

Projektpartner:

- Züchterverein für ursprüngliches Nutzgeflügel
- ProSpecieRara
- Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften
- Universität Bern, Institut für Genetik

Die Schweizer Hühnerrassen auf dem Prüfstand

„Schweizerhühner legen 200 Eier pro Jahr!“ „Bei den lokalen Hühnerrassen gibt es ein Inzuchtproblem!“ Gewagte Aussagen hört man bisweilen über die Schweizer Landrassehühner und bisher konnte diese niemand bestätigen oder widerlegen. Also war es 2021 höchste Zeit für ein Projekt, das klare Daten zu Verwandtschaft und Leistung generiert. Erste Ergebnisse dürfen wir Ihnen heute präsentieren.

Die Wertschätzung der landwirtschaftlichen Vielfalt und damit der lokalen Landrassegeflügel, dem „Schweizerhuhn“, dem „Appenzeller Barthuhn“ und dem „Appenzeller Spitzhaubenhuhn“ ist in den letzten Jahren stark gestiegen. In reinen Tierzahlen sind ihre Populationen deutlich gewachsen, jedoch sind die Leistungen mit einer grossen Unsicherheit behaftet und das Auftreten von Erbkrankheiten steht im Zusammenhang mit dem Inzuchtgrad in einer Population. Diese Werte sind für die drei Rassen nicht bekannt. Um sie ermitteln zu können, müssen von möglichst vielen Tieren Blutproben genommen und mit hohen Kosten im Labor analysiert werden.

Gross war darum die Freude, als das Bundesamt für Landwirtschaft einem Gemeinschaftsprojekt von ProSpecieRara, dem ZUN, der HAFL* und der Universität Bern seine finanzielle Unterstützung zusprach, um Daten der drei Schweizer Hühnerrassen zu erheben; ein ambitioniertes Projekt, eine grosse Chance für die Landrassehühner, aber auch eine beachtliche Herausforderung, die nur gemeistert werden kann, weil die Züchterschaft tatkräftig mitwirkt. Dutzende Halter*innen brachten im Frühling 2021 ihre Tiere zu Blutentnahmestellen, notierten über Monate akribisch die tägliche Anzahl gelegter Eier und rapportierten Brut- und Aufzuchtdate ihrer Hühner. Die HAFL konnte in der Zwischenzeit die Daten aus dem ersten Projektjahr auswerten und für diesen Zeitraum interpretieren.

Referenzwerte für künftige Erhaltungszucht

Insgesamt wurden 284 Tiere genotypisiert, wobei in der Regel pro Zuchtgruppe ein Hahn und zwei Hennen in die Studie miteinbezogen wurden (siehe Tabelle). In der Auswertung wurde im Anschluss für jedes Tier die genomische Inzucht und für jedes Tierpaar die genomische Verwandtschaft ermittelt und dargestellt. Die **genomische Inzucht** zeigt an, ob in der Geschichte eines Tieres verwandte Tiere angepaart wurden. Die **genomische Verwandtschaft** wiederum ermittelt auf genetischer Ebene, wie stark die untersuchten Tiere also Hähne und Hennen, miteinander verwandt sind. Ein Vorteil der genomischen Daten ist es, dass die genomische Verwandtschaft und die genomische Inzucht unabhängig von einem Herdebuch für die genotypisierten Tiere hergeleitet werden kann.

	Hähne	Hennen	Total
AB	39	61	100
SH	39	74	113
SP	22	49	71
Total	100	184	284

Tabelle 1: Anzahl der ins Projekt aufgenommenen Tiere je Rasse der drei Schweizer Hühnerrassen (AB: Appenzeller Barthuhn, SH: Schweizerhuhn, SP: Appenzeller Spitzhaubenhuhn)



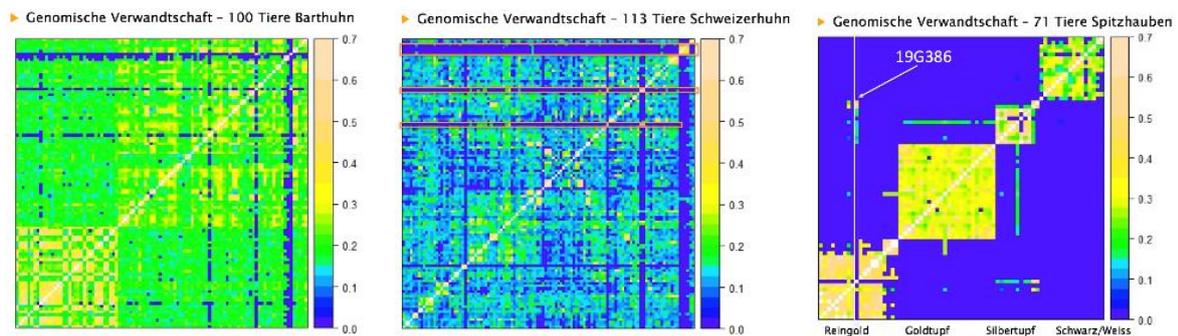
Stillhalten für den Rassenerhalt. Die Sammlung der Blutproben bedeuteten für die Tiere und ihre Halter*innen einen nicht unerheblichen Aufwand: Tierärzt*innen der Universität Bern fixieren ein Schweizerhuhn für die Blutentnahme.

In einem ersten Schritt wurden für alle Tierpaare mit Genotyp die genomischen Verwandtschaften ermittelt und die Mittelwerte pro Rasse hergeleitet (Tabelle 2).

Rasse	BH	SH	SP
Anzahl Tiere	100	113	71
Mittlere genom. Verwandtschaft	0.21	0.11	0.33

Tabelle 2: Mittlere genomische Verwandtschaften innerhalb der drei Schweizer Hühnerrassen

Die Werte für jedes Tierpaar sind in den nachfolgenden Abbildungen getrennt nach Rasse dargestellt.



Darstellung der genomischen Verwandtschaft innerhalb der drei Rassen. Alle Tiere werden auf den x- und y- Achsen gegen alle anderen Tiere projiziert. Die Verwandtschaft ist umso höher, je heller die resultierende Farbe ist (siehe Massstab rechts). Die höchsten Werte für die genomische Verwandtschaft finden sich bei den reingoldenen Spitzhauben.

Die mittlere genomische Inzucht innerhalb der drei Rassen (SP nicht nach Farbschlag getrennt) ist Bestandteil von Tabelle 3. Von den drei Schweizer Hühnerrassen weisen die Appenzeller Spitzhauben die höchste durchschnittliche genomische Inzucht auf. Die Appenzeller Barthühner liegen leicht unter dem Mittelwert der Rasse Spitzhauben, während die Rasse Schweizerhuhn die tiefsten Inzuchtwerte der drei Rassen zeigt.

Rasse	BH	SH	SP
Anzahl Tiere	100	113	71
F_{ROH} ± STD	11.0 ±4.8	10.3 ±4.6	16.4 ±8.4

Tabelle 3: Mittlere genomische Inzuchtwerte (F_{ROH}) der drei Schweizer Hühnerrassen.

In der Rasse Appenzeller Spitzhauben fallen insbesondere die hohen mittleren Werte der genomischen Inzucht (F_{ROH}= 19.2 bzw. 18.1) der seltenen Farbschläge Reingold und Silbertupf auf. Dieses Ergebnis ist nicht erstaunlich, handelt es sich bei der Rasse Appenzeller Spitzhaubenhuhn um sehr kleine, geschlossene Populationen.

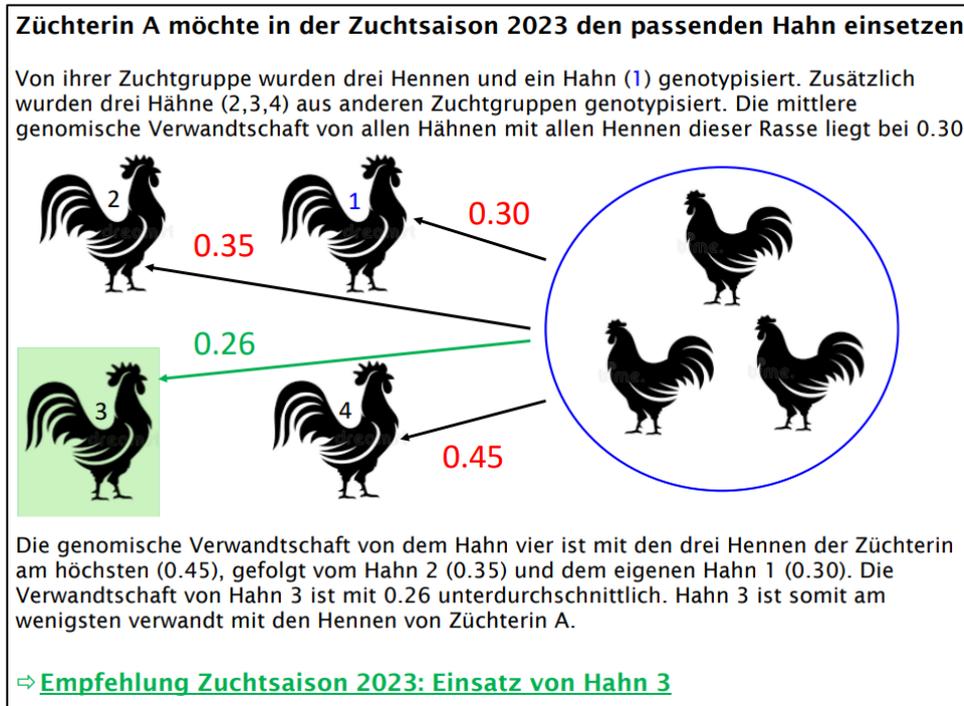
Ein allgemein gültiger Schwellenwert für genomische Inzucht ist in der Geflügelzucht nicht sinnvoll, da die Schätzwerte von der Markerdichte (d.h. wie viele Punkte im Genom der Tiere berücksichtigt wurden) und von der Rassengeschichte abhängig sind. Die im Projekt ermittelten Mittelwerte sollen als Momentaufnahme den Status Quo definieren und als Referenzwerte dienen. Ausgehend davon kann die Inzuchtentwicklungen innerhalb der drei Rassen besser beurteilt werden.

In der Praxis kann die Inzucht von zukünftigen Jungtieren durch die Kontrolle der genomischen Verwandtschaft von einem Zuchthahn zu den anzupaarenden Hennen eingeschränkt werden.

Zu dem Zweck wurden die genomischen Verwandtschaften der beprobten Hähne mit den beprobten Hennen genauer unter die Lupe genommen. So werden Hähne, die unterdurchschnittlich verwandt sind mit den Hennen einer Zuchtgruppe erkannt und können für die kommende Zuchtsaison gezielt ausgetauscht werden. Das Vorgehen

wird in der Abbildung unten schematisch erläutert („Beispiel für die Anwendung des Anpaarungstools“).

Beispiel für die Anwendung des Anpaarungstools



Für die praktische Umsetzung wurde ein Excel erstellt, in dem die genomische Verwandtschaft von allen genotypisierten Hähnen den genotypisierten Hennen dargestellt wurde und mit einem Farbcode (rot: Anpaarung führt zu zu hoher Inzucht in Nachkommen aus dieser Anpaarung, grün: Anpaarung aufgrund der Verwandtschaft zulässig). Die Anpaarungshilfe wurde bei der Hähnevermittlung im Herbst 2022 eingesetzt. Es hat sich leider gezeigt, dass viele der zu vermittelnden Hähne nicht genotypisiert wurden und somit die Anpaarungshilfe in der Praxis nur noch bei vereinzelt Anpaarungen berücksichtigt werden konnte.

Leistungen:

Vitalitätsparameter

Von 21 Zuchtgruppen aller drei Rassen wurden im ersten Projektjahr die Vitalitätsparameter der Tiere (Brut- und Aufzuchtleistungen sowie Mortalität) ermittelt. Insgesamt wurden 19 Kunst- und 2 Naturbruten miteinbezogen.

Tabelle 4:

Rasse	Anzahl Bruten	Davon Naturbrut (Henne der gleichen Rasse)	Min Brutbeginn	Max Brutbeginn	Ø Eier	Min Eier	Max Eier
CH	7	0	16.01.2021	10.05.2021	38.1	20	53
SH	6	1	10.03.2021	20.04.2021	25.5	10	39
BH	8	0	25.03.2021	13.07.2021	27.8	5	59
Total	21				30.6		

Die **Befruchtungsraten** (Anzahl befruchteter Eier/ Anzahl eingelegte Eier) sind: Schweizerhuhn 82%, Appenzeller Barthuhn 79%, Appenzeller Spitzhaubenhuhn 91%.

NB: Die Befruchtungsraten sind abhängig vom Datum der Bruteiersammlung (Wetter, Temperatur), vom Geschlechterverhältnis (Anzahl Hähne pro Anzahl Hennen) sowie von Alter und Vitalität der Hähne. Diesen Variablen konnte in diesem Projekt aufgrund der Komplexität nicht Rechnung getragen werden. Die ermittelten Befruchtungsraten spiegeln somit die tatsächlichen Praxisbedingungen wider.

Die **Schlupfrate** (Anzahl lebensfähige, geschlüpfte Küken pro Anzahl eingelegte Eier) liegen bei 65% (Appenzeller Barthuhn), 58% (Schweizerhuhn) und 64% (Appenzeller Spitzhaubenhuhn). Gemessen an den mittleren Schlupfraten von rund 80% in der konventionellen Geflügelzucht (Referenz: Aviforum), sind die Schlupfraten in den untersuchten Bruten vergleichsweise tief. Die Gründe für die tieferen Schlupfraten sind vielfältig. Die Stichprobe ist mit 21 Bruten relativ klein und das Management (Sammlung Bruteier, Lagerung Bruteier, Grösse Bruteier, etc) ist weniger standardisiert im Vergleich mit konventionellen Brütereien. Weiter sind die drei Rassen saisonal. Dies hat zur Folge, dass Bruten mit sehr frühem Brutbeginn in tiefen Schlupfraten resultieren. Die Schlupfrate hängt auch von genetischen Faktoren ab. Es ist jedoch sehr schwierig, basierend auf kleinen Daten Zusammenhänge zwischen den Inzuchtkoeffizienten und tiefen Schlupfraten nachzuweisen.

Nebst technischen Gründen (Handling und Lagerung der Bruteier, Handling der Brutmaschinen u.a.) ist die Schlupfrate auch von genetischen Faktoren und Entwicklungsstörungen abhängig.

Die **Aufzuchtrate I** (Anzahl aufgezogene Tiere pro Anzahl geschlüpfter Tiere) stellt sozusagen das Gegenteil der Mortalität dar (Anzahl Tiere, die nach dem Schlupf absterben oder wegen Körperanomalien getötet werden müssen). In der Praxis werden Küken die mit Anomalien schlüpfen getötet oder sicher von der Zucht ausgeschlossen. Zur Berücksichtigung dieser Ausschlüsse wurde im vorliegenden Projekt zusätzlich die Aufzuchtrate II ermittelt. Diese entspricht dem Verhältnis Anzahl aufzogener Küken ohne Anomalien / Anzahl geschlüpfte Küken. Die Aufzuchtrate II liegt im Untersuchungszeitraum in der Rasse Schweizerhuhn (95%) am höchsten, gefolgt von der Rasse Appenzeller Spitzhauben (92%) und der Rasse Appenzeller Barthuhn (88%). In der Rasse Appenzeller Barthuhn ist die Aufzuchtrate etwas tiefer als 90%, weil Küken mit Kreuzschnabel ausgeschlossen werden mussten.

Tabelle 5:

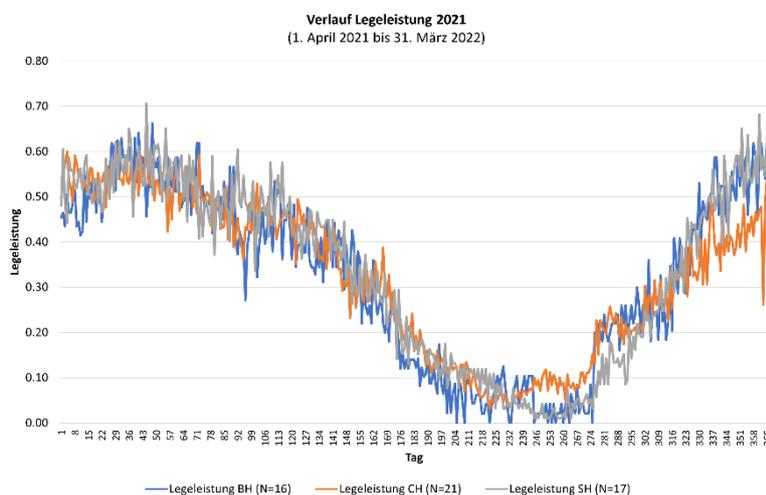
Rasse	Ø Befr.-rate	Min Befr.-rate	Max Befr.-rate	Ø Schlupf-rate	Min Schlupf-rate	Max Schlupf-rate	Ø Aufzucht rate II	Min Aufzucht rate II	Max Aufzucht rate II
CH	0.82	0.60	0.98	0.58	0.32	0.85	0.95	0.78	1.00
SH	0.91	0.55	1.00	0.64	0.38	0.75	0.94	0.71	1.00
BH	0.79	0.45	1.00	0.65	0.40	0.85	0.86	0.50	1.00
Total	0.84			0.62			0.91		

Legeleistung

In insgesamt 52 Hennengruppen wurde von April 2021 bis März 2022 täglich die Anzahl gelegter Eier notiert, dabei kamen total 114893 Legehennentage zusammen, in denen die Tiere total 38566 Eier legten. Die Ergebnisse der drei Rassen sind Bestandteil der nachfolgenden Tabelle.

Tabelle 6:

	Anzahl Gruppen	Anzahl Eier erfasst	Lege-hennentage	Ø Anzahl Hennen	Ø Eier pro Henne und Jahr
BH	16	8003	22160	60.71	131.82
CH	21	19760	59749	163.70	120.71
SH	15	10803	32984	90.37	119.55



Verlauf der Legeleistungen der drei Rassen, mit deutlicher „Legepause“ zwischen ca Oktober und Februar (BH= Barthuhn, CH= Schweizerhuhn, SH=Spitzhaubenhuhn, N=Anzahl Hennengruppen). In 54 Gruppen wurde von April 2021 bis März 2022 täglich die Anzahl gelegter Eier notiert, dabei kamen total 114893 Legehennentage zusammen, in denen die Tiere 38566 Eier legten.

Über alle Rassen gemessen legt somit eine Henne alle 3 Tage ein Ei. Die durchschnittliche jährliche Legeleistung der einzelnen Hennen ist gemäss der Daten aus dem Jahr 2021 bei den drei Rassen vergleichbar: Appenzeller Barthuhn: 132 Eier, Schweizerhuhn: 121 Eier und Appenzeller Spitzhaubenhuhn: 119 Eier pro Jahr. Die Erhebung der Leistungserfassungen wird im Jahr 2022 weitergeführt und anhand der Erfahrungen des ersten Jahres auch ein wenig verfeinert, beispielsweise melden die Züchter*innen im Jahr 2022, ob sie ein Lichtregime eingesetzt haben oder nicht.

Die Eierleistungen unserer Hühner sind zweifellos respektabel, wenn auch bei weitem nicht so hoch wie die landläufige Vorstellung. Die in der Literatur angegebenen Legeleistungen werden oft unter standardisierten Bedingungen erhoben (z.B. mit Lichtregime). Hier wird das Projekt ebenfalls eine Lücke schliessen und aufzeigen, welche Legeleistungen unter nicht standardisierten Bedingungen erwartet werden können.

Die Erfassung der Brut- und Legeleistungen dauert im laufenden Jahr noch an und wird im Jahr 2023 abschliessend ausgewertet. Wir sind sehr dankbar für das engagierte Mitwirken der Züchterschaft und gespannt auf die Ergebnisse aus den nächsten zwei Projektjahren!