

Institut für Tierzucht und Tierhaltung

Xiaoling Guo am 7. November 2002 bei Prof. Dr. Dr. h.c. mult. E. Kalm

„Kartierung von Genorten mit einem Einfluss auf Schlachtkörperwert-, Fleischbeschaffenheits- und Exterieurmerkmale beim Schwein“

Eine genomweite QTL-Untersuchung für Schlachtkörperwert-, Fleischbeschaffenheits- und Exterieurmerkmale wurde durchgeführt. Es wurde ein durch die Kreuzung zwischen 19 kommerziellen Ebern (Piétrain⁺ x (Hampshire x Piétrain)) und 52 Sauen (Leicoma x (Large White x Landrasse)) erstelltes Referenzpedigree von 403 Tieren verwendet. 111 Mikrosatelliten-Marker wurden anhand der USDA-Karten ausgewählt und mittels der Multiplex-PCR und des Systems ABI 377 amplifiziert und typisiert. Die statistische Auswertung erfolgte unter Einbeziehung eines RFLP des *PRKAG3*-Gens und der Ergebnisse von FABUEL PEÑALVER (1999) sowie 15 von einem Zuchtunternehmen typisierten Mikrosatelliten-Markern, so daß sie 175 Marker umfaßte. Die durchschnittliche Allelzahl der Mikrosatelliten-Marker betrug 7,2 (inklusive Nullallel). Der beobachtete Heterozygotiegrad bei den Eltern lag im Durchschnitt bei 70 % und variierte von 15 % bis 93 % (diese Ergebnisse wurden nur mit 111 Mikrosatelliten-Markern berechnet). Die Kopplungskarte wurde mittels des Programms CRI-MAP erstellt. Die Länge der kombinierten Karten des Genoms betrug 2368,7 cM (exklusive Geschlechtschromosom). Die durchschnittliche Intervalllänge der benachbarten Marker betrug 16 cM. Die Lod-Scores der benachbarten Marker waren überwiegend größer als 3. Der durchschnittliche Informationsgehalt auf dem ganzen Genom betrug ca. 0,8 und variierte zwischen 0,6 und 1,00. Die Durchführung des Intervall-Mappings der QTL erfolgte mittels der von HALEY und KNOTT (1992) bzw. MARTÍNEZ und CURNOW (1992) beschriebenen Least-Squares-Methode. Nach dem F-Test wurden QTL bestimmt, die mindestens mit einer 10%igen chromosomweiten Signifikanzschwelle detektiert wurden. Insgesamt wurden 57 QTL detektiert, davon mit genomweiten Signifikanzschwellen fünf für pH₁ im Schinken, pH₂₄ im Kotelett, Leitfähigkeit₂₄ im Schinken, Ohrenform und Fundament (1%ig); drei für pH₂₄ im Schinken, Fettfläche und Stellung (5%ig); drei für Rückenspeckdicke am Widerrist und an der Lende sowie Nasenform (10%ig); fünf mit einer 1%igen chromosomweiten Signifikanzschwelle für Speckdicke über Rückenmuskel, Schlachtkörperlänge, Klauenlänge vorne innen, Winkelung vorne und Verdrehung hinten. Die anderen QTL wurden mit einer 5%igen oder einer 10%igen chromosomweiten Signifikanzschwelle gefunden. Für die Merkmale Bauchpunkte, Behaarung, Schinkengewicht, Länge, Zitzenzahl, Schulterdruck, Durchtrittigkeit vorne wurden keine QTL detektiert. Aufgrund der Positionen lokalisierter QTL wurden potentiellen Kandidatengene für sie unter Verwendung der im Internet zugänglichen komparativen Karten und der Analyse kartierter Gene mit Hilfe der OMIM-Datenbank bestimmt.