

Marker-assisted estimation of pedigree errors and QTL mapping in the German Angler dairy cattle population

Vorgelegt von: Dipl.-Ing. agr. Kirsten Sanders

Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel

Erster Berichterstatter: Prof. Dr. Dr. h.c. mult. E. Kalm

Die Ziele der vorliegenden Arbeit bestanden zum einen in der Kartierung und Charakterisierung von QTL mit Einfluss auf die verschiedenen Milchproduktionsmerkmale in der Deutschen Angler Rind-Population. Zum anderen wurden die genotypischen Informationen einiger hoch polymorpher Mikrosatelliten für die Schätzung des Anteils an falschen Abstammungen (Vaterinformationen) genutzt. Mittels einer deterministischen Simulation konnte der Einfluss von falschen und fehlenden Abstammungen auf die Sicherheit der geschätzten Zuchtwerte und auf den Zuchtfortschritt berechnet werden.

Im ersten Kapitel erfolgte eine markergestützte Schätzung des Anteils an falschen Abstammungen. Darüber hinaus wurde mittels einer Simulation der Einfluss von falschen und fehlenden Abstammungen auf die Sicherheit der geschätzten Zuchtwerte und auf den Zuchtfortschritt berechnet. Der Anteil an falschen Abstammungen wurde in Stufen von 5 % bis 30 % variiert, während der Anteil an fehlenden Abstammungen in den Schritten zwischen 10 % und 40 % festgelegt wurde. Des Weiteren wurden verschiedene Heritabilitätswerte (0,10; 0,25 und 0,50) und verschiedene Werte für die Töchtergruppengröße pro Vater (10, 50 und 100 Töchter) analysiert. In der untersuchten Angler-Population beträgt der geschätzte Anteil an falschen Abstammungen 7 % und der Anteil an fehlenden Abstammungen liegt bei 10 %. In dieser Untersuchung konnte ein negativer Einfluss falscher und fehlender Abstammungen auf die Sicherheit der Zuchtwerte und auf den Zuchtfortschritt festgestellt werden.

Das zweite Kapitel beschäftigt sich mit der Berechnung der Frequenzen und der Substitutionseffekte der Allele der *DGATI-K232A*-Mutation und des *DGATI*-Promotor-VNTRs auf dem bovinen Chromosom 14. Des Weiteren wurden Allelfrequenzen und Substitutionseffekte der Allele des *CSN1S1*-Promotors auf Chromosom 6 analysiert. In die Untersuchung wurden die folgenden Merkmale einbezogen: Milch-, Fett-, Protein-, Laktose-, und Milchenergiemenge, Fett-, Protein-, Laktose- und Milchenergiegehalt, sowie Zellzahl. Es konnten für die meisten Merkmale signifikante Effekte für die Lysinvariante der *DGATI-K232A*-Mutation und für das VNTR-Allel E beobachtet werden. Zwei Allele des *CSN1S1*-Promotors zeigten signifikante Effekte für die Merkmale Milch-, Fett-, Protein-, Laktose-, und Milchenergiemenge. Für die Gehaltsmerkmale und Zellzahl konnten keine signifikanten Effekte beobachtet werden.

Im dritten Kapitel erfolgte die Kartierung von QTL, die einen Einfluss auf die verschiedenen Milchproduktionsmerkmale besitzen. Ein wichtiger Aspekt dieser Untersuchung war die Betrachtung des physiologischen Charakters der einzelnen Milchproduktionsmerkmale. Aus diesem Grund wurden die Merkmale Milchenergiemenge und -gehalt und Laktosemenge und -gehalt in die Studie mit einbezogen. Es erfolgte eine Typisierung der fünf väterlichen Halbgeschwisterfamilien mit 43 Markern, inklusive der *DGATI-K232A*-Mutation. Die verwendeten Marker befinden sich auf den fünf Chromosomen 6, 14, 16, 18 und 27. Die statistischen Analysen wurden mit gewichteten Regressionsanalysen durchgeführt. Chromosomenweite signifikante QTL konnten auf Chromosom 6 für die Merkmale Laktose- und Proteingehalt festgestellt werden. Auf Chromosom 18 segregieren QTL für Laktosegehalt und -menge, Proteinmenge und Milchenergiemenge in dieser Population. Für die anderen Merkmale und die anderen Chromosomen konnten keine signifikanten QTL festgestellt werden. Abschließend kann festgehalten werden, dass sich die *DGATI-K232A*-Mutation und die Mutation in der *DGATI*-Promotor-Region für eine gengestützte Selektion in der Angler-Population eignen.