

Quantitative und molekulargenetische Charakterisierung verschiedener Herkünfte im Rahmen eines Zuchtprogramms für den Steinbutt

M.Sc. agr. Marrin Finja Arfsten

Erster Berichterstatter: Prof. Dr. Georg Thaller

In der vorliegenden Arbeit wurden vier unterschiedliche Steinbuttpopulationen genetisch und phänotypisch charakterisiert. Es handelte sich um drei kommerzielle Herkünfte aus einer britischen, einer norwegischen und einer französischen Zuchtanlage sowie einer Wildherkunft aus der Ostsee. Die genetische Charakterisierung der Herkünfte basierte auf Genotypisierungsergebnissen von 43 Mikrosatellitenmarkern; als wesentliche Kennzahlen wurden die Anzahl der Allele je Marker, die Allelfrequenzen, die beobachteten und erwarteten Heterozygotiegrade, Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht, der Polymorphism Information Content (PIC) sowie die erzielbaren Ausschlusswahrscheinlichkeiten bestimmt. Die hohe Informativität einiger Marker ermöglichte die Erstellung eines spezifischen Markersatzes bestehend aus zehn Markern, mit dem sowohl eine Zuordnung der Herkunft als auch die Identifikation von Einzeltieren gewährleistet werden kann. Für die kommerziellen Steinbuttpopulationen wurden in Simulationsstudien Zuordnungsraten von 100% bereits mit sieben Markern erreicht unter der Annahme, dass die Genotypisierungsfehler 1 % nicht überschreiten. Für die routinemäßige Abstammungskontrolle beim Steinbutt bietet dieser Markersatz somit ein hohes Potential.

Die Markergenotypen wurden im Weiteren zur Diversitätsbestimmung der vier Steinbuttpopulationen herangezogen. Die Erhaltung und das Management der vorhandenen Diversität ist in Fischzuchtpopulationen sehr wichtig, da ein Verlust an Diversität mit einer Inzuchtsteigerung und in der Regel mit Inzuchtdepressionen einhergeht. Zur umfassenden Beschreibung wurden neben der Schätzung genetischer Distanzen auch Clusteranalysen und ‚Core Set‘ Analysen durchgeführt. Es wurde sowohl die Diversität innerhalb als auch zwischen den jeweiligen Populationen untersucht. Die ermittelte Diversität zwischen den Steinbuttpopulationen lag mit 20,7 % im niedrigen Bereich und deutet auf deren hohe Ähnlichkeit hin. Im Gegensatz dazu war die genetische Diversität innerhalb der Populationen mit 83,7 % sehr groß. Des Weiteren konnte gezeigt werden, dass die kommerzielle französische Population die größte Ähnlichkeit zur Wildpopulation aufweist. Die britische Steinbuttpopulation unterscheidet sich am stärksten von allen anderen Populationen. Dementsprechend leistet sie mit 32,12 % den größten Beitrag zur genetischen Diversität der betrachteten Populationen.

Neben der genetischen war auch die phänotypische Charakterisierung von zwei Steinbuttherkünften hinsichtlich ihrer Gewichtsentwicklung und ihres Ernährungszustandes Gegenstand der Arbeit. Es waren deutliche Unterschiede zugunsten der britischen gegenüber der französischen Herkunft zu beobachten. Eine regelmäßige Überprüfung der Gewichtsentwicklung ist im laufenden Produktionsprozess sehr wichtig, um gezielte Selektionsentscheidungen durchführen zu können. Allerdings ist die direkte Gewichtserfassung mittels einer Waage sehr zeitintensiv und mit hohem Stress für die Tiere verbunden. Deshalb wurde nach einer Möglichkeit gesucht, das Gewicht indirekt über andere, einfacher messbare Körpermerkmale zu schätzen. Dazu wurden Korrelationen zwischen unterschiedlichen Längenmerkmalen, wie Körperlänge und -breite sowie Fischdicke und dem Körpergewicht der Fische geschätzt. Diese liegen durchweg in einem sehr hohen Wertebereich von 0,94 bis 0,97. Basierend auf diesen Ergebnissen konnten Schätzformeln erarbeitet werden mit deren Hilfe das Gewicht sehr genau aus den gegebenen Längenmerkmalen geschätzt werden kann.

Die Ergebnisse dieser Arbeit und die gewonnenen Erkenntnisse stellen eine solide Grundlage für die Vorgehensweise beim Aufbau einer Basispopulation, beim Anlegen eines Prüfdesigns zur Leistungserhebung sowie für die Entwicklung eines Zuchtprogramms für den Steinbutt dar.

