

## ZUSAMMENFASSUNG

Zwei Mauslinien mit hoher Fruchtbarkeit, FL1 und FL2, wurden mittels Langzeits Selektion auf eine größere Wurfgröße etabliert. Um potenzielle Kandidatengene für die Wurfgröße zu identifizieren, wurde eine fortgeschrittene Intercross-Linie (AIL) als Kreuzung zwischen FL1 und einer eigenen Kontrolllinie erstellt.

Eine grobe QTL-Kartierung wurde in der F<sub>2</sub>-Generation dieser Population durchgeführt. Insgesamt wurden 47 genomweit signifikante (Signifikanzniveau 5%) QTL für 31 verschiedene Merkmale identifiziert. QTL für Wurfgröße, Wurfgewicht und Körpermassenmerkmale wurden hauptsächlich auf den Chromosomen 2, 4, 9 und 13, auf den Chromosomen 2, 4, 7 und 8 sowie auf den Chromosomen 2, 4 und 13 identifiziert. Diese Studie bestätigte die Existenz potenzieller Kandidatengene mit größerem Effekt auf die Wurfgröße. Den entsprechenden Chromosomen sollte bei einer anschließenden Feinkartierung mehr Aufmerksamkeit geschenkt werden.

Eine neue Methode wurde entwickelt, um eine modifizierte Verwandtschaftsmatrix für AIL-Kreuzungen aufzustellen, die die Markerallelfrequenzen der Gründertiere und das Pedigree aller Nachkommen berücksichtigt. Die Verwandtschaft zwischen Gründertieren wurde aus ca. 120k biallelen Marker-Loci abgeleitet. Diese Verwandtschaftsmatrix wurde sowohl für autosomale als auch für X-chromosomale Loci aufgestellt und ist allgemein für die Auswertung von Selektionsexperimenten von Nutzen. Als Anwendungsbeispiel wurden Daten von 30 Generationen der AIL-Population ausgewertet, wobei rund 19000 Tiere im Pedigree enthalten waren.

Merkmale der Wurfgröße und der Körpermasse in der AIL wurden anschließend eingehender analysiert, wobei die neuartigen Verwandtschaftsmatrizen eingesetzt wurden. Im Ergebnis war X-chromosomale genetische Variation für Merkmale der Körpermasse nicht signifikant, in Übereinstimmung mit fehlenden X-chromosomalen QTL in der Grobkartierungsstudie. Die genetische Korrelation zwischen der Größe des ersten und des zweiten Wurfes war niedrig bei 0,52, im Gegensatz zu derentsprechenden Korrelation von 0,84 für das Wurfgewicht. Genetische Korrelationen zwischen Körpergewichtsmerkmalen und Wurfgröße lagen im Bereich zwischen 0,08 und 0,14, was kein starker Indikator für die Existenz pleiotroper QTLs ist. Etwas anders sieht es beim Wurfgewicht mit entsprechenden Korrelationen von 0,45 bis 0,48 aus.

Sowohl die Ergebnisse der Grobkartierung als auch die quantitativen Analysen deuten darauf hin, dass es sich lohnt, die Positionen der bereits grob kartierten QTL weiter zu verfeinern, insbesondere für Wurfgröße und Wurfgewicht.