

## Formatvorlage für Tagungsbeitrag

**Bitte beachten Sie beim Erstellen Ihres Abstracts unbedingt folgende**

**Formatvorgaben:**

**Laden Sie den Abstract als Word-Dokument hoch!**

### Seiten-Layout

Für alle Seiten der wissenschaftlichen Arbeit gelten folgende Grundeinstellungen:

- Seitengröße: DIN A4, Ausrichtung: Hochformat
- 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                          |
| Abbildungen                                      | Wenn<br>passend<br>Farbe<br>nutzen |        |                 |                                  |
| Tabellenüberschriften-<br>und Bildunterschriften | Größe:                             | 12 pt  |                 | 1 Zeile Abstand zum<br>Fließtext |
|                                                  | 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 |                 |                                  |

## **Zitieren im Text und Literaturverzeichnis:**

- Für das Zitieren im Text bitte die **Harvard-Methode** wählen: (Auturname Jahr) bei mehreren Autoren: (erster Autorenname et al. Jahr)
- Im Literaturverzeichnis bitte vollständige Angaben und wenn möglich **DOI** mit Link angeben, Einrücken der Literaturangabe und einzeilige Darstellung.

**Bitte orientieren Sie sich unbedingt an folgendem Mustertext!**

Vortragstagung der DGfZ und GfT am 25./26. September 2025 in Rostock

## **Mustertitel**

*K. Mustermann<sup>1</sup>, D. Test<sup>2</sup>, W. Lieschen-Müller<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>Institut A, Universität A, 10815 Irgendwo

<sup>2</sup>Institut 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.

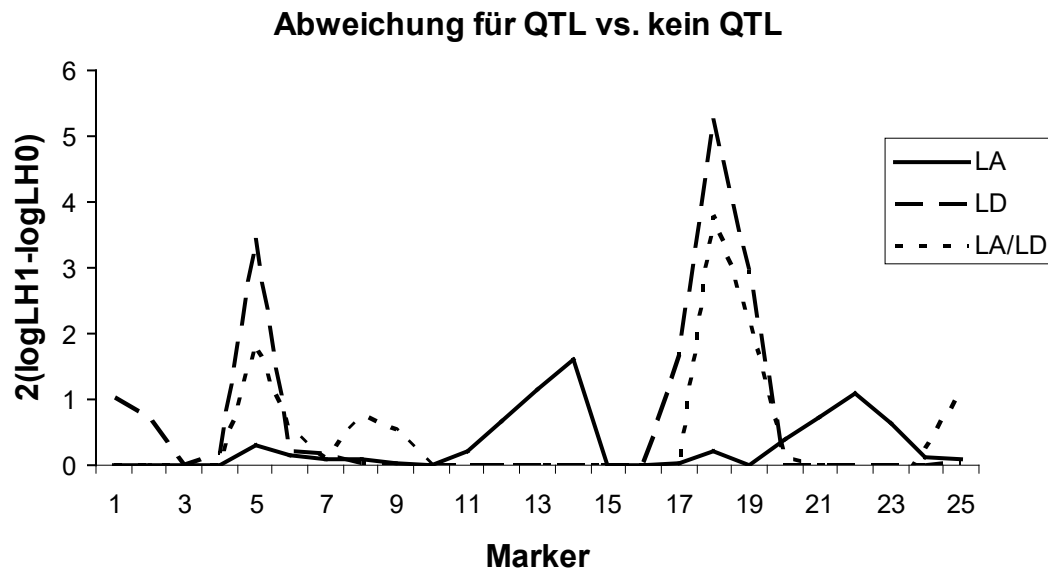
**Tabelle 1:** Ergebnisse der QTL-Analysen in der Callipyge-Region des Schweines.

| Merkmal                  | F-Wert <sup>1)</sup> | LOD   | Additiv <sup>2)</sup> | Dominanz <sup>2)</sup> | Imprinting <sup>2)</sup> |
|--------------------------|----------------------|-------|-----------------------|------------------------|--------------------------|
| Speckdicke (Kamm)        | 2,31                 | 1,504 | 0,029±0,016           | -0,031±0,023           | 0,027±0,019              |
| Speckdicke (Rückenmitte) | 2,86                 | 1,857 | 0,033 ±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              |

<sup>1)</sup> \*:  $p < 0.05$ , \*\*:  $p < 0.01$ ; <sup>2)</sup> 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 Herkunft 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, 3. Aufl. 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./B. Fan/S. Zhao/Z. Peng/K. Li/Y. Chen/C. Moran/B. Fan/S. Zhao/Z. Peng (2000): Analysis of diversity and genetic relationships between four Chinese indigenous pig breeds and one Australian commercial pig breed, in: *Anim. Genet.*, Bd. 31, S. 322-325, <https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.2000.00649.x>.
- Nei, M. (1972): Genetic distance between populations, in: *Am. Nat.*, Bd. 106, S. 283-292, <https://doi.org/10.1086/282771>
- Sneath, P. H. A./R. R. Sokal (1973): Numerical Taxonomy, San Francisco, USA: Freeman, W.H.
- Swofford, D. L./R. B. Selander (1989): BIOSYS-2 (Version 1.7, modified by William C. Black IV, 1997).
- Wright, S. (1951): The genetical structure of populations, in: *Ann. Eugen.*, Bd. 15, S. 323-354.
- Wright, S. (1978): Evolution and the Genetics of Population Volume 4: Variability Within and Among Natural Populations, Chicago, USA: The University of Chicago Press.