungen zur Kurzbeinigkeit bei verschiedenen Hühnerrassen (*Gallus gallus domesticus*). Bachelorarbeit, Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf.
- Stricklin, W. R. (2001). The evolution and domestication of social behaviour. In *Social behaviour in farm animals* (pp. 83-110). Wallingford UK: CABI publishing.
- Stringham, S. A., Mulroy, E. E., Xing, J., Record, D., Guernsey, M. W., Aldenhoven, J. T., Osborne, E. J. & Shapiro, M. D. (2012). Divergence, convergence, and the ancestry of feral populations in the domestic rock pigeon. *Current biology*, 22(4), 302-308.
- Tiemann, I., & Rehkämper, G. (2008). Breed-specific companions—inter-individual distances reflect isolating mechanisms within domesticated chickens (*Gallus gallus* fd). *Brain Research Bulletin*, 76(3), 300-303.

Wandelt, R & J. Wolters (1996): Handbuch der Hühnerrassen – Die Hühnerrassen der Welt. Verlag Wolters, Bottrop.

Wandelt, R & J. Wolters (1998): Handbuch der Zwerghuhnrasen – Die Zwerghuhnrasen der Welt. Verlag Wolters, Bottrop.

Wang, M.-S., Thakur, M., Peng, M.-S., Jiang, Y., Frantz, L. A. F., Li, M., Zhang, J.-J., Wang, S., Peters, J., Otecko, N. O., Suwannapoom, C., Guo, X., Zheng, Z.-Q., Esmailizadeh, A., Hirimuthugoda, N. Y., Ashari, H., Suladari, S., Zein, M. S. A., Kusza, S., ohrabi, S., Kharrati-Koopae, H., Shen, Q.-K., Zeng, L., Yang, M.-M., Wu, Y.-J., Yang, X.-Y., Lu, X.-M., Jia, X.-Z., Nie, Q.-H., Lamont, S. J., Lasagna, E., Ceccobelli, S., Gunwardana, H. G. T. N., Senasige, T. M., Feng, S.-H., Si, J.-F., Zhang, H., Jin, J.-Q., Li, M.-L., Liu, Y.-H., Chen, H.-M., Ma, C., Dai, S.-S., Bhuiyan, A. K. F. H., Khan, M. S., Silva, G. L. L. P., Le, T.-T., Mwai, O. A., Mohamed Ibrahim, M. N., Supple, M., Shapiro, B., Hanotte, O., Zhang, G., Larson, G., Han, J.-L., Wu, D.-D. & Zhang, Y.-P. (2020): 863 genomes reveal the origin and domestication of chicken. *Cell Research* 30: 693 – 701; <https://doi.org/10.1038/s41422-020-0349-y>.

Wieking, H. J. (1985): Unsere Krüper. *Deutscher Kleinter-Züchter* 20/1985, S. 8-9. Verlag Oertel + Spörer, Reutlingen.

Zeuner, F. E. (1963): *A History of Domesticated Animals*. London: Hutchinson.

Danksagung

Wir danken dem Verein zur Förderung junger Wissenschaftler/innen in der Rassegeflügel-Forschung e.V. (JUWIRA) und allen Mitgliedern für die großzügige finanzielle Unterstützung. Ohne JUWIRA wäre das Projekt nicht zustande gekommen.

Auch danken wir der Stiftung zur Förderung von Wissenschaft, Forschung und Bildung für den Bereich des Rassegeflügels für die Unterstützung.

Ein besonderer Dank gilt dem Sonderverein der Krüper und Zwerg-Krüper-Züchter und dem Club der Chabozüchter von 1925 e. V. für die Bereitstellung der Tiere.

Ebenfalls für die Bereitstellung der Tiere möchten wir dem Sonderverein der Züchter des Deutschen Zwerghuhns,, gegründet 1922, und dem Sonderverein der Züchter Deutscher Reichshühner und Zwerg-Reichshühner danken.

Ein herzlicher Dank gilt auch all denjenigen, die Tiere, Bruteier und einen guten Rat oder eine gute Idee haben einfließen lassen. Und nicht zu vergessen all diejenigen, die über eine Spende an JUWIRA die Durchführung des Projektes erst möglich gemacht haben.

Wir bedanken uns bei Frau Prof. Gesine Lühken, Leiterin der Professur für Haustier- und Pathogenetik am Institut für Tierzucht und Haustiergenetik der Justus-Liebig-Universität Gießen, für die gute Zusammenarbeit und freuen uns schon auf die weitere gemeinsame Forschung.