



Woher kommen die Hühner?

Molekulare Marker helfen bei der Abgrenzung genetischer Gruppen der Haushühner

Steffen Weigend (Neustadt-Mariensee)

Beim Haushuhn wie auch bei anderen Nutztierarten spiegelt das breite Spektrum an Rassen und Schlägen die Vielfalt wider, die sich während der Domestikation entwickelt hat.

Während sich im privaten Bereich eine große Anzahl von Liebhabern hobbymäßig der Rassegeflügelzucht widmet, hat sich die kommerzielle Hühnerzucht in den letzten Jahrzehnten auf wenige Unternehmen verdichtet, die hoch spezialisierte Linien der Mast- und Legerichtung züchten. Diese Zuchtprodukte haben aufgrund ihres hohen Leistungsniveaus schnell eine weltweite Verbreitung gefunden und leistungsschwächere Rassen aus der Nutzung verdrängt. Das Aussterben von Rassen bedeutet einen Verlust an genetischer Vielfalt. Wie hoch dieser Verlust ist hängt davon ab, wie eng verwandt die verdrängten Rassen mit anderen, noch existenten Rassen sind und wie viel Gemeinsames sie mit den wirtschaftlich genutzten Linien aufweisen. Vor diesem Hintergrund befasst sich das Institut für Nutztiergenetik am Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) mit Aspekten der Domestikation, der Rassenvielfalt und der Charakterisierung genetischer Unterschiede mit neuesten molekulargenetischen Methoden beim Haushuhn.

Genetische Differenzierung weit vorangeschritten

Die heutigen Haushühner lassen sich im Wesentlichen auf das Rote Kammhuhn (*Gallus gallus*) mit seinen fünf Unterarten zurückführen. Neue Arbeiten deuten darauf hin, dass es zu Kreuzungen zwischen *Gallus*-Arten gekommen sein könnte und möglicherweise auch das Sonnerat-Huhn (*Gallus sonneratii*) zur Entwicklung unserer Haushühner beigetragen hat.

Ausgehend von den Domestikationszentren in Südostasien haben sich Hühner nach China, Persien und Ägypten ausgebreitet. Erste Hinweise auf Hühner im Mittelmeerraum stammen aus dem 8.–6. Jahrhundert v. Chr. Mit den Römern erfolgte eine weitere Ausbreitung nach Nordeuropa.

Nach 1900 setzte eine nahezu vollständige Trennung zwischen der Wirtschafts- und Rassegeflügelzucht ein. Beim Wirtschaftsgeflügel

konzentrierte sich die Zucharbeit auf einige spezialisierte Unternehmen, die wenige, aber enorm leistungsstarke Linien herausbildeten. Während um 1900 noch etwa 40 Rassen allein in den Geflügelzuchtstationen Deutschlands registriert waren, beschränken sich heutige Zuchtlinien weltweit auf einige wenige Ausgangsrassen. Beispielsweise gehen alle wirtschaftlich genutzten Hühner, deren Eier eine weiße Schalenfarbe haben, auf eine einzige Rasse zurück – die Rasse Weißes Leghorn.





Bei Hühnern der braunschaligen Legerichtung sowie bei Mastgeflügel ist die Situation ähnlich, wenn auch deren Ausgangspool aus mehr als einer Rasse besteht.

Ein großer Teil der wirtschaftlich verdrängten Hühnerrassen wird bis heute von Hobbyzüchtern gepflegt (Abb. 1; Beispiel Vorwerkhühner). Folglich ist der Genpool der Haushühner einerseits in Rassen unterschiedlicher Regionen und Kontinente getrennt, andererseits in wirtschaftlich genutzte Linien und in lokale Rassen oder Hobbyzuchten. Mit Ausnahme des Leistungsniveaus ist bisher wenig über die genetischen Unterschiede zwischen diesen Gruppen bekannt.

Kurze DNA-Abschnitte liefern wertvolle Informationen

In den letzten 15 bis 20 Jahren konnten molekulargenetische Methoden wesentlich dazu beitragen, genetische Unterschiede bei Hühnern und anderen landwirtschaftlichen Nutztieren zu beschreiben. Die meisten Diversitätsstudien beim Huhn basieren auf 20 bis 30 molekularen Markern, so genannten Mikrosatelliten, innerhalb der Erbsubstanz DNA. Unter einem Marker versteht man einen Bereich im DNA-Strang, der zwischen Individuen verschieden (polymorph) ist. Bei Mikrosatelliten handelt es sich um kurze DNA-Sequenzen (zwischen 1 und 5 Basenpaaren), die sich mehrfach hintereinander wiederholen (repetitive Sequenzen). Dabei kann die Anzahl der Wiederholungen zwischen Individuen variieren.

Mikrosatelliten sind über alle Chromosomen des Genoms verteilt und lassen sich relativ einfach im Labor analysieren.

Rassen und Linien verschiedener Herkunft genetisch abgrenzbar

Unter Verwendung von Mikrosatelliten wurden im Institut für Nutztiergenetik des FLI in Mariensee beim Haushuhn umfangreiche Untersuchungen durchgeführt. Die in diese Untersuchungen einbezogenen Populationen umfassten zahlreiche lokale Hühnerrassen Europas, Asiens und Afrikas (Tab. 1). Als Referenz wurden außerdem Linien aus der Wirtschaftsgeflügelzucht (Legelinien mit weißer und brauner Eischalenfarbe, Mastrichtung) sowie zwei Unterarten des

Roten Kammhuhns (*G. g. gallus* und *G. g. spadiceus*) einbezogen.

Eine erste Information über die genetische Variabilität innerhalb einer Population liefert der durchschnittliche Grad der Heterozygotie (Mischerbigkeit) in den analysierten Markerorten. Der beobachtete Heterozygotiegrad kann direkt durch Zählung heterozygoter Tiere relativ zur Gesamtzahl untersuchter Tiere ermittelt werden. Der erwartete Heterozygotiegrad einer Population lässt sich aus den Allelfrequenzen der einzelnen Loci für die jeweilige Population schätzen. In Abbildung 2 ist der erwartete (X-Achse) und der beobachtete (Y-Achse) mittlere Heterozygotiegrad von 85 Hühnerpopulationen aufgetragen. Die Linie zeigt den Wert an, wenn der erwartete Heterozygotiegrad gleich dem beobachteten wäre. Bei den meisten Populationen ist ein etwas geringerer Heterozygotiegrad zu finden als erwartet, was auf ein geringes Maß an Inzucht innerhalb der Populationen hinweist. Die Wildhuhnpopulationen weisen einen hohen Grad an Heterozygotie auf, während er zwischen den lokalen Rassen Europas erheblich variiert und insgesamt geringer als bei den untersuchten Populationen aus Asien und Afrika ist. Interessant ist der Vergleich zwischen den Linien der Wirtschaftsgeflügelzucht. Zuchtlinien der Mastrichtung (Broiler) sind offensichtlich variabler als die der Leger. Die Linien der weißschaligen Legerichtung rangieren am unteren Ende der Skala, während Braunlegerlinien einen mittleren Bereich einnehmen. In der Vergangenheit wurden Bedenken geäußert, dass die genetische Variabilität insbesondere in den Zuchtlinien der weißen Legerichtung erheblich eingeschränkt sei, da diese Linien von einer einzigen Rasse abstammen (Weißes Leghorn) und seit Generationen einer intensiven Selektion ausgesetzt sind. Die Ergebnisse weisen für die Rasse Weißes Leghorn tatsächlich eine geringere Variabilität auf, während die Braunlegerlinien und Broiler insgesamt eine beachtliche genetische Variabilität zeigen.

Unter der Annahme, dass genetisch weit voneinander entfernte Rassen oder Rassengruppen unterschiedliche genetische Eigenschaften tragen, hat eine systematische Gruppierung von Rassen Bedeutung für weitere Studien zur Identifizierung funktioneller Unterschiede. Mit speziellen statistischen Methoden können Individuen anhand

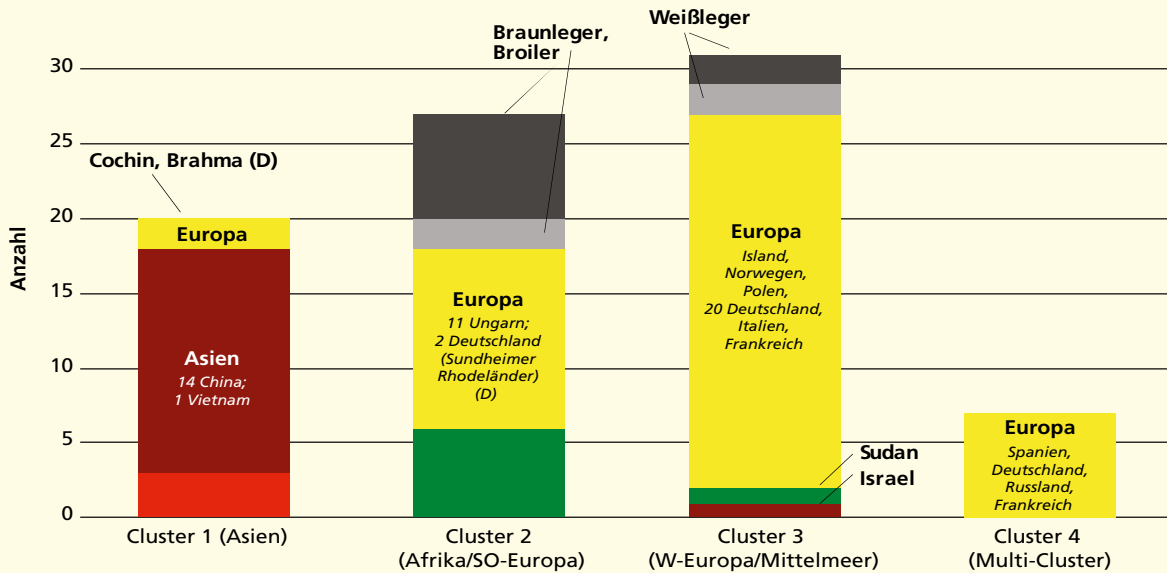
Tab. 1: Hühnerpopulationen, die in molekulargenetische Untersuchungen einbezogen wurden

Wildpopulationen		Europa	
G.g. gallus	2	Deutschland	27
G.g. spadiceus	1	Ungarn	11
		7 andere Länder	8
Kommerzielle Linien		Asien	
Weißleger	2	China	14
Braunleger	3	Vietnam	1
Masthuhn	4	Israel	1
Experimentelle Linien		Afrika	
Weißleger	2	Simbabwe	5
Braunleger	2	Malawi	1
		Sudan	1



Abb. 1: Vorwerkhühner aus dem Modellprojekt zur Erhaltung gefährdeter Geflügelrassen in Deutschland.

Abb. 3: Gruppierung von 85 Hühnerpopulationen anhand von 29 Mikrosatelliten, basierend auf einer Analyse der Populationsstruktur



molekularer Informationen entsprechend ihrer Ähnlichkeit in Gruppen unterteilt werden. Dabei zeigte sich, dass sich Hühnerpopulationen aus verschiedenen Kontinenten und mit unterschiedlicher Entwicklungsgeschichte in drei große Gruppen aufteilen (Abbildung 3). Eine vierte Gruppe fasst Populationen zusammen, die keiner der anderen drei Gruppen eindeutig zugeordnet werden können.

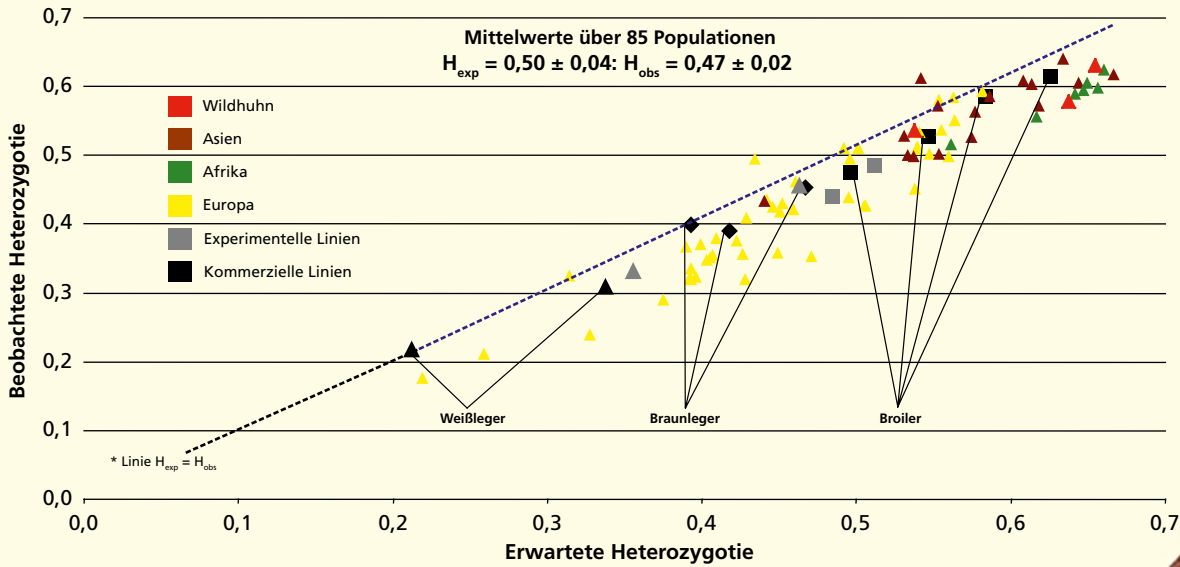
Auffällig ist, dass die Cluster 1 bis 3 vorrangig geographisch getrennte Populationen enthalten. Im Cluster 1 sind vor allem lokale Populationen aus Asien (China und Vietnam) sowie Wildhühner zu finden. Zwei Rassen jedoch, Cochin und Brahma, die aus Hobbyzuchten in Deutschland stammen, fallen ebenfalls in diese Gruppe. Beide Hobbyrassen zählen zu der Gruppe von Rassen, die erst vor rund 150 Jahren aus dem asiatischen Raum nach Europa eingeführt wurden. Das zweite Cluster wird dominiert von

afrikanischen Hühnern aus Simbabwe und Malawi sowie Hühnerpopulationen aus Ungarn. In diesem Cluster findet man auch Zuchtlinien der Mastrichtung und der Braunleger, die jedoch bei tieferer Auflösung der Cluster eigene Gruppen bilden (Daten nicht gezeigt). Linien beider Richtungen sind miteinander näher verwandt als mit Weißlegern. Diese fallen in das dritte Cluster, das insbesondere lokale Hühnerrassen Mittel- und Nordeuropas vereint. Die Zuchtlinien der Weißleger haben ihren Ursprung in einer einzigen Rasse, dem Weißen Leghorn, das von einem italienischen Landhuhn abstammt.

Mütterlich vererbte Genome erlauben tieferen Einblick in die Stammesgeschichte

Wie bei anderen Nutztierarten wurden auch beim Huhn Polymorphismen in der mitochondrialen (mt)DNA für Studien der Stammesgeschichte genutzt. Mitochondrien sind Zellorganellen mit eigener DNA; sie werden ausschließlich über die Eizellen vererbt, also nur von der Mutter an die Nachkommen weitergegeben. Die mtDNA ist ein ringförmiges Molekül und enthält in einer Region, der so genannten „displacement loop“ (D-loop) Region, Elemente, die die Vervielfältigung des DNA-Moleküls kontrollieren. Die D-loop-Region ist für Studien der geographischen Herkunft besonders geeignet, da sie sehr variabel ist und gegenüber der DNA in den Zellkernen eine wesentlich höhere Mutationsrate aufweist. Frühe Arbeiten asiatischer Wissenschaftler untersuchten die D-loop Region von verschiedenen *Gallus*-Arten einschließlich des Roten Kammhuhnes (*Gallus gallus*) und einiger domestizierter Rassen. Die Ergebnisse sprechen für eine auf nur eine Stammform zurückge-

Abb. 2: Beobachteter (H_{obs}) und erwarteter Heterozygotiegrad (H_{exp}) von 85 Hühnerpopulationen, basierend auf der Analyse von 29 Mikrosatelliten

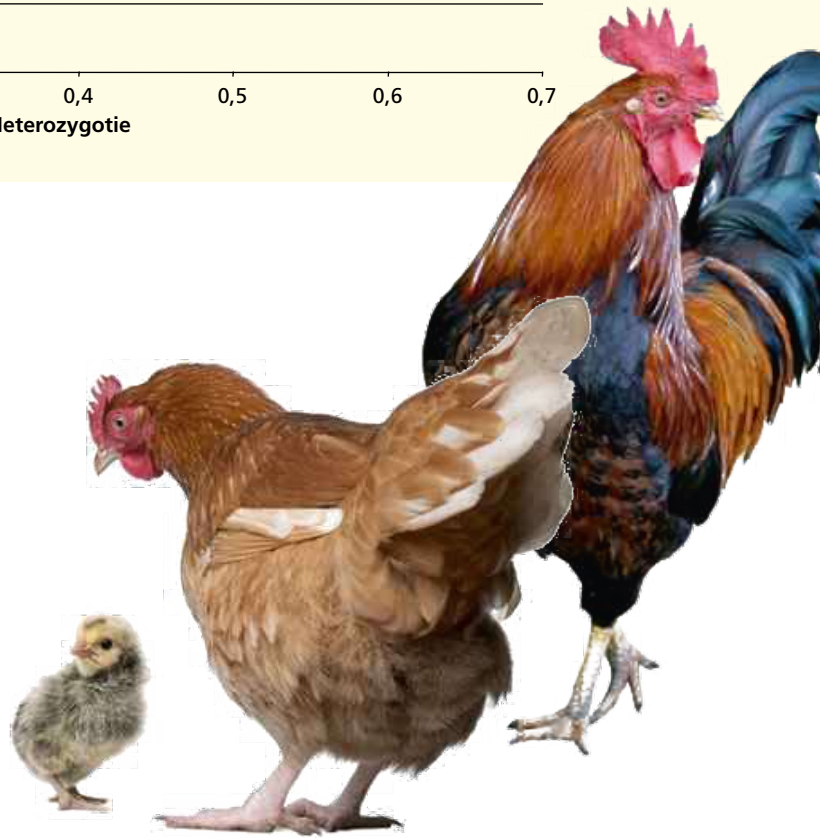


hende Abstammung unserer Haushühner vom Roten Kammhuhn in Thailand (monophyletische Abstammung). Neuere Arbeiten stellen diese Sichtweise jedoch in Frage. Sie stützen die Theorie, dass das Haushuhn mehrfach domestiziert wurde, wahrscheinlich in Südostasien und Indien und eventuell auch mehrere Arten aus der Gattung *Gallus* beigetragen haben könnten.

In Untersuchungen von MUCHADEYI et al. (2008) wurden Polymorphismen im D-loop der mtDNA bei afrikanischen Hühnern (aus Simbabwe, Malawi und Sudan) mit denen einige Zuchtlinien aus der europäischen Wirtschaftsgeflügelzucht verglichen. Dabei wurden drei große Gruppen beziehungsweise maternale Linien unterschiedlicher Abstammung identifiziert. In einer Gruppe waren sowohl afrikanische Hühner als auch Tiere der kommerziellen Zuchtlinien zu finden, während in einer zweiten Gruppe nur Hühner aus Simbabwe und Malawi auftraten. Ein Abgleich mit DNA-Sequenzen aus der Genbank lässt vermuten, dass der Ursprung der ersten maternalen Linie in Südostasien liegt, während der der zweiten „afrikanischen“ maternalen Linie in Indien zu suchen ist. Die dritte maternale trat nur bei Wirtschaftsgeflügel auf und weist auf einen anderen Ursprung hin. Gegenwärtig gibt es international intensive Bemühungen, die vorhandenen umfangreichen Informationen auf der molekularen Ebene aus verschiedenen Arbeiten zusammenzuführen, um die noch offenen Fragen der Abstammungsgeschichte des Haushuhnes weiter abzuklären.

Rasante Entwicklung wird weitergehen

Molekulare Methoden sind unentbehrliche Werkzeuge zur Beschreibung der genetischen Diversität bei landwirtschaftlichen Nutztieren. Darauf können letztlich Bemühungen fußen, diese Vielfalt zu erhalten und zu schützen.



Der Kenntniszuwachs und die damit verbundenen technologischen Entwicklungen auf dem Gebiet der Molekulargenetik in den letzten Jahren sind rasant. Neueste Hochdurchsatztechnologien der Analyse zahlreicher Punktmutationen im Genom (Single Nucleotide Polymorphism, SNP) werden neue Einblicke in die Dynamik genetischer Diversität erlauben und unser Wissen fundamental erweitern. ■

FLI Dr. Steffen Weigend, Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Nutztiergenetik, Bereich Züchtung und genetische Ressourcen, Höltzstr. 10, 31535 Neustadt-Mariensee. E-Mail: steffen.weigend@fli.bund.de