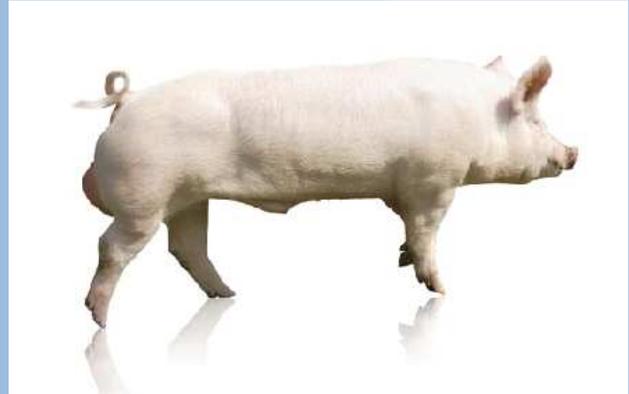


SVT-Tagung 29.03.2011

QTL-Kartierung für das Fleischqualitätsmerkmal Tropfsaftverlust beim Schwein

Dr. Doreen Becker
Institut für Genetik



SVT-Tagung 29.03.2011

Tropfsaftverlust

- > Tropfsaftverlust = Verlust von Flüssigkeit aus dem Frischfleisch nach der Schlachtung ohne äussere Einwirkung
- > Fleisch verliert post mortem ca. 2 - 3 % seines Gewichts
- > Wasserbindungsvermögen → Fleischqualität: hoher Tropfsaftverlust beeinflusst Sensorik und die technologischen Eigenschaften von Schweinefleisch negativ
- > Variation zwischen verschiedenen Rassen aber auch innerhalb einer Rasse
- > Heritabilität zwischen 0.08 und 0.30



Ziel der Studie

- > Kartierung von Genorten, die den Tropfsaftverlust beeinflussen → besseres Verständnis über die molekularen Grundlagen der Fleischentstehung
- > konventionelle Selektionsmethoden sind aufwendig
 - Messung des Tropfsaftverlusts / Wasserbindungsvermögens erst nach der Schlachtung möglich
 - Anwendung in Zuchtprogrammen



3

Material

- > Gewebeproben von 424 Kreuzungstieren (Premo x (ES x SL)) aus der Mastleistungsprüfung
- > Gewebeproben von 200 KB-Ebern der Rasse Edelschwein (Edelschwein Vaterlinie (Premo) sowie Edelschwein Mutterlinie)
- > Zuchtwerte für Tropfsaftverlust
 - MLP - Tiere (DL hoch: n = 215, DL tief n = 209)
 - KB - Eber (DL hoch: n = 104, DL tief n = 96)



4

Methodik

> Illumina PorcineSNP60 BeadChip

525 Tiere; 62'163 SNPs



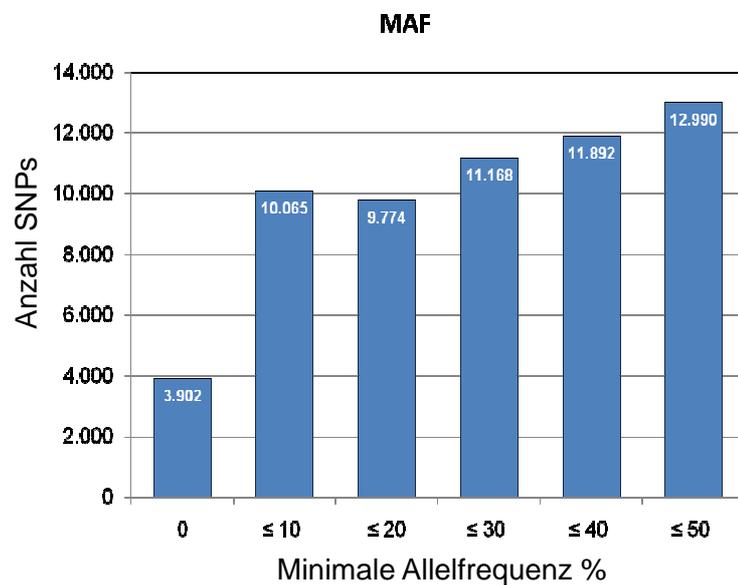
	DL hoch (ZW < 0)	DL tief (ZW > 0)
KB - Eber	99	93
MLP - Tiere	174	159
	273	252

> Auswertung der Daten mit PLINK



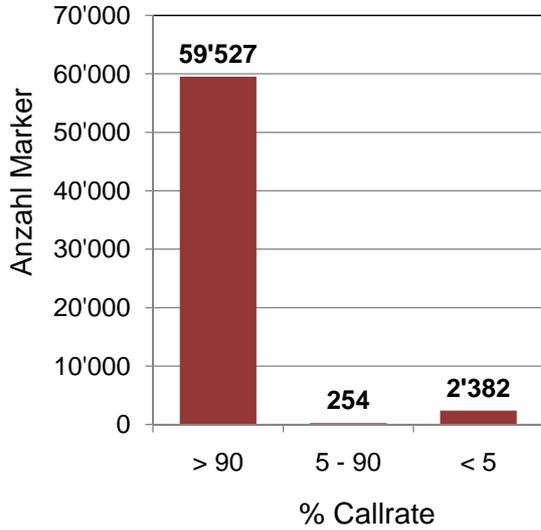
Illumina PorcineSNP60 BeadChip

- > 6,3 % der SNPs monomorph (n = 3'902)
- > 39 % der SNPs zeigen einen hohen Informationsgehalt (MAF > 20 %)



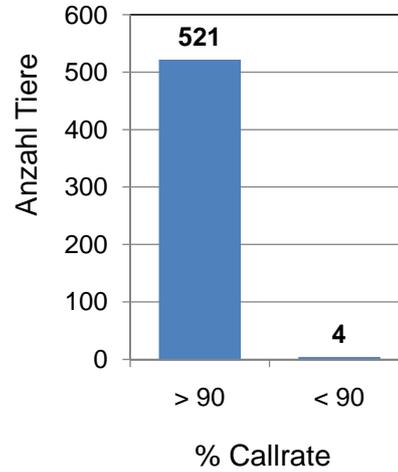
Illumina PorcineSNP60 BeadChip

Callrate pro Marker



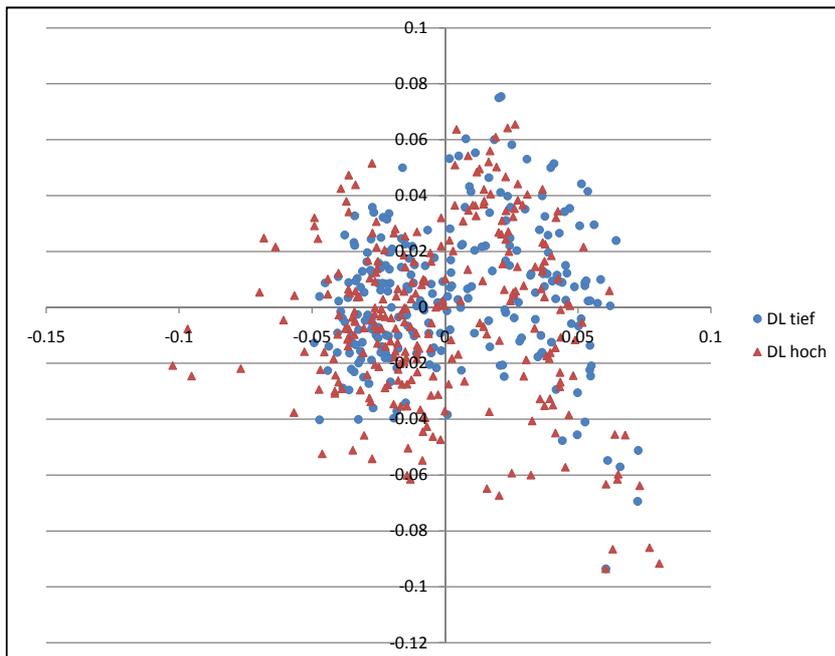
> durchschnittliche Genotypisierungsrate = 95,95%

Callrate pro Tier



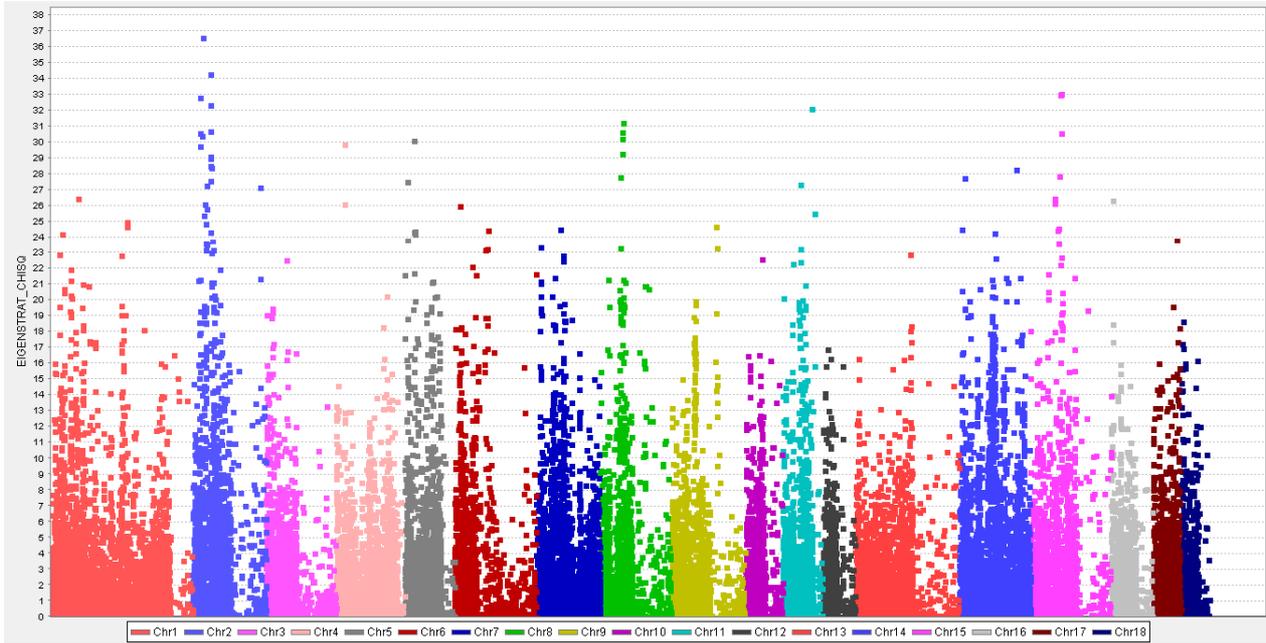
> Datenanalyse: 521 Tiere, 59'527 SNPs

Populationsstratifikation

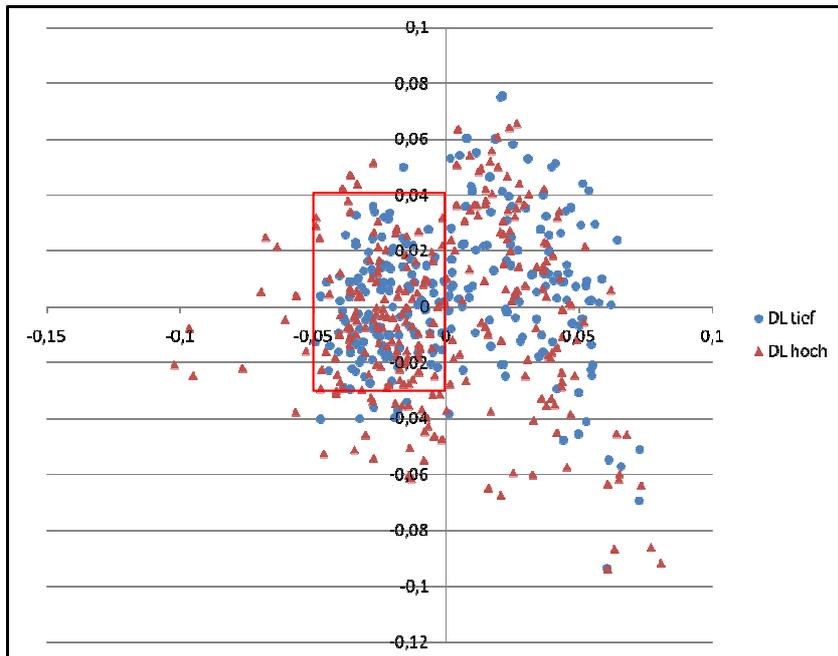


> genomischer
Inflationsfaktor
2.43214

EIGENSTRAT



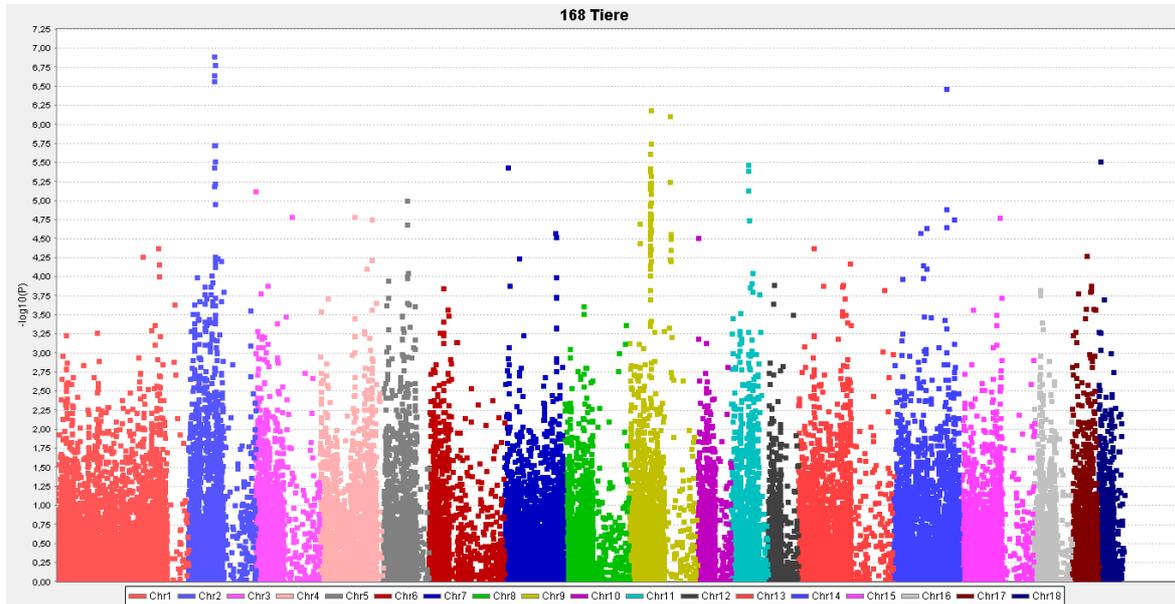
Manuelle Populationsstratifikation



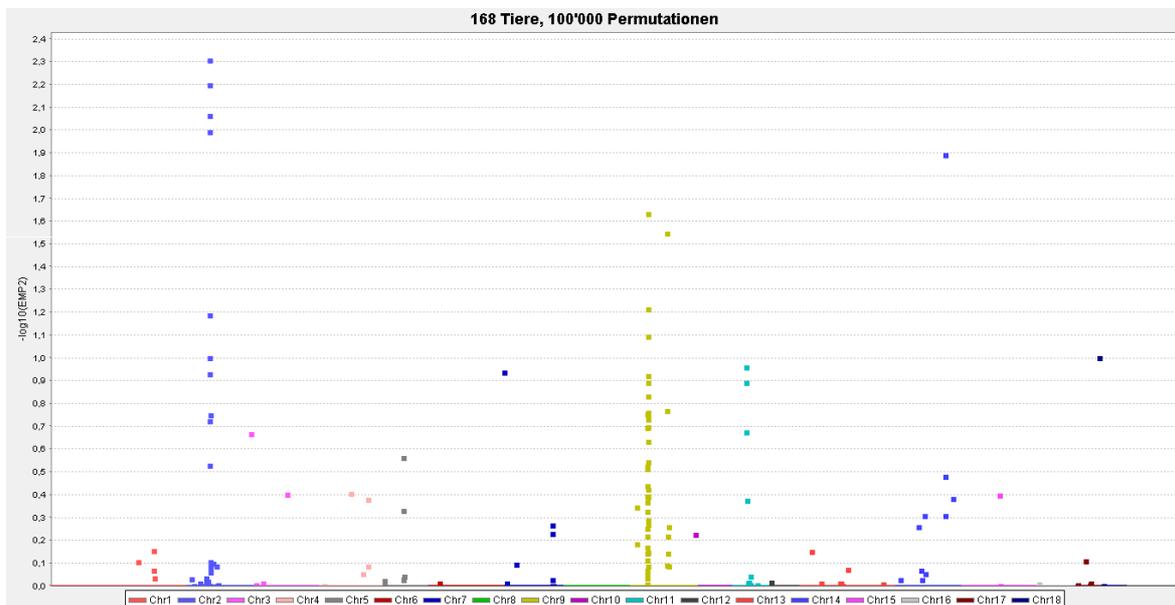
> 168 Tiere
(90 DL – hoch, 78 DL – tief)

> genomischer
Inflationsfaktor
1.64283

Assoziation



Permutation



Pläne

- > Problem der Stratifikation?
- > Assoziationsstudien mit „extremen“ Phänotypen
- > genauere Prüfung der bisher identifizierten Genorte
- > Assoziation anderer Phänotypen

Vielen Dank für Ihre Aufmerksamkeit!

Vielen Dank an Andreas Hofer und Henning Luther für die Bereitstellung der Proben.

Vielen Dank an Prof. Dr. Klaus Wimmers für die Genotypisierung.