

## Anwendung von AFLP zur Detektion von QTL für Schlachtkörperqualität beim Schwein

In der vorliegenden Arbeit wurde selektive Genotypisierung mit AFLP-Markern zur Detektion von QTL mit Einfluss auf Rückenmuskelfläche angewendet. Die QTL Suche wurde in zwei Populationen, in der DUMI Ressourcenpopulation und in einer kommerziellen Herde der Deutschen Landrasse, durchgeführt. Die AFLP-Analyse der DUMI Population wurde zunächst bei sechs in Rückenmuskelfläche extrem divergenten Geschwisterpaaren mit 48 AFLP-Primerkombinationen durchgeführt und dabei die Verteilung von insgesamt 467 polymorphen Markern ermittelt. Die Verteilung von vier Markern wurde in größeren leistungsdivergenten Gruppen verifiziert, wobei zwei Marker mit signifikant unterschiedlichen Häufigkeiten zwischen den leistungsdivergenten Gruppen identifiziert wurden. Diese Marker wurden in kodominante STS-Marker umgewandelt. Ferner wurde ein AFLP-Marker, welcher einen Mikrosatellit beinhaltet, ebenfalls in einen polymorphen STS-Marker umgewandelt. Physische und genetische Kartierung ergaben, dass diese drei STS gemeinsam eng gekoppelt auf dem Chromosom 4 liegen. Populationsweite Analyse der STS-Marker und Intervall-QTL-Kartierung wurden durchgeführt und bestätigten, dass mittels der AFLP selektiven Genotypisierung ein genomweit signifikanter QTL für Rückenmuskelfläche detektiert wurde. Überdies wurden bei der Intervall-QTL-Kartierung QTL für Rückenspeckdicke und Schlachtkörperlänge an der gleichen Position als der QTL für Rückenmuskelfläche nachgewiesen. Das CRH-Gen wurde als ein vergleichend-positioneller Kandidat für alle drei QTL analysiert. Ein G > A SNP in dem Exon 2 wurde gefunden und das Gen auf seiner Basis in das 95 % Vertrauensintervall des QTL genetisch kartiert. In der kommerziellen Herde der Deutschen Landrasse wurden von insgesamt 220 Tieren jeweils 20 aus jedem der beiden Enden der Verteilung für das Merkmal Rückenmuskelfläche ausgewählt. Mit 8 AFLP-Primerkombinationen wurden insgesamt 82 polymorphe Marker detektiert, von welchen einer zwischen den leistungsdivergenten Gruppen signifikant unterschiedlich verteilt war. Dieser AFLP-Marker wurde in einen kodominanten STS-Marker umgewandelt und auf dem p Arm des Chromosoms 2 physisch kartiert. Auf der Ebene der gesamten Herde wurde eine nominal signifikante Beziehung zwischen dem Marker und Speckmaß B, jedoch nicht mit der Rückenmuskelfläche, nachgewiesen.

## Detection of QTL for carcass quality in the pig by using AFLP

In the present study, a combination of AFLP and selective genotyping was used to detect QTL influencing loin muscle area. Two populations, the DUMI resource population and a commercial herd of German Landrace pigs, were analysed. AFLP selective genotyping of the DUMI population was first performed on six sib pairs extremely discordant for loin muscle area. Using 48 primer combinations, distribution of totally 467 polymorphic AFLP markers was assessed. Four markers, showing the most distinct difference in distribution between the extremes, were validated on another larger group of individuals from the high and low phenotypic tails. Two markers with significant frequency difference between the high and low performing animals were identified and subsequently converted to codominant STS markers. In addition, a microsatellite containing AFLP Marker was also converted to a polymorphic STS. Physical and genetic mapping results have revealed that the three derived STS are all located on chromosome 4 and tightly linked. Genotyping of the STS in the whole DUMI population and single marker association analysis as well as interval QTL mapping confirmed that the markers identified by means of AFLP selective genotyping are indeed located near to a genomewide significant QTL affecting loin muscle area. Moreover genomewide significant QTL affecting backfat thickness and carcass length were mapped to the same position with the QTL for loin muscle area. CRH gene was proposed as a potential pleiotropic comparative positional candidate for all three QTL. Comparative sequencing of CRH in grandparents of the DUMI population revealed a G > A SNP in the exon 2. Based on this SNP the CRH gene was genetically mapped to the 95 % confidence interval for the QTL. For AFLP analysis of the commercial herd, from a total of 220 animals 20 individuals were selected from each the high and the low phenotypic tails. Using 8 primer combinations distribution of totally 82 polymorphic AFLP markers were assessed. One marker with significantly different abundance in the high and low performing groups found was converted to a codominant STS marker and genotyped in all animals of the herd. The marker was assigned to p arm of the chromosome 2 using cell hybrids. At the level of the whole herd no association between the marker and loin muscle area could be found. However a significant association with thinnest fat measure above loin muscle area was found.