

Investigations on the importance of genomic imprinting for genetic variation in livestock

Dipl.-Ing. agr. Nadine Neugebauer

1. Berichterstatter: Prof. Dr. N. Reisch

Mit Hilfe von vier ausführlichen Analysen sollte die Bedeutung der genomischen Prägung für die genetische Variation bei Nutztieren untersucht werden. Das gemeinsame Element dieser Studien sind die angewandten problemorientierten Modelle, welche die paternale und maternale Prägung simultan berücksichtigen. Diese ermöglichen die Schätzung einer zusätzlichen genetischen Komponente, der Imprintingvarianz, welche durch geprägt Genorte hervorgerufen wird.

Die erste Analyse wurde an Schlachtdaten von Mastbullen der Rasse Fleckvieh durchgeführt. In diesen Fleischleistungsdaten, welche überwiegend mittels automatischer Videobildanalyse erhoben wurden, zeigten 10 Merkmale eine signifikante Imprintingvarianz. Meist handelte es sich dabei um Schlachtkörpermerkmale, deren gesamte additiv genetische Varianz zu etwa 8% bis 25% durch geprägte Loci beeinflusst wird. Ähnliche Ergebnisse konnten in einer ausführlichen Schlachtdatenanalyse von Edelschweinen des Schweizerischer Herdbuchzuchtprogramms gefunden werden. Zwischen 5% und 19% der gesamten additiv genetischen Varianz von 19 dieser Merkmale wurden durch geprägte Genorte kontrolliert. Fettsäuregehalte von Rindfleisch scheinen hingegen kaum von geprägten Genen beeinflusst zu sein, wie Daten aus der Nachkommenschaftsprüfung von Fleckviehbullen auf Station zeigten. Die Heritabilitäten der Fettsäuren lagen in der Regel um 40%. Das letzte Kapitel der Arbeit widmete sich Merkmalen, die maternalen genetischen Einflüssen unterliegen, der Trächtigkeitsdauer und dem Geburtsgewicht Deutscher Holsteins. Im Gegensatz zu den Analysen von Schlachttieren, für die ein spezielles reduziertes Modell genutzt wurde, wurden bei dieser Analyse gametische Modelle verwandt. Obwohl eine Konvergenz der Schätzwerte nicht für alle gewünschten Fälle erreicht wurde, kann aus den Untersuchungen geschlussfolgert werden, dass 12% bzw. 20% der direkten genetischen Varianz der genomischen Prägung unterliegen.