

Formatvorlage für Tagungsbeitrag

Bitte beachten Sie beim Erstellen Ihres Abstracts folgende Formatvorgaben:

Laden Sie den Abstract als PDF-Dokument hoch!

Seiten-Layout

Für alle Seiten der wissenschaftlichen Arbeit gelten folgende Grundeinstellungen:

Seitengröße: DIN A4, Ausrichtung: Hochformat, einseitig bedruckt,

Seitenränder: links: 2,5 cm, rechts: 2,5 cm, oben: 2,5 cm, unten: 2 cm

Die gesamte Arbeit ist in Times New Roman zu verfassen und darf vier Seiten nicht überschreiten.

Textelement	Zeichenattribute		Absatzattribute	
Fließtext	Größe:	12 pt	Ausrichtung:	Blocksatz
	Stil:	normal	Einzüge:	keine
			Zeilenanstand:	1,5fach
Tabellen- und Bildunterschriften	Größe:	12 pt		
	Stil:	fett		
Titel der Arbeit	Größe:	14 pt	Ausrichtung:	zentriert
	Stil:	fett	Abstand nach:	15 pt
Überschrift	Größe:	14 pt	Ausrichtung:	linksbündig
	Stil:	fett	Abstand vor:	12 pt
			Abstand nach:	12 pt
Autoren	Größe	12 pt	Ausrichtung:	zentriert
	Stil:	kursiv		
Institutsangabe	Größe:	10 pt	Ausrichtung:	Blocksatz
	Stil:	normal		

Bitte orientieren Sie sich an folgendem Mustertext!

Mustertitel

K. Mustermann¹, D. Test², W. Lieschen-Müller¹

¹Institut A, Universität A, 10815 Irgendwo

²Institut B, Universität B, 14711 Sonstwo

1 Einleitung

Nach der Detektion von QTL für Leistungsmerkmale gerieten in den letzten Jahren die funktionalen Merkmale in den Fokus der Wissenschaft, zu denen auch die Abkalbmerkmale gehören. Diese zeichnen sich vornehmlich durch geringe Heritabilitäten und einen geringen Einfluss auf den Gesamtzuchtwert aus. Des Weiteren ist bei diesen Merkmalen sowohl der direkte Effekt des Kalbes als auch der Effekt der Mutter zu berücksichtigen. Da direkte und maternale Effekte negativ korreliert sind, ergeben sich daraus Probleme bei der züchterischen Bearbeitung nach herkömmlichen Zuchtmethoden. Durch die Kenntnis von QTL könnten diese Merkmale gezielt mittels markergestützter Selektion bearbeitet werden und in ein bestehendes Zuchtprogramm integriert werden. In den letzten Jahren wurden in fast allen Holstein Populationen QTL für den Geburtsverlauf des Rindes kartiert (u.a. Kühn et al. 2003, Schnabel et al. 2005, Thomasen et al. 2008). In einer vorangegangenen Studie (Seidenspinner et al. 2007) konnte gezeigt werden, dass die Aufteilung der Zuchtwerte nach Paritäten für Kalbmerkmale zur Detektion von QTL von großer Bedeutung ist. In weiteren Untersuchungen konnten die QTL für den Geburtsverlauf auf BTA10 von Kühn et al. (2003) bestätigt und weitere am QTL segregierende Familien ermittelt werden. Ziel dieser Arbeit war die Minimierung des Konfidenzintervalles für einen möglichen QTL auf BTA10 für den Geburtsverlauf beim Rind und die Ableitung positioneller Kandidatengene. Darauf aufbauend ist die vergleichende Sequenzierung der Kandidatengene zur Identifizierung von Polymorphismen geplant, die nachfolgend für Assoziationsstudien verwendet werden sollen.

2 Material und Methoden

Grundlage der Untersuchung war ein Granddaughter Design (GDD) bestehend aus 18 paternalen Halbgeschwisterfamilien mit maximal 1072 Söhnen, wobei die Anzahl der Söhne variierte. Aufgrund der in Deutschland üblichen Anpaarung von Testbullen an Mehrkalbskühe

musste der Datensatz für die direkten Effekte in der ersten Parität auf 359 Söhne reduziert werden. Des Weiteren konnte auch für die dritte Parität nicht auf den gesamten Datensatz zurückgegriffen werden, da hier noch nicht genügend Informationen für alle Bullen erhältlich waren. Eine genauere Übersicht gibt Tabelle 1.

Tabelle 1: Ergebnisse der QTL-Analysen in der Callipyge-Region des Schweines.

Merkmal	F-Wert ¹⁾	LOD	Additiv ²⁾	Dominanz ²⁾	Imprinting ²⁾
Speckdicke (Kamm)	2,31	1,504	0,029±0,016 0,033	-0,031±0,023	0,027±0,019
Speckdicke (Rückenmitte)	2,86	1,857	±0,014	-0,031±0,020	0,009±0,017
Speckdicke (Lende)	1,07	0,694	-0,020±0,015	0,019±0,024	0,017±0,019
Seitenspeckdicke	4,87**	3,163	0,072±0,022	-0,032±0,032	0,044±0,027
Speckmaß FOM	3,81*	2,475	0,420±0,135	-0,109±0,201	0,199±0,166

¹⁾ *: p<0.05, **:p<0,01; ²⁾ Effektschätzer ± Standardfehler.

Für die Feinkartierung wurden 26 Mikrosatelitenmarker auf BTA10 typisiert. Die Marker deckten 53 cM von Chromosom 10 ab, was einem durchschnittlichen Markerintervall von 2,04 cM entspricht. Alle Marker wurden aus der Karte von Ihara *et al.* (2004) entnommen und entsprechend ihrer genomischen Position gereiht. Als Phänotypen wurden univariat geschätzte Zuchtwerte der Merkmale Totgeburten maternal erste (TGm1), zweite (TGm2) und dritte (TGm3) Parität, sowie Kalbeverlauf maternal erste (KVm1), zweite (KVm2) und dritte (KVm3) Parität verwendet. Als direkte Merkmale wurden Totgeburten erste (TGp1) und weitere Paritäten (TGp2) bzw. Kalbeverlauf erste (KVp1) und weitere Paritäten (KVp2) in die Auswertung einbezogen. Die Schätzung erfolgte mit einem Vatermodell, bei dem auf weitere Abstammungsinformationen verzichtet wurde. Die Feinkartierung wurde in Zusammenarbeit mit dem FBN in Dummerstorf mit der Software TIGER (Baes und Reinsch 2008) durchgeführt. Diese Software kann kombinierte Kopplungsgleichgewichts- und Kopplungsungleichgewichtsanalysen durchführen. Die Ermittlung der Testgröße für jede QTL-Position erfolgt mittels Residual Maximum Likelihood.

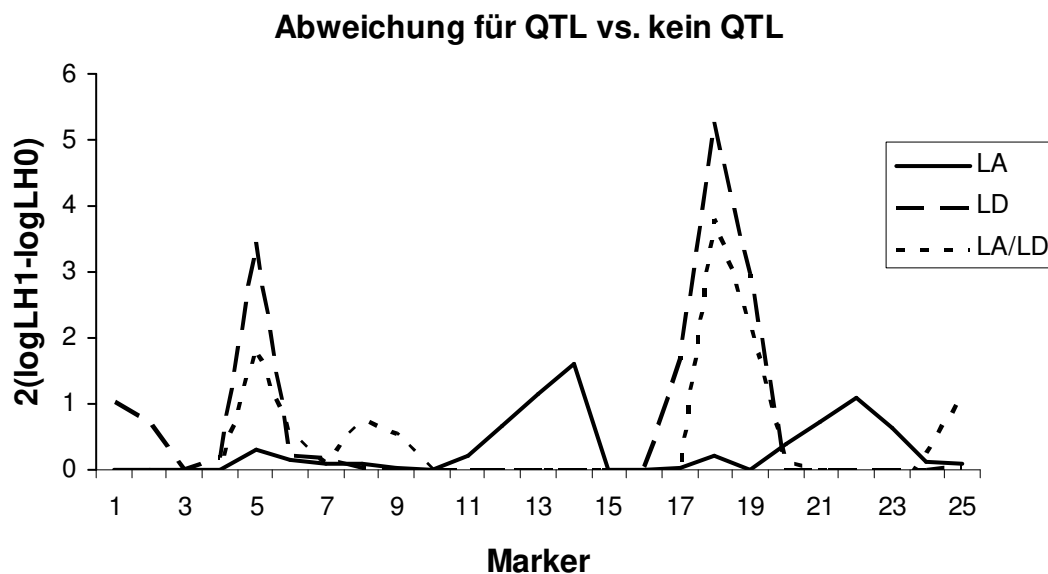


Abbildung 1: Abweichung des logL für QTL vs. kein QTL für das Merkmal TGm1.

3 Ergebnisse und Diskussion

Von den zu erfassenden 6860 Genotypen konnten 6833 (99.6 %) erfolgreich bestimmt werden. Die Anzahl polymorpher Loci betrug 18 bis 20 pro Rasse; die Zahl der pro Locus beobachteten Allele lag zwischen 5 und 19, und die mittleren Allelzahlen variierten zwischen 3.9 (Meishan) und 9.3 (Meo). Insgesamt zeigten die autochthonen vietnamesischen Schweinerassen nahezu die doppelte mittlere Allelzahl im Vergleich zu den Rassen europäischer Herkunft. Ähnliche Verhältnisse wurden bereits für den Vergleich von europäischen mit chinesischen Rassen beschrieben (Li *et al.* 2000). Möglicherweise ist die große Diversität bei den indigenen Rassen auf eine weitgehende Abwesenheit von züchterischen Einflüssen zurückzuführen. Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht wurden nicht über das zufällig erwartete Maß hinaus beobachtet. Für den Inzuchtkoeffizienten F_{IS} (Wright 1951) wurden in den Rassen Muong Khuong, Co, Meo und Tap Na Werte zwischen 0.062 und 0.109 beobachtet. Die F_{ST} -Werte für die gruppierten vietnamesischen, exotischen und europäischen Rassen lagen zwischen 0.019 und 0.138, was nach Wright (1978) auf eine mittlere genetische Differenzierung hindeutet. Die geringsten genetischen Distanzen wurden zwischen den exotischen Rassen Landrace und Yorkshire in Vietnam beobachtet. Im Dendrogramm zeigte sich je ein Cluster für die vietnamesischen Rassen und die Rassen europäischer Herkunft. Innerhalb beider Cluster konnten jedoch deutliche Aufspaltungen beobachtet werden. Dabei waren die vietnamesischen Rassen weniger homogen, und die genetischen Distanzen spiegelten die jeweiligen räumlichen

Entfernungen der Herkünfte wieder. Das Wildschwein wurde zusammen mit den europäischen Rassen geclustert, während die Zuordnung von Meishan zum Cluster der vietnamesischen Rassen nur eine geringe Absicherung über das Bootstrapping aufwies. Die Ergebnisse dieser Studie bilden einen Beitrag zur Charakterisierung vietnamesischer autochthoner Schweinerassen und weisen klar darauf hin, dass diese Rassen ein wichtiges Reservoir an porcinen genetischen Ressourcen darstellen.

4 Literatur

FAO (2000): World watch list for domestic animal diversity (3rd ed.). Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations.

Felsenstein, J. (1995). PHYLIP (Version 3.57c): Department of Genetics, University of Washington, Seattle: distributed by the author.

Li, K., Chen, Y., Moran, C., Fan, B., Zhao, S., & Peng, Z. (2000): Analysis of diversity and genetic relationships between four Chinese indigenous pig breeds and one Australian commercial pig breed. *Anim. Genet.* **31**: 322-325.

Nei, M. (1972): Genetic distance between populations. *Am. Nat.* **106**: 283-292.

Sneath, P. H. A. & Sokal, R. R. (1973): Numerical Taxonomy. San Francisco: Freeman, W.H.

Swofford, D. L. & Selander, R. B. (1989): BIOSYS-2 (Version 1.7, modified by William C. Black IV, 1997).

Wright, S. (1951): The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.* **15**: 323-354.

Wright, S. (1978): Evolution and the Genetics of Population, Variability Within and Among Natural Populations. Chicago: The University of Chicago Press.