

Stabilität und Nutzungsdauer in der Sauenhaltung

Schriftenreihe, Heft 32/2011



Erarbeitung von Strategien zur Verbesserung der Stabilität und Nutzungsdauer in der Sauenhaltung Mitteldeutschlands

Mehrländerprojekt

des Sächsischen Landesamtes für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie (LfULG),
der Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft (TLL),
der Landesanstalt für Landwirtschaft, Forsten und Gartenbau Sachsen-Anhalt (LLFG)

Federführung:

Dr. Ulf Müller (LfULG), Dr. Simone Müller (TLL), Dr. Herwig Mäurer (LLFG)

Inhaltsverzeichnis

Einführung und Zielstellung Mehrländerprojekt	4
Untersuchungen zur Verbesserung der Stabilität von Gesundheit und Fruchtbarkeit in der Sauenhaltung	5
1 Einleitung und Zielstellung	9
2 Literaturrecherche	9
3 Material und Methoden	19
4 Ergebnisse	24
5 Zusammenfassung	50
6 Ausblick	50
Literatur	51
Anhang	52
 Identifizierung von Genomvarianten mit Einfluss auf die Wurfgröße	56
1 Einleitung und Zielstellung	58
2 Material und Methoden	58
3 Ergebnisse	62
4 Diskussion	71
Literatur	72
Anhang	73
 Möglichkeit zur markergestützten Selektion auf Fruchtbarkeit	88
1 Einleitung und Aufgabenstellung	90
2 Material und Methode	92
3 Ergebnisse	95
4 Schlussfolgerungen	106
Literatur	107
Anhang	109
 Phänotypische Analyse der Nutzungsdauer in der Sauenhaltung	116
1 Einleitung und Zielstellung	118
2 Datenmaterial	118
3 Ergebnisse der Varianzanalysen	125
Literatur	127

Einführung und Zielstellung Mehrländerprojekt

Die Fruchtbarkeit ist das wirtschaftlich wichtigste Merkmal in der Ferkelproduktion. Mit zunehmendem Alter verbessert sich diese und erreicht ihr Optimum im 4.-7. Wurf. Viele Sauen erreichen dieses Alter nicht, weil sie vorher gemerzt werden mussten. Dabei sind 35 % der Abgänge mit Fruchtbarkeitsproblemen verbunden, 15 % resultieren aus Erkrankungen.

Die züchterischen Schwerpunkte lagen in den zurückliegenden Jahren auf der Verbesserung von Schlachtkörperqualität, Wachstum und jüngst auch der Fruchtbarkeit. Bei Stabilität und Nutzungsdauer der Sauen liegen noch erhebliche Reserven zur Verbesserung der Wirtschaftlichkeit des Produktionszweiges. Hinzu kommt, dass nichtleistungsbedingte Abgänge problematisch aus der Sicht des Tierschutzes und der öffentlichen Akzeptanz der Ferkelerzeugung sind.

Im Einzelnen wurden folgende generelle Ziele formuliert:

- Verbesserung der Wirtschaftlichkeit der Ferkelerzeugung durch Erhöhung der Stabilität und Nutzungsdauer der Sauen
- Verringerung tierschutzrelevanter Risiken für nichtleistungsbedingte Abgänge
- Erarbeitung von Vorschlägen zur Ausrichtung der Zucht, zur Leistungsprüfung sowie zu Selektions- und Anpaarungsstrategien
- Erarbeitung von Vorschlägen zur Bestandsführung

Das Projekt wurde in mehreren Teilthemen jeweils eigenständig von der Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft (TLL), der Landesanstalt für Landwirtschaft, Forsten und Gartenbau Sachsen-Anhalt (LLFG) sowie dem Sächsischen Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie (LfULG) auf der Basis eines gemeinsamen Pflichtenheftes bearbeitet. Kooperationspartner waren dabei der Mitteldeutsche Schweinezuchtverband e.V. (MSZV), die Tiergesundheitsdienste der Länder, Leistungsprüforganisationen sowie Sauen haltende Betriebe. Bei den Teilthemen zu markergestützter Selektion und Genomvarianten waren als Kooperationspartner die Tierärztliche Hochschule Hannover sowie die Humboldt Universität zu Berlin, Institut für Nutztierwissenschaften, einbezogen.

In vorliegender Publikation werden die Ergebnisse folgender Teilthemen jeweils separat dargestellt:

- Verbesserung der Stabilität von Gesundheit und Fruchtbarkeit in der Sauenhaltung (Sachsen)
- Identifizierung von Genomvarianten mit Einfluss auf die Wurfgröße beim Schwein (Sachsen)
- Möglichkeit zur markergestützten Selektion auf Fruchtbarkeit (Thüringen)
- Phänotypische Analyse der Nutzungsdauer in der Sauenhaltung (Sachsen-Anhalt)

Untersuchungen zur Verbesserung der Stabilität von Gesundheit und Fruchtbarkeit in der Sauenhaltung

Dr. Ulf Müller, Kathleen Fischer, Dr. Roland Klemm

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung und Zielstellung
2	Literaturrecherche
2.1	Systematik der Erkrankungen
2.2	Programme der Tierseuchenkasse/Schweinegesundheitsdienst
2.3	Nutzungsdauer und Abgangsursachen
3	Material und Methoden
3.1	Betriebe und Datenmaterial
3.2	Kommentarliste von agrocom®
3.3	Erstellen der neuen Kommentarliste
3.4	Einpflegen neuer Kommentare in das Programm Supersau von agrocom®
4	Ergebnisse
4.1	Verwendung der Kommentare in den drei Betrieben
4.2	Auswertung zur Fruchtbarkeit in Betrieb 1
4.2.1	Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF und AGF
4.2.2	Einfluss des Duldungsverhaltens zur Besamung auf das Wurfergebnis
4.2.3	Jahreszeitlicher Einfluss
4.2.4	Erstbelegungsalter
4.2.5	Beziehung zwischen Wurfgröße und Wurfnummer
4.2.6	Altersstruktur in der Herde
4.3	Auswertung zur Fruchtbarkeit in Betrieb 2
4.3.1	Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF und AGF
4.3.2	Einfluss des Duldungsverhaltens zur Besamung auf das Wurfergebnis
4.3.3	Jahreszeitlicher Einfluss
4.3.4	Erstbelegungsalter und Nutzungsdauer
4.3.5	Beziehung zwischen Wurfnummer und Wurfgröße
4.3.6	Alterstruktur in der Herde
4.4	Auswertung zur Fruchtbarkeit in Betrieb 3
4.4.1	Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF und AGF
4.4.2	Einfluss des Duldungsverhaltens zur Besamung auf das Wurfergebnis
4.4.3	Jahreszeitlicher Einfluss
4.4.4	Erstbelegungsalter
4.5	Vergleichende Auswertungen zwischen den Betrieben 1-3
4.6	Auswertung zur Fruchtbarkeit in Betrieb 4
4.7	Auswertung zur Fruchtbarkeit in Betrieb 5
4.8	Auswertung zur Nutzungsdauer und Abgangsursachen in den Betrieben 1 und 2
4.9	Auswertung der Erkrankungen im Betrieb 3
4.10	Vergleichende Betrachtungen der Kommentare in den Betrieben 1, 2 und 3
5	Zusammenfassung
6	Ausblick
	Literatur
	Anhang

Abbildungsverzeichnis

- Abbildung 1: Schematische Darstellung der Wechselwirkung von Organismus, Umwelt und Erregern als Voraussetzung von Krankheit und Gesundheit (nach PRANGE)
- Abbildung 2: Systematik der Erkrankungen (nach PRANGE)
- Abbildung 3: Entwicklung der Lebensleistung in Abhängigkeit zum Anteil 1. Würfe an den insgesamt geborenen Würfen
- Abbildung 4: Verbleiberate an Sauen bis zum dritten Wurf sowie die Lebensleistung der Sauen in Abhängigkeit vom Alter zur ersten Belegung (DUSEL 2006)
- Abbildung 5: Verlaufskurve zum Zeitpunkt des Ausscheidens der Sauen aus dem Bestand nach Ergebnissen von HEUSING
- Abbildung 6: Intervalle der Leistungsmerkmale (HEUSING 2003)
- Abbildung 7: Beispiel der Datenverwaltung mit Hilfe des Programms Supersau von agrocom®
- Abbildung 8: Kommentarvergabe zur Geburt ab einer Häufigkeit von 30 Nennungen
- Abbildung 9: Kommentarvergabe zur Säugezeit ab einer Häufigkeit von 100 Nennungen
- Abbildung 10: Übersicht zur Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF und AGF in den Jahren 2002 bis 2008 in Betrieb 1 in Relation zu den Leistungen des Jahres 2001 (=100)
- Abbildung 11: Entwicklung der Anzahl insgesamt geborener Ferkel im Vergleich der Betriebe 1 und 2
- Abbildung 12: Einfluss der Wurfnummer auf die Anzahl IGF, LGF und AGF in Betrieb 1
- Abbildung 13: Altersstruktur in den Jahren 2001 bis 2007 in Betrieb 1
- Abbildung 14: Relative Entwicklung der Anzahl IGF, LGF und AGF in den Jahren 2002 bis 2007 in Betrieb 2 (2001 = 100)
- Abbildung 15: Entwicklung der Wurfkennzahlen IGF, LGF und AGF in Bezug zur Wurfnummer in Betrieb 2
- Abbildung 16: Altersstruktur in der Herde in den Jahren 2001 – 2007 in Betrieb 2
- Abbildung 17: Übersicht zur relativen Entwicklung der Wurfkennzahlen IGF, LGF und AGF in Abhängigkeit zur Wurfgröße im Jahr 2001 (= 100)
- Abbildung 18: Merkmale der Wurfgröße in Abhängigkeit von der Wurfnummer
- Abbildung 19: Altersstruktur der Herde im Betrieb 3
- Abbildung 20: Vergleich der Anzahl lebendgeborener Ferkel in den 3 Betrieben über die Geburtsjahre
- Abbildung 21: Vergleich von Erstbelegungsalter und Nutzungsdauer in den 3 Betrieben
- Abbildung 22: Vergleich der relativen Veränderung der Wurfgröße im Betrieb 4
- Abbildung 23: Vergleich der Anzahl lebendgeborener Ferkel im Betrieb 4 über die Geburtsjahre
- Abbildung 24: Altersstruktur der Herde im Betrieb 4
- Abbildung 25: Vergleich der relativen Veränderung der Wurfgröße im Betrieb 5
- Abbildung 26: Vergleich der Anzahl lebendgeborener Ferkel im Betrieb 5 über die Geburtsjahre
- Abbildung 27: Altersstruktur der Herde im Betrieb 5
- Abbildung 28: Abgangsursachen klassifiziert nach den Komplexen für die Sauenerkrankungen
- Abbildung 29: Abgangsursachen spezifisch für den Bereich der Fruchtbarkeit
- Abbildung 30: Erkrankungskomplexe und die Häufigkeit ihres Auftretens in Abhängigkeit zur Wurfnummer
- Abbildung 31: Kommentare zur Belegung der Sauen
- Abbildung 32: Dokumentierte Erkrankungen in der Zeit während der Säugezeit bis zur erfolgreichen Wiederbelegung

Tabellenverzeichnis

- Tabelle 1: Ergebnisse der serologischen, bakteriologischen und molekularbiologischen Untersuchung von Blutproben und Organmaterial von Sauen mit Aborten
- Tabelle 2: Anzahl und Prozent der selektierten Sauen ausgehend vom gesamtem Datenmaterial und nach Rassen geordnet (abgewandelt nach HEUSING 2003)
- Tabelle 3: Verteilung der Abgangsursachen im Bereich Fruchtbarkeit
- Tabelle 4: Abgangsursache mit Häufigkeit und Zeitpunkt des Auftretens nach LUCIA et al.
- Tabelle 5: Ökonomische Parameter nach LUCIA et al.
- Tabelle 6: Beziehung zwischen Rückenfettdicke bei einem Gewicht von 100 kg und dem Anteil Sauen in %, die die Wurfnummer vier erreichen (BRISBANE & CHESNAIS 1996)
- Tabelle 7: Abgangsursachen und ihr Auftreten nach Wurfnummer sortiert
- Tabelle 8: Bestandsstruktur in den Untersuchungsbetrieben
- Tabelle 9: Neue Kommentarliste
- Tabelle 10: Zusammenfassung einzelner Erkrankungen zu Komplexen
- Tabelle 11: Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF und AGF in Betrieb 1
- Tabelle 12: Duldungsverhalten in Betrieb 1
- Tabelle 13: Jahreszeitlicher Einfluss auf die Fruchtbarkeit in Betrieb 1
- Tabelle 14: Entwicklung des EBA in Abhängigkeit zum Geburtsjahr der Sauen in Betrieb 1
- Tabelle 15: Erstbelegungsalter, Nutzungsdauer und Lebensleistung in Bezug zum Jahr des Ausscheidens der Sau für Betrieb 1
- Tabelle 16: Einfluss der Wurfnummer auf die Kennzahlen IGF, LGF und AGF in Betrieb 1
- Tabelle 17: Gesamtübersicht zur Entwicklung der Fruchtbarkeitskennzahlen in den Jahren 2000 bis 2006 in Betrieb 2
- Tabelle 18: Duldungsverhalten im Zusammenhang mit der Anzahl IGF in Betrieb 2
- Tabelle 19: Quartalsweise Übersicht zur Anzahl IGF, LGF und AGF in Betrieb 2
- Tabelle 20: Übersicht zur Entwicklung der Höhe des Erstbelegungsalters, der Nutzungsdauer und der Lebensleistung angegeben in der Anzahl geborener Würfe in Abhängigkeit vom Jahr des Ausscheidens der Sau in Betrieb 2
- Tabelle 21: Überblick zur Entwicklung der Wurfkennzahlen in Bezug zur Wurfnummer in Betrieb 2
- Tabelle 22: Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF, AGF in Betrieb 3 ausgehend vom Jahr der Abferkelung
- Tabelle 23: Duldungsverhalten der Sauen in Betrieb 3
- Tabelle 24: Jahreszeitlicher Einfluss auf die Fruchtbarkeit ausgehend vom Monat des Belegens in Betrieb 3
- Tabelle 25: Statistische Maßzahlen für Erstbelegungsalter, Nutzungsdauer
- Tabelle 26: Wurfgröße in Abhängigkeit von der Wurfnummer
- Tabelle 27: Vergleich der Wurfgröße zwischen den Betrieben über die Geburtsjahre
- Tabelle 28: Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF, AGF in Betrieb 4 ausgehend vom Jahr der Abferkelung
- Tabelle 29: Statistische Maßzahlen für die Merkmale Erstbelegungsalter und Nutzungsdauer
- Tabelle 30: Wurfgröße in Abhängigkeit von der Wurfnummer
- Tabelle 31: Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF, AGF in Betrieb 5 ausgehend vom Jahr der Abferkelung
- Tabelle 32: Statistische Maßzahlen für die Merkmale Erstbelegungsalter und Nutzungsdauer
- Tabelle 33: Wurfgröße in Abhängigkeit von der Wurfnummer
- Tabelle 34: Erkrankungshäufigkeit und Anzahl betroffener Sauen in Betrieb 3
- Tabelle 35: Vergleich der wichtigsten Abgangsursachen in den Betrieben 1 und 2

Abkürzungsverzeichnis

AGF	abgesetzte Ferkel
AK	Aujeszkysche Krankheit/Pseudowut
DE	Deutsches Edelschwein, Large White
DL	Deutsche Landrasse
Du	Duroc
ESP	Europäische Schweinepest
IGF	insgesamt geborene Ferkel
KSP	Klassische Schweinepest
LGF	lebend geborene Ferkel
MMA	Metritis, Mastitis, Agalaktie
PI	Pietrain
PRRS	Porcines reproduktives und respiratorisches Syndrom
SGD	Schweinegesundheitsdienst
SMEDI	Stillbirth, Mumification, Embryonic Death, Infertility

1 Einleitung und Zielstellung

Gesunde Tiere sind die Voraussetzung für das Erbringen guter und sehr guter Leistungen. Zwischen der Gesundheit und dem Leistungsvermögen eines Tieres bestehen sehr enge Beziehungen. Nach HÖRÜGEL (1993) muss dabei darauf geachtet werden, dass das Erbringen von Höchstleistungen nicht mit einem stabilen Gesundheitsstatus gleichzusetzen ist, wie ebenfalls eine verminderte Leistung nicht zwangsläufig das Ergebnis von Erkrankungen sein muss.

Sauen, die sehr gute Leistungen erbringen, reagieren äußerst sensibel auf Veränderungen in ihrer Umwelt. Sie können das genetisch vorhandene Leistungspotenzial nur in einem Optimum aller sie umgebenden Umweltfaktoren erbringen. Veränderungen in den Bereichen Fütterung und Haltung, Wechsel im Betreuungspersonal oder Rangkämpfe mit anderen Sauen können zu Stresssituationen und so zu einer Destabilisierung dieses Gleichgewichtes führen und somit das Auftreten von Erkrankungen fördern.

Ziel ist es daher, stabile Sauen einzusetzen. Robuste Sauen können ihr Leistungspotenzial auch in nicht optimal abgestimmten Systemen erbringen und sind weniger anfällig für Krankheiten. Zudem sollten die Sauen langlebig sein. Nur auf diese Weise lässt sich eine Selektion aufgrund von Leistungs- und Gesundheitsdaten durchführen. Bei Tieren, die bereits vor dem dritten Wurf aus dem Bestand ausscheiden, ist eine Aussage in Bezug auf Langlebigkeit nicht möglich.

Ziel dieser Untersuchungen ist es, ein System zur einheitlichen Erfassung von Erkrankungen in den Zuchtbetrieben zu implementieren. Ausgehend von diesen Ergebnissen sowie den Pedigreedaten der Einzeltiere wird geprüft, ob eine züchterische Einflussnahme auf Merkmale der Gesundheit möglich ist. Gleiches gilt für eine einheitliche Erfassung der Abgangsursachen und -zeitpunkte der Sauen aus den Zuchtbeständen. Diese Daten werden deskriptiv ausgewertet und hinsichtlich ihrer Eignung für die Zucht geprüft.

2 Literaturrecherche

Zentraler Punkt in der Schweineproduktion ist ein konsequentes Gesundheits- und Hygienemanagement. Durch Krankheiten werden Leistungsminderungen ausgelöst, die schnell zu wirtschaftlichen Einbußen führen können. Ein gesunder Tierbestand ist demzufolge die Grundvoraussetzung für eine leistungsstarke Produktion. Wie aber wird der Begriff der Gesundheit definiert? Nach Verlautbarung der WHO wird Gesundheit beschrieben mit dem „Zustand vollkommen körperlichen, seelischen und sozialen Wohlbefindens“. Aus naturwissenschaftlicher Sicht ist Gesundheit als die Abstimmung fein vernetzter Regelkreise auf die Sollwerte einer Homöostase zu verstehen. Innerhalb biologisch vertretbarer Schwankungsbreiten reagieren Tiere, abhängig von ihrer Konstitution und Kondition, unterschiedlich auf exogene und endogene Einflussfaktoren. Die Grenze zwischen Gesundheit und Krankheit ist dabei nicht immer eindeutig. Mit wissenschaftlichen Methoden kann innerhalb messbarer Größen jedoch die Abwesenheit von Krankheiten angenommen werden (PRANGE 2004).

Das Auftreten von Krankheiten stört das Gleichgewicht (Homöostase) des Tieres. Es kommt zu veränderten morphologischen und funktionellen Bedingungen sowie möglicherweise zu Veränderungen im Verhalten. Diese Veränderungen können akuter, chronischer, klinischer oder subklinischer Art sein. Im Regelfall ist eine Diagnose der Erkrankung durch die Beschreibung der Ursachen und Ausbildung am Organismus zu stellen. Subklinische Veränderungen und Leistungsminderungen (speziell eine verschlechterte Fruchtbarkeit, Zunahmen) haben einen hohen diagnostischen Gehalt, weil sie manchmal die einzigen Anzeichen einer Erkrankung sind.

Die Ausprägung einer Krankheit ist von einer großen Anzahl biotischer, abiotischer, endogener und exogener Faktoren abhängig. Gleichzeitig spielt das Erregerspektrum an fakultativ und obligat pathogenen Keimen eine Rolle. Die Wechselwirkung der verschiedenen ebenfalls noch beteiligten Faktoren wird in Abbildung 1 schematisch dargestellt.

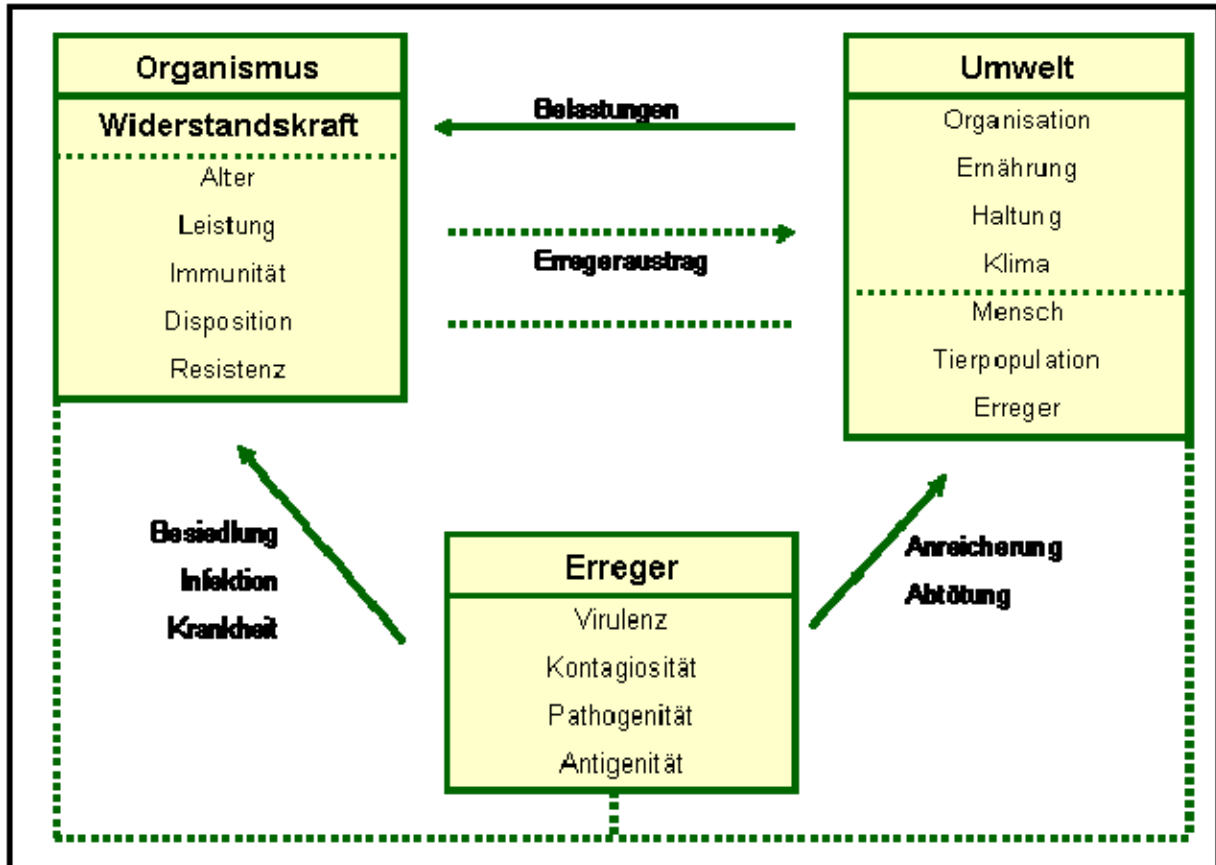


Abbildung 1: Schematische Darstellung der Wechselwirkung von Organismus, Umwelt und Erregern als Voraussetzung von Krankheit und Gesundheit (nach PRANGE)

2.1 Systematik der Erkrankungen

Je nach Lehrbuch unterscheiden sich die Meinungen nach einer systematischen Einteilung der Erkrankungen. Oftmals ist eine Zuordnung nach bestimmten Erregern oder Krankheitsbildern nicht immer zweifelsfrei und eindeutig möglich. PRANGE (2004) unterscheidet in Infektionskrankheiten, Parasitenbefall, Organerkrankungen sowie in Stoffwechsel- und Mangelkrankungen. Die exakte Einteilung wird in Abbildung 2 ersichtlich.

1. *Infektionskrankheiten*
 - a. *Anzeige- und meldepflichtige Krankheiten*
 - b. *Infektiöse Faktorenkrankheiten (MMA, SMEDI)*
2. *Parasitenbefall mit Ekto- und Endoparasiten*
 - a. *Ektoparasiten Räude milben, Läusebefall*
 - b. *Endoparasiten (Toxoplasmose, Spulwurminfektion)*
3. *Organerkrankungen*
 - a. *am Atmungsapparat (weniger bei Sauen)*

- b. *an den Geschlechtsorganen*
 - *KSP, M. Auj., SMEDI, Influenza, PRRS, Rotlauf, Listeriose, Leptospirose, Mykotoxine, Belastungen*
- c. *am Bewegungsapparat*
 - *Gelenkrotlauf, Epi- und Apophyseolysis, Stellungs- und Haltungsanomalien, Klauenverletzungen, Chondroosteopathien, Sonstiges*
- d. *Magen-Darm*
 - *Camylobacter, Salmonellen, Dysenterie, Coronaviren (Epizootische Virusdiarrhoe), Magengeschwüre, Endoparasiten, porcine infektiöse Adenomatose*
- e. *Haut (durch Bakterien, Viren oder Parasiten verursacht)*
- f. *ZNS (KSP, M. Auj.)*

4. *Mangel- und Stoffwechselerkrankungen*

- a. *Eisen-, Jod- und Zinkmangel (bei Sauen vor allem Jodmangel)*
- b. *Chondroosteopathien (ab 50 kg LM Beinschwäche)*
- c. *Hypoglykämie der Saugferkel*
- d. *Ernährungsbedingte Myopathie*
- e. *Genetisch disponierte Belastungsmyopathie*

Abbildung 2: Systematik der Erkrankungen (nach PRANGE)

Nach NEUNDORF & SEIDEL (1987) erfolgt die Einteilung in folgende Gruppen: ernährungsbedingte Erkrankungen, Organkrankheiten und Infektionskrankheiten, unterschieden in Virus- und bakterielle Krankheiten, Mykosen und Parasitosen.

2.2 Programme der Tierseuchenkasse/Schweinegesundheitsdienst

Grundlage für die Arbeit des Schweinegesundheitsdienstes (SGD) ist die „Richtlinie für den Schweinegesundheitsdienst der Sächsischen Tierseuchenkasse“ vom 14. April 2005. Der Schwerpunkt der Arbeit des SGD liegt dabei auf der Beratung der Betriebe zu Fragen der Produktionshygiene, der Diagnostik von infektiösen und nicht infektiösen Erkrankungen sowie der Erkennung von leistungsmindernden Faktoren. Ein weiterer wichtiger Aspekt ist die Betreuung des Fruchtbarkeits- und Abortprogramms sowie des Herdbuchzucht-Tiergesundheitsprogramms.

Fruchtbarkeits- und Abortprogramm

Das Programm zur Verbesserung der Fruchtbarkeitsleistung von Sauen in sächsischen Schweinezuchtbeständen ist datiert vom 20. Januar 2002. Es ist ein Programm des Sächsischen Staatsministeriums für Soziales, Gesundheit und Familie und der Sächsischen Tierseuchenkasse. Die Teilnahme an diesem Programm ist fakultativ.

Zur Abklärung von Aborten wurde am 18. Oktober 2004 ein Programm für Pferde, Rinder, Schafe, Ziegen und Schweine definiert. Dieses Programm dient der Ursachenforschung für Verferkelungen sowie einer möglichen Reaktion auf erregerbedingte Aborte.

Im Ergebnis der beiden Programme zeigt sich, dass in intensiv gehaltenen Sauenherden eine sehr gute seuchenhygienische Absicherung besteht sowie eine effiziente Immunprophylaxe durchgeführt wird. Dies bestätigen die Ergebnisse des Abortprogramms, wo nur in wenigen Fällen die Ursachen für Verferkelungen im infektiösen Bereich ermittelt werden konnten. Die Ergebnisse werden in Tabelle 1 dargestellt.

Es zeigt sich, dass sowohl Leptospiren als auch anzeigepflichtige Tierseuchen nur selten Ursache für Aborte sind. Die Untersuchungen von Feten ergeben kein einheitliches Bild, belegen aber, dass keine dominierenden Erreger vorhanden waren. Zur weiteren Abklärung der Aborte wurde die Mykotoxinbelastung der Sauen untersucht. Hier konnten Zusammenhänge zwischen der Belastung der Sauen durch das Futter nachgewiesen werden. Die Diagnostik erfolgte durch eine Untersuchung der Gallenflüssigkeit der betroffenen Tiere.

Tabelle 1: Ergebnisse der serologischen, bakteriologischen und molekularbiologischen Untersuchung von Blutproben und Organmaterial von Sauen mit Aborten (Quelle: BERICHT 2005 DER SÄCHSISCHEN TIERSEUCHENKASSE)

Untersuchungen von Blutproben auf Antikörper gegen	gesamt N	davon positiv n %		Untersuchungen von Feten auf	gesamt n	davon positiv n %	
ESP	682	0	0	PRRSV	50	2	4,0
AK	681	0	0	PCV-2	36	6	16,7
Brucellose	683	0	0	Parvovirus	49	1	2,0
PRRS	250	16	6,4	Parvovirusantikörper	28	19	67,9
Leptospira pomona	709	3	0,4	Bakteriologische Untersuchungen	55	18	37,7
Leptospira tarassovi	694	1	0,1				

Herdbuchzuchtbetriebe nehmen an dem Tiergesundheitsprogramm der Sächsischen Tierseuchenkasse teil. Dieses hat die Freiheit von PRRS und Räude sowie die Eliminierung der toxinbildenden Pasteurellen zum Ziel. Weil ein stabiler Gesundheitszustand in den Herdbuchbetrieben eine besonders wichtige Rolle auch für die nachgelagerten Bereiche spielt, wurde das Programm zusammen mit dem Mitteldeutschen Schweinezuchtverband und der Sächsischen Tierseuchenkasse vereinbart.

Für Herdbuchzuchtbetriebe sind detaillierte Ergebnisse auf eine Erregerfreiheit zur PRRS-Infektion und zur Räude vorhanden. In Bezug auf toxinbildende Pasteurellen liegen Untersuchungen zum Erregerdruck vor. Eine Eliminierung dieser Erreger wird angestrebt. Für die einzelnen Betriebe ist das Vorkommen anderer bakterieller Erreger von Atemwegs- und Durchfallerkrankungen bekannt. Eine Bekämpfung erfolgt in Abstimmung mit den betroffenen Betrieben.

Die Sächsische Tierseuchenkasse bietet weiterhin spezielle Programme zur Bekämpfung der Schnüffelkrankheit (RPa-Programm) sowie des Virus des PRRS an. Bei einer konsequenten Teilnahme an diesen Programmen der Sächsischen Tierseuchenkasse kann ein hoher und stabiler Gesundheitsstatus in den Betrieben erreicht werden.

2.3 Nutzungsdauer und Abgangsursachen

Es wird angestrebt, eine Sau möglichst lange zu nutzen. Das Leistungsoptimum wird erst im 3. bis 5. Wurf erreicht. STALDER (2003) gibt an, dass eine Sau drei bis vier Würfe erbringen muss, um die Kosten, die sie für ihre Aufzucht verursacht hat, zu ersetzen. Dafür ist es notwendig, dass die Sauen sich als stabil gegenüber ihrer Umwelt erweisen. Weiterhin ergibt sich nur auf diese Weise die Möglichkeit einer Leistungsselektion bzw. einer Selektion auf Merkmale einer stabilen und langlebigen Sau, wobei eine lange Nutzungsdauer einer schnellen Nutzung des züchterischen Fortschritts entgegensteht. HEUSING (2003) untersuchte bei Sauen der Deutschen Landrasse, des Deutschen Edelschweins und für Pietrainsauen die Abgangsursachen sowie den Einfluss auf die Lebensleistung. Das ausgewertete Datenmaterial ist sehr umfangreich. Es wurden 655 DE-Sauen, 13.005 DL-Sauen und 6.473 PI-Sauen untersucht. Als Hauptgrund für eine Selektion erweist sich mit 15 % bei DE und PI

sowie mit 20 % für DL Sauen eine schlechte Fruchtbarkeit. An zweiter Stelle folgen für alle drei Rassen mit 11–13 % Erkrankungen. Für Pietrainsauen schließt sich an dritter Stelle eine schlechte Mastleistung als Merzungsgrund an. Dies ist mit der Nutzung der Pietrain als Vatterrasse zu begründen. Die weitere Verteilung der Abgangsgründe ist der Tabelle 2 zu entnehmen.

Tabelle 2: Anzahl und Prozent der selektierten Sauen ausgehend vom gesamten Datenmaterial und nach Rassen geordnet (abgewandelt nach HEUSING 2003)

Abgangsursache	DE		DL		Pi	
geringe Zuchtleistung	29	4 %	797	6 %	258	4 %
geringe Mast-/Schlachtleistung	10	2 %	397	3 %	507	8 %
ausbleibende Trächtigkeit	95	15 %	2.651	20 %	953	15 %
Krankheit	70	11 %	1.707	13 %	754	12 %
Überzählig	15	2 %	247	2 %	423	7 %
Alter	66	10 %	1.148	9 %	360	6 %
Sonstige	370	57 %	6.058	47 %	3.218	50 %
Summe	655	100 %	13.005	100 %	6.473	100 %

Auffällig ist der hohe Anteil an Sauen, die mit dem Abgangsgrund „Sonstiges“ aus dem Bestand ausscheiden. Es wird nicht ersichtlich, welche Erkrankungen oder Befunde in diesem Punkt zusammengefasst werden. Eine geringe Zuchtleistung spielt bei allen drei Rassen nur eine untergeordnete Rolle. Möglicherweise hängt dies mit den hohen Werten für „Sonstige“ zusammen.

STALDER (2004) untersuchte die 10 % besten Betriebe, die im Programm PigChamp registriert wurden. Die Rangierung der Abgangsursachen ergibt hier ein anderes Bild. Wiederum ist die Fruchtbarkeit mit 35 % der Hauptgrund, aus dem sich Abgänge ergeben. An zweiter Stelle folgt aber das Alter zusammen mit der Wurfleistung, jede 5. Sau verlässt aus diesen Gründen den Bestand. Wenn Sauen aus Gründen der Fruchtbarkeit ausscheiden, so erfolgt die Verteilung der Ursachen wie in Tabelle 3 dargestellt.

Tabelle 3: Verteilung der Abgangsursachen im Bereich Fruchtbarkeit

Ursache	Prozentualer Anteil
Umrauscher	40 – 50 %
Negative TU	15 – 20 %
Leere Sauen	20 – 30 %
Verferkeln	5 – 15 %
Andere Gründe	0 – 5 %

Untersuchungen von LUCIA et al. (2000) berücksichtigen die Daten von 28 PigChamp Herden über einen Zeitraum von fünf Jahren. Die Ergebnisse von etwa 8.000 Sauen wurden ausgewertet hinsichtlich der Abgangsursachen und des Anteils unproduktiver Tage je Sau. Die Nutzungsdauer wurde definiert als Differenz zwischen dem Eintrittsdatum in die Herde und dem Tag des Ausscheidens. Die Anzahl unproduktiver Tage errechnet sich aus der Nutzungsdauer abzüglich der Tage in der Laktation und Tagen in der Trächtigkeit, dividiert durch die Nutzungsdauer und multipliziert mit 100.

Im Ergebnis wurden 42 verschiedene Abgangsursachen, kategorisiert in sieben Klassen dokumentiert.

- Tod: selektiert, ohne dass im Sauenplaner ein eindeutiger Grund zu finden wäre
- Krankheit/Probleme p.p.: Metritis, Gebärmuttervorfall, eitriger Ausfluss, Störungen des Magen-Darm-Traktes, Herz-Kreislauf-Erkrankungen, Probleme mit dem ZNS
- Fundamentprobleme: Verletzungen, Lahmheiten, instabiles Fundament
- Wurfeigenschaften: Wurfgröße, Wurfqualität, Leistung während der Sägezeit, Aufzuchtleistung, Geburtsschwierigkeiten
- Fruchtbarkeit: Anöstrie, Umrauscher, Leersauen
- Alter: teilweise unterschiedlich definiert, weil in einigen Herden automatisch zu einer bestimmten Wurfnummer selektiert wird, sodass der Begriff des Alters eine eingeschränkte Bedeutung hat
- andere Gründe: Verhaltensstörungen, Marketinggründe

Tabelle 4 gibt einen Überblick zu den dokumentierten Abgangsursachen in Verbindung mit dem Zeitpunkt des Ausscheidens aus dem Bestand.

Tabelle 4: Abgangsursache mit Häufigkeit und Zeitpunkt des Auftretens nach LUCIA et al.

Grund	Wurfnummer zum Zeitpunkt des Abgangs								n	%
	0	1	2	3	4	5 - 6	7 - 8	9 +		
Fruchtbarkeit	35,9	19,3	11,5	9,8	8,0	10,7	3,8	1,0	2680	33,6
Wurfparameter	-	10,5	13,9	14,7	17,1	25,1	13,9	4,7	1644	20,6
Andere	18,5	15,9	13,0	13,4	12,6	17,4	7,4	1,8	1062	13,3
Fundament	20,4	19,8	15,0	13,5	10,2	14,0	5,6	1,5	1054	13,2
Alter	0,4	0,1	0,4	1,3	2,9	23,5	43,4	28,0	694	8,7
Tod	14,2	14,1	16,1	14,4	13,6	17,5	7,5	2,7	590	7,4
Krankheit p.p.	12,9	15,3	13,7	10,8	14,9	22,5	6,4	3,6	249	3,1
Summe %	18,7	14,9	12,1	11,4	10,9	17,0	10,4	4,5	7973	100,0

Das größte Problem stellt die Fruchtbarkeit dar. Bereits 35,9 % der Sauen verlassen den Bestand, bevor sie den ersten Wurf erbracht haben. Fundamentprobleme sind ebenfalls ein wichtiger Abgangsgrund. Hier scheiden bereits 20 % aller Sauen mit diesem Abgangsgrund vor dem ersten Wurf aus. Das Alter spielt erst in höheren Wurfnummern eine Rolle.

Es wurde weiterhin die Anzahl unproduktiver Tage je Sau und Leben ermittelt. Die Ergebnisse sind in Tabelle 5 dargestellt. LUCIA et al. kommen zu dem Ergebnis, dass es sinnvoll ist, eine Sau auch in höheren Wurfnummern - sie schlagen vor bis zum 9. Wurf - zu nutzen.

Tabelle 5: Ökonomische Parameter nach LUCIA et al.

Parameter	Mittelwert	Median	Standardabweichung
<i>Zeit in der Zuchtherde und kumulierte Leistung (ab Jungsau, n = 6.303)</i>			
Herdentage	691,0	640,5	357,3
Herdentage/besamte Sau	668,3	615,0	359,4
unproduktive Tage (%)	21,6	17,6	15,9
unproduktive Tage (%) / besamte Sau	17,6	13,7	15,1
IGF/Leben	45,0	40,0	29,7
LGF/Leben	41,3	37,0	27,1
AGF/Leben	35,6	32,0	23,3
<i>Lebensleistung/Wurf</i>			
IGF/abgesetzter Wurf	10,7	10,8	2,2
LGF/abgesetzter Wurf	9,8	10,0	2,1
AGF/abgesetzter Wurf	8,7	8,9	1,8
<i>Produktivität je Jahr in der Zuchtherde</i>			
<i>(Sauen, die mind. 1 Jahr in der Zuchtherde sind, n = 4.887)</i>			
unproduktive Tage/a in der Zuchtherde	69,9	56,4	52,0
unproduktive Tage/besamter Sau/a in der Zuchtherde	60,0	45,7	50,5
abgesetzte Würfe/a in der Zuchtherde	2,2	2,2	0,4
abgesetzte Würfe/besamter Sau/a in der Zuchtherde	2,2	2,3	0,4
AGF/a in Zuchtherde	18,7	19,2	4,3
AGF/besamter Sau/a in Zuchtherde	19,3	19,8	4,3

Die Altersstruktur spielt eine sehr große Rolle. WÄHNER (2004) verweist auf diesen Effekt in einer Herde. Hohe Abgangszahlen führen zu hohen Remontierungsraten und somit zu einer geringen Nutzungsdauer der Sauen. Dies hat wiederum zur Folge, dass der Anteil an Jungsauen und primiparen Sauen erhöht ist. Dabei erreichen Sauen erst in den Würfen 5 und 6 ihr optimales Leistungsniveau. Eine Nutzung der Sauen bis in das 3. Lebensjahr hinein ermöglicht demzufolge das Ausnutzen des vorhandenen genetischen Potenzials im Bereich der Fruchtbarkeit. In Abbildung 3 wird verdeutlicht, wie der Anteil Jungsauen, d.h. der Anteil erste Würfe an der Gesamtanzahl erbrachter Würfe, mit der Anzahl abgesetzter Ferkel je Sau und Jahr und der Lebensleistung der Sauen in Verbindung zu bringen ist. Bei dieser Kalkulation sind 2,35 Würfe je Sau und Jahr unterstellt.

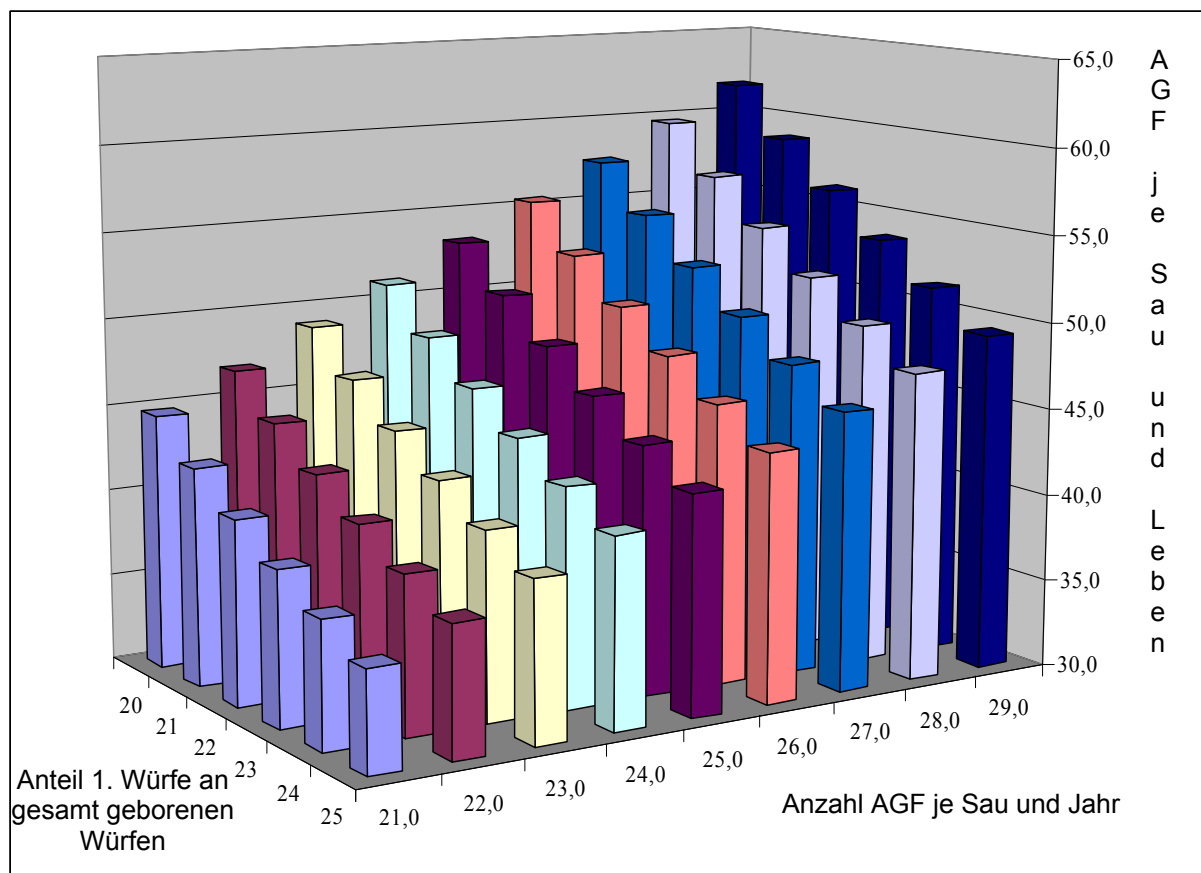


Abbildung 3: Entwicklung der Lebensleistung in Abhängigkeit zum Anteil 1. Würfe an den insgesamt geborenen Würfen

Bei einer Verringerung des Anteils erster Würfe steigt die Nutzungsdauer der Sauen durch die niedrigere Remontierungsrate. Die Lebensleistung steigt somit an. Durch den erhöhten Anteil an Altsauen erhöht sich zudem die Zahl abgesetzter Ferkel je Sau und Jahr. Bei einem Anteil an ersten Würfen von 20 % und 2,35 Würfen je Sau und Jahr kann eine Lebensleistung von 60 Ferkeln und mehr erreicht werden.

Untersuchungen von BRISBANE & CHESNAIS (1997) zu Rückenfettdicke ergaben zudem stark negative Beziehungen zwischen mageren Sauen und der Nutzungsdauer. Die Jungsauen wurden anhand ihrer Rückenfettdicke in drei Klassen eingeteilt: mager < 10 mm, mittel 10 – 18mm, fett > 18 mm. In dieser Untersuchung zeigte sich, dass weniger Sauen aus der Klasse „mager“ den vierten Wurf erreichten als aus der Klasse „fett“. Das Prinzip einer höheren Verbleiberate von Sauen mit einer verstärkten Fettauflage zum Selektionszeitpunkt wird in Untersuchungen von ROZEBOOM (1996) ebenfalls beschrieben.

Das Alter der ersten Zuchtbenutzung spielt eine wichtige Rolle. LE COZLER et al. (1998) und HUGHES & VARLEY (2003) merken an, dass eine zu frühe Zuchtbenutzung mit einer geringeren Lebensleistung der Tiere einhergeht. Ein Problem ergibt sich ihrer Meinung nach nur, wenn durch eine spätere Belegung möglicherweise unfruchtbare Tiere nicht rechtzeitig erkannt werden und so einen kostenintensiven Sauenplatz blockieren könnten. Nach LE COZLER et al. (1998) werden die besten Ergebnisse bei einem Erstbelegungsalter von 240 Tagen erzielt. Ein ähnliches Ergebnis erhält DUSEL (2006). Anhand der Verbleiberate der Sauen bis zum dritten Wurf weist er nach, dass Sauen, die ab einem Alter von 240 Tagen belegt wurden, eine höhere Verbleiberate aufweisen als Sauen, die zu einem früheren Zeitpunkt belegt wurden. Der positive Einfluss einer späteren Belegung zeigt sich auch in einer besseren Lebensleistung der Sauen in Ferkel/Sau/Jahr, vgl. Abbildung 4. Das Belegen der Sauen zu einem

späteren Zeitpunkt hat zudem den Nebeneffekt, dass die Sauen nicht in ihrer ersten Rausche besamt werden, sondern erst zur dritten. Es ist nachgewiesen, dass Jungsauen, die zu früh z. B. in der Transportrausche belegt werden, keine guten Wurfsergebnisse erzielen und erhöhte Güstzeiten aufweisen. Dieser Komplex geht einher mit dem erhöhten Druck einer Selektion aufgrund schlechter Wurfleistungen. Diese Sauen haben meist Probleme mit einem zu hohen Gewichtsverlust während der Säugezeit, was wiederum verlängerte Absetz-Konzeptions-Intervalle zur Folge hat.

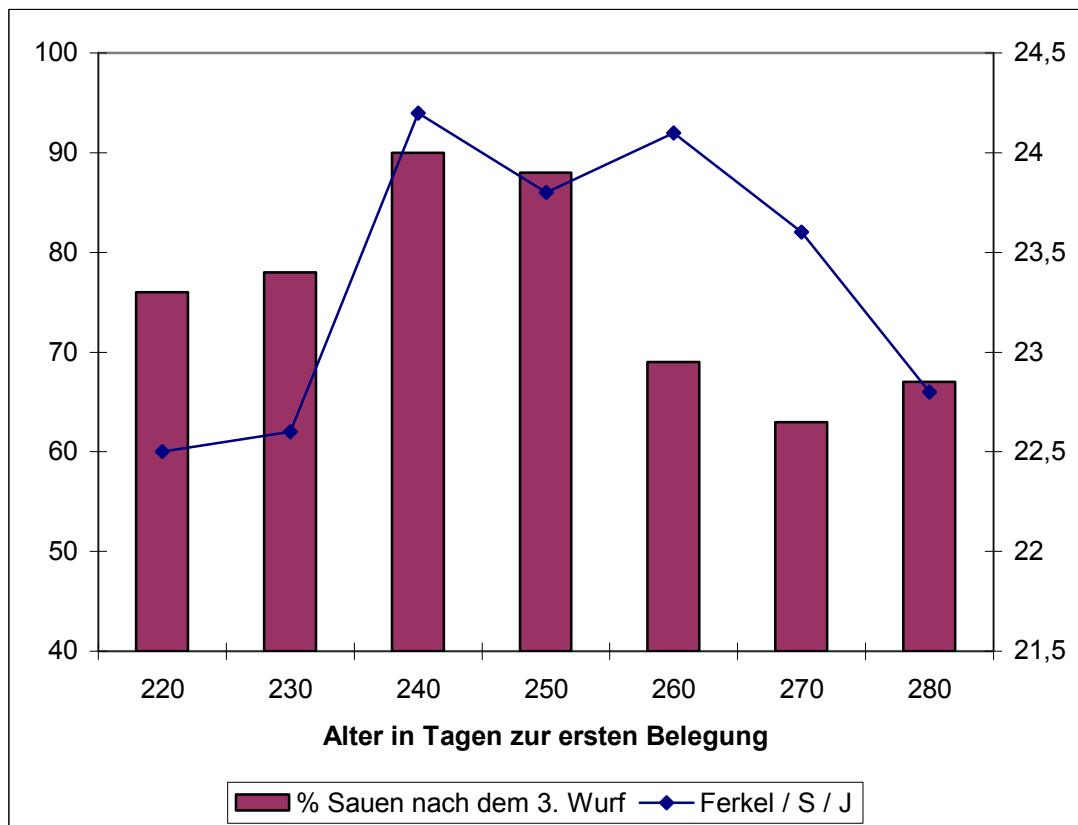


Abbildung 4: Verbleiberate an Sauen bis zum dritten Wurf sowie die Lebensleistung der Sauen in Abhängigkeit vom Alter zur ersten Belegung (DUSEL 2006)

FOXCROFT (2004) merkt an, dass die Körperkondition zur ersten Belegung nicht entscheidend ist, vorausgesetzt, die Tiere müssen in der ersten Laktation nicht zuviel ihrer Körperfettreserven mobilisieren. BRISBANE & CHESNAIS haben 1996 eine Studie veröffentlicht, worin ersichtlich wird, dass die Rückenfettdicke bei einem Körpergewicht von 100 kg einen Einfluss darauf hat, wie viele Sauen die Wurfnummer vier erreichen. Die genauen Werte sind der Tabelle 6 zu entnehmen.

Tabelle 6: Beziehung zwischen Rückenfettdicke bei einem Gewicht von 100 kg und dem Anteil Sauen in %, die die Wurfnummer vier erreichen (BRISBANE & CHESNAIS 1996)

Rasse	< 12 mm	13 - 16 mm	> 16 mm
Landrasse (n = 19.031)	24	40	50
Large White (n = 17.414)	27	36	47

Jungsauen mit einer erhöhten Rückenfettauflage (mehr als 16 mm) weisen somit eine deutlich höhere Nutzungsdauer auf. Untersuchungen von GAUGHAN et al. (1995) bestätigen diese These. Sie untersuchten die Anzahl Würfe im Leben einer Jungsau in Abhängigkeit zur Rückenfettdicke zum Zeitpunkt der Selektion. Sie stellten heraus, dass Jungsauen mit mehr als 16 mm Rückenfettauflage mit 3,75 mehr Würfe erbringen als Jungsauen, die weniger als 14 mm aufweisen. Diese Jungsauen scheiden im Mittel bereits nach 2,81 Würfen aus dem Bestand aus. Abbildung 5 verdeutlicht Ergebnisse einer Untersuchung von HEUSING (2006), nach wie vielen erbrachten Würfen Sauen, unterschieden nach Rasse, aus dem Bestand selektiert werden.

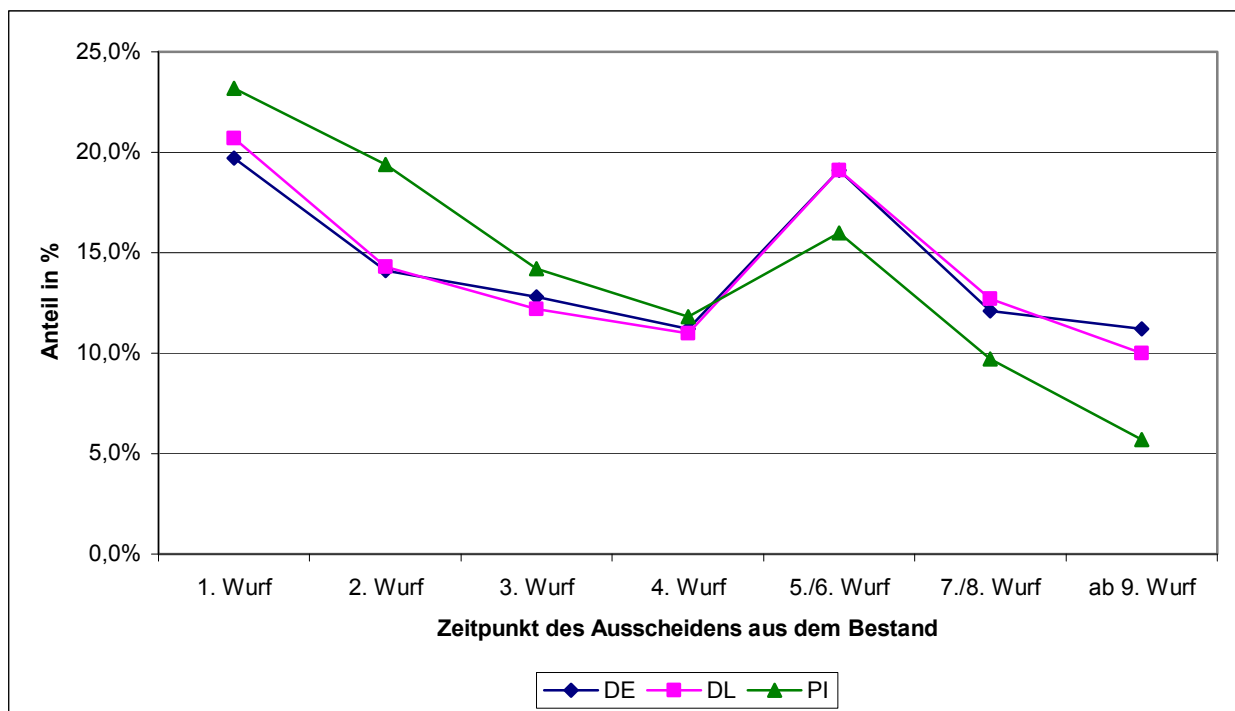


Abbildung 5: Verlaufskurve zum Zeitpunkt des Ausscheidens der Sauen aus dem Bestand nach Ergebnissen von HEUSING

Unabhängig von der Rassezugehörigkeit zeigt sich, dass nach dem ersten Wurf ein erhöhtes Risiko besteht. Etwa 19–24 % aller Abgänge finden vor dem zweiten Wurf statt. Kumuliert haben vor dem vierten Wurf bereits 46,6 % aller DE-Sauen, 47,2 % aller DL-Sauen und 56,8 % aller PI-Sauen den Bestand verlassen. Dies bestätigen Aussagen von DUSEL (2006), welcher anmerkte, dass im Durchschnitt ca. 50 % der Sauen innerhalb der ersten drei Würfe ausscheiden. Dieser Wert erscheint vor dem Hintergrund des Ausschöpfens des genetisch vorhandenen Leistungspotenzials problematisch.

Ein weiterer wichtiger Aspekt ist, wann welche Gründe zum Ausscheiden führen. Auswertungen von CARROLL (1999) geben Aufschluss zum zeitlichen Auftreten der fünf häufigsten Abgangsursachen: Alter, Fruchtbarkeit, Fundamentprobleme und schlechte Wurfleistung und Tod. Die Ergebnisse sind in Tabelle 7 zusammengefasst.

Tabelle 7: Abgangsursachen und ihr Auftreten nach Wurfnummer sortiert

Abgangsursache	Wurfnummer							
	0	1	2	3	4	5	6	7
hohes Alter	-	-	-	-	-	1	8	28
Fruchtbarkeit	10	27	22	13	7	7	6	4
Fundamentprobleme	3	32	20	15	7	7	10	2
schlechte Wurfleistung	-	2	28	23	6	14	14	9
Tod	6	25	17	17	8	10	7	5

Es wird ersichtlich, dass bereits 10 % der Sauen, die aus Gründen mangelnder Fruchtbarkeit ausscheiden, noch vor dem ersten Wurf selektiert werden. Vor dem vierten Wurf ist somit die Fruchtbarkeit mit 72 % der Hauptselektionsgrund. An zweiter Stelle folgen Probleme mit dem Fundament (60 %) und an dritter Stelle schlechte Wurfleistungen der Sauen (53 %). Todesfälle infolge von Krankheiten oder plötzlichem Verenden treten gleichmäßig verteilt über alle Wurfnummern verteilt hin auf.

3 Material und Methoden

3.1 Betriebe und Datenmaterial

Für die Auswertung liegen die Daten aus fünf Betrieben in Mitteldeutschland vor, drei Betriebe aus Sachsen und zwei aus Thüringen. Alle Betriebe sind anerkannte Zuchtbetriebe im Mitteldeutschen Schweinezuchtverband e. V. Die Bestandsstruktur an Zuchttieren wird in der folgenden Tabelle 8 ersichtlich.

Tabelle 8: Bestandsstruktur in den Untersuchungsbetrieben (Anzahl HB-Sauen)

	Deutsche Landrasse	Large White	Pietrain	Duroc
Betrieb 1	1.304	54	0	0
Betrieb 2	778	0	27	30
Betrieb 3	414	0	0	0

Die Auswertungen beschränken sich auf Sauen der Deutschen Landrasse. Der Datenumfang für die Rassen Large White, Pietrain und Duroc ist für eine fundierte Aussage zu klein.

Für jede Sau stehen Daten zu den Eckpunkten Geburt, Eigenleistung zur Einstufung, erbrachte Würfe und Ausscheiden aus der Herde zur Verfügung. Diese Eckpunkte werden durch folgende teils abgeleitete Merkmale beschrieben:

- Geburt Geburtsdatum
- Eigenleistung Lebensstagszunahme
Ultraschall
Boniturnoten (TRKFGB)
- Würfe Anzahl insgesamt, lebend geborener und abgesetzter Ferkel
errechnet → Erstbelegungsalter und Zwischenwurfzeit
Kommentare zum Belegen, zur Trage- und Säugezeit, zum Absetzen
Zuchtwerte
- Ausscheiden Abgangsdatum und Abgangsgrund (in Betrieben 1 und 2)
errechnet → Nutzungsdauer

Die Berechnung der Merkmale Nutzungsdauer, Erstferkelalter und Lebensdauer ist in Abbildung 6 beschrieben.

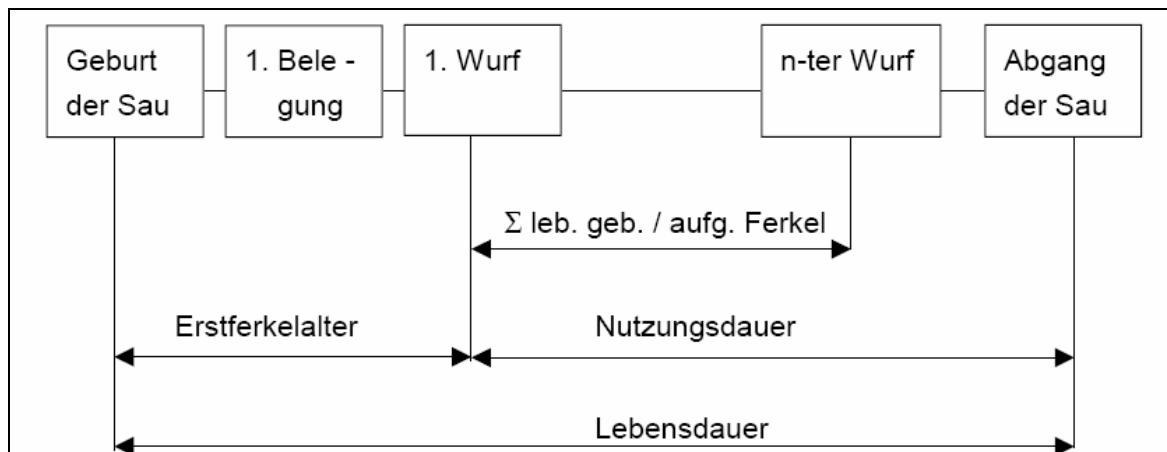


Abbildung 6: Intervalle der Leistungsmerkmale (HEUSING 2003)

Mögliche Effekte auf die Leistung eines Tieres sowie eine mögliche Erkrankung werden durch das Tier selbst definiert, durch die Elterntiere sowie durch den Betrieb.

3.2 Kommentarliste von agrocom®

Die Datenverwaltung erfolgt in den Betrieben mit dem Herdenmanagement-Programm „Supersau“ von agrocom®. Mit Hilfe dieses Programms besteht die Möglichkeit, alle anfallenden Daten einzeltierbezogen und zugeordnet zum jeweiligen Wurf zu halten, auszuwerten und zu archivieren. Die Eingabemaske für den Landwirt ist in Abbildung 7 dargestellt.

Sau - 170176

Finde Name:

Abgang/Versetz. Notiz

Identität Würfe Leistung Würfe-Grafik Behandlungen

Wurf	Belegung	Kom	AbferkelnKom	Absetz. Kom	zwtleb	tot	ml	anovs	vl	ab
1-1	27.09.04	Jilsab	19.01.05	16.02.05	147	12	5		2	10
2-1	21.02.05	Tafto	15.06.05	29.06.05	133	8	3	2	10	
3-1	04.07.05	Tafto	26.10.05	16.11.05	140	12	6	-7	5	

☐ Belegen/TK-Test
 ☒ Abferkeln
 ☐ Verluste/Absetzen
 ☐ Amme/Wiegen
 ☐ Ferkel

Abferkeln

Datum: 15.06.2005

lebend: 8

tot:

Mumien:

männlich:

versetzt: + 10 - 8 2

Kommentar:

Kommentar:

Verworfen ☐

Stall:

Wurfgewicht: 13,00

Ferkelgewicht: 1,63

Ohrnummer links:

Wurfregister:

Anomalien

Stück Art

Abbildung 7: Beispiel der Datenverwaltung mit Hilfe des Programms Supersau von agrocom®

Im unteren Teil der Eingabemaske hat der Landwirt die Möglichkeit, Kommentare zu notieren. Die Anordnung der Kommentare erfolgt durch die Bildung von Kommentargruppen chronologisch zum Ablauf eines Wurfs, beginnend mit dem Belegen der Sau, gefolgt von der Trächtigkeit, der Geburt, der Säugezeit, dem Absetzen der Ferkel, vorgenommenen Impfungen und Impfarten, Anomalien der Ferkel, den Ursachen des Ausscheidens der Sau aus dem Bestand, Verlusten während der Säugezeit und Aufzuchtcommentaren. Die Auswahlmöglichkeit an Kommentaren ist mit einer Basis von etwa fünf Möglichkeiten je Gruppe im Grundsatz vorgegeben, kann aber durch den jeweiligen Landwirt angepasst und ergänzt werden. Durch diese Ergänzungen finden in einem der untersuchten Betriebe mehr als 180 verschiedene Kommentare ihre Anwendung. Eine Übersicht dieser ergänzten Kommentarliste befindet sich im Anhang.

Die Verschlüsselung der Kommentare erfolgt durch einen drei- bis vierstelligen Zahlencode. Bei der Auswahl des betreffenden Kommentars sieht der Landwirt den Code sowie die dazugehörige Beschreibung im Wortlaut. Eingetragen wird nur der Zahlencode.

Die Kommentare jeder Gruppe können aus dem Programm für weitere Untersuchungen als txt-, xls- oder xml-Datei exportiert werden. In diesem Fall werden die erforderlichen Daten als txt-Datei ausgelesen und in eine Access Datenbank überführt. Die Auswertungen erfolgen mit Hilfe von Access und dem Statistikprogramm SPSS 14.0.

3.3 Erstellen der neuen Kommentarliste

Die bisherige Anordnung und Nutzung der Kommentare ist sehr ungenau und kaum an eine Systematik von Erkrankungen angepasst. Dadurch erschweren sich die Auswertung sowie die Vergleichbarkeit unter den Betrieben, weil bisher jedes Unternehmen seine eigene Kommentarliste verwendet hat. Zudem sind viele Kommentare enthalten, die nicht eindeutig der Sau oder dem Ferkel zuzuordnen sind.

In Zusammenarbeit mit Tierärzten wurde eine neue Kommentarliste erstellt. Diese orientiert sich an der bisherigen chronologischen Auflistung. Grundsätzlich wird unterschieden in Erkrankungen der Ferkel und der Sau sowie Auffälligkeiten beim Absetzen der Ferkel. Zusätzlich besteht wieder die Möglichkeit für jeden Betrieb, eigene Kommentare einzufügen. Dies beschränkt sich auf die Eingabe von Daten und Kommentaren, die für eine Auswertung der Daten zur Gesundheit nicht relevant sind, zum Beispiel die Benennung eines Besamungstechnikers. Eine gesteuerte Anwendung dieser vereinheitlichten und gekürzten Variante wird die Anwendung erleichtern und die Vergleichbarkeit gewährleisten.

Tabelle 9: Neue Kommentarliste

Gruppe	Kürzel	Bezeichnung	Kommentar
Belegen	101	DV1	Duldung KB 1
	102	DV2	Duldung KB 2
	103	DV3	Duldung KB 1 und 2
	104	DV0	keine Duldung
	105	unruhig	
	106	Rückfluss	
	107	TU negativ	
	108	erneute Besamung	
Geburt	301	Partusinduktion	

Gruppe	Kürzel	Bezeichnung	Kommentar
	302	Frühgeburt	vor 113. TT
	303	Abort	
	304	Geburt mit Hilfe	
	305	Geburt mit Kaiserschnitt	
	306	Injektion von Depo/Oxy	
	307	Wehenschwäche	
	308	Gebärmuttervorfall	
	309	Geb.-Dauer < 2h	Dauer der Abferkelung
	310	Geb.-Dauer 2 - 3h	Dauer der Abferkelung
	311	Geb.-Dauer 3 - 4h	Dauer der Abferkelung
	312	Geb.-Dauer > 4h	Dauer der Abferkelung
	313	gleichmäßiger Wurf	
	314	ungleichmäßiger Wurf	
	315	Ferkel sehr gut entwickelt	
	316	Ferkel sehr schlecht entwickelt	
Ferkelerkrankung	401	Afterlos	Anomalien
	402	Binneneber	Anomalien
	403	Hodenbruch	Anomalien
	404	Nabelbruch	Anomalien
	405	Spreizer	Anomalien
	406	Zwitter	Anomalien
	407	Zitterer	Anomalien
	408	sonstige Anomalien	Anomalien
	409	Durchfall	Magen-Darm Trakt
	410	Entzündung der Haut	Hauterkrankung
	411	Pneumonie	Atemwegserkrankung
	412	Schnüffler	Atemwegserkrankung
	413	Gelenkentzündung	Bewegungsapparat
Sauenerkrankung	501	Mastitis	Fruchtbarkeit
	502	Agalaktie/Milchmangel	Fruchtbarkeit
	503	Gebärmutterentzündung	Fruchtbarkeit
	504	Blasenentzündung	Fruchtbarkeit
	505	Dauerrauscher	Genitalstörung
	506	Fieber	
	507	Ausfluss	Genitalstörung
	508	Gelenkerkrankung/lahm	Bewegungsapparat
	509	Klauenerkrankung/lahm	Bewegungsapparat
	510	Durchfall	Magen - Darm Trakt
	511	Pneumonie/Husten	Atemwegsinfektion
	512	eitrige Entzündung/Abszess	Hauterkrankung
	513	Strahlenpilz	Hauterkrankung
	514	Kreislauf	Herz/Kreislauf

Gruppe	Kürzel	Bezeichnung	Kommentar
	515	Aggressivität	Verhaltensanomalien
Absetzen	601	besonders gute Kondition	Sau kaum abgesäugt
	602	besonders schlechte Kondition	Sau stark abgesäugt
	603	ausgeglichener Wurf	keine Kümmerer
	604	unausgeglichener Wurf	einige Kümmerer
	605	Entwicklung sehr gut	Beurteilung der Absetzgewichte
	606	Entwicklung sehr schlecht	Beurteilung der Absetzgewichte
Abgangsursachen	701	Notschlachtung	
	702	Verendet	
	703	Verkauf	
	704	Fruchtbarkeit	
	705	Gesundheit	
	706	Zucht	

3.4 Einpflegen neuer Kommentare in das Programm Supersau von agrocom®

Es bestehen zwei Varianten, alte durch neue Kommentare zu ersetzen. Die erste Variante wird in den Betrieben vor Ort durchgeführt. Durch die Vergabe von Ringschlüsseln ist es möglich, lokal anders benannte Kommentare mit einem einheitlichen Ringschlüssel zu versehen und so einer Auswertung zuzuführen. Der Vorteil dieser Methode liegt darin, dass die Datenbank in ihrer Struktur nicht verändert wird und die Betriebe weiter mit ihren alten Kürzeln arbeiten können. Es bestehen zwei wesentliche Nachteile: Zum ersten kann der Ringschlüssel nur einmal vergeben werden kann. Wenn Ringauswertungen des Verbandes oder anderer Organisationen auf diesen Ringschlüssel zugreifen oder dieser bereits belegt ist, ist die Verwendung desselben nicht möglich oder erfordert für jede Auswertung vor der Datensicherung die erneute Eingabe des gerade benötigten Ringschlüssels. Dieser Nachteil ist als sehr schwerwiegend zu bewerten, weil er zum einen zeitaufwändig ist und zum anderen ein hohes Fehlerpotenzial durch die sich wiederholende Eingabe birgt. Ein zweiter Nachteil besteht darin, dass die Eingabe von Ringschlüsseln allein das Problem nicht löst. Die Eingabe neuer, zusätzlicher Kommentare wird nötig. Diese werden in der Liste der Kommentare in der jeweiligen Gruppe angefügt, führen aber nicht zu einer besseren Struktur, sondern lediglich zu einem Aufblähen.

Die zweite Variante besteht in der grundlegenden Änderung der verwendeten Kommentare. Das grundsätzliche Problem in dieser Variante besteht darin, die Kommentare in ihrer Struktur zu ändern, ohne dass dabei die Werte ihrer Häufigkeit verloren gehen. Diese Änderung erfolgt in mehreren Schritten. Diese werden direkt im Sauenplaner Supersau mit Hilfe von mehreren sql-Befehlen vorgenommen. Zunächst wird für jeden Betrieb eine Umschlüsselungstabelle erstellt. In dieser Tabelle wird der alte Kommentar dem neuen Kommentar gegenübergestellt, mit einem neuen Kommentartext versehen und erhält eine Gruppenzuweisung. Durch die neue Struktur werden teilweise mehrere alte Kommentare zu einem neuen zusammengefasst. Andere alte Kommentare fallen weg. Diese Tabelle wird aus dem txt-Format in eine temporäre Tabelle eingelesen. Die neuen Kommentare werden mit einem „x“ vor dem Zahlencode versehen. Im folgenden Schritt wird die Kommentartabelle neu aufgestellt und die alten Kommentare (ohne „x“) werden gelöscht. Jetzt erfolgt ein weiteres Update, die neuen Kommentare werden eingepflegt und das „x“ davor wird entfernt. Die Abfolge der einzelnen Schritte ist im Anhang unter Punkt 8.5 für den Betrieb 1 dargestellt.

Der Bereich der Sauenerkrankungen wird zur besseren Überschaubarkeit in die Komplexe Fruchtbarkeit, Bewegungsapparat, Magen-Darm-Trakt, Hauterkrankungen und Sonstige gegliedert. In der folgenden Tabelle wird die Zuordnung der Krankheiten dargestellt.

Tabelle 10: Zusammenfassung einzelner Erkrankungen zu Komplexen

Komplex	Kürzel	Erkrankung
Fruchtbarkeit	401	Mastitis
	402	Agalaktie/Milchmangel
	403	Gebärmutterentzündung
	404	Blasenentzündung
	405	Dauerrauscher
	407	Ausfluss
Bewegungsapparat	408	Gelenkerkrankung/lahm
	409	Klauenerkrankung/lahm
Magen-Darm-Erkrankung	410	Durchfall
	411	Mastdarmvorfall
Hauterkrankung	414	eitrige Entzündung/Abszess
	415	Strahlenpilz
Sonstiges	406	Fieber
	412	Pneumonie/Husten
	413	Mittelohrentzündung
	416	Kreislauf
	417	Aggressivität
	418	Sonstige

4 Ergebnisse

4.1 Verwendung der Kommentare in den drei Betrieben

Die Verwendung von Kommentaren und die Auswahl des Zutreffenden obliegen dem Betriebsleiter. Die Option der Kommentarvergabe ist ein Zusatztool, das durch agrocom® angeboten wird, um zusätzliche Möglichkeiten der Dokumentation nützlicher Informationen zu schaffen.

Bisherige Kommentarliste

Mit Ausnahme der Angabe des Abgangsgrundes wurden alle Kommentare in diese Auswertung mit einbezogen. Insgesamt liegen in den drei Betrieben in den Bereichen Belegen, Geburt, Säugezeit, Absetzen und Anomalien der Ferkel 96.070 Kommentare vor. Diese wurden hinsichtlich der Häufigkeit ihrer Nennung ausgewertet. Die folgenden Abbildungen 8 und 9 geben einen Überblick über die häufigsten Kommentare in den Bereichen Geburt und Säugezeit, unabhängig davon, in welchem Unternehmen sie dokumentiert wurden. Die vollständige Auflistung aller Kommentare befindet sich im Anhang.

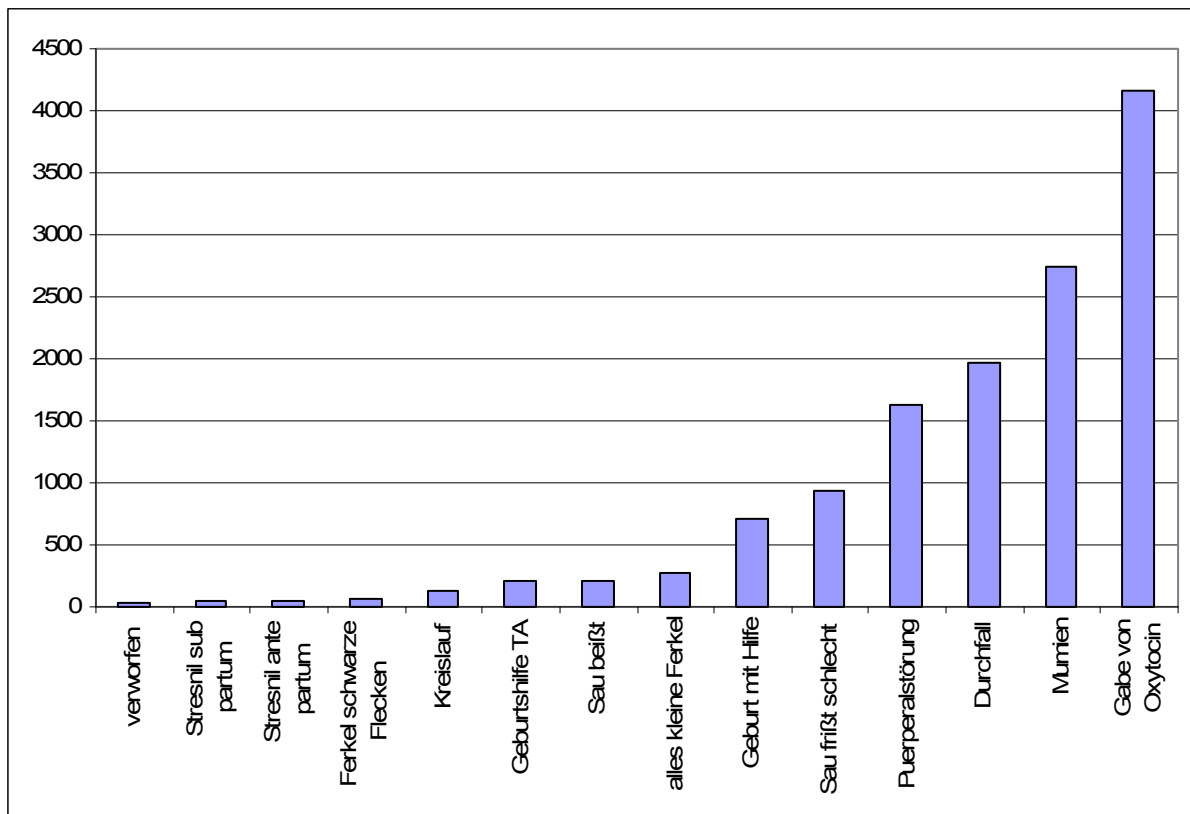


Abbildung 8: Kommentarvergabe zur Geburt ab einer Häufigkeit von 30 Nennungen

Für die Analyse von gesundheitsrelevanten Daten sind die verwendeten Kommentare nur bedingt tauglich. Die am häufigsten verwendeten Kommentare „Mumien“ und „Gabe von Oxytocin“ sind nur schwer als Hinweis auf mögliche gesundheitliche Beeinträchtigungen zu werten. An dritter und vierter Stelle folgen mit den Nennungen „Durchfall“ und „Puerperalstörung“ Kommentare, die der Diagnostik von Krankheiten zugeordnet werden können. Bezeichnungen wie „Sau frisst schlecht“, genannt an fünfter Stelle, können dagegen nur als Anzeichen von Erkrankungen gewertet werden und nicht als Diagnose.

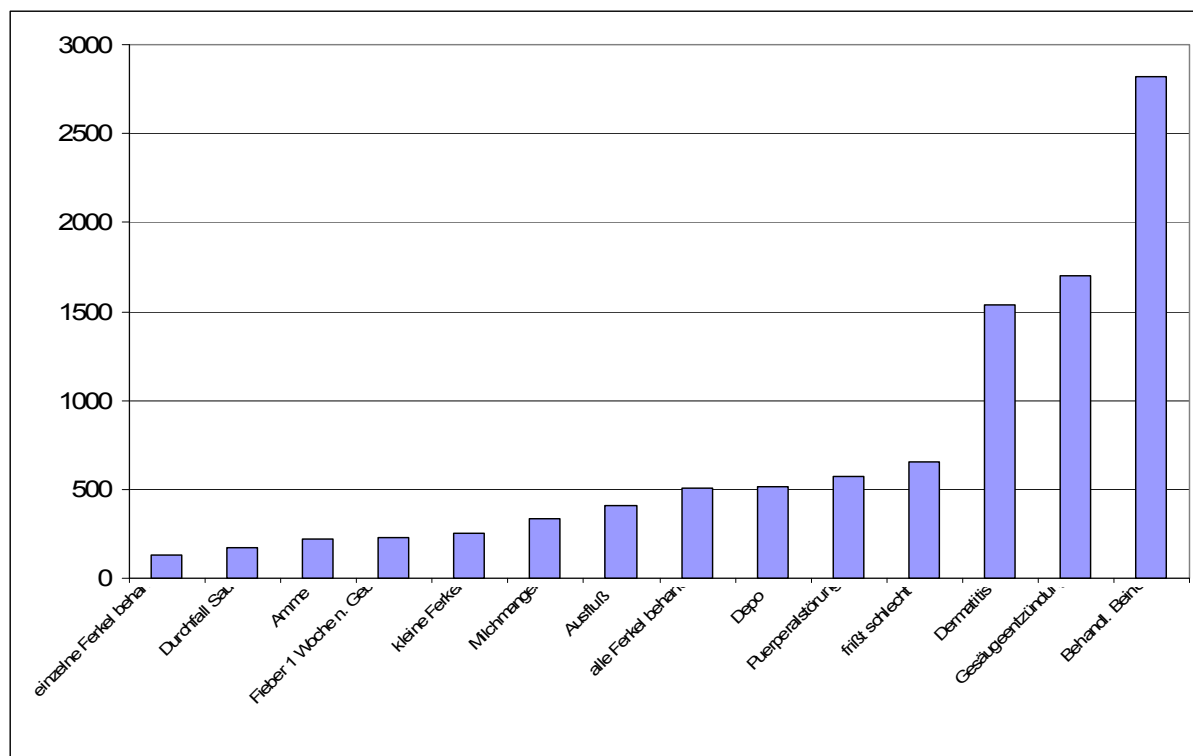


Abbildung 9: Kommentarvergabe zur Säugezeit ab einer Häufigkeit von 100 Nennungen

Im Bereich der Säugezeit werden öfter Kommentare verwendet, die Erkrankungen dokumentieren. Die häufigsten Nennungen erfolgten für eine Behandlung der Beine, wobei die Frage nach der Ursache dieser Behandlung unklar bleibt, das Auftreten von Gebärmutterentzündungen, Hauterkrankungen, Puerperalstörungen und einem gestörten Fressverhalten.

4.2 Auswertung zur Fruchtbarkeit in Betrieb 1

4.2.1 Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF und AGF

In Auswertung für die Fruchtbarkeit in Betrieb 1 gehen 15.798 Würfe ein. Die Übersicht zur Entwicklung der relevanten Kennzahlen IGF, LGF und AGF ist in Tabelle 11 dargestellt. Die Entwicklung der Anzahl insgesamt und lebend geborener Ferkel ist stagnierend bis leicht positiv zu beurteilen. Die Anzahl abgesetzter Ferkel hat sich in den letzten 11 Jahren rückläufig entwickelt. Die vorläufigen Ergebnisse für 2008 stellen den niedrigsten Wert seit 1998 dar.

Tabelle 11: Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF und AGF in Betrieb 1

Jahr_Abf	n	IGF		LGF		AGF	
		MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
1998	17	12,88	2,39	12,47	2,15	10,35	1,32
1999	57	12,23	2,49	11,82	2,50	10,58	1,18
2000	235	12,04	3,15	11,34	2,83	10,23	1,50
2001	753	12,08	2,75	11,47	2,66	10,00	1,82
2002	1747	12,15	2,84	11,47	2,71	10,02	2,28
2003	2619	11,76	3,34	11,06	3,14	9,30	3,27
2004	2571	11,98	3,24	11,28	3,06	9,44	3,60
2005	2450	11,64	3,26	10,90	3,11	9,17	3,62
2006	2498	11,88	3,20	11,25	3,04	9,57	3,36
2007	2644	12,08	3,19	11,43	3,03	9,35	3,25
2008	207	11,91	3,05	11,48	2,99	9,11	3,95

In der folgenden Abbildung werden die Ergebnisse des Jahres 2001 gleich 100 gesetzt und die Entwicklung in den folgenden Jahren in Relation dargestellt. Der Leistungsabfall für abgesetzte Ferkel ist seit 2003 zu verfolgen, obwohl die Anzahlen an insgesamt und lebend geborenen Ferkeln im gleichen Zeitraum einen leicht positiven Trend ausweisen.

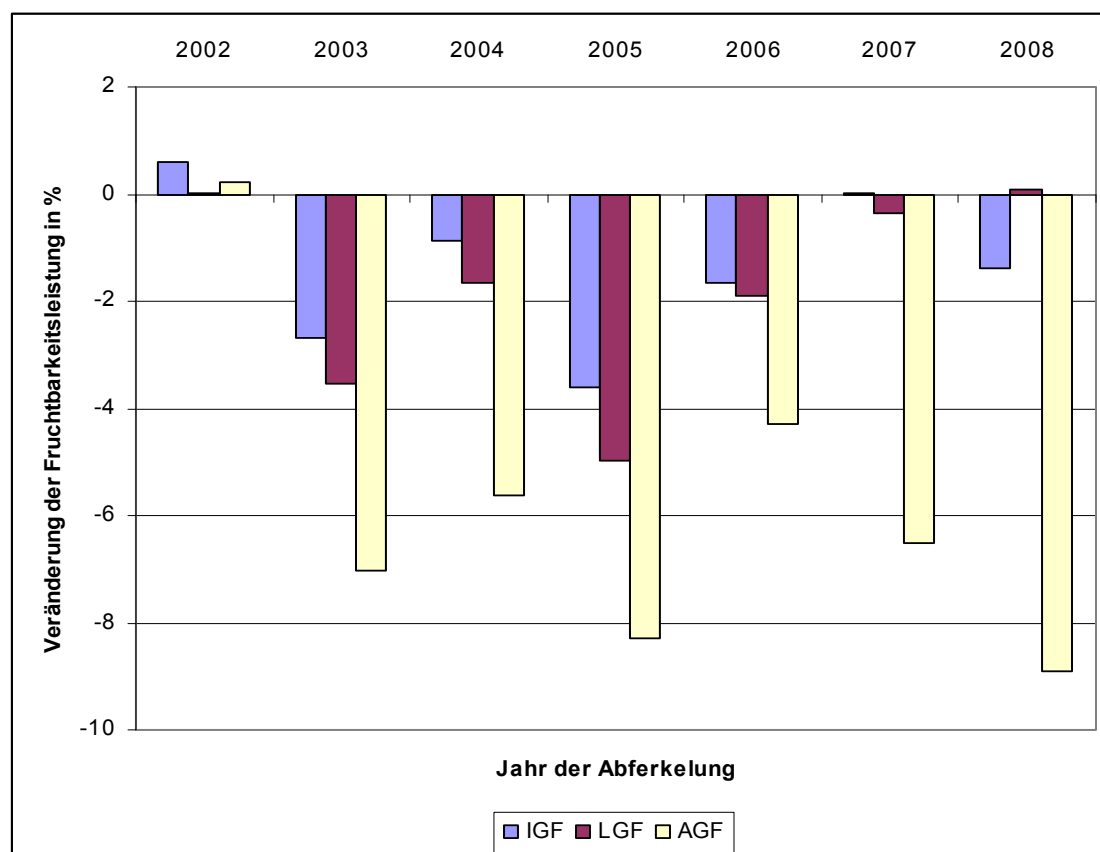


Abbildung 10: Übersicht zur Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF und AGF in den Jahren 2002 bis 2008 in Betrieb 1 in Relation zu den Leistungen des Jahres 2001 (=100)

4.2.2 Einfluss des Duldungsverhaltens zur Besamung auf das Wurfergebnis

In Betrieb 1 ist kein Einfluss des Duldungsverhaltens auf das Wurfergebnis in Form der Anzahl insgesamt geborener Ferkel nachweisbar. Einschränkend kommt hinzu, dass bei lediglich 654 Würfen das Merkmal dokumentiert wurde. Somit ist eine Aussage für den Gesamtbestand nicht möglich. Die deskriptive Statistik ist in Tabelle 12 zusammengefasst.

Tabelle 12: Duldungsverhalten in Betrieb 1

komm_bel	n	IGF		LGF	
		MW	STABW	MW	STABW
DV 1	83	11,99	2,73	11,30	2,52
DV 2	73	12,30	2,46	11,66	2,46
DV 0	498	11,57	3,07	10,99	2,99

4.2.3 Jahreszeitlicher Einfluss

Das Quartal wurde ausgehend vom Belegdatum ermittelt. Generell sind nur geringe Unterschiede zu erkennen (Tabelle 13). Bei gleichbleibender Standardabweichung ist nur für das 4. Quartal ein sich unterscheidendes und verbessertes Wurfergebnis zu verzeichnen. Dieser Unterschied im Mittelwert für IGF konnte mittels SPSS bestätigt werden.

Tabelle 13: Jahreszeitlicher Einfluss auf die Fruchtbarkeit in Betrieb 1

Quartal_bel	n	IGF		LGF		AGF	
		MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
1	3854	11,84	3,18	11,15	3,00	9,54	3,44
2	4057	11,85	3,24	11,18	3,08	9,40	3,21
3	4109	11,88	3,15	11,23	2,99	9,38	3,04
4	3778	12,11	3,14	11,41	3,01	9,63	3,28

Der Vorteil durch eine höhere Anzahl insgesamt geborener Ferkel spiegelt sich im Endergebnis in der Anzahl abgesetzter Ferkel wider.

Eine Auswertung hinsichtlich eines möglichen Einflusses des Belegungsmonats erbrachte kein eindeutiges Ergebnis. Die Unterschiede in den Mittelwerten lassen sich nicht als signifikant unterschiedlich klassifizieren. In der folgenden Abbildung 11 ist die Anzahl insgesamt geborener Ferkel in den Betrieben 1 und 2 im Vergleich dargestellt.

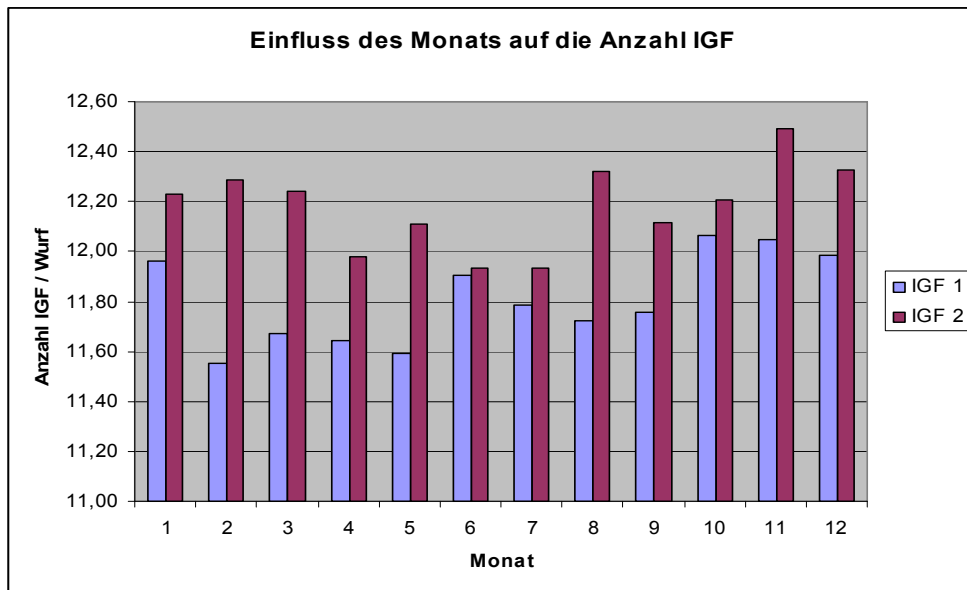


Abbildung 11: Entwicklung der Anzahl insgesamt geborener Ferkel im Vergleich der Betriebe 1 und 2

4.2.4 Erstbelegungsalter

Das Alter zur Erstbelegung hat sich in den letzten 10 Jahren leicht erhöht (vgl. Tabelle 14). Betrachtet man ausgehend vom Jahr des Ausscheidens aus dem Bestand das Erstbelegungsalter, die Nutzungsdauer und die Gesamtzahl an geborenen Würfen, so ist ein leichter Anstieg des EBA zu erkennen. Gleichzeitig ist eine tendenziell verlängerte Nutzungsdauer erkennbar. Dies spiegelt sich wider in einer erhöhten Anzahl geborener Würfe in den Jahren 2005 zu 2007.

Tabelle 14: Entwicklung des EBA in Abhängigkeit zum Geburtsjahr der Sauen in Betrieb 1

Geburtsjahr	n	EBA	
		MW	STABW
1997	10	250	9,9
1998	23	247	14,7
1999	95	254	14,1
2000	255	237	14,5
2001	477	247	12,8
2002	766	246	11,1
2003	715	254	14,6
2004	523	264	14,6
2005	435	256	17,9
2006	174	261	15,9

Tabelle 15: Erstbelegungsalter, Nutzungsdauer und Lebensleistung in Bezug zum Jahr des Ausscheidens der Sau für Betrieb 1

Jahr	n	EBA		ND		Geb. Würfe	
		MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
2002	98	245	13,0	593	372	3,88	2,79
2003	704	245	13,3	619	407	3,52	2,63
2004	735	247	13,4	585	392	3,61	2,48
2005	678	255	15,5	616	386	3,51	2,37
2006	633	257	16,1	629	423	3,75	2,66
2007	584	261	16,8	569	446	3,88	2,68
2008	42	262	16,4	-	-	4,36	2,54

Auffallend hoch sind die Standardabweichungen für die Werte zur Nutzungsdauer und entsprechend zur Anzahl geborener Würfe. Gesicherte Aussagen bezüglich Trends in der Leistungsentwicklung sind daher sehr schwierig und fehlerbehaftet.

4.2.5 Beziehung zwischen Wurfgröße und Wurfnummer

Insgesamt wurden 15.799 Würfe ausgewertet. Mit steigender Wurfnummer ist eine erwartete Verschlechterung der Wurfsergebnisse zu verzeichnen. Diesen Trend verdeutlichen Tabelle 16 und Abbildung 12.

Tabelle 16: Einfluss der Wurfnummer auf die Kennzahlen IGF, LGF und AGF in Betrieb 1

Wurf	n	IGF		LGF		AGF	
		MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
1	4345	12,20	2,47	11,61	2,31	9,81	2,83
2	3279	11,46	3,19	10,94	3,10	9,77	3,22
3	2554	12,15	3,23	11,51	3,10	9,66	3,21
4 - 5	3263	12,19	3,48	11,41	3,27	9,38	3,27
6 - 7	1532	11,69	3,66	10,73	3,38	8,69	3,56
> 7	826	10,91	3,55	9,91	3,28	7,99	3,95

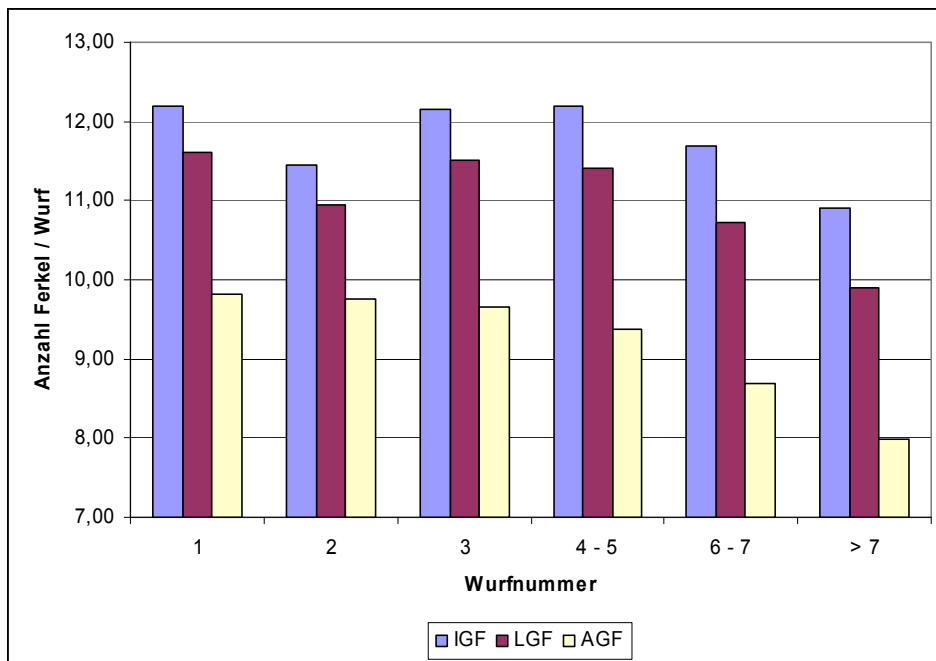


Abbildung 12: Einfluss der Wurfnummer auf die Anzahl IGF, LGF und AGF in Betrieb 1

4.2.6 Altersstruktur in der Herde

Die folgende Abbildung 13 verdeutlicht die Zusammensetzung der Herde im Betrachtungszeitraum der Jahre 2001 bis 2007.

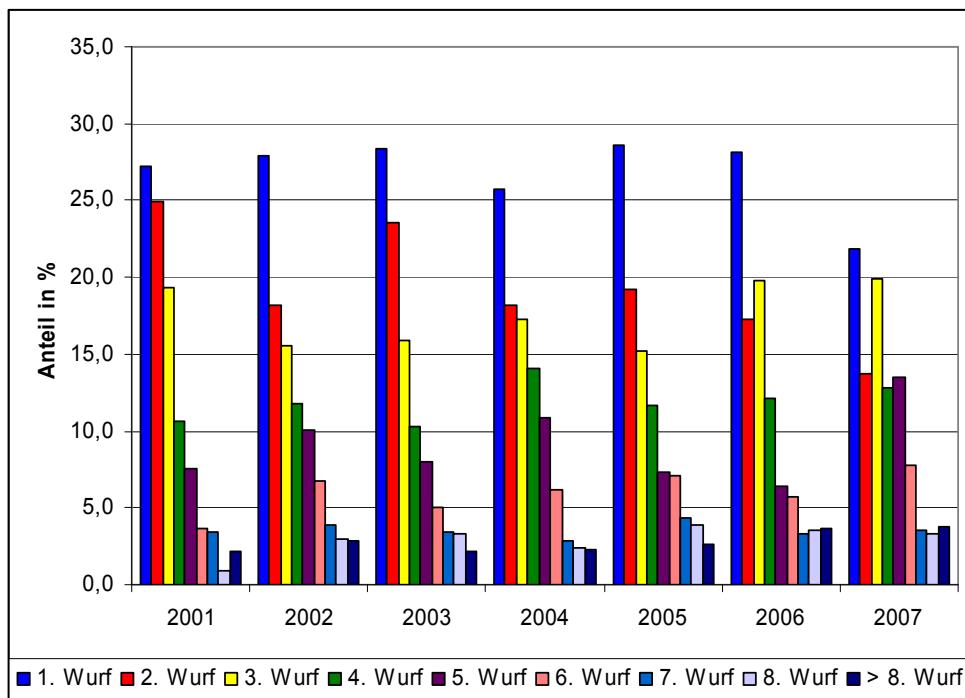


Abbildung 13: Altersstruktur in den Jahren 2001 bis 2007 in Betrieb 1

Der Anteil an Jungsauen und vor allem an primiparen Sauen ist in der Tendenz rückläufig. Im Gegensatz steigt der prozentuale Anteil an Sauen zum dritten Wurf in den letzten drei Jahren an. Des Weiteren ist zu erkennen, dass der Anteil an Sauen mit mehr als vier Würfen konstant bleibt.

4.3 Auswertung zur Fruchtbarkeit in Betrieb 2

4.3.1 Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF und AGF

In die Auswertung gingen die Daten zu 8.533 Würfen ein. Tabelle 17 vermittelt einen Überblick zur Entwicklung der Anzahl IGF, LGF, AGF und zur Höhe von Ferkelverlusten in den letzten sieben Jahren.

Tabelle 17: Gesamtübersicht zur Entwicklung der Fruchtbarkeitskennzahlen in den Jahren 2000 bis 2006 in Betrieb 2

Jahr	Anzahl	IGF		LGF		AGF	
		MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
1994	4	13,00	0,82	12,25	1,71	10,25	1,50
1995	6	12,83	2,32	12,33	2,07	10,50	1,05
1996	39	11,31	2,56	10,90	2,61	9,74	1,50
1997	150	11,11	2,61	10,53	2,59	9,69	1,87
1998	353	11,20	2,78	10,72	2,79	9,90	1,75
1999	713	11,72	2,80	11,20	2,66	10,07	1,63
2000	1177	11,98	2,75	11,25	2,67	9,85	2,17
2001	1236	12,23	3,12	11,45	2,98	9,58	2,45
2002	1229	12,16	3,26	11,36	3,17	9,49	2,30
2003	1242	12,12	3,25	11,46	3,18	9,46	2,55
2004	1264	12,42	2,77	11,71	2,71	9,84	2,24
2005	1245	12,22	2,78	11,37	2,74	10,01	2,27
2006	1222	12,65	2,94	11,73	2,94	10,33	2,35
2007	1229	12,63	3,09	11,62	3,06	10,04	2,35
2008	69	13,57	3,12	12,42	3,22	11,04	1,97

Die Anzahl insgesamt, lebend und abgesetzter Ferkel entwickelte sich im Überblick über die letzten 10 Jahre positiv. Die Anzahl toter Ferkel je Wurf ist gleich geblieben. Dies ist bei gleichzeitig erhöhter Ferkelzahl positiv zu bewerten. Der positive Trend wird in Abbildung 14 besser deutlich.

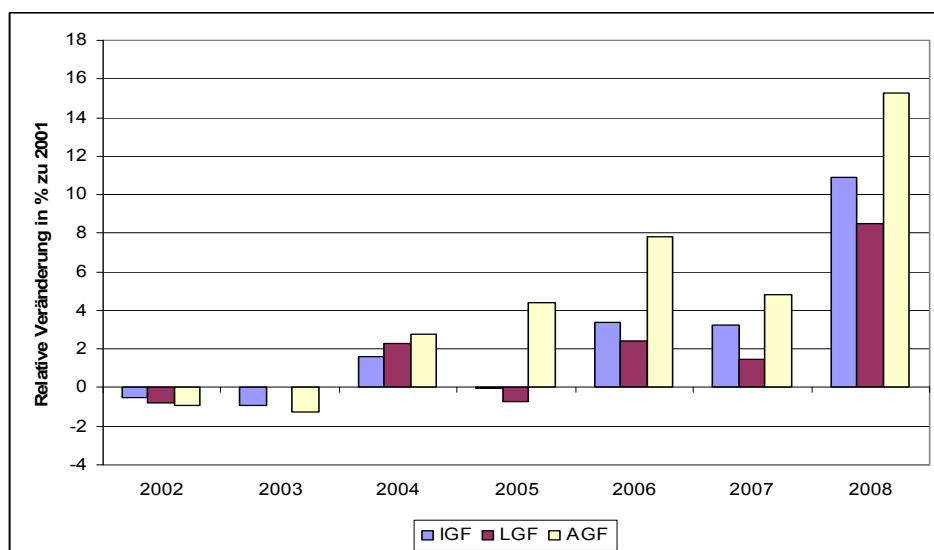


Abbildung 14: Relative Entwicklung der Anzahl IGF, LGF und AGF in den Jahren 2002 bis 2007 in Betrieb 2 (2001=100)

Aufgrund der geringen Anzahl an Würfen für das Jahr 2008 sind die Ergebnisse vorläufig und noch nicht mit den Ergebnissen aus den Vorjahren vergleichbar. Der Trend ist trotz allem positiv zu bewerten.

4.3.2 Einfluss des Duldungsverhaltens zur Besamung auf das Wurfergebnis

Für diese Auswertung standen die Daten zu 9.492 Würfen zur Verfügung. Eine gesicherte Aussage zum Einfluss des Duldungsverhaltens lässt sich nicht ableiten, weil die Verteilung der Daten in den Kategorien zu ungleich ist. Die genauen Werte sind der Tabelle 18 zu entnehmen.

Tabelle 18: Duldungsverhalten im Zusammenhang mit der Anzahl IGF in Betrieb 2

		IGF		LGF	
	n	MW	STABW	MW	STABW
DV 1	5	12,40	2,07	11,40	2,07
DV 2	65	11,95	3,31	11,20	3,23
DV 3	9387	12,38	3,01	11,59	2,93
DV 0	35	10,29	3,18	9,83	3,04

4.3.3 Jahreszeitlicher Einfluss

Ein jahreszeitlicher Einfluss lässt sich aus der Zusammenstellung der Werte der folgenden Tabelle 19 kaum ableiten. Die besten Resultate werden im 4. Quartal gefolgt von den Ergebnissen im 1. Quartal erzielt, jedoch unterscheiden sich die erzielten Resultate nur unwesentlich.

Tabelle 19: Quartalsweise Übersicht zur Anzahl IGF, LGF und AGF in Betrieb 2

		IGF		LGF		AGF	
Quartal	n	MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
1	2682	12,26	2,99	11,45	2,93	9,89	2,30
2	2769	12,05	2,93	11,31	2,85	9,74	2,35
3	2975	12,20	3,02	11,44	2,96	9,77	2,33
4	2753	12,37	3,05	11,57	2,94	9,99	2,18

4.3.4 Erstbelegungsalter und Nutzungsdauer

Eine Betrachtung des Erstbelegungsalters (EBA) ergibt im Verlauf der letzten 11 Jahre keine wesentlichen Veränderungen. Die Einzelwerte zum Erstbelegungsalter, zur Nutzungsdauer und zur Lebensleistung (Anzahl gebo- rener Würfe) sind Tabelle 20 zu entnehmen. Die Standardabweichungen schwanken und sind in den Jahren 1999 und 2000 vergleichsweise hoch. Jedoch bestätigen sich die Mittelwerte eines Erstbelegungsalters von etwa 248 Tagen in den Folgejahren.

In Tabelle 20 ist weiterhin die Nutzungsdauer und die Lebensleistung der Tiere gruppiert nach dem Jahr des Ausscheidens aus dem Bestand angegeben. Die Reduzierung der Nutzungsdauer und der Lebensleistung resul- tiert aus dem geringeren Alter der Sauen.

Tabelle 20: Übersicht zur Entwicklung der Höhe des Erstbelegungsalters, der Nutzungsdauer und der Lebensleistung angegeben in der Anzahl geborener Würfe in Abhängigkeit Jahr des Ausscheidens der Sau in Betrieb 2

		EBA		ND	
Jahr	n	MW	STABW	MW	STABW
2002	6	248	5	419	43
2003	96	261	19	596	121
2004	158	261	18	748	216
2005	210	258	16	867	295
2006	324	254	21	931	390
2007	348	255	16	826	392
2008	14	260	11	690	396

4.3.5 Beziehung zwischen Wurfnummer und Wurfgröße

Die folgende Tabelle 21 und die sich daran anschließende Abbildung 15 geben einen Überblick zur Entwicklung der Wurfkennzahlen IGF, LGF und AGF in Bezug zur steigenden Wurfnummer.

Tabelle 21: Überblick zur Entwicklung der Wurfkennzahlen in Bezug zur Wurfnummer in Betrieb 2

		IGF		LGF		AGF	
Wurf	n	MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
1	2254	11,24	2,43	10,60	2,44	9,94	1,95
2	1960	12,22	3,09	11,53	3,02	10,02	2,40
3	1674	12,81	2,92	12,10	2,83	10,16	2,08
4	1404	12,89	3,04	12,07	2,96	9,97	2,28
5	1164	12,82	3,15	11,94	3,05	9,90	2,27
6	935	12,54	2,97	11,64	2,91	9,63	2,30
7 + 8	1181	12,14	3,07	11,19	2,95	9,37	2,53
> 8	607	11,20	3,04	10,29	2,92	8,96	2,73

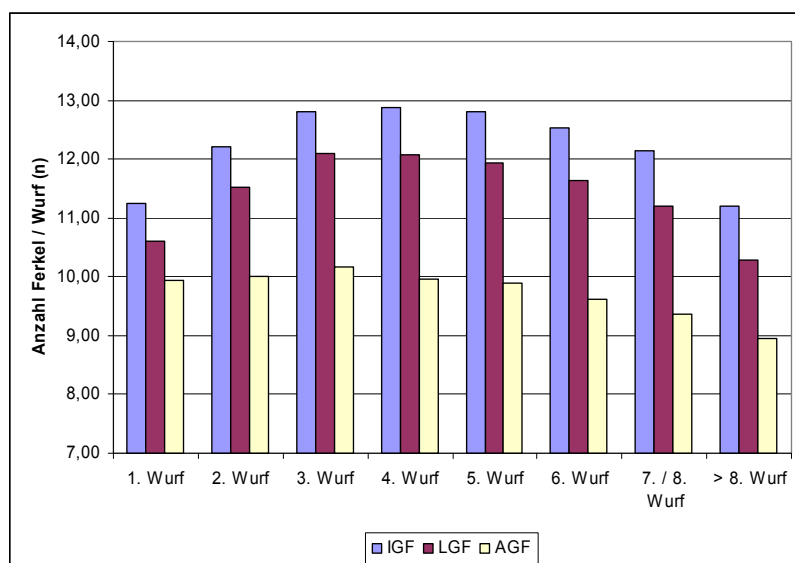


Abbildung 15: Entwicklung der Wurfkennzahlen IGF, LGF und AGF in Bezug zur Wurfnummer in Betrieb 2

Die höchsten Werte für insgesamt geborene Ferkel werden von Sauen der Wurfnummer 3, 4 und 5 erreicht. Das hohe Niveau von mehr als 12 lebend geborenen Ferkeln bleibt bis zum 7. Wurf erhalten. Erst danach sinken diese Werte, verbleiben aber bis zum 9. Wurf immer noch auf einem höheren Niveau als dem der Jungsaugen. Die beschriebenen Tendenzen lassen sich auf die Entwicklung der Anzahl lebend geborener Ferkel übertragen. Hier zeigt sich die gleiche Entwicklung. Unterschiede gibt es in der Betrachtung der Anzahl abgesetzter Ferkel. Hier werden die besten Werte bei den Wurfnummern 2 und 3 erreicht. Bereits nach dem 5. Wurf fallen die Werte unter das Niveau der Jungsaugen.

4.3.6 Altersstruktur in der Herde

Im Vergleich zum Betrieb 1 ist die Struktur in der Herde wesentlich kompakter, vgl. Abbildung 16. Der Anteil Jungsaugen liegt maximal bei 22 %. Primipare Sauen weisen einen Anteil von ebenfalls maximal 22 % auf. Generell ist ein hoher Anteil an Sauen den höheren Wurfnummern zuzuordnen. Dieser Trend zeigt sich über die Jahre 2002–2006. Lediglich ein Drittel des Bestandes sind Sauen der Wurfnummer 1 oder 2.

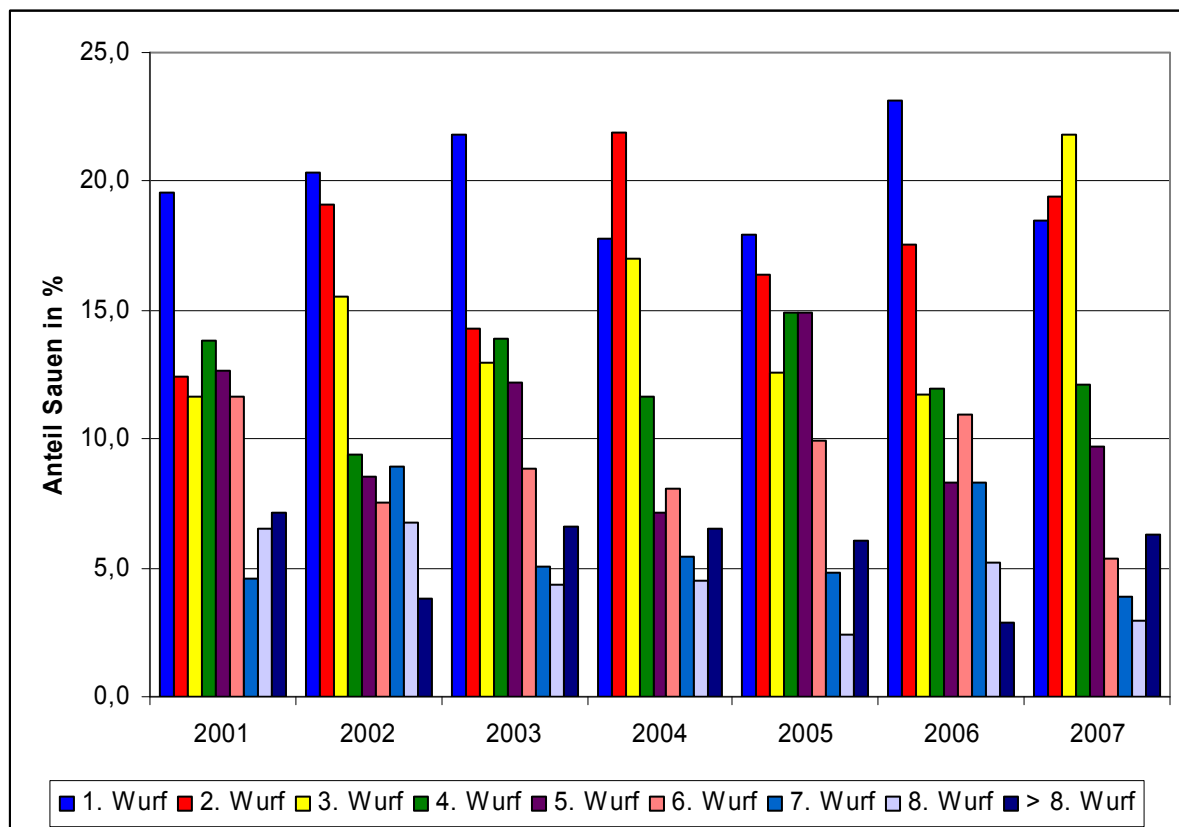


Abbildung 16: Altersstruktur in der Herde in den Jahren 2001 – 2007 in Betrieb 2

4.4 Auswertung zur Fruchtbarkeit in Betrieb 3

4.4.1 Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF und AGF

In die Auswertung zur Fruchtbarkeit in Betrieb 3 gehen 32.972 Würfe von Sauen der Deutschen Landrasse ein. Eine Übersicht zur Entwicklung der Wurfgrößen in den Jahren 1996 bis 2007 wird in der folgenden Tabelle 22 dargestellt.

Tabelle 22: Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF, AGF in Betrieb 3 ausgehend vom Jahr der Abferkelung

Jahr	Würfe (n)	IGF		LGF		AGF	
	32972	MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
2000	1684	12,11	2,69	11,81	2,62	10,07	1,19
2001	3480	11,91	2,44	11,71	2,40	10,25	1,30
2002	4567	11,71	2,48	11,45	2,44	9,96	1,68
2003	4940	11,62	2,34	11,43	2,33	10,03	1,94
2004	4932	11,61	2,25	11,46	2,26	10,12	2,01
2005	4676	11,44	2,28	11,21	2,27	9,98	1,80
2006	4319	11,55	2,30	11,24	2,29	10,14	1,67
2007	3694	11,62	2,43	11,25	2,38	10,12	1,67

In den letzten acht Jahren blieb das Leistungsniveau weitgehend konstant. Verbesserungen im Hinblick auf die Anzahl insgesamt und lebend geborener sowie abgesetzter Ferkel sind nicht zu erkennen. Die Werte zur Standardabweichung sind für jede untersuchte Größe über den betrachteten Zeitraum hinweg etwa gleich. Es sind keine gerichteten Tendenzen in der Leistungsentwicklung erkennbar. In der folgenden Abbildung wird dies anhand der Werte für IGF, LGF und AGF grafisch dargestellt. Dabei gilt aufgrund einer vergleichbaren Anzahl Würfe das Jahr 2001 als Referenzjahr. Die erbrachte Leistung in diesem Jahr wurde = 100 gesetzt. Die ermittelten Werte für die Folgejahre wurden mit dieser Leistung in Bezug gesetzt. Es wird ersichtlich, dass in den letzten sechs Jahren die Leistungen stets unterhalb der Ergebnisse des Jahres 2001 lagen.

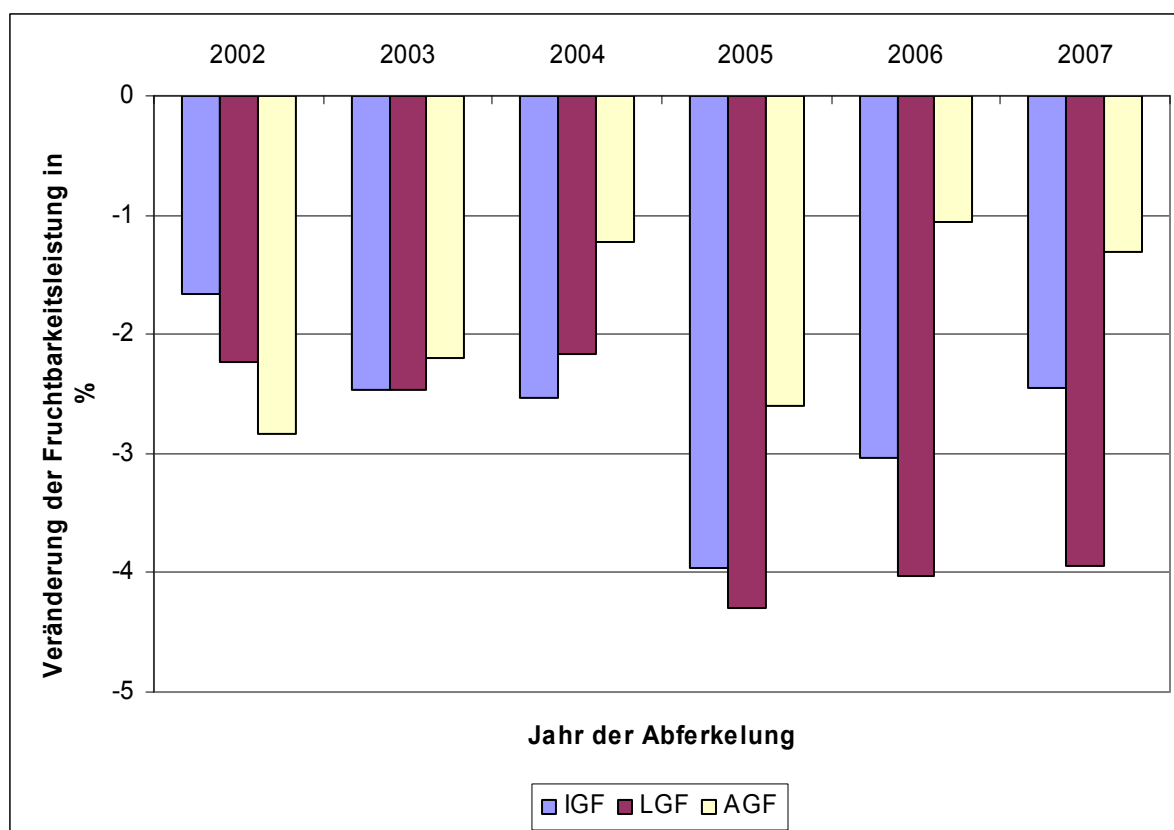


Abbildung 17: Übersicht zur relativen Entwicklung der Wurfkennzahlen IGF, LGF und AGF in Abhängigkeit zur Wurfgröße im Jahr 2001 = 100

4.4.2 Einfluss des Duldungsverhaltens zur Besamung auf das Wurfergebnis

Für Betrieb 3 konnte kein Einfluss des Duldungsverhaltens auf das Wurfergebnis am Beispiel der Anzahl insgesamt geborener Ferkel nachgewiesen werden. Die Anzahl IGF für den Kommentar DV 3 ist zwar erhöht, kann aber aufgrund der wesentlich niedrigeren Wurfzahlen in den anderen Kategorien nicht statistisch gesichert ausgewertet werden (siehe Tabelle 23). Zur Auswertung standen die Daten von 27.002 Würfen zur Verfügung. Zu etwa 5.000 Würfen wurde das Duldungsverhalten nicht dokumentiert. In Betrieb 3 wird seit den 1970er-Jahren konsequent die terminorientierte Besamung angewendet. Die Erfassung des Duldungsverhaltens erfolgt in dem Betrieb routinemäßig und wird nicht in Auswertungen mit einbezogen.

Tabelle 23: Duldungsverhalten der Sauen in Betrieb 3

Kommentar Belegen	Würfe n	IGF	
		MW	STABW
DV 1	566	11,26	2,26
DV 2	786	11,37	2,24
DV 3	24790	11,66	2,39
DV 0	860	11,17	2,27

4.4.3 Jahreszeitlicher Einfluss

Ausgehend vom Quartal des Belegdatums konnte kein merklicher Einfluss der Jahreszeit auf die realisierten Wurfgrößen festgestellt werden. Im zweiten und dritten Quartal werden 0,1–0,2 Ferkel weniger insgesamt geboren. Die Anzahl lebend geborener sowie abgesetzter Ferkel verringert sich entsprechend, vgl. Tabelle 24. Diese Differenz konnte nicht statistisch abgesichert werden.

Tabelle 24: Jahreszeitlicher Einfluss auf die Fruchtbarkeit ausgehend vom Monat des Belegens in Betrieb 3

		IGF		LGF		AGF	
Quartal	n	MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
1	8221	11,72	2,35	11,48	2,33	10,22	1,91
2	8322	11,63	2,34	11,38	2,32	9,95	1,60
3	8249	11,53	2,42	11,29	2,40	9,90	1,58
4	8180	11,74	2,41	11,52	2,39	10,24	1,78

4.4.4 Erstbelegungsalter

Ausgehend von den Sauen, für die ein Abgangsdatum bekannt war, wurden die Nutzungsdauer und das Erstbelegungsalter errechnet. Die Nutzungsdauer gibt die Differenz zwischen dem Datum der ersten Belegung und dem Abgangsdatum an.

Tabelle 25: Statistische Maßzahlen für Erstbelegungsalter, Nutzungsdauer

Geburtsjahr	n	EBA		ND	
		MW	STABW	MW	STABW
1998	270	256	13	1256	249
1999	531	255	13	1042	298
2000	781	252	10	792	371
2001	978	254	10	734	420
2002	1100	255	10	730	385
2003	848	256	11	676	336
2004	681	255	11	563	241
2005	483	254	10	398	152
2006	222	255,2	12,0	264,1	74,6

Auch im Betrieb 3 folgt die Anzahl der insgesamt geborenen Ferkel der bekannten Kurve, dass die Wurfgröße zwischen dem 2. und 4. Wurf ansteigt und danach wieder abfällt.

Tabelle 26: Wurfgröße in Abhängigkeit von der Wurfnummer

		IGF		LGF		AGF	
Wurf Nr.	n	MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
1	7129	11,12	2,05	10,89	1,99	9,70	1,05
2	6396	11,98	2,16	11,79	2,14	10,65	1,35
3	5145	12,05	2,38	11,84	2,37	10,48	1,58
4	4064	12,10	2,42	11,86	2,40	10,35	1,67
5	3219	11,92	2,52	11,67	2,51	10,08	1,81
6	2453	11,72	2,54	11,42	2,52	9,88	1,99
7	1778	11,27	2,58	10,98	2,57	9,62	2,14
8	1214	11,01	2,58	10,69	2,56	9,32	2,39
9	756	10,62	2,59	10,31	2,57	9,13	2,51
10	443	10,79	2,55	10,45	2,47	8,62	2,88
11	375	10,24	2,72	9,87	2,63	8,55	2,80

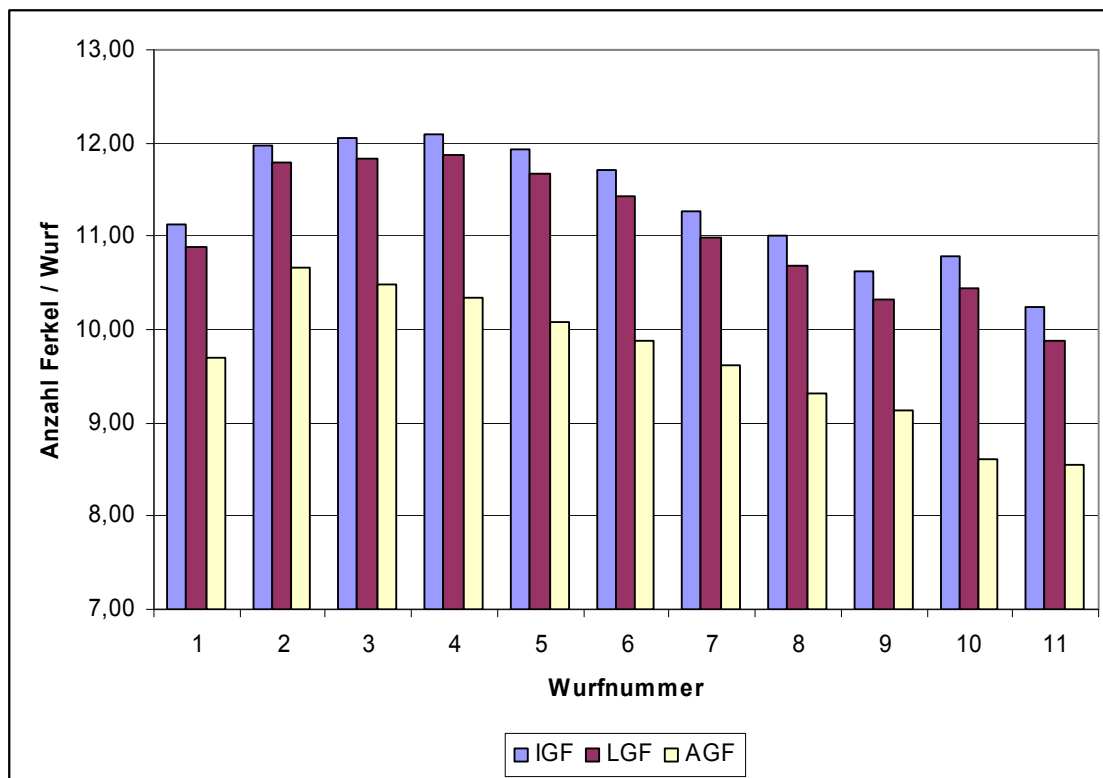


Abbildung 18: Merkmale der Wurfgröße in Abhängigkeit von der Wurfnummer

In Abbildung 19 ist die Altersstruktur der Herde über die Jahre 2001 bis 2006 dargestellt. Der Jungsauenanteil liegt bei ca. 20 %. Im Jahr 2006 wurden vermehrt Jungsauen eingestellt zu Lasten der 3-5-jährigen Sauen.

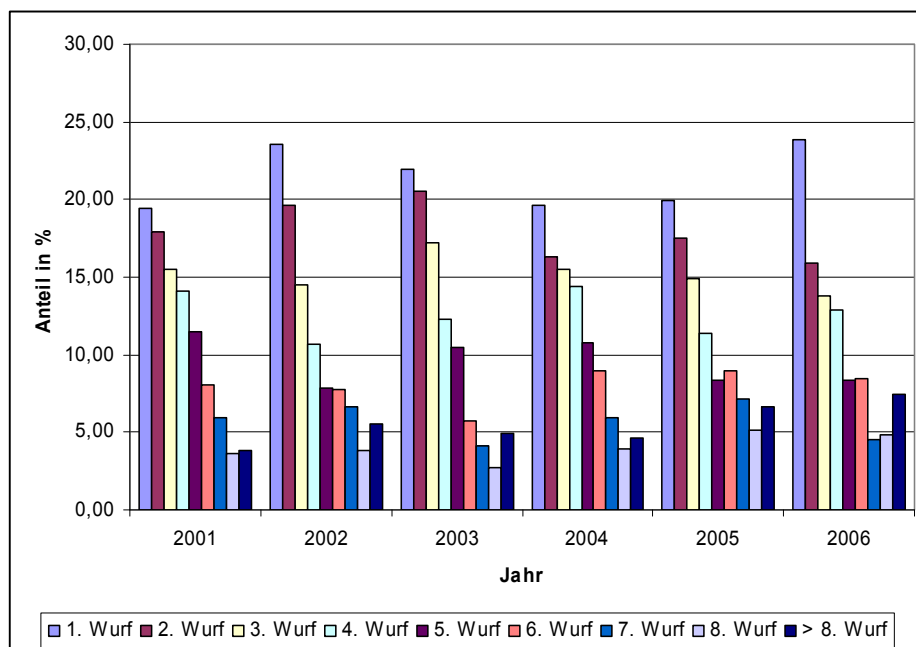


Abbildung 19: Altersstruktur der Herde im Betrieb 3

4.5 Vergleichende Auswertungen zwischen den Betrieben 1-3

In Tabelle 27 werden die Anzahl insgesamt- und lebendgeborener Ferkel zwischen den Betrieben verglichen. Der Betrieb 1 hat absolut etwas mehr insgesamtgeborene Ferkel als die Betriebe 2 und 3. Bezüglich der lebendgeborenen Ferkel nivelliert sich das Niveau aber wieder. Weil alle drei Betriebe mit der gleichen Genetik züchten, sollten die Unterschiede auf das betriebliche Management zurückzuführen sein.

Tabelle 27: Vergleich der Wurfgröße zwischen den Betrieben über die Geburtsjahre

	IGF			LGF		
	Betrieb 1	Betrieb 2	Betrieb 3	Betrieb 1	Betrieb 2	Betrieb 3
2000	12,04	11,98	12,11	11,34	11,25	11,81
2001	12,08	12,23	11,91	11,47	11,45	11,71
2002	12,15	12,16	11,71	11,47	11,36	11,45
2003	11,76	12,12	11,62	11,06	11,46	11,43
2004	11,98	12,42	11,61	11,28	11,71	11,46
2005	11,64	12,22	11,44	10,90	11,37	11,21
2006	11,88	12,65	11,55	11,25	11,73	11,24
2007	12,08	12,63	11,62	11,43	11,62	11,25

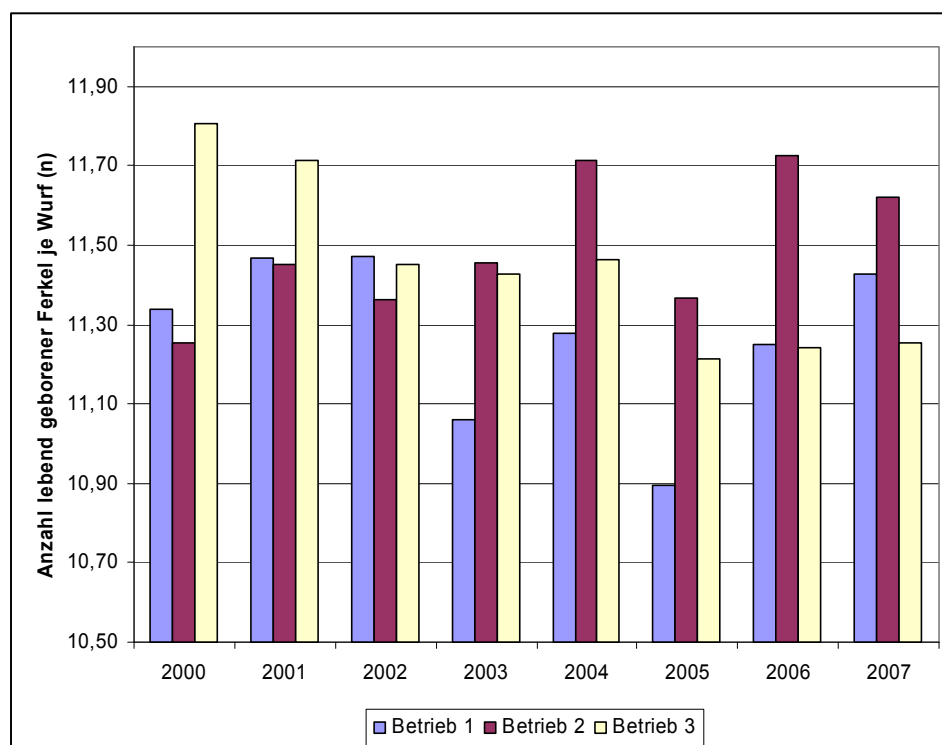


Abbildung 20: Vergleich der Anzahl lebendgeborener Ferkel in den drei Betrieben über die Geburtsjahre

Im Betrieb 3 liegt das Erstbesamungsalter bei fast konstant 255 Tagen. Im Betrieb 1 hat es sich seit 2002 um 30 Tage erhöht, während es sich im Betrieb 2 etwas verringert hat. Die Nutzungsdauer ist in den Betrieben 1 und 3 relativ konstant geblieben bei ca. 600 bzw. ca. 700 Tagen. Im Betrieb 2 stieg die Nutzungsdauer über die Jahre kontinuierlich an von ca. 240 Tagen im Jahr 2002 bis 800 Tage im Jahr 2007.

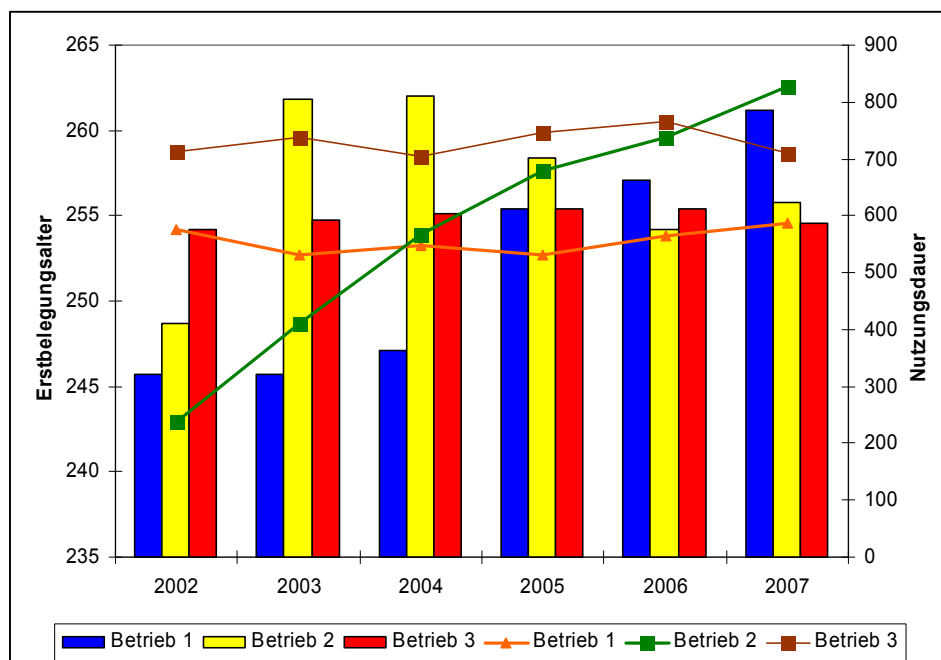


Abbildung 21: Vergleich von Erstbelegungsalter und Nutzungsdauer in den drei Betrieben

4.6 Auswertung zur Fruchtbarkeit in Betrieb 4

Die Betriebe 4 und 5 sind Thüringer Betriebe und erst später in die Untersuchung aufgenommen worden. Die Genetik der Zuchtsauen unterscheidet sich zu den Betrieben 1-3. Der Betrieb 4 hat die Anzahl gesamt geborener Ferkel kontinuierlich gesteigert. Auffallend ist die vergleichsweise hohe Standardabweichung, die im Zeitverlauf ebenfalls zunimmt.

Tabelle 28: Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF, AGF in Betrieb 4 ausgehend vom Jahr der Abferkelung

		IGF		LGF		AGF	
Jahr	n	MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
1999	200	10,98	2,84	10,44	2,70	9,76	1,01
2000	554	10,89	2,87	10,30	2,74	9,95	0,90
2001	845	10,72	3,30	9,99	3,22	9,20	2,56
2002	939	10,86	3,28	10,08	3,18	9,24	2,45
2003	914	11,00	3,51	10,08	3,35	9,23	2,45
2004	991	11,16	3,64	10,38	3,48	9,61	2,19
2005	1051	11,66	3,47	10,76	3,31	9,74	2,12
2006	891	12,31	3,55	11,37	3,44	10,05	2,28
2007	893	12,28	3,96	11,30	3,76	9,83	2,10

In Abbildung 22 ist dieser Zusammenhang als relative, prozentuale Veränderung bezogen auf das Jahr 2001 dargestellt.

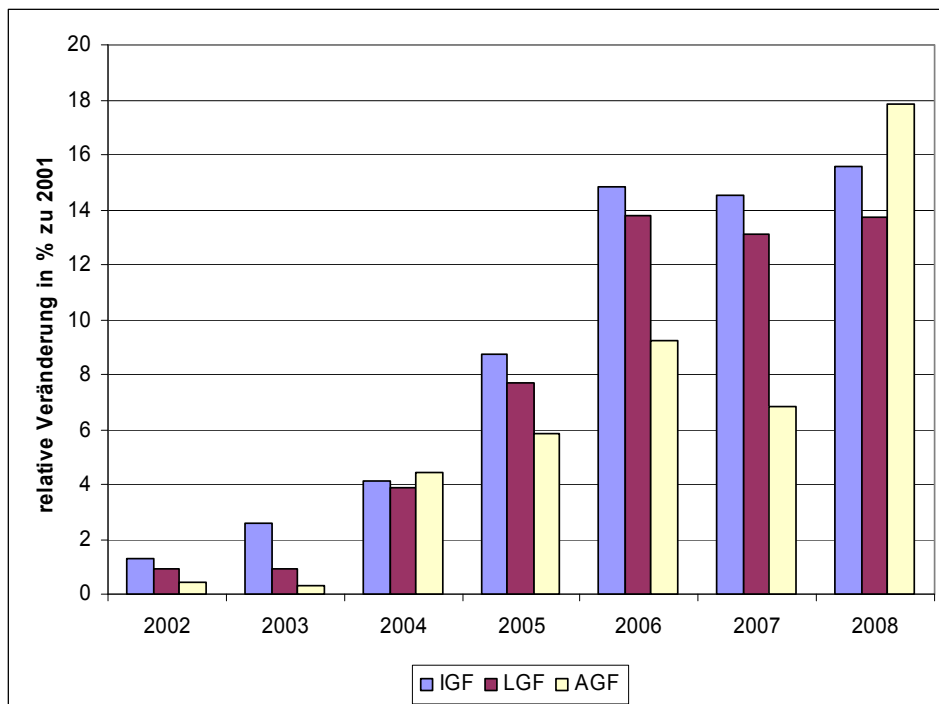


Abbildung 22: Vergleich der relativen Veränderung der Wurfgröße im Betrieb 4

Im Betrieb 4 liegt das Erstbesamungsalter zwischen 247 und 260 Tagen. Für die Nutzungsdauer ist kein richtiger Trend erkennbar. Sie schwankt über die Jahre zwischen 578 und 786 Tagen.

Tabelle 29: Statistische Maßzahlen für die Merkmale Erstbelegungsalter und Nutzungsdauer

		EBA		ND	
Jahr	n	MW	STABW	MW	STABW
2001	164	260	17	640	326
2002	207	253	16	638	347
2003	223	249	11	635	352
2004	204	247	28	578	349
2005	244	252	15	691	380
2006	190	259	17	595	352
2007	209	260	19	786	411
2008	31	257	13	731	463

Tabelle 30: Wurfgröße in Abhängigkeit von der Wurfnummer

		IGF		LGF		AGF	
Wurf	n	MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
1	1727	11,32	3,33	10,69	3,23	10,00	1,55
2	1465	11,07	3,19	10,48	3,07	9,88	1,88
3	1217	11,57	3,49	10,86	3,30	9,76	2,08
4	966	11,71	3,77	10,83	3,55	9,53	2,34
5	716	11,89	3,58	10,85	3,43	9,44	2,49
6 / 7	894	11,37	3,82	10,13	3,65	9,07	2,79
> 7	467	10,82	3,95	9,35	3,60	8,51	3,28

In Abbildung 23 ist die Wurfgröße in Abhängigkeit von der Wurfnummer dargestellt. Interessanterweise ist der Sprung zwischen dem Jungsauenwurf und den Folgewürfen nicht vorhanden. Auch nimmt die Anzahl gesamt geborener Ferkel erst ab dem 6. Wurf ab.

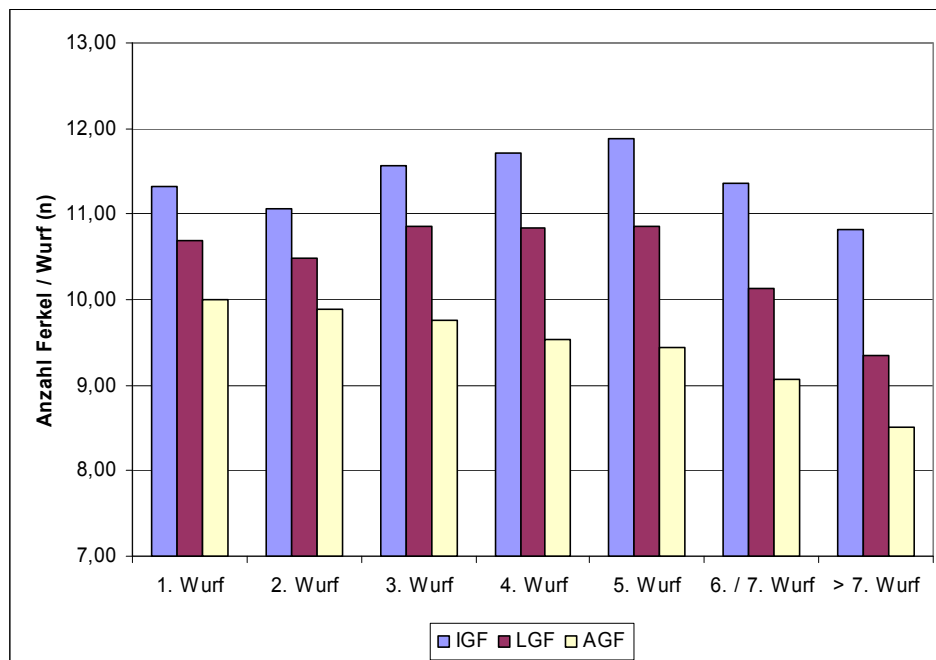


Abbildung 23: Vergleich der Anzahl lebendgeborener Ferkel im Betrieb 4 über die Geburtsjahre

In den Jahren 2001 bis 2004 liegt der Jungsauenanteil deutlich über 20 %. In den Folgejahren steigt der Anteil 4-6-jähriger Sauen.

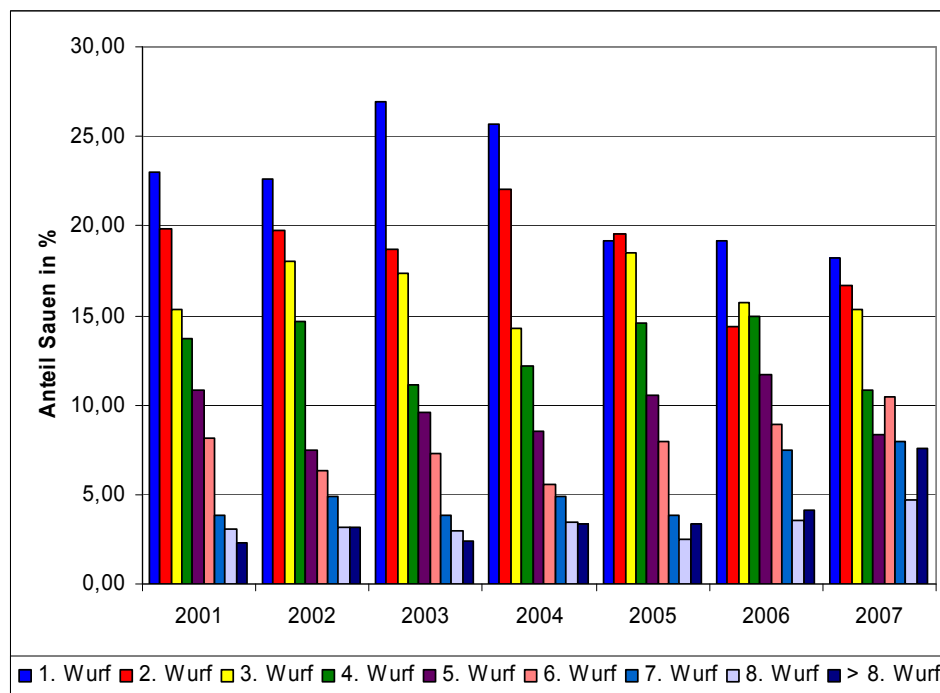


Abbildung 24: Altersstruktur der Herde im Betrieb 4

4.7 Auswertung zur Fruchtbarkeit in Betrieb 5

Auch im Betrieb 5 steigt die Anzahl der gesamt geborenen, lebend geborenen und aufgezogenen Ferkel kontinuierlich an. Im Vergleich zum Jahr 2000 wurden 2007 2,21 Ferkel mehr geboren. Mit dem Anstieg der Wurfgröße steigt auch die Streuung von 2,52 auf bis zu 4,11 im Merkmal gesamt geborene Ferkel.

Tabelle 31: Entwicklung der Kennzahlen IGF, LGF, AGF in Betrieb 5 ausgehend vom Jahr der Abferkelung

		IGF		LGF		AGF	
Jahr	n	MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
2000	132	10,45	2,52	9,00	2,14	8,71	2,30
2001	194	10,15	2,56	8,82	2,38	8,23	2,38
2002	260	10,50	2,51	9,22	2,06	8,83	2,08
2003	226	10,86	2,70	9,80	2,58	8,77	1,99
2004	242	11,88	3,10	10,66	2,79	9,08	2,01
2005	245	12,58	3,28	11,31	3,17	9,51	1,89
2006	212	11,95	4,11	11,10	3,85	10,05	2,66
2007	181	12,66	3,24	11,64	3,09	10,40	1,72

Nach Abbildung 25 stabilisiert sich die Wurfgröße ab dem Jahr 2005 nach einem deutlichen Zuwachs in den vorausgegangenen Jahren. Die Gründe liegen in der Einkreuzung fruchtbarkeitsbetonter Mutterlinien und in der konsequenten Nutzung des Fruchtbarkeitszuchtwerthes.

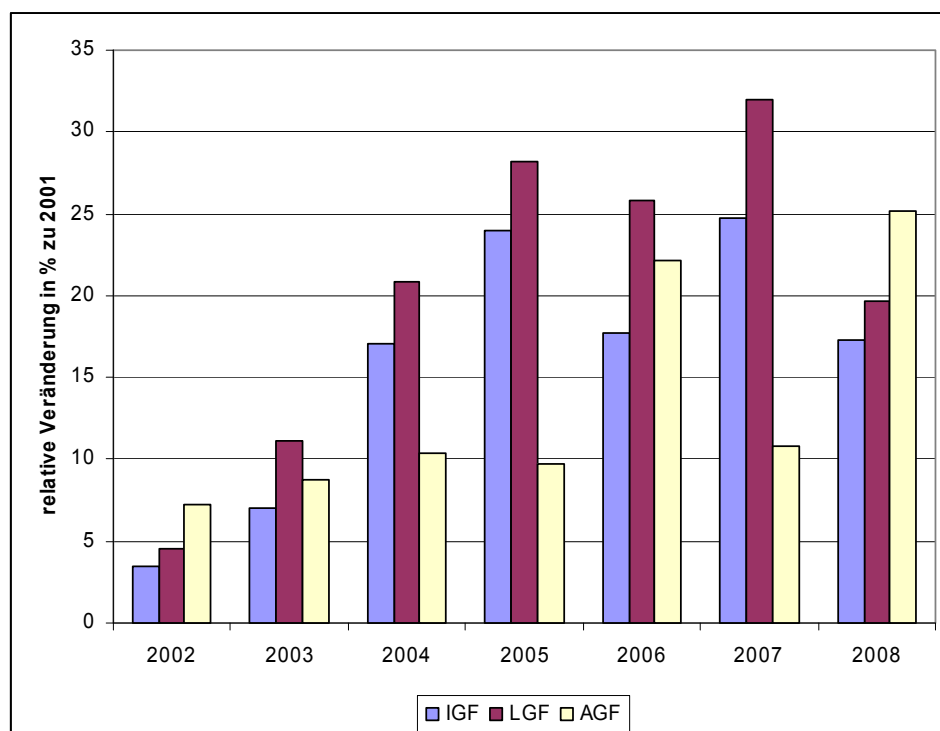


Abbildung 25: Vergleich der relativen Veränderung der Wurfgröße im Betrieb 5

Das Erstbesamungsalter ist im Betrieb 5 etwas niedriger als im Betrieb 4 und liegt zwischen 238 und 256 Tagen. Die Nutzungsdauer ist im Vergleich zu allen untersuchten Betrieben am höchsten. Im Jahr 2005 und 2006 beträgt sie über 1.000 Tage.

Tabelle 32: Statistische Maßzahlen für die Merkmale Erstbelegungsalter und Nutzungsdauer

		EBA		ND	
Geburtsjahr	n	MW	STABW	MW	STABW
2001	42	247	21	621	415
2002	41	256	39	589	470
2003	65	255	46	733	435
2004	30	253	24	867	428
2005	43	239	69	1091	457
2006	46	238	58	1023	395
2007	29	245	21	989	446

In Betrieb 5 folgen die Merkmale IGF, LGF und AGF den erwarteten Werten: Der Jungsauenwurf ist niedriger als das Mittel der Altsauenwürfe. Bis zum 5. Wurf steigen die Wurfgrößen, um danach abzufallen (siehe auch Abbildung 26).

Tabelle 33: Wurfgröße in Abhängigkeit von der Wurfnummer

		IGF		LGF		AGF	
Wurf	n	MW	STABW	MW	STABW	MW	STABW
1. Wurf	358	10,56	2,79	9,29	2,62	8,62	2,16
2. Wurf	326	11,30	2,86	10,26	2,64	9,48	2,14
3. Wurf	274	12,00	3,08	10,95	3,02	9,65	1,89
4. Wurf	214	11,99	3,06	10,79	2,73	9,66	2,30
5. Wurf	178	12,13	3,61	10,80	3,36	9,65	2,32
6. Wurf	151	11,62	3,47	10,35	3,11	9,17	2,03
7. Wurf	114	11,14	4,02	9,87	3,64	8,68	2,87
> 7. Wurf	200	10,82	2,85	9,59	2,65	8,82	2,12

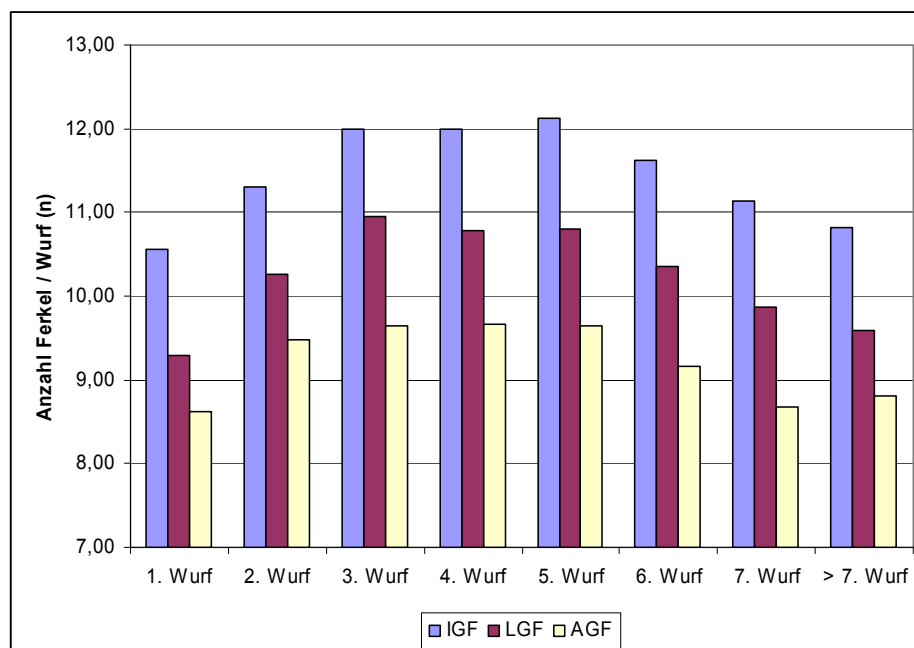


Abbildung 26: Vergleich der Anzahl lebendgeborener Ferkel im Betrieb 5 über die Geburtsjahre

In Betrieb 5 ist das Altersspektrum ab dem Jahr 2005 recht ausgeglichen. Während die Herde im Jahr 2001 noch recht jung war, sank die Remontierung später stetig.

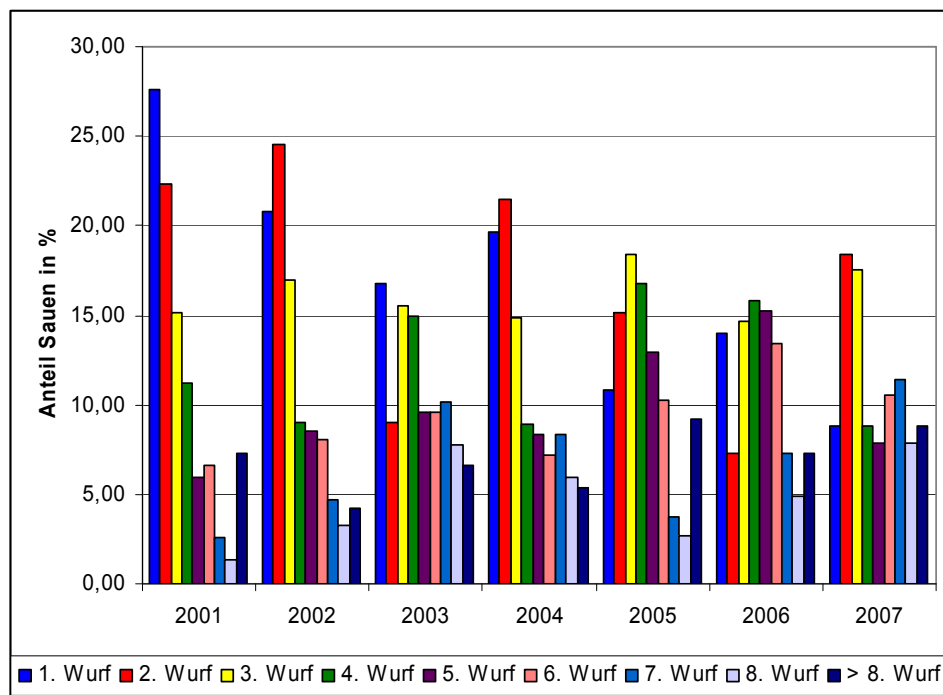


Abbildung 27: Altersstruktur der Herde im Betrieb 5

4.8 Auswertung zur Nutzungsdauer und Abgangsursachen in den Betrieben 1 und 2

In den Betrieben 1 und 2 wurden Abgangsursachen analysiert und einzelnen Komplexen zugeordnet. Diese umfassen die Fruchtbarkeit, Bewegung, Magen/Darm, Haut und Sonstige. Die häufigsten Abgänge erfolgen wegen Mängel im Bewegungsapparat gefolgt von der Fruchtbarkeit. Magen-Darm-Erkrankungen spielen faktisch keine Rolle.

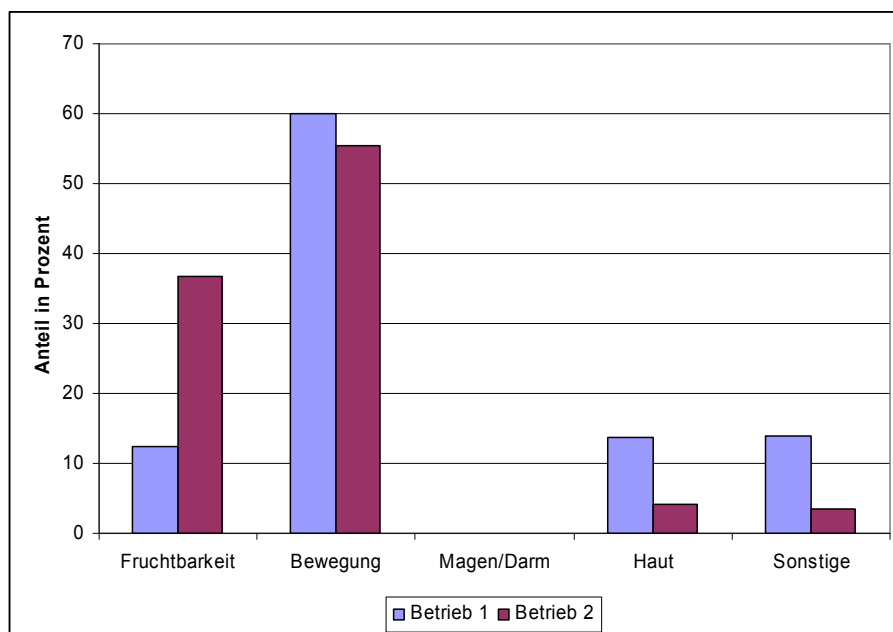


Abbildung 28: Abgangsursachen klassifiziert nach den Komplexen für die Sauenerkrankungen

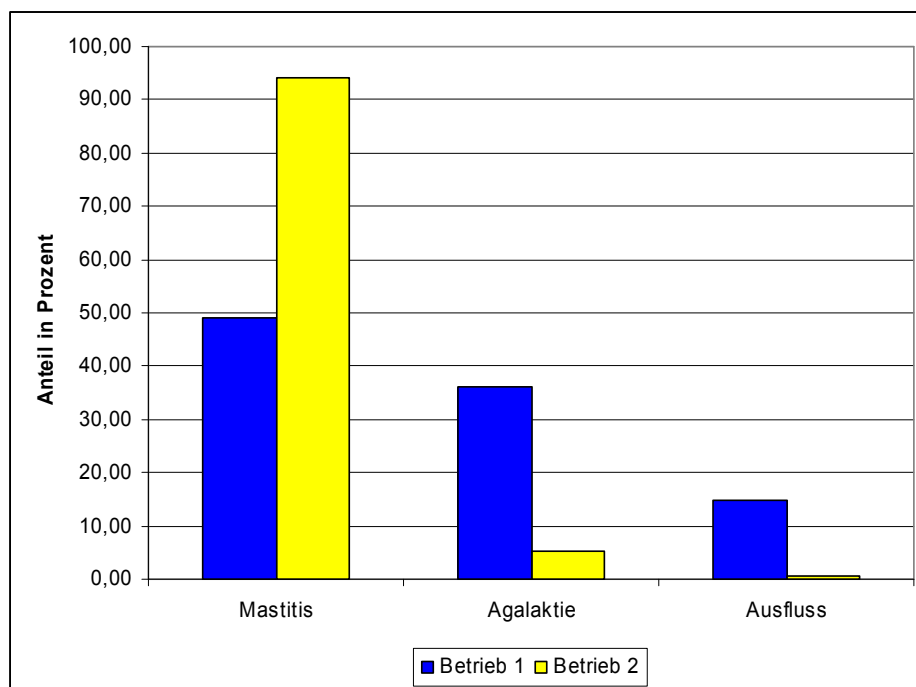


Abbildung 29: Abgangsursachen spezifisch für den Bereich der Fruchtbarkeit

Der Komplex der Erkrankungen des Bewegungsapparates setzt sich ausschließlich aus Erkrankungen der Klauen und der Gelenke zusammen. Im Komplex Fruchtbarkeit ist die Mastitis die Hauptabgangsursache gefolgt von Agalaktie.

4.9 Auswertung der Erkrankungen im Betrieb 3

Insgesamt konnten 32.972 Würfe von 7.541 Sauen ausgewertet werden. In insgesamt 4.866 Würfen wurden Erkrankungen dokumentiert. Dies entspricht einem prozentualen Anteil von 14,76. Dabei ist die Erkrankungshäufigkeit unterschiedlich hoch. Bei 3.441 Sauen wurde in keinem Wurf eine Erkrankung erfasst. 3.411 Tiere erkrankten einmal oder häufiger (vgl. Tabelle 34).

Tabelle 34: Erkrankungshäufigkeit und Anzahl betroffener Sauen in Betrieb 3

Erkrankungshäufigkeit	Anzahl Sauen (n)
0	4130
1	2318
2	814
3	212
4	54
5	11
6	1
7	1

Ausgehend von der Gesamtanzahl an erfassten Würfen wurde unter Berücksichtigung der Wurfnummer der Anteil an Würfen mit dokumentierten Erkrankungen errechnet. Bei Jungsauenwürfen wird in 18,9 % aller Fälle eine Erkrankung der Sau festgestellt. Mit steigender Wurfnummer fällt der Anteil auf bis zu 10,6 % bei Sauen im 9. Wurf. Erst danach steigt der Anteil an Erkrankungen wieder an auf 12,5 % im 11. Wurf. Werden die Erkrankungen nach Komplexen und dem zeitlichen Auftreten nach Wurfnummern ausgewertet, so ergeben sich Unterschiede

de in der Häufigkeit der Erkrankungen. Probleme mit der Fruchtbarkeit nehmen mit steigender Wurfnummer zu. Probleme, die den Magen-Darm-Bereich betreffen, treten dagegen vorwiegend bei Jungsaugen und primiparen Sauen auf. Die Häufigkeit des Auftretens dieser Erkrankungen ist in Abbildung 30 für die jeweiligen Komplexe dargestellt.

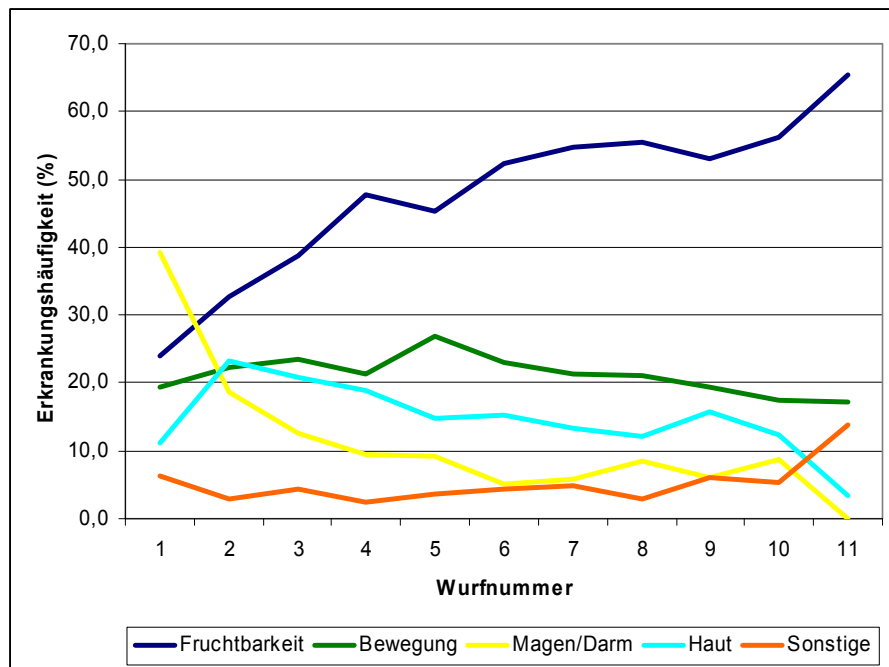


Abbildung 30: Erkrankungskomplexe und die Häufigkeit ihres Auftretens in Abhängigkeit zur Wurfnummer

4.10 Vergleichende Betrachtungen der Kommentare in den Betrieben 1, 2 und 3

Wie bereits aus den Kennzahlen zur Fruchtbarkeitssituation zu erwarten war, zeigen sich bei den Abgangsursachen zwischen den Betrieben große Unterschiede (siehe Tabelle 35). In Betrieb 1 sind Probleme mit dem Fundament die mit Abstand häufigste Abgangsursache. Eine Selektion auf Parameter der Leistung kann so nur mit Abstrichen erfolgen. Der Abgangsgrund „Zuchtleistung“ ist lediglich mit 6,7 % vertreten. Anders gestaltet sich die Situation in Betrieb 2. Die Zuchtleistung hat einen im Vergleich wesentlich höheren Einfluss von fast 20 %. Gleiches gilt für die Selektion der Sauen aufgrund von Problemen mit dem Gesäuge. Generell verbleiben die Tiere in Betrieb 2 aufgrund guter Gesundheit und stabiler und guter Leistungen länger im Bestand. Der Abgangsgrund „Alter“ spielt hier im Gegensatz zu Betrieb 1 eine wesentliche Rolle.

Tabelle 35: Vergleich der wichtigsten Abgangsursachen in den Betrieben 1 und 2

Ursache	Betrieb 1 (n = 3411)		Betrieb 2 (n = 1912)	
	n	%	n	%
Zuchtleistung	228	6,7	380	19,8
Fundament	1136	33,3	419	21,9
Gesäuge	102	3,0	320	16,7
Alter	2	0,1	388	20,3

Die Probleme mit dem Fundament sind in Betrieb 1 bekannt. Bauliche Veränderungen sollen helfen, diese Situation zu verbessern. Der gegenwärtige Stand wird durch den Betriebsleiter so umschrieben, dass eine Leistungsselektion nicht oder nur sehr schwer durchführbar ist, weil ein Großteil der zu merzenden Tiere aus gesundheitlichen Gründen den Bestand verlässt. So verblieben bisher Tiere im Bestand, die aufgrund ihrer Leistung bereits ausscheiden sollten.

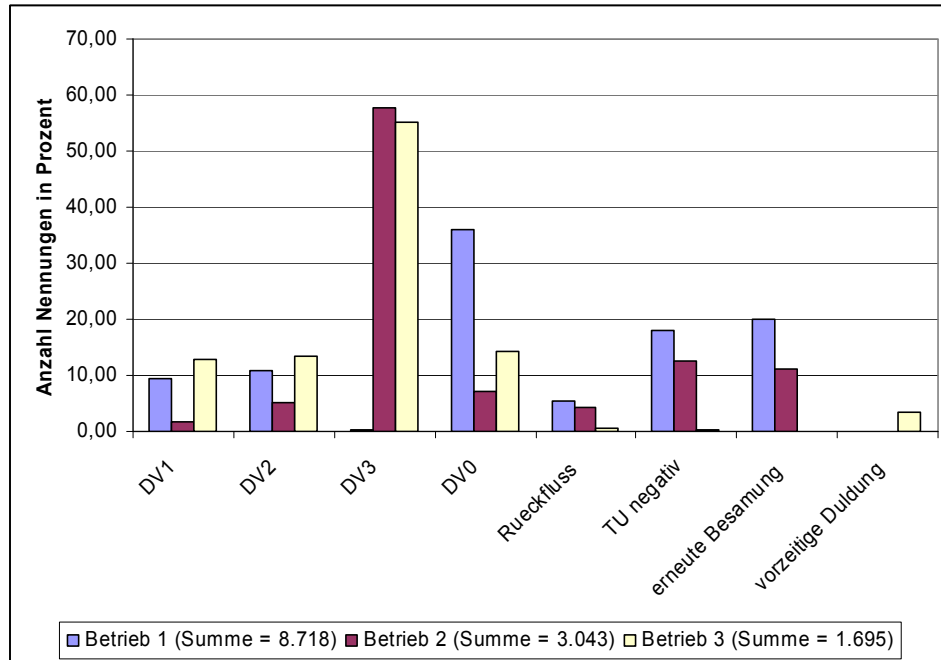


Abbildung 31: Kommentare zur Belegung der Sauen

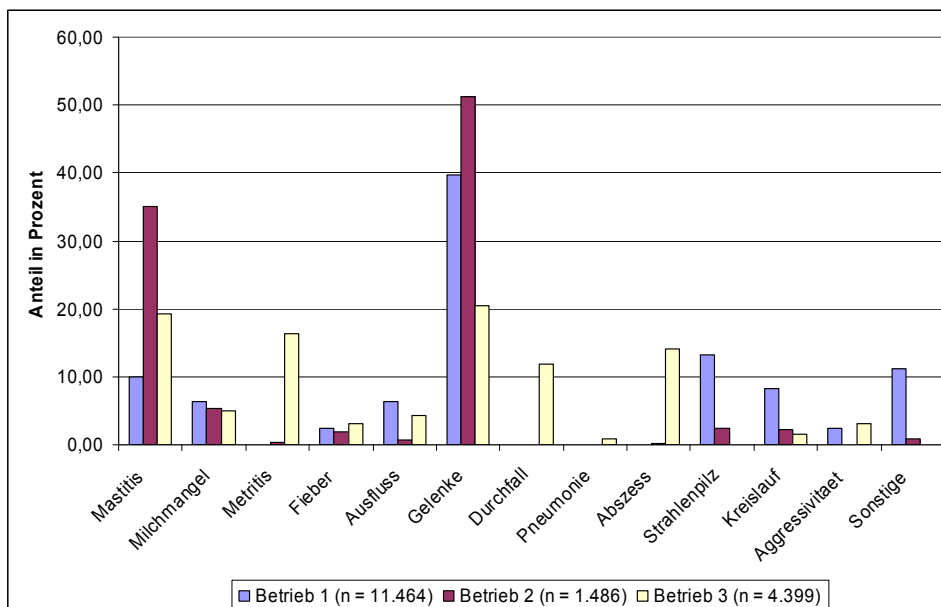


Abbildung 32: Dokumentierte Erkrankungen in der Zeit während der Sägezeit bis zur erfolgreichen Wiederbelegung

5 Zusammenfassung

- Die bisher genutzte Auflistung an Kommentaren ist nicht geeignet, systematisch Gesundheitsmerkmale zu erfassen.
- Die Zuordnung der Krankheiten ist nicht eindeutig, die lose Ansammlung selbst erstellter Kommentare erschwert eine Auswertung und verhindert ein betriebsübergreifendes Auswerten.
- Die Erfassung von Abgangsursachen und Krankheitskommentaren wird in den untersuchten Betrieben unterschiedlich gehandhabt.
- Betriebliche Unterschiede und differierende züchterische Schwerpunkte führen zur vorrangigen Nutzung nur bestimmter Kommentare.
- Es wurde ein Diagnoseschlüssel zur Auswertung von Einzeltierdiagnosen erarbeitet.
- Zur Auslagerung und Zusammenführung von Abgangs- und Diagnosedaten aus dem Sauenplaner verschiedener Sauenzuchtbetriebe wurden Softwareroutinen entwickelt.
- Veterinäre und Tierpfleger wurden in die elektronische Datenerfassung eingewiesen. Für eine züchterische Auswertung muss erst ein entsprechender Datenstapel auflaufen.

6 Ausblick

Die neue Kommentarliste wird durch den Softwarehersteller agrocom in den Sauenplaner® integriert. Die teilnehmenden drei Betriebe erhalten daraufhin ein Update der Software. Durch den guten Kontakt zu den Betriebsleitern werden wir die Kommentarliste weiter anpassen und auf die Praxis noch besser abstimmen. Dies erfolgt vornehmlich in Diskussionsrunden mit den Betriebsleitern und den jeweiligen Tierärzten.

Im Weiteren werden unter Linux Programme erstellt, die das Auslesen der Kommentare und die Aufarbeitung der Ergebnisse systematisieren und vereinfachen. Dieses gilt für die Kommentare zu Gesundheitsdaten und für die Erfassung der Abgangsursachen.

Ziel ist es, die Ergebnisse züchterisch zu verwenden. Für eine leistungsstarke Zucht sind stabile und gesunde Sauen die Grundvoraussetzung. Für die Analyse der Nutzungsdauer kommt das Programmpaket „survival kit“ zum Einsatz.

Literatur

- BRISBANE, J.R. & CHESNAIS, J.P. (1996): Relationship between backfat and sow longevity in Canadian Yorkshire and Landrace Pigs. <http://mark.asci.ncsu.edu/nsif/96proc/brisbane.htm>
- CARROLL, CIARAN (1999): Sow culling and parity profiles. Pig Farmers Conference, 35 – 40
- DUSEL, G. (2006): Angepasste Fütterungskonzepte für spezifische Fütterungssituationen und hohe Leistungen. Sächsischer Schweinetag, Groitzsch
- FOXCROFT, G.; BELTRANENA, E.; PATTERSON, JENNY; WILLIAMS, N.; PIZZARRO, G. (2005): Physiological limits to maximizing sow productivity. London Swine Conference – Production at the Leading Edge. 6-7 April 2005. page 28 – 46
- GAUGHAN, J.B.; CAMERON, R.D.A.; DRYDEN, G. MCL.; YOUNG, B.A. (1997): Effect of body condition scoring at selection on reproductive development in large white gilts. *Journal of Animal Science*, 75, 1764 – 1772
- HEUSING, MELANIE; HAMANN, H.; DISTL, O. (2003): Abgangsursachen und ihr Einfluss auf die Lebensleistung bei Sauen der Rassen Deutsches Edelschwein, Deutsche Landrasse und Pietrain. *Archiv für Tierzucht*, 46, 6, 569 – 583
- HEUSING, MELANIE (2003): Genetische Analyse von lebensleistungs- und Fruchtbarkeitsmerkmalen sowie von Abgangsursachen bei Sauen der Rassen Deutsches Edelschwein, Deutsche Landrasse und Pietrain, Dissertation
- HUGHES & VARLEY (2003): *Perspectives in Pig Science*, 333-355
- HÖRÜGEL, K.: Beratungsunterlage: Gesunde Schweine - hohe Leistungen und sicherer Verbraucherschutz, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft. November 1993
- LE COZLER, Y.; DAGORN, J.; LINDBERG, J. E.; AUMAITRE, A. & DOURMAD, J. Y. (1998): Effect of age at first farrowing and herd management on long-term productivity of sows. *Livestock Production Science*, 53, 2, 135 - 142
- LUCIA, T.; DIAL, G.D.; MARSH, W.E. (2000): Lifetime reproductive performance in female pigs having distinct reasons for removal. *Livestock Production Science*, 63, 213 - 222
- NEUNDORF & SEIDEL (1987): *Schweinekrankheiten*. Dritte überarbeitete Auflage, VEB Gustav Fischer Verlag Jena
- PRANGE, H. (2004): *Gesundheitsmanagement Schweinehaltung*, Eugen Ulmer verlag GmbH und Co, 1. Auflage
- ROZEBOOM, D. W.; PETTIGREW, J. E.; MOSER, R. L.; CORNELIUS, S. G.; EL KANDELGY, S.M. (1996): Influence of gilt age and body composition at first breeding on sow reproductive performance and longevity. *Journal of Animal Science*, 74, 1, 138 - 150
- STALDER, K.; SERENIUS, T.; MOELLER, S.J.; KNAUER, M.; BAAS, T. J.; MABRY, J.W.; ROTHSCILD, M. F.; MOTE, B.E. (2004): Genetic factors impacting sow longevity. *National Swine Improvement Federation*. 106 – 112

Berichte

Bericht der Sächsischen Tierseuchenkasse 2005

Anhang

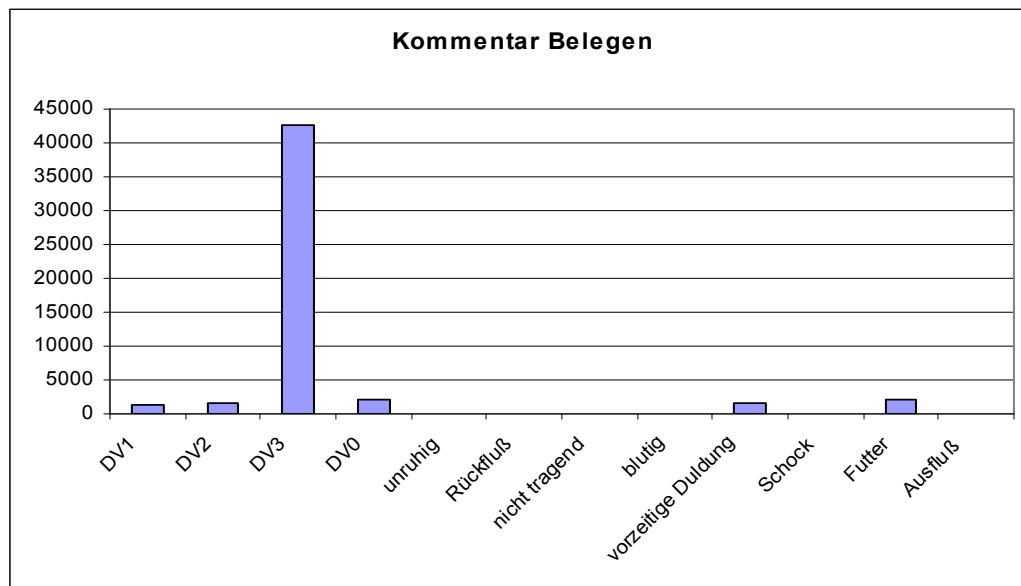


Abbildung a: Häufigkeit der Kommentarvergabe im Bereich Belegen

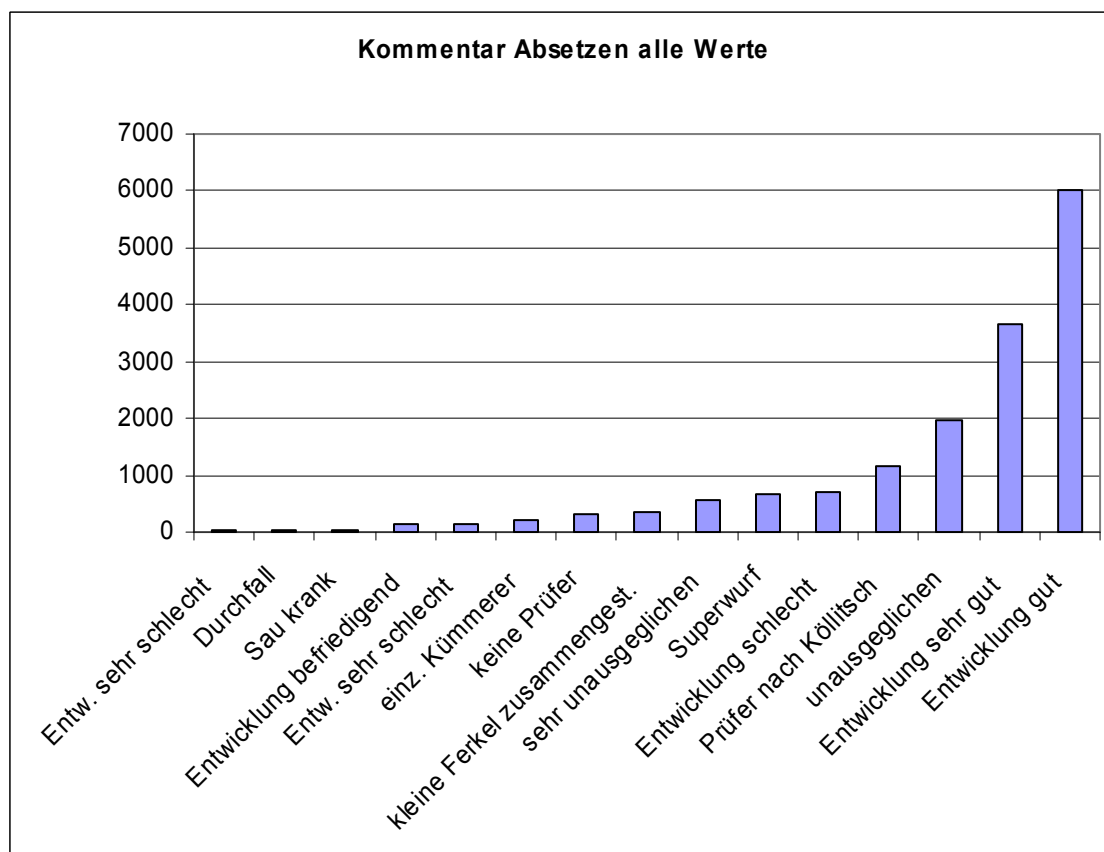


Abbildung b: Häufigkeit der Kommentarvergabe im Bereich Absetzen

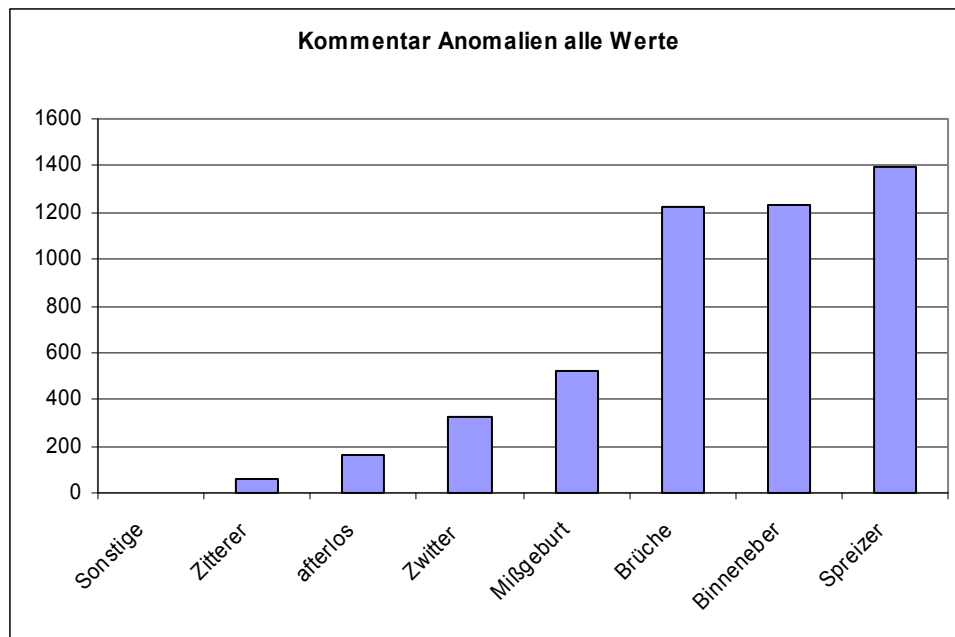


Abbildung c: Häufigkeit der Kommentarvergabe im Bereich Anomalien der Ferkel

Skript zum Einlesen der neuen Kommentare

```
drop table temp;
create table temp (comment_old text, comment_new integer, definition_new text, groups integer, temp_col text, comments
text);
load table temp (comment_old, comment_new, definition_new, groups) from 'c:\tt.txt' delimited by ';';
select * from temp;

insert into ss_kommentare (kuerzel, kommtext, gruppe) select distinct 'x' || comment_new, ", groups from temp;

update ss_wuerfe set kommbel1='x' || temp.comment_new from temp where ss_wuerfe.kommbel1=temp.comment_old;
update ss_wuerfe set kommbel1=null where kommbel1='0';
update ss_wuerfe set kommbel2='x' || temp.comment_new from temp where ss_wuerfe.kommbel2=temp.comment_old;
update ss_wuerfe set kommbel2=null where kommbel2='0';
update ss_wuerfe set kommtrg1='x' || temp.comment_new from temp where ss_wuerfe.kommtrg1=temp.comment_old;
update ss_wuerfe set kommtrg1=null where kommtrg1='0';
update ss_wuerfe set kommtrg2='x' || temp.comment_new from temp where ss_wuerfe.kommtrg2=temp.comment_old;
update ss_wuerfe set kommtrg2=null where kommtrg2='0';
update ss_wuerfe set kommsg1='x' || temp.comment_new from temp where ss_wuerfe.kommsg1=temp.comment_old;
update ss_wuerfe set kommsg1=null where kommsg1='0';
update ss_wuerfe set kommsg2='x' || temp.comment_new from temp where ss_wuerfe.kommsg2=temp.comment_old;
update ss_wuerfe set kommsg2=null where kommsg2='0';
update ss_wuerfe set kommabs1='x' || temp.comment_new from temp where ss_wuerfe.kommabs1=temp.comment_old;
update ss_wuerfe set kommabs1=null where kommabs1='0';
update ss_wuerfe set kommabs2='x' || temp.comment_new from temp where ss_wuerfe.kommabs2=temp.comment_old;
update ss_wuerfe set kommabs2=null where kommabs2='0';
update ss_wir_buch set komm='x' || temp.comment_new from temp where ss_wir_buch.komm=temp.comment_old;
update ss_wir_buch set komm=null where komm='0';
update ss_sau_eber set ausurs='x' || temp.comment_new from temp where ss_sau_eber.ausurs=temp.comment_old;
update ss_sau_eber set ausurs=null where ausurs='0';
update ss_sau_eber set komm1='x' || temp.comment_new from temp where ss_sau_eber.komm1=temp.comment_old;
update ss_sau_eber set komm1=null where komm1='0';
update ss_sau_eber set komm2='x' || temp.comment_new from temp where ss_sau_eber.komm2=temp.comment_old;
update ss_sau_eber set komm2=null where komm2='0';
update ss_sau_eber set reklam_grund='x' || temp.comment_new from temp where
ss_sau_eber.reklam_grund=temp.comment_old;
update ss_sau_eber set reklam_grund=null where reklam_grund='0';
update ss_sau_eber set komm_ano='x' || temp.comment_new from temp where ss_sau_eber.komm_ano=temp.comment_old;
update ss_sau_eber set komm_ano=null where komm_ano='0';
update ss_behandlung set ursache='x' || temp.comment_new from temp where ss_behandlung.ursache=temp.comment_old;
update ss_behandlung set ursache=null where ursache='0';
update ss_behandlung set verab_art='x' || temp.comment_new from temp where
ss_behandlung.verab_art=temp.comment_old;
update ss_behandlung set verab_art=null where verab_art='0';
update ss_behandlung set techniker='x' || temp.comment_new from temp where ss_behandlung.techniker=temp.comment_old;
update ss_behandlung set techniker=null where techniker='0';
update ss_behandlung_mast set ursache='x' || temp.comment_new from temp where
ss_behandlung_mast.ursache=temp.comment_old;
update ss_behandlung_mast set ursache=null where ursache='0';
update ss_behandlung_mast set verab_art='x' || temp.comment_new from temp where
ss_behandlung_mast.verab_art=temp.comment_old;
update ss_behandlung_mast set verab_art=null where verab_art='0';
```

```

update ss_behandlung_mast set techniker='x' || temp.comment_new from temp where
ss_behandlung_mast.techniker=temp.comment_old;
update ss_behandlung_mast set techniker=null where techniker='0';
update ss_anomalien set komm='x' || temp.comment_new from temp where ss_anomalien.komm=temp.comment_old;
delete from ss_anomalien where komm='0';

```

```

delete from ss_kommentare where kuerzel not like 'x%'

```

```

insert into ss_kommentare (kuerzel, kommtext, gruppe) select distinct comment_new, ", groups from temp;

```

```

update ss_wuerfe set kommbel1= substr(kommbel1,2,10);
update ss_wuerfe set kommbel2=substr(kommbel2,2,10);
update ss_wuerfe set kommtrg1=substr(kommtrg1,2,10);
update ss_wuerfe set kommtrg2=substr(kommtrg2,2,10);
update ss_wuerfe set kommsg1=substr(kommsg1,2,10);
update ss_wuerfe set kommsg2=substr(kommsg2,2,10);
update ss_wuerfe set kommabs1=substr( kommabs1,2,10);
update ss_wuerfe set kommabs2=substr(kommabs2,2,10);
update ss_wir_buch set komm=substr(komm,2,10);
update ss_sau_eber set ausurs=substr(ausurs,2,10);
update ss_sau_eber set komm1=substr(komm1,2,10);
update ss_sau_eber set komm2=substr( komm2,2,10);
update ss_sau_eber set reklam_grund= substr(reklam_grund,2,10);
update ss_sau_eber set komm_ano= substr(komm_ano,2,10);
update ss_behandlung set ursache=substr(ursache,2,10);
update ss_behandlung set verab_art= substr( verab_art,2,10);
update ss_behandlung set techniker=substr( techniker,2,10);
update ss_behandlung_mast set ursache= substr(ursache,2,10);
update ss_behandlung_mast set verab_art=substr(verab_art,2,10);
update ss_behandlung_mast set techniker=substr(techniker,2,10);
update ss_anomalien set komm=substr(komm,2,10);
delete from ss_kommentare where kuerzel like 'x%';

```

Identifizierung von Genomvarianten mit Einfluss auf die Wurfgröße

Prof. Dr. Gudrun Brockmann, Divine Akumo, Dr. Uwe Müller

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung und Zielstellung
2	Material und Methoden
2.1	Tierpopulation
2.2	Genetische Marker
2.2.1	Kandidatengene und Gentests
2.2.2	Informative Mikrosatellitenmarker auf Chromosomen 6, 7 und 8 sowie Genotypisierungen
2.3	Phänotypische Daten
2.4	Datenanalyse
3	Ergebnisse
3.1	Kandidatengene
3.1.1	Häufigkeiten und Allelfrequenzen
3.1.2.	Geneffekte
3.2	Mikrosatellitenanalyse
3.2.1	Häufigkeiten und Allelfrequenzen
3.2.2	Alleleffekte
4	Diskussion
	Literatur
	Anhang

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1:	Anzahl Sauen mit verschiedenen Würfen in vier Betrieben
Tabelle 2:	Untersuchte Kandidatengene
Tabelle 3:	PCR-RFLP-Parameter für die Genotypisierung der Kandidatengene
Tabelle 4:	Relative Häufigkeiten der Allele von Kandidatengenen
Tabelle 5a:	Beobachtete und erwartete Häufigkeiten der Genotypen von Kandidatengenen
Tabelle 5b:	Beobachtete und erwartete Häufigkeiten der Genotypen von Kandidatengenen
Tabelle 6:	Relative Häufigkeiten der Allele von Kandidatengenen, getrennt nach Betrieben
Tabelle 7:	Beobachtete Häufigkeiten der Genotypen von Kandidatengenen, getrennt n. Betrieben
Tabelle 8:	p-Werte für fixe Effekte
Tabelle 9:	Differenzen zwischen Genotypen im Merkmal lebend geborener Ferkel/Wurf
Tabelle 10:	Substitutionseffekte der positiven Kandidatengenallele, gesamte Stichprobe ($p < 0,05$)
Tabelle 11:	p-Werte für Genotyp und fixe Effekte, getrennt nach Betrieben
Tabelle 12a:	Differenzen im Betrieb 1 zwischen Genotypen im Merkmal lebend geborener Ferkel/Wurf
Tabelle 12b:	Differenzen im Betrieb 3 zwischen Genotypen im Merkmal lebend geborener Ferkel/Wurf
Tabelle 13:	Allelsubstitutionseffekt für die Kandidatengene ($p < 0,05$), getrennt nach Betrieben
Tabelle 14:	Allelfrequenzen von Mikrosatelliten auf den Chromosomen 6, 7 und 8
Tabelle 15a:	Allelfrequenzen von Mikrosatelliten auf den Chromosomen 6, 7 und 8, n. Betrieben
Tabelle 15b:	Allelfrequenzen von Mikrosatelliten auf den Chromosomen 6, 7 und 8, n. Betrieben
Tabelle 16:	Allelsubstitutionseffekt für die Mikrosatellitenmarker (mit $p < 0,05$)
Tabelle 17:	Allelsubstitutionseffekt für die Mikrosatellitenmarker (mit $p < 0,05$), nach Betrieben

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1:	Markerkarte für 24 informative Mikrosatelliten auf den Chromosomen 6, 7 und 8
--------------	---

1 Einleitung und Zielstellung

Die Verbesserung reproduktiver Eigenschaften insbesondere der Wurfgröße und Vitalität der Ferkel haben in den letzten Jahren an Bedeutung in der Schweinezüchtung gewonnen. Auf die Anforderungen des Marktes reagierend, sind Schweinezüchter zunehmend an Möglichkeiten der Kostensenkung durch eine erhöhte Anzahl abgesetzter Ferkel und an der Realisierung guter Preise durch Verwendung von Tieren mit guter Fleischqualität interessiert.

Mittlerweile existiert eine Reihe von Ergebnissen aus Studien, in welchen der Zusammenhang zwischen den Informationen auf molekulargenetischer Ebene und der weiblichen Fruchtbarkeit untersucht worden ist (Buske et al. 2006a). Viele dieser Studien wurden an kleinen Stichproben durchgeführt, die meist nur wenige hundert Sauen umfassten. Von den untersuchten Genen gelten vor allem ESR, PRLR, RBP4 und FSHB als potenzielle Kandidatengene zur Verbesserung der Fruchtbarkeit, allerdings wurden bisher nur wenige Studien an der Deutschen Landrasse durchgeführt.

Ziel dieser Arbeit war es, Genomvarianten zu identifizieren, welche einen Einfluss auf die Wurfgröße bei der Deutschen Landrasse haben könnten. Acht Kandidatengene wurden für die Assoziation zwischen den Allelvarianten und dem Merkmal „Lebend geborene Ferkeln (IgF)“ analysiert. Darüber hinaus wurden aus einer Vielzahl anonymer genetischer Marker (Mikrosatelliten) 24 informative Marker auf den Chromosomen 6, 7 und 8 ausgewählt und getestet. Diese Chromosomen sind für QTL-Regionen mit Einfluss auf Fruchtbarkeitsleistungen bekannt.

2 Material und Methoden

2.1 Tierpopulation

Für die Untersuchungen stand DNA von 1.013 Sauen der Deutschen Landrasse zur Verfügung. Die Sauen wurden in vier Betrieben gehalten und waren die Nachkommen von 55 Ebern. Tabelle 1 zeigt die Aufteilung der Würfe nach Betrieben und Wurfnummer. Etwa 95 % der Tiere kamen aus zwei Betrieben (Betrieb 1 und 3).

Tabelle 1: Anzahl Sauen mit verschiedenen Würfen in vier Betrieben

Betrieb	Anzahl Sauen	Wurfnummer (WNR)						
		1	2	3	4	5	6	Σ
1	286	281	263	229	185	137	98	1193
2	29	28	28	28	28	28	28	168
3	676	660	614	552	483	395	287	2991
4	22	22	11	7	2	-	-	42
Σ	1013	991	916	816	698	560	413	4394

2.2 Genetische Marker

2.2.1 Kandidatengene und Gentests

Die Auswahl der Kandidatengene erfolgte auf der Grundlage bekannter biologischer Zusammenhänge mit der Fruchtbarkeit sowie der Ergebnisse einer vorangegangenen Literaturstudie. Tabelle 2 gibt eine Übersicht über die acht analysierten Kandidatengene und deren biologische Funktion.

Tabelle 2: Untersuchte Kandidatengene

Nr.	Kandidatengen	Chr.	Biologische Funktion
1	Östrogenrezeptor 2 (ESR2)	SSC1	DNA-bindender Transkriptionsfaktor, aktiviert Geschlechtshormon
2	Follikelstimulierendes Hormon Beta (FSHB)	SSC2	Oogenese, Spermatogenese und Follikelentwicklung
3	Glycoproteinormon, alpha Polypeptid (CGA)	SSC2	Oogenese, Spermatogenese
4	Fucosyltransferase 1 (FUT1)	SSC6	Stoffwechsel, Embryogenese
5	Luteinisierendes Hormon beta (LHB)	SSC6	Spermatogenese und Ovulation
6	Properdin (BF)	SSC7	Komponente der Immunreaktion
7	Glutathion Peroxidase 5 (GPX5)	SSC7	Stoffwechsel von Lipiden und Hydroperoxid
8	Cytochrom P450 Steroid 21 Hydroxylase (CYP21)	SSC7	Sexualhormonsynthese

Der Genotypennachweis für die untersuchten Kandidatengene erfolgte mittels Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR) und Restriktions-Fragment-Längen-Polymorphismus (RFLP). Für die Kandidatengene ESR2, FUT1, BF, GPX5 und CYP21 wurden die verwendeten Methoden der Arbeit von BUSKE et al. (2005 und 2006b) entnommen. Die verwendeten Methoden für die PCR als auch für die RFLP-Tests der Kandidatengene LHB, FSHB und für das CGA-Gen wurden nach REIßMANN (2007) etabliert. Einen Überblick gibt Tabelle 3.

Tabelle 3: PCR-RFLP-Parameter für die Genotypisierung der Kandidatengene

Nr.	Kandidatengen	GenBank	Chr.	Annealing Temperatur (°C)	PCR Produktlänge (bp)	RFLP
1	ESR2	AF164957	SSC1	62	218	Hsp92 II
2	FSHB	D00621	SSC2	58	545	Hae III
3	CGA	D00768	SSC2	58	943	Rsa I
4	FUT1	U70883	SSC6	56	421	Hha I
5	LHB	D00579	SSC6	61	510	Hsp92 II
6	BF	M59240	SSC7	56	390	Sma I
7	GPX5	AF124818	SSC7	51	501	Hinf I
8	CYP21	M83939	SSC7	59 u. 65	791	Hsp92 II, Pst I

2.2.2 Informative Mikrosatellitenmarker auf Chromosomen 6, 7 und 8 sowie Genotypisierungen

Auf den Chromosomen 6, 7 und 8 wurden 73 Mikrosatelliten bei den Stammebern hinsichtlich Informativität getestet. 24 informative Mikrosatelliten wurden für die Genotypisierungen der Sauen ausgewählt (Abbildung 1). Die Genotypisierung der PCR Produkte erfolgte mit Hilfe des DNA Analysegerätes LI-COR Sequencer 4200, Biosciences, Bad Homburg, Deutschland.

MapChart von SSC 6, 7 und 8 mit Mikrosatellitenmarkern

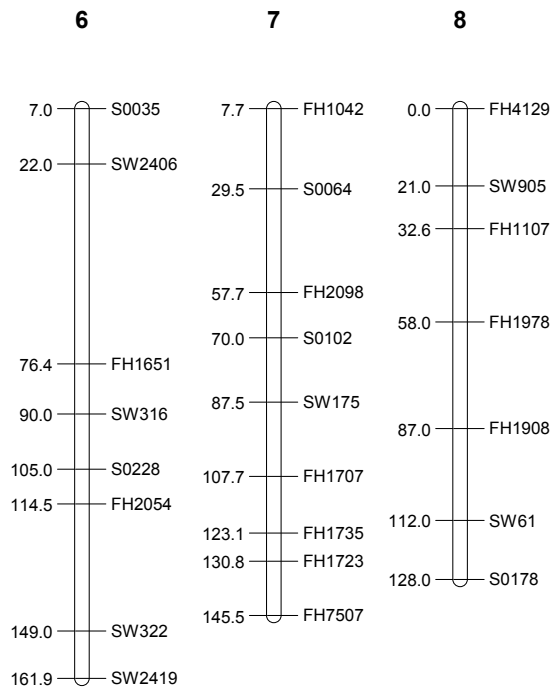


Abbildung 1: Markerkarte für 24 informative Mikrosatelliten auf den Chromosomen 6, 7, und 8

2.3 Phänotypische Daten

Phänotypische Daten wurden vom LfULG bereitgestellt. Neben dem Zielmerkmal lebend geborene Ferkel/Wurf wurden Informationen zur Wurfnummer, zur Generationsnummer innerhalb der Tierstruktur, zum Betrieb, zum Betriebs-Jahres-Quartals-Effekt, zum Wurfalter und zu den Eltern der Sau mitgeliefert.

2.4 Datenanalyse

Für die Analyse genetischer Einflüsse auf das Merkmal lebend geborene Ferkel/Wurf (LGF) wurden die Informationen von maximal 1.010 Sauen zwischen dem ersten und sechsten Wurf genutzt. Hierbei kam das Programm SAS (SAS Institute Inc., 2007, Version 9.1) mit der Prozedur MIXED zur Anwendung.

Bei der Modellauswahl wurden zunächst die fixen Faktoren Wurfnummer, Wurfalter, Betrieb bzw. Betriebs-Jahres-Quartalseffekt, Generation (innerhalb der analysierten Familienstruktur) und ESR2-Genotyp sowie der Effekt des Vaters (als fix und zufällig) und des Tieres untersucht. Mit Ausnahme des genetischen Effekts wurden nicht-signifikante Haupteffekte und Wechselwirkungen schrittweise eliminiert. Auf der Basis des *Akaike's Information Criteria* wurde schließlich ein Modell ausgewählt, das neben dem ESR2-Effekt auch die fixen Faktoren Wurfnummer, Betriebs-Jahres-Quartals-Effekt, Wurfalter und die zufälligen Faktoren des Vaters und der Sau berücksichtigte. Dieses Modell (Modell 1) wurde nachfolgend für die Analyse aller Kandidatengene genutzt.

Modell 1

$$Y_{ijklmn} = \mu + WNR_i + BJQ_j + WA_k(WNR_i) + Vat_l + S_m + GT_n + e_{ijklm}$$

Y_{ijklmn} = lebend geborene Ferkel

μ = Gesamtmittelwert

WNR_i = Wurfnummer (fixer Effekt)

BJQ_j = Betriebs-Jahres-Quartals-Effekt (fixer Effekt)

$WA_k(WNR_i)$ = Wurfalter innerhalb Wurfnummer (als Covariate)

Vat_l = Vater (zufälliger Effekt)

S_m = Sau (zufälliger Effekt)

GT_n = Genotyp (fixer Effekt)

e_{ijklm} = Restfehler

Für signifikante Kandidatengeneffekte wurden auch die entsprechenden Least Square Means der Genotypen berechnet. Die Genotypengruppen wurden mit Hilfe eines multiplen Mittelwertvergleiches (Tukey-Korrektur) einander gegenübergestellt. Genotypengruppen mit weniger als 10 Tieren wurden von den Auswertungen ausgeschlossen. Dies betraf den Genotyp 22 am BF-Locus.

Bei den aus bis zu neun Allelen bestehenden Mikrosatelliten haben wir wegen der Vielzahl der sich daraus ergebenden Genotypen nicht die Genotypen-, sondern die Allelsubstitutionseffekte ermittelt, die Auskunft darüber geben, wie sich das Zielmerkmal IgF/Wurf im Durchschnitt verändert, wenn ein bestimmtes Allel eines Mikrosatelliten im Genotyp vorkommt. Um nicht-genetische Effekte von den Alleleffekten trennen zu können, wurden im ersten Schritt für jede Sau und jeden Wurf dieser Sau die Differenzen zwischen beobachteter Wurfgröße und erwarteter Wurfgröße ermittelt (englisch Yield Deviations, YD), wobei die Summe der YD über alle Sauen Null betrug. Die erwartete Wurfgröße wurde aus den beobachteten Wurfgrößen über alle Sauen und alle Würfe unter Berücksichtigung des Betriebs-Jahres-Quartals-Effekts und des Wurfalters ermittelt. Im zweiten Schritt wurde aus den YDs aller Würfe einer Sau der Mittelwert für diese Sau gebildet. Im dritten Schritt erfolgte die Schätzung des genetischen Effekts unter gleichzeitiger Berücksichtigung des zufälligen väterlichen Einflusses (Modell 2).

Modell 2

$$Y_{ijkl} = \mu + b_i * x_i + V_j + e_{ijkl}$$

Hierbei symbolisieren b_i den zu schätzenden Alleleffekt, x_i die Anzahl der Allele am untersuchten Locus und V_j den Vatern effekt. Diese Methode ist in den Arbeiten von KÜHN et al. (2007) und RAHMATALLA et al (2008) ausführlich beschrieben worden. Zur Überprüfung der Hypothese, dass sich die Population im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht befindet, wurde ein Chi-Quadrat Test durchgeführt. Ergänzend zu den Analysen über alle Tiere in den vier Betrieben erfolgte die Auswertung des Datenmaterials auch separat für die beiden Standorte mit den meisten Sauen (Betrieb 1 und 3). Anhand der Ergebnisse sollte geprüft werden, ob die genetischen Effekte von betriebspezifischen Faktoren abhängig sein können. Hierbei kam wiederum Modell 1 zur Anwendung.

3 Ergebnisse

3.1 Kandidatengene

3.1.1 Häufigkeiten und Allelfrequenzen

Gesamte Stichprobe (vier Betriebe)

Tabelle 4 enthält die Allelfrequenzen pro Kandidatengen für alle Tiere aus den vier Untersuchungsbetrieben. Bei den Kandidatengenen BF, CYP21, FSHB und CGA trat das Allel 1 am häufigsten auf, Allel 2 wurde bei den Kandidatengenen ESR2, FUT1, GPX5 und LHB am häufigsten beobachtet. Am Locus des Kandidatengens BF waren mehr als 90 % aller Allele nur einem Typ zuzuordnen.

Tabelle 4: Relative Häufigkeiten der Allele von Kandidatengenen

Allel	Gene								
	ESR2	BF	FUT1	GPX5	CYP21a	CYP21b	LHB	FSHB	CGA
1	0,39	0,91	0,22	0,21	0,68	0,66	0,42	0,83	0,63
2	0,61	0,09	0,78	0,79	0,32	0,34	0,58	0,17	0,37

Die Prüfung des Hardy Weinberg Gleichgewichtes (HWG) zeigte, dass sich die Loci der Gene BF, FUT1, GPX5, CYP21b, FSHB und der CGA im HWG befanden, während die Gene ESR2, CYP21a und LHB diesem nicht entsprachen (Tabellen 5a und 5b).

Tabelle 5a: Beobachtete (Obs) und erwartete (Exp) Häufigkeiten der Genotypen von Kandidatengenen

Genotyp	Gene									
	ESR2		BF		FUT1		GPX5		CYP21a	
	Obs	Exp	Obs	Exp	Obs	Exp	Obs	Exp	Obs	Exp
11	172	154,48	807	806,37	51	42,48	46	40,96	508	442,31
12	446	481,04	163	164,27	286	303,04	300	310,09	292	423,38
22	392	374,48	9	8,37	549	540,48	592	586,96	167	101,31
Σ	1010		979		886		938		967	
HWG	Nein		Ja		Ja		Ja		Nein	

Tabelle 5b: Beobachtete (Obs) und erwartete (Exp) Häufigkeiten der Genotypen von Kandidatengenen

Genotyp	Gene							
	CYP21b		LHB		FSHB		CGA	
	Obs	Exp	Obs	Exp	Obs	Exp	Obs	Exp
11	430	426,03	81	174,65	536	542,65	271	282,19
12	429	436,94	678	490,69	235	221,71	357	334,61
22	116	112,03	251	344,65	16	22,64	88	99,19
Σ	975		1010		787		716	
HWG	Ja		Nein		Ja		Ja	

Separate Analyse der beiden größten Betriebe (zwei Betriebe)

Tabelle 6 enthält die Häufigkeiten der Allele der analysierten Kandidatengene in den Betrieben 1 und 3. Gravierende Abweichungen zwischen den Betrieben sind nicht zu beobachten. Lediglich LHB und CGA weisen geringfügige Unterschiede auf, die aber als Zufallsschwankung betrachtet werden können.

Tabelle 6: Relative Häufigkeiten der Allele von Kandidatengenen, getrennt nach Betrieben

Betrieb	Allel	Gene								
		ESR2	BF	FUT1	GPX5	CYP21a	CYP21b	LHB	FSHB	CGA
1	1	0,419	0,854	0,196	0,236	0,619	0,662	0,472	0,852	0,700
	2	0,581	0,146	0,804	0,764	0,381	0,338	0,528	0,148	0,300
3	1	0,377	0,940	0,217	0,195	0,710	0,662	0,388	0,814	0,588
	2	0,623	0,060	0,783	0,805	0,290	0,338	0,612	0,186	0,412

Wie aus den Allelfrequenzen erwartet werden kann, wiesen auch die Häufigkeiten der Genotypen an den meisten Loci keine bedeutenden Unterschiede zwischen den zwei Betrieben auf. Wie aber im Falle der Kandidatengene ESR2 und CGA zu erkennen ist, fallen die Abweichungen in der Genotypenfrequenz dennoch etwas deutlicher aus als bei den Allelen.

Tabelle 7: Beobachtete Häufigkeiten der Genotypen von Kandidatengenen, getrennt nach Betrieben

Betrieb	GT	Gene								
		ESR2	BF	FUT1	GPX5	CYP21a	CYP21b	LHB	FSHB	CGA
1	11	63	206	10	11	126	112	34	176	105
	12	112	73	77	106	96	148	200	67	105
	22	109	5	161	154	59	21	50	3	15
	Σ	284	284	248	271	281	281	284	246	225
3	11	105	568	40	29	366	297	47	320	147
	12	299	75	178	183	171	260	430	159	229
	22	272	3	375	406	99	88	199	12	69
	Σ	676	646	593	618	636	645	676	491	445

GT = Genotyp

3.1.2. Geneffekte

Gesamte Stichprobe (vier Betriebe)

In Tabelle 8 sind die Kandidatengene aufgeführt, die im globalen Test nach Modell 1 einen signifikanten Einfluss erkennen ließen. Weitere Ergebnisse befinden sich im Anhang (Tabellen I). Wie ersichtlich, beeinflusste der jeweilige Genotyp für die Kandidatengene ESR2, BF und CYP21a die Fruchtbarkeitsleistung der Sau. Im Falle des CYP21a-Gens wurde die Signifikanzgrenze allerdings nur geringfügig unterschritten.

Tabelle 8: p-Werte für fixe Effekte

Effekt	Kandidatengene mit signifikanten Genotypeneffekten und Tieranzahl der vier Betriebe		
	ESR2 (n=1010)	BF (n=979)	CYP21a (=967)
WNR	0,0307	0,0339	0,0472
BJQ	0,0001	0,0001	0,0001
WA(WNR)	0,0418	0,0451	0,0651
Genotyp	0,0176	0,0196	0,0480

WNR = Wurfnummer, BJQ = Betriebs-Jahres-Quartals-Effekt, WA = Wurfalter (p < 0,05)

Tabelle 9 zeigt für die drei aufgeführten Kandidatengene die geschätzten Differenzen zwischen den Genotypen. Bei den Kandidatengenen ESR2, BF und CYP21a gab es signifikante Unterschiede zwischen der homozygoten Variante 11 und der heterozygoten Variante 12. Die Differenzen betrugen 0,33; 0,28 und 0,25 lebend geborene Ferkel entsprechend für die Gene ESR2, BF und CYP21a. Die homozygoten Sauen waren den heterozygoten überlegen. Zwischen homozygoten Genotypen war kein statistisch gesicherter Unterschied nachweisbar.

Tabelle 9: Differenzen zwischen Genotypen im Merkmal lebend geborener Ferkel/Wurf

GT	ESR2				BF				CYP21a			
	Schätz-wert	SF	p-Wert	Adj.p-Werte	Schätz-wert	SF	p-Wert	Adj.p-Werte	Schätz-wert	SF	p-Wert	Adj.p-Werte
11-12	0,330	0,116	0,005	0,013	0,280	0,120	0,019	0,019	0,246	0,099	0,014	0,037
11-22	0,228	0,121	0,060	0,145					0,100	0,121	0,412	0,691
12-22	-0,103	0,090	0,258	0,494					-0,146	0,127	0,252	0,485

GT= Genotyp, SF= Standardfehler, Adjusted p-Werte nachTukey-Kramer (p < 0,05)

Beispiel: 11-12 entspricht der Differenz im Merkmal IgF/Wurf zwischen Genotyp11 und 12

Tabelle 10 enthält signifikante Allelsubstitutionseffekte, die in der gesamten Untersuchungspopulation gefunden wurden. Wie ersichtlich, korrespondieren diese Ergebnisse gut mit den zuvor beschriebenen Genotypeneffekten. Sie weisen darauf hin, dass jeweils das Allel 1 dieser Kandidatengene vorteilhafte Effekte auf die Anzahl lebend geworfener Ferkel/Wurf hat.

Tabelle 10: Substitutionseffekte der positiven Kandidatengenallele, gesamte Stichprobe (p < 0,05)

Gen	Allel	Schätzwert	Stdfehler	DF	t-Wert	p-Wert
ESR2	1	0.253	0.108	611.01	2.34	0.019
BF	1	0.240	0.111	670.41	2.15	0.032
CYP21a	1	0.214	0.095	590.28	2.26	0.024

Separate Analyse der beiden größten Betriebe (zwei Betriebe)

Tabelle 11 zeigt, dass die untersuchten Kandidatengene in den beiden Betrieben keinen einheitlichen Einfluss auf das Merkmal IgF/Wurf hatten. Während ESR2 und Fut1 im Betrieb 1 von signifikanter Bedeutung für das Fruchtbarkeitsmerkmal waren, waren es BF und Cyp21a im Betrieb 3: Ähnlich verhielt es sich auch mit dem Einfluss der nicht genetischen Faktoren, welche im Modell mit berücksichtigt worden waren.

Tabelle 11: p-Werte für Genotyp und fixe Effekte, getrennt nach Betrieben

Effekt	Kandidatengene mit signifikanten Genotypeneffekten in den 2 Betrieben							
	ESR2		BF		FUT1		CYP21a	
	Betrieb1	Betrieb3	Betrieb1	Betrieb3	Betrieb1	Betrieb3	Betrieb1	Betrieb3
WNR	0,0071	0,0294	0,0063	0,0461	0,0198	0,1551	0,0084	0,0537
BJQ	0,1729	0,0254	0,2242	0,0286	0,0624	0,0025	0,1627	0,0051
WA(WNR)	0,0076	0,0367	0,0060	0,0551	0,0270	0,2102	0,0065	0,0773
Genotyp	0,0201	0,2447	0,1685	0,0331	0,0192	0,9061	0,3869	0,0318

WNR = Wurfnummer, BJQ = Betriebs-Jahres-Quartals-Effekt, WA = Wurfalter ($p < 0,05$)

Die Tabellen 12a und b zeigen für vier Kandidatengene, die mindestens in einem der Betriebe einen signifikanten Einfluss auf die Anzahl lebend geborener Ferkel/Wurf hatten, die geschätzten Differenzen zwischen den Genotypen. Wie in der Analyse der gesamten Stichprobe waren für die Kandidatengene ESR2, BF und CYP21a Unterschiede zwischen der homozygoten Variante 11 und der heterozygoten Variante 12 nachweisbar. Allerdings waren signifikante Ergebnisse nicht in beiden, sondern immer nur in einem der Betriebe festzustellen. So betrug die Differenz zwischen den Genotypen 11 und 12 im Falle des ESR2-Gens 0,6 Ferkel/Wurf im ersten und 0,2 Ferkel/Wurf im zweiten Betrieb. Dies weist auf einen gerichteten positiven Effekt des Genotypen 11 hin, auch wenn im Betrieb 3 die Signifikanzschwelle nicht erreicht wurde.

Tabelle 12a: Differenzen im Betrieb 1 zwischen Genotypen im Merkmal lebend geborener Ferkel/Wurf

GT	ESR2				BF			
	Schätzwert	SF	p-Wert	Adj.p-Werte	Schätzwert	SF	p-Wert	Adj.p-Werte
11-12	0,619	0,221	0,006	0,015	0,277	0,201	0,169	0,169
11-22	0,347	0,229	0,130	0,284				
12-22	-0,271	0,192	0,160	0,337				
GT	FUT1				CYP21a			
	Schätzwert	SF	p-Wert	Adj.p-Werte	Schätzwert	SF	p-Wert	Adj.p-Werte
11-12	-0,103	0,421	0,807	0,968	0,264	0,197	0,181	0,374
11-22	0,455	0,434	0,296	0,548	0,169	0,216	0,434	0,713
12-22	0,557	0,197	0,005	0,014	-0,095	0,235	0,688	0,915

GT= Genotyp, SF= Standardfehler, Adjusted p-Wert nach Tukey-Kramer ($p < 0,05$)

Beispiel: 11-12 entspricht der Differenz im Merkmal IgF/Wurf zwischen Genotyp11 und 12

Tabelle 12b: Differenzen im Betrieb 3 zwischen Genotypen im Merkmal lebend geborener Ferkel/Wurf

GT	ESR2				BF			
	Schätz-wert	SF	p-Wert	Adj.p-Werte	Schätz-wert	SF	p-Wert	Adj.p-Werte
11-12	0,220	0,139	0,114	0,253	0,280	0,120	0,019	0,019
11-22	0,222	0,145	0,125	0,275				
12-22	0,002	0,105	0,981	0,999				
GT	FUT1				CYP21a			
	Schätz-wert	SF	p-Wert	Adj.p-Werte	Schätz-wert	SF	p-Wert	Adj.p-Werte
11-12	0,089	0,211	0,675	0,908	0,309	0,119	0,009	0,026
11-22	0,060	0,213	0,780	0,958	0,071	0,151	0,639	0,886
12-22	-0,029	0,117	0,804	0,967	-0,238	0,159	0,134	0,292

Legende wie in Tabelle 12a

Ähnliche Resultate wie bei den Genotypen wurden auch für die Alleleffekte errechnet. In den Kandidatengenen ESR2 und Cyp21a hatte das Allel 1 in beiden Betrieben positive Effekte auf die Anzahl lebend geborener Ferkel/Wurf. Allerdings erreichte der Schätzwert nur in einem Betrieb die Signifikanzgrenze. Für FUT1 erwies sich das Allel 2 im Betrieb 1 als nachteilig für die Fruchtbarkeit, während es im Betrieb 3 keinen nachweisbaren Effekt hatte. Das Allel 1 im BF-Gen verfehlte im Betrieb 3 nur knapp die Signifikanzschwelle von $p < 0,05$ und ist deshalb nicht in Tabelle 13 aufgeführt. Der Schätzwert war aber in beiden Betrieben positiv (Tabellen VI a und b, Anhang).

Tabelle 13: Allelsubstitutionseffekt für die Kandidatengene ($p < 0,05$), getrennt nach Betrieben

Betrieb	Gen	Allel	Schätzwert	Stdfehler	DF	t-Wert	p-Wert
1	ESR2	1	0.601	0.192	172.14	3.14	0.002
3	ESR2	1	0.122	0.139	399.88	0.88	0.378
1	FUT1	2	-0.513	0.179	219.99	-2.85	0.005
3	FUT1	2	0.031	0.113	488.45	0.28	0.782
1	CYP21a	1	0.188	0.183	101.13	1.03	0.305
3	CYP21a	1	0.289	0.117	470.57	2.48	0.014

3.2 Mikrosatellitenanalyse

3.2.1 Häufigkeiten und Allelfrequenzen

Gesamte Stichprobe (vier Betriebe)

Tabelle 14 zeigt die Allelfrequenzen der untersuchten Mikrosatellitenmarker. Die Anzahl der Allele pro Locus variierte zwischen drei und neun. Weil sich mit steigender Anzahl an Allelen auch deren mittlere Häufigkeit verringert, kam es hier öfter als bei den Kandidatengenen vor, dass einzelne Allele sehr selten auftraten.

Tabelle 14: Allelfrequenzen von Mikrosatelliten auf den Chromosomen 6, 7 und 8

Anzahl Sauen	Chr om.	Relative Lage(cM)	Marker	Allele								
				1	2	3	4	5	6	7	8	9
705	6	7,0	S0035	0,378	0,620	0,002						
717	6	22,0	SW2406	0,028	0,075	0,354	0,544					
690	6	76,4	FH1651	0,091	0,296	0,024	0,197	0,060	0,331			
288	6	90,0	SW316	0,271	0,271	0,328	0,026	0,040	0,042	0,023		
708	6	105,0	S0228	0,170	0,625	0,205						
686	6	114,5	FH2154	0,028	0,060	0,382	0,231	0,069	0,043	0,035	0,047	0,106
726	6	149,0	SW322	0,071	0,141	0,209	0,392	0,172	0,015			
683	6	161,9	SW2419	0,139	0,151	0,222	0,252	0,160	0,076			
640	7	7,7	FH1042	0,045	0,126	0,243	0,255	0,143	0,033	0,012	0,011	0,133
686	7	29,5	S0064	0,013	0,106	0,429	0,255	0,794	0,117			
624	7	57,7	FH2098	0,435	0,451	0,054	0,035	0,025				
608	7	70,0	S0102	0,025	0,088	0,139	0,167	0,387	0,194			
627	7	87,5	SW175	0,030	0,486	0,309	0,021	0,043	0,110			
660	7	107,7	FH1707	0,021	0,070	0,057	0,025	0,082	0,559	0,092	0,093	
540	7	123,1	FH1735	0,076	0,231	0,491	0,144	0,059				
643	7	130,8	FH1723	0,030	0,509	0,461						
658	7	145,5	FH7507	0,029	0,145	0,472	0,147	0,207				
695	8	0,0	FH4129	0,158	0,693	0,150						
719	8	21,0	SW905	0,065	0,048	0,047	0,062	0,276	0,502			
547	8	32,6	FH1107	0,233	0,036	0,067	0,100	0,506	0,015	0,011	0,033	
647	8	58,0	FH1978	0,971	0,019	0,009						
597	8	87,0	FH1908	0,041	0,297	0,178	0,100	0,338	0,047			
694	8	112,0	SW61	0,102	0,125	0,085	0,146	0,213	0,200	0,125	0,006	
713	8	128,0	S0178	0,044	0,130	0,105	0,064	0,062	0,254	0,342		

Separate Analyse der beiden größten Betriebe (zwei Betriebe)

Die in Tabelle 15 aufgeführten Allelfrequenzen von Mikrosatelliten lassen erkennen, dass zwischen den beiden Betrieben keine gravierenden Unterschiede bestanden. Auch waren fast alle Allelvarianten aus dem Gesamtbestand (Tabelle 14) in beiden Betrieben vertreten. Das sehr seltene Allel 3 des ersten Markers auf Chromosom 6 kam jedoch nur in Betrieb 1 vor, in Betrieb 3 war es nicht nachweisbar.

Tabelle 15a: Allelfrequenzen von Mikrosatelliten auf den Chromosomen 6, 7 und 8, getrennt nach Betrieben

Betrieb	Anzahl	Chr.	Marker	Allele								
				1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	178	6	S0035	0,348	0,645	0,007						
	225	6	SW2406	0,042	0,096	0,358	0,504					
	222	6	FH1651	0,090	0,340	0,016	0,203	0,086	0,266			
	68	6	SW316	0,213	0,338	0,287	0,037	0,059	0,037	0,029		
	218	6	S0228	0,197	0,606	0,197						
	224	6	FH2154	0,013	0,078	0,346	0,286	0,067	0,051	0,011	0,045	0,103
	227	6	SW322	0,091	0,148	0,170	0,349	0,210	0,013			
	216	6	SW2419	0,132	0,169	0,227	0,211	0,167	0,095			
3	461	6	S0035	0,383	0,617							
	472	6	SW2406	0,021	0,068	0,346	0,565					
	447	6	FH1651	0,091	0,274	0,028	0,196	0,047	0,365			
	291	6	SW316	0,246	0,244	0,348	0,025	0,037	0,047	0,022		
	471	6	S0228	0,160	0,634	0,206						
	441	6	FH2154	0,036	0,050	0,397	0,201	0,066	0,040	0,049	0,051	0,111
	477	6	SW322	0,056	0,140	0,214	0,418	0,156	0,017			
	445	6	SW2419	0,140	0,144	0,216	0,267	0,163	0,071			

Chr. = Chromosom

Tabelle 15b: Allelfrequenzen von Mikrosatelliten auf den Chromosomen 6, 7 und 8, getrennt nach Betrieben

Betrieb	Anzahl	Chromo- som	Marker	Allele								
				1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	220	7	FH1042	0,018	0,109	0,236	0,246	0,148	0,030	0,016	0,025	0,173
	217	7	S0064	0,018	0,134	0,461	0,258	0,067	0,062			
	293	7	FH2098	0,419	0,488	0,019	0,064	0,001				
	140	7	S0102	0,029	0,071	0,118	0,200	0,393	0,189			
	147	7	SW175	0,014	0,469	0,276	0,044	0,037	0,160			
	217	7	FH1707	0,028	0,065	0,042	0,028	0,088	0,536	0,125	0,088	
	176	7	FH1735	0,082	0,207	0,548	0,091	0,071				
	207	7	FH1723	0,027	0,560	0,413						
	196	7	FH7507	0,020	0,179	0,492	0,087	0,222				
3	398	7	FH1042	0,060	0,129	0,251	0,258	0,137	0,035	0,010	0,004	0,116
	447	7	S0064	0,011	0,087	0,415	0,256	0,088	0,142			
	399	7	FH2098	0,442	0,447	0,066	0,015	0,029				
	446	7	S0102	0,024	0,089	0,148	0,155	0,397	0,188			
	458	7	SW175	0,036	0,489	0,323	0,014	0,046	0,092			
	421	7	FH1707	0,019	0,077	0,064	0,023	0,081	0,565	0,078	0,094	
	344	7	FH1735	0,077	0,240	0,465	0,166	0,052				
	416	7	FH1723	0,033	0,477	0,490						

Betrieb	Anzahl Sauen	Chromosom	Marker	Allele								
				1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	443	7	FH7507	0,034	0,130	0,467	0,165	0,204				
	221	8	FH4129	0,136	0,715	0,149						
	221	8	SW905	0,059	0,054	0,045	0,036	0,240	0,566			
	206	8	FH1107	0,269	0,034	0,058	0,097	0,461	0,012	0,015	0,053	
	188	8	FH1978	0,968	0,016	0,016						
	207	8	FH1908	0,024	0,362	0,176	0,099	0,280	0,058			
	222	8	SW61	0,073	0,148	0,084	0,102	0,205	0,225	0,161	0,002	
	227	8	S0178	0,060	0,148	0,088	0,066	0,060	0,214	0,366		
3	455	8	FH4129	0,168	0,685	0,147						
	476	8	SW905	0,069	0,047	0,048	0,074	0,290	0,472			
	334	8	FH1107	0,214	0,036	0,070	0,103	0,530	0,017	0,009	0,021	
	437	8	FH1978	0,971	0,022	0,007						
	373	8	FH1908	0,050	0,260	0,181	0,099	0,371	0,039			
	455	8	SW61	0,115	0,115	0,087	0,163	0,219	0,186	0,108	0,008	
	464	8	S0178	0,036	0,123	0,115	0,066	0,064	0,269	0,328		

3.2.2 Alleleffekte

Gesamte Stichprobe (vier Betriebe)

Von den insgesamt 24 untersuchten Mikrosatelliten wurden vier gefunden, deren Allele signifikante Effekte aufwiesen (Tabelle 16). Die Ergebnisse für die nicht signifikanten Mikrosatelliten befinden sich im Anhang (Tabellen VII a bis VII d, Anhang). Tabelle 16 zeigt z. B., dass das Vorhandensein einer Kopie des Allels 5 am FH2154 Locus eine durchschnittliche Steigerung der Fruchtbarkeitsleistung um 2,0 Ferkel/Wurf zur Folge hatte. Dieser Schätzwert erscheint sehr hoch und ist angesichts der relativ geringen Zahl an Allelen, auf denen er beruht, und des hohen Standardfehlers trotz des geringen p-Werts mit Vorsicht zu betrachten. Ähnlich verhält es sich mit den drei anderen in Tabelle 16 aufgeführten Allelen. Die Anzahl der positiven Allele für den Marker FH1042 beträgt nur sieben und für den Marker FH1107 20. Dabei ist weiterhin zu berücksichtigen, dass die p-Werte nicht auf multiples Testen korrigiert wurden. Unter der Annahme, dass die auf den drei verschiedenen Chromosomen liegenden Mikrosatelliten unabhängig voneinander segregieren, liegt der Schwellenwert für signifikante Mikrosatellitenmarker-Effekte bei $0,05/3 = 0,0166$. Damit wäre nur der Effekt des Allels 5 im Marker FH2154 weiterhin von hoher Sicherheit.

Tabelle 16: Allelsubstitutionseffekt für die Mikrosatellitenmarker (mit $p < 0,05$)

Chromosom	Marker	Allel	Schätzwert	Standardfehler	p-Werte	Anzahl Allele
6	FH2154	5	2,0377	0,7644	0,0091	47
7	FH1042	7	2,1555	0,8592	0,0295	7
8	FH1107	2	-2,4270	1,1182	0,0367	20
8	FH1908	3	-0,8784	0,3799	0,0218	106

Separate Analyse der beiden größten Betriebe (zwei Betriebe)

Wie bei den Geneffekten der Kandidatengene zeigte sich auch bei den Mikrosatelliten, dass sich die Auswirkungen eines Allels auf das Fruchtbarkeitsmerkmal innerhalb der Betriebe keinesfalls einheitlich darstellen.

Tabelle 17: Allelsubstitutionseffekt für die Mikrosatellitenmarker (mit $p < 0,05$), getrennt nach Betrieben

Betrieb	Chr.	Marker	Allel	Schätzwert (LGF)	Standardfehler	p-Wert	Anzahl Allele
1	6	FH1651	6	0,757	0,330	0,0242	59
3	6	FH1651	6	-0,444	0,192	0,0212	163
1	6	SW316	2	1,038	0,344	0,0051	23
3	6	SW316	2	-0,206	0,223	0,3589	71
1	6	SW322	3	-1,015	0,524	0,0565	39
3	6	SW322	3	0,503	0,253	0,0490	102
1	7	FH1042	7	-0,110	1,109	0,9263	4
3	7	FH1042	7	4,265	0,604	0,0009	4
1	7	S0064	2	1,918	0,924	0,0428	29
3	7	S0064	2	-0,148	0,931	0,8745	51
1	8	FH1107	2	0	-	-	7
3	8	FH1107	2	-2,362	1,098	0,0433	12
1	8	FH1908	3	0,126	0,698	0,8572	36
3	8	FH1908	3	-1,403	0,504	0,0063	67

Im Gegensatz zu den Kandidatengenen, für die eine Reihe gleichgerichteter Ergebnisse gefunden wurden, sehen wir hier in den meisten Fällen nur Effekte in einem der beiden Betriebe (Tabelle 17). Für das Allel 6 im Locus FH1651 ist die Richtung der Effekte in beiden Betrieben entgegengesetzt. Bei der Bewertung der Ergebnisse sind auch hier die z. T. recht hohen Schätzfehler (Tabelle 17) und vor allem die niedrigen Allelfrequenzen (Tabellen 15a und b) zu berücksichtigen. Sehr deutlich wird dies am Beispiel des im Betrieb 3 nur viermal auftretenden Allels 7 am FH1042 Locus, dessen Schätzwert wenig erwartungstreu ist, obwohl der Schätzfehler relativ niedrig ist und der p-Wert 0,0009 beträgt.

4 Diskussion

Die in den vier Betrieben gefundenen Ergebnisse für die Kandidatengene ESR2, BF, und Cyp21a ließen auf genetische Effekte schließen, die einen Einfluss auf die Fruchtbarkeitsleistung der Sau, im speziellen Fall das Merkmal IgF/Wurf, haben könnten. FUT1 war nur in einem Betrieb für die phänotypische Merkmalsausprägung von Bedeutung. Für dieses Gen sind Assoziationen mit Durchfallerkrankungen des Schweins bekannt, was bei betriebspezifischen Erregerspektren und -dichten für solche Erkrankungen auch eine unterschiedliche Bedeutung dieses Genes zur Folge haben kann, weil zwischen Erkrankungshäufigkeit und Fruchtbarkeit enge Beziehungen zu vermuten sind.

Die biologischen Funktionen der Gene ESR2, BF, und Cyp21a lassen hingegen einen direkten Zusammenhang mit der Reproduktionsleistung erwarten. Allerdings zeigte sich, dass in allen Fällen keine Unterschiede zwischen den homozygoten Genotypen existierten, sondern zwischen homozygoten und heterozygoten. So betrug die Überlegenheit des Genotyps 11 gegenüber Genotyp 12 beim ESR2-Gen 0,33 IgF/Wurf; bei den Kandidatengenen BF und Cyp21a waren es 0,28 und 0,25. Effekte dieser Größe stellen in der Schweinezucht durchaus eine ökonomisch relevante Größenordnung dar. Das Fehlen von signifikanten Unterschieden zwischen den Homozygoten muss nicht zwingend Ausdruck fehlender biologischer Assoziation sein, sondern kann z. B. auf eine unterschiedliche Anzahl von Tieren in den beiden Genotypengruppen begründet sein (siehe Tabelle 6a).

Obwohl in der vorliegenden Arbeit im Vergleich zur nationalen und internationalen Literatur bereits eine sehr große Zahl an Sauen in die Untersuchungen einbezogen wurde, sind die Unterschiede in den Genotypenhäufigkeiten (z. B. 11 und 22) z. T. erheblich.

Wie die weiterführenden Auswertungen in zwei Betrieben belegen, ließen sich die am Gesamtmaterial gefundenen Ergebnisse in den Teilstichproben jeweils nur in einem der beiden Betriebe signifikant reproduzieren, sodass man davon ausgehen muss, dass dieser Betrieb für das am Gesamttierbestand gefundene Ergebnis maßgeblich war. Eine unterschiedliche Verteilung der Genotypen in den Betrieben kommt hierfür als Hauptursache nicht in Frage. Vielmehr ist davon auszugehen, dass vor allem Unterschiede im Management, in der Herdengesundheit und in der Datenerfassung die Ergebnisse beeinflussen. Weil Geneffekte bei einem polygenen Merkmal wie der Fruchtbarkeit nur kleine, diskrete Anteile an der Merkmalsausprägung besitzen, können nicht oder unzureichend erfasste Einflussfaktoren (Umwelteffekte und Wechselwirkungen zwischen Genen und Umwelt) sehr schnell zu nicht signifikanten oder sogar unterschiedlichen Resultaten führen. Andererseits stimmt die Richtung der Schätzwerte für die genotypischen Differenzen bei ESR2, BF und Cyp21a weitgehend überein (vgl. Tabellen 12a und 12b). Deshalb können in diesen Fällen ähnliche kausale Wirkungen von den beteiligten Allelen auf das Fruchtbarkeitsmerkmal in beiden Betrieben unterstellt werden. Die Allelsubstitutionseffekte unterstreichen einen vorteilhaften Einfluss der Allele 1 in den Genen ESR2 und CYP21a, der in wenigstens einem Betrieb signifikant war und im anderen Betrieb die gleiche Richtung aufwies (Tabelle 13). Für BF konnten keine signifikanten Alleleffekte bei der separaten Analyse der beiden größten Betriebe nachgewiesen werden. Im FUT1 Gen hatte das Allel 2 in einem Betrieb einen stark negativen Effekt auf die Anzahl lebend geborener Ferkel/Wurf, im anderen keinen (Tabelle 13).

Aus den vorliegenden Ergebnissen zu den Kandidatengenen lässt sich daher ableiten, dass eine Selektion auf die homozygoten Genotypen 11 bzw. auf Allel 1 im Falle von ESR2, BF und Cyp21a die Fruchtbarkeitsleistung der Sauen erhöhen könnte. Allerdings kann das Ausmaß resultierender Selektionserfolge zwischen den Betrieben variieren. Deshalb sollten nachfolgend für die verschiedenen Betriebe unterschiedliche angepasste Strategien zum Einsatz genetischer Markertests für die Erhöhung der Reproduktionsrate ausgearbeitet werden.

Mikrosatelliten sind kurze, nicht kodierende DNA-Sequenzen, die im Genom eines Organismus oft wiederholt werden und Hinweise auf DNA-Polymorphismen liefern. Wenn ein solcher DNA-Polymorphismus mit einem Leistungsmerkmal assoziiert ist, dann besteht die Möglichkeit, dass in dieser Chromosomenregion im Kopplungsungleichgewicht mit dem Mikrosatellitenlocus ursächliche Loci für ökonomisch relevante Leistungen zu finden sind. Gegenüber Einzelbasen-Polymorphismen (SNPs) in Kandidatengen haben Mikrosatelliten den Vorteil, dass ein Locus nicht nur zwei, sondern mehrere Haplotypen der gekoppelten Chromosomenregion repräsentieren kann. Damit kann der Informationswert eines Mikrosatellitenallels unter Umständen größer sein als der eines SNP. Zum anderen führt die höhere Anzahl von Allelen jedoch dazu, dass die Anzahl der Tiere pro Allel-Gruppe im Vergleich zu Loci mit nur zwei Allelen wie bei den SNPs geringer wird, was schnell zum Verlust der Power für den Nachweis von Gruppenunterschieden mittels statistischer Tests führt. Der Umstand, dass in enger Nachbarschaft zu Mikrosatelliten eine Reihe fruchtbarkeitsrelevanter Gene zu finden sein kann, rechtfertigt auch weiterhin, die Arbeit mit solchen anonymen Markern durchzuführen.

Anders als bei den Kandidatengen wurde bei den Mikrosatelliten auf die Durchführung eines globalen F-Tests für den Vergleich von Genotypengruppen verzichtet. Bei neun Allelen wäre mit bis zu 45 Genotypen zu rechnen gewesen, was für die anschließende Bewertung der einzelnen Genotypen wenig aussagekräftig gewesen wäre. Daher wurden nur die Alleleffekte auf der Basis der Yield Deviations ermittelt. Die in Tabellen 16 und 17 aufgeführten Schätzwerte der Allelsubstitutionseffekte erscheinen zumindest für die Marker FH2154, FH1042 und FH1107 überschätzt und sind angesichts der relativ geringen Anzahl an Allelen, auf denen sie beruhen, auch mit entsprechend hohen Schätzfehlern behaftet. Die Marker, die in unseren Untersuchungen signifikante Alleleffekte gezeigt haben, und weitere Marker in deren unmittelbaren Nachbarschaft sollten in weiteren Populationen untersucht werden, um die hier erhaltenen Ergebnisse zu verifizieren.

Literatur

- BUSKE, B., BRUNSCH, C., ZELLER, K., REINECKE, P., BROCKMANN, G. A. (2005): Analysis of properdin (BF) genotypes associated with litter size in a commercial pig cross population. *J. Anim. Breed. Genet.* 122, 259 – 263.
- BUSKE, B., STERNSTEIN, I., BROCKMANN, G. (2006a): QTL and candidate genes influencing fecundity in sows: a review. *Anim. Reprod. Sci.*, 95, 167 – 183.
- BUSKE, B., STERNSTEIN, I., REIßMANN, M., REINECKE, P., BROCKMANN, G. (2006b): Analysis of association of GPX5, FUT1 and ESR2 genotypes with litter size in a commercial pig cross population. *Arch. Tierz., Dummerstorf*, 49, 259 – 268.
- HORÁK, P., URBAN, T., DVOŘÁK, J. (2005): The FUT1 and ESR genes – their variability and associations with reproduction in Přestice Black-Pied sows. *J. Anim. Breed. Genet.* 122, 210-213.
- KÜHN, C., THALLER, G., WINTER, A., BININDA-EMONDS, O. R., KAUPÉ, B., ERHARDT, G., BENNEWITZ, J., SCHWERIN, M., FRIES, R. (2004): Evidence for multiple alleles at the DGAT1 locus better explains a quantitative trait locus with major effect on milk fat content in cattle. *Genetics* 167, 1873-81.
- LITTELL, R., STROUP, W., FREUND, R. (2002): SAS FOR LINEAR MODELS, 4th Ed., SAS Inst. Inc.
- MUÑOZ, G., OVILO, C., AMILLS, M., RODRIGUEZ, C. (2004): Mapping of the porcine oestrogen receptor 2 gene and association study with litter size in Iberian pigs, *Anim. Genet.* 35, 242 – 244.
- RAHMATALLA, S., MÜLLER, U., STRUCKEN, E. M., BROCKMANN G. A. (2008): Der Effekt von DGAT1-Genvarianten in Deutschen Holstein Kühen unter Produktionsbedingungen. *Züchtungskunde* 80, 473-484
- REIßMANN, M. (2007): Persönliche Mitteilungen
- ROTHSCHILD, M., F., ZHI-LIANG HU, ZHIHUA JIANG (2007): Advances in QTL mapping in pigs. *Int. J. Biol. Sci.*, 3, 192 – 197.

Anhang

Tabelle I: p-Werte für fixe Effekte (Gesamte Stichprobe - vier Betriebe)

Effekt	NumDF	DenDF	FValue	ProbF
WNR	5	3941.10177	2.47	0.030719909
bjq	52	900.1705416	2.13	9.81919E-06
WA(WNR)	6	3926.154456	2.18	0.041795738
ESR2	2	913.9165391	4.06	0.017593566
WNR	5	3627.813354	2.48	0.029782047
bjq	52	819.6531996	2.11	1.52281E-05
WA(WNR)	6	3620.878772	2.22	0.038607492
GPX5	2	849.6750218	0.11	0.894208659
WNR	5	3451.845414	1.91	0.089462924
bjq	49	787.8112121	2.43	3.83844E-07
WA(WNR)	6	3434.899851	1.7	0.117739392
FUT1	2	688.2407631	0.83	0.437826018
WNR	5	3938.858985	2.4	0.035214234
bjq	52	893.6051424	2.17	5.81463E-06
WA(WNR)	6	3925.07668	2.12	0.047989642
LHB	2	927.0886521	0.64	0.529869639
WNR	5	3771.696574	2.25	0.047225136
bjq	52	859.8895946	2.37	4.42082E-07
WA(WNR)	6	3764.126721	1.98	0.065174858
CYPa	2	871.7731251	3.05	0.047960001
WNR	5	3808.407644	2.17	0.054359317
bjq	52	864.3135349	2.17	6.34447E-06
WA(WNR)	6	3794.588023	1.92	0.073782459
CYPb	2	886.2095084	0.51	0.598669835
WNR	5	2948.880982	1.9	0.091457653
bjq	50	645.2999485	2.46	2.84766E-07
WA(WNR)	6	2933.272272	1.67	0.124763316
FSHB	2	661.9274416	0.5	0.606965803
WNR	5	2688.31568	2.49	0.029525238
bjq	50	583.3911476	2.66	2.67686E-08
WA(WNR)	6	2654.497896	2.15	0.044807285
CGA	2	603.948191	1.1	0.334515676
WNR	5	3770.630022	2.42	0.033893467
bjq	52	853.7744554	2.21	3.6875E-06
WA(WNR)	6	3756.97331	2.15	0.045102962
BF	1	790.603085	5.47	0.019599793

Tabelle II a: p-Werte für fixe Effekte (Teilstichprobe – zwei Betriebe)

Betrieb	Effekt	NumDF	DenDF	FValue	ProbF
1	WNR	5	1052.09703	3.2	0.0071095
1	bjq	19	227.7669935	1.32	0.1728668
1	WA(WNR)	6	1038.28216	2.93	0.0076447
1	ESR2	2	267.6949729	3.97	0.0200914
3	WNR	5	2687.963271	2.49	0.0293953
3	bjq	19	500.9668385	1.75	0.025432
3	WA(WNR)	6	2694.224127	2.24	0.0367381
3	ESR2	2	604.2572272	1.41	0.2447206
1	WNR	5	1001.597972	3.93	0.0015445
1	bjq	19	210.4142715	1.41	0.1258207
1	WA(WNR)	6	990.6409767	3.96	0.000637
1	GPX5	2	265.8617749	0.65	0.5240842
3	WNR	5	2429.902874	1.95	0.082994
3	bjq	19	450.1416191	1.65	0.0410235
3	WA(WNR)	6	2441.677206	1.69	0.1186285
3	GPX5	2	539.7460247	0.26	0.7694148
1	WNR	5	906.1624424	2.7	0.0198247
1	bjq	17	188.5902811	1.62	0.0623757
1	WA(WNR)	6	892.6423081	2.39	0.0269734
1	FUT1	2	204.6062959	4.03	0.0192306
3	WNR	5	2364.665562	1.61	0.1551398
3	bjq	18	423.0211688	2.25	0.0024737
3	WA(WNR)	6	2372.237272	1.4	0.2102079
3	FUT1	2	418.6177348	0.1	0.9061703
1	WNR	5	1050.379843	3.35	0.0051941
1	bjq	19	204.8733965	1.37	0.1450592
1	WA(WNR)	6	1038.875022	3.17	0.0043446
1	LHB	2	271.8446802	1.33	0.265944
3	WNR	5	2688.530426	2.37	0.0375393
3	bjq	19	494.3689557	1.88	0.0138801
3	WA(WNR)	6	2694.338716	2.13	0.0472408
3	LHB	2	615.9724517	0.97	0.380576
1	WNR	5	1036.887465	3.12	0.0083656
1	bjq	19	213.5150026	1.34	0.1626963
1	WA(WNR)	6	1024.752196	3.01	0.0064526
1	CYPa	2	256.9305692	0.95	0.3868553
3	WNR	5	2536.613619	2.18	0.053745
3	bjq	19	483.9948791	2.07	0.0050567
3	WA(WNR)	6	2547.234695	1.9	0.0772628
3	CYPa	2	562.7836736	3.47	0.0318014
1	WNR	5	1039.461239	3.27	0.0061181
1	bjq	19	213.2355013	1.38	0.1396126

Tabelle II b: p-Werte für fixe Effekte (Teilstichprobe – zwei Betriebe)

Betrieb	Effekt	NumDF	DenDF	FValue	ProbF
1	WA(WNR)	6	1027.434302	3.09	0.0053095
1	CYPb	2	269.6924705	0.06	0.9400866
3	WNR	5	2573.625089	1.89	0.092534
3	bjq	19	475.5409342	1.83	0.0175073
3	WA(WNR)	6	2579.963188	1.67	0.1238566
3	CYPb	2	582.4525402	1.05	0.3490345
1	WNR	5	891.0461012	2.88	0.0136259
1	bjq	18	179.7106847	1.75	0.0354007
1	WA(WNR)	6	870.9774708	2.56	0.0183043
1	FSHB	2	214.1659328	0.59	0.5545499
3	WNR	5	1855.34765	1.28	0.2717158
3	bjq	18	335.6986484	1.93	0.0130675
3	WA(WNR)	6	1863.830398	1.14	0.3337709
3	FSHB	2	414.7904835	0.15	0.8586503
1	WNR	5	817.1423485	3.51	0.0037747
1	bjq	18	161.772885	2.15	0.0064387
1	WA(WNR)	6	792.1953968	3.17	0.0044707
1	CGA	2	190.5754161	2.25	0.108459
3	WNR	5	1682.941164	1.36	0.2383706
3	bjq	18	313.6024815	2.33	0.0018497
3	WA(WNR)	6	1682.802613	1.19	0.3087867
3	CGA	2	378.3524642	0.16	0.8519252
1	WNR	5	1033.775486	3.26	0.0062747
1	bjq	19	209.7854563	1.24	0.2241674
1	WA(WNR)	6	1023.907355	3.04	0.0060153
1	BF	1	249.8921064	1.91	0.168532
3	WNR	5	2546.942586	2.26	0.0461429
3	bjq	19	474.0847714	1.73	0.0286369
3	WA(WNR)	6	2549.881057	2.06	0.0551011
3	BF	1	506.8023111	4.56	0.0331727

Tabelle III: Differenzen zwischen Genotypen im Merkmal lebend geborene Ferkel/Wurf

(Gesamte Stichprobe)

Schätzwert	stdfehler	df	tvalue	probt	adjustment	adjp	Effekt	GT1	GT2
0.3300	0.1161	921.93	2.84	0.0046	Tukey-Kramer	0.0127	ESR2	11	12
0.2275	0.1210	910.98	1.88	0.0604	Tukey-Kramer	0.1451	ESR2	11	22
-0.1025	0.0904	908.95	-1.12	0.2575	Tukey-Kramer	0.4940	ESR2	12	22
0.0769	0.2063	907.48	0.37	0.7093	Tukey-Kramer	0.9262	GPX5	11	12
0.0951	0.2052	883.65	0.46	0.6433	Tukey-Kramer	0.8885	GPX5	11	22
0.0181	0.0936	828.38	0.19	0.8467	Tukey-Kramer	0.9796	GPX5	12	22
0.0138	0.1884	709.43	0.07	0.9417	Tukey-Kramer	0.9970	FUT1	11	12
0.1360	0.1928	633.76	0.71	0.4809	Tukey-Kramer	0.7605	FUT1	11	22
0.1222	0.0988	753.46	1.24	0.2163	Tukey-Kramer	0.4314	FUT1	12	22
0.0814	0.1497	956.13	0.54	0.5868	Tukey-Kramer	0.8497	LHB	11	12
-0.0216	0.1678	938.25	-0.12	0.8978	Tukey-Kramer	0.9909	LHB	11	22
-0.1029	0.0980	901.09	-1.04	0.2938	Tukey-Kramer	0.5452	LHB	12	22
0.2456	0.0994	833.48	2.47	0.0138	Tukey-Kramer	0.0366	CYPa	11	12
0.0996	0.1214	908.10	0.82	0.4124	Tukey-Kramer	0.6906	CYPa	11	22
-0.1460	0.1273	909.10	-1.14	0.2516	Tukey-Kramer	0.4853	CYPa	12	22
0.0664	0.0885	876.91	0.75	0.4530	Tukey-Kramer	0.7332	CYPb	11	12
0.1203	0.1345	891.44	0.89	0.3713	Tukey-Kramer	0.6439	CYPb	11	22
0.0539	0.1336	895.67	0.4	0.6867	Tukey-Kramer	0.9142	CYPb	12	22
0.0939	0.1009	680.32	0.93	0.3526	Tukey-Kramer	0.6214	FSHB	11	12
0.1642	0.3309	655.75	0.5	0.6198	Tukey-Kramer	0.8731	FSHB	11	22
0.0703	0.3317	645.79	0.21	0.8323	Tukey-Kramer	0.9756	FSHB	12	22
-0.1543	0.1046	611.24	-1.47	0.1407	Tukey-Kramer	0.3037	CGA	11	12
-0.0832	0.1653	578.33	-0.49	0.6148	Tukey-Kramer	0.8697	CGA	11	22
0.0711	0.1535	622.84	0.46	0.6433	Tukey-Kramer	0.8884	CGA	12	22
0.2801	0.1198	790.60	2.34	0.0196	Tukey-Kramer	0.0196	BF	11	22

Tabelle IV a: Differenzen zwischen Genotypen im Merkmal lebend geborene Ferkel/Wurf (Teilstichprobe)

Schätzwert	stdfehler	df	tvalue	probt	adjustment	adjp	Be	Effekt	GT1	GT2
0.619	0.221	261.56	2.8	0.0056	Tukey-Kramer	0.0153	1	ESR2	11	12
0.348	0.229	277.00	1.52	0.1302	Tukey-Kramer	0.2842	1	ESR2	11	22
-0.271	0.192	266.86	-1.4	0.1598	Tukey-Kramer	0.3373	1	ESR2	12	22
0.220	0.139	614.59	1.58	0.1136	Tukey-Kramer	0.2530	3	ESR2	11	12
0.222	0.145	593.80	1.54	0.1252	Tukey-Kramer	0.2751	3	ESR2	11	22
0.002	0.105	604.59	0.02	0.9813	Tukey-Kramer	0.9997	3	ESR2	12	22
-0.431	0.429	289.11	-1	0.3157	Tukey-Kramer	0.5743	1	GPX5	11	12
-0.307	0.438	289.59	-0.69	0.4834	Tukey-Kramer	0.7626	1	GPX5	11	22
0.124	0.180	248.42	0.69	0.4923	Tukey-Kramer	0.7709	1	GPX5	12	22
0.120	0.249	560.31	0.48	0.6302	Tukey-Kramer	0.8800	3	GPX5	11	12

Tabelle IV b: Differenzen zwischen Genotypen im Merkmal lebend geborene Ferkel/Wurf (Teilstichprobe)

Schätzwert	Stdfehler	df	tvalue	probt	adjustment	adjp	Be	Effekt	GT1	GT2
0.048	0.245	536.73	0.2	0.8446	Tukey-Kramer	0.9790	3	GPX5	11	22
-0.072	0.111	545.47	-0.64	0.5173	Tukey-Kramer	0.7936	3	GPX5	12	22
-0.103	0.421	190.67	-0.23	0.8073	Tukey-Kramer	0.9677	1	FUT1	11	12
0.455	0.434	192.05	1.05	0.2963	Tukey-Kramer	0.5480	1	FUT1	11	22
0.557	0.197	217.61	2.83	0.0051	Tukey-Kramer	0.0141	1	FUT1	12	22
0.089	0.211	478.92	0.42	0.6749	Tukey-Kramer	0.9075	3	FUT1	11	12
0.060	0.213	365.62	0.28	0.7801	Tukey-Kramer	0.9579	3	FUT1	11	22
-0.029	0.117	476.46	-0.24	0.8039	Tukey-Kramer	0.9665	3	FUT1	12	22
-0.154	0.255	279.89	-0.59	0.5457	Tukey-Kramer	0.8175	1	LHB	11	12
-0.489	0.325	273.42	-1.49	0.1343	Tukey-Kramer	0.2917	1	LHB	11	22
-0.334	0.232	263.77	-1.43	0.1515	Tukey-Kramer	0.3226	1	LHB	12	22
0.248	0.188	625.20	1.32	0.1873	Tukey-Kramer	0.3845	3	LHB	11	12
0.180	0.202	617.95	0.89	0.3745	Tukey-Kramer	0.6477	3	LHB	11	22
-0.068	0.108	609.06	-0.62	0.5297	Tukey-Kramer	0.8043	3	LHB	12	22
0.264	0.197	246.52	1.34	0.1811	Tukey-Kramer	0.3738	1	CYPa	11	12
0.169	0.216	269.62	0.78	0.4339	Tukey-Kramer	0.7134	1	CYPa	11	22
-0.095	0.235	257.02	-0.39	0.6875	Tukey-Kramer	0.9145	1	CYPa	12	22
0.309	0.119	550.76	2.6	0.0094	Tukey-Kramer	0.0255	3	CYPa	11	12
0.071	0.151	567.39	0.47	0.6387	Tukey-Kramer	0.8855	3	CYPa	11	22
-0.238	0.159	603.74	-1.49	0.1344	Tukey-Kramer	0.2921	3	CYPa	12	22
-0.038	0.174	257.15	-0.21	0.8288	Tukey-Kramer	0.9745	1	CYPb	11	12
-0.112	0.340	276.59	-0.32	0.7416	Tukey-Kramer	0.9418	1	CYPb	11	22
-0.074	0.331	284.94	-0.21	0.8223	Tukey-Kramer	0.9725	1	CYPb	12	22
0.112	0.106	582.98	1.06	0.2911	Tukey-Kramer	0.5415	3	CYPb	11	12
0.193	0.148	585.18	1.3	0.1925	Tukey-Kramer	0.3931	3	CYPb	11	22
0.081	0.148	578.87	0.55	0.5851	Tukey-Kramer	0.8484	3	CYPb	12	22
0.197	0.193	206.71	1.02	0.3091	Tukey-Kramer	0.5654	1	FSHB	11	12
0.393	0.842	223.02	0.47	0.6414	Tukey-Kramer	0.8871	1	FSHB	11	22
0.196	0.847	218.21	0.23	0.8173	Tukey-Kramer	0.9710	1	FSHB	12	22
0.061	0.123	434.12	0.49	0.6232	Tukey-Kramer	0.8753	3	FSHB	11	12
0.118	0.369	399.72	0.32	0.7484	Tukey-Kramer	0.9448	3	FSHB	11	22
0.058	0.371	400.38	0.16	0.8765	Tukey-Kramer	0.9868	3	FSHB	12	22
-0.386	0.182	202.71	-2.11	0.0352	Tukey-Kramer	0.0885	1	CGA	11	12
-0.259	0.382	181.29	-0.67	0.4982	Tukey-Kramer	0.7762	1	CGA	11	22
0.127	0.369	181.43	0.34	0.7315	Tukey-Kramer	0.9370	1	CGA	12	22
-0.075	0.133	380.34	-0.55	0.5734	Tukey-Kramer	0.8395	3	CGA	11	12
-0.058	0.190	360.86	-0.29	0.7607	Tukey-Kramer	0.9501	3	CGA	11	22
0.017	0.176	390.89	0.1	0.9212	Tukey-Kramer	0.9946	3	CGA	12	22
0.277	0.201	249.89	1.38	0.1685	Tukey-Kramer	0.1685	1	BF	11	12
0.331	0.155	506.80	2.14	0.0332	Tukey-Kramer	0.0332	3	BF	11	12

Be = Betrieb

Tabelle V: Allelsubstitutionseffekte für die Kandidatengene (Gesamte Stichprobe)

Gen	Effekt	Schätzwert	Stdfehler	DF	tValue	Probt
ESR2	KG1_A1	0.253	0.108	611.01	2.34	0.019
ESR2	KG1_A2	0.107	0.084	832.09	1.28	0.202
BF	KG2_A1	0.240	0.111	670.41	2.15	0.032
BF	KG2_A2	-0.134	0.381	170.00	-0.34	0.725
FUT1	KG3_A1	0.132	0.179	319.81	0.74	0.463
FUT1	KG3_A2	-0.120	0.091	782.89	-1.3	0.190
GPX5	KG4_A1	0.068	0.208	338.63	0.33	0.744
GPX5	KG4_A2	-0.016	0.089	837.74	-0.17	0.854
CYP21a	KG5_A1	0.214	0.095	590.28	2.26	0.024
CYP21a	KG5_A2	0.133	0.117	453.58	1.13	0.258
CYP21b	KG6_A1	0.030	0.083	856.93	0.36	0.720
CYP21b	KG6_A2	-0.097	0.130	539.62	-0.74	0.456
LHB	KG7_A1	0.087	0.144	755.22	0.6	0.547
LHB	KG7_A2	0.108	0.093	880.45	1.17	0.242
FSHB	KG8_A1	0.088	0.099	748.05	0.89	0.372
FSHB	KG8_A2	-0.091	0.325	249.00	-0.27	0.780
CGA	KG10_A1	-0.157	0.100	596.13	-1.56	0.117
CGA	KG10_A2	0.001	0.146	432.24	0.01	0.992

Tabelle VI a: Allelsubstitutionseffekte für die Kandidatengene (Teilstichprobe)

Betrieb	Gen	Effekt	Schätzwert	Stdfehler	DF	tValue	Probt
1	ESR2	KG1_A1	0.601	0.192	172.14	3.14	0.002
3	ESR2	KG1_A1	0.122	0.139	399.88	0.88	0.378
1	ESR2	KG1_A2	0.319	0.175	212.89	1.82	0.070
3	ESR2	KG1_A2	0.026	0.101	567.72	0.26	0.798
1	BF	KG2_A1	0.263	0.184	215.89	1.43	0.154
3	BF	KG2_A1	0.282	0.154	574.70	1.83	0.068
1	BF	KG2_A2	-0.157	0.606	75.13	-0.25	0.797
3	BF	KG2_A2	-0.233	0.604	76.00	-0.38	0.701
1	FUT1	KG3_A1	-0.130	0.426	85.00	-0.29	0.762
3	FUT1	KG3_A1	0.199	0.203	206.53	0.98	0.329
1	FUT1	KG3_A2	-0.513	0.179	219.99	-2.85	0.005
3	FUT1	KG3_A2	0.031	0.113	488.45	0.28	0.782
1	GPX5	KG4_A1	-0.226	0.423	113.59	-0.52	0.595
3	GPX5	KG4_A1	0.081	0.277	170.76	0.29	0.770
1	GPX5	KG4_A2	-0.155	0.166	246.55	-0.92	0.352
3	GPX5	KG4_A2	0.057	0.111	571.29	0.51	0.608
1	CPY21a	KG5_A1	0.188	0.183	101.13	1.03	0.305
3	CPY21a	KG5_A1	0.289	0.117	470.57	2.48	0.014

Tabelle VI b: Allelsubstitutionseffekte für die Kandidatengene (Teilstichprobe)

Betrieb	Gen	Effekt	Schätzwert	Stdfehler	DF	tValue	Probt
1	CPY21a	KG5_A2	-0.103	0.204	151.41	-0.5	0.612
3	CPY21a	KG5_A2	0.308	0.158	263.57	1.95	0.052
1	CPY21b	KG6_A1	-0.148	0.159	256.37	-0.92	0.353
3	CPY21b	KG6_A1	0.094	0.103	554.66	0.92	0.360
1	CPY21b	KG6_A2	-0.156	0.309	167.00	-0.49	0.615
3	CPY21b	KG6_A2	-0.090	0.153	344.88	-0.58	0.555
1	LHB	KG7_A1	-0.231	0.233	229.56	-0.98	0.323
3	LHB	KG7_A1	0.324	0.192	474.89	1.69	0.092
1	LHB	KG7_A2	0.157	0.210	212.90	0.75	0.456
3	LHB	KG7_A2	0.127	0.107	611.67	1.18	0.237
1	FSHB	KG8_A1	0.165	0.187	228.12	0.88	0.379
3	FSHB	KG8_A1	0.075	0.125	475.07	0.6	0.547
1	FSHB	KG8_A2	0.129	0.712	68.00	0.18	0.857
3	FSHB	KG8_A2	-0.157	0.388	169.00	-0.39	0.687
1	CGA	KG10_A1	-0,359	0,172	204,91	-2,08	0,038
3	CGA	KG10_A1	-0,070	0,134	367,59	-0,51	0,603
1	CGA	KG10_A2	-0,160	0,332	118,00	-0,47	0,630
3	CGA	KG10_A2	0,083	0,174	284,00	0,48	0,635

Tabelle VII a: Allelsubstitutionseffekte für die Mikrosatellitenmarker (Gesamte Stichprobe)

Marker	Effect	Estimate	StdErr	DF	tValue	Probt
S0035	MS1_A1	0.018597022	0.126209	374.2321	0.15	0.882934
S0035	MS1_A2	-0.035351176	0.113243	508.3362	-0.3	0.755038
S0035	MS1_A3	0				
SW2406	MS2_A1	0				
SW2406	MS2_A2	0.162312764	0.755353	102	0.21	0.830287
SW2406	MS2_A3	-0.200246433	0.1512	409.5467	-1.31	0.186115
SW2406	MS2_A4	-0.165544939	0.11034	548.0643	-1.49	0.134109
FH1651	MS3_A1	0.199782452	0.44331	117	0.45	0.653068
FH1651	MS3_A2	0.174346441	0.18204	348.0709	0.96	0.33886
FH1651	MS3_A3	0				
FH1651	MS3_A4	0.262779295	0.243508	230.8339	1.08	0.281651
FH1651	MS3_A5	0.492490093	0.590272	74.23896	0.83	0.406764
FH1651	MS3_A6	-0.163518336	0.162401	373.8365	-1	0.314644
SW316	MS4_A1	0.189960628	0.242986	116.9408	0.78	0.435926
SW316	MS4_A2	0.200882404	0.182849	111	1.1	0.27431
SW316	MS4_A3	-0.188094103	0.221621	128	-0.84	0.397621
SW316	MS4_A4	0				
SW316	MS4_A5	-0.259918902	0.754698	19	-0.33	0.734327

Tabelle VII b: Allelsubstitutionseffekte für die Mikrosatellitenmarker (Gesamte Stichprobe)

Marker	Effekt	Schätzwert	Stdfehler	DF	tValue	Probt
SW316	MS4_A6	0.574824617	0.522497	15.55883	1.1	0.287998
SW316	MS4_A7	0.883013382	1.196631	8	0.74	0.481647
S0228	MS5_A1	-0.027069689	0.305079	220	-0.08	0.929377
S0228	MS5_A2	0.151102745	0.105405	560.4197	1.43	0.152261
S0228	MS5_A3	0.074931452	0.235328	254.9267	0.32	0.750433
FH2154	MS6_A1	-0.379616111	0.482675	30	-0.78	0.437753
FH2154	MS6_A2	-0.850786861	0.579075	75	-1.46	0.145956
FH2154	MS6_A3	-0.119214574	0.146858	419.2969	-0.8	0.417386
FH2154	MS6_A4	-0.34461892	0.231732	279.905	-1.48	0.138102
FH2154	MS6_A5	2.037733187	0.764461	89.77765	2.67	0.009114
FH2154	MS6_A6	0.366971958	1.229458	54.61369	0.3	0.766468
FH2154	MS6_A7	0.019549482	0.615254	21.6346	0.03	0.974943
FH2154	MS6_A8	0.459958034	0.733707	58	0.63	0.533187
FH2154	MS6_A9	0.541890988	0.562289	136.8886	0.96	0.336884
SW322	MS7_A1	-0.339814933	0.568486	96	-0.59	0.551412
SW322	MS7_A2	0.235179906	0.406327	187.7093	0.58	0.563422
SW322	MS7_A3	0.232806774	0.222302	253.9814	1.05	0.295979
SW322	MS7_A4	-0.139778685	0.131812	448.7077	-1.05	0.289515
SW322	MS7_A5	0.237850748	0.260135	209.6875	0.91	0.361591
SW322	MS7_A6	-0.87902868	0.789022	13.01513	-1.1	0.285399
SW2419	MS8_A1	0.554770328	0.38782	176	1.43	0.154351
SW2419	MS8_A2	-0.202894841	0.339618	188.6775	-0.59	0.550943
SW2419	MS8_A3	0.147134764	0.21352	255.1378	0.69	0.491391
SW2419	MS8_A4	0.175511119	0.212227	300.4952	0.83	0.408895
SW2419	MS8_A5	0.083456364	0.28364	194.8186	0.29	0.768893
SW2419	MS8_A6	0.583161106	0.567585	86.12674	1.03	0.307089
FH1042	MS9_A1	0.123636209	0.524338	47	0.24	0.814616
FH1042	MS9_A2	-0.447368799	0.266925	131	-1.67	0.096122
FH1042	MS9_A3	-0.013336945	0.172898	234.8495	-0.07	0.93858
FH1042	MS9_A4	0.068195199	0.163527	249.9617	0.42	0.677017
FH1042	MS9_A5	0.199329742	0.234917	141.9845	0.85	0.397581
FH1042	MS9_A6	0.64213498	0.49359	4.888733	1.3	0.251215
FH1042	MS9_A7	2.155519122	0.859166	10.72898	2.51	0.029529
FH1042	MS9_A8	-0.867190948	0.472719	9	-1.82	0.099784
FH1042	MS9_A9	0.133691054	0.307677	142.5183	0.43	0.66457
S0064	MS10_A1	0				
S0064	MS10_A2	0.379874344	0.552992	130.4399	0.69	0.493337
S0064	MS10_A3	-0.078514561	0.132775	446.0524	-0.58	0.554596
S0064	MS10_A4	-0.06867795	0.210115	310.1344	-0.32	0.743995
S0064	MS10_A5	-0.611079636	0.613129	88.20442	-0.99	0.321657
S0064	MS10_A6	-0.056816775	0.459923	140.391	-0.11	0.90186
FH2098	MS11_A1	0.186725274	0.132557	396.795	1.41	0.159725
FH2098	MS11_A2	0.237076718	0.126624	426.5232	1.87	0.06185
FH2098	MS11_A3	-0.113712976	0.37163	50.68496	-0.3	0.76087
FH2098	MS11_A4	-0.154764513	0.979056	40	-0.15	0.875193
FH2098	MS11_A5	0				
S0102	MS12_A1	1.118419783	0.752976	26	1.49	0.149481
S0102	MS12_A2	-0.054227612	0.352988	87.81026	-0.14	0.878258
S0102	MS12_A3	-0.540934553	0.300518	146	-1.79	0.073924
S0102	MS12_A4	-0.208339703	0.256355	173.5101	-0.8	0.417504
S0102	MS12_A5	0.057882031	0.144759	283.0723	0.4	0.689569
S0102	MS12_A6	0.048207298	0.376756	218.8429	0.13	0.898303

Tabelle VII c: Allelsubstitutionseffekte für die Mikrosatellitenmarker (Gesamte Stichprobe)

Marker	Effekt	Schätzwert	Stdfehler	DF	tValue	Probt
SW175	MS13_A1	0				
SW175	MS13_A2	-0.151910311	0.136026	493.7395	-1.11	0.264635
SW175	MS13_A3	-0.037936534	0.21418	326.8934	-0.17	0.85952
SW175	MS13_A4	0				
SW175	MS13_A5	-0.804138754	0.951654	48.95913	-0.83	0.402227
FH1707	MS14_A1	0.248454876	1.366659	25	0.18	0.857208
SW175	MS14_A1	0.248454876	1.366659	25	0.18	0.857208
SW175	MS14_A2	0				
SW175	MS14_A3	0				
SW175	MS14_A4	1.107476941	1.005164	29.63234	1.1	0.279423
SW175	MS14_A7	-0.432061588	0.456902	98.69968	-0.94	0.346645
SW175	MS14_A8	0.477809015	0.516191	105.648	0.93	0.356741
FH1735	MS15_A1	0.43214165	1.241964	66.07768	0.35	0.728984
FH1735	MS15_A2	0.238724943	0.238653	216	1	0.318284
FH1735	MS15_A3	0.055689941	0.141038	401.7506	0.39	0.693157
FH1735	MS15_A4	-0.141335013	0.293173	130	-0.47	0.630554
FH1735	MS15_A5	0				
FH1723	MS16_A1	0				
FH1723	MS16_A2	0.057816057	0.121999	490.8595	0.47	0.635777
FH1723	MS16_A3	-0.145346076	0.130999	457.0786	-1.1	0.26779
FH7507	MS17_A1	0				
FH7507	MS17_A2	0.26028194	0.302325	174	0.86	0.390459
FH7507	MS17_A3	0.094861001	0.132861	504.6995	0.71	0.475566
FH7507	MS17_A4	0.044159427	0.296122	168.7746	0.15	0.881633
FH7507	MS17_A5	-0.10450848	0.236397	237.8657	-0.43	0.658826
FH4129	MS18_A1	-0.448328242	0.3421	200.3211	-1.3	0.191521
FH4129	MS18_A2	0.05343888	0.10155	607.5923	0.53	0.598919
FH4129	MS18_A3	-0.033832987	0.305535	184.9404	-0.1	0.911948
SW905	MS19_A1	0				
SW905	MS19_A2	0				
SW905	MS19_A3	-0.664181889	0.711469	60.42437	-0.92	0.354259
SW905	MS19_A4	0.144510511	1.235822	78.31853	0.12	0.907211
SW905	MS19_A5	0.221693555	0.200855	350.393	1.1	0.270458
SW905	MS19_A6	-0.022558887	0.11848	474.5815	-0.18	0.849075
FH1107	MS20_A1	0.047756179	0.220812	209.9753	0.22	0.828983
FH1107	MS20_A2	-2.427037634	1.118243	35.99214	-2.16	0.036653
FH1107	MS20_A3	0.278541126	1.282625	69.70532	0.22	0.828714
FH1107	MS20_A4	0.334714098	0.377857	95	0.89	0.37795
FH1107	MS20_A7	0				
FH1107	MS20_A8	-0.82888755	1.848642	33	-0.44	0.656812
FH1978	MS21_A1	0.194137283	0.221726	631.6116	0.88	0.381594
FH1978	MS21_A2	0.195707753	1.099007	22	0.18	0.860292
FH1978	MS21_A3	0				
FH1908	MS22_A1	0				
FH1908	MS22_A2	-0.05099584	0.186904	303.8658	-0.26	0.785157
FH1908	MS22_A3	-0.878428274	0.379916	197	-2.3	0.021802
FH1908	MS22_A4	0.479583097	0.526771	110.2859	0.91	0.364586
FH1908	MS22_A5	0.028741525	0.168918	327.42	0.17	0.864997
FH1908	MS22_A6	-0.395776297	0.541813	45.99421	-0.72	0.468809
SW61	MS23_A1	0.033294691	0.658438	135	0.05	0.959746
SW61	MS23_A2	-0.94397328	0.627334	166	-1.49	0.134291
SW61	MS23_A3	-0.191570914	0.473618	104.1027	-0.39	0.686687

Tabelle VII d: Allelsubstitutionseffekte für die Mikrosatellitenmarker (Gesamte Stichprobe)

Marker	Effekt	Schätzwert	Stdfehler	DF	tValue	Probt
SW61	MS23_A4	-0.109265474	0.284989	175.9519	-0.37	0.701884
SW61	MS23_A5	0.482411292	0.263054	266.9215	1.83	0.067785
SW61	MS23_A6	0.334392736	0.29061	252.5801	1.15	0.250961
SW61	MS23_A7	0.066035411	0.401821	150.7271	0.16	0.869683
SW61	MS23_A8	0				
S0178	MS24_A1	0				
S0178	MS24_A2	0.617027959	0.39256	169.2742	1.57	0.117863
S0178	MS24_A3	-0.216710905	0.531684	143	-0.4	0.684182
S0178	MS24_A4	-0.272079526	1.409271	64.77313	-0.18	0.847513
S0178	MS24_A5	0.702280355	0.558149	81	1.26	0.211923
S0178	MS24_A6	0.064120825	0.225004	323.9991	0.28	0.775845
S0178	MS24_A7	0.030894132	0.156615	393.8804	0.2	0.843725
S0178	MS24_A7	0.030894132	0.156615	393.8804	0.2	0.843725

Tabelle VIII a: Allelsubstitutionseffekte für die Mikrosatellitenmarker (Teilstichprobe)

Betrieb	Marker	Effekt	Schätzwert	Stdfehler	DF	tValue	Probt
1	S0035	MS1_A1	-0.15591586	0.2339619	108	-0.66	0.506567
3	S0035	MS1_A1	0.075076424	0.1593815	246.2466	0.47	0.638023
1	S0035	MS1_A2	-0.22436066	0.1920745	175.6568	-1.16	0.244353
3	S0035	MS1_A2	0.076193117	0.1431792	317.1673	0.53	0.594993
1	S0035	MS1_A3	0				
1	SW2406	MS2_A1	0				
3	SW2406	MS2_A1	0				
1	SW2406	MS2_A2	1.99757866	1.2679445	40	1.58	0.123031
3	SW2406	MS2_A2	-0.75515379	0.9360896	60	-0.8	0.423019
1	SW2406	MS2_A3	-0.19893592	0.2844641	127.8429	-0.69	0.485613
3	SW2406	MS2_A3	-0.21130563	0.18961	251.5309	-1.1	0.266162
1	SW2406	MS2_A4	-0.15115595	0.195586	165.9238	-0.76	0.440719
3	SW2406	MS2_A4	-0.19452631	0.1384542	364.9357	-1.39	0.160876
1	FH1651	MS3_A1	0.204900753	0.5664602	34	0.36	0.719799
3	FH1651	MS3_A1	0.294169733	0.7094792	76	0.41	0.679582
1	FH1651	MS3_A2	0.227063575	0.3220097	125.7075	0.71	0.482024
3	FH1651	MS3_A2	0.185872912	0.2337687	208.2919	0.8	0.427452
1	FH1651	MS3_A3	0				
3	FH1651	MS3_A3	0				
1	FH1651	MS3_A4	-0.36558844	0.5096433	68.45783	-0.71	0.475604
3	FH1651	MS3_A4	0.474006907	0.2927419	148.7469	1.62	0.107523
1	FH1651	MS3_A5	0				
3	FH1651	MS3_A5	0.278933728	0.6929826	33.36936	0.4	0.689874

Tabelle VIII b: Allelsubstitutionseffekte für die Mikrosatellitenmarker (Teilstichprobe)

Betrieb	Marker	Effekt	Schätzwert	Stdfehler	DF	tValue	Probt
1	FH1651	MS3_A6	0.756964242	0.3296213	82.9517	2.3	0.024171
3	FH1651	MS3_A6	-0.44403123	0.1915851	265.8197	-2.31	0.021227
1	SW316	MS4_A1	0.070223988	0.6048253	14.50052	0.12	0.909161
3	SW316	MS4_A1	0.076584816	0.3105044	85.37736	0.25	0.805774
1	SW316	MS4_A2	1.037712659	0.3436812	30.20554	3.02	0.005112
3	SW316	MS4_A2	-0.2055533	0.2225979	71	-0.91	0.358912
1	SW316	MS4_A3	-0.02007698	0.3994868	28	-0.04	0.960274
3	SW316	MS4_A3	-0.33463799	0.2900826	89	-1.14	0.251755
1	SW316	MS4_A4	0				
3	SW316	MS4_A4	0				
1	SW316	MS4_A5	-0.61375571	0.6192281	5	-0.98	0.367117
3	SW316	MS4_A5	-0.04618181	1.2424294	12	-0.03	0.97096
1	SW316	MS4_A6	0				
3	SW316	MS4_A6	0.699894818	0.2904559	4.354849	2.41	0.068384
1	SW316	MS4_A7	2.921546957	3.5034358	1	0.83	0.5575
3	SW316	MS4_A7	-0.09877849	1.2532672	5	-0.07	0.940235
1	S0228	MS5_A1	-0.00826826	0.4299701	73	-0.01	0.98471
3	S0228	MS5_A1	-0.04502667	0.4632068	141	-0.09	0.922701
1	S0228	MS5_A2	0.121872978	0.1922026	173.5583	0.63	0.52686
3	S0228	MS5_A2	0.145649136	0.1303401	389.0054	1.12	0.26449
1	S0228	MS5_A3	0.297623713	0.6139202	72.94081	0.48	0.629276
3	S0228	MS5_A3	0.014055338	0.2673029	164.2128	0.05	0.958129
1	FH2154	MS6_A1	0				
3	FH2154	MS6_A1	-0.37610396	0.4859054	24	-0.76	0.446473
1	FH2154	MS6_A2	-0.42253473	0.7010747	10.26641	-0.59	0.559788
3	FH2154	MS6_A2	-1.11210284	0.9547985	18.21076	-1.15	0.259151
1	FH2154	MS6_A3	-0.44414199	0.2531209	121.6293	-1.74	0.081835
3	FH2154	MS6_A3	0.022457967	0.1919187	281.978	0.12	0.906929
1	FH2154	MS6_A4	-0.2302165	0.3385947	98.87322	-0.67	0.498145
3	FH2154	MS6_A4	-0.40257749	0.3456802	163	-1.15	0.245884
1	FH2154	MS6_A5	2.006062645	1.1001478	13.77373	1.82	0.090006
3	FH2154	MS6_A5	2.158944426	1.1440806	54.00452	1.89	0.064533
1	FH2154	MS6_A6	0.356873578	1.2790513	17.70411	0.28	0.783467
3	FH2154	MS6_A6	0				
1	FH2154	MS6_A7	0				
3	FH2154	MS6_A7	0.071891976	0.6364122	21.85748	0.11	0.91109
1	FH2154	MS6_A8	1.315826885	1.0583258	15	1.24	0.232836
3	FH2154	MS6_A8	-0.24653106	1.1054566	41	-0.21	0.824633
1	FH2154	MS6_A9	1.032720407	1.0634209	35.31565	0.97	0.338088
3	FH2154	MS6_A9	0.191498525	0.6498166	92	0.29	0.76889
1	SW322	MS7_A1	-0.33933327	0.5803239	34	-0.57	0.562589
3	SW322	MS7_A1	0				
1	SW322	MS7_A2	0.185436627	0.7737594	44.63847	0.24	0.811693
3	SW322	MS7_A2	0.248045306	0.4787257	124	0.52	0.605286
1	SW322	MS7_A3	-1.01520712	0.5241372	75.86463	-1.93	0.05648
3	SW322	MS7_A3	0.502637624	0.2534053	164.6331	1.98	0.048971
1	SW322	MS7_A4	-0.33743808	0.245079	124.8035	-1.37	0.171022
3	SW322	MS7_A4	-0.08831505	0.1606223	312.8832	-0.54	0.582828
1	SW322	MS7_A5	0.004310458	0.3916132	76.9943	0.01	0.991246
3	SW322	MS7_A5	0.573461337	0.3618879	132	1.58	0.115441
1	SW322	MS7_A6	-0.03781024	1.8435905	2	-0.01	0.985499
3	SW322	MS7_A6	-0.60152912	1.2592395	11.5774	-0.47	0.641761

Tabelle VIII c: Allelsubstitutionseffekte für die Mikrosatellitenmarker (Teilstichprobe)

Betrieb	Marker	Effekt	Schätzwert	Stdfehler	DF	tValue	Probt
1	SW2419	MS8_A1	0.634985402	0.5805402	50	1.09	0.279291
3	SW2419	MS8_A1	0.462265691	0.54219	116	0.85	0.395644
1	SW2419	MS8_A2	-0.91086607	0.4815497	60.01173	-1.88	0.063382
3	SW2419	MS8_A2	0.334343698	0.4697917	117.8446	0.71	0.478066
1	SW2419	MS8_A3	-0.07708297	0.3810567	78.84898	-0.19	0.840213
3	SW2419	MS8_A3	0.281068352	0.27529	164.9287	1.02	0.308754
1	SW2419	MS8_A4	0.006383204	0.4027872	61.83699	0.02	0.987407
3	SW2419	MS8_A4	0.187052072	0.2638965	207	0.71	0.479241
1	SW2419	MS8_A5	0.318180077	0.4652905	57.41794	0.68	0.496832
3	SW2419	MS8_A5	0.067079226	0.3331101	125.2332	0.2	0.840734
1	SW2419	MS8_A6	0.73168411	0.7440378	36	0.98	0.331976
3	SW2419	MS8_A6	0.731655468	0.7749103	57.53423	0.94	0.349025
1	FH1042	MS9_A1	0				
3	FH1042	MS9_A1	0.006220715	0.562849	37	0.01	0.991241
1	FH1042	MS9_A2	-0.42652917	0.3986259	31.51491	-1.06	0.292747
3	FH1042	MS9_A2	-0.44897087	0.3975634	74.90701	-1.12	0.262372
1	FH1042	MS9_A3	0.232955361	0.3202282	77.93291	0.73	0.46912
3	FH1042	MS9_A3	-0.13684008	0.2110291	150.8235	-0.64	0.517685
1	FH1042	MS9_A4	-0.2504292	0.2882731	77.2597	-0.86	0.38769
3	FH1042	MS9_A4	0.257761113	0.2105368	158.8843	1.22	0.22265
1	FH1042	MS9_A5	0.269113313	0.415122	46.13132	0.65	0.520021
3	FH1042	MS9_A5	0.097646416	0.3192207	84.08567	0.31	0.760444
1	FH1042	MS9_A6	0.057009426	1.2520064	8	0.05	0.964797
3	FH1042	MS9_A6	0.530177339	0.7060462	4.135036	0.75	0.493185
1	FH1042	MS9_A7	-0.1097073	1.1086986	3.72499	-0.09	0.92627
3	FH1042	MS9_A7	4.26468158	0.6039904	5	7.06	0.000881
1	FH1042	MS9_A8	-0.84828547	0.5320512	6	-1.58	0.161964
3	FH1042	MS9_A8	0				
1	FH1042	MS9_A9	0.070949614	0.4571819	60.6736	0.16	0.877187
3	FH1042	MS9_A9	0.291653785	0.4590028	78.88081	0.64	0.527002
1	S0064	MS10_A1	0				
3	S0064	MS10_A1	0				
1	S0064	MS10_A2	1.918087216	0.9243302	54	2.08	0.042755
3	S0064	MS10_A2	-0.14786328	0.93066	45.66022	-0.15	0.874464
1	S0064	MS10_A3	0.10044889	0.2184056	151.8747	0.46	0.646232
3	S0064	MS10_A3	-0.19191235	0.1715341	272.6708	-1.11	0.26421
1	S0064	MS10_A4	-0.29942813	0.4279467	100.5775	-0.69	0.485739
3	S0064	MS10_A4	-0.03761595	0.2468479	199	-0.14	0.879038
1	S0064	MS10_A5	-0.18924346	1.6677519	22.11536	-0.1	0.91068
3	S0064	MS10_A5	-0.6011576	0.6255466	64.97708	-0.95	0.340109
1	S0064	MS10_A6	0				
3	S0064	MS10_A6	-0.08132845	0.4656092	110.3232	-0.16	0.861658
1	FH2098	MS11_A1	0.456497121	0.2520125	125.8324	1.81	0.072463
3	FH2098	MS11_A1	0.103927702	0.1633867	260.9334	0.64	0.525279
1	FH2098	MS11_A2	0.215235024	0.217983	144.5595	0.99	0.3251
3	FH2098	MS11_A2	0.23644478	0.1607879	272.1905	1.47	0.142571
1	FH2098	MS11_A3	0				
3	FH2098	MS11_A3	0.020854622	0.3918345	38.36254	0.05	0.95783
1	FH2098	MS11_A4	0.225231713	1.039777	22	0.22	0.830504
3	FH2098	MS11_A4	0				
1	FH2098	MS11_A5	0				
3	FH2098	MS11_A5	0				

Tabelle VIII d: Allelsubstitutionseffekte für die Mikrosatellitenmarker (Teilstichprobe)

Betrieb	Marker	Effekt	Schätzwert	Stdfehler	DF	tValue	Probt
1	S0102	MS12_A1	0				
3	S0102	MS12_A1	0.589788594	0.8966316	14.59483	0.66	0.520918
1	S0102	MS12_A2	0.744489122	1.2386939	10.30555	0.6	0.560808
3	S0102	MS12_A2	-0.13211876	0.4121311	61.11095	-0.31	0.749626
1	S0102	MS12_A3	-0.62990644	1.3303572	18.48337	-0.46	0.64141
3	S0102	MS12_A3	-0.55561433	0.3265863	110	-1.69	0.091716
1	S0102	MS12_A4	0.113096264	0.6342239	48	0.18	0.85922
3	S0102	MS12_A4	-0.29335176	0.2804177	114.6722	-1.04	0.297704
1	S0102	MS12_A5	0.241757143	0.3064761	85	0.79	0.432407
3	S0102	MS12_A5	0.019496725	0.1693727	190.1806	0.12	0.908478
1	S0102	MS12_A6	-0.67608265	0.9878592	49	-0.67	0.496952
3	S0102	MS12_A6	0.174920166	0.4212688	148.5701	0.42	0.678578
1	SW175	MS13_A1	0				
3	SW175	MS13_A1	0				
1	SW175	MS13_A2	-0.12024351	0.295905	110.9989	-0.4	0.685262
3	SW175	MS13_A2	-0.21382983	0.162121	357.5256	-1.31	0.188029
1	SW175	MS13_A3	0.182078333	0.5528309	73	0.33	0.74283
3	SW175	MS13_A3	-0.11097163	0.236143	248.3573	-0.46	0.638815
1	SW175	MS13_A4	0				
3	SW175	MS13_A4	0				
1	SW175	MS13_A5	0.228019336	1.6023531	8	0.14	0.890359
3	SW175	MS13_A5	-1.46828292	1.1871496	25.61029	-1.23	0.227378
1	FH1707	MS14_A1	0.137276086	2.0565747	8.000466	0.07	0.948419
3	FH1707	MS14_A1	0				
1	FH1707	MS14_A1	0.137276086	2.0565747	8.000466	0.07	0.948419
3	FH1707	MS14_A1	0				
1	FH1707	MS14_A2	0				
3	FH1707	MS14_A2	0				
1	FH1707	MS14_A3	0				
3	FH1707	MS14_A3	0				
1	FH1707	MS14_A4	0				
3	FH1707	MS14_A4	1.317874042	0.9629818	16	1.37	0.190055
1	FH1707	MS14_A7	-0.56887245	0.4982981	39.28258	-1.13	0.260519
3	FH1707	MS14_A7	0.277553017	0.9392981	47.59642	0.3	0.768905
1	FH1707	MS14_A8	1.145626273	0.962594	33.85164	1.19	0.242269
3	FH1707	MS14_A8	-0.03455166	0.7146819	43.03835	-0.04	0.961665
1	FH1735	MS15_A1	0.602999829	1.158106	26	0.52	0.606998
3	FH1735	MS15_A1	0				
1	FH1735	MS15_A2	0.112996589	0.4670116	59.03728	0.24	0.809652
3	FH1735	MS15_A2	0.218002662	0.2885032	141	0.76	0.45113
1	FH1735	MS15_A3	0.218500298	0.2307327	140.1239	0.95	0.345277
3	FH1735	MS15_A3	-0.0242274	0.1897926	242.9069	-0.12	0.89853
1	FH1735	MS15_A4	-0.23840032	0.9477032	28	-0.24	0.803221
3	FH1735	MS15_A4	-0.1494048	0.3400895	93	-0.43	0.661456
1	FH1735	MS15_A5	0				
3	FH1735	MS15_A5	0				
1	FH1723	MS16_A1	0				
3	FH1723	MS16_A1	0				
1	FH1723	MS16_A2	0.081647033	0.204544	168.4393	0.4	0.690276
3	FH1723	MS16_A2	0.070019239	0.1625114	309.4134	0.43	0.666872
1	FH1723	MS16_A3	-0.03045929	0.2543977	134.5852	-0.11	0.904875
3	FH1723	MS16_A3	-0.23261315	0.1544875	311.1554	-1.5	0.133156
1	FH7507	MS17_A1	0				

Tabelle VIII e: Allelsubstitutionseffekte für die Mikrosatellitenmarker (Teilstichprobe)

Betrieb	Marker	Effekt	Schätzwert	Stdfehler	DF	tValue	Probt
3	FH7507	MS17_A1	0				
1	FH7507	MS17_A2	0.078615877	0.453943	60.56909	0.17	0.863084
3	FH7507	MS17_A2	0.649370279	0.4312849	105	1.51	0.135156
1	FH7507	MS17_A3	0.151082736	0.2334515	152.7125	0.65	0.518494
3	FH7507	MS17_A3	0.089326419	0.1671974	335.7933	0.53	0.593517
1	FH7507	MS17_A4	-0.54375446	1.3009478	23.25344	-0.41	0.679805
3	FH7507	MS17_A4	0.085843929	0.3580956	126.2734	0.24	0.810933
1	FH7507	MS17_A5	-0.84719965	0.5524633	59.57095	-1.52	0.130448
3	FH7507	MS17_A5	0.071990094	0.2580159	149.918	0.28	0.780618
1	FH4129	MS18_A1	-0.43374994	0.5929591	47.28656	-0.72	0.468083
3	FH4129	MS18_A1	-0.48659955	0.4316736	142.8989	-1.12	0.261531
1	FH4129	MS18_A2	0.214345834	0.1813104	202.1992	1.18	0.238513
3	FH4129	MS18_A2	-0.01105264	0.1265314	393.4449	-0.08	0.930437
1	FH4129	MS18_A3	0.186747004	0.5770419	32.77502	0.32	0.748276
3	FH4129	MS18_A3	-0.05673009	0.3943641	116.6688	-0.13	0.885865
1	SW905	MS19_A1	0				
3	SW905	MS19_A1	0				
1	SW905	MS19_A2	0				
3	SW905	MS19_A2	0				
1	SW905	MS19_A3	-0.93658403	1.5002023	17	-0.61	0.540716
3	SW905	MS19_A3	-0.5686692	0.8107184	34.74624	-0.69	0.487701
1	SW905	MS19_A4	0				
3	SW905	MS19_A4	0				
1	SW905	MS19_A5	-0.00045093	0.3854173	91	0	0.999069
3	SW905	MS19_A5	0.33211497	0.2414186	242.7308	1.38	0.170188
1	SW905	MS19_A6	0.072361522	0.2034323	171.3015	0.36	0.722501
3	SW905	MS19_A6	-0.06725667	0.150648	349	-0.44	0.65555
1	FH1107	MS20_A1	0.074639333	0.3669327	91.64544	0.2	0.839262
3	FH1107	MS20_A1	0.226975162	0.2793351	120	0.81	0.418082
1	FH1107	MS20_A2	0				
3	FH1107	MS20_A2	-2.36185419	1.0978717	20.97277	-2.14	0.043261
1	FH1107	MS20_A3	0				
3	FH1107	MS20_A3	0.316355806	1.3684363	43.16594	0.23	0.818267
1	FH1107	MS20_A4	0.137743187	0.8501898	35	0.16	0.872226
3	FH1107	MS20_A4	0.350713332	0.3979611	58	0.88	0.381806
1	FH1107	MS20_A7	0				
3	FH1107	MS20_A7	0				
1	FH1107	MS20_A8	-0.83769296	1.2566112	15.92101	-0.66	0.514555
3	FH1107	MS20_A8	0				
1	FH1978	MS21_A1	0.009208209	0.3806993	185.4482	0.02	0.980729
3	FH1978	MS21_A1	0.307965918	0.2782268	423.9481	1.11	0.26897
1	FH1978	MS21_A2	0				
3	FH1978	MS21_A2	0.199659134	1.1827993	16	0.17	0.868068
1	FH1978	MS21_A3	0				
3	FH1978	MS21_A3	0				
1	FH1908	MS22_A1	0				
3	FH1908	MS22_A1	0				
1	FH1908	MS22_A2	-0.29214552	0.264254	116.3488	-1.1	0.271203
3	FH1908	MS22_A2	0.150279816	0.269812	166.4513	0.56	0.578289
1	FH1908	MS22_A3	0.126191263	0.6980908	58.33378	0.18	0.857178
3	FH1908	MS22_A3	-1.4034034	0.5041656	108.3047	-2.77	0.006345
1	FH1908	MS22_A4	0.140292412	0.7933549	35.34493	0.18	0.860648
3	FH1908	MS22_A4	0.57230366	1.1477366	70.9993	0.5	0.619577

Tabelle VIII f: Allelsubstitutionseffekte für die Mikrosatellitenmarker (Teilstichprobe)

Betrieb	Marker	Effekt	Schätzwert	Stdfehler	DF	tValue	Probt
1	FH1908	MS22_A5	-0.33880606	0.3254693	92.83337	-1.03	0.30059
3	FH1908	MS22_A5	0.156856936	0.2041206	222	0.77	0.443035
1	FH1908	MS22_A6	0.11939628	0.6887341	18	0.17	0.864306
3	FH1908	MS22_A6	-2.08432097	1.0679551	19.21069	-1.94	0.065708
1	SW61	MS23_A1	0.630422936	0.7914407	17.87443	0.8	0.436165
3	SW61	MS23_A1	-0.85461363	1.4063398	100.5092	-0.6	0.544766
1	SW61	MS23_A2	-1.27786716	1.3120166	62	-0.96	0.333855
3	SW61	MS23_A2	-0.7992867	0.7253355	97.85695	-1.09	0.273184
1	SW61	MS23_A3	0.030845215	0.8725975	10.67631	0.04	0.972454
3	SW61	MS23_A3	-0.26569187	0.5707572	70.98135	-0.46	0.642993
1	SW61	MS23_A4	-0.44528175	0.5773444	37	-0.76	0.445452
3	SW61	MS23_A4	0.046962398	0.3465032	132.3037	0.14	0.892397
1	SW61	MS23_A5	0.713499321	0.378125	64.05784	1.89	0.063702
3	SW61	MS23_A5	0.367592573	0.3410941	173.1742	1.08	0.282673
1	SW61	MS23_A6	0.382961892	0.3936743	85.00768	0.97	0.333418
3	SW61	MS23_A6	0.277006539	0.4331102	157	0.64	0.523381
1	SW61	MS23_A7	0.019933452	0.5709364	41.75251	0.03	0.972315
3	SW61	MS23_A7	0.076998577	0.6132708	90.77846	0.13	0.900363
3	SW61	MS23_A8	0				
1	S0178	MS24_A1	0				
3	S0178	MS24_A1	0				
1	S0178	MS24_A2	1.586796192	0.818158	61.97388	1.94	0.056999
3	S0178	MS24_A2	0.11745129	0.4407823	100.6352	0.27	0.790429
1	S0178	MS24_A3	0				
3	S0178	MS24_A3	-0.13351382	0.5552805	99.98197	-0.23	0.810478
1	S0178	MS24_A4	0				
3	S0178	MS24_A4	-0.18092658	1.471926	56.87193	-0.11	0.902605
1	S0178	MS24_A5	0.208985882	1.5829491	23.99458	0.13	0.896067
3	S0178	MS24_A5	0.852629199	0.5768346	53	1.48	0.145295
1	S0178	MS24_A6	-0.1457923	0.469214	87	-0.3	0.75676
3	S0178	MS24_A6	0.132405074	0.2733033	221.9466	0.48	0.628536
1	S0178	MS24_A7	0.127696421	0.2362319	124.6646	0.54	0.589779
3	S0178	MS24_A7	0.013763913	0.218422	249.7384	0.06	0.949805
1	S0178	MS24_A7	0.127696421	0.2362319	124.6646	0.54	0.589779
3	S0178	MS24_A7	0.013763913	0.218422	249.7384	0.06	0.949805

Möglichkeit zur markergestützten Selektion auf Fruchtbarkeit

Dr. Simone Müller, Dr. Erhard Gernand, Uta Braun, Prof. Dr. Ottmar Distl, Dr. Henning Hamann

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung und Aufgabenstellung
2	Material und Methode
3	Ergebnisse
4	Schlussfolgerungen
	Literatur
	Anhang

Tabellenverzeichnis

- Tabelle 1: Beschreibung des genotypisierten Tiermaterials
- Tabelle 2: Vorliegende Wurfinformationen des genotypisierten Tiermaterials
- Tabelle 3: Allelfrequenzen für RBP4 und LIF
- Tabelle 4: Genotypenverteilung für RBP4 und Wurfgröße nach Rasse
- Tabelle 5: Genotypenverteilung für LIF und Wurfgröße nach Rasse
- Tabelle 6: Additive und Dominanzeffekte für RBP4 und LIF (TiHo Hannover)
- Tabelle 7: Schätzwerte für die Genotypen und –effekte des RBP4 bei DE
- Tabelle 8: Schätzwerte für die Genotypen und –effekte des RBP4 bei DL
- Tabelle 9: Schätzwerte für die Genotypen und –effekte des RBP4 bei LC
- Tabelle 10: Schätzwerte für die Genotypen und –effekte des RBP4 bei F1 - Sauen
- Tabelle 11: Schätzwerte für die Genotypen und –effekte des LIF bei DE – Sauen
- Tabelle 12: Schätzwerte für die Genotypen und –effekte des LIF bei DL – Sauen
- Tabelle 13: Schätzwerte für die Genotypen und –effekte des LIF bei LC – Sauen
- Tabelle 14: Schätzwerte für die Genotypen und –effekte des LIF bei F1 – Sauen
- Tabelle 15: Schätzwerte additiver Dominanzeffekte aus den Gesamtzuchtwerten für die Wurfgröße
- Tabelle 16: Schätzwerte für den naturalen Zuchtwert der Wurfgröße in Abhängigkeit vom Genotyp des RBP4- und LIF-Gens bei DL-Sauen (Genotypvarianten aggregiert)
- Tabelle 17: Schätzwerte für den naturalen Zuchtwert der Wurfgröße in Abhängigkeit vom Genotyp des RBP4- und LIF-Gens bei DE-Sauen (Genotypvarianten aggregiert)
- Tabelle 18: Verteilungsverhältnisse der RBP4-Genotypen in Abhängigkeit vom aktuellen Naturalzuchtwert Wurfgröße bei DE- und DL-Sauen
- Tabelle 19: Schätzwerte für die naturalen Zuchtwerte (im züchterischen Sinn) der Mastleistung für die Genotypen des RBP4 bei DE
- Tabelle 20: Schätzwerte für die naturalen Zuchtwerte (im züchterischen Sinn) der Mastleistung für die Genotypen des RBP4 bei DL

Abbildungsverzeichnis

- Abbildung 1: Genotypisierung eines Mikrosatellitenmarkers
- Abbildung 2: Auswirkung der Genotypeneffekte auf die berechneten Alleleffekte

1 Einleitung und Aufgabenstellung

Der Fruchtbarkeit wird seit Ende der 1990er-Jahre in der Zuchtarbeit deutlich mehr Aufmerksamkeit gewidmet als zuvor. Herdenleistungen von mehr als 22 marktfähigen Ferkeln je Sau und Jahr erfordern mittlere Wurfleistungen von > 11 lebend geborenen Ferkeln. Die Einbeziehung der Fruchtbarkeit in die Zuchtwertschätzung ist damit eine notwendige Konsequenz, um durch die Zuchtarbeit eine zielgerichtete Verbesserung der Reinzuchtpopulationen zu erreichen. In Thüringen wurde dies ab 2003 mit der Integration der Wurfgröße in den Gesamtzuchtwert der Mutterrassen umgesetzt.

Die zusätzliche Einbeziehung geeigneter genetischer Marker könnte die Genauigkeit und Effizienz der Zuchtarbeit insbesondere für geschlechtsgebundene Fruchtbarkeitsmerkmale mit niedriger Heritabilität erhöhen, die zudem erst relativ spät erfassbar sind (STEINHEUER 2001). Voraussetzung ist, entsprechende Gene mit einem Einfluss auf die Befruchtung, embryonale Implantation und weitere fetale Entwicklung zu identifizieren und deren Expressionsmuster aufzuklären. Eine Vielzahl von Forschungsarbeiten beschäftigt sich in den letzten 20 Jahren mit der Analyse und Erkennung geeigneter Kandidatengene.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

2 Material und Methode

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

Tabelle 1: Beschreibung des genotypisierten Tiermaterials

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

Tabelle 2: Vorliegende Wurfinformationen des genotypisierten Tiermaterials

Anzahl Würfe	DE		DL		LC		F1	
	N	%	%		%		%	
1	62	9,1	23	2,6	13	3,8	13	3,0
2	85	12,4	41	4,6	22	6,4	23	5,3
3	89	13,0	82	9,3	47	13,6	75	17,4
4	118	17,2	103	11,7	49	14,2	106	24,7
5 und 6	187	27,3	330	37,4	116	33,5	151	35,1
7 und 8	96	14,0	189	21,4	67	19,4	58	13,5
>8	48	7,0	114	12,9	32	9,2	4	0,9
ges.	685		882		346		430	

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

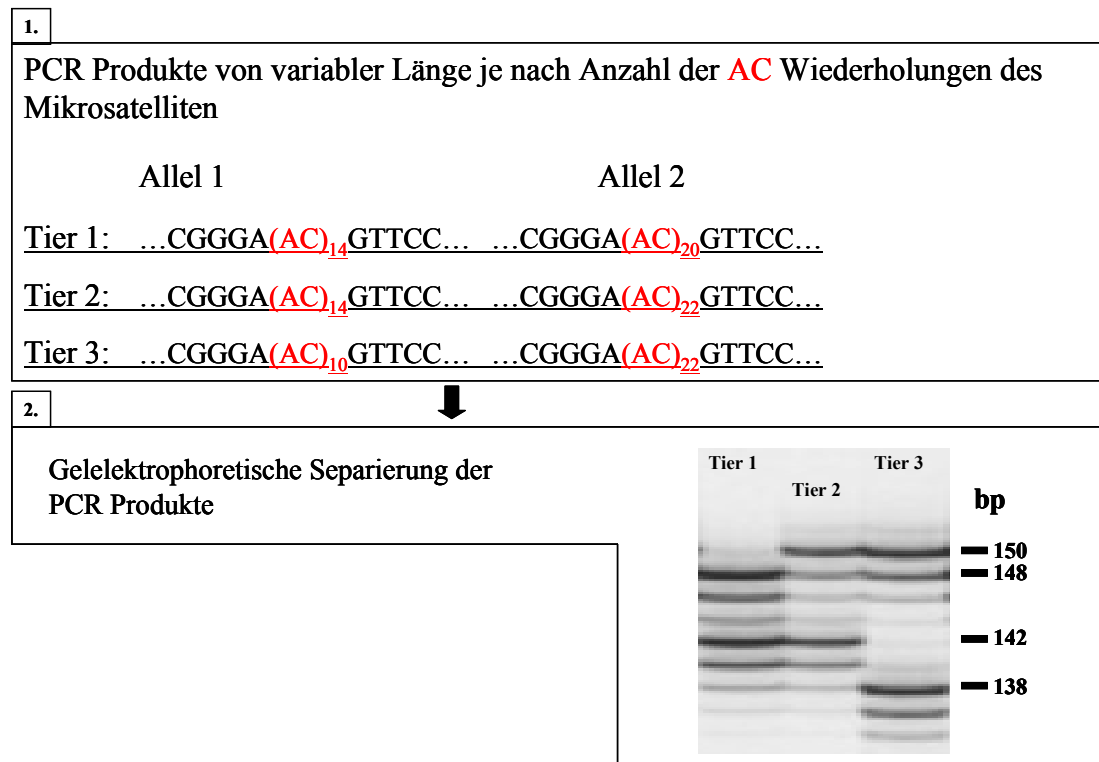


Abbildung 1: Genotypisierung eines Mikrosatellitenmarkers

Der Nachweis der zwei verschiedenen Allele eines jeden Tieres geschieht in zwei Schritten. Zuerst wird der den Marker enthaltende Genomabschnitt  ber eine PCR amplifiziert. Anschlie end erfolgt eine elektrophoretische Auftrennung der PCR Produkte in einem 6%-igen Polyacrylamidgel. Von den genotypisierten Sauen lagen von allen zum Zeitpunkt der Auswertung erfolgten W rfen die Wurfgr o e (Anzahl der lebend geborenen Ferkel) mit Wurfnummer und -datum vor.

Die Genotypenfrequenzen wurde innerhalb der Rassen mit den nach Hardy-Weinberg zu erwartenden mittel G-Test verglichen (SOKAL et al. 1994). Die Assoziationsanalyse wurde  ber zwei Ans tze vorgenommen. Zum einen erfolgte an der TiHo Hannover eine GLS-Analyse mittels folgenden gemischten Modells:

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

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

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

- Additiver Effekt $a = \frac{1}{2} (AA - BB)$
- Dominanzeffekt $d = AB - \frac{1}{2} (AA + BB)$

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

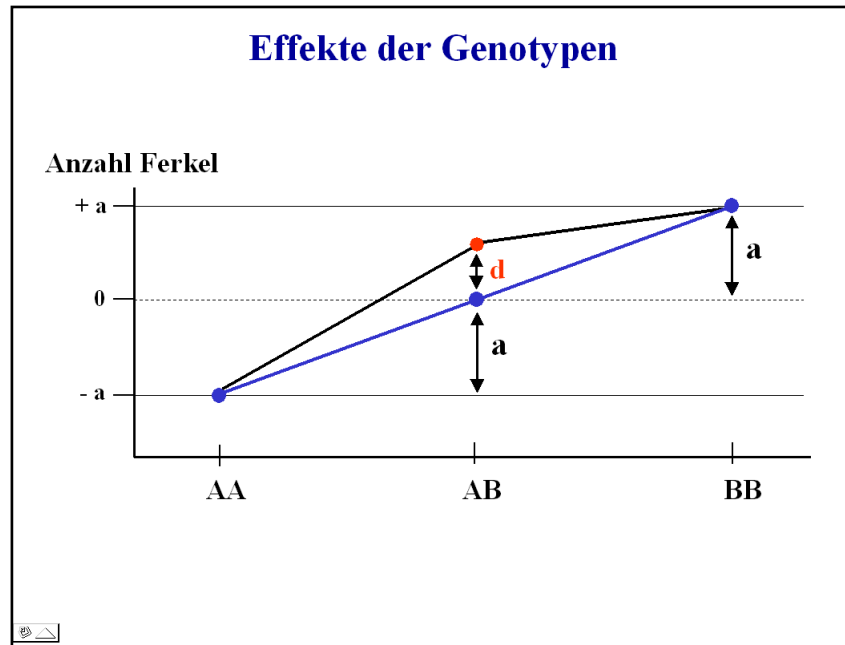


Abbildung 2: Auswirkung der Genotypeneffekte auf die berechneten Alleleffekte

Zum anderen dienten die zum Zeitpunkt der Auswertung vorliegenden aktuellen naturalen Zuchtwerte für die Wurfgröße im 1., 2., 3. sowie 4./5. Wurf, berechnet über ein Mehrmerkmals-Modell bzw. der naturale Zuchtwert über alle Würfe, berechnet mit Einmerkmals-Modell sowie die naturalen Teilzuchtwerte für die Lebensstagszunahme, Speck- und Muskeldicke (Berechnungsgrundlagen siehe MÜLLER et al. 2007) der Verifizierung der Versuchsthese über eine einstufige Varianzanalyse (Prozedur GLM mittels SPSS-Programmpaket) mit den Genotypen der Markergene RBP4 und LIF als zu bestimmende Effekte. Der Vorteil hier besteht darin, dass Umwelteffekte über die Vielzahl untypisierter Stallgefährten deutlich genauer berücksichtigt werden. Die Wirkung verwandter Tiere auf die Zuchtwerte kann die Unterschiede zwischen den Genotypen reduzieren, weil die verwandten Tiere nur teilweise den identischen Genotyp aufweisen. Die trifft im besonderen Maße auf die Dominanzeffekte zu, weil zu erwartende homozygote verwandte Tiere der Heterozygoten ebenso wie heterozygote Verwandte der Homozygoten zu einer Unterschätzung des Effektes führen. Andererseits können die Fehler der Zuchtwerte aus dem Tiermodell deutlich niedriger sein als bei alleiniger Berücksichtigung des Vaters ohne Beachtung der an der Gesamtpopulation geschätzten genetischen Varianzen, sodass die in den Tests berücksichtigten Fehlervarianzen deutlich niedriger werden.

3 Ergebnisse

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

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

Tabelle 3: Allelfrequenzen für RBP4 und LIF

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

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

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

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

Tabelle 4: Genotypenverteilung für RBP4 und Wurfgröße nach Rasse

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

n.s. = nicht signifikant

Die in Tabelle 5 aufgeführte Genotypenverteilungen der einzelnen Rassen für das LIF-Gen zeigen für DE und DL einen signifikant höheren Heterozygotenanteil als nach Hardy-Weinberg zu erwarten wäre. Bei DL- und DE-Sauen ist eine Verschiebung der Genotypenfrequenzen zugunsten Heterozygoten zu beobachten.

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

Tabelle 5 Genotypenverteilung für LIF und Wurfgröße nach Rasse

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

n.s.: nicht signifikant; *: $p < 0,05$; **: $p < 0,01$; ***: $p < 0,001$

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

LIF auf. Die Selektion innerhalb der Rasse, die in den Betrieben schon phänotypisch stark auf die Erhöhung der Wurfleistungen ausgerichtet war, führte indirekt zu einer stärkeren Eliminierung der AA-Sauen.

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

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

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

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

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

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

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

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

Tabelle 15: Schätzwerte additiver Dominanzeffekte aus den Gesamtzuchtwerten für Wurfgröße

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

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

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

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

Gruppe A*AA	Genotyp RBP4: AA oder AB	x	Genotyp LIF: AA
Gruppe A*B*	Genotyp RBP4: AA oder AB	x	Genotyp LIF: AB oder BB
Gruppe BBAA	Genotyp RBP4: BB	x	Genotyp LIF: AA
Gruppe BBB*	Genotyp RBP4: BB	x	Genotyp LIF: AB oder BB

Der Effekt der neuen vier Genkombinationen wurde varianzanalytisch auf den naturalen Zuchtwert der Wurfgröße über alle Würfe für DL- und DE-Sauen geprüft (Tabelle 16, 17). Es zeigte sich, dass die Berücksichtigung den LIF-Genotyps bei DL keinen Informationsgewinn für Sauen mit dem RBP4-Genotyp AA bzw. AB erbrachte, d.h. diese sind unabhängig dem LIF-GT AB/BB als leistungsmäßig gleichwertig einzuschätzen. Der Anteil dieser Tiere betrug immerhin > 80 %. Obwohl statistisch nicht zu sichern, scheinen jedoch Sauen mit dem BB-Genotyp im RBP4-Gen und gleichzeitig dem Genotyp AB bzw. BB beim LIF züchterisch interessant zu sein.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

4 Schlussfolgerungen

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

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

Das LIF Gen zeigte bei den DE- und DL-Sauen mehr Heterozygote als nach Hardy Weinberg zu erwarten wäre. Das RBP4 erwies sich bei der Deutschen Landrasse und dem Deutschen Edelschwein als geeignetes Kandidatengen für die Wurfgröße. Züchterisch zu bevorzugen sind Sauen mit dem A-Allel in homozygoter bzw. auch heterozygoter Form.

Für das LIF-Gen konnte nur für Edelschwein-Sauen eine signifikante Assoziation zur Wurfgröße ermittelt werden. Hierbei erwiesen sich homozygote Träger des B-Allels als leistungsmäßig überlegen. Aus der Sicht möglicher Wirkungen einer markergestützten Selektion in Reinzuchtpopulationen auf die Kreuzungsprodukte bzw. die Leistungsfähigkeit von F1-Sauen lassen sich aus der Untersuchung keine züchterischen Empfehlungen ableiten. Die Nutzung der Genmarkerinformationen stellt sich insbesondere aufgrund der Leistungsüberlegenheit des heterozygoten Genotyps beim RBP4 bei DL als vorteilhaft, aber auch anspruchsvoll für entsprechende Selektionsstrategien innerhalb DL und DE dar.

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

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

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

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

Literatur

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

VINCENT, A. L., SHORT, T. H., SOUTHWOOD, O. I., PLASTOW, G. S., TUGGLE, C. K. & M. F. ROTHSCHILD: The prolactin receptor gene is associated with increased litter size in pigs. in: Proc. 6th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production, Armidale, 1998, 27, 15 – 18

Anhang

Vortrag: Markergestützte Selektion – sind Kandidatengene für die Fruchtbarkeit in der Züchtungspraxis anwendbar?

Dr. Simone Müller - Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft

Dr. Uwe Bergfeld - Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie

Einleitung und Problemstellung

Die Molekulargenetik hat in den letzten Jahren große Fortschritte gemacht. Für mehrere Kandidatengene, z. B. Östrogenrezeptorgen (ESR), Prolaktinrezeptorgen (PRLR), die Beta-Subunit des Follikelstimulierenden Hormons (FSHB) oder das Retinolbindende Protein (RBP4) konnten signifikante Einflüsse der polymorphen Formen auf die Fruchtbarkeit (Wurfgröße) in unterschiedlichen Populationen nachgewiesen werden. Einige Zuchtunternehmen haben bereits Wurfgrößenmarker in die praktische Zuchtarbeit integriert. So nutzt die PIC bereits seit 1994 den Östrogenrezeptor (ESR) und seit 1998 den Prolaktinrezeptor (PRLR) innerhalb des PICmarqTM-Programmes (PIC 2004) zur Verbesserung der Wurfgröße der von ihnen bearbeiteten Zuchtlinien.

Das Ziel einer markergestützten Zuchtwertschätzung besteht darin, die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung zu verbessern und damit auch den Zuchtfortschritt je Zeiteinheit. REENTS & REINHARDT (2007) wiesen für die Rinderzucht nach, dass der MA-BLUP-Pedigreezuchtwert gegenüber dem konventionellen Pedigreezuchtwert die Korrelation zum Zuchtwert nach Testeinsatz von ursprünglich 0,45 auf 0,60 verbessert. Das entspricht einem Genauigkeitsgewinn von ca. 16 %. ROTHSCILD & PLASTOW (1999) quantifizierten den Gewinn einer markergestützten Zuchtwertschätzung unter Einbeziehung des ESR-Genotyps mit einem um bis zu 30 % höheren Zuchtfortschritt in der Wurfgröße von Mutterlinien.

Voraussetzung für die markergestützte Selektion ist, dass nur Genorte zu nutzen sind, von denen mindestens zwei verschiedene Allelformen in der Population vorkommen, deren Allelwirkung signifikant verschieden und wirtschaftlich interessant sind und bei denen die Häufigkeit der günstigen Allelform noch Spielraum für eine züchterische Verbesserung zulässt.

Die populationsspezifischen Wirkungen interessierender Markergene belegen zahlreiche Publikationen. Am Beispiel des Östrogenrezeptorgens kann dargestellt werden, dass es durchaus möglich ist, einen Genotypeneffekt bezüglich interessierender Merkmale abzubilden, während sich in anderen Linien oder Populationen keine signifikanten Beziehungen finden lassen.

So belegen ROTHSCILD et al. (1996) in einer Large White Population eine signifikante Überlegenheit von Sauen mit dem Genotyp BB gegenüber AA-Sauen von +1,2 LGF je Wurf. WANG et al. (2006) berichten aus einer Untersuchung einer chinesischen Landrassepoblution, dass heterozygote Anlagenträger (AB) eine um 1,1, bis 1,6 höhere Wurfgröße realisierten. Der Genotyp BB war in dieser Population nicht nachweisbar. Über einen in der Richtung ähnlichen Effekt berichten OMELKA et al. (2006) aus einer slowakischen Landrassepoblution, obwohl die Wirkung mit +0,65 LGF zugunsten der heterozygoten Sauen gegenüber AA-Sauen niedriger lag.

Demgegenüber fanden SOUTHWOOD et al. (1995) und STEINHEUER (2003) keine signifikanten Effekte des Östrogenrezeptorgenotyps auf die Wurfgröße. Auch LINVILLE et al. (2001) ermittelten keinerlei Effekt für diesen Genort nach einer Selektion auf die Ovulationsrate über 16 Generationen.

Damit wird deutlich, dass vor der Integration von Markergeninformationen in die praktische Zuchtarbeit populationspezifische Untersuchungen notwendig sind, um die nachfolgenden Fragen beantworten zu können:

- Können die aus anderen Populationen bekannten Markergeneffekte in der eigenen Landrassepopulation bestätigt werden?
- Wie und wie lange wären die spezifischen Markerinformationen nutzbar?
- Welche Auswirkungen hat die Einbeziehung der Markerinformation auf das System der Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung?
- Wie sind die Beprobung, der Datenfluss und die -verarbeitung zu organisieren, um mit vertretbarem Aufwand die gewünschten Informationen zu erhalten?

Ausgangspunkt für die eigenen Untersuchungen waren unterschiedliche Ergebnisse für Kandidatengeneffekte in thüringischen und sächsischen Teilpopulationen der Deutschen Landrasse. Während in der sächsischen Untersuchung für die Marker des LIF, RBP4, PRLR und MAP3K3, untersucht an 1.141 Sauen, insgesamt sehr geringe Effekte der Genotypen auf die Wurfgröße im 1. bzw. 2. und höheren Würfen ermittelt wurden (BERGFELD et al. 2006), fanden MÜLLER et al. (2008) bei 850 thüringischen DL-Sauen insbesondere für das RBP4 signifikante additive Genwirkungen zugunsten des A-Allels und forderten eine Einbeziehung dieser Markerinformationen in das Zuchtwertschätzverfahren.

Eine einfache Empfehlung für die Integration des RBP4-Genotypes in die praktische Zuchtarbeit war aufgrund der bestehenden Variation der Naturalzuchtwerte in Abhängigkeit vom Genotyp des Sau oder des Ebers nicht abzuleiten (Abb. 1).

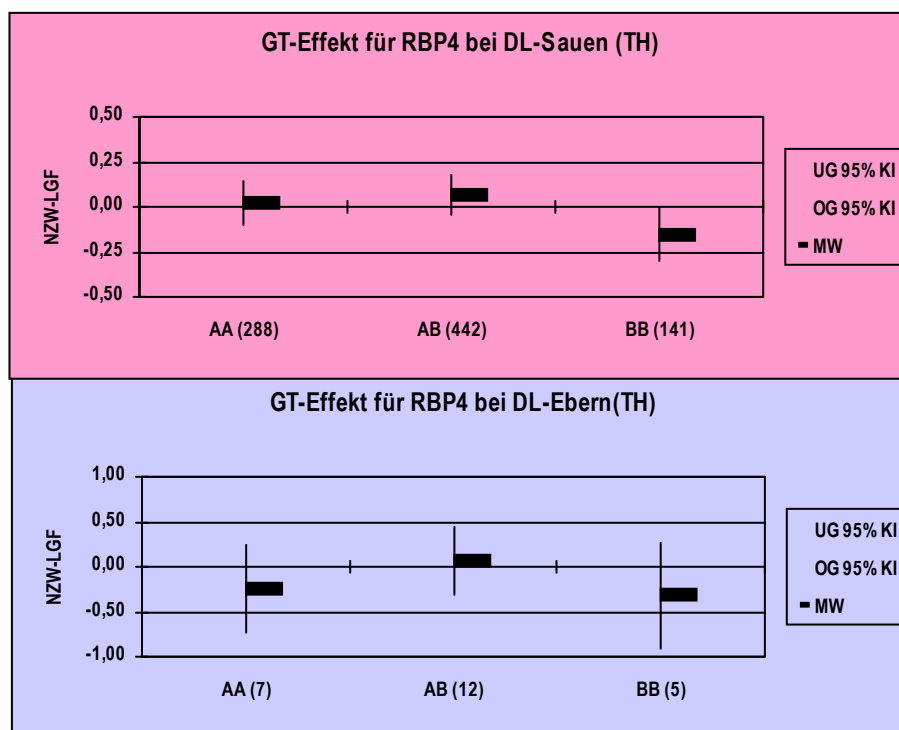


Abbildung 1: Variation des Naturalzuchtwertes für die Wurfgröße in Abhängigkeit vom RBP4-Genotyp

Das Ziel der Untersuchungen bestand deshalb darin, an einem zusammengeführten Datenmaterial die Markereffekte für die typisierten Kandidatengene zu ermitteln und den zu erwartenden Genauigkeitszuwachs durch eine potenzielle Berücksichtigung in der Zuchtwertschätzung zu quantifizieren.

Material und Methode

Innerhalb der Landrassepopulation wurden folgende Markergene im Institut für Tierzucht und Vererbungsfor-

schung der Tierärztlichen Hochschule Hannover¹ typisiert:

- Leukemia Inhibitory Factor (LIF)
- Retinol-Binding Protein 4 (RBP4)
- Mitogen activated protein kinase kinase kinase 3 (MAP3K3)
- Östrogenrezeptor (ESR)
- Prolaktinrezeptor (PRLR)

Die Datenbasis der typisierten Tiere für die Untersuchungen beschreibt Tabelle 1. Für die Schätzung der Markereffekte erfolgte eine Zuchtwertschätzung mittels BLUP-Zweimerkmalsmodell für das Merkmal „Lebend geborene Ferkel“ im 1., 2. und höheren Würfen nach dem in Mitteldeutschland gültigen Verfahren (Richtlinie ZWS, 2007) mit folgendem Modell innerhalb der Landrasse:

Tabelle 1: Übersicht über die Anzahl typisierter Tiere und die Allelfrequenz für die Kandidatengene

Marker	N	Herkunft Land(Betriebe)	Allel-% A	Allel-% B
LIF	2.003	SN(2), TH(7)	56,7	43,3
RBP4	1.946	SN(2), TH(7)	56,9	43,1
MAP3K3	1.127	SN(2)	73,9	26,1
ESR1	1.113	SN(2)	94,9	5,1
PRLR	1.128	SN(2)	32,9	67,1

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & P_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

y = Vektor der Beobachtungswerte

y₁ = Erstlingswurf (IgF1)

y₂ = Folgewürfe (IgF2_E)

X_{1,2} = Designmatrizen

b = Vektor der fixen Effekte

b₁ = Betrieb * Jahr * Quartal

b₂ = Betrieb * Jahr * Quartal

Zwischenwurfzeit (in Gruppen), Wurfnummer

Z_{1, 2} = Designmatrizen

a_{1,2} = Vektor der additiv genetischen Effekte

P₂ = Designmatrizen

m_{1,2} = Vektor der permanenten Umwelteffekte

e_{1,2} = zufällige Resteffekte

¹ Prof. Ottmar Distl und Kollegen gilt der Dank für die Unterstützung und Zusammenarbeit.

Zusätzlich zu den hier berücksichtigten fixen Saisonwirkungen in der Standardvariante gingen in den geprüften Zusatzvarianten die untersuchten Marker einzeln bzw. im Abschlussmodell gemeinsam als fixer Effekt ein. Die Datengrundlage für die Varianzkomponentenschätzung und die Schätzung der Markereffekte bildete ein Auswahlmaterial mit Leistungen aller Sauen in den neun Betrieben im Zeitraum 2001 bis 2007, die sich an der Typisierung beteiligt hatten. Es wurden nur die Tiere innerhalb der Saisonklassen für die Zuchtwertschätzung verwendet, in denen Sauen auch tatsächlich typisiert wurden. Das verwendete Datenmaterial beschreibt Tabelle 2.

Tabelle 2: Umfang und Wurfleistungen der Sauen zur populationsgenetischen Analyse

2001-2007, 395 BJQ-Sais.kl.	N	LGF	s
1. Wurf	22.467	10,7	2,7
≥ 2. Wurf	62.692	11,2	2,8

Für die Quantifizierung der veränderten Genauigkeit der Zuchtwertschätzung diente ein Datenmaterial, in dem sowohl das Vorhandensein von Wurfleistungen als auch die Verfügbarkeit der Markerinformationen auf der Basis von 289 Mutter-Töchter-Paaren modifiziert wurde. Damit wurden verschiedene 26 Zuchtwertschätzvarianten (Tabelle 3) gerechnet, um aus den naturalen Zuchtwerten der einzelnen Varianten mit und ohne Markerinformation und den mittleren Markereffekten die Genauigkeit zwischen Pedigree-Zuchtwert und verschiedenen Leistungs- und Markergeninformation als Korrelation darzustellen.

Tabelle 3: Leistungs- und Markerinformationen der Mutter-Töchter-Paare innerhalb der einzelnen Varianten

	Leistung		LIF		RBP4		MAP3K3		ESR		PRLR		Alle Marker	
	MU	TO.	MU	TO.	MU	TO.	MU	TO.	MU	TO.	MU	TO.	MU	TO.
Pedigree-ZW	x													
+LIF	x		X											
+ RBP4	x				x									
+MAP3K3	x						x							
+ESR	x								x					
+PRLR	x										x			
+ alle Marker	x												x	
+LIF	x		x	x										
+ RBP4	x				x	x								
+MAP3K3	x						x	x						
+ESR	x								x	x				
+PRLR	x										x	x		
+ alle Marker	x												x	x
Alle EL	x	x												
+LIF	x	x	X											
+ RBP4	x	x			x									
+MAP3K3	x	x					x							
+ESR	x	x							x					
+PRLR	x	x									x			
+ alle Marker	x	x											x	
+LIF	x	x	x	x										
+ RBP4	x	x			x	x								
+MAP3K3	x	x					x	x						
+ESR	x	x							x	x				
+PRLR	x	x									x	x		
+ alle Marker	x	x											x	x

(Mu = Mutter, To = Tochter; X = Leistung bzw. Markergenotyp berücksichtigt)

Ergebnisse

Die Ergebnisse der Zuchtwertschätzung mit Berücksichtigung der Genotypen der Kandidatengene für die typisierten Sauen ergaben mit Ausnahme des ESR im 1. Wurf sehr schwache Markereffekte (Abb. 2).

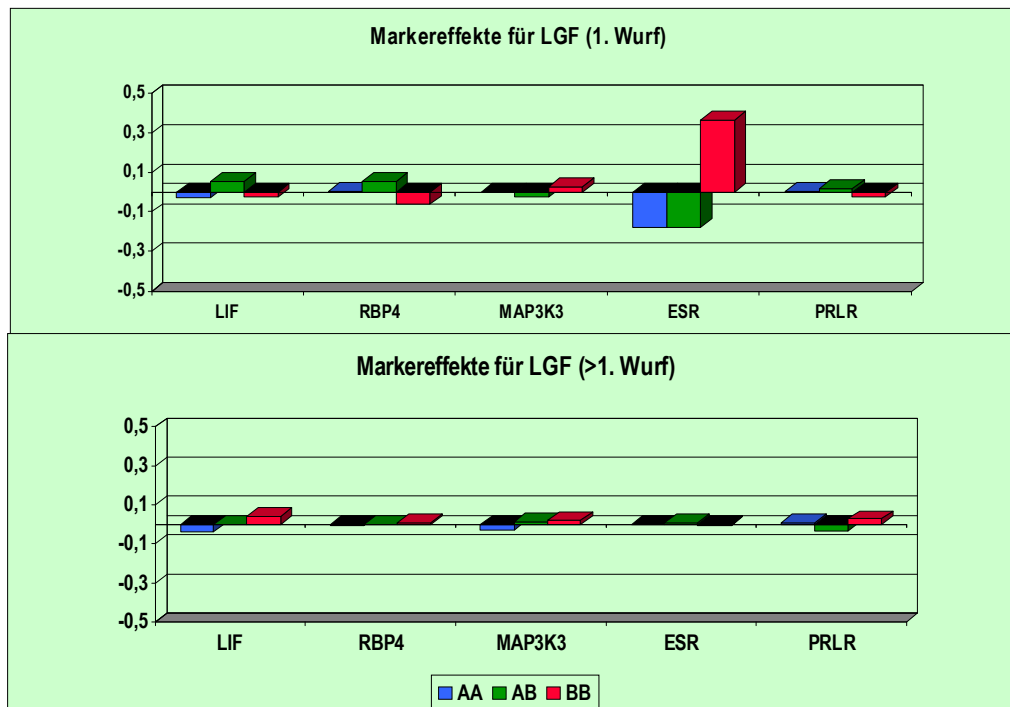


Abbildung 2: Markereffekte für die untersuchten Kandidatengene für die Wurfgröße im 1. und Folgewürfen

Der sich abzeichnende deutlich positive Genotypeneffekt für den Genotyp BB beim ESR ist mit Vorbehalt zu bewerten, weil lediglich ein Tier vom Gesamtmaterial diese Allelkombination aufwies. In den 2. und höheren Würfen konnte für die homozygoten B-Allelträger kein Effekt mehr berechnet werden. Die Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung zeigen in erwarteter Weise, dass sich die erklärable genetische Varianz mit Berücksichtigung der Marker leicht reduziert, weil ein Teil der bisher als genetisch bedingt geschätzten Varianz durch diese Marker erklärt wird (Abb. 3).

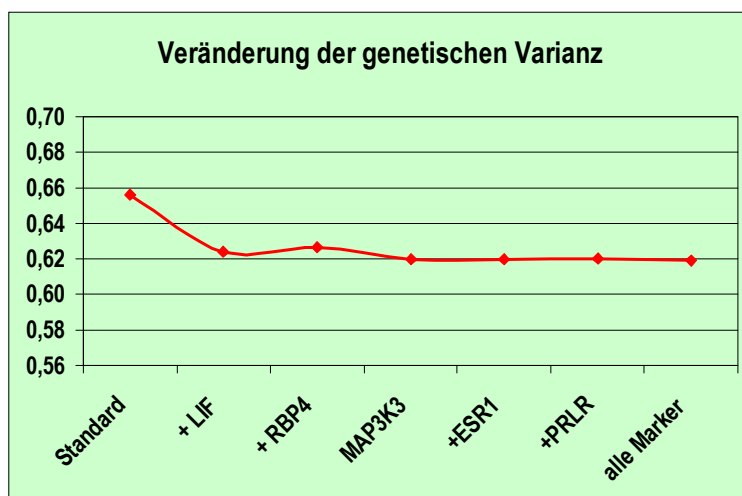


Abbildung 3: Darstellung der Veränderung der erklärbaren genetischen Varianz ohne (Standard) bzw. mit Berücksichtigung der einzelnen bzw. aller Marker

Die Korrelationen zwischen den einzelnen Varianten der Zuchtwertschätzung aus der Simulation mit 289 Mutter-Töchter-Paaren sind in der Abbildung 4 grafisch dargestellt.

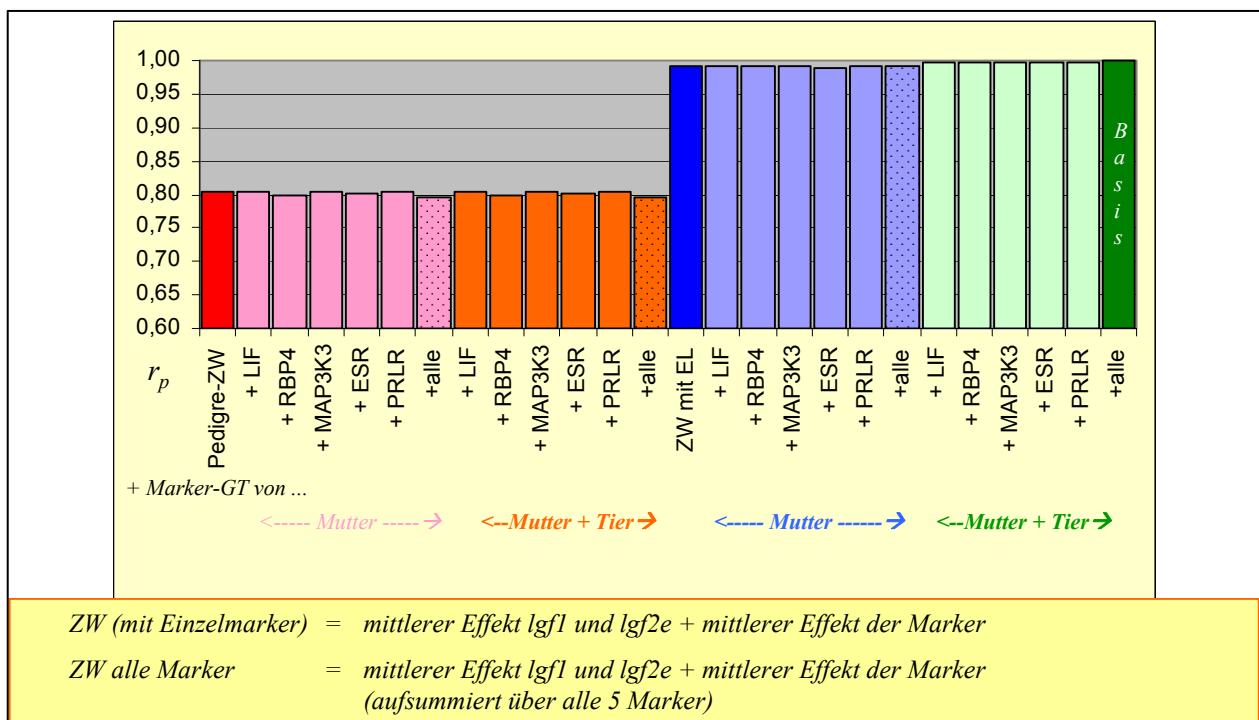


Abbildung 4: Veränderung der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung durch die Einbeziehung verschiedener Leistungs- und von Markerinformationen

Es wird deutlich, dass zwischen dem reinen Pedigreezuchtwert der Töchter und der aus Pedigree und Eigenleistung sowie vollständiger Markerinformation ermittelten Zuchtwert eine Korrelation von 0,8 besteht. Die alleinige Hinzunahme der Markerinformationen (Einzelmarker und alle Markerinformationen) entweder von den Müttern oder von Müttern und Töchtern bringt nur eine unwesentliche Veränderung in der Höhe der Korrelationen mit sich.

Eine neue Qualität erreicht der Zuchtwert mit Berücksichtigung der Eigenleistung zum Zuchtwert mit Berücksichtigung aller Markerinformationen ($r = 0,99$). Bei einer weiteren Integration der Markerinformationen stieg die Korrelation als Grad der Genauigkeit im Simulationsmaterial nur marginal.

Schlussfolgerungen

Die Untersuchungen zu den züchterischen Auswirkungen einer möglichen Integration der untersuchten Kandidatengene LIF, PBP4, MAP3K3, ESR und PRLR in die Zuchtwertschätzung auf Wurfgröße für die Mitteldeutsche Landrassepopulation lassen folgende Schlussfolgerungen zu:

Die geprüften Genmarker erbrachten in der mitteldeutschen Landrassepopulation einen relativ geringen Informationsgewinn.

Der Aufwand für eine routinemäßige Genotypisierung der geprüften Marker amortisiert sich nicht, weil der Genauigkeitszuwachs für die Zuchtwertschätzung nur marginal ist.

Die Ergebnisse sind populationsspezifisch zu bewerten, es ist keine 1:1-Übertragung auf andere Populationen möglich.

Auf die klassische Merkmalerfassung ist derzeit nicht zu verzichten! Mit dem bisherigen Verfahren der phänotypischen Leistungserfassung können deutlich positive genetische Trends für die Wurfgröße realisiert werden, wenn die Fruchtbarkeit im Gesamtzuchtwert ausreichend stark berücksichtigt wird.

Zur Sicherung der Wettbewerbsfähigkeit sind neue wissenschaftliche Erkenntnisse zur Molekulargenetik ständig auf Relevanz für die eigene Population zu überprüfen. Nur damit wird gewährleistet, mögliche Effekte für Genauigkeit der Zuchtwertschätzung ausnutzen zu können. Damit ließe sich die Zuchtarbeit optimieren und der Zuchtfortschritt je Zeiteinheit erhöhen.

Literatur

- BERGFELD, U., MÜLLER, U., DISTL, O.: Analyse bekannter Fruchtbarkeitskandidatengene an Zuchtsauen der sächsischen Population. SLL Köllitsch, Vortrag anlässlich „Köllitscher Fachgespräch am 13.12.2006“
- LINVILLE, R. C., POMP, D., JOHNSON, R. K., ROTHSCCHILD, M. F. (2001): Candidate gene analysis for loci affecting litter size and ovulation rate in swine. J. Anim. Sci. 79, 60 – 67
- MÜLLER, S., GERNAND, E., BRAUN, U., DISTL, O., HAMANN, H.: Möglichkeiten zur markergestützten Selektion auf Fruchtbarkeit TLL Jena, Abschlußbericht, 2008; www.tll.de/ainfo
- OMELKA, R., PESKOVICOVA, D., MARTINIAKOVA, M., BAUER, M., BAUEROVA, M.: Effect of the estrogen receptor (ESR) and ryanodin receptor (RYR1) genes on the reproductive traits of Slovak Large White, White Meaty and Landrace pigs. Arch. Tierzucht, Dummerstorf 49(2006)4:357-363
- PIC (2004): Neue Technologien – heute schon wissen, was morgen gefragt ist. 16.01.2004 http://www.picdeutschland.de/download.php/49/neue_technologien.pdf
- REENTS, R., REINHARDT, F.: Molekulargenetische Information als Ergänzung zur Populationsgenetik. Züchtungskunde 79(2007)1:41-45
- ROTHSCCHILD, M. F., JACOBSON, C., VASKE, D., TOGGLE, C., WANG, L., SHORT, T., ECKARDT, G., SASAKI, S., VINCENT, A., MCLAREN, D., SOUTHWOOD, O., VAN DER STEEN, A., MILEHAM, A., PLASTOW, G.: The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. Proc. Natl. Acad. Sci., USA, Vol. 93, (1996) S. 201 – 205
- ROTHSCCHILD, M. F., PLASTOW, G. S.: Advances in pig genomics and industry applications. Ag. Biotech. Net. 10(1999)1-8
- Gemeinsame Richtlinie der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft, der Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft, der Landesanstalt für Landwirtschaft, Forsten und Gartenbau Sachsen-Anhalt mit dem Mitteldeutschen Schweinezuchtverband e.V. für die Durchführung der Zuchtwertfeststellung beim Schwein in Sachsen, Thüringen und Sachsen-Anhalt, gültig ab 1.1.2007 <http://www.tll.de/ainfo/pdf/rlzw0707.pdf> .
- SOUTHWOOD, O. I., VAN DER STEEN, H. A. M., MILEHAM, A. J., CUTHBERTHEAVENS, D.: Evaluation of the oestrogen receptor (ESR) gene in Meishan synthetic and Large White pigs. Proc. 46th Annual Meeting of the European Association of Animal Production, Prag, 1995, G5.3
- STEINHEUER, R.: Schätzung von Varianzkomponenten und Kandidatengeneffekten für die paternale und maternale Komponente von Fruchtbarkeitsmerkmalen beim Schwein. Diss., Tierärztliche Hochschule Hannover, (2001), 267 Seiten

Phänotypische Analyse der Nutzungsdauer in der Sauenhaltung

Dr. Herwig Mäurer

Inhaltsverzeichnis

- 1 Einleitung und Zielstellung
- 2 Datenmaterial
- 3 Ergebnisse der Varianzanalysen
- Literatur

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1:	Klasseneinteilung und Besetzung der verschiedenen Faktoren
Tabelle 2:	Lebensleistung (IgF), Anzahl Würfe und Nutzungsdauer nach Rasse und Betrieb aufgegliedert
Tabelle 3:	Anzahl der in die Auswertung eingehenden Sauen nach Rassen sowie Anzahl Betriebe
Tabelle 4:	Entwicklung verschiedener Fruchtbarkeits- und Nutzungsdauerparameter über die Zeit
Tabelle 5:	Anzahl der nach Wurfnummer gemerzten Sauen sowie Prozentsatz in Bezug auf die noch vorhandenen Sauen
Tabelle 6:	Ergebnisse der Varianzanalyse für Modell 1
Tabelle 7:	Ergebnisse der Varianzanalyse für Modell 2
Tabelle 8:	Geschätzte Mittelwerte für Effektstufen in Modell 2

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1:	Lebensleistung (insgesamt lebend geborene Ferkel) und durchschnittliche Wurfgröße in Abhängigkeit der insgesamt erbrachten Würfe
Abbildung 2:	Wurfgröße in Abhängigkeit der Wurfnummer

1 Einleitung und Zielstellung

Die Lebensleistung einer Sau wird durch die Nutzungsdauer und die dabei erbrachten Würfe und Ferkel charakterisiert. Je höher die Anzahl der im Leben einer Sau geborenen Ferkel ist, desto geringer sind die Kosten für die Remontierung einer Jungsau pro Ferkel. Gleichzeitig wird das Leistungspotenzial einer Sau besser ausgeschöpft, weil erfahrungsgemäß insbesondere die Jungsauenwürfe kleiner ausfallen. Eine höhere durchschnittliche Wurfgröße wiederum hat betriebswirtschaftliche Vorteile.

In dem vorliegenden Projekt sollten die schon für die Zuchtwertschätzung Fruchtbarkeit erhobenen Daten aufbereitet und ausgewertet werden, um die Grundlage für weitergehende Untersuchungen mit dem Ziel einer Selektion auf Nutzungsdauer zu schaffen.

2 Datenmaterial

Als Datengrundlage standen die Abferkeldaten, die auch in der Zuchtwertschätzung Fruchtbarkeit verwendet werden, zur Verfügung (Richtlinie ZWS). Dabei handelt es sich um Abferkelinformationen, die direkt aus den Sauenplanern von Betrieben aus Mitteldeutschland ausgelesen werden. Weil die Nutzungsdauer und Lebensleistung erst nach dem Abgang einer Sau ermittelt werden können, mussten die Daten weiter aufbereitet werden. Aus dem Datenmaterial wurde daher ein Teildatenmaterial extrahiert, das folgende Anforderungen erfüllte:

- nur Betriebe mit kontinuierlicher Datenlieferung von 1998 bis 2007, wobei zwei Betriebe erst ab 2000 Daten lieferten
- nur Sauen, von denen eine lückenlose Wurfserie vorlag
- Geburtsjahrgänge 1998 bis 2003. Von diesen Geburtsjahrgängen hatten noch 195 Sauen eine Wurfmeldung nach dem 1.4.2007, sodass im Wesentlichen von einer abgeschlossenen Lebensleistung ausgegangen werden kann.
- nur Tiere der Rassen DE, DL und deren Kreuzung (DEDL und reziprok) sowie LC
- Betrieb-Rasse-Kombinationen, von denen mindestens 50 Datensätze vorlagen

Insgesamt besteht durch die Datenreduktion grundsätzlich die Gefahr, Sauen mit langer Nutzungsdauer überproportional zu zensieren, weil diese naturgemäß eine größere Chance haben, fehlerhafte Datensätze zu produzieren. Insbesondere bei der Aufgliederung der Daten nach Jahren bzw. Betrieben kann es dadurch zu gewissen Verzerrungen kommen. Insgesamt betrachtet liegen aber die gefundenen Werte im Rahmen derer, die auch in der Literatur beschrieben sind. So sind z. B. Abgänge nach dem ersten Wurf von 15 % bis 46 %, gesamt lebend geborene Ferkel von 34,5 bis 53,3 und insgesamt erbrachte Würfe von 3,3 bis 4,9 beschrieben (z. B. DAGORN & AUMAITRE 1979, LE COZLER et al. 1998, LUCIA et al. 2000, HEUSING et al. 2003).

Wie aus Tabelle 2 ersichtlich, stellt die Rassegruppe DL fast 75 % des Datenmaterials. Mit insgesamt 244 auswertbaren Sauen aus einem Betrieb ist die Datengrundlage für LC sehr gering. Das gleiche gilt für die Kreuzungssauen der Geburtsjahrgänge 1998 und 1999. Daher werden diese im Weiteren nicht diskutiert, sondern gegebenenfalls informativ dargestellt.

Für die Auswertung des Einflusses der Eigenleistungsprüfung auf Mast- und Schlachtleistung wurden nur DL-Tiere verwendet, weil für diese Rasse die aussagekräftigste Datenbasis zur Verfügung stand. Dies waren insgesamt 11.223 Sauen, von denen Ergebnisse aus der Eigenleistungsprüfung vorlagen, nämlich die Lebenstagszu-

nahmen (LTZ) und die mit Ultraschall gemessene Speckdicke (US). Die Speckdicken wurden linear auf ein Lebendgewicht von 110 kg korrigiert.

Zur Auswertung wurde das Erstferkelalter (EFA) in fünf und die durchschnittliche Zwischenwurfzeit (ZWZ) in sieben Klassen eingeteilt. LTZ und US wurden in jeweils drei Klassen eingeteilt, um zwischen niedrigem, mittlerem und hohem Leistungsniveau zu differenzieren. Die Klasseneinteilung und deren Besetzung ergeben sich aus Tabelle 1.

Tabelle 1 Klasseneinteilung und Besetzung der verschiedenen Faktoren

Klasse	EFA		ZWZ		LTZ		US	
	Tage	n	Tage	n	g/d	n	mm	n
1	<=350	3.008	k. Beob.	6.228	<545	3.680	<10	3.404
2	351-359	3.483	<=140	721	545-590	4.139	10-13	4.148
3	361-369	5.338	141-150	10.040	>590	3.404	>13	3.671
4	371-379	4.795	151-160	2.074				
5	381-389	1.344	>160	1.154				
6	391-399	1.018						
7		1.231						

Tabelle 2: Lebensleistung (IgF), Anzahl Würfe und Nutzungsdauer nach Rasse und Betrieb aufgegliedert

IgF						
Betrieb	Rasse	n	Min	Max	Mittel	StdAbw
2	DE	231	3	108	25,5	20,6
3	DE	50	8	70	28,6	16,6
10	DE	210	3	100	39,9	25,3
11	DE	765	5	145	36,3	26,4
14	DE	799	3	155	47,8	30,5
16	DE	99	4	131	40,0	28,1
19	DE	74	3	160	29,9	27,1
2	DEDL	356	3	137	32,5	29,9
7	DEDL	192	4	101	38,2	21,4
15	DEDL	1394	3	144	50,4	25,6
17	DEDL	103	4	142	48,6	35,3
1	DL	684	3	154	42,4	29,5
2	DL	4639	3	199	36,2	28,7
4	DL	1325	3	120	30,8	22,6
5	DL	3006	3	156	26,7	22,2
6	DL	873	3	204	44,5	34,5
7	DL	152	7	107	34,6	19,5
8	DL	119	8	104	36,8	26,1
9	DL	656	9	167	47,8	31,9
13	DL	1149	3	164	42,0	27,7
17	DL	963	3	143	44,8	30,0
18	DL	304	5	149	48,3	32,6
19	DL	1830	3	174	42,5	31,8
12	LC	244	3	127	40,4	26,5
Anzahl Würfe						
2	DE	231	1	9	2,43	1,83
3	DE	50	1	6	2,70	1,49
10	DE	210	1	10	4,20	2,51
11	DE	765	1	12	3,35	2,23
14	DE	799	1	13	4,25	2,55
16	DE	99	1	12	3,82	2,46
19	DE	74	1	14	2,96	2,52
2	DEDL	356	1	11	2,93	2,46
7	DEDL	192	1	8	3,23	1,66
15	DEDL	1394	1	13	4,47	2,10
17	DEDL	103	1	14	4,60	3,16
1	DL	684	1	12	4,00	2,48
2	DL	4639	1	18	3,24	2,44
4	DL	1325	1	11	2,91	2,02
5	DL	3006	1	12	2,42	1,86

Betrieb	Rasse	n	Min	Max	Mittel	StdAbw
6	DL	873	1	15	4,03	2,81
7	DL	152	1	9	3,01	1,62
8	DL	119	1	9	3,48	2,33
9	DL	656	1	15	4,31	2,82
13	DL	1149	1	14	4,08	2,46
17	DL	963	1	12	4,01	2,55
18	DL	304	1	11	4,36	2,83
19	DL	1830	1	14	3,90	2,79
12	LC	244	1	10	3,72	2,20
Nutzungsdauer (Tage)						
2	DE	231	350	1556	582	272
3	DE	50	342	1127	655	224
10	DE	210	335	1682	864	380
11	DE	765	331	1959	693	324
14	DE	799	321	2077	847	362
16	DE	99	339	1947	832	364
19	DE	74	350	2286	673	373
2	DEDL	356	350	1854	650	362
7	DEDL	192	305	1471	705	271
15	DEDL	1394	332	2125	884	308
17	DEDL	103	336	2295	907	476
1	DL	684	331	2053	828	378
2	DL	4639	347	2905	700	361
4	DL	1325	329	1925	676	307
5	DL	3006	321	1995	573	273
6	DL	873	342	2466	830	418
7	DL	152	314	1648	676	265
8	DL	119	310	1605	755	370
9	DL	656	318	2408	860	416
13	DL	1149	352	2175	816	354
17	DL	963	320	1967	821	382
18	DL	304	315	1834	861	418
19	DL	1830	352	2312	809	413
12	LC	244	343	1617	767	315

Tabelle 3: Anzahl der in die Auswertung eingehenden Sauen nach Rassen sowie Anzahl Betriebe

Jahr	DL	DE	LC	DELDE (re- ziprok)	Sauen gesamt	Betriebe
1998	1.644	130	35	51	1.860	17
1999	1.513	198	32	67	1.810	17
200	2.014	336	32	241	2.623	19
2001	3.290	481	37	342	4.150	19
2002	3.788	510	38	599	4.935	19
2003	3.451	573	70	745	4.839	19
Gesamt	15.700	2.228	244	2.045	20.217	19

Die Lebensleistung wird als Summe der lebend geborenen Ferkel definiert, die eine Sau insgesamt geworfen hat. Für die Nutzungsdauer wurden die Anzahl der Würfe verwendet sowie die Tage zwischen Geburt und letzter Abferkelung berechnet. Andere Autoren (z. B. HEUSING et al. 2003) verwenden stattdessen das Abgangsdatum, das hier leider nicht bei allen Tieren vorlag, weil es nur aus den Sauenplanern ausgelesen wird, wenn es beim Export der letzten Abferkelung schon vorlag. Alternative Berechnungsmöglichkeiten sind z. B. die Zeitspanne vom ersten Abferkeln bis zum Abgang (SERENIUS & STADLER 2004). Diese unterschiedlichen Berechnungsmodi sind beim Vergleich von Zahlen aus der Literatur zu beachten. Weil die insgesamt lebend geborenen Ferkel als Marktleistung der Sau das wirtschaftlich relevante Merkmal ist, sind die Aussagen hierauf fokussiert, zumal alle drei Merkmale hoch korreliert sind und stichprobenartige Vergleichsrechnungen ähnliche Ergebnisse brachten.

Wie aus Tabelle 2 zu sehen ist, variieren die Leistungen zwischen den Betrieben sehr stark. Auch die Standardabweichung innerhalb der Betriebe ist sehr hoch. Berücksichtigt man nur die Betriebe mit mindestens 50 Sauen einer Rasse in der Auswertung, so schwanken die Werte von 2,43 Würfen mit 25,5 IgF bei einer Nutzungsdauer von 582 Tagen bis 50,4 IgF, 4,6 Würfe und 907 Tagen Nutzungsdauer, wobei der Betrieb mit der höchsten Wurfbzahl nicht die meisten lebend geborenen Ferkel produziert. Weil in dem Betrieb mit der geringsten Lebensleistung auch eine andere Genetik mit deutlich höherer Lebensleistung gehalten wird, wäre eine genauere Untersuchung der Abgangsursachen interessant. Leider ist dies einerseits aus dem bereits genannten Grund, dass der Datensatz mit den Abgangsinformationen nicht immer übertragen wird, andererseits durch die nicht einheitliche Erfassung der Abgangsursachen aus dem vorliegenden Datenmaterial nicht möglich.

Tabelle 4 stellt die wichtigsten Parameter der Nutzungsdauer und Fruchtbarkeit im Verlauf der Geburtsjahrgänge dar. Es zeigt sich ein Trend zur kürzeren Nutzung der Sauen. Die durchschnittliche Wurfleistung geht von 3,6 auf 3,3 Würfe pro Sau zurück, die insgesamt lebend geborenen Ferkel von 38,7 auf 36,2. Obwohl dadurch prozentual mehr Jungsaugen mit kleineren Würfen zum Einsatz kommen, steigt die durchschnittliche Wurfgröße an. Dies dürfte der intensiven Selektion auf dieses Merkmal geschuldet sein. Am deutlichsten zeichnet sich das bei den DE und Kreuzungssauen ab, wobei hier mit jeweils etwa über 2.000 Sauen jedoch die Datengrundlage nicht sehr groß ist.

Mit etwas mehr als drei Würfen gehen die Sauen kurz vor ihrem Leistungsmaximum ab, das beim vierten Wurf liegt (Abbildung 2). Allerdings ist ersichtlich, dass die durchschnittliche Wurfgröße bei den Sauen, die länger im Bestand verbleiben, bis zum 10. Wurf ansteigt. Dies dürfte in der Leistungsselektion begründet liegen, die Sauen mit großen Würfen eine höhere Überlebenschance gibt.

Bei DL werden etwa 30 %, bei den anderen Rassen etwa 20 % der Sauen nach dem ersten Wurf gemerzt. Nach den folgenden Würfen werden jeweils 20 % bis 26 %, bezogen auf die noch vorhandenen Sauen, aus dem Bestand genommen. Ab dem sechsten Wurf steigt dieser Prozentsatz wieder an, bedingt auch durch die geringe Zahl der dann noch verbleibenden Sauen.

Tabelle 4: Entwicklung verschiedener Fruchtbarkeits- und Nutzungsdauerparameter über die Zeit

Geburtsjahr	Rasse	Würfe	Summe IgF	Wurfgröße	Nutzungsdauer
1998	DE	4,90	52,1	10,30	930
1998	DEDL	4,39	51,1	11,21	873
1998	DL	3,47	37,2	10,53	733
1998	LC	3,94	41,1	10,53	801
1998	Gesamt	3,61	38,7	10,53	752
1999	DE	4,93	51,3	10,33	939
1999	DEDL	6,52	74,1	11,30	1197
1999	DL	3,71	40,1	10,68	772
1999	LC	3,56	38,7	10,35	748
1999	Gesamt	3,95	42,6	10,66	805
2000	DE	3,43	36,8	10,43	728
2000	DEDL	5,66	61,0	10,82	1060
2000	DL	3,50	37,8	10,81	741
2000	LC	3,41	39,0	11,15	724
2000	Gesamt	3,69	39,8	10,77	768
2001	DE	3,46	38,0	10,66	732
2001	DEDL	4,49	49,0	10,73	887
2001	DL	3,45	37,9	10,79	737
2001	LC	4,35	45,8	10,28	862
2001	Gesamt	3,54	38,9	10,76	750
2002	DE	3,59	39,2	10,64	749
2002	DEDL	3,67	42,0	11,20	761
2002	DL	3,27	36,2	10,83	709
2002	LC	3,79	41,4	10,50	772
2002	Gesamt	3,36	37,2	10,85	720
2003	DE	3,26	35,4	10,60	703
2003	DEDL	3,49	40,2	11,05	743
2003	DL	3,20	35,4	10,81	697
2003	LC	3,46	38,0	10,92	726
2003	Gesamt	3,25	36,2	10,82	705

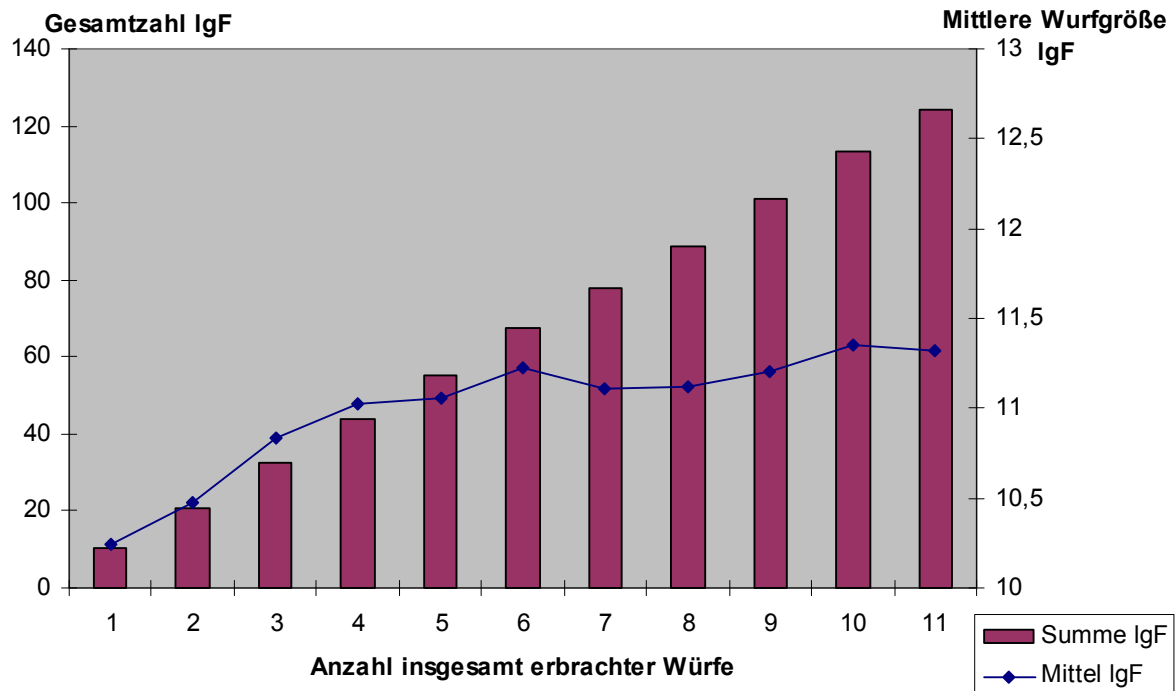


Abbildung 1: Lebensleistung (insgesamt lebend geborene Ferkel) und durchschnittliche Wurfgröße in Abhängigkeit der insgesamt erbrachten Würfe

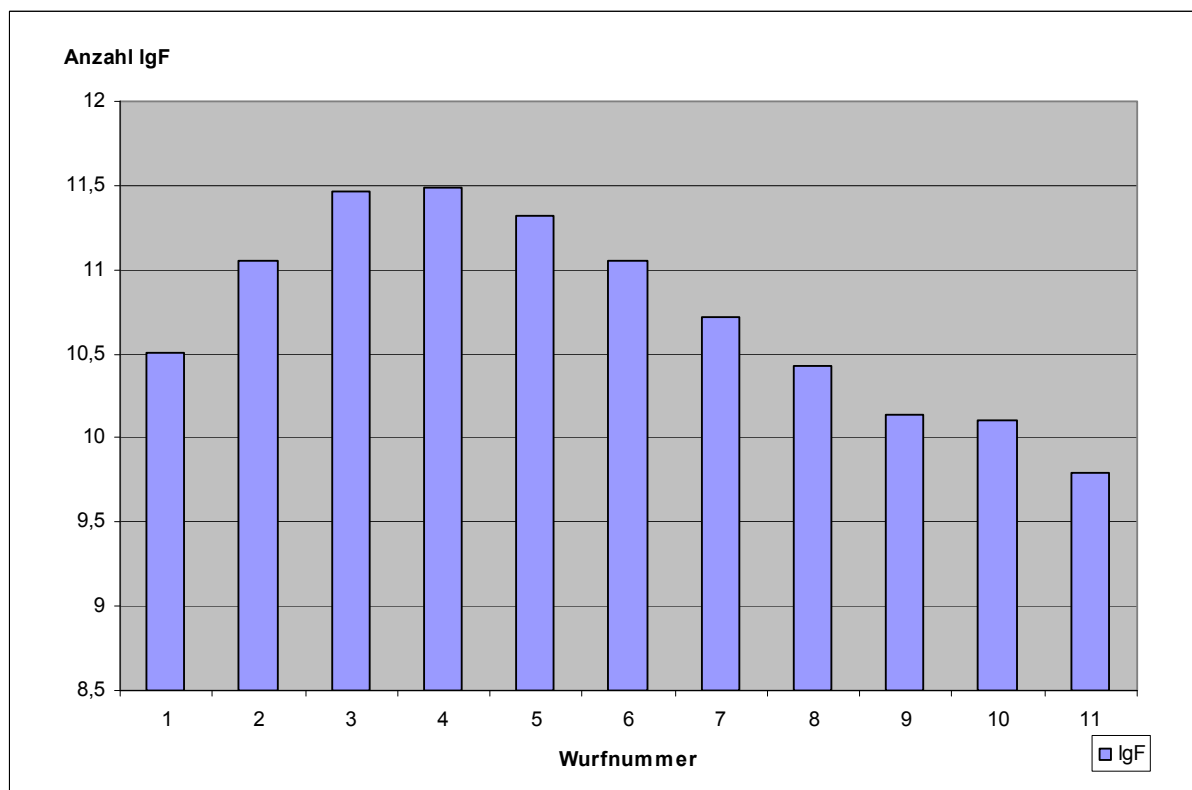


Abbildung 2: Wurfgröße in Abhängigkeit der Wurfnummer

Tabelle 5: Anzahl der nach Wurfnummer gemerzten Sauen sowie Prozentsatz in Bezug auf die noch vorhandenen Sauen

Wurfnr.	Anzahl Abgänge				Proz. Abgänge in Bezug auf auf verbleibende Sauen Anfangsbestand			
	DL	DE	LC	DELDE	DL	DE	LC	DELDE
1	4.853	530	48	304	30,9 30,9	23,8 23,8	19,7 19,7	14,9 14,9
2	2.646	397	37	297	24,4 16,9	23,4 17,8	18,9 15,2	17,1 14,5
3	2.055	300	42	313	25,1 13,1	23,1 13,5	26,4 17,2	21,7 15,3
4	1.605	254	31	274	26,1 10,2	25,4 11,4	26,5 12,7	24,2 13,4
5	1.358	240	34	290	29,9 8,6	32,1 10,8	39,5 13,9	33,8 14,2
6	1.154	183	22	266	36,3 7,4	36,1 8,2	42,3 9,0	46,9 13,0
7	801	154	14	152	39,5 5,1	47,5 6,9	46,7 5,7	50,5 7,4
8	541	84	9	77	44,1 3,4	49,4 3,8	56,3 3,7	51,7 3,8
9	364	50	6	38	53,0 2,3	58,1 2,2	85,7 2,5	52,8 1,9
10	167	18	1	21	51,7 1,1	50,0 0,8	100,0 0,4	61,8 1,0
>=11	156	18	-	13	100,0 1,0	100,0 0,8		100,0 0,6

3 Ergebnisse der Varianzanalysen

Die Varianzanalysen wurden mit dem Modul GLM des Statistik-Pakets SPSS Ver.8.0 gerechnet. Als Zielgröße wurden die insgesamt lebend geborenen Ferkel einer Sau verwendet, weil dies das wirtschaftlich relevanteste Merkmal ist. Kontrollrechnungen mit den Merkmalen Nutzungsdauer und Anzahl Würfe ergaben aber ähnliche Ergebnisse. Folgende Modelle wurden verwendet, wobei jeweils die oben beschriebene Datengrundlage zum Einsatz kam:

Modell 1

$$lgF_{ijklmn} = \mu + RASSE_i + BETRIEB_j + GEBURTSJAHR_k + GEBURTMONAT_l + ZWZ_m + EFA_n + e_{ijklmn}$$

lgF_{ijklm} = Anzahl insgesamt lebend geborener Ferkel der ijklm-ten Sau

$\mu RASSE_i$ fixer Effekt der Rasse i

$BETRIEB_j$ = fixer Effekt des Betriebes j

$GEBURTSJAHR_k$ = fixer Effekt des Geburtsjahres k

$GEBURTMONAT_l$ = fixer Effekt des Geburtsjahres l

+ ZWZ_m = fixer Effekt des Zwischenwurfzeitklasse l

+ EFA_n = fixer Effekt Erstferkelalterklasse m

e_{ijklm} = Restfehler

Modell 2

$$lgF_{ijklm} = \mu + BETRIEB_j + GEBURTSJAHR_k + GEBURTSMONAT_k LTZ_l + US_m + LTZ_k * US_l + e_{ijklm}$$

lgF_{ijkl} = Anzahl insgesamt lebend geborener Ferkel der ijkl-ten Sau

$BETRIEB_j$ = fixer Effekt des Betriebes j

$GEBURTSJAHR_k$ = fixer Effekt des Geburtsjahres k

$GEBURTSMONAT_k$ = fixer Effekt des Geburtsjahres k

LTZ_l = fixer Effekt des Lebenstagszunahme-Klasse l

US_m = fixer Effekt Ultraschallspeckdicke-Klasse m

$LTZ_k * US_l$ = Wechselwirkung der Lebenstagszunahme-Klasse l mit der Ultraschallspeckdicke -Klasse m

e_{ijklm} = Restfehler

Tabelle 6: Ergebnisse der Varianzanalyse für Modell 1

Variationsursache	FG	F-Wert	p
Rasse	2	14,65	<0,001
Betrieb	17	40,22	<0,001
Geburtsjahr	5	10,98	<0,001
Geburtsmonat	11	3,52	<0,001
Zwischenwurfzeit	4	2214,11	<0,001
Erstferkelalter	6	2,759	0,011

Tabelle 7: Ergebnisse der Varianzanalyse für Modell 2

Variationsursache	FG	F-Wert	p
Betrieb	7	81,10	<0,001
Geburtsjahr	5	4,81	<0,001
LTZ	2	6,04	0,002
Speckdicke	2	11,62	<0,001
LTZ*Speckdicke	4	1,557	0,183

Tabelle 8: Geschätzte Mittelwerte für Effektstufen in Modell 2

Effektstufe	Mittelwert	Standardfehler	95 %-Konfidenzintervall	
			Untergrenze	Obergrenze
LTZ1	39,018 ^a	0,705	37,635	40,401
LTZ2	38,759 ^a	0,638	37,509	40,009
LTZ3	36,375 ^b	0,767	34,872	37,879
US1	36,751 ^a	0,788	35,207	38,295
US2	37,041 ^a	0,628	35,811	38,272
US3	40,360 ^b	0,750	38,891	41,830

In Modell 1 sind alle Faktoren signifikant bzw. hochsignifikant. Bei weiterführenden genetischen Analysen sollte also auf jeden Fall neben der Rasse das Erstferkelalter, die Zwischenwurfzeit sowie ein Herde-Jahr-Saison Effekt für das Geburtsdatum der Sau berücksichtigt werden. Allerdings waren beim paarweisen Vergleich der Monatseffekte nur die Monate Mai und Juni im Vergleich zu jeweils September und Dezember signifikant unterschiedlich. Bei den Geburtsjahren war die Differenz von 2003 zu jeweils den anderen Jahren signifikant.

Im Modell 2 zeigen die Lebenstagszunahme und die Speckdicke einen hoch signifikanten Einfluss auf die Lebensleistung; die Wechselwirkung zwischen den Effekten ist allerdings nicht signifikant. Beim paarweisen Vergleich der Effekte unterscheidet sich in beiden Fällen nur die Stufe 3 signifikant von den beiden anderen. Das entspricht der allgemeinen Annahme, dass sich die Konditionierung, d. h. der Aufbau von ausreichend Seiten-

speck positiv auf Fruchtbarkeitsleistung auswirkt. SERENIUS et al. (2006) konnten bei genetischen Analysen die gleichen Zusammenhänge zwischen Speckdicke bzw. LTZ und Lebensleistung nachweisen.

Literatur

- DAGORN, J.; AUMAITRE, A.: Sow culling: Reasons for and effect on productivity. *Livest. Prod. Sci.* 6 (1979), 167-177
- HEUSING, M., HAMANN, H., DISTL, O.: Abgangsursachen und ihr Einfluss auf die Lebensleistung bei Sauen der Rassen Deutsches Edelschwein, Deutsche Landrasse und Pietrain. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 46 (2003) 6, 569-583
- LE COZLER, Y., DAGORN, J., LINDBERG, J., AUMAITRE, A., DOURMAND, J.Y.: Effect of age at first farrowing and herd management on long-term productivity of sows. *Livest. Prod. Sci.* 53 (1998), 135-142.
- LUCIA, T.; DIAL, G. D.; MARSH, W. E.: Lifetime reproductive performance in female pigs having distinct reasons for removal. *Livest. Prod. Sci.* 63 (2000), 213-222
- RICHTLINIE: Gemeinsame Richtlinie der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft, der Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft, der Landesanstalt für Landwirtschaft, Forsten und Gartenbau Sachsen-Anhalt mit dem Mitteldeutschen Schweinezuchtverband e.V. für die Durchführung der Zuchtwertfeststellung beim Schwein im Freistaat Sachsen, Freistaat Thüringen und im Land Sachsen-Anhalt
<http://www.sachsen-anhalt.de/LPSA/index.php?id=28254>
- SERENIUS, T., STADLER, K. J., BAAS, T. J., MABRY, J. W., GOODWIN, R. N., JOHNSON, R. K., ROBISON, O. W., TOKACH, M., MILLER, R. K.: National Pork Producers Council Maternal Line National Genetic Evaluation Program: A comparison of sow longevity and trait associations with sow longevity. *J. Anim. Sci.* 2006. 84:2590–2595

Herausgeber:

Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie (LfULG)
Pillnitzer Platz 3, 01326 Dresden
Telefon: + 49 351 2612-0
Telefax: + 49 351 2612-1099
E-Mail: lfulg@smul.sachsen.de
www.smul.sachsen.de/lfulg

Autoren:

Dr. Ulf Müller, Kathleen Fischer, Dr. Roland Klemm
Prof. Dr. Gudrun Brockmann, Divine Akumo, Dr. Uwe Müller
Dr. Simone Müller, Dr. Erhard Gernand, Uta Braun, Prof. Dr. Ottmar Distl,
Dr. Henning Hamann
Dr. Herwig Mäurer

Redaktion:

LfULG, Abteilung Tierische Erzeugung/Referat Tierzucht, Tierhygiene
Dr. Roland Klemm
Telefon: +49 34222 46-2100
Telefax: +49 34222 46-2199
E-Mail: roland.klemm@smul.sachsen.de

Redaktionsschluss:

30.06.2010

ISSN:

1867-2868

Hinweis:

Die Broschüre steht nicht als Printmedium zur Verfügung, kann aber als PDF unter <http://www.smul.sachsen.de/lfulg/6447.htm> heruntergeladen werden.

Verteilerhinweis:

Diese Informationsschrift wird von der Sächsischen Staatsregierung im Rahmen ihrer verfassungsmäßigen Verpflichtung zur Information der Öffentlichkeit herausgegeben. Sie darf weder von Parteien noch von deren Kandidaten oder Helfern im Zeitraum von sechs Monaten vor einer Wahl zum Zwecke der Wahlwerbung verwendet werden. Dies gilt für alle Wahlen.

Missbräuchlich ist insbesondere die Verteilung auf Wahlveranstaltungen, an Informationsständen der Parteien sowie das Einlegen, Aufdrucken oder Aufkleben parteipolitischer Informationen oder Werbemittel. Untersagt ist auch die Weitergabe an Dritte zur Verwendung bei der Wahlwerbung. Auch ohne zeitlichen Bezug zu einer bevorstehenden Wahl darf die vorliegende Druckschrift nicht so verwendet werden, dass dies als Parteinnahme des Herausgebers zugunsten einzelner politischer Gruppen verstanden werden könnte.

Diese Beschränkungen gelten unabhängig vom Vertriebsweg, also unabhängig davon, auf welchem Wege und in welcher Anzahl diese Informationsschrift dem Empfänger zugegangen ist. Erlaubt ist jedoch den Parteien, diese Informationsschrift zur Unterrichtung ihrer Mitglieder zu verwenden.