

Dipl.-Ing. agr. Marco Mohrmann

„Development of fat and protein deposition during growth of swine and their determination by quantitative trait loci“

1. Berichterstatter. Prof. Dr. Dr. h.c. mult. E. Kalm

Wichtige Ziele der Schweinezucht sind die Maximierung der Proteinansatzrate bei Optimierung des Zuwachsverhältnisses aus Lipid und Protein. Zur Entwicklung auf diesen Parametern basierender biologischer Wachstumsmodelle werden die Protein- und Lipidansatzraten sowie die Energieaufnahme im Wachstumsverlauf benötigt. Hierzu wurden das Wachstum der chemischen Körperkomponenten und die Beziehungen dieser Ansatzraten zur Energieaufnahme am lebenden Schwein untersucht. Protein- und Lipidansatzraten wurden mit Hilfe der Deuteriumoxid-Verdünnungstechnik (DT) in einem Wachstumsbereich von 30 bis 140 kg und Muskel- und Fettgewebsansatzraten mit Hilfe der Magnet-Resonanz-Tomographie (MRI) zwischen 30 und 120 kg ermittelt. Fett- und Muskelgewebe zeigten enge allometrische und linear-quadratische Beziehungen zu den chemischen Komponenten Lipid und Protein. Proteinmasse zeigte isometrisches Wachstum zum Leergewicht, wobei das Fettgewebewachstum einen exponentiellen Verlauf aufzeigte. Der maximale Proteinansatz wurde zwischen 60 und 90 kg Körpergewicht erreicht. Die Messung der täglichen Futtermittelverwertung zeigte, daß einzeln gehaltene Schweine zu besserer Futtermittelverwertung und niedrigerer Futtermittelvernahme tendierten. Tiere, die einen hohen Proteinansatz mit einem niedrigen Verhältnis von Lipid- zu Proteinansatz kombinierten, hatten einen deutlich bessere Futtermittelverwertung während der gesamten Wachstumsperiode.

Für die aufgeführten Merkmale wurden QTL Analysen der Chromosomen 1, 6, 7 und 13 durchgeführt. Hierzu wurden basierend auf einem Drei-Generationen-Vollgeschwisterdesign 324 F<sub>2</sub>-Tiere aus 49 Familien mit 37 molekularen Markern genotypisiert. Für die Merkmale aus der AutoFOM-Schlachtkörperbeurteilung und der Teilstückzerlegung sowie der Fleischqualität wurden 34 signifikante QTL auf chromosomenweiter Ebene gefunden. Hierunter waren vier hochsignifikante QTL für AutoFOM-Bauchgewicht auf SSC1, Schinkenmuskelfleischgewicht und Anteil fetter Teilstücke auf SSC6 sowie Gewicht des abgespeckten Koteletts auf SSC13. Paternale Allele waren hierbei gekoppelt mit geringeren Fettanteilen. Für die chemische Körperzusammensetzung und Ansatzraten sowie die Futtermittelvernahme im Wachstumsverlauf konnten 17 signifikante QTL gefunden werden. QTL mit Beziehungen zu Tageszunahme und Proteinansatz wurden auf SSC1 ermittelt. QTL für den Leerkörperproteingehalt und tägliche Futtermittelvernahme wurden auf SSC6 u.a. in der Nähe des Ryanodinrezeptorlocus gefunden. Auf SSC13 wurden signifikante QTL für Proteinansatz und Futtermittelverwertung während des Wachstums von 60 bis 90 kg ermittelt. Allele der Vaterlinie (Piétrain) waren mit niedrigerer Tageszunahme und niedrigerer Proteinansatzrate gekoppelt.

Die in dieser Studie basierend auf der Kreuzung kommerzieller Linien gefundenen QTL können direkt in markergestützten Selektionsprogrammen genutzt werden.