

Ein Beitrag zur Feinkartierung von QTL-Regionen für Eutergesundheit beim Rind

Dissertation Maren Brink

Berichterstatter Prof. Dr. Dr. h.c. mult. Ernst Kalm

Im Rahmen des Projektes „Genomanalyse Rind“ der ADR wurden zusätzliche Mikrosatelliten-Marker in zwei Chromosomenregionen entwickelt, in denen bereits in vorangegangenen Studien QTL für somatischen Zellgehalt bzw. klinische Mastitis kartiert worden waren. Bei den Regionen handelte es sich um den distalen Bereich des bovinen Chromosoms 18 und die Defensinregion des bovinen Chromosoms 27.

Das Ausgangsmaterial für die Markerentwicklung bildeten bovine BAC-Klone. Die Klone des Chromosoms 18 wurden größtenteils unter Zuhilfenahme der komparativen humanen Genkarte ermittelt. Bovine ESTs und cDNA-Sequenzen, die eine Homologie zu Genen des q-Arms des humanen Chromosoms 19 aufwiesen, wurden zur Screeningprimer-Erstellung genutzt. Für die Defensinregion des BTA27 wurden drei Primerpaare aus genomischer DNA und cDNA des β -Defensins *TAP* zum Screenen gewählt.

Die angewendeten Verfahren zur Detektion von Mikrosatelliten waren: Sequenzierung aus potentiellen Mikrosatelliten heraus mit Repeatprimern, Endsequenzierung und Adapterligation. Alle Verfahren erwiesen sich als erfolgreich. In 28 BTA18-BACs konnten insgesamt 27 Mikrosatelliten identifiziert werden, die durch Erstellung spezifischer flankierender Primer als Marker eingesetzt werden können. Von diesen waren acht heterozygot an den sechs Familien, die innerhalb des Projektes „Feinkartierung BTA18-SCC-QTL“ typisiert wurden.

Die Markergenerierung in der Defensinregion auf BTA27 brachte aufgrund der sich einander ähnelnden Defensinsequenzen Probleme mit sich. Von acht BACs, auf denen Mikrosatelliten identifiziert wurden, konnten nur auf zwei BACs Marker entwickelt werden, die eindeutig auswertbare Ergebnisse lieferten.

Die acht typisierten Marker des bovinen Chromosoms 18 wurden gemeinsam mit sieben weiteren Markern sowohl zur Kartenberechnung als auch zur QTL-Analyse eingesetzt. Das Ergebnis der genetischen Karte zeigte, daß einer der neu entwickelten Marker sich nicht auf BTA18 zuordnen läßt. Die QTL-Analyse zeigte eine zweigipflige Teststatistik. Zum jetzigen Zeitpunkt kann nicht geklärt werden, ob es sich dabei um zwei gekoppelte QTL handelt oder ob der Verlauf der Teststatistik mit der noch geringen Anzahl an informativen und coinformativen Meiosen zusammenhängt.

Die neu entwickelten Marker können weiterhin zur Aufklärung der QTL für die funktionalen Merkmale beitragen, die ebenfalls auf BTA18 identifiziert wurden.