

# Untersuchungen von Imprintingeffekten in ausgewählten Genombereichen des Schweins

Dipl.-Biol. Teide-Jens Boysen

1. Berichterstatter: Prof. Dr. Georg Thaller

Bei einer Reihe von Genorten hängt die Aktivität der beiden vorhandenen Alle von der elterlichen Herkunft ab. Dieses als genomische Prägung (genomic imprinting) bezeichnete Phänomen wird in der Tierzucht zunehmende Bedeutung erlangen. Es betrifft schwerpunktmäßig Gene aus dem Funktionskreis des Wachstums und der Differenzierung und damit Kernpunkte des erstrebten Fortschrittes vieler Zuchtprogramme. Genomische Prägung gehört zudem als nicht-additive genetische Wirkung zu den bei Kreuzungszuchten außerordentlich relevanten Effekten.

Im Rahmen dieser Arbeit wurde von einer F2-Vollgeschwister-Ressourcenpopulation im Umfange von 2700 Tieren die DNA in einer effizient verwendbaren Form bereitgestellt, die für die vorliegenden Untersuchungen diene und für künftige Projekte Anwendung finden kann.

Das Ziel dieser Arbeit lag in der Analyse zweier der genomischen Prägung unterliegender Bereiche des porcinen Genoms. Beide sind Ort von Mutationen, die in der Tierzucht Bedeutung erlangten.

Zum Einen ist dies die Region um das Gen *insulin-like growth factor II (IGF2)* auf dem porcinen Chromosom SSC2, das als potenter Wachstumsfaktor von Interesse ist. Im Schwein ist hier ein deutlicher Effekt auf das Muskelwachstum nachgewiesen und eine kausale Mutation einer Base (single nucleotide polymorphism, SNP) beschrieben. Es sollte geklärt werden, ob neben dem als kausal beschriebenen SNP weitere Variationen um das Gen *IGF2* einen Beitrag zu den beobachtbaren Varianzen in den Wachstumsmerkmalen liefern können.

Es konnten vom bekannten SNP unabhängige Varianzanteile im QTL signifikant nachgewiesen werden, die Ergebnisse liefern den Hinweis, dass außer der bekannten Mutation weitere Polymorphismen zu dem beobachteten Effekt beitragen.

Für den zweiten Genort auf SSC7 sind im Schwein keine Mutationen bekannt. Vielmehr leitet sich das Interesse hier von einer im Schaf aufgetretenen Mutation "Callipyge" (*CLPG*) her, die einen deutlichen Effekt auf das Muskelwachstum entfaltet. Wie im Falle des *IGF2* ist hier eine genomisch geprägte Region betroffen. Ziel war hier, in der zum ovinen *CLPG* homologen Region nach Effekten zu suchen, die im Schwein eine Wirkung analog zur Callipyge-Mutation nachweisen. Hier ergaben sich signifikante Effekte, die in ihrer Wirkung der ovinen Callipyge-Mutation entsprechen, jedoch nicht an der Position des *CLPG*-Orthologs lokalisiert sind.