

Inhaltsverzeichnis		Seite
	Abstract	III
	Abkürzungsverzeichnis	IX
	Tabellenverzeichnis	XIV
	Abbildungsverzeichnis	XVIII
1	Einleitung	1
2	Literaturübersicht	3
2.1	Die Milchdrüse	3
2.1.1	Bedeutung der Milchdrüse	3
2.1.2	Entwicklung der Milchdrüse	5
2.1.3	Hormonelle Regulation	11
2.1.3.1	Reproduktive Hormone	16
2.1.3.2	Metabolische Hormone	19
2.1.4	Bedeutende Störungen der Funktion der Milchdrüse	22
2.2	Die Milchdrüse beim Schwein	22
2.2.1	Besonderheiten und Einflussfaktoren	22
2.2.2	Zitzenanomalien beim Schwein	25
2.2.3	Stülpzitze beim Schwein	27
2.2.3.1	Anatomie und Morphologie der Stülpzitze	29
2.2.3.2	Heritabilität	33
2.2.3.3	Ursachen für die Entstehung der Stülpzitze	34
2.2.4	Kandidatengene	35
2.2.4.1	Prolaktin	35
2.2.4.2	Hypophysen-spezifischer Transkriptionsfaktor	36
2.2.4.3	Relaxin	38
2.2.4.4	Wachstumsfaktoren	41
2.2.4.5	Transformierende Wachstumsfaktoren	43
2.2.4.6	Insulin-ähnliche Wachstumsfaktoren	44
2.2.4.7	Parathyroid hormone-related peptide	45

VI

2.2.4.8	Weitere Gene, die die Milchdrüse beeinflussen	46
2.3	Ansätze zur genetischen Untersuchung von Merkmalen	50
2.3.1	Kopplungsanalyse	52
2.3.1.1	Kartierung	52
2.3.1.2	Mikrosatelliten als genetische Marker	53
2.3.1.3	QTL-Kartierung	55
2.3.2	Assoziationsanalyse – Untersuchung von Kandidatengen	57
2.3.3	Expressionsanalysen – Entwicklung von Mikrochips	59
2.3.4	Markergestützte Selektion	61
3	Material und Methoden	63
3.1	Übersicht über den Versuchsplan	63
3.2	Aufbau der Tierpopulationen	64
3.2.1	Kommerzielle Tiere	64
3.2.2	Versuchspopulation	65
3.2.3	Erfasste und untersuchte Merkmale	66
3.3	Material	68
3.3.1	Chemikalien und Enzyme	68
3.3.2	Stammlösungen und Puffer	69
3.3.3	Verbrauchsmaterial	70
3.3.4	Geräte	71
3.3.5	Verwendete Software	71
3.4	Isolierung genomischer DNA	72
3.5	Mikrosatellitentypisierung	73
3.5.1	Auswahl der Marker	73
3.5.2	Polymerase-Kettenreaktion	77
3.5.3	Herstellung der Längenstandards	77
3.5.4	Analyse auf dem LICOR-Sequenzier	78
3.5.5	Analyse auf dem CEQ8000-Sequenzier	79
3.6	Statistische Auswertung der Ergebnisse	80
3.6.1	Informationsgehalt der Marker	80
3.6.2	Kopplungsanalyse und Konstruktion der genetischen Karten	81

3.6.3	QTL-Analyse	81
3.6.4	Signifikanzschwelle der QTL-Analysen	83
3.6.5	Bestimmung der interessanten Allele	84
4	Ergebnisse	87
4.1	Charakterisierung der Marker	87
4.2	Kopplungskarten	88
4.2.1	Kartierung in der DUMI-Population	89
4.2.2	Bestätigungskartierung in der kommerziellen Population	91
4.2.3	Kartierung der QTL	92
4.3	Kartierung in der Versuchspopulation	94
4.4	Bestätigungskartierung in den kommerziellen Familien	95
4.5	Feinkartierung	100
4.5.1	Chromosom 1	102
4.5.2	Chromosom 2	103
4.5.3	Chromosom 3	104
4.5.4	Chromosom 4	104
4.5.5	Chromosom 6	105
4.5.6	Chromosom 14	108
4.6	Assoziationsanalyse der Mikrosatellitenallele	109
5	Diskussion	113
5.1	Bedeutung des Stülpzitzendefekts	113
5.2	Vergleich der Kopplungskarten	116
5.3	QTL-Analysen der kommerziellen Populationen	119
5.4	Vergleich der QTL-Analysen in den beiden betrachteten Population	121
5.5	Kandidatengene	126
5.5.1	Funktionelle und bereits untersuchte Kandidatengene	126
5.5.2	Positionelle Kandidatengene aus den QTL-Genorten	128
5.5.2.1	Chromosom 6	129
5.5.2.2	Chromosom 11	136

VIII

5.6	Fazit aus den Ergebnissen der Assoziationsanalysen	141
5.7	Perspektiven für weitere Untersuchungen	142
6	Zusammenfassung	144
7	Literaturverzeichnis	148
8	Anhang	191