

# Forschungsbericht

Nr. 116

**Steigerung der Fitness und Vitalität  
durch Erhöhung der genetischen Variabilität  
mittels markergestützter Selektion beim Schwein**

*Verfasser:*

Kleinwächter, T., Tholen, E., Wimmers, K., Ponsuksili, S. und Schellander, K.

**Institut für Tierzuchtwissenschaft**

**Herausgeber:** Lehr- und Forschungsschwerpunkt „Umweltverträgliche und Standortgerechte Landwirtschaft“, Landwirtschaftliche Fakultät der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

Endenicher Allee 15, 53115 Bonn  
Tel.: 0228 – 73 2297; Fax.: 0228 – 73 1776  
www.usl.uni-bonn.de

Forschungsvorhaben im Auftrag des Ministeriums für Umwelt und Naturschutz, Landwirtschaft und Verbraucherschutz des Landes Nordrhein-Westfalen  
Bonn, März 2004

ISSN 1610-2460

**Projektleitung:** Prof. Dr. Karl Schellander

**Projektbearbeiter:** Dipl.-Ing. agr. Tina Kleinwächter  
Dr. agr. Ernst Tholen  
PD Dr. Klaus Wimmers  
Dr. sc. agr. S. Ponsuksili

Institut für Tierzuchtwissenschaft  
Endenicher Allee 15  
53115 Bonn

Tel.: 0228/73 2280  
Fax: 0228/73 2284

**Zitiervorschlag:**

Kleinwächter, T., Tholen, E., Wimmers, K., Ponsuksili, S. und Schellander, K. (2004): Steigerung der Fitness und Vitalität durch Erhöhung der genetischen Variabilität mittels markergestützter Selektion beim Schwein. Landwirtschaftliche Fakultät der Universität Bonn, Schriftenreihe des Lehr- und Forschungsschwerpunktes USL, 116, 52 Seiten.

## **Inhaltsverzeichnis**

1. Einleitung	1
1.1 Problemstellung/Wissensstand	1
1.2 Zielsetzung	4
2. Material und Methoden	5
2.1 Auswahl der Tiere, Probenmaterial und Reproduktionsdaten	5
2.2 DNA-Isolierung	5
2.3 Auswahl der Mikrosatellitenmarker	6
2.4 Darstellung der Genotypen	8
2.5 Biometrische Auswertung der Daten	11
3. Ergebnisse und Diskussion	14
3.1 Genotypisierung	14
3.2 Allelzahlen, -frequenzen und Polymorphism Information Content	17
3.3 Heterozygotie, Hardy-Weinberg-Verteilung und Kopplungsungleichgewicht	19
3.4 Analyse der genetischen Distanzen	25
3.5 Vergleich der genetischen Distanzwerte mit Reproduktionsleistungen	36
4. Zusammenfassung	41
5. Schlussfolgerungen für die Umsetzung der Ergebnisse in die Praxis	42
6. Literaturverzeichnis	45
7. Anhang	48
8. Konsequenzen für evtl. weitere Forschungsaktivitäten	50
9. Mitteilung über evtl. schützenswerte Nutzungsrechte	50
10. Liste über Veröffentlichungen	50
11. Liste über Vorträge	50
12. Liste über Pressemitteilungen	51
13. Liste über Posterpräsentationen, Vorführung und Demonstrationen	51
14. Kurzfassung	51

## **1. Einleitung**

### **1.1 Problemstellung/Wissensstand**

Die Erhaltung der genetischen Variabilität in Nutztierpopulationen ist die Basis des nachhaltigen Umgangs mit tiergenetischen Ressourcen in der Landwirtschaft und entscheidend für die Aufrechterhaltung von Vitalität und Leistungsfähigkeit. Die Reinzuchtpopulationen der Basiszuchtstufe moderner Schweinezuchtprogramme sind in der Regel durch geringe Bestandsgrößen gekennzeichnet. Die geringen Tierzahlen sind ein Grund für die Gefahr der Verringerung der Variabilität und steigender Inzucht, da in kleinen, geschlossenen Populationen die Wahrscheinlichkeit von Paarungen zwischen verwandten Tieren zunimmt. Verwandte Tiere sind durch gemeinsame Ahnen in der Übereinstimmung eines Teils ihres Genoms charakterisiert. Je höher die Verwandtschaft zwischen Paarungspartnern ist, desto mehr steigt die Wahrscheinlichkeit der Vererbung herkunftsgleicher Allele über beide Elterntiere. Inzucht steht in linearem Verhältnis zur genetischen Variabilität einer Population. So sind bei völliger Inzucht alle Individuen genetisch identisch. In kleinen Populationen besteht daher durch Inzuchtsteigerung die Gefahr einer reduzierten nutzbaren Merkmalsvariation. Der Verlust an Heterozygotie ist meist mit Leistungseinbußen im Bereich der Vitalität verbunden.

Als „Vitalität“ wird die Widerstandsfähigkeit und Anpassungsfähigkeit an wechselnde und auch belastende Umwelteinflüsse angesehen (Fewson 1979). Vitale Tiere sind fruchtbar, haben vitale Nachkommen und zeigen eine geringere Krankheitsdisposition.

Die Fitness eines Individuums ist sein Beitrag von Genen zur nächsten Generation (Falconer 1984). Es bestehen Schwierigkeiten, die Fitness präzise zu definieren. So hängt die Überlebensfähigkeit eines Individuums zum einen von seiner eigenen Vitalität (eigene Fitness) und zum anderen von der ihm zuteil werdenden elterlichen Fürsorge (elterliche Fitness) ab. Dieses Überlappen der Generationen bedeutet, dass es keinen genauen Zeitpunkt gibt, ab dem die eigene Fitness als ausschließliches Kriterium der Überlebensfähigkeit angesehen werden kann. Die Fitness eines Individuums ist das abschließende Ergebnis all seiner Entwicklungs- und physiologischen Prozesse (Falconer 1984). Die Fitness ist messbar in Reproduktionsparametern und kann in zwei Hauptkomponenten unterteilt werden, die Fertilität und die Aufzuchtleistung. Es ist schwierig Fitness unmittelbar zu erfassen. Die

Gesamtfitness kann jedoch durch die Kombination der messbaren Werte ihrer Komponenten geschätzt werden (Falconer 1984).

Vitalität und Fruchtbarkeit, als Kriterien der Fitness, sind Merkmalskomplexe mit geringer Heritabilität, die nur langsam durch Selektion innerhalb Populationen gesteigert werden können. Bei diesen Merkmalen sind jedoch höhere Heterosiseffekte zu erwarten (Fewson 1979). Somit ist genetische Variabilität die Voraussetzung für hohe Vitalität.

Als Heterosis wird das Gegenteil der Inzuchtdepression bezeichnet. Wenn Inzuchtlinien gekreuzt werden, zeigen die Nachkommen eine Verbesserung in den Merkmalen, die vorher durch die Inzucht reduziert worden waren. Allgemein lässt sich sagen, dass die bei der Inzucht verlorene Fitness durch die Kreuzung wiedergewonnen wird. Das Ausmaß der Heterosis ist die Differenz zwischen dem Kreuzungs- und dem Inzuchtmittel (Falconer 1984).

Die Leistungsentwicklung der Reproduktion beim Schwein ist dadurch gekennzeichnet, dass in der Reinzucht kaum züchterische Fortschritte erzielt werden konnten, die Kreuzungszucht dagegen zu einer deutlichen Steigerung der Zuchtleistung geführt hat.

Die Heritabilität für das Merkmal lebend geborene Ferkel je Wurf wurde von verschiedenen Autoren in unterschiedlichen Rassen oder Linien mit Werten zwischen 0,02 und 0,21 geschätzt. Die meisten Schätzwerte lagen zwischen 0,07 und 0,15 mit einem Mittelwert bei 0,11 (Tölle 1997; Täubert 1998). Die Streuung lässt sich vermutlich durch die Unterschiede in der Datenqualität und –struktur erklären. Die Standardfehler sind gerade bei relativ kleinen Datensätzen in der Regel hoch.

Die Reproduktionsleistung dient nicht nur der Arterhaltung im biologischen Sinne, sondern nimmt einen hohen Stellenwert in der züchterischen Arbeit ein. Eine Verbesserung der Fruchtbarkeit trägt über die Bereitstellung einer erhöhten Anzahl selektionswürdiger Tiere zur Effizienzsteigerung der übrigen Leistungsmerkmale über alle Stufen der Zuchtpyramide bei. So fördert eine Erhöhung der Nachkommenzahl die Selektionsschärfe und die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung (Roehe und Kalm 1993).

Die ökonomischen Gewichtungsfaktoren orientieren sich weitgehend an dem Grenznutzen von unter Produktionsbedingungen erzeugten Ferkeln. Ökonomische Verbesserungen im Bereich der Fruchtbarkeitsmerkmale kommen durch eine Neuverteilung der fixen Kosten für die Haltung von Zuchtsauen zustande. Das bedeutet, dass sich die Fixkosten auf eine größere

Anzahl von Ferkeln je Zeiteinheit verteilen. Die daraus resultierenden niedrigeren Kosten je Ferkel können die zusätzlichen Aufwendungen für Futter und Spezialkosten mehr als kompensieren (Krieter 1992).

Zur Erfassung der genetischen Diversität zwischen Individuen können biochemische oder molekulargenetische Markersysteme eingesetzt werden, die es ermöglichen Variationen im Erbmaterial aufzudecken. Die wichtigste Eigenschaft der Markersysteme ist der Polymorphismus, da ein Marker nur dann informativ sein kann, wenn mindestens zwei Ausprägungen existieren. Ein Marker gilt als polymorph, wenn die Frequenz des häufigsten Allels maximal einen definierten Höchstwert  $< 1$  erreicht. Bei einem ausreichend großen Probenumfang wird dieser Wert in der Literatur mit 0,99 oder 0,995 angegeben. Der Anteil der polymorphen Loci gibt einen wichtigen Hinweis auf die genetische Variation innerhalb von Populationen (Nei 1987).

Mikrosatelliten gelten als hochpolymorph und sind als molekulargenetische Marker besonders geeignet (Litt und Luty 1989). Es handelt sich um DNA-Bereiche, in denen bestimmte Nucleotidsequenzen von ein bis sechs Basen tandemartig wiederholt werden. Die Anzahl der Wiederholungen der Nukleotid-Blöcke variiert in Folge von Mutationen. Die Untersuchung der Mutationsrate von 62 Mikrosatelliten beim Schwein ergab einen Durchschnittswert von  $8 \times 10^{-5}$  (Ellegren 1995). Mikrosatelliten liegen über das gesamte Genom verteilt vor und ihre Darstellung ist durch hohe Automatisierbarkeit einfach zu bewältigen. Durch den ausgeprägten Polymorphiegrad können Mikrosatelliten auch in populationsgenetischen Untersuchungen nah verwandter Individuen zum Einsatz kommen (Goldstein et al. 1995). Da Mikrosatellitenloci nicht exprimiert werden, stehen sie unter keinem direkten Selektionsdruck. Bei enger Kopplung zu einem unter Selektion stehenden Gen werden sie jedoch indirekt von der Zuchtauswahl betroffen.

Inzwischen sind für viele Spezies Mikrosatelliten bekannt und werden in Untersuchungen als Marker eingesetzt. Von besonderer Bedeutung sind sie im Bereich der Forschung in Kopplungs- und populationsgenetischen Analysen, des weiteren werden sie bei einigen Spezies routinemäßig zur Identitäts- und Abstammungskontrolle eingesetzt.

## 1.2 Zielsetzung

Jedes System der Schweinehaltung erfordert ein Höchstmaß an vitalen Tieren. Als Vitalität versteht man die Fähigkeit eines Tieres sich in seiner Umwelt zu behaupten und seine Gene an die Nachkommengeneration weiter zu geben. Vitale Tiere sind fruchtbar, bringen vitale Ferkel und zeigen eine geringere allgemeine Krankheitsdisposition. Während Mast- und Schlachtleistungen bereits ein hohes Niveau erreicht haben, steht die Verbesserung funktionaler Merkmale, wie Fitness, Fruchtbarkeit und Krankheitsresistenz heute im Vordergrund des züchterischen Interesses. Da die Heritabilitäten für Merkmale der Vitalität gering sind, können Zuchtfortschritte in der Reinzucht durch Selektion nur langsam erreicht werden. In der Kreuzungszucht dagegen sind hohe Heterosiseffekte zu erzielen.

Im Rahmen der vorliegenden Untersuchung sollte die genetische Diversität in Reinzuchtpopulationen an Hand hochpolymorpher DNA-Marker erfasst werden. Durch gezielte Anpaarung von genetisch stark variierenden Elterntieren sollte die genetische Variabilität der Nachkommen maximiert werden. Der Heterozygotiegrad der Mutter sowie die genetische Distanz der Paarungspartner wurden zu Reproduktionsleistungen der Würfe in Beziehung gesetzt. Hierdurch sollten Aussagen über das Ausmaß von Inzuchtdepression und Heterosis in den Populationen abgeleitet werden. Darüber hinaus sollte überprüft werden, ob durch gezielte Paarung von an Marker-Loci differenten Elterntieren einer Rasse, eine Verbesserung von Reproduktionsleistungen zu erreichen ist.

## 2. Material und Methoden

### 2.1 Auswahl der Tiere, Probenmaterial und Reproduktionsdaten

Die Untersuchung erfolgte an 490 Zuchttieren der Rasse „Deutsches Edelschwein“. Die 427 Sauen und 15 Bestandseber stammten aus 4 Zuchtbetrieben des Schweinezüchterverbandes Nord-West e.V., 45 Proben der Besamungseber kamen von der Besamungsstation Ascheberg und 3 von der Besamungsstation Bethen. Zusätzlich wurden 4 Eber der Rasse „Deutsche Landrasse“ genotypisiert.

Von den Sauen und Bestandsebern wurde Probenmaterial in Form von Ohrkerben gewonnen, von den Besamungsebern standen Spermaproben zur Verfügung. Die Probenlagerung bis zur Aufbereitung erfolgte bei -20°C.

**Tab. 1: Herkunft des analysierten Tiermaterials (nur DE-Tiere)**

Herkunft	Betrieb1	Betrieb2	Betrieb3	Betrieb4	Bes.Station1	Bes.Station2
Sauen	115	121	108	83	0	0
Eber	5	5	5	0	45	3
Gesamt	120	126	113	83	45	3

Die Reproduktionsdaten aus den Zuchtbetrieben wurden über die Wurfmelde- und Sauenplanerdaten des SNW bezogen. Sie umfassten Anpaarungen aus den Jahren 1997 bis 2002. In die Untersuchung wurden die Daten der Wurfgrößen (Anzahl lebend geborener Ferkel) einbezogen.

### 2.2 DNA-Isolierung

#### DNA-Isolierung aus Gewebeproben

Drei ca. reiskorngroße Gewebestücke der Probe wurden in einem 2,0 ml-Multi-Twist-Tube mit 700 µl Verdauungspuffer (100mM NaCl; 50mM Tris-HCl pH 7,5; 1mM EDTA pH 8,0), 18 µl Proteinase K und 70 µl SDS (10 %ig) versetzt und über Nacht bei 55°C schüttelnd bis zur vollständigen Lysierung des Gewebes inkubiert. Die Extraktion erfolgte durch Zugabe



von 700 µl Phenol-Chloroform und Aufreinigung des Überstandes mit 700 µl Chloroform. Die Fällung der DNA wurde durch Zugabe von 700 µl Isopropanol durchgeführt. Nach einer Reinigung des DNA-Pellets mit Ethanol erfolgte die Resuspendierung in 200 – 500 µl TE-Puffer.

### **DNA-Isolierung aus Spermaproben**

Das Sperma lag zentrifugiert in einer Waschlösung vor. 600 µl der Probe wurden abzentrifugiert und das Spermapellet in 1 ml NaCl (9 %ig) resuspendiert. Nach Zugabe von 4 ml Verdauungspuffer (40mM EDTA; 10mM Tris; 2 % Mercaptoethanol; 0,01 % SDS; 0,2 % Proteinase K) wurden die Proben über Nacht bei 37°C schüttelnd inkubiert. Die Extraktion mit Phenol-Chloroform, Fällung in Isopropanol, Aufreinigung und Resuspendierung erfolgte analog zur Isolierung aus Gewebeproben mit entsprechend größeren Volumina.

Zur Ermittlung der Konzentration und Qualität der DNA-Proben wurde die optische Dichte bei 260 und 280 nm spektralphotometrisch gemessen.

### **2.3 Auswahl der Mikrosatellitenmarker**

Zur Auswahl der zu analysierenden Mikrosatelliten wurde das Marker-Set zur Untersuchung der genetischen Diversität bei Schweinen von Milan und Groenen (1998) zu Grunde gelegt. Als Selektionskriterien wurden von den Autoren ein hoher Polymorphiegrad, eine möglichst gleichmäßige Verteilung über das Genom und eine geringe Rate an Null-Allelen angestrebt. Die 27 Mikrosatelliten des Sets wurden zunächst in einigen DNA-Proben analysiert und auf Eignung getestet. Da bei drei Mikrosatelliten (S0228, SW632 und S0218) in der Elektrophorese keine oder nur unspezifische PCR-Produkte zu erkennen waren, wurde auf Chromosom 7 der Marker SW632 durch S0115 ersetzt, die beiden anderen Marker jedoch ersatzlos gestrichen, da eine Anzahl von 25 Loci als ausreichend erachtet wurde.

Die ausgewählten Mikrosatelliten bestanden vorwiegend aus CA- bzw. GT-Dinukleotidwiederholungen, wobei bei einzelnen Markern zusammengesetzte Wiederholungsstrukturen vorkamen (CGA, S0226, S0115, S0068 und S0215). Nur die zusammengesetzten Wiederholungseinheiten bei CGA umfassten auch Tetranukleotidrepeats.

**Tab. 2: Primer der verwendeten Mikrosatellitenmarker**

Locus	Ch	Pos	Primersequenzen (5'-3')	Referenz
CGA	1	52,3	GACACAGTGGATGGCATTG ACATCCCTAAGGTCGTGGC	Ellegren et al. (1994b)
S0155	1	93,9	TGTTCTCTGTTTCTCCTCTGTTG AAAGTGGAAAGAGTCAATGGCTAT	Ellegren et al. (1994b)
SW240	2	42,0	AGAAATTAGTGCCTCAAATTGG AAACCATTAAGTCCCTAGCAA	Rohrer et al. (1994)
S0226	2	68,0	GGTTAAACTTTTNCCTCAATACA GCACTTTTAACTTTCATGATGCTCC	Robic et al. (1994)
SW72	3	17,8	ATCAGAACAGTGCGCCGT TTTGAAAATGGGGTGTTC	Rohrer et al. (1994)
S0002	3	102,2	GAAGCCAAAGAGACAACCTGC GTTCTTTACCCACTGAGCCA	Fredholm et al. (1993)
S0227	4	4,1	GATCCATTTATAATTTTAGCACAAAGT GCATGGTGTGATGCTATGTCAAGC	Robic et al. (1994)
S0005	5	88,2	TCTTCCCTCCTGGTAACTA GCACTTCCTGATTCTGGGTA	Fredholm et al. (1993)
IGF1	5	118,7	CATATTTTCTGCATAACTTGAACCT GGGTATTGCTAGCCAGCT	Rohrer et al. (1994)
SW122	6	83,3	TTGTCTTTTTATTTTGCTTTTGG CAAAAAGGCAAAAGATTGACA	Rohrer et al. (1994)
S0115	7	102,2	TGATGCACTGTGTGGGCCACACCA ACCATGGCTTGAGCTTGAGCCAGC	Ruyter et al. (1994)
S0101	7	134,9	GAATGCAAAGAGTTCAGTGTAGG GTCTCCCTCACACTTACCGCAG	Ellegren et al. (1994)
S0225	8	82,8	GCTAATGCCAGAGAAATGCAGA CAGGTGGAAAGAATGGAATGAA	Robic et al. (1994).
S0178	8	127,7	TAGCCTGGGAACCTCCACACGCTG GGCACCAGGAATCTGCAATCCAGT	Ellegren et al. (1994)
SW911	9	36,8	CTCAGTTCTTTGGGACTGAACC CATCTGTGGAAAAAAAAAAGCC	Rohrer et al. (1994)

SW951	10	96,0	TTTCACAACCTCTGGCACCAG GATCGTGCCCAAATGGAC	Rohrer et al. (1994)
S0386	11	60,3	TCCTGGGTCTTATTTTCTA TTTTTATCTCCAACAGTAT	Riquet et al. (1995)
S0090	12	80,2	CCAAGACTGCCTTGTAGGTGAATA GCTATCAAGTATTGTACCATTAGG	Ellegren et al. (1993)
S0068	13	62,2	AGTGGTCTCTCTCCCTCTTGCT CCTTCAACCTTTGAGCAAGAAC	Fredholm et al. (1993)
S0215	13	121,2	TAGGCTCAGACCCTGCTGCAT TGGGAGGCTGAAGGATTGGGT	Robic et al. (1994)
SW857	14	7,4	TGAGAGGTCAGTTACAGAAGACC GATCCTCCTCCAAATCCCAT	Rohrer et al. (1994)
S0355	15	13,8	TCTGGCTCCTACACTCCTTCTTGATG TTGGGTGGGTGCTGAAAAATAGGA	Robic et al. (1994)
SW936	15	88,5	TGAAAATAGGATGAAGAAGGGG TTATGTGAGCACATGTGACACC	Rohrer et al. (1994)
S0026	16	46,9	AACCTTCCCTTCCCAATCAC CACAGACTGCTTTTTACTCC	Coppieters et al. (1993)
SW24	17	23,3	CTTTGGGTGGAGTGTGTGC ATCCAAATGCTGCAAGCG	Rohrer et al. (1994)

---

## 2.4 Darstellung der Genotypen

### Amplifikation der Mikrosatelliten

Die DNA-Sequenzen, die durch die spezifischen Primer der einzelnen Mikrosatelliten definiert waren, wurden durch PCR (Polymerase-Kettenreaktion) amplifiziert.

Hierzu wurden die DNA-Proben in Gruppen zu je 40 Tieren eingeteilt. Zu jeder PCR-Gruppe gehörten neben den zu untersuchenden Proben zusätzlich eine Referenz- und eine Leerprobe. Bei der Referenzprobe handelte es sich um die bereits analysierte DNA-Probe eines DE-Tieres, die sich somit in jeder PCR und damit auf jedem Elektrophorese-Gel befand, wodurch

eine bessere Vergleichbarkeit der verschiedenen Gele bei der Auswertung zu erreichen war. Die Leerprobe enthielt kein DNA-Material und diente der Kontrolle von Kontaminationen.

Der PCR-Ansatz (Gesamtvolumen von 12,5 µl) enthielt 50 – 100 ng genomische DNA, 0,16-0,8 µM je Primer, 200 µM je dNTP, 0,2 U Taq-Polymerase, 10 x Reaktionspuffer (inkl. 1,5 mM MgCl<sub>2</sub>) und ddH<sub>2</sub>O.

Die Marker konnten überwiegend zu Multiplex-Sets zusammengestellt werden (Tab. 4), wodurch eine Amplifizierung mehrerer Loci in einer PCR-Reaktion möglich ist.

### **Auftrennung der PCR-Produkte und Bestimmung der Allele**

Die Auftrennung der PCR-Produkte erfolgte mit automatischen Sequenziergeräten (LI-COR DNA Analyzer Gene Reader 4200) auf 6 %igen Polyacrylamid-Gelen. Hierzu wurden je 2 µl der PCR-Produkte mit 8 – 15 µl Sequenzer-Beladungspuffer versetzt und jeweils 1 µl des Gemisches in die Geltaschen gefüllt. Bei jeder Beladung der Gele mit den Proben wurden drei Taschen mit einem Längenstandard (75, 100, 105, 120, 145, 175, 200, 204, 230, 255, 300 und 325 bp; eigene Herstellung) und je eine Tasche mit der Referenz- und der Leerprobe versehen.

Die Auswertung der Elektrophorese-Gele erfolgte mit dem Software-Paket OneDscan, Version 1.3 (Scanalytics, Inc. Billerica, MA). Hierzu wurden die Gele zunächst über den Längenstandard kalibriert und den Banden der einzelnen Proben anschließend Allellängen zugeordnet.

**Tab. 3: Einzel-PCR**

Nr.	Mikrosatellit	Markierung	Länge (bp)	AT (°C)	Zykluszahl
1	S0386	800	156 – 174	53	40
2	S0101	700	197 – 216	59	35
3	S0115	700	192 – 230	59	35
4	S0090	700	244 – 251	TD 56 – 50	30
5	SW24	800	96 – 121	TD 60 – 53	30

**Tab. 4: Multiplex-PCR-Sets**

Set-Nr.	Mikrosatellit	Markierung	Länge (bp)	AT (°C)	Zyklenzahl
1	SW240	700	96 – 115	53	40
	S0005	700	205 – 248		
	SW122	800	110 – 122		
	SW911	800	153 – 177		
2	SW936	700	80 – 117	58	40
	CGA	700	250 – 320		
	S0215	800	135 – 169		
3	S0026	700	92 – 106	57	40
	S0226	700	181 – 205		
	S0355	700	243 – 277		
4	SW951	700	125 – 133	58	40
	S0225	700	170 – 196		
	S0068	800	211 – 260		
5	SW72	700	100 – 116	57	40
	S0002	700	190 – 216		
	S0178	800	110 – 124		
6	S0155	700	150 – 166	58	35
	S0227	700	231 – 256		
7	SW857	700	144 – 160	58	40
	IGF1	700	197 – 209		

## 2.5 Biometrische Auswertung der Daten

### Ermittlung von Allelfrequenzen und Polymorphism Information Content

Die Frequenz (p) des Allels i am Genort l lässt sich erfassen über die Anzahl des Allels (n<sub>i</sub>) im Verhältnis zur zweifachen Anzahl der Individuen (2\*N). Die Summe der Allelfrequenzen eines Genortes l mit k<sub>l</sub> als Anzahl der verschiedenen Allele dieses Locus ergibt den Wert 1.

$$p_{il} = \frac{n_i}{2N} \quad \text{wobei gilt, dass} \quad \sum_{i=1}^{k_l} p_{il} = 1$$

Der Polymorphism Information Content (Botstein et al. 1980) wurde als Maß für die Aussagekraft der einzelnen Marker zur Differenzierung zwischen den analysierten Individuen ermittelt. Die Berechnung erfolgt auf Basis der Allelzahlen und Allelfrequenzen der Loci:

$$PIC_l = 1 - \left[ \sum_{i=1}^{k_l} p_i^2 \right] - \sum_{i=1}^{k_l-1} \sum_{j=i+1}^{k_l} 2p_i^2 p_j^2$$

### Berechnung der Heterozygotiegrade, Test auf Hardy-Weinberg-Verteilung und Kopplungsungleichgewicht

Ein einfaches Maß der genetischen Variation in einer Population ist der Heterozygotiegrad. Die beobachtete Heterozygotie wird als prozentualer Anteil der Tiere mit heterozygotem Genotyp für die einzelnen Genorte erfasst und insgesamt für die Population der Durchschnittswert als arithmetisches Mittel der Einzelwerte über alle Genorte berechnet.

Der beobachtete Heterozygotiegrad H<sub>o</sub> setzt sich zusammen aus der Anzahl der heterozygoten Individuen am Genort l mit der Allelkombination A<sub>i</sub> A<sub>j</sub> mit i ≠ j im Verhältnis zur Gesamtzahl der Individuen (N) (nach Nei 1987):

$$H_{o_l} = \frac{1}{N} \left[ \sum_{i=1}^{k_l} \sum_{j=i+1}^{k_l} A_i A_j \right]$$

Zusätzlich ergibt sich für jeden Marker die erwartete Heterozygotie unter Annahme des Hardy-Weinberg-Gleichgewichtes aus den Allelfrequenzen (nach Nei 1987):

$$He_i = \frac{2N \left[ 1 - \sum_{i=1}^{k_i} p_i^2 \right]}{2N - 1}$$

Aus der beobachteten und erwarteten Heterozygotie lässt sich der Inzuchtkoeffizient (F-Wert) wie folgt berechnen:

$$F = \frac{Ho - He}{Ho}$$

Zur Überprüfung der Abweichung der Genotypen von der Hardy-Weinberg-Verteilung wurde für jeden Locus ein exakter Test auf Hardy-Weinberg-Gleichgewicht nach Fisher durchgeführt. Abhängigkeiten zwischen den Loci wurden durch einen Test auf Kopplungsungleichgewicht für jede Markerkombination ermittelt.

Die Berechnung der Heterozygotiegrade sowie der Test auf Hardy-Weinberg-Verteilung und Kopplungsungleichgewichte wurden mit dem Programm GDA Version 1.1 (Lewis und Zaykin 1999) durchgeführt.

### **Ermittlung der genetischen Distanzen**

Die Abschätzung der genetischen Distanzen zwischen den Individuen erfolgte mit der Methode des Allel-Sharings (Bowcock et al. 1994). Hierzu wurden die jeweils gemeinsamen Allele jeder Kombination zweier Individuen über alle Genorte ausgezählt und die genetische Distanz als relativer Wert der nicht gemeinsamen Allele, bezogen auf die Gesamtzahl der analysierten Allele der Individuen (zweifache Anzahl der Loci), berechnet:

$$GD_{AS} = 1 - (AS / 2 * 1)$$

Die genetischen Distanzen wurden mit der Software MICROSAT 1.5 (Minch 1997) bzw. The Excel Microsatellite Toolkit Version 3.1 (Park 2001) ermittelt.

### **Clusteranalysen und Erstellung von Dendrogrammen**

Die genetischen Distanzen zwischen den Einzeltieren wurden in Dendrogrammen dargestellt. Die Konstruktion der Dendrogramme erfolgte mit Hilfe der UPGMA-Cluster-Analyse (unweighted pair group method with arithmetic means, Michener et al. 1957) mit dem Softwarepaket PHYLIP (Felsenstein 2000).

### **Modell zur statistischen Auswertung**

Die Bedeutung der genetischen Distanz der Paarungspartner auf die Anzahl lebend geborener Ferkel als Merkmal der Reproduktionsleistung wurde varianzanalytisch analysiert.

Die Varianzanalyse wurde mit folgendem statistischen Modell mit der Prozedur GLM des Programmpaketes SAS Release 8.02 (SAS Institute 2001) durchgeführt:

$$y_{ijkl} = \mu + BT_i + SA_j + WK_k + BA_l + \beta (GD_{ijkl} - \overline{GD}) + \varepsilon_{ijkl}$$

$y_{ijkl}$  :  $ijkl$ -te Beobachtung

$\mu$  : geschätztes Mittel

$BT_i$  : fixer Effekt des  $i$ -ten Betriebes ( $i = 1,2$ )

$SA_j$  : fixer Effekt der  $j$ -ten Saison (3-Monatsklassen;  $j = 1, \dots, 9$ )

$WK_k$  : fixer Effekt der  $k$ -ten Wurfklasse (1. Wurf; 2. Wurf; >2. Wurf)

$BA_l$  : fixer Effekt der  $l$ -ten Belegart (künstliche Besamung, Natursprung)

$GD$  : Genetische Distanz

$\overline{GD}$  : mittlere Genetische Distanz

$\beta$  : Regressionskoeffizient

$\varepsilon_{ijkl}$  : Restfehler



### 3. Ergebnisse und Diskussion

#### 3.1 Genotypisierung

Insgesamt wurden 490 Zuchtschweine an 20 – 25 Mikrosatelliten genotypisiert. Es konnten 12026 Genotypen bestimmt werden, womit ein durchschnittlicher Wert von 24,5 analysierten Markern pro Tier erreicht wurde. Die Ausfallquote lag bei 1,8 %. PCR-Produkte die in der Elektrophorese keine oder unbefriedigende Ergebnisse erbrachten, wurden reamplifiziert oder neu hergestellt und aufgetrennt. Es wurde jedoch generell nur eine Wiederholung durchgeführt, wobei mindestens 20 der 25 Genotypen je Probe bestimmt wurden (Tab. 5). Bei 71 % der Proben fand eine vollständige Typisierung aller 25 Mikrosatelliten statt. An den drei Mikrosatelliten SW122, S0178 und S0215 konnten alle 490 Proben typisiert werden (Tab. 6). Die höchsten Ausfallquoten lagen bei den Markern SW911 und S0090 mit 7,6 bzw. 11,6 % vor. Trotz des Einsatzes eines Längenstandards und einer Referenzprobe auf den einzelnen Elektrophoresegelen erwies sich die Genotypisierung besonders bei extrem polymorphen Loci als schwierig. Da in diesem Fall Proben mit gleichen Allelen innerhalb der Gele häufig weit auseinander lagen, konnten leichte Ungleichmäßigkeiten im Verlauf der Elektrophorese (Smile-Effekt) ein Genotypisierungsergebnis verfälschen. Zur Kontrolle wurden einzelne Proben ein zweites Mal aufgetrennt und ausgewertet. Um solche Unsicherheiten bei der Analyse unverwandter Tiere zu vermindern erscheint der Einsatz eines internen Längenstandards sinnvoll, was jedoch in der eingesetzten Software nicht vorgesehen war.

**Tab. 5: Anzahl der analysierten Genotypen**

Anzahl der analysierten Marker	Anzahl der Tiere
25	349
24	90
23	31
22	11
21	6
20	3
< 20	0
Ø	24,5
	490

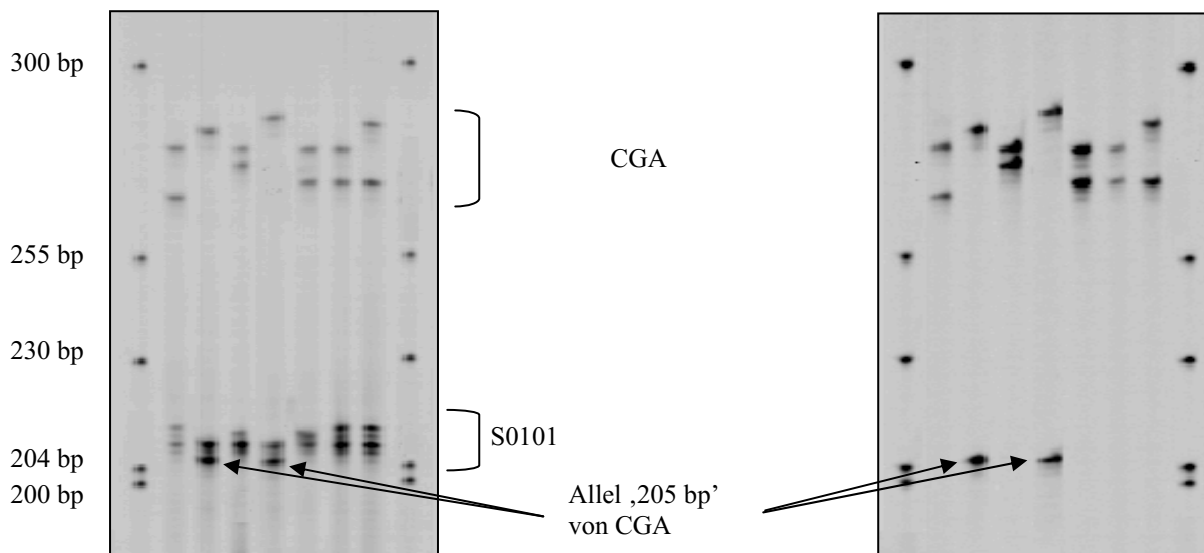
**Tab. 6: Typisierungsausfälle in Abhängigkeit vom Mikrosatellit**

Mikrosatellit	Anzahl der typisierten Tiere (Ausfälle %)	
CGA	488	(0,4)
S0155	475	(3,1)
SW240	488	(0,4)
S0226	474	(3,3)
SW72	489	(0,2)
S0002	475	(3,1)
S0227	486	(0,8)
S0005	483	(1,4)
IGF1	488	(0,4)
SW122	490	(0,0)
S0115	482	(1,6)
S0101	488	(0,4)
S0225	488	(0,4)
S0178	490	(0,0)
SW911	453	(7,6)
SW951	489	(0,2)
S0386	487	(0,6)
S0090	433	(11,6)
S0068	478	(2,4)
S0215	490	(0,0)
SW857	479	(2,2)
S0355	488	(0,4)
SW936	484	(1,2)
S0026	489	(0,2)
SW24	472	(3,7)
Ø	481,04	(1,8)

Bei der Zusammenstellung geeigneter Multiplex-PCR-Sets dienten Literaturangaben zur Einschätzung der Fragmentgrößen der PCR-Produkte. Starke Abweichungen zu den Literaturangaben kamen hier bei Mikrosatellit CGA vor. So wichen zwei Allele des Markers

mit einer Länge von 205 bzw. 225 bp extrem von den angegebenen Werten ab, da die Fragmente in anderen Untersuchungen mit mindestens 250 bp dokumentiert wurden.

Solche Abweichungen können bei der Zusammenstellung von Multiplex-Sets Probleme bereiten, wenn mit gleicher Farbmarkierung der Primer verschiedener Mikrosatelliten innerhalb einer PCR gearbeitet wird. Der bei den vorliegenden Mikrosatelliten in der Literatur (Milan und Groenen 1998) dokumentierte Mindestabstand zwischen Fragmentbereichen gleich markierter Marker von 30 bp erwies sich hier als zu gering. Zudem zeigte sich, dass die Kombination der Marker CGA und S0101, die in einem Multiplex-Set zur Untersuchung der genetischen Variation beim Schwein in verschiedenen Projekten eingesetzt wurde, in der vorliegenden Population ungeeignet war.



**Abb. 1: Multiplex- (mit S0101) und Einzel-PCR von 7 Proben am Marker CGA**

### **3.2 Allelzahlen, -frequenzen und Polymorphism Information Content**

Über alle Mikrosatelliten wurden insgesamt 184 verschiedene Allele gefunden. Das bedeutet, dass pro Genort im Mittel 7,36 Allele ermittelt wurden, mit einer Variation von 3 bis 21. Der Marker CGA wies die größte Anzahl von Allelen auf. Alle analysierten Loci waren polymorph und konnten zur Differenzierung der Tiere genutzt werden. Der geringste Polymorphiegrad wurde an den Loci S0227 und S0215 mit je drei verschiedenen Allelen gefunden.

Die Allelfrequenzen wurden durch Auszählen der Allelvarianten für die einzelnen Loci ermittelt und sind im Anhang (Tab. 13) aufgeführt. Die Frequenzen der häufigsten Allele betragen 93 bzw. 91 % bei den Markern S0215 und S0227 und deuten somit eine Tendenz zur Fixierung an.

Die Länge der gefundenen Allele lag zwischen 92 und 319 bp. Der Mikrosatellit CGA zeigte mit einer Variation von 114 bp eine auffällig hohe Spanne der Fragmentlängen. Dies lag an zwei Allelvarianten mit für diesen Marker sehr geringen Fragmentgrößen von 205 und 225 bp. Das nächst größere Allel wies eine Länge von 261 bp auf. Die Bereiche der Fragmentgrößen der einzelnen Mikrosatelliten stimmten, mit Ausnahme der beschriebenen Variationen am Marker CGA und vollständiger Abweichung bei IGF1, weitgehend mit Angaben aus der Literatur überein, wobei zu berücksichtigen ist, dass es sich bei den Daten, die als Vergleich herangezogen wurden, um Tiere anderer Rassen handelt, wodurch auch größere Abweichungen zu begründen sind.

**Tab. 7: Fragmentlängen und Allelzahlen im Vergleich zu Angaben des Roslin Institute (2002)**

Mikrosatellit	Fragmentlängen (bp)		Spanne der Allele (bp)		Allelzahl	
	Eigene	Roslin	Eigene	Roslin	Eigene	Roslin
CGA	<b>205</b> – 319	250 – 320	<b>114</b>	70	<b>21</b>	12
S0155	147 – 161	150 – 166	14	16	5	6
SW240	93 – 113	96 – 115	20	19	7	8
S0226	180 – 200	181 – 205	20	24	5	8
SW72	97 – 119	100 – 116	22	16	9	5
S0002	185 – 209	190 – 216	24	26	7	5
S0227	228 – 250	231 – 256	22	25	3	12
S0005	201 – 251	205 – 248	50	43	15	11
IGF1	<b>225</b> – <b>237</b>	197 – 209	12	12	7	7
SW122	108 – 122	110 – 122	14	12	6	10
S0115	191 – 231		40		10	
S0101	196 – 216	197 – 216	20	19	5	6
S0225	164 – 184	170 – 196	20	26	4	9
S0178	100 – 126	110 – 124	26	14	9	4
SW911	155 – 167	153 – 177	12	24	4	7
SW951	122 – 130	125 – 133	8	8	4	7
S0386	152 – 170	156 – 174	18	18	7	10
S0090	232 – 248	244 – 251	16	7	7	6
S0068	226 – 258	211 – 260	32	49	9	10
S0215	152 – 168	135 – 169	16	34	3	9
SW857	141 – 159	144 – 160	18	16	10	7
S0355	242 – 268	243 – 277	26	34	6	15
SW936	92 – 116	80 – 117	24	37	7	13
S0026	93 – 101	92 – 106	8	14	5	4
SW24	92 – 120	96 – 121	28	25	9	8
∅			24,96	24,24	7,36	8,28

Zur Überprüfung der Aussagekraft der Marker zur Differenzierung der Tiere wurden aus den Allelzahlen und –frequenzen die PIC-Werte (Polymorphism Information Content) berechnet. Trotz des Auftretens enger verwandtschaftlicher Beziehungen zwischen einzelnen Tieren waren die Loci weitgehend informativ. Hierbei bestätigte sich die Eignung des Marker-Sets zur Differenzierung der Population, da die Loci überwiegend einen hohen PIC-Wert aufwiesen. Die Werte variierten zwischen 0,12 und 0,87 mit einem Mittelwert von 0,57.

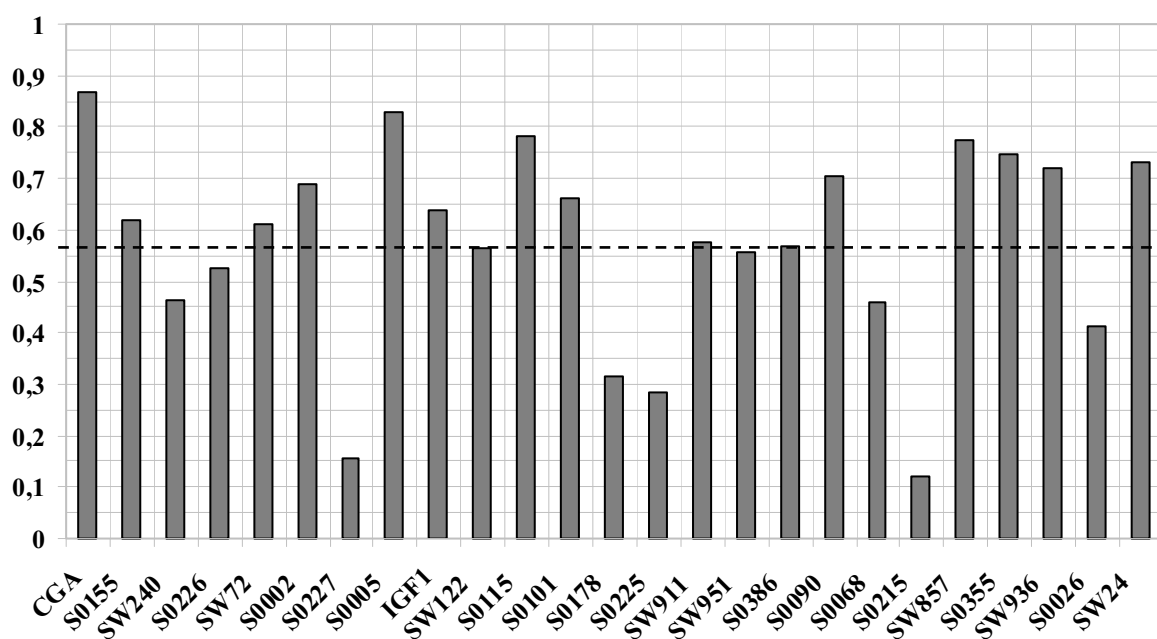


Abb. 2: Polymorphism Information Content der Mikrosatelliten

### 3.3 Heterozygotie, Hardy-Weinberg-Gleichgewicht und Kopplungsungleichgewicht

Die beobachtete Heterozygotie variierte an den einzelnen Loci zwischen 11 und 86 %. Der durchschnittliche Heterozygotiegrad betrug 60 %.

Zur Erfassung der genetischen Variation innerhalb von Populationen wird häufig die durchschnittliche Heterozygotie über die untersuchten Loci angegeben. Bei ausschließlicher Verwendung hochpolymorpher Marker wird die genetische Variabilität insgesamt jedoch oft überschätzt (Čepić et al. 1995). Ein Rückschluss aus dem Heterozygotiegrad der Marker auf den Anteil heterozygoter Genloci im Gesamtgenotyp eines Individuums erscheint

problematisch, da ein Auswahlkriterium der Marker zur Analyse im ausgeprägten Polymorphiegrad besteht, der nicht repräsentativ für alle Loci ist. Individuen, die an den analysierten Markern einen hohen Heterozygotiegrad aufweisen, können an anderen Loci eine geringe Variation zeigen. Zudem können rassespezifische Unterschiede im Polymorphie- und Heterozygotiegrad einzelner Marker bestehen, die nicht charakteristisch für die Variabilität der Rasse über alle Loci insgesamt sind. In einer Untersuchung von Rasad (2001) wurde eine Typisierung an 24 der in der vorliegenden Arbeit analysierten Marker in den Rassen „Deutsches Edelschwein“, „Deutsche Landrasse“ und „Piètrain“ durchgeführt und bei einigen Loci eine deutliche Rassespezifität vorgefunden mit einer Variationsbreite im durchschnittlichen Heterozygotiegrad der Rasse innerhalb eines Markers von 0,1 bis 1,0.

**Tab. 8: Erwarteter und beobachteter Heterozygotiegrad innerhalb der Loci**

Mikrosatellit	He	Ho
CGA	0,877	0,857
S0155	0,679	0,598
SW240	0,484	0,471
S0226	0,606	0,610
SW72	0,672	0,652
S0002	0,736	0,669
S0227	0,167	0,150
S0005	0,843	0,836
IGF1	0,678	0,625
SW122	0,620	0,598
S0115	0,806	0,817
S0101	0,712	0,684
S0225	0,320	0,324
S0178	0,351	0,384
SW911	0,646	0,649
SW951	0,628	0,620
S0386	0,636	0,487
S0090	0,747	0,741
S0068	0,495	0,502
S0215	0,125	0,114
SW857	0,803	0,812
S0355	0,784	0,797
SW936	0,758	0,725
S0026	0,471	0,450
SW24	0,764	0,737
∅	0,616	0,596

An jedem Markerloci wurde der Test auf Hardy-Weinberg-Gleichgewicht durchgeführt. Grundsätzlich können Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht auf verschiedenen Ursachen beruhen. Negative F-Werte werden durch überhöhte Heterozygotie



verursacht, die durch Selektion oder systematische Auszucht begründet sein kann. Auch positive F-Werte, d. h. verringerte Heterozygotiegrade können in Selektion begründet sein. Des Weiteren sind sie ein Hinweis für einen Inzuchteinfluss oder eine Subgruppierung der Population, bzw. können die Existenz von Null-Allelen andeuten (Weir 1996). Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht, bedingt durch Inzucht oder Auszucht, sollten an mehreren Loci in einheitlichem Ausmaß auftreten. Abweichungen aufgrund von Selektion kommen dagegen an einzelnen Markern vor. Bei der Darstellung der Genotypen traten keine Probleme auf, die auf eine Existenz von Null-Allelen schließen ließen.

Die erwartete Heterozygotie wich überwiegend unwesentlich von den beobachteten Werten ab, was sich in den geringen Abweichungen der F-Werte von null widerspiegelt. An 11 Loci konnten mit einem Signifikanzniveau von  $p \leq 0,05$  Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht festgestellt werden. An 10 Markern handelte es sich um positive F-Werte, die somit auf einen Inzuchteinfluss hinweisen können. Nur bei einem Marker liegt eine Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht mit einem negativen F-Wert vor.

Bei der Analyse des Kopplungsungleichgewichtes besagt die Null-Hypothese, dass die Genotypen des einen Markers unabhängig von denen des verglichenen Locus sind. Das bedeutet, dass bei Existenz eines Ungleichgewichtes und Ablehnung der Null-Hypothese eine Abhängigkeit zwischen den Loci besteht. Bei den Markern mit den geringsten Allelzahlen (S0227 und S0215 mit je drei verschiedenen Allelen) konnte kein hoch signifikantes Ungleichgewicht gefunden werden. Die Loci mit hohen Allelzahlen (CGA mit 21, S0005 mit 15 und S0115 mit 10 verschiedenen Allelen) weisen überwiegend besonders viele Kopplungsungleichgewichte auf (CGA: 15, S0005:13 und S0115: 16). Bei fünf der 24 Markerkombinationen, bei denen die verglichenen Loci auf denselben Chromosomen lagen, konnte ein hoch signifikantes Kopplungsungleichgewicht gefunden werden. In einer Untersuchung von Rasad (2001) wurde ein Test auf Kopplungsungleichgewichte innerhalb der Rasse DE (46 unverwandte Tiere) zwischen 18 der 25 in dieser Arbeit analysierten Marker durchgeführt. Im Vergleich zu einem Wert von 87 % in der Arbeit von Rasad bestand in der vorliegenden Arbeit nur bei 54 % der Markerkombinationen aus den 18 Loci ein Ungleichgewicht. Bei Rasad handelte es sich jedoch zu 90 % um schwache Signifikanzen ( $p \leq 0,05$ ). Vier hoch signifikante Abhängigkeiten (CGA/IGF1, CGA/SW24, SW72/SW911 und IGF1/SW857) konnten bestätigt werden.

**Tab. 9: Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht**

Mikrosatellit	He	Ho	F	Signifikanzen
CGA	0,877	0,857	0,023	***
S0155	0,679	0,598	0,119	***
SW240	0,484	0,471	0,027	—
S0226	0,606	0,610	- 0,007	—
SW72	0,672	0,652	0,029	—
S0002	0,736	0,669	0,090	***
S0227	0,167	0,150	0,101	—
S0005	0,843	0,836	0,007	—
IGF1	0,678	0,625	0,078	***
SW122	0,620	0,598	0,036	—
S0115	0,806	0,817	- 0,014	—
S0101	0,712	0,684	0,039	—
S0225	0,320	0,324	0,012	—
S0178	0,351	0,384	- 0,094	—
SW911	0,646	0,649	- 0,004	*
SW951	0,628	0,620	0,013	—
S0386	0,636	0,487	0,235	***
S0090	0,747	0,741	0,008	*
S0068	0,495	0,502	- 0,015	—
S0215	0,125	0,114	0,089	—
SW857	0,803	0,812	- 0,012	—
S0355	0,784	0,797	- 0,017	**
SW936	0,758	0,725	0,043	***
S0026	0,471	0,450	0,044	*
SW24	0,764	0,737	0,035	***
∅	0,616	0,596	0,032	

— : nicht signifikant ( $p > 0,05$ );

\* : schwach signifikant ( $p \leq 0,05$ );

\*\* : signifikant ( $p \leq 0,01$ );

\*\*\* : hoch signifikant ( $p \leq 0,001$ )

**Tab. 10: Kopplungsungleichgewichte der Markerkombinationen**

Marker	S0155	SW240	S0226	SW72	S0002	S0227	S0005	IGF1	SW122	S0115	S0101	S0225	S0178	SW911	SW951	S0386	S0090	S0068	S0215	SW857	S0355	SW936	S0026	SW24
CGA	***	**	.	.	.	*	**	***	.	*	***	**	**	.	*	**	.	.	.	.	***	**	***	***
S0155		*	.	***	*	*	.	*	*	***	.	.	.	**	.	.	.	.	.	.	*	***	*	***
SW240			***	.	.	.	.	.	.	**	**	.	*	.	***	*	.	.	*	*	.	.	**	***
S0226				*	.	.	*	.	.	.	.	.	.	.	.	*	.	**	*	.	.	.	.	*
SW72					***	.	**	.	*	*	*	.	**	***	**	*	.	.	**	**	.	.	.	*
S0002						.	.	.	.	**	.	.	*	.	.	.	.	.	.	.	*	.	.	*
S0227							.	.	.	.	.	.	.	.	**	.	.	.	*	.	.	.	.	.
S0005								***	.	*	*	.	*	**	**	.	.	.	***	*	.	***	.	**
IGF1									.	***	.	.	.	.	.	*	.	.	.	.	***	**	*	.
SW122										**	**	.	***	**	.	***	***	.	.	*	*	*	.	.
S0115											***	.	.	.	.	**	.	.	.	.	***	**	*	***
S0101												*	.	.	*	.	.	.	.	.	*	.	.	*
S0225													.	.	.	*	.	.	.	.	.	***	.	.
S0178													.	.	.	**	*	.	.	.	.	*	.	**
SW911														.	.	*	.	.	*	.	*	.	.	.
SW951																.	*	.	.	.	**	.	.	.
S0386																	.	.	**	.	.	*	*	*
S0090																	.	.	.	*	.	*	.	.
S0068																		.	.	.	*	.	.	*
S0215																		.	.	.	**	.	.	**
SW857																		.	.	.	**	.	***	.
S0355																			.	.	**	**	.	***
SW936																						**	*	.
S0026																								**

- : nicht signifikant ( $p > 0,05$ ); \* : schwach signifikant ( $p \leq 0,05$ ); \*\* : signifikant ( $p \leq 0,01$ ); \*\*\* : hoch signifikant ( $p \leq 0,001$ )

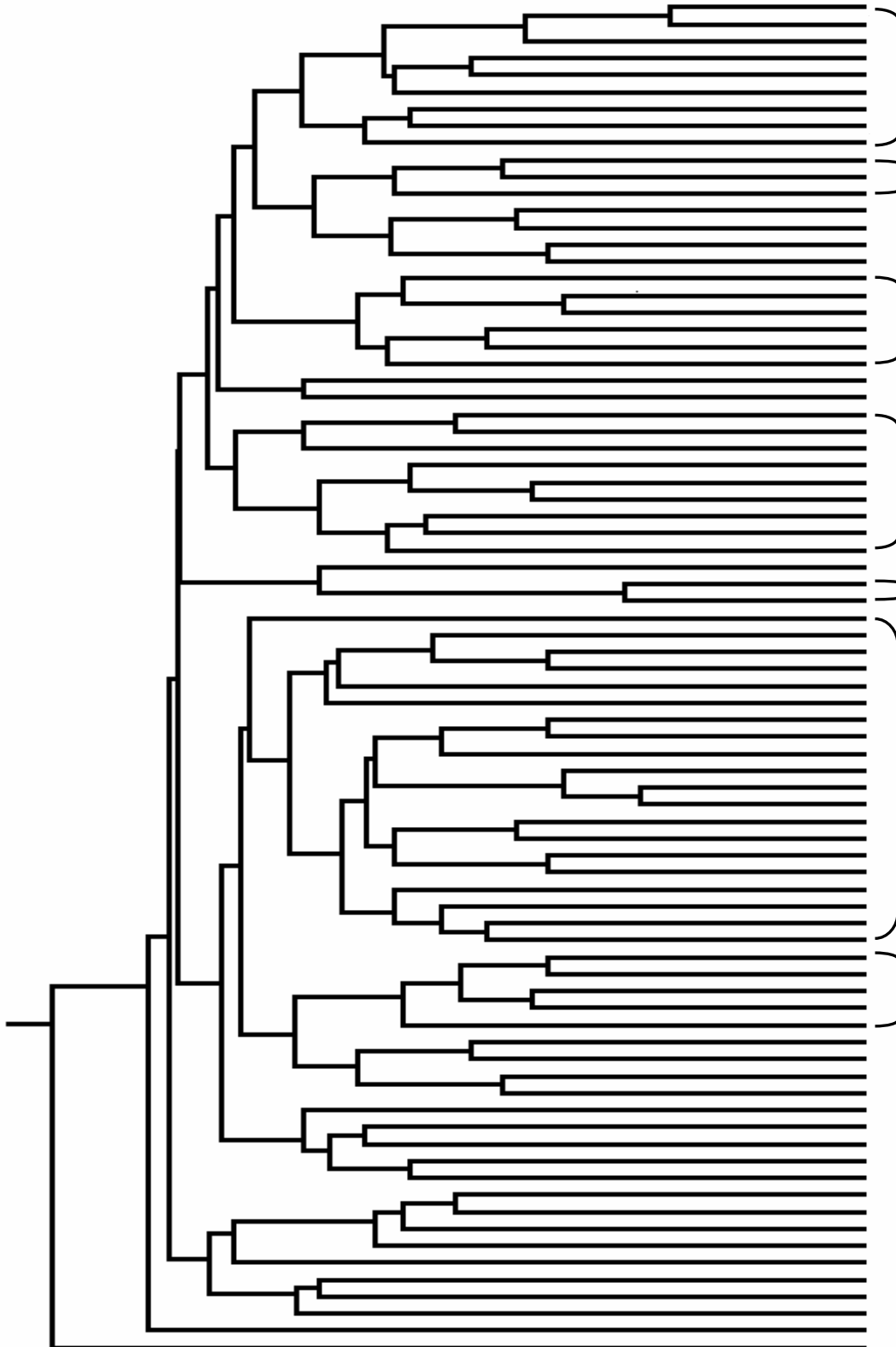
### **3.4 Analyse der genetischen Distanzen**

#### **Auswertung der genetischen Distanzen des Betriebs 1**

Die Analyse der Zuchttiere des Betriebs 1 diente der Einschätzung der Variabilität der DE-Population und der Überprüfung der Eignung der Marker zur Differenzierung zwischen Individuen. Der Betrieb wurde im weiteren Verlauf der Untersuchung nicht berücksichtigt, da die Aufzeichnungen der Reproduktionsleistungen unzureichend waren.

Die genetischen Distanzen zwischen 80 Zuchtsauen des Betriebs 1, von denen Abstammungsangaben zur Verfügung standen, wurden in einem Dendrogramm dargestellt. Beim Vergleich des Dendrogramms mit den Pedigree-Informationen waren deutliche Zusammenhänge zwischen genetischen Distanzen und nahen verwandtschaftlichen Beziehungen zu erkennen, so konnten väterliche Halbgeschwistergruppen in einigen Teilen in der Clustereinteilung wiedergefunden werden (Abb. 3). Stark abweichende Geschwister können durch die Existenz divergierender Allele an den Loci der Mutter auftreten.

Neben dem Einsatz in phylogenetischen Analysen mit entfernten gemeinsamen Ahnen erscheint durch die Mikrosatellitentypisierung somit zum Teil auch eine Zuordnung von eng verwandten Tieren möglich. Im Vergleich zum Ausschlussprinzip der Abstammungskontrolle können Individuen andererseits weitgehend nach ihren nahen familiären Strukturen gruppiert werden. Dies ist besonders dadurch hervorzuheben, dass es sich bei den analysierten Tieren um die Zuchtpopulation eines Betriebes handelt, wobei die Remontierung durch eigene Nachzucht erfolgt und somit insgesamt von starken Verwandtschaftsstrukturen innerhalb dieser Tiergruppe auszugehen ist.



**Abb. 3: Kombination eines Dendrogramms mit den Pedigree-Informationen von 80 Tieren eines Zuchtbetriebes: Clustereinteilung väterlicher Halbgeschwister**  
(V X: Halbgeschwistercluster, \* nicht der Halbgeschwistergruppe zugehörige Tiere)

## Auswertung der genetischen Distanzen der Betriebe 2, 3 und 4

Die Distanzwerte zwischen den Zuchttieren lagen insgesamt im Bereich von 0,104 und 0,792. Die durchschnittliche genetische Distanz zwischen den Sauen innerhalb der Betriebe betrug 0,495, die zwischen Sauen und Ebern 0,515. Eine Übersicht über die Größenverhältnisse der Distanzen in Abhängigkeit von Verwandtschaftsbeziehungen oder Rassezugehörigkeiten ist in Tabelle 11 aufgeführt.

**Tab. 11: Genetische Distanzwerte in Abhängigkeit von Verwandtschaft und Rasse**

Genetische Distanzen	Anzahl (n)	Mittelwert	Variation
Sau – DE-Eber	15860	0,515	0,217 – 0,761
Sau – DL-Eber	561	0,651	0,438 – 0,841
Sauen innerhalb von Betrieben	16160	0,495	0,104 – 0,792
Vollgeschwister	112	0,294	0,104 – 0,478
Sau – angegebener Vater	159	0,348	0,217 – 0,600

Die Häufigkeitsverteilungen der genetischen Distanzen in Abhängigkeit von Verwandtschaftsverhältnissen oder Rassezugehörigkeiten sind in den Abbildungen 4 bis 6 dargestellt. Die Graphiken zeigen das Ausmaß des Auftretens der einzelnen Distanzwerte zwischen den analysierten Tieren, die in speziellen Beziehungsverhältnissen zueinander stehen.

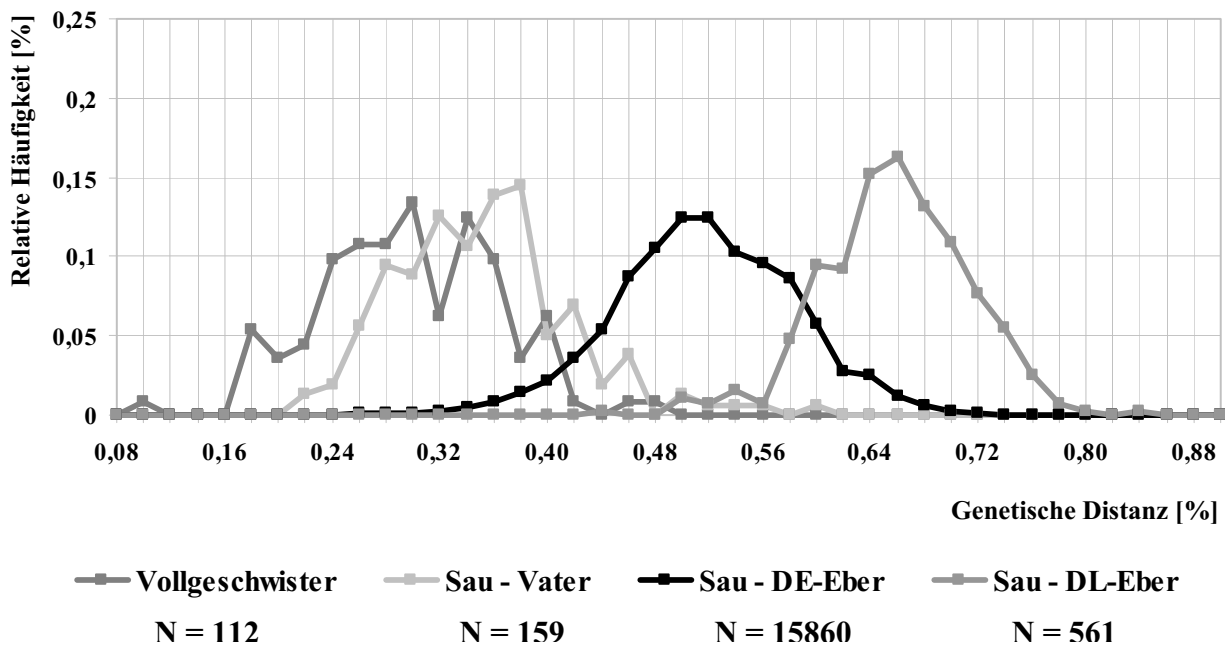
Die erste Kurve stellt die Häufigkeiten der genetischen Distanzwerte zwischen Vollgeschwisterpaaren innerhalb der Zuchtsauen der einzelnen Betriebe dar. Es traten extrem niedrige Distanzwerte unter 0,2 auf, was bedeutet, dass die Allele der Marker beim Vergleich einzelner Vollgeschwisterpaare zu über 80 % übereinstimmten. Die genetische Distanz zwischen den 112 analysierten Vollgeschwisterpaaren betrug im Durchschnitt 0,294 und variierte von 0,104 bis 0,478.

Bei 159 der analysierten Sauen wurden durch die vorgenommene Typisierung der Zuchteber die Genotypen der angegebenen Väter erfasst. Die Distanzen zwischen den Vater-Tochter-Verhältnissen lagen im Mittel bei 0,348. Vier der Distanzen wiesen Werte auf, die höher als 0,5 (0,520 – 0,600) waren, womit eine Vaterschaft unwahrscheinlich ist, da, abgesehen von

Mutationen oder Analysefehlern, eine Übereinstimmung der Genotypen zwischen Elternteil und Nachkomme zu mindestens 50 % vorliegen müsste.

In Abb. 4 ist zudem die Häufigkeitsverteilung der genetischen Distanzen zwischen den Zuchtsauen und allen DE-Ebern dargestellt. Die Kurve beinhaltet alle möglichen Kombinationen von Sauen und Ebern, unabhängig von Verwandtschaften, so z. B. auch die gesamten Vater-Tochterverhältnisse.

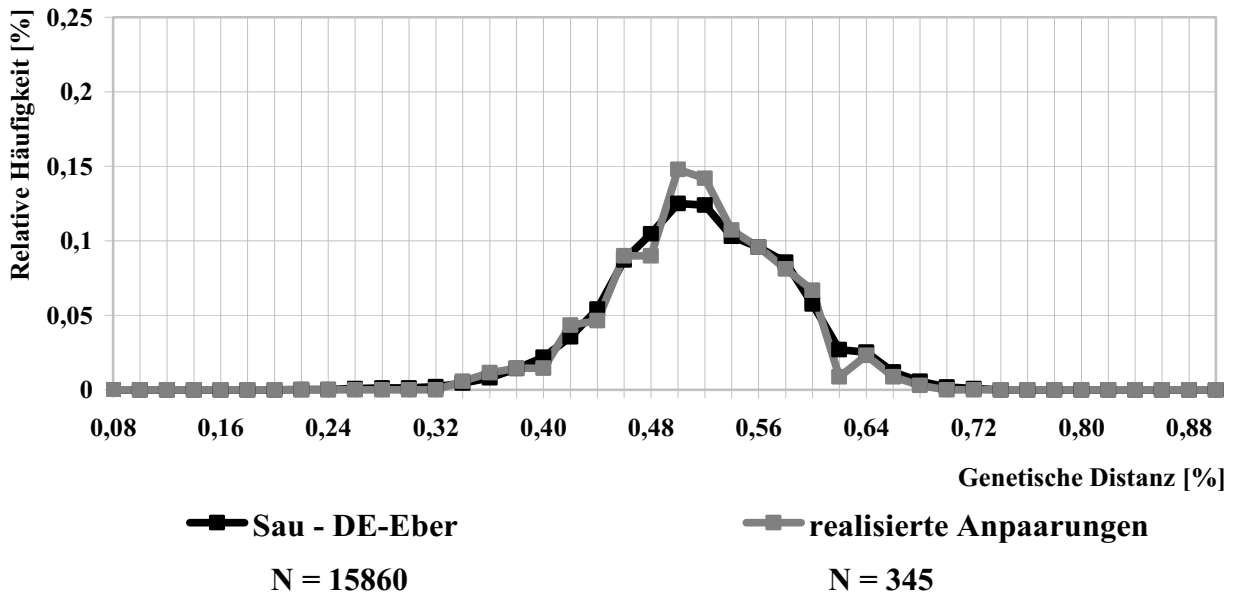
Im Gegensatz zu den ersten drei Kurven, die Distanzmaße innerhalb der Rasse DE widerspiegeln, stellt die vierte Kurve in Abbildung 4 die Verteilung der genetischen Distanzen zwischen Tieren verschiedener Rassen dar. Hier wurden die genetischen Abstände zwischen den analysierten DE-Sauen und DL-Ebern aufgetragen.



**Abb. 4: Häufigkeitsverteilung der genetischen Distanzwerte in Abhängigkeit von Pedigree- oder Rasseinformationen der Tiere (N = Anzahl der Tierkombinationen)**

Auch in Abb. 5 ist die Häufigkeitsverteilung der genetischen Distanzen zwischen den Zuchtsauen und allen DE-Ebern dargestellt. Im Vergleich dazu zeigt die Grafik die Verteilung der Distanzen der 345 analysierten Anpaarungen. Auffällig ist, dass die Kurven annähernd deckungsgleich sind, d. h. die gesamte Spanne der genetischen Distanzwerte zwischen Sau

und Eber, so auch sehr geringe Maße, wie zwischen eng verwandten Tieren, wird in Anpaarungen umgesetzt. Im Hinblick auf die genetischen Distanzen zwischen den Paarungspartnern besteht somit in der vorliegenden Zuchtpopulation vermutlich Zufallspaarung.



**Abb. 5: Häufigkeitsverteilung der genetischen Distanzwerte der möglichen und realisierten Anpaarungen**  
(N = Anzahl der Tierkombinationen)

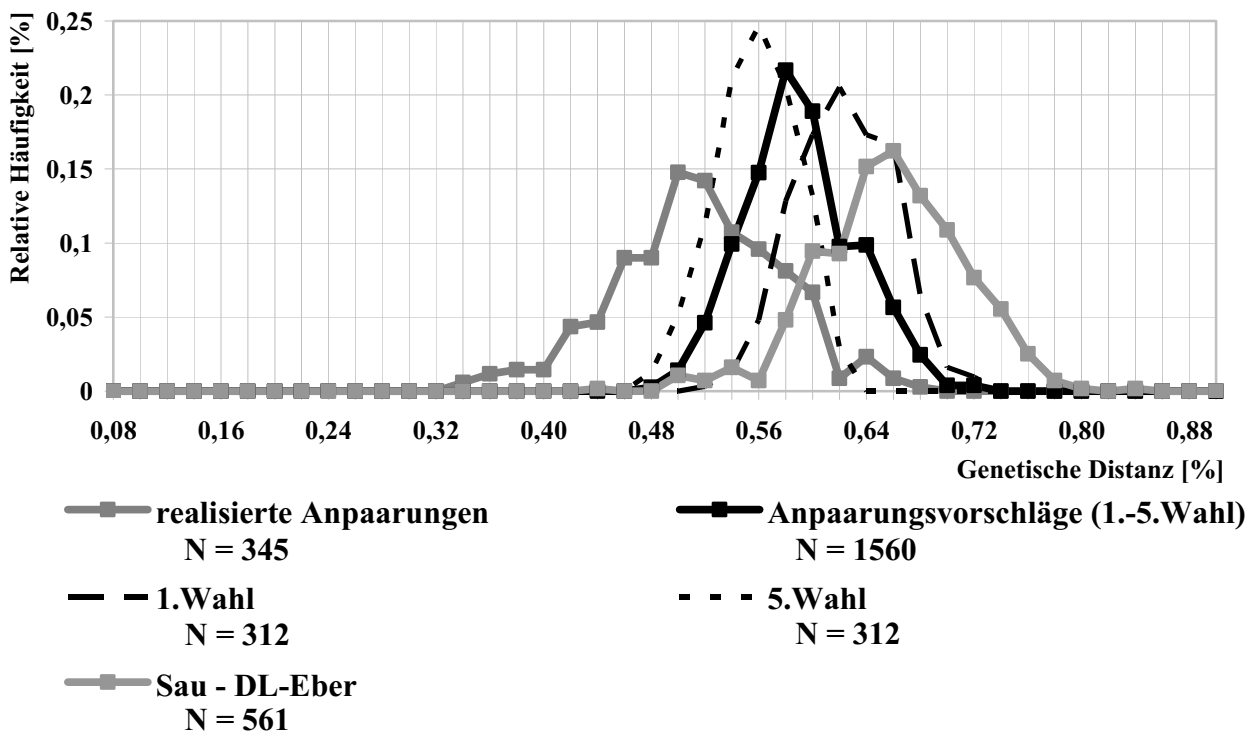
Aus einer Auswahl von 17 analysierten und zu dem Zeitpunkt noch zur Verfügung stehenden Besamungsebern wurden gemäß der weitesten genetischen Distanz geeignete Paarungspartner ausgewählt. Hierzu wurde zwischen allen 312 Sauen und 17 Ebern die genetische Distanz ermittelt und die Eber wurden für jede einzelne Sau nach dem Distanzmaß rangiert. Die fünf entferntesten Vatertiere wurden für die jeweilige Sau zur Anpaarung vorgeschlagen. Durch die Auswahl von fünf Ebern je Sau sollte die Möglichkeit gegeben werden, die Paarungspartner nach weiteren Kriterien zu selektieren und nicht ausschließlich nach dem Distanzmaß anzupaaren.

Insgesamt wurden so für die 312 analysierten Sauen 1560 Anpaarungen dokumentiert, wobei alle 17 Eber mit verschiedenen Häufigkeiten in den Anpaarungsvorschlägen vertreten waren. Die genetischen Distanzen variierten hierbei zwischen 0,48 – 0,72. Die Kurve ist in Abb. 6



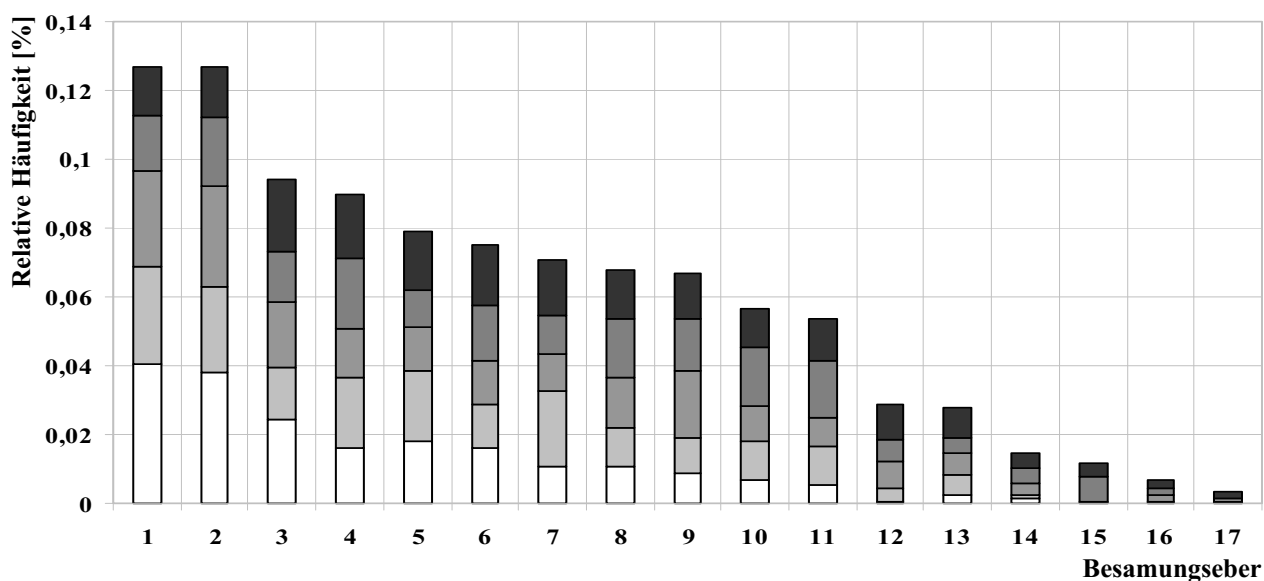
dargestellt und zeigt die Möglichkeit der maximalen Ausnutzung der durch die Marker erfassten genetischen Variation innerhalb der Population mit dem vorliegenden Zuchtmaterial. Die Kurve zeigt deutlich, in welchem Ausmaß eine Steigerung der genetischen Variabilität zwischen den Paarungspartnern im Mittel möglich ist. Des Weiteren sind in der Graphik die Häufigkeitsverteilungen bei ausschließlicher Berücksichtigung der 1. (größtes Distanzmaß je Sau) bzw. 5. Wahl (fünft-größtes Distanzmaß je Sau) der Anpaarungsvorschläge dargestellt.

Da, wie oben beschrieben, im Bereich niedriger Distanzmaße ein Zusammenhang zu engen Verwandtschaftsverhältnissen beobachtet werden konnte, stellt sich beim Vergleich der potentiellen und realisierten Anpaarungen sowie dem Ausmaß der nutzbaren genetischen Variabilität insgesamt die Frage, ob den Abstammungsdaten als Auswahlkriterium für Paarungspartner und der Vermeidung von Inzuchtpaarungen in der praktischen Zuchtarbeit bisher ausreichend Bedeutung beigemessen wird.



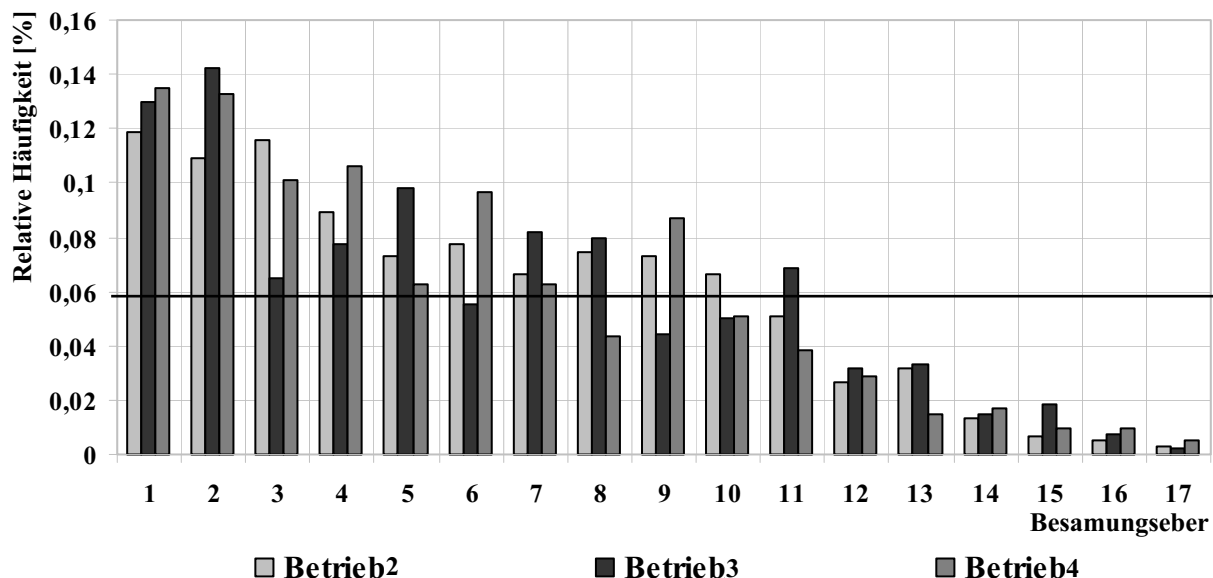
**Abb. 6: Häufigkeitsverteilung der genetischen Distanzwerte der realisierten und empfohlenen Anpaarungen**

Zwei der Eber zeigten zu je 198 Sauen eine ausreichend große Distanz um unter die Auswahl der fünf entferntesten Paarungspartner zu fallen (Abb. 7). Das bedeutet jedoch, dass sich 25 % der Anpaarungsvorschläge auf zwei Eber beschränken, was aus Sicht der Erhaltung genetischer Variabilität bedenklich erscheint. Das Problem besteht hier in der geringen Gesamtzahl an potentiellen Paarungspartnern, die zur Verfügung standen. Betrachtet man diese Tiergruppe der 17 Eber und 312 Sauen als geschlossene Population, so lässt sich die Inzuchtsteigerung je Generation bei Zufallspaarung über die effektive Populationsgröße schätzen:  $\Delta F = 1 / 2 * N_e$ , mit  $N_e = (4 N_m * N_w) / (N_m + N_w)$  (nach Wright 1931) [ $\Delta F$ : Inzuchtrate,  $N_e$ : effektive Populationsgröße,  $N_m$ : Anzahl männlicher Tiere,  $N_w$ : Anzahl weiblicher Tiere]. Die aus der effektiven Populationsgröße geschätzte Inzuchtsteigerung je Generation beträgt hier 0,8 %. Zur Vermeidung von Inzuchtschäden werden Grenzwerte um 0,1 % erachtet (Glodek 1992). Die tatsächliche Inzuchtentwicklung wird in dem vorliegenden Fall jedoch durch die markergestützte Anpaarung reduziert. Bei Einsatz einer geringen Anzahl von Ebern ist die Anpaarung nach genetischen Distanzen mit einem Rotationspaarungssystem vergleichbar. In der vorliegenden Untersuchung wäre zu erwarten, dass in der nächsten Generation aufgrund geringer Distanzen zur Sauenremonte die Eber der Ränge 1 und 2, bzw. direkte Nachkommen dieser Tiere, kaum, dagegen Nachkommen aus der Anpaarung mit Ebern der hinteren Ränge verstärkt einzusetzen sind.



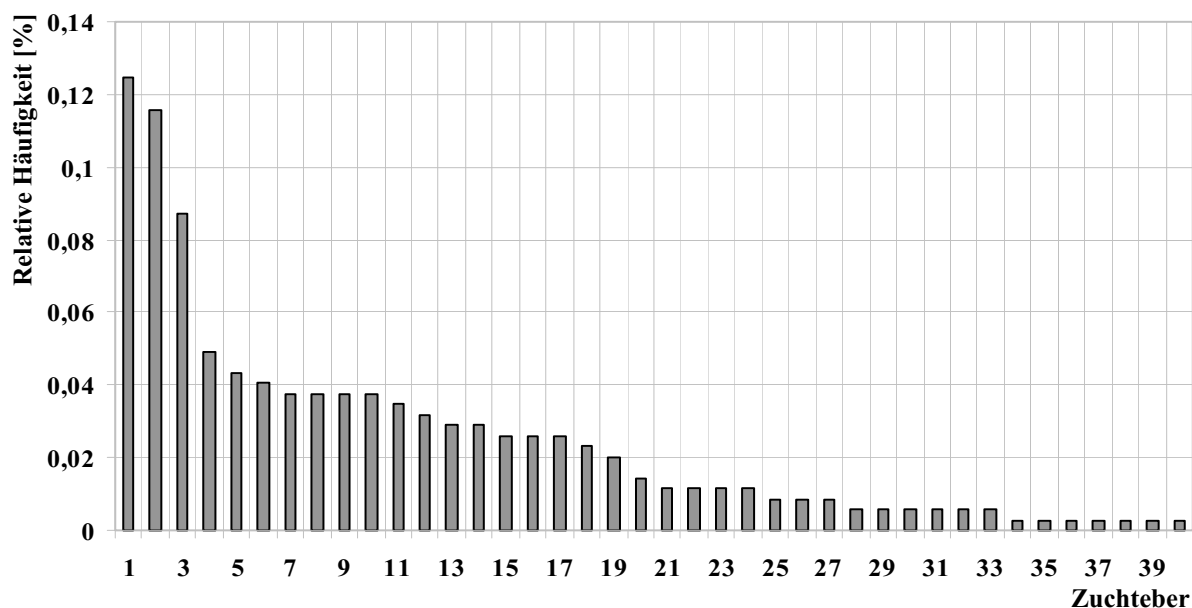
**Abb. 7: Relative Anzahl der Anpaarungsvorschläge je Besamungseber bei Auswahl der fünf weitesten Distanzen je Sau (1.Wahl weiß bis 5.Wahl schwarz)**

Innerhalb der Betriebe variiert die Reihenfolge der Eber bei der Rangierung nach Anzahl der Anpaarungsvorschläge (Abb. 8). Die Gerade des Mittelwertes bei 0,059 symbolisiert die Häufigkeit bei gleichmäßigem Einsatz aller 17 Eber. Bei Betrieb 2 sind 10 der 17 Eber überdurchschnittlich in den Anpaarungsvorschlägen vertreten, bei den Betrieben 3 und 4 sind es dagegen nur 8 Eber. Sechs der Eber sind in den Empfehlungen bei allen drei Betrieben nur in sehr geringem Umfang vorhanden.



**Abb. 8: Relative Anzahl der Anpaarungsvorschläge je Besamungseber bei Auswahl der fünf entferntesten Eber je Sau in Abhängigkeit vom Zuchtbetrieb**

Im Vergleich zu den Diagrammen der Anpaarungsvorschläge sind in Abbildung 9 die Einsatzhäufigkeiten der einzelnen Eber in den 345 realisierten Würfen dargestellt. Es wurden insgesamt 40 Eber eingesetzt, wobei sich hier ca. ein Drittel der Anpaarungen auf drei Eber beschränken. Bei zweien dieser Tiere handelte es sich um betriebseigene Eber, der dritte jedoch gehörte einer Besamungsstation an.



**Abb. 9: Relative Anzahl der Anpaarungen je Zuchteber in den 345 analysierten Würfen**

Abbildung 10 stellt einen Vergleich der relativen Häufigkeiten des Einsatzes der einzelnen Eber in den analysierten und empfohlenen Anpaarungen sowie die daraus resultierende Differenz dar.

Elf der 17 Eber aus den Anpaarungsvorschlägen waren bereits in den analysierten Anpaarungen als Väter vertreten. Es konnte daher für diese Eber ein Vergleich zwischen der empfohlenen und realisierten Einsatzhäufigkeit innerhalb der Sauenpopulation durchgeführt werden. In die Anpaarungsvorschläge flossen hierbei nur die 191 Sauen ein, die Mütter der 345 analysierten Würfe waren. Gingen von einem Muttertier aus den analysierten Anpaarungen mehrere Würfe in die Auswertung ein, so wurden die angepaarten Eber nur anteilmäßig nach Anzahl der ausgewerteten Würfe der Sau einbezogen, um jede Sau auch innerhalb der analysierten Anpaarungen gleichwertig zu betrachten und eine Vergleichbarkeit zu den Anpaarungsvorschlägen zu ermöglichen.

Es sind deutliche Differenzen in der Einsatzhäufigkeit einzelner Eber in tatsächlichen und empfohlenen Anpaarungen erkennbar. So wird die Anpaarung der 191 Sauen an den Eber mit der Nummer 1 der Anpaarungsvorschläge mit einer relativen Häufigkeit von 0,5 % empfohlen, tatsächlich jedoch hat er einen Anteil von 12 % an den analysierten Würfen. Hierbei ist zu berücksichtigen, dass die Anpaarungsvorschläge ausschließlich vom

Distanzmaß zwischen den potentiellen Paarungspartnern abgeleitet wurden, die Entscheidungen der realisierten Anpaarungen dagegen durch andere Kriterien, wie zum Beispiel Leistungsdaten der Eber, getroffen wurden. Die Anpaarungsvorschläge geben somit nicht automatisch die ökonomisch sinnvollste Variante wieder, sondern beschränken sich als Entscheidungskriterium nur auf das Bestreben der Maximierung der genetischen Variation mit dem Ziel der Steigerung der Reproduktionsleistung.

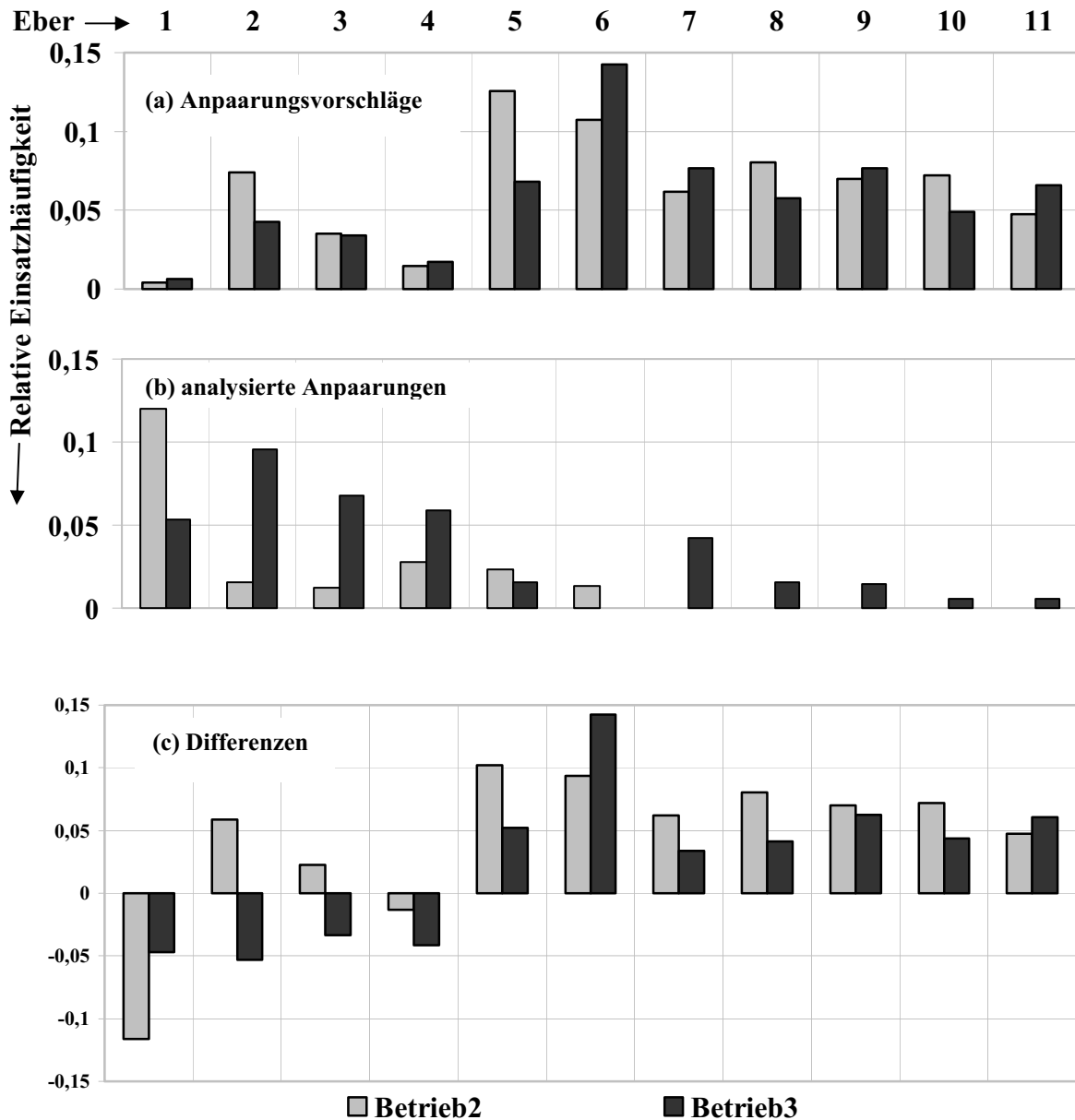
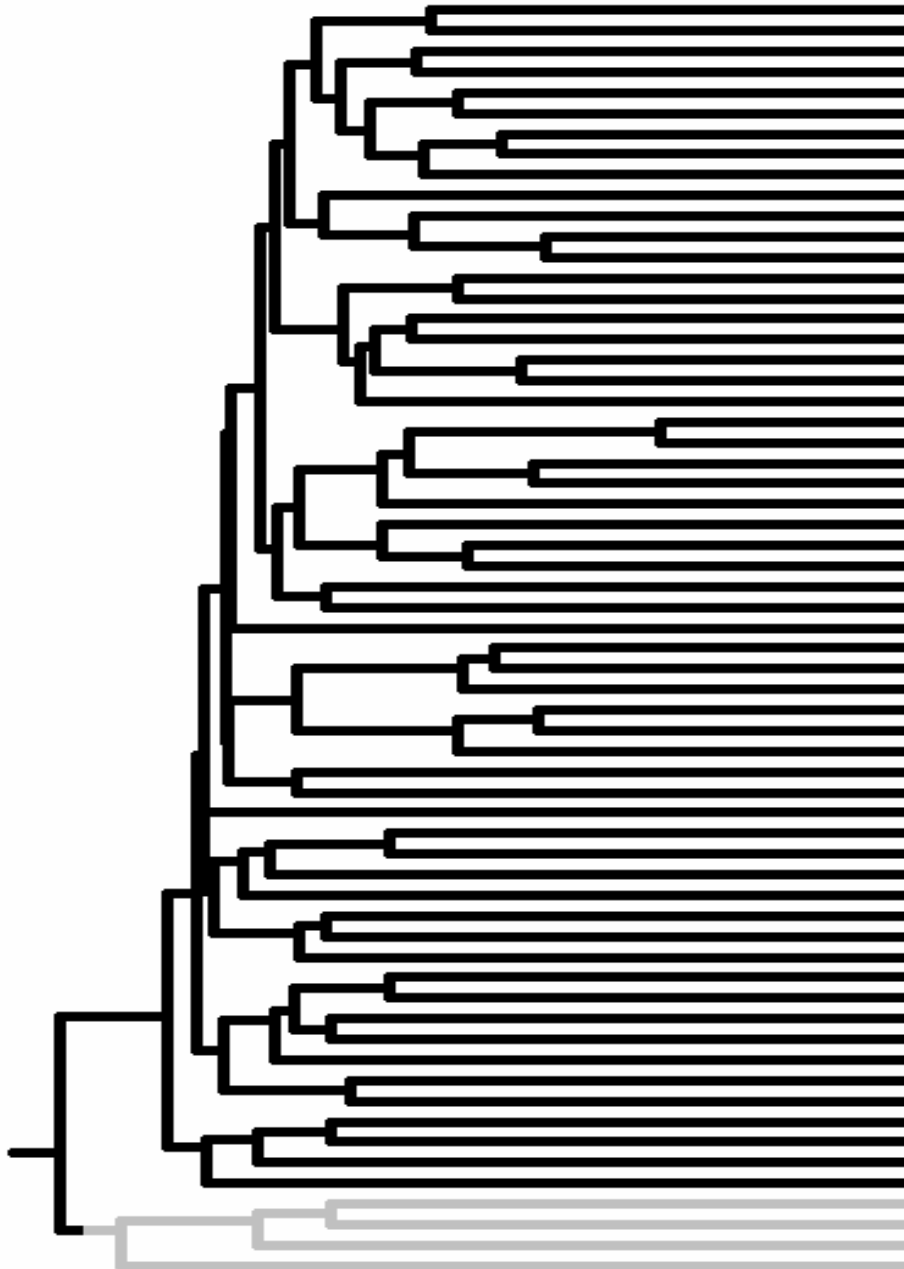


Abb. 10: Vergleich der relativen Anzahl der Anpaarungsvorschläge (a) und der realisierten Anpaarungen (b) je Besamungseber für 191 Sauen. Differenzen zwischen Anpaarungsvorschlägen und realisierten Anpaarungen (c).

Die genetischen Distanzen zwischen den Zuchtebern wurden in einem Dendrogramm dargestellt (Abb. 11). In die Untersuchung wurden zusätzlich vier Eber der Deutschen Landrasse miteinbezogen und in die Clusteranalyse integriert. Eine Abgrenzung dieser Proben in ein eigenständiges Cluster ist in der Darstellung offensichtlich.

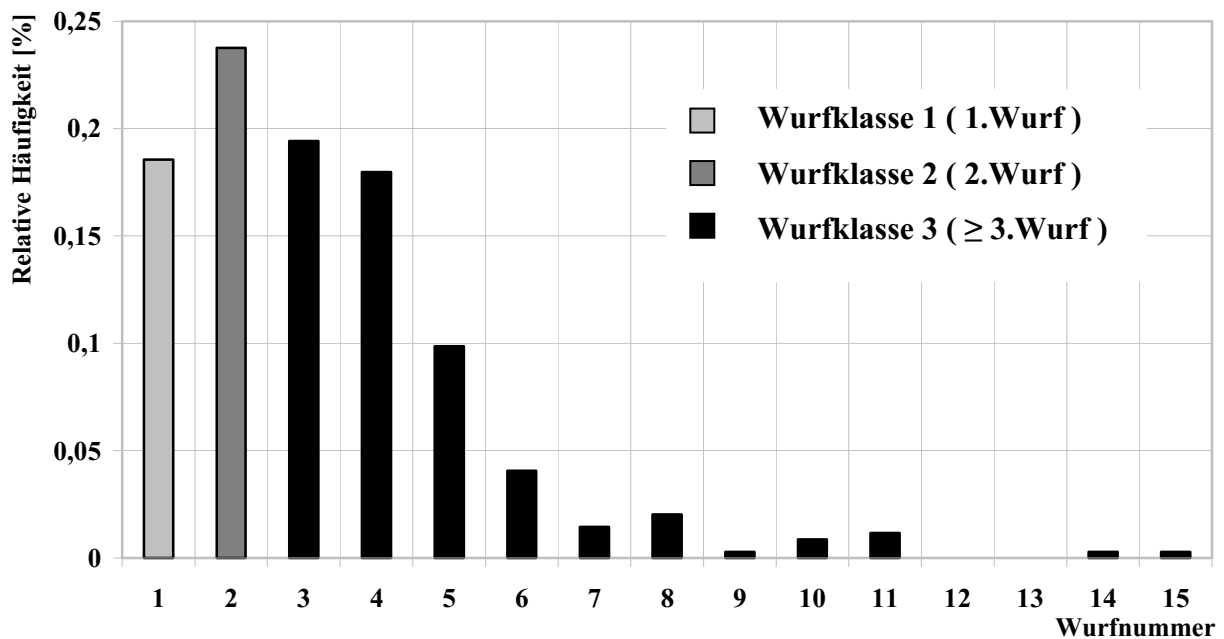


**Abb. 11: Dendrogramm der Zuchteber (Tiere der Rasse DL grau)**

### 3.5 Vergleich der genetischen Distanzwerte mit Reproduktionsleistungen

In die Gegenüberstellung der genetischen und phänotypischen Daten konnten nur Aufzeichnungen der Betriebe 2 und 3 einbezogen werden, da bei den übrigen Betrieben das Datenmaterial unzureichend war. Insgesamt flossen 345 Würfe von 191 Sauen und 40 Ebern in die Analyse ein.

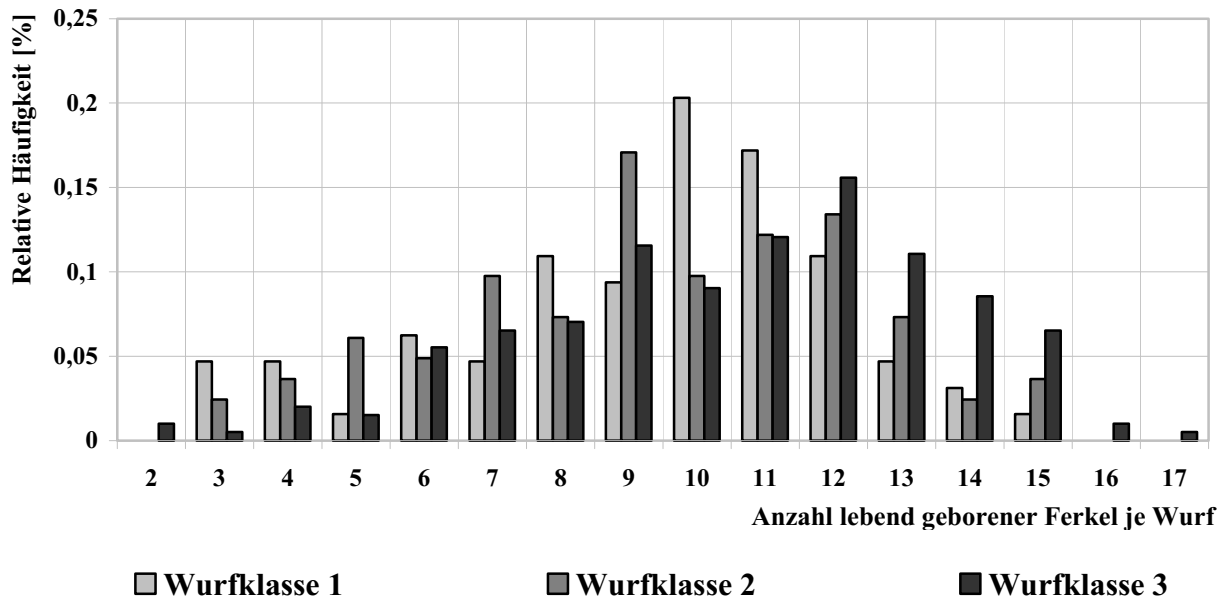
Zur Auswertung wurden die phänotypischen Leistungsdaten zunächst strukturiert und Klassen definiert. Die 15 vorliegenden Wurfnummern wurden in drei Wurfklassen eingeteilt, wobei die Wurfnummern 1 und 2 den gleichnamigen Klassen entsprechen, ab der dritten Wurfnummer jedoch keine weitere Einteilung erfolgte, und alle übrigen Würfe der Wurfklasse 3 zugeordnet wurden. Die Verteilung der Würfe in Wurfklassen ist in Abbildung 12 dargestellt.



**Abb. 12: Relative Häufigkeit der Würfe innerhalb Wurfnummern und Einteilung in Wurfklassen**

Die Anzahl lebend geborener Ferkel je Wurf variierte von 2 bis 17. Die Verteilung der Wurfgrößen in Abhängigkeit von der Wurfklasse zeigt Abbildung 13. Die Mittelwerte in der Anzahl lebend geborener Ferkel der einzelnen Wurfklassen betragen 9,34, 9,39 und 10,54. Auffällig ist, dass sich die Mittelwerte der ersten und zweiten Wurfklasse kaum

unterschieden, obwohl eine Steigerung zu erwarten wäre. Da es sich in dieser Untersuchung bei den drei verschiedenen Wurffklassen jedoch nicht um Würfe derselben Sauen handelte, konnten Abweichungen in der Wurfgröße durch Differenzen im Tiermaterial auftreten.



**Abb. 13: Häufigkeitsverteilung der Anzahl lebend geborener Ferkel in Abhängigkeit von der Wurffklasse**

Die genetischen Distanzwerte der 345 analysierten Anpaarungen wurden den aus der Anpaarung resultierenden Wurfgrößen gegenübergestellt. Es wurde ein statistisches Modell erstellt um den Einfluss der genetischen Distanz auf die Wurfgröße einzuschätzen.

Hierbei zeigten die fixen Effekte „Betrieb“, „Saison“ und „Wurffklasse“ einen signifikanten Einfluss auf die Anzahl lebend geborener Ferkel. Lediglich bei der Belegart war kein Zusammenhang zu erkennen. Die genetische Distanz, die als Kovariable im Modell getestet wurde, zeigte bei einem Signifikanzniveau von 5 % einen Einfluss auf die Anzahl lebend geborener Ferkel.



**Tab. 12: Ergebnisse der Varianzanalyse**

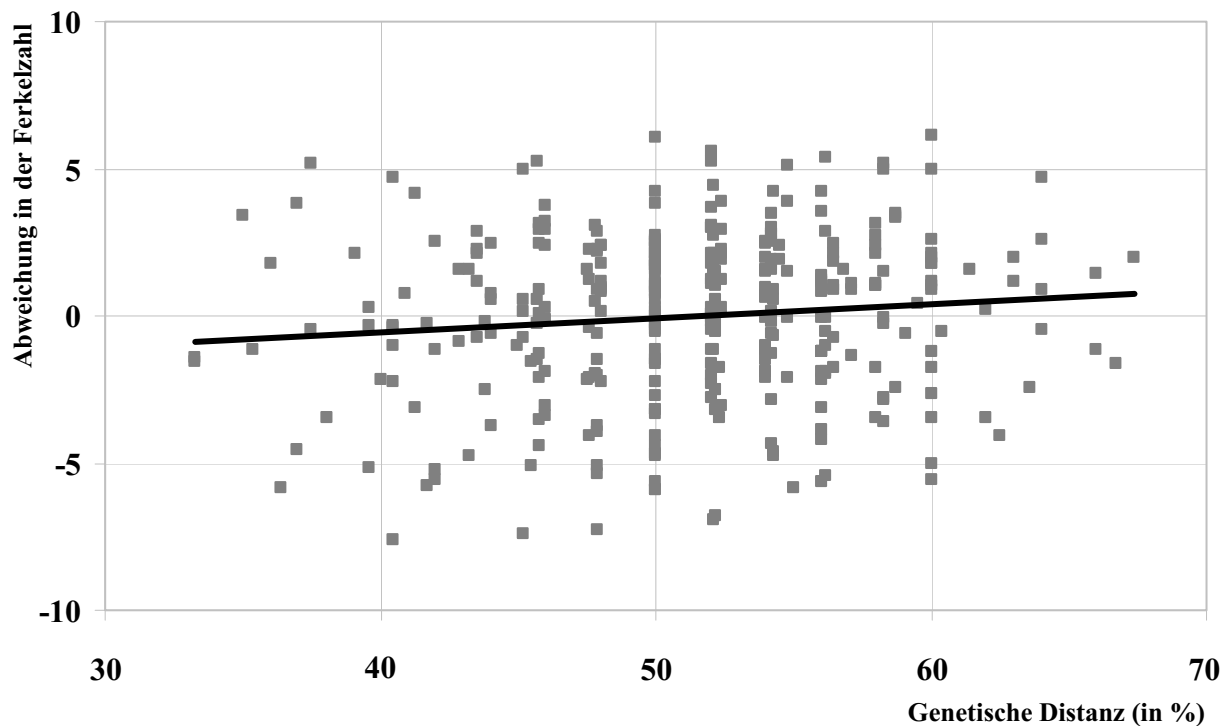
<b>Effekt</b>	<b>Irrtumswahrscheinlichkeit (p)</b>	<b>LS Means</b>
Betrieb	< 0,0001	9,2 – 10,7
Saison	0,0044	8,1 – 11,4
Wurfklasse	0,0148	9,6 – 10,6
Belegart	0,3159	
Genetische Distanz	0,0402	

Der Einfluss der Kovariablen (genetische Distanz) auf die Wurfgröße kann durch eine Regressionsgerade wiedergegeben werden:

$$r = - 2,5 + 0,05 * \text{genetische Distanz} \quad \text{mit } r = \text{Anzahl lebend geborener Ferkel}$$

Die Gleichung besagt, dass im Mittel bei einer Steigerung der genetischen Distanz um 1 % ein Anstieg in der Ferkelzahl um 0,05 Tiere pro Wurf zu erwarten ist. Da in den 345 Anpaarungen insgesamt eine Spannweite in der genetischen Distanz von ca. 30 % vorliegt, wird in der Ferkelzahl zwischen dem niedrigsten und höchsten Distanzmaß eine Differenz von 1,5 Tieren je Wurf geschätzt.

Das arithmetische Mittel der Distanzwerte der Anpaarungsvorschläge beträgt 59,1 %, im Vergleich dazu ergibt der Wert der realisierten Anpaarungen 51,5 %. Dies würde bei Durchführung der Anpaarungsempfehlungen einer zu erwartenden Steigerung in der Ferkelzahl von 0,45 Tieren je Wurf entsprechen.



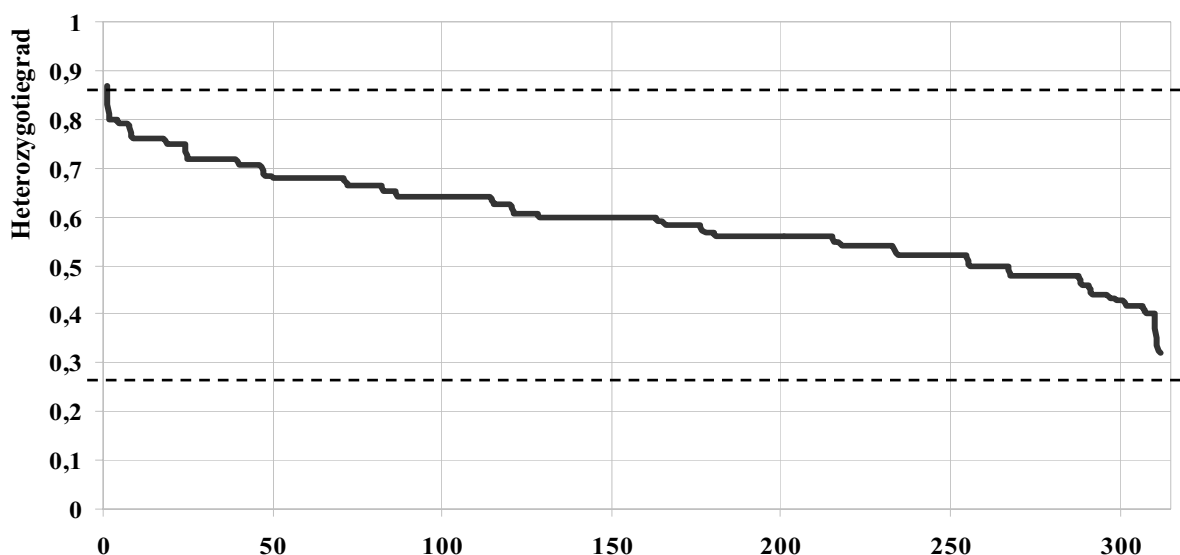
**Abb. 14: Abweichung der Anzahl lebend geborener Ferkel in Abhängigkeit von der genetischen Distanz zwischen den Elterntieren**

Die Ergebnisse der Untersuchung im Bezug auf die Steigerung der Fitness durch markergestützte Anpaarung sind vergleichbar mit Resultaten aus anderen Analysen. In einer Untersuchung von Atzmon et al. (2002) wurden Mikrosatelliten als Marker zur Selektion von Hähnen in der Produktion von Legehennen eingesetzt. Hier konnte mit dem Einsatz der markergestützten Selektion gemäß der weitesten genetischen Distanz zwischen Paarungspartnern bzw. Hahn und Hennenlinie ein positiver Einfluss auf die Legeleistung der Nachkommen ermittelt werden. So konnte beim Einsatz der 25 % genetisch entferntesten Hähne eine Steigerung der Legeleistung der Kreuzungstöchter um 3 % erreicht werden.

In einer Untersuchung von Heath et al. (2002) wurden Heterozygotiegrade und allelische Distanzen ( $\log(d^2 + 1)$ ) mit Mikrosatellitenmarkern bei Zuchtlachsen ermittelt und Reproduktionsmerkmalen gegenübergestellt. In einer Regressionsanalyse konnten Einflüsse der allelischen Distanz auf den gonadosomatischen Index der männlichen Tiere (Testikelgewicht / Lebendmasse) und des Heterozygotiegrades der weiblichen Tiere auf ihre relative Fruchtbarkeit (Zahl der Eier / Lebendmasse) gefunden werden.

In einer Untersuchung von Čepica et al. (1995) wurde der Einfluss der genetischen Distanz zwischen elterlichen Schweinezuchtlinien auf den Heterozygotiegrad der Kreuzungsnachkommen analysiert. Hier konnten hohe Korrelationen zwischen den beiden Parametern gefunden werden. Zudem wurde gefolgert, dass molekulare Marker zu Voraussagen des Ausmaßes von Heterosiseffekten und Strategien zur Reduzierung von Inzucht in kleinen Populationen genutzt werden können.

Es konnten in mehreren Untersuchungen Zusammenhänge zwischen dem aus Markern berechneten individuellen Heterozygotiegrad und Fitnessmerkmalen gefunden werden (Schleger 1976, Stur 1986, Valenta 1986). In der vorliegenden Untersuchung variierte der individuelle Heterozygotiegrad der Sauen an den Markern zwischen 0,32 und 0,87.



**Abb. 15: Individuelle Heterozygotie (rangiert) von 312 Zuchtsauen** Zuchtsauen

Trotz dieser großen Variation konnte kein Zusammenhang zwischen dem aus den Markern ermittelten Heterozygotiegrad der Mutter, als Maß der maternalen Heterosis, und der Wurfgröße beobachtet werden. Ähnliche Ergebnisse wurden aus anderen Untersuchungen berichtet. Stur (1986) analysierte den Zusammenhang zwischen dem aus Markern errechneten Heterozygotiegrad der Sau und Fruchtbarkeitsmerkmalen in der Reinzucht der Deutschen Landrasse. Hierzu wurde eine Einteilung der Heterozygotiewerte in drei Klassen (< 40 %, 40-50 % und > 50 %) vorgenommen. Auch in dieser Analyse konnte kein signifikanter Einfluss des maternalen Heterozygotiegrades auf die Anzahl lebend geborener Ferkel gefunden werden.

#### 4. Zusammenfassung

Das Ziel dieser Arbeit war die Erfassung der genetischen Distanzen von Anpaarungen in der DE-Basispopulation und der Gegenüberstellung der Werte mit den Reproduktionsdaten. Es sollte untersucht werden, ob Reproduktionsleistungen durch Ausnutzung der größtmöglichen Variabilität innerhalb der Population zu steigern sind.

Das Tiermaterial wurde von vier Basiszuchtbetrieben des Schweinezüchterverbandes Nord-West e.V. und zwei Besamungsstationen (GFS Ascheberg, Schweinebesamungsstation Weser-Ems e.V.) zur Verfügung gestellt. Des weiteren standen Reproduktionsdaten für die Reinzuchtwürfe aus dem Zeitraum 1/1997 – 2/2002 zur Verfügung. Als DNA-Quelle dienten Ohrkerben oder Spermaproben, aus denen die DNA-Isolierung durch Verdau des Gewebes und Phenol-Chloroform-Extraktion erfolgte.

Für die Analyse wurden 25 Mikrosatellitenmarker verwendet, die im Rahmen eines EU-Projektes zur Evaluierung europäischer Schweinerassen empfohlen wurden. Die Allele der Mikrosatelliten wurden durch PCR amplifiziert und mit automatischen Sequenziergeräten (DNA-Analyzer, GENE READIR 4200, LI-COR) aufgetrennt. Die Auswertung der Elektrophoresegele erfolgte mit der Software OneDscan 1.3 (Scanalytics).

Um die Eignung der Marker zur Untersuchung der Basispopulation zu erfassen, wurden Allelzahlen, -frequenzen und der Polymorphism Information Content ermittelt. Die genetische Variabilität innerhalb der Population wurde über den Heterozygotiegrad mit dem Programm GDA 3.1 (Lewis und Zaykin 1997) abgeschätzt. Die genetischen Distanzen zwischen den Tieren wurden mit dem Programm MICROSAT 1.5 (Minch 1997) bzw. The Microsatellite Excel Tools (Park 2001) berechnet.

Die Ergebnisse der Arbeit lassen sich wie folgt zusammenfassen:

- Von den 490 Proben konnten insgesamt 12026 Genotypen bestimmt werden. Das entspricht im Mittel 24,5 analysierten Markern pro Tier, wobei ein Minimum von 20 Markern bei jedem Individuum erreicht wurde.
- In der Population wurden über alle 25 Marker insgesamt 184 verschiedene Allele gefunden. Die Anzahl pro Loci variierte von 3 bis 21, mit einem Mittelwert von 7,32. Die PIC-Werte der Loci streuten zwischen 0,12 und 0,87.

- Die beobachtete Heterozygotie für die Population betrug an den Markern insgesamt 60 %. An den einzelnen Mikrosatelliten kamen Variationen zwischen 11 und 86 % vor.
- Der Heterozygotiegrad der Sauen variierte zwischen 0,32 und 0,87 und zeigte keinen Zusammenhang zur Größe ihrer Würfe.
- Im aus den genetischen Distanzen nach der UPGMA-Methode erstellten Dendrogramm konnten väterliche Halbgeschwistergruppen in einigen Teilen in der Clustereinteilung wiedergefunden werden.
- Die Variation der genetischen Distanzen zwischen möglichen Paarungspartnern war mit einer Spanne von 22 bis 76 % ausreichend hoch um Selektionen zu ermöglichen.
- Die analysierten Anpaarungen umfassten in der genetischen Distanz die gesamte Spanne der möglichen Werte zwischen Sau und Eber und die Häufigkeitsverteilungen der Distanzwerte der möglichen und realisierten Anpaarungen waren annähernd deckungsgleich.
- Für 312 analysierte Sauen konnten aus einer Auswahl von 17 zur Besamung zur Verfügung stehenden Ebern Anpaarungsvorschläge gemäß der weitesten genetischen Distanz erstellt werden, wobei die fünf größten Distanzwerte je Sau insgesamt eine Spanne von 48 – 72 % aufwiesen. Insgesamt waren alle 17 Eber in diesen fünf Anpaarungsvorschlägen je Sau mit unterschiedlichen Häufigkeiten (0,3 – 12,7 %) vertreten.
- Die genetische Distanz zeigte im analysierten Datenmaterial mit einem Signifikanzniveau von 5 % einen Einfluss auf die Anzahl lebend geborener Ferkel. Bei Steigerung der genetischen Distanz um 1 % konnte im Mittel ein Anstieg in der Ferkelzahl um 0,05 Tiere pro Wurf beobachtet werden.

## **5. Schlussfolgerungen für die Umsetzung der Ergebnisse in die Praxis**

Inzucht führt bei landwirtschaftlichen Nutztierpopulationen zu einer reduzierten genetisch nutzbaren Merkmalsvariation. Mit steigender Inzucht sind negative Auswirkungen auf die Merkmalskomplexe Reproduktion und Vitalität zu erwarten. Es steigt die Gefahr des Verlustes von erwünschten Allelen, wodurch das Potential für langfristige Selektionserfolge und die Anpassungsfähigkeit an sich ändernde Umwelten (neue Erkrankungen, antigener

Drift von Krankheitserregern) und Zuchtziele reduziert wird. Gleichzeitig können sich rezessive negative Allele akkumulieren, wodurch die Inzidenz von Erbfehlern steigen kann. Inzucht ist insbesondere in der Schweinezucht ein ernst zu nehmendes Problem, da in zunehmendem Maße intensive Selektionsmaßnahmen in hierarchisch strukturierten kleinen Basiszuchtpopulationen durchgeführt werden.

Um den Selektionserfolg in heutigen Schweinezuchtprogrammen langfristig zu sichern, muss der Inzuchtzuwachs innerhalb der Basiszuchtstufe kontrolliert werden. Obwohl eine Inzuchtentwicklung innerhalb geschlossener Populationen nicht zu verhindern ist, kann sie durch gezielte Anpaarungen auf ein Minimum reduziert werden.

Durch den Einsatz molekularer Marker zur Auswahl der Anpaarungen können die Tiere unmittelbar auf Basis ihres Erbgutes eingesetzt werden. In der praktischen Zuchtarbeit bestand bisher lediglich die Möglichkeit Pedigree-Informationen zu nutzen, um Verwandtschaftsgrade zwischen Paarungspartnern möglichst gering zu halten. Durch den Vergleich der genetischen Distanzmaße mit den Pedigree-Informationen in dieser Untersuchung stellt sich die Frage, inwieweit Anpaarungspläne zur Maximierung der genetischen Variabilität unter Verwendung molekularer Marker innerhalb kleiner geschlossener Populationen abweichen von solchen, die durch den Ausschluss nah verwandter Tiere nach Abstammungsdaten verfasst wurden und ob die Vermeidung enger Verwandtschaftspaarungen dem Einsatz von genetischen Markern zur Ausnutzung der genetischen Diversität von potentiellen Paarungspartnern gleichzusetzen ist.

Beim Einsatz von Abstammungsinformationen besteht das Problem, dass nur je die Hälfte des Erbmaterials der Elternteile an ihre Nachkommen weitergegeben wird und sich somit auch eng verwandte Tiere genetisch stark unterscheiden können. Bei Anpaarungsvorschlägen nach Pedigree-Informationen kann die genetische Ähnlichkeit somit nur als Mittelwert über den Verwandtschaftsgrad abgeschätzt werden, die Realität jedoch durchaus davon abweichen. Bei dem Einsatz der aus Markern geschätzten genetischen Distanz zwischen Tieren als Kriterium der Anpaarung stellt sich die Frage, inwieweit die ausgewählten Loci das gesamte Genom des Tieres repräsentieren bzw., ob zwei sich in diesen Genorten maximal unterscheidende Paarungspartner tatsächlich die über das gesamte Genom variabelsten Nachkommen zeugen. Um diese Unsicherheit möglichst gering zu halten ist die Qualität und Quantität der Marker von entscheidender Bedeutung.

Der Vorteil der genetischen Analyse wäre in jedem Fall der Verzicht auf die Abhängigkeit von Abstammungsinformationen und kann somit in jeder Tiergruppe auch ohne Pedigree-Daten zur Inzuchtkontrolle genutzt werden. Bei einer größeren Auswahl potentieller Paarungspartner oder entfernteren Herkünften erscheint der Einsatz der Distanzmaße als ein Selektionskriterium der Anpaarung sinnvoll, da der Rahmen der Pedigree-Informationen zur vergleichenden Einschätzung der Tiere hierbei in der Regel überschritten wird und unverwandte bzw. entfernter verwandte Tiere nicht als genetisch gleich verschieden einzustufen sind. In der Schweinebasiszucht könnten genetische Distanzmaße beispielsweise zur Auswahl von Importebern eingesetzt werden, um genetisch möglichst divergente Tiere in die Population einzuführen.

Die Nutzung von Heterosiseffekten innerhalb von Populationen gilt als schwierig, da in der Reinzucht im allgemeinen additive genetische Effekte genutzt werden, wobei die in Frage kommenden Merkmale (Fruchtbarkeit und Vitalität) wegen ihrer geringen Heritabilität nicht wesentlich verbessert werden können. Durch den Einsatz der markerunterstützten Anpaarung wird eine nachhaltige züchterische Verbesserung der Vitalität (Effekte: Senkung der Tierverluste und des Veterinäraufwandes) erwartet. Für die Praxis ist dieses Forschungsprojekt bedeutend, da im Zuge der geänderten Verbraucherwünsche nach Produkten aus artgerechten Produktionssystemen der Zucht vitaler Tiere, die aufgrund ihrer genetischen Variabilität ein hohes Adaptationsvermögen besitzen, eine hohe Bedeutung zukommt. Medikamenteneinsatz und Ferkelverluste können verringert werden. Damit wird die Produktqualität weiter verbessert und gleichzeitig die Wirtschaftlichkeit der Ferkelerzeugung gefördert. Nicht zuletzt stellt die Zucht vitaler Tiere einen aktiven Beitrag zum Tierschutz dar.

## 6. Literaturverzeichnis

Atzmon, G., Cassuto, D., Lavi, U., Cahaner, A., Zeitlin, G., Hillel, J. (2002): DNA markers and crossbreeding scheme as means to select sires for heterosis in egg production of chickens. *Anim. Genet.* 33, 132-139

Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M., Davis, R.W. (1980): Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 32, 314-331

Bowcock, A.M., Ruiz-Linares, A., Tomfohrde, J., Minch, E., Kidd, J.R., Cavalli-Sforza, L.L. (1994): High resolution of human evolutionar trees with polymorphic microsatellites. *Nature* 368, 455-457

Čepica, S., Wolf, J., Hojný, J., Vacková, I., Schröffel Jr, J. (1995): Relations between genetic distance of parental pig breeds and heterozygosity of their F<sub>1</sub> crosses measured by genetic markers. *Anim. Genet.* 26, 135-140

Coppieters, W., Van de Weghe, A., Peelman, L., Depicker, A., Van Zeveren, A., Bouquet, T. (1993): Characterization of porcine polymorphic microsatellite loci. *Anim. Genet.* 24, 163-170

Ellegren, H., Johansson, M., Chowdhary, B.P., Marklund, S., Ruyter, D., Marklund, L., Bräuner-Nielsen, P., Edfors-Lilja, I., Gustavsson, I., Juneja, R.K., Andersson, L. (1993): Assignment of 20 microsatellite markers to the porcine linkage map. *Genomics* 16, 431-439

Ellegren, H., Chowdhary, B.P., Johansson, M., Marklund, L., Fredholm, M., Gustavsson, I., Andersson, L. (1994): A primary linkage map of the porcine genome reveals a low rate of genetic recombination. *Genetics* 137, 1089-1100

Ellegren, H., Chowdhary, B.P., Fredholm, M., Høyheim, B., Johansson, M., Bräuner-Nielsen, P., Thomsen, P.D., Andersson, L. (1994): A physically anchored linkage map of pig chromosome 1 uncovers sex- and position-specific recombination rates. *Genomics* 24, 342-350

Ellegren, H. (1995): Mutation rates at porcine microsatellite loci. *Mamm. Gen.* 6, 376-377

Falconer, D.S. (1984): Einführung in die quantitative Genetik. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart

Felsenstein, J. (2000): PHYLIP – Phylogeny Inference Package (Version 3.6), Department of Genetics, Washington University, Seattle

Fewson, D. (1979): Merkmalsantagonismen in der Schweinezucht aus Sicht des Genetikers. *Züchtungskunde* 51 (6), 442-452



Fredholm, M., Winterø, A.K., Christensen, K., Kristensen, B., Bräuner-Nielsen, P., Davies, W., Archibald, A. (1993): Characterization of 24 porcine (dA-dC)<sub>n</sub>-(dT-dG)<sub>n</sub> microsatellites: Genotyping of unrelated animals from four breeds and linkage studies. *Mamm. Genome* 4, 187-192

Glodek, P. (1992): Schweinezucht. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart

Goldstein, D.B., Ruiz-Linares, A., Cavalli-Sforza, L.L., Feldman, M.W. (1995): An evaluation of genetic distances for use with microsatellite loci. *Genetics* 139, 463-471

Heath, D.D., Bryden C.A., Shrimpton J.M., Iwama G.K., Kelly J., Heath J.W. (2002): Relationships between heterozygosity, allelic distance ( $d^2$ ), and reproductive traits in chinook salmon, *Oncorhynchus tshawytscha*. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 59, 77-84

Krieter, J. (1992): Zuchtplanung beim Schwein. Habilitationsschrift, Universität Kiel

Lewis, P.O., Zaykin, D. (1999): GDA Version 1.1. Statistical Genetics Summer Institute, North Carolina State University

Litt, M., Luty, J.A. (1989): A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *Am. J. Hum. Genet.* 44, 397-401

Mayrhofer, G., Stur, I. (1986): Über den Heterozygotiegrad beim Schwein. *Wien. tierärztl. Mschr.* 73(1), 25-28

Michener, C.D., Sokal, R.R. (1957): A quantitative approach to a problem in classification. *Evolution* 11, 130-162

Milan, D., Groenen, M. (1998): Panel of markers for diversity studies. <http://www.toulouse.inra.fr/lgc/pig/panel.htm>

Minch, E. (1997): MICROSAT (Version 1.5). <http://hpgl.stanford.edu/projects/microsat/>

Nei, M. (1987): Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press, New York

Park, S.D.E (2001): The Excel Microsatellite Toolkit (Version 3.1). <http://oscar.gen.tcd.ie/~sdepark/ms-toolkit>

Rasad, S.D. (2001): Abstammungs- und Identitätskontrolle beim Schwein mittels Mikrosatellitenanalyse. Dissertation, Universität Bonn

Riquet, J., Milan, D., Woloszyn, N., Schmitz, A., Pitel, F., Frelat, G., Gellin, J. (1995): A linkage map with microsatellites isolated from swine flow-sorted chromosome 11. *Mamm. Genome* 6, 623-628

Robic, A., Dalens, M., Woloszyn, N., Milan, D., Riquet, J., Gellin, J. (1994): Isolation of 28 new porcine microsatellites revealing polymorphism. *Mamm. Genome* 5, 580-583

Röhe, R., Kalm, E. (1993): Welchen Nutzen bringt die Einbeziehung der Fruchtbarkeitsleistungen und sonstigen Sekundärmerkmale? Vortrag 4. Schweine-Workshop, 17.-18. März 1993, Grub

Rohrer, G.A., Alexander, L.J., Keele, J.W., Smith, T.P., Beattie, C.W. (1994): A microsatellite linkage map of the porcine genome. *Genetics* 136, 231-245

Roslin Institute Edinburgh (2002): Characterization of genetic variation in the European pig to facilitate the maintenance of exploitation of biodiversity. Microsatellite markers. <http://www.projects.roslin.ac.uk/pigbiodiv/markers.html#chromosome>

Ruyter, D., Verstege, A.J.M., Van der Poel, J.J., Groenen, M.A.M. (1994): Five polymorphic microsatellite markers. *Anim. Genet.* 25, 53

SAS Institute (2001): SAS Release 8.02. NC, USA

Schleger, W., Mayrhofer, G., Stur, I. (1978): Beziehungen zwischen aus Markergenen geschätzter Heterozygotie und Fitness beim Rind. *Z. Tierzüchtg. Züchtgsbiol.* 94, 296-301

Stur, I. (1986): Heterosezucht bei Haustieren<sup>1</sup>). *Wien. tierärztl. Mschr.* 73(7), 222-239

Stur, I. (1986): Heterosezucht bei Haustieren<sup>2</sup>). *Wien. tierärztl. Mschr.* 73(8), 271-280

Täubert, H. (1998): Schätzung von Varianz- und Kovarianzkomponenten für die Wurfgröße von Reinzucht- und Kreuzungssauen. Dissertation, Universität Göttingen

Tölle, K.-H. (1997): Möglichkeit der züchterischen Bearbeitung der Reproduktionsleistung beim Schwein am Beispiel des Schweinezüchterverbandes Nord-West. Dissertation, Universität Bonn

Wright, S. (1931): Evolution in mendelian populations. *Genetics* 16, 97-159

## 7. Anhang

**Tab. 13: Allelfrequenzen der Mikrosatelliten**

### **CGA**

Allel (bp)	205	225	261	263	265	267	269	271	273	275
All.Freq	0,036	0,001	0,004	0,042	0,006	0,018	0,049	0,043	0,290	0,088

Allel (bp)	277	279	281	283	285	287	289	291	293	295
All.Freq	0,024	0,037	0,061	0,027	0,055	0,083	0,048	0,077	0,001	0,005

Allel (bp)	319
All.Freq	0,004

### **S0155**

Allel (bp)	147	155	157	159	161
All.Freq	0,118	0,364	0,403	0,113	0,002

### **SW240**

Allel (bp)	93	95	97	107	109	111	113
All.Freq	0,109	0,051	0,703	0,063	0,009	0,004	0,061

### **S0226**

Allel (bp)	180	182	194	196	200
All.Freq	0,058	0,432	0,450	0,033	0,026

### **SW72**

Allel (bp)	97	99	101	103	109	111	113	117	119
All.Freq	0,002	0,001	0,419	0,008	0,350	0,174	0,020	0,010	0,015

### **S0002**

Allel (bp)	185	187	191	195	199	207	209
All.Freq	0,002	0,038	0,001	0,203	0,317	0,333	0,106

### **S0227**

Allel (bp)	228	238	250
All.Freq	0,908	0,003	0,088

### **S0005**

Allel (bp)	201	215	219	229	231	233	235	237	239	241
All.Freq	0,177	0,047	0,057	0,016	0,084	0,096	0,021	0,016	0,052	0,079

Allel (bp)	243	245	247	249	251
All.Freq	0,307	0,016	0,027	0,001	0,006

### **IGF1**

Allel (bp)	225	227	229	231	233	235	237
All.Freq	0,001	0,140	0,045	0,505	0,168	0,133	0,007

**SW122**

Allel (bp)	108	110	114	118	120	122
All.Freq	0,007	0,003	0,264	0,147	0,536	0,043

**S0115**

Allel (bp)	191	193	199	201	203	205	207	209	223	231
All.Freq	0,157	0,001	0,070	0,019	0,141	0,348	0,076	0,112	0,001	0,077

**S0101**

Allel (bp)	196	210	212	214	216
All.Freq	0,121	0,402	0,248	0,226	0,003

**S0178**

Allel (bp)	100	108	110	112	114	118	120	124	126
All.Freq	0,001	0,002	0,789	0,003	0,006	0,021	0,009	0,164	0,004

**S0225**

Allel (bp)	164	174	182	184
All.Freq	0,162	0,023	0,808	0,007

**SW911**

Allel (bp)	155	159	165	167
All.Freq	0,376	0,433	0,157	0,034

**SW951**

Allel (bp)	122	124	126	130
All.Freq	0,356	0,479	0,042	0,124

**S0386**

Allel (bp)	152	154	158	160	162	166	170
All.Freq	0,018	0,003	0,034	0,100	0,467	0,010	0,368

**S0090**

Allel (bp)	232	238	240	242	244	246	248
All.Freq	0,003	0,017	0,174	0,188	0,361	0,017	0,238

**S0068**

Allel (bp)	226	238	244	246	248	252	254	256	258
All.Freq	0,685	0,001	0,004	0,002	0,152	0,038	0,004	0,005	0,109

**S0215**

Allel (bp)	152	158	168
All.Freq	0,934	0,053	0,013

**SW857**

Allel (bp)	141	143	145	147	149	151	153	155	157	159
All.Freq	0,067	0,028	0,069	0,034	0,244	0,162	0,066	0,005	0,311	0,014

**S0355**

Allel (bp)	242	246	248	256	262	268
All.Freq	0,211	0,207	0,068	0,221	0,017	0,276

**SW936**

Allel (bp)	92	94	96	102	108	110	116
All.Freq	0,021	0,248	0,214	0,116	0,345	0,056	0,001

**S0026**

Allel (bp)	92	95	97	99	101
All.Freq	0,001	0,234	0,063	0,015	0,686

**SW24**

Allel (bp)	92	96	98	104	108	110	112	116	120
All.Freq	0,005	0,034	0,010	0,004	0,112	0,386	0,148	0,209	0,092

**8. Konsequenzen für evtl. weitere Forschungsvorhaben**

**9. Mitteilungen über evtl. schützenswerte Nutzungsrechte**

keine

**10. Liste über Veröffentlichungen**

**11. Liste über Vorträge**

Kleinwächter, T., Tholen, E., Wimmers, K., Ponsuksili, S., Schellander, K. (2001): Vorstellung des Projektes „Steigerung der Fitness und Vitalität durch Erhöhung der genetischen Variabilität mittels markergestützter Selektion beim Schwein“ im Rahmen des „Workshop Genomanalyse“. Genossenschaft zur Förderung der Schweinehaltung, Schweinezüchterverband Nord-West, Landesverband Rheinischer Schweinezüchter, Institut für Tierzuchtwissenschaft Bonn, 5. Juli 2001, Ascheberg

Kleinwächter, T., Tholen, E., Wimmers, K., Ponsuksili, S., Schellander, K. (2001): Genetische Variationen an Mikrosatellitenloci in nordrhein-westfälischen Schweinepopulationen. Vortragstagung der DGfZ und GfT am 12. und 13. September 2001, Freising

Kleinwächter, T., Tholen, E., Wimmers, K., Ponsuksili, S., Schellander, K. (2002): Steigerung der Fitness und Vitalität durch Erhöhung der genetischen Variabilität mittels markergestützter Selektion beim Schwein. Basiszüchtersammlung, Schweinezüchterverband Nord-West e.V., 15. Oktober 2002, Gescher

**12. Liste über Pressemitteilungen**

**13. Liste über Posterpräsentationen, Vorführungen und Demonstrationen**

**14. Kurzfassung**

In Rahmen der Untersuchung sollte die genetische Diversität von Reinzuchtpopulationen an Hand hochpolymorpher DNA-Marker ermittelt werden. Das Ziel dieser Arbeit war die Erfassung der genetischen Distanzen von Anpaarungen in der DE-Basispopulation und der Gegenüberstellung der Werte mit Reproduktionsdaten. Es sollte untersucht werden, ob Reproduktionsleistungen durch Ausnutzung der größtmöglichen Variabilität innerhalb der Population zu steigern sind.

Das Tiermaterial wurde von vier Basiszuchtbetrieben des Schweinezüchterverbandes Nord-West e.V. und zwei Besamungsstationen (GFS Ascheberg, Schweinebesamungsstation Weser-Ems e.V.) zur Verfügung gestellt. Des weiteren standen Reproduktionsdaten für die Reinzuchtwürfe aus dem Zeitraum 1/1997 – 2/2002 zur Verfügung. Als DNA-Quelle dienten Ohrkerben oder Spermaproben, aus denen das DNA-Material durch Verdau des Gewebes und Phenol-Chloroform-Extraktion gewonnen wurde.

Für die Analyse wurden 25 Mikrosatellitenmarker verwendet, die im Rahmen eines EU-Projektes zur Evaluierung europäischer Schweinerassen empfohlen wurden. Die Allele der Mikrosatelliten wurden durch PCR amplifiziert und mit automatischen Sequenziergeräten (DNA-Analyzer, GENE READIR 4200, LI-COR) aufgetrennt. Die Auswertung der Elektrophoresegele erfolgte mit der Software OneDscan 1.3 (Scanalytics).

Um die Eignung der Marker zur Untersuchung der Basispopulation zu erfassen, wurden Allelzahlen, -frequenzen und der Polymorphism Information Content ermittelt. Die genetische Variabilität innerhalb der Population wurde über den Heterozygotiegrad mit dem Programm GDA 3.1 (Lewis und Zaykin 1997) abgeschätzt. Die genetischen Distanzen zwischen den Tieren wurden mit dem Programm MICROSAT 1.5 (Minch 1997) bzw. The

Microsatellite Excel Tools (Park 2001) berechnet. Die Varianzanalyse erfolgte mit dem Programmpaket SAS Release 8.02 (SAS Institute Inc. 2001).

Von den 490 Proben wurden insgesamt 12026 Genotypen bestimmt. Das entspricht im Mittel 24,5 analysierten Markern pro Tier, wobei ein Minimum von 20 Markern bei jedem Individuum erreicht wurde. In der Population wurden über alle 25 Marker insgesamt 184 verschiedene Allele gefunden. Die Anzahl pro Loci variierte von 3 bis 21, mit einem Mittelwert von 7,32. Die PIC-Werte der Loci streuten zwischen 0,12 und 0,87.

Die beobachtete Heterozygotie für die Population betrug an den Markern insgesamt 60 %. An den einzelnen Mikrosatelliten kamen Variationen zwischen 11 und 86 % vor. Der Heterozygotiegrad der Sauen variierte zwischen 32 und 87 %, es konnte jedoch kein Zusammenhang zur Größe ihrer Würfe in Form eines maternalen Heterosiseffektes gefunden werden.

Zwischen allen analysierten Tieren wurden genetische Distanzmaße ermittelt, die in Abhängigkeit von Verwandtschaftsverhältnissen charakteristische Häufigkeitsverteilungen zeigten. Die Werte streuten innerhalb der Rasse DE zwischen 0,104 und 0,792. Im aus den genetischen Distanzen nach der UPGMA-Methode erstellten Dendrogramm konnten väterliche Halbgeschwistergruppen in einigen Teilen in der Clustereinteilung wieder gefunden werden. Die Variation der genetischen Distanzen zwischen potentiellen Paarungspartnern war mit einer Spanne von 0,22 bis 0,76 ausreichend hoch um Selektionen zu ermöglichen. Die analysierten Anpaarungen umfassten in der genetischen Distanz die gesamte Spanne der möglichen Werte zwischen Sau und Eber und die Häufigkeitsverteilungen der Distanzwerte der potentiellen und realisierten Anpaarungen waren annähernd deckungsgleich.

Für 312 analysierte Sauen konnten aus einer Auswahl von 17 zur Besamung zur Verfügung stehenden Ebern Anpaarungsvorschläge gemäß der weitesten genetischen Distanz erstellt werden, wobei die fünf größten Distanzwerten je Sau insgesamt eine Spanne von 0,48 – 0,72 aufwiesen. Insgesamt waren alle 17 Eber in diesen fünf Anpaarungsvorschlägen je Sau mit unterschiedlichen Häufigkeiten (0,3 – 12,7 %) vertreten.

Die genetische Distanz zeigte im analysierten Datenmaterial mit einem Signifikanzniveau von 5 % einen Einfluss auf die Anzahl lebend geborener Ferkel. Bei Steigerung der genetischen Distanz um 1 % konnte im Mittel ein Anstieg in der Ferkelzahl um 0,05 Tiere pro Wurf beobachtet werden.