



Abschlussbericht

Möglichkeiten zur markergestützten Selektion auf Fruchtbarkeit

Themenblatt-Nr.: 45.22.520

Langtitel: Möglichkeiten zur markergestützten Selektion
auf Fruchtbarkeit

Kurztitel: Markergestützte Selektion

Projekt: Schweinefleischerzeugung

Projektleiter: Dr. Simone Müller

Themenummer: 45-22.520

Themenleiter: Dr. Simone Müller

Abteilung: Tierproduktion

Abteilungsleiter: Dr. Hans Hochberg

Laufzeit: 01/2005 - 04/2007

Auftraggeber: Thüringer Ministerium für Landwirtschaft, Naturschutz und
Umwelt

Kooperationspartner: Tierärztliche Hochschule Hannover

Namen der Bearbeiter: Dr. Simone Müller
Dr. Erhard Gernand
DAI (FH) Uta Braun
Prof. Dr. Ottmar Distl
Dr. Henning Hamann

.....
LLD Peter Ritschel
Amt. Präsident

.....
Dr. Simone Müller
Themenleiter

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung und Aufgabenstellung	4
2	Material und Methode.....	6
3	Ergebnisse	9
4	Schlussfolgerungen	20
5	Literaturverzeichnis	21

1 Einleitung und Aufgabenstellung

Der Fruchtbarkeit wird seit Ende der 90er Jahre in der Zuchtarbeit deutlich mehr Aufmerksamkeit gewidmet als zuvor. Herdenleistungen von mehr als 22 marktfähigen Ferkeln je Sau und Jahr erfordern mittlere Wurfleistungen von > 11 lebend geborenen Ferkeln. Die Einbeziehung der Fruchtbarkeit in die Zuchtwertschätzung ist damit eine notwendige Konsequenz, um durch die Zuchtarbeit eine zielgerichtete Verbesserung der Reinzuchtpopulationen zu erreichen. In Thüringen wurde dies ab 2003 mit der Integration der Wurfgröße in den Gesamtzuchtwert der Mutterrassen umgesetzt.

Die zusätzliche Einbeziehung geeigneter genetischer Marker könnte die Genauigkeit und Effizienz der Zuchtarbeit insbesondere für geschlechtsgebundene Fruchtbarkeitsmerkmale mit niedriger Heritabilität erhöhen, die zudem erst relativ spät erfassbar sind (STEINHEUER, 2001).

Voraussetzung ist, entsprechende Gene mit einem Einfluss auf die Befruchtung, embryonale Implantation und weitere fetale Entwicklung zu identifizieren und deren Expressionsmuster aufzuklären. Eine Vielzahl von Forschungsarbeiten beschäftigen sich in den letzten 20 Jahren mit der Analyse und Erkennung geeigneter Kandidatengene.

Nach BÖDDECKER und ZIEGLER (2000) versteht man unter einem Kandidatengen ein Gen, das aufgrund seiner biologischen Variation möglicherweise zur phänotypischen Ausprägung eines bestimmten Merkmals beiträgt. Basis dafür bilden populationsgenetische Untersuchungen, wonach die phänotypische Varianz eines Merkmals durch ein sogenanntes Hauptgen überwiegt bedingt ($> 0,1$ sp) wird. In diesem Fall wird nach einem bekannten Gen gesucht, dessen Transkriptionsprodukt eine wichtige physiologisch bedingte Rolle spielen könnte (MILAN, 2000).

Kandidatengenanalysen werden in Populationen durchgeführt, in denen die Segregation eines Hauptgens bereits nachgewiesen wurde (STEINHEUER, 2001). Außerdem kann sie auch angewendet werden, wenn das Vorhandensein eines Quantitative Trait Loci (QTL) vermutet wird. Unter einem QTL versteht man nach GELDERMANN (1996) einen mendelnden Genlocus, dessen Varianten auf der Basis unterschiedlicher Allele zu statistisch signifikanten Änderungen der phänotypischen Merkmalsausprägung führen. Mit Hilfe von nachweisbaren Polymorphismen werden die Tiere für die Mutationen genotypisiert. Im Anschluss an die Genotypisierung kann nach MILAN (2000) eine mögliche Differenz in der phänotypischen Merkmalsausprägung zwischen den Trägern unterschiedlicher Allele untersucht werden.

Die erste Verifizierung einer Assoziation zwischen einem Kandidatengenpolymorphismus und der Wurfgröße beim Schwein gelang für einen SNP im Östrogen Rezeptor 1 (ESR1) Gen (ROTHSCHILD et al., 1994), welches auf dem Schweinechromosom (SSC) 1 lokalisiert ist. Vom Embryo sezerniertes Östrogen ist essenziell für die Trächtigkeit, indem es die Funktionsfähigkeit der Corpora lutea aufrechterhält. Dieser Polymorphismus wurde in zahlreichen weiteren Studien untersucht, wobei die an unterschiedlichen Schweinerassen nachgewiesenen Effekte zwischen $+0,3$ und $+1,8$ Ferkeln pro Wurf schwankten bzw. in zwei Studien kein Effekt nachgewiesen werden konnte.

Ein weiteres Kandidatengen für die Wurfgröße beim Schwein ist das Prolactin Rezeptor (PRLR) Gen auf SSC 16, welches eine Rolle bei der Aufrechterhaltung der Trächtigkeit spielt. Die Interaktion von Östrogen und Prolaktin ist verantwortlich für die Umleitung des luteolytisch (= gelbkörperauflösend) wirkenden Prostaglandin F (PGF_{2a}), so dass es seinen luteolytischen Effekt nicht über die utero-arteriellen Gefäße ausüben kann. Für einen SNP im PRLR Gen wurde eine Assoziation mit Unterschieden in der Wurfgröße nachgewiesen (VINCENT et al., 1998) und in unterschiedlichen anderen Studien bestätigt.

Das Retinol-Binding Protein 4 (RBP4) Gen auf SSC 14 wurde als Kandidatengen ausgewählt (MESSER et al., 1996), da es während der frühen Phase der Trächtigkeit bei der Versorgung des Embryos mit Retinolsäure mitwirkt und ein Überangebot dieser Substanz abpuffert. Retinolsäure wird mit der Regulierung der Gentranskription in Zusammenhang gebracht. Bei der Untersuchung eines diallelen SNP in einem Intron des Gens wurden in den ersten Studien an der Rasse Large White und verschiedenen synthetischen Linien keine signifikanten Effekte nachgewiesen. Bei einer Untersuchung von Ebern des Deutschen Edelschweins und der Deutschen Landrasse zeigten sich jedoch deutliche Effekte des Markers auf die Anzahl lebend geborener Ferkel (STEINHEUER et al., 2002).

Das Osteopontin (OPN) Gen auf SSC8 wird mit Transport und Pufferung von Ca^{2+} vom maternalen Blutkreislauf zum Embryo in Zusammenhang gebracht. Die Existenz von Bindestellen für Östrogen und Glucocorticoide im Promotor des OPN Gens in Mäusen lässt auf eine Regulierung seiner Transkription durch Steroid Hormone schließen, welche bekanntermaßen an reproduktionsrelevanten Vorgängen beteiligt sind. Aus diesem Grund und der Gegebenheit, dass die chromosomale Lokalisierung von OPN auf SSC8 mit der Position eines QTL für die Wurfgröße korrespondiert (RATHJE et al., 1997), wurde das Gen auf seinen Einfluss auf die Wurfgröße untersucht. In zwei Studien wurden signifikante Effekte einiger Allele eines mit OPN gekoppelten Mikrosatellitenmarkers auf die Wurfgröße nachgewiesen.

Die Effekte des Leukemia Inhibitory Factor (LIF) auf SSC14 umfassen Proliferation und Differenzierung von Zellen. Die essentielle Rolle von endometrial synthetisiertem LIF auf Embryowachstum und -implantation bei Mäusen lässt vermuten, dass dieses Gen auch während der frühen Phase der Trächtigkeit beim Schwein wichtige Aufgaben erfüllt. Diese Annahme wird durch die Entdeckung der LIF Expression im Endometrium während der Zeit der Embryoimplantation und das Vorhandensein von LIF Rezeptor mRNA im porcinen Embryo gestützt. In einer Studie, die zum ersten Mal den Einfluss des LIF Gens auf die Fruchtbarkeit beim Schwein untersuchte, wurde für einen SNP im 3'-untranslatierten Bereich des dritten LIF Exons eine signifikante Assoziation mit der Wurfgröße nachgewiesen (SPÖTTER et al., 2001).

Die unterschiedlichen Resultate zwischen verschiedenen Studien zeigen die Schwierigkeiten, Resultate vorangegangener Studien an einer anderen Population zu bestätigen. Selbst eine fehlende Assoziation zwischen Kandidatengenpolymorphismus und Phänotyp muss nicht bedeuten, dass das Genprodukt keine Bedeutung bei der Regulierung des Merkmals hat. Vielmehr ergibt sich hieraus, verschiedene Schweinerassen zu untersuchen und vor allem den Stichprobenumfang groß genug zu wählen, um die Nützlichkeit eines Markers für Zuchtprogramme, die die Steigerung der Wurfgröße zum Ziel haben, beurteilen zu können.

Die zwischen den Rassen unterschiedlichen Ergebnisse lassen sich durch unterschiedliche Stichprobengrößen und/oder unterschiedliche rasse- oder populationspezifische Allelverteilungen und das Vorhandensein unterschiedlicher Mutationen in den einzelnen Genen erklären. Des Weiteren wäre es denkbar, dass zwischen der ursächlichen Mutation und dem untersuchten intragenischen Polymorphismus in dem jeweiligen Kandidatengen unterschiedliche populationspezifische Kopplungsphasen vorliegen, welche durch Rekombination während der Meiose verursacht wurden. Außerdem könnten epistatische und pleiotrope Effekte dafür verantwortlich sein, dass ein Gen in einer Population einen großen Effekt bewirkt, in einer anderen jedoch nur einen kleinen.

Für die Fruchtbarkeit liess die PIC die Gentests im ESR-, PRLP-, RBP4- und EGF-Gen patentieren (LINVILLE et al., 2001). Von zwei dieser Gen-Marker werden von der PIC Deutschland in den Nucleusbetrieben alle Tiere routinemäßig auf das Vorhandensein vorteilhafter Allele des Markers LS1 und LS4 untersucht (STEINHEUER, 2001). Unter der Vorausset-

zung, dass beide Wurfgrößenmarker unabhängig voneinander additiv wirken, rechnet die PIC mit einer starken Leistungsentwicklung im Merkmal Fruchtbarkeit.

Um im Rahmen der markergestützten Selektion (marker assisted selection, MAS) die Genotypinformation bestimmter Markergenloci in die Selektionsentscheidung einbeziehen zu können, ist es notwendig für die züchterische zu bearbeitenden Populationen das Vorhandensein signifikanter Assoziationen zu ökonomisch relevanten Zielmerkmalen zu prüfen.

Ziel der vorliegenden Untersuchungen bestand darin, die drei in Thüringen züchterisch bearbeiteten Mutterassen Deutsche Landrasse (DL), Deutsches Edelschwein (DE), Leicoma (LC) sowie F₁-Kreuzungssauen (DExDL) auf das Vorhandensein, die Verteilung und mögliche signifikante Assoziationen der verschiedenen Genotypen der Kandidatengene RBP4 und LIF auf die Wurfgröße zu überprüfen.

Grundlage der Untersuchungen bildeten die Ergebnisse einer Untersuchung von STEINHEUER et al. (2003) an bayrischen DL-Ebern, wonach die geschätzten Effekte für die Wurfgröße für den rezessiven Genotyp bei $-0,95$ Ferkeln pro Wurf lag und Dominanzeffekte nachgewiesen wurden.

Mit der Untersuchung sollte die Grundlagen geschaffen werden, zu prüfen, ob durch die Kopplung der etablierten Zuchtwertschätzung mit Markerinformationen höhere Selektionserfolge in der praktischen Zuchtarbeit zu realisieren wären.

2 Material und Methode

Für die Untersuchung standen 2.343 Gewebeproben von Sauen aus Zuchtbetrieben des Thüringer Schweinezucht- und Produktionsverbandes (TSPV) zur Verfügung (Tab. 1, 2).

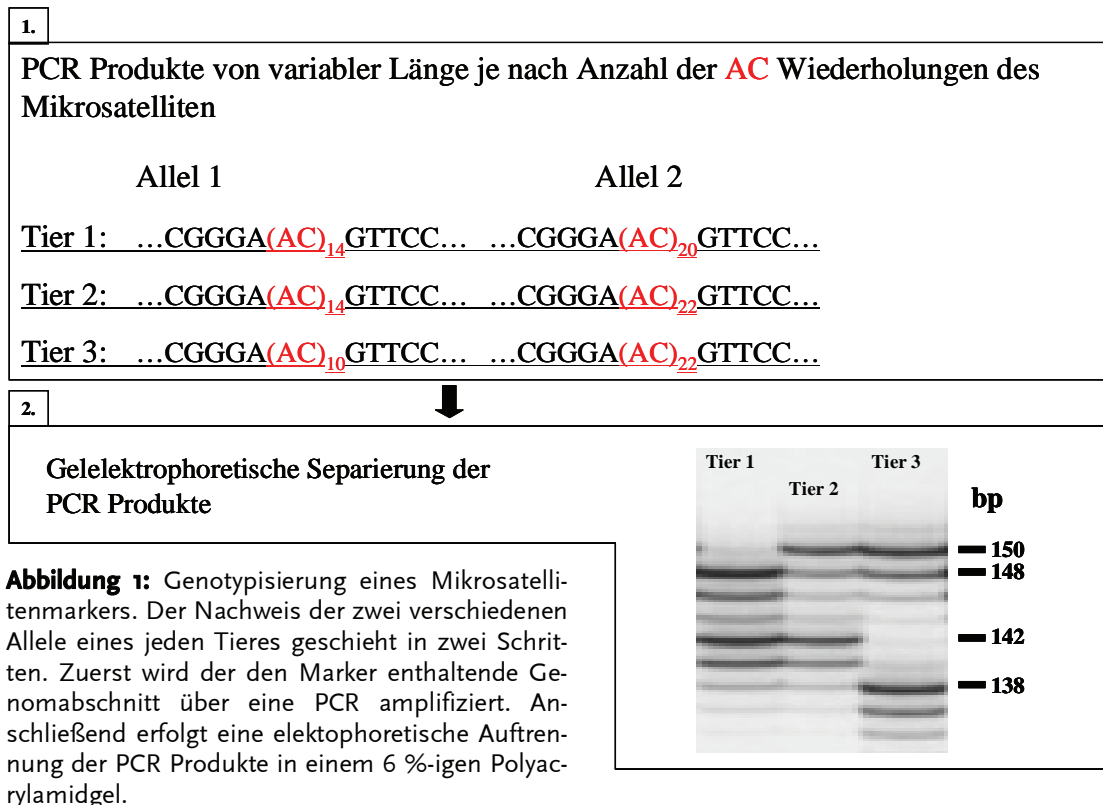
Tabelle 1: Beschreibung des genotypisierten Tiermaterials

Rasse der Sau	Anzahl	Mittlere Wurfnummer	Mittlere Wurfgröße	Anzahl Betriebe	Sauen je Betrieb Min ... Max
DL	882	5,8	11,58 ± 2,07	7	48 Ö 230
DE	685	4,6	11,14 ± 2,08	5	15 Ö 483
LC	346	5,3	11,26 ± 1,54	3	89 Ö 147
DExDL	430	4,6	11,83 ± 1,96	1	424

Tabelle 2: Vorliegende Wurfinformationen des genotypisierten Tiermaterials

Anzahl Würfe	DE		DL		LC		F ₁	
	N	%	N	%	N	%	N	%
1	62	9,1	23	2,6	13	3,8	13	3,0
2	85	12,4	41	4,6	22	6,4	23	5,3
3	89	13,0	82	9,3	47	13,6	75	17,4
4	118	17,2	103	11,7	49	14,2	106	24,7
5 und 6	187	27,3	330	37,4	116	33,5	151	35,1
7 und 8	96	14,0	189	21,4	67	19,4	58	13,5
> 8	48	7,0	114	12,9	32	9,2	4	0,9
ges.	685		882		346		430	

Die DNA wurde in der TiHo Hannover aus Ohrgefäße mit Hilfe des Dneasy 96 Tissue Kit (QIAGEN, Hilden, Germany) isoliert und die Genotypisierung für das RBP4 sowie LIF vorgenommen (siehe auch Abb. 1).



Von den genotypisierten Sauen lagen von allen zum Zeitpunkt der Auswertung erfolgten Würfen die Wurfgröße (Anzahl der lebend geborenen Ferkel) mit Wurfnummer und -datum vor.

Die Genotypenfrequenzen wurde innerhalb der Rassen mit den nach Hardy-Weinberg zu erwartenden mittel G-Test verglichen (SOKAL et al. (1994).

Die Assoziationsanalyse wurde über zwei Ansätze vorgenommen:

Zum einen erfolgte an der TiHo Hannover eine GLS-Analyse mittels folgendem gemischtem Modell:

$$Y_{ijk} = \mu + GT_KAN_i + WNR_j + HYS_k + VATER_l + pWU_m + e_{ijklm}$$

Y_{ijk}	=	Merkmalswert lebend geborene Ferkel/Wurf
μ	=	Modellkonstante
GT_KAN_i	=	<i>fixer Effekt des Genotyps des Kandidatengens (i = 1-3)</i>
WNR_j	=	fixer Effekt der Wurfnummer i
HYS_k	=	fixer Effekt der Herden -Jahr-Saisonklasse k
$VATER_l$	=	zufälliger Effekt des Vaters l
pWU_m	=	zufälliger Effekt der permanenten Umwelt der Sau m
e_{ijklm}	=	zufälliger Restfehler

Aus dem ermittelten fixen Effekten für die Genotypen AA, AB und BB der Kandidatengene RBP4 und LIF errechneten sich die Alleleffekte mit folgenden Formeln:

$$\text{Additiver Effekt} \quad a = \frac{1}{2} (AA - BB)$$

$$\text{Dominanzeffekt} \quad d = AB - \frac{1}{2} (AA + BB)$$

Abbildung 2 veranschaulicht die Wirkung der Genotypeneffekte auf die Alleleffekte. Ist d größer als |a| spricht man von Überdominanz.

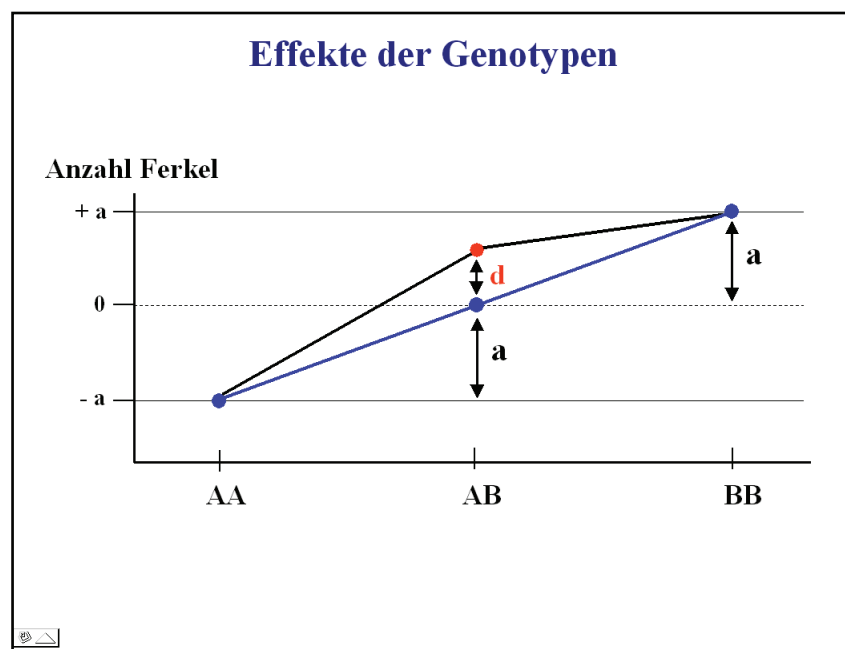


Abbildung 2: Auswirkung der Genotypeneffekte auf die berechneten Alleleffekte

Zum anderen dienen die zum Zeitpunkt der Auswertung vorliegenden aktuellen natürlichen Zuchtwerte für die Wurfgröße im 1., 2. 3. sowie 4./5. Wurf, berechnet über ein Mehrmerkmals-Modell bzw. der natürliche Zuchtwert über alle Würfe, berechnet mit Einmerkmals-Modell sowie die natürlichen Teilzuchtwerte für die Lebensstagszunahme, Speck- und Muskeldicke (Berechnungsgrundlagen siehe MÜLLER u.a., 2007) der Verifizierung der Versuchsthese über eine einstufige Varianzanalyse (Prozedur GLM mittels SPSS-Programmpaket) mit den Genotypen der Markergene RBP4 und LIF als zu bestimmende Effekte. Der Vorteil hier besteht darin, dass Umwelteffekte über die Vielzahl untypisierter Stallgefährten deutlich genauer berücksichtigt werden. Die Wirkung verwandter Tiere auf

die Zuchtwerte, kann die Unterschiede zwischen den Genotypen reduzieren, da die verwandten Tiere nur teilweise den identischen Genotyp aufweisen. Die trifft im besonderen Maße auf die Dominanzeffekte zu, da zu erwartende homozygote verwandte Tiere der Heterozygoten ebenso wie heterozygote Verwandte der Homozygoten zu einer Unterschätzung des Effektes führen. Andererseits können die Fehler der Zuchtwerte aus dem Tiermodell deutlich niedriger sein, als bei alleiniger Berücksichtigung des Vaters ohne Beachtung der an der Gesamtpopulation geschätzten genetischen Varianzen, so dass die in den Tests berücksichtigten Fehlervarianzen deutlich niedriger werden.

3 Ergebnisse

Für alle vier untersuchten Rassegruppen konnten die bekannten Allele A und B in den Genorten des RBP4 und des LIF nachgewiesen werden.

Die in Tabelle 3 dargestellten Allelfrequenzen zeigen insbesondere für RBP4 bei DE- und LC-Sauen Abweichungen von einer Gleichverteilung der beiden möglichen Genzustandsformen. In den Stichproben beider Rassen war die Frequenz des Allels A deutlich höher als die des B-Allels.

Für das LIF-Gen war bei DE-Sauen eine Verschiebung der Allelfrequenz zugunsten des B-Allels zu beobachten.

Tabelle 3: Allelfrequenzen für RBP4 und LIF

Genort	DL		DE		LC		F1	
	Allel	Frequenz	Allel	Frequenz	Allel	Frequenz	Allel	Frequenz
RBP4	A	0,584	A	0,733	A	0,801	A	0,547
	B	0,416	B	0,267	B	0,199	B	0,453
LIF	A	0,613	A	0,283	A	0,529	A	0,479
	B	0,387	B	0,717	B	0,471	B	0,521

Auffällig ist, dass die Frequenzen der F1 in beiden Loci deutlich näher an denen der DL liegen als am zu erwartenden Mittelwert zwischen den beiden Elternrassen. Vermutlich lässt die vergleichsweise niedrige Zahl der Eber eine erheblichen Drift zu. Andererseits werden Eber viel intensiver selektiert, sodass eventuelle Selektionseffekte an dieser Stelle noch nicht ausgeschlossen werden können.

In Tabelle 4 ist die Genotypenverteilung für das RBP4-Gen innerhalb der untersuchten Rassegruppen aufgeführt. Bei den einzelnen Rassen ist keine signifikante Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht zu beobachten.

Die sich für die Genotypen ergebenden mittleren Wurfgrößen bei DE- und DL-Sauen lassen eine Beziehung zwischen RBP4-Genotyp und Fruchtbarkeitsveranlagung vermuten. Demgegenüber ist die Wurfgrößendifferenz zwischen den RBP4-Genotypen bei LC- und F1-Sauen deutlich geringer.

Tabelle 4: Genotypenverteilung für RBP4 und Wurfgröße nach Rasse

Rasse	Genotyp	Anzahl		Genotypenfrequenz		Abweichung vom HWG ¹⁾ Signifikanz	Wurfgröße	
		beobachtet	erwartet	Beobachtet %	Erwartet %		MW	s
DE	AA	361	366	53,0	53,7	n.s.	11,27	2,03
	AB	276	267	40,5	39,2		11,08	2,02
	BB	44	49	6,5	7,1		10,44	2,63
	Insgesamt	681					11,14	2,08
DL	AA	288	298	33,0	34,1	n.s.	11,70	2,08
	AB	443	424	50,8	48,6		11,66	2,06
	BB	141	151	16,2	17,3		11,12	2,01
	Insgesamt	872					11,58	2,07
LC	AA	221	219	64,8	64,1	n.s.	11,03	1,67
	AB	104	109	30,5	31,9		11,54	1,53
	BB	16	14	4,7	4,0		11,46	0,80
	Insgesamt	341					11,19	1,62
F1	AA	129	127	30,4	29,9	n.s.	11,82	2,00
	AB	206	210	48,6	49,6		11,72	1,66
	BB	89	87	21,0	20,5		11,72	1,84
	Insgesamt	424					11,75	1,79

¹⁾ Hardy-Weinberg-Gleichgewicht
n.s. = nicht signifikant

Die in Tabelle 5 aufgeführte Genotypenverteilungen der einzelnen Rassen für das LIF-Gen zeigen für DE und DL einen signifikant höheren Heterozygotenanteil als nach Hardy-Weinberg zu erwarten wäre.

Bei DL- und DE Sauen ist eine Verschiebung der Genotypenfrequenzen zugunsten Heterozygoten zu beobachten.

Bei den LC-Sauen ließ sich an den untersuchten Stichproben keine statistisch zu sichernden Differenz zum theoretisch zu erwarteten Verteilungsverhältnis beobachten. Auch die F1-Sauen tendieren zu einem höheren Heterozygotenanteil, wobei die Irrtumswahrscheinlichkeit die 5 % Grenze knapp verfehlt. Allerdings kann bei Kreuzungssauen kein Gleichgewicht erwartet werden, wenn die Ausgangsrassen verschiedene Allelfrequenzen aufweisen.

Tabelle 5: Genotypenverteilung für LIF und Wurfgröße nach Rasse

Rasse	Genotyp	Anzahl		Genotypenfrequenz		Abweichung vom HWG ¹⁾ Signifikanz	Wurfgröße	
		beobachtet	erwartet	Beobachtet %	Erwartet %		MW	s
DE	AA	41	52	6,3	8,0	*	10,71	1,90
	AB	284	262	44,0	40,6		11,04	2,06
	BB	321	332	49,7	51,4		11,31	2,09
	Insgesamt	646					11,15	2,07
DL	AA	297	324	34,5	37,6	***	11,46	2,04
	AB	462	408	53,7	47,4		11,62	2,04
	BB	102	129	11,8	15,0		11,79	2,27
	Insgesamt	861					11,59	2,07
LC	AA	100	97	28,9	28,0	n.s.	11,19	1,30
	AB	166	172	48,0	49,8		11,25	1,57
	BB	80	77	23,1	22,2		11,39	1,76
	Insgesamt	346					11,26	1,54
F1	AA	88	97	20,7	22,9	n.s. p = 0,066 Grenzbereich	11,53	2,03
	AB	231	212	54,4	49,9		11,93	1,81
	BB	106	115	24,9	27,2		11,97	2,03
	Insgesamt	425					11,86	1,92

¹⁾ Hardy-Weinberg-Gleichgewicht

n.s. = nicht signifikant;

* = $p < 0,05$;

** = $p < 0,01$;

*** = $p < 0,001$

Über die mittels Assoziationsanalyse berechneten Alleleffekte informiert Tabelle 6. Sowohl für die Rasse Edelschwein als auch Landrasse besteht für das RBP4 ein positiver additiver Effekt von rund 0,3 lebend geborenen Ferkeln je Wurf, der für DL-Sauen statistisch zu sichern ist.

Der hochsignifikante Dominanzeffekt für das RBP4 bei DL macht deutlich, dass heterozygote Sauen eine besondere, über dem Durchschnitt ihrer homozygoten Eltern liegende Leistungsveranlagung aufweisen. Tendenziell sind auch bei Hybridsauen die heterozygoten Anlagenträger den homozygoten Genotypen AA und BB überlegen, während der additive Effekt gegen Null tendiert.

Bei Sauen der Rasse Leicoma ist im Vergleich zu den beiden anderen Mutterassen ein negativer additiver Effekt für das A-Allel zu beobachten. Der Umfang typisierter Sauen reichte jedoch nicht für eine statistische Sicherung. Da die Sauen verschiedener Rassen in verschiedenen Betrieben standen, können auch Genotyp-Umwelt-Interaktionen nicht vollständig ausgeschlossen werden. Möglicherweise bestehen Wechselwirkungen zwischen der Vitamin A-(Über-) Versorgung und der Wirkung der verschiedenen RBP4-Genotypen. Ein Heterozygotenvorteil kann für eine bessere Adaptationsfähigkeit an unterschiedlichen Vitamin A-Gaben sprechen.

Für das LIF-Gen konnte nur für DE-Sauen ein signifikanter additiver Effekt ermittelt werden.

Tabelle 6: Additive und Dominanzeffekte für RBP4 und LIF (TiHo Hannover)

Rasse	RBP4		LIF	
	Additiver Effekt a	Dominanzeffekt d	Additiver Effekt a	Dominanzeffekt d
DE	0,28	-0,07	-0,47**	0,20
DL	0,28**	0,51***	-0,13	0,14
LC	-0,35	-0,08	-0,20	-0,03
F1	-0,08	0,22	-0,01	0,17

* = $p < 0,05$;** = $p < 0,01$;*** = $p < 0,001$

Die mittels Varianzanalyse ermittelten Schätzwerte für die naturalen Zuchtwerte der Wurfgröße entsprechen in den Reinzuchtstichproben in Richtung und Differenzierung den geschätzten Alleleffekten und sind in Abhängigkeit vom RBP4-Genotyp nach Rassen in den Tabellen 7 bis 10 dargestellt.

Die Zuchtwerte unterscheiden sich deutlich zwischen den Genotypen des RBP4-Gens. Während für die Rassen DL und DE ein signifikant positiver Effekt des homozygoten Genotyps AA gegenüber dem Genotyp BB sichtbar wird, ist die Wirkung des heterozygoten Genotyps bei DL und DE unterschiedlich. Insbesondere bei DL-Sauen zeigt sich für den heterozygoten Genotyp AB tendenziell nochmals eine leichte Überlegenheit gegenüber dem Genotyp AA, wobei sich die Differenz zwischen beiden statistisch nicht sichern ließ.

In der Signifikanzprüfung erwiesen sich jedoch für beide wirtschaftlich bedeutsamen Mutterrassen die Differenzen in der genetischen Leistungsveranlagung für homo- und heterozygote Anlagenträger des A-Allels gegenüber BB-Sauen als gesichert. Die Größenordnungen betragen für DE-Sauen einer genetisch bedingten Überlegenheit von 0,28 LGF (AB:BB) bzw. 0,48 LGF (AA:BB) und bei DL-Sauen + 0,29 (AB:BB) bzw. 0,35 LGF/Wurf (AA:BB). Diese Größenordnung ist wirtschaftlich interessant.

Tabelle 7: Schätzwerte für die Genotypen und -effekte des RBP4 bei DE

Merkmal Zuchtwert Wurfgröße	RBP4- Genotyp	Mittelwert	Standard- fehler	Genotypeneffekt mit Signifikanzangabe		
				AA:AB	AB:BB	AA:BB
1. Wurf	AA	0,438	0,027	0,155	0,241	0,396
	AB	0,282	0,031	***	**	***
	BB	0,042	0,076			
2. Wurf	AA	0,425	0,038	0,151	0,170	0,321
	AB	0,273	0,044	*	n.s.	**
	BB	0,103	0,108			
3. Wurf	AA	0,476	0,040	0,187	0,227	0,414
	AB	0,289	0,047	**	n.s.	***
	BB	0,062	0,113			
4./5. Wurf	AA	0,466	0,042	0,199	0,245	0,445
	AB	0,266	0,048	**	n.s.	***
	BB	0,021	0,116			
gesamt	AA	0,617	0,033	0,192	0,283	0,476
	AB	0,425	0,038	***	**	***
	BB	0,141	0,091			

Tabelle 8: Schätzwerte für die Genotypen und -effekte des RBP4 bei DL

Merkmal Zuchtwert Wurfgröße	RBP4- Genotyp	Mittelwert	Standard- fehler	Genotypeneffekt mit Signifikanzangabe		
				AA:AB	AB:BB	AA:BB
1. Wurf	AA	0,401	0,031	0,017	0,176	0,193
	AB	0,384	0,025	n.s.	***	***
	BB	0,208	0,044			
2. Wurf	AA	0,443	0,053	0,100	0,349	0,449
	AB	0,343	0,043	n.s.	***	***
	BB	-0,006	0,075			
3. Wurf	AA	0,562	0,058	0,089	0,365	0,454
	AB	0,474	0,047	n.s.	+++	+++
	BB	0,108	0,083			
4./5. Wurf	AA	0,620	0,063	0,083	0,375	0,459
	AB	0,536	0,051	n.s.	+++	+++
	BB	0,161	0,090			
gesamt	AA	0,631	0,041	0,056	0,291	0,347
	AB	0,575	0,033	n.s.	+++	+++
	BB	0,284	0,059			

Tabelle 9: Schätzwerte für die Genotypen und -effekte des RBP4 bei LC

Merkmal Zuchtwert Wurfgröße	RBP4- Genotyp	Mittelwert	Standard- fehler	Genotypeneffekt mit Signifikanzangabe		
				AA:AB	AB:BB	AA:BB
1. Wurf	AA	0,246	0,025	-0,158	-0,046	-0,204
	AB	0,405	0,036	***	n.s.	*
	BB	0,451	0,092			
2. Wurf	AA	0,290	0,039	-0,077	-0,087	-0,164
	AB	0,367	0,056	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,454	0,144			
3. Wurf	AA	0,343	0,042	-0,187	-0,086	-0,272
	AB	0,530	0,061	*	n.s.	n.s.
	BB	0,616	0,156			
4./5. Wurf	AA	0,355	0,045	-0,256	-0,083	-0,339
	AB	0,611	0,066	**	n.s.	n.s.
	BB	0,694	0,168			
Gesamt	AA	0,292	0,028	-0,144	-0,091	-0,235
	AB	0,437	0,041	**	n.s.	*
	BB	0,527	0,105			

Im Gegensatz zu den beiden, in der züchterischen Praxis üblicherweise eingesetzten Mutterrassen zeichnet sich für die synthetische Mutterrasse LC ein etwas anderes Bild (Tab. 9). Sauen mit dem bei DE- bzw. DL vorteilhafteren Genotypen AA bzw. AB verhalten sich bei der Rasse LC diametral entgegengesetzt in der genetischen Leistungsausprägung der Fruchtbarkeit. Die zu beobachtenden genetische Unterlegenheit der AA-Sauen innerhalb der Rasse LC war statistisch gesichert.

Während bisher Reinzuchtpopulationen untersucht wurden, erschien auch die genetische Analyse von F1-Sauen der Kreuzungskombination DExDL von Interesse, da die Gleichwertigkeit bzw. tendenzielle Überlegenheit der heterozygoten Anlagenträger die Frage nach Selektionsstrategien für die beiden Mutterrassen DE und DL interessant erscheinen ließ.

Entgegen der Erwartung aus den genotypischen Effekten bei DE und DL bzw. auch infolge der ermittelten tendenziellen Alleleffekte zeigten sich für Kreuzungssauen weder Differenzierungen in der genetischen Veranlagung für die Wurfgröße zwischen den homozygoten Genotypen AA gegenüber BB-Sauen (Tab. 10) noch für die heterozygoten. Das heißt, in den Ausgangsrassen DE und DL vorhandene deutliche additive Effekte bestätigen sich weder in Richtung noch in der Höhe. Dies beeinflusst die zu entwickelnde Zuchtstrategie bei einer möglichen markergestützten Selektion in den Reinzuchtpopulationen nicht unerheblich und muss weiter verfolgt werden.

Tabelle 10: Schätzwerte für die Genotypen und -effekte des RBP4 bei F1-Sauen

Merkmal Zuchtwert Wurfgröße	RBP4- Genotyp	Mittelwert	Standard- fehler	Genotypeneffekt mit Signifikanzangabe		
				AA:AB	AB:BB	AA:BB
1. Wurf	AA	0,113	0,038	-0,078	0,040	-0,038
	AB	0,191	0,030	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,151	0,046			
2. Wurf	AA	0,229	0,071	-0,137	0,088	-0,049
	AB	0,366	0,057	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,278	0,086			
3. Wurf	AA	0,272	0,072	-0,112	0,091	-0,021
	AB	0,384	0,057	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,293	0,087			
4./5. Wurf	AA	0,308	0,073	-0,086	0,093	0,007
	AB	0,395	0,058	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,301	0,088			
gesamt	AA	0,251	0,053	-0,120	0,101	-0,019
	AB	0,371	0,042	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,270	0,064			

Die mittels Varianzanalyse ermittelten Schätzwerte für die naturalen Zuchtwerte der Wurfgröße in Abhängigkeit vom LIF-Genotyp sind nach Rassegruppen in den Tabellen 11 bis 14 dargestellt.

Die Effekte für die einzelnen Genotypen des LIF-Gens zeigen lediglich für DE-Sauen signifikante Wirkungen auf die Wurfgröße (Tab. 11). Sauen mit dem B-Allel in der homo- und der heterozygoten Kombination sind AA-Sauen signifikant in der maternalen Fruchtbarkeit überlegen. Der Effekt des Vorhandenseins des B-Allels nimmt mit steigender Wurfnummer zu und beträgt im 4./5. Wurf in der heterozygoten Kombination 0,38 LGF, in der homozygoten Form mehr als 0,5 LGF.

In diesem Zusammenhang sei auch nochmals auf die sehr deutliche Verschiebung der Genotypenverteilung (Tabelle 5) verwiesen. Von den 646 typisierten DE-Sauen wiesen lediglich noch 41 = 6 % den Genotyp AA im LIF auf. Die Selektion innerhalb der Rasse, die in

den Betrieben schon phänotypisch stark auf die Erhöhung der Wurfleistungen ausgerichtet war, führte indirekt zu einer stärkeren Eliminierung der AA-Sauen.

Tabelle 11: Schätzwerte für die Genotypen und -effekte des LIF bei DE-Sauen

Merkmal Zuchtwert Wurfgröße	LIF-Genotyp	Mittelwert	Standard- fehler	Genotypeneffekt mit Signifikanzangabe		
				AA:AB	AB:BB	AA:BB
1. Wurf	AA	0,149	0,082	-0,164	-0,083	-0,247
	AB	0,314	0,031	n.s.	n.s.	**
	BB	0,396	0,030			
2. Wurf	AA	-0,033	0,114	-0,325	-0,153	-0,478
	AB	0,292	0,044	**	*	***
	BB	0,445	0,041			
3. Wurf	AA	-0,028	0,120	-0,353	-0,150	-0,504
	AB	0,325	0,046	**	*	***
	BB	0,476	0,043			
4./5. Wurf	AA	-0,061	0,124	-0,375	-0,145	-0,520
	AB	0,313	0,047	**	*	***
	BB	0,458	0,045			
Gesamt	AA	0,230	0,098	-0,229	-0,116	-0,345
	AB	0,459	0,038	*	*	**
	BB	0,575	0,035			

Tabelle 12: Schätzwerte für die Genotypen und -effekte des LIF bei DL-Sauen

Merkmal Zuchtwert Wurfgröße	LIF-Genotyp	Mittelwert	Standard- fehler	Genotypeneffekt mit Signifikanzangabe		
				AA:AB	AB:BB	AA:BB
1. Wurf	AA	0,327	0,031	-0,051	-0,032	-0,083
	AB	0,378	0,025	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,410	0,052			
2. Wurf	AA	0,273	0,053	-0,049	-0,132	-0,181
	AB	0,321	0,042	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,454	0,090			
3. Wurf	AA	0,384	0,058	-0,067	-0,134	-0,201
	AB	0,451	0,047	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,585	0,099			
4./5. Wurf	AA	0,434	0,063	-0,078	-0,144	-0,223
	AB	0,513	0,050	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,657	0,107			
Gesamt	AA	0,505	0,041	-0,063	-0,025	-0,088
	AB	0,568	0,033	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,593	0,070			

Tabelle 13: Schätzwerte für die Genotypen und -effekte des LIF bei LC-Sauen

Merkmal Zuchtwert Wurfgröße	LIF-Genotyp	Mittelwert	Standard- fehler	Genotypeneffekt mit Signifikanzangabe		
				AA:AB	AB:BB	AA:BB
1. Wurf	AA	0,269	0,038	-0,047	0,005	-0,042
	AB	0,317	0,029	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,311	0,042			
2. Wurf	AA	0,290	0,058	-0,067	0,086	0,019
	AB	0,357	0,045	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,271	0,065			
3. Wurf	AA	0,410	0,064	-0,027	0,082	0,055
	AB	0,437	0,049	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,355	0,071			
4./5. Wurf	AA	0,468	0,069	0,004	0,080	0,085
	AB	0,464	0,054	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,383	0,077			
Gesamt	AA	0,321	0,043	-0,048	0,044	-0,003
	AB	0,369	0,033	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,325	0,048			

Tabelle 14: Schätzwerte für die Genotypen und -effekte des LIF bei F1-Sauen

Merkmal Zuchtwert Wurfgröße	LIF-Genotyp	Mittelwert	Standard- fehler	Genotypeneffekt mit Signifikanzangabe		
				AA:AB	AB:BB	AA:BB
1. Wurf	AA	0,092	0,046	-0,090	0,013	-0,077
	AB	0,182	0,029	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,168	0,042			
2. Wurf	AA	0,138	0,087	-0,207	-0,024	-0,232
	AB	0,345	0,053	*	n.s.	*
	BB	0,370	0,079			
3. Wurf	AA	0,173	0,087	-0,195	-0,022	-0,217
	AB	0,368	0,054	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,390	0,079			
4./5. Wurf	AA	0,192	0,088	-0,192	-0,026	-0,218
	AB	0,384	0,054	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,410	0,080			
Gesamt	AA	0,190	0,064	-0,156	0,001	-0,155
	AB	0,346	0,040	*	n.s.	n.s.
	BB	0,345	0,059			

Tabelle 15: Schätzwerte additiver Dominanzeffekte aus den Gesamtzuchtwerten für Wurfgröße

Rasse	RBP		LIF	
	Additiver Effekt	Dominanzeffekt	Additiver Effekt	Dominanzeffekt
DE	0,24***	0,05	-0,17**	0,06
DL	0,17***	0,12*	-0,04	0,02
LC	-0,11*	0,03	-0,002	0,05
F1	-0,01	0,11	-0,08	0,08

Die Tabelle 15 zeigt die anhand der Zuchtwerte kalkulierten additiven und Dominanzeffekte. Auf einige Probleme wurde bereits im Abschnitt 2 hingewiesen. Besonders die hier kalkulierten Dominanzeffekte dürften unterschätzt sein, da in der Zuchtwertschätzung lediglich additive Effekte im Modell Betrachtung finden. Die Signifikanzen wurden nach dem Fehlerfortpflanzungsgesetz näherungsweise ermittelt. Der Dominanzeffekt der DL-Sauen liegt im Grenzbereich zur Signifikanz. Insgesamt lassen sich aber die Ergebnisse aus Tabelle 6 bestätigen. Beachtenswert ist, dass der additive Effekt mit umgekehrten Vorzeichen bei den Leicoma-Sauen die Signifikanzschwelle erreicht und auch hier bei den Kreuzungssauen keine additiven Effekte zu beobachten sind.

Grundsätzlich kann nicht ausgeschlossen werden, dass bei verschiedenem genetischen Hintergrund einzelne Gene unterschiedlich wirken. Andererseits könnten die beobachteten widersprüchlichen Ergebnisse zu den Assoziationen mit einem Modell erklärt werden, wonach RBP₄ lediglich ein Marker für das wirkenden Gen darstellt. Unterschiedliche Kopplungszustände können dann zu verschiedenen Ergebnissen führen.

Aus den für DE nachweisbaren Zusammenhängen zwischen Fruchtbarkeitsveranlagung und RBP₄ – bzw. LIF–Genotypen wurde der Frage nachgegangen, inwieweit eine mögliche Kombination vorteilhafter Genvarianten für beide Marker in der züchterischen Arbeit von Vorteil sein könnte. Aufgrund der beschriebenen Genotypeneffekte wurden für RBP₄ die homo- und heterozygoten Anlagenträger des A-Allels und beim LIF die des B-Allels als „zu bevorzugend“ charakterisiert. Daraus ergaben sich die folgenden Genkombinationen für die Genausstattung RBP₄xLIF:

Gruppe A*AA	Genotyp RBP ₄ : AA oder AB	x	Genotyp LIF: AA
Gruppe A*B*	Genotyp RBP ₄ : AA oder AB	x	Genotyp LIF: AB oder BB
Gruppe BBAA	Genotyp RBP ₄ : BB	x	Genotyp LIF: AA
Gruppe BBB*	Genotyp RBP ₄ : BB	x	Genotyp LIF: AB oder BB

Der Effekt der neuen vier Genkombinationen wurde varianzanalytisch auf den naturalen Zuchtwert der Wurfgröße über alle Würfe für DL- und DE-Sauen geprüft (Tabelle 16, 17).

Es zeigte sich, dass die Berücksichtigung den LIF-Genotyps bei DL keinen Informationsgewinn für Sauen mit dem RBP₄-Genotyp AA bzw. AB erbrachte, d.h. diese sind unabhängig dem LIF-GT AB/BB als leistungsmäßig gleichwertig einzuschätzen. Der Anteil dieser Tiere betrug immerhin > 80 %. Obwohl statistisch nicht zu sichern, scheinen jedoch Sauen mit dem BB-Genotyp im RBP₄-Gen und gleichzeitig dem Genotyp AB bzw. BB beim LIF züchterisch interessant zu sein.

Tabelle 16: Schätzwerte für die den naturalen Zuchtwert der Wurfgröße in Abhängigkeit vom Genotyp des RBP4- und LIF-Gens bei DL-Sauen (Genotypenvarianten aggregiert)

RBP4-/LIF-Genotyp	Anzahl Tiere	Anteil Tiere	Mittelwert	Standardfehler
A*AA	223	25,3	0,616a	0,047
A*B*	522	59,2	0,582a	0,031
BBAA	69	7,8	0,167B	0,084
BBB*	68	7,7	0,430A,C	0,085

a, b, c: unterschiedliche Buchstaben bedeuten signifikante Unterschiede mit $p < 0,05$

Bei DE-Sauen sind die vorteilhaften Genotypenkombination AA bzw. AB im RBP4-Gen und AB bzw. BB im LIF-Gen signifikant leistungsüberlegen (Tab. 17). Knapp 90 % der Sauen in der untersuchten Edelschweinpopulation Thüringen sind bereits Träger dieser Genkombinationen.

Tabelle 17: Schätzwerte für die den naturalen Zuchtwert der Wurfgröße in Abhängigkeit vom Genotyp des RBP4- und LIF-Gens bei DE-Sauen (Genotypenvarianten aggregiert)

RBP4-/LIF-Genotyp	Anzahl Tiere	Anteil Tiere	Mittelwert	Standardfehler
A*AA	37	5,3	0,215 A	0,104
A*B*	616	88,6	0,549b	0,025
BBAA	5	0,7	0,341A,B	0,282
BBB*	37	5,3	0,162A	0,104

a, b: unterschiedliche Buchstaben bedeuten signifikante Unterschiede mit $p < 0,05$

Die züchterische Wirkung der bisher durchgeführten Selektionsarbeit in den Nucleusherden spiegelt Tabelle 18 wider. Bei DE-Sauen mit einem überdurchschnittlichen Naturalzuchtwert für die Wurfgröße ($NZW > * 0,5$ LGF je Wurf) ist der Anteil von Tieren mit dem Genotyp AA im RBP4-Gen um 17,5 % signifikant größer als bei Sauen mit einem unterdurchschnittlichen Naturalzuchtwert für die Fruchtbarkeit ($NZW < - 0,5$ LGF je Wurf). Es wird postuliert, dass zielgerichtete Anpaarungen aufgrund der phänotypischen Leistungsfähigkeit zu der beobachteten Verschiebung der Genotypenfrequenzen führten.

Besonders fruchtbare DL-Sauen sind zu fast 90 % mit den vorteilhaften Genotypen AA und AB ausgestattet, die Differenz von rund 13 % zu den unterdurchschnittlichen Sauen ist statistisch gesichert. Deutlich wird ebenfalls, dass die Zuchtwahl auf Fruchtbarkeit zu einer überdurchschnittlichen Reduzierung des homozygoten Genotyps BB geführt hat.

Tabelle 18: Verteilungsverhältnisse der RBP4-Genotypen in Abhängigkeit vom aktuellen Naturalzuchtwert Wurfgröße bei DE- und DL-Sauen

Rasse	Genotyp	Anteil Tiere mit Zuchtwert LGF		Signifikanz Chi ² -Test
		> +0,50	< -0,50	
DE	AA	63,0 %	45,5 %	*
	AB	34,0 %	44,6 %	n.s.
	BB	3,0 %	9,9 %	n.s.
	AA+AB	97,0 %	90,1 %	n.s.
DL	AA	40,2 %	31,0 %	n.s.
	AB	49,0 %	45,6 %	n.s.
	BB	10,8 %	23,4 %	**
	AA+AB	89,2 %	76,6 %	**

Aufgrund der komplexen Ausrichtung von Zuchtprogrammen, d.h. der gleichzeitigen Berücksichtigung von Merkmalen der Mast- und Schlachtleistung als auch Fruchtbarkeit bei Mutterassen ist die Wirkung der untersuchten Kandidatengene auf die Fleischleistung mit zu berücksichtigen. Für die Bewertung standen die naturalen Zuchtwerte der Lebensstagszunahme für die Mastleistung und der Seitenspeck- und Muskeldicke als Hilfsmerkmale des Schlachtkörperwertes zur Verfügung.

Bei Sauen der Rasse DE (Tab. 19) wird deutlich, dass sich die mögliche Bevorzugung von Sauen mit dem RBP4-Genotyp AA bzw. AB nicht negativ auf die Mastleistung auswirkt. Demgegenüber führt die Bevorzugung der für die Fruchtbarkeit vorteilhafteren Genvarianten im Schlachtkörperwert zu einer züchterisch unerwünschten Kontraselektion, d.h. der Zuchtwahl von Sauen mit einer etwas stärkeren Fettauflage bzw. einer leicht verminderten Fleischfülle (Dicke des Kotelettmuskels).

Tabelle 19: Schätzwerte für die naturalen Zuchtwerte (im züchterischen Sinn) der Mastleistung für die Genotypen des RBP4 bei DE

Merkmal Zuchtwert	RBP4- Genotyp	Mittelwert	Standard- fehler	Genotypeneffekt mit Signifikanzangabe		
				AA:AB	AB:BB	AA:BB
Lebens- tags- zunahme	AA	-3,3	0,8	0,0	4,0	4,0
	AB	-3,3	0,9	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	-7,3	2,1			
Speck- dicke	AA	0,0	0,1	-0,3	-0,4	-0,7
	AB	0,3	0,1	***	***	**
	BB	0,7	0,1			
Muskel- dicke	AA	0,1	0,1	-0,2	-0,3	-0,5
	AB	0,2	0,1	***	***	*
	BB	0,6	0,1			

Bei den Sauen der Deutschen Landrasse waren die beobachteten Genotypeneffekte für die Merkmale der Mast- und Schlachtleistung in keinem Fall statistisch gesichert, d.h. die Bevorzugung der Genotypen AA und AB im RBP4 lassen keine züchterisch unerwünschten Wirkungen in der Fleischleistung erwarten (Tab. 20).

Tabelle 20: Schätzwerte für die naturalen Zuchtwerte (im züchterischen Sinn) der Mastleistung für die Genotypen des RBP4 bei DL

Merkmal Zuchtwert	RBP4- Genotyp	Mittelwert	Standard- fehler	Genotypeneffekt mit Signifikanzangabe		
				AA:AB	AB:BB	AA:BB
Lebens- tags- zunahme	AA	-7,9	0,8	-1,3	-0,9	-2,2
	AB	-6,6	0,6	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	-5,6	1,1			
Speck- dicke	AA	-0,3	0,1	0,0	0,0	0,0
	AB	-0,4	0,1	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	-0,3	0,1			
Muskel- dicke	AA	0,0	0,1	-0,1	-0,1	-0,1
	AB	0,1	0,0	n.s.	n.s.	n.s.
	BB	0,1	0,1			

4 Schlussfolgerungen

Das Ziel der vorliegenden Arbeit bestand darin, Sauen der Deutschen Landrasse, des Deutschen Edelschweines, der Rasse Leicoma sowie Kreuzungssauen der Kombination Edelschwein x Landrasse auf polymorphe Zustandsformen der Kandidatengene RBP₄ und LIF zu untersuchen, Alleleffekte zu schätzen und mögliche Assoziationen zu den Zuchtwerten für die Anzahl lebend geborener Ferkel zu überprüfen.

Für alle untersuchten Rassegruppen bestätigte sich das auch aus anderen Untersuchungen bekannte Vorhandensein der Allelvarianten A und B in beiden Genorten. Die beobachteten Allelfrequenzen zeigten für RBP₄ bei DE- und LC-Sauen Abweichungen von einer Gleichverteilung. In beiden Fällen war die Frequenz des Allels A deutlich höher als die des B-Allels. Für das LIF-Gen war lediglich bei DE-Sauen eine Verschiebung der Allelfrequenz zugunsten des B-Allels zu beobachten.

Das LIF Gen zeigte bei den DE- und DL-Sauen mehr Heterozygote als nach Hardy Weinberg zu erwarten wäre.

Das RBP₄ erwies sich bei der Deutschen Landrasse und dem Deutschen Edelschwein als geeignetes Kandidatengen für die Wurfgröße. Züchterisch zu bevorzugen sind Sauen mit dem A-Allel in homozygoter bzw. auch heterozygoter Form.

Für das LIF-Gen konnte nur für Edelschwein-Sauen eine signifikante Assoziation zur Wurfgröße ermittelt werden. Hierbei erwiesen sich homozygote Träger des B-Allels als leistungsmäßig überlegen.

Aus der Sicht möglicher Wirkungen einer markergestützten Selektion in Reinzuchtpopulationen auf die Kreuzungsprodukte bzw. die Leistungsfähigkeit von F₁-Sauen lassen sich aus der Untersuchung keine züchterischen Empfehlungen ableiten.

Die Nutzung der Genmarkerinformationen stellt sich insbesondere aufgrund der Leistungsüberlegenheit des heterozygoten Genotyps beim RBP₄ bei DL als vorteilhaft, aber auch anspruchsvoll für entsprechende Selektionsstrategien innerhalb DL und DE dar.

Es werden Grenzen der markergestützten Selektion deutlich, die sich sowohl aus den für DL beobachteten Dominanzeffekten als auch der notwendigen Erweiterung des Spektrums weiterer Marker und deren folgende Einbeziehung ergeben. Ein Verzicht auf die bisher übliche Leistungserfassung ist nicht möglich.

Notwendige Voraussetzung für eine markergestützte Selektion sind frühzeitige Beprobung der weiblichen Zuchtläufer, um schon zum Zeitpunkt der Erstbesamung die Typisierungsergebnisse nutzen zu können.

Ein entsprechendes Modell für die Einbeziehung der Kandidatengene in die Zuchtwertschätzung ist auch mit Berücksichtigung nicht vollständig vorliegender Markerinformationen zu entwickeln. Damit könnte eine Simulation zur züchterischen Wirksamkeit der Einbeziehung des RBP₄ im Vergleich zur bisher üblichen Zuchtarbeit erfolgen.

Eine züchterische Bevorzugung der LIF-Genotypen BB und AB und der AA/AB-Genotypen für das RBP₄ bei der Edelschweine korrespondiert mit einer leichten Zunahme der Fettauflagen und etwas geringeren Fleischfülle. Aufgrund des erreichten Niveaus der Fleischleistung bei den Mutterassen ist diese Wirkung tolerabel, sie sollte aber im Gesamtkonzept der Zuchtstrategie weiter Beachtung finden.

5 Literaturverzeichnis

- BÖDDECKER, I., u. A. ZIEGLER:
Assoziations- und Kopplungsstudien zur Analyse von Kandidatengen.
Dtsch. Med. Wschr. 125(2000)810 – 815
- DISTL, O.: Genmarkeruntersuchungen bei Thüringer Herkünften.
Tagungsband 8. Thüringer Nutztierforum.-
TLL Schriftenreihe Heft 9 (2005): 36-43
- GELDERMANN, H.:
Analyse von Genwirkungen auf Leistungsmerkmale.
Dtsch. tierärztl. Wschr. 103(1996) 369 – 448
- LINVILLE, R.C., D. POMP, R.K. JOHNSON, M.F. ROTHSCHILD:
Candidate gene analysis for loci affecting litter size and ovulation rate in swine.
J. Anim. Sci. 79(2001) 60 – 67
- MESSER, L.A., L. WANG, J. YELICH, D. POMP, R.D. GEISERT, M.F., ROTHSCHILD
Linkage mapping of the retinol-binding protein 4 (RBP4) gene to porcine chromosome
14. Mamm. Genome 7(1996) 396
- MILAN, D.: Notion du gène candidat.
Prod. Anim., numéro hors série: génétique moléculaire: principes et application aux popula-
tions animales, (2000)119 – 123
- MÜLLER, S. ; BRAUN, U. ; ANACKER, H.; RÖSSEL, D.:
Jahresbericht zur Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung bei Schweinen in Thüringen. -
(2007) TLL Jena, Eigenverlag, www.tll.de/ainfo
- RATHJE, T.A.; ROHRER, G.A.; JOHNSON, R.K.:
Evidence for quantitative trait loci affecting ovulation rate in pigs
J. Anim. Sci. 75(1997)6:1486-1994
- ROTHSCHILD, M.F., C. JACOBSON, D.A. VASKE, C.K. TUGGLE, T. SHORT, S., SASAKI, G.R. ECKARDT, D.G.
MCLAREN:
A major gene for litter size in pigs.
in: Proc. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, 1994, 21,
225 – 228
- SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J.:
Biometry: the principles and practice of statistics in biological research., 3rd edition. New York:
Freeman(1994). ISBN 0-7167-2411-1
- SPÖTTER, A., C. DRÖGEMÜLLER, H. KUIPER, B. BREINIG, T. LEEB, O. DISTL :
Molecular characterization and chromosome assignment of the porcine gene for leukemia in-
hibitory factor LIF. Cytogenet. Cell Genet. 93(2001)87 – 90
- STEINHEUER, R.:
Schätzung von Varianzkomponenten und Kandidatengeneffekten für die paternale und mater-
nale Komponente von Fruchtbarkeitsmerkmalen beim Schwein
Diss., Tierärztliche Hochschule Hannover, (2001),267 Seiten
- STEINHEUER, R. ; DRÖGEMÜLLER, C. ; HAMANN, H. ; GÖTZ, K.-U. ; DISTL, O.:
Einfluss von Kandidatengeneffekten auf die Anzahl lebend geborener und aufzogener Ferkel
bei Besamungsebern der Deutschen Landrasse.
Züchtungskunde 75 (2003) 3, S. 204 - 213
- VINCENT, A.L., T.H. SHORT, O.I. SOUTHWOOD, G.S. PLASTOW, C.K. TUGGLE, M.F. ROTHSCHILD :
The prolactin receptor gene is associated with increased litter size in pigs.
in: Proc. 6th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production, Armidale,
1998, 27, 15 - 18