

Institut für Tierzucht und Tierhaltung

Sebastean Schwarz am 7. November 2002 bei Prof. Dr. Dr. h.c. mult. E. Kalm

„Kartierung von Loci für kongenitales Ausgrätschen beim neugeborenen Ferkel“

Das Ziel der Arbeit war die Identifizierung chromosomaler Regionen, die im Zusammenhang mit dem Auftreten des Spreizersyndroms beim Schwein stehen. Die Arbeit gliedert sich in zwei Teile. In dem ersten Teil wurden in der Literaturübersicht die der Erkrankung zugrundeliegenden Häufigkeiten und Mechanismen wiedergegeben. Der zweite Teil der Arbeit beschreibt die Durchführung einer systematischen Suche nach Chromosomen, auf denen Risikogene für das Auftreten des Syndroms lokalisiert sind.

In der Literaturübersicht wurden die der Erkrankung zugrundeliegenden Häufigkeiten, nicht-genetischen Einflußfaktoren, morphologischen Veränderungen und die diskutierten Vererbungsmodelle wiedergegeben. Für das Syndrom Spreizer wurden Häufigkeiten bis zu 25 % der lebend geborenen Ferkel dargestellt. Die Sterblichkeitsrate kann bis zu 80 % der betroffenen Ferkel betragen. Die in der Literatur beschriebenen histologischen und biochemischen Parameter zeigen, daß das Syndrom einhergeht mit einer neuromuskulären Schädigung. Trotz einiger publizierter Untersuchungen sind bislang der Erbgang und die Pathogenese des Merkmals ungeklärt. Es kann geschlußfolgert werden, daß der Erkrankung kein einfacher mendelscher Erbgang zugrunde liegt und bisher keine Klarheit über den genauen Vererbungsmodus erzielt werden konnte.

Für die eigenen Untersuchungen standen acht väterliche Halbgeschwisterfamilien aus einer Reinzuchtpopulation der Deutschen Landrasse zur Verfügung, bestehend aus insgesamt acht Ebern, 92 Sauen und 246 vom Spreizersyndrom betroffenen Nachkommen. Zum Auffinden putativer Spreizer-Loci wurden diese Tiere für 142 Mikrosatelliten-Marker typisiert. Die Größe des mit Markern abgedeckten Genombereichs betrug 2.126 cM (Kosambi) mit einem durchschnittlichen Markerabstand von 15 cM (Kosambi). Die durchschnittliche Anzahl von Allelen je Marker betrug 5,2, der beobachtete Heterozygotiegrad der Eber betrug $H_b = 0,61$.

Die Analyse aller Autosomen und des pseudoautosomalen Bereichs der Geschlechtschromosomen erfolgte mit einer merkmalsgestützten Mehrpunkt-Kopplungsanalyse, dabei wurden keine Annahmen über den Erbgang des Merkmals zugrunde gelegt. Es konnten zwei chromosomale Bereiche identifiziert werden, bei denen eine Kopplung mit dem Phänotyp vorliegt. Die erzielten Ergebnisse werden im Hinblick auf mögliche Kandidatengene und weiterführende Ansätze zur Entwicklung eines genetischen Tests diskutiert.