

7. Zusammenfassung

Ziel der vorliegenden Arbeit war es, die Position des Polled-Locus per Kopplungsanalyse zu bestimmen und mit diesen Ergebnissen einen indirekten Gentest am Polled-Locus zu entwickeln, um die Einführung dieses Merkmals in gehörnte Rassen durch markergestützte Selektion zu erleichtern.

An 366 Nachkommen heterozygot hornloser Bullen (Fleckvieh, Holstein, Pinzgauer, Welsh Black sowie Kreuzungstieren) wurden 12 DNA-Marker (AGLA17, ARO9, ARO24, BM6438, BMS1928, DVEPC088, DVEPC123, DVEPC141, IFNAR = Interferon alpha Rezeptor, INRA212, SOD1MICRO2 und TGLA49) untersucht, die auf dem proximalen Abschnitt von Chromosom 1 des Rindes lokalisiert sind. Vier Marker konnten innerhalb eines Intervalls von 4,3 cM angeordnet werden. Der Polled-Locus konnte 2,1 cM proximal des Markers BM6438 außerhalb des betrachteten Intervalls lokalisiert werden. Da verschiedene Markerhaplotypen teilweise innerhalb und zwischen den verschiedenen Rassen mit dem Allel für die Hornlosigkeit vererbt werden, sind wahrscheinlich unterschiedliche Mutationen innerhalb des Polled-Locus für dieses Merkmal verantwortlich.

Der indirekte Test wurde an 16 Nachkommen aus heterozygot x heterozygot hornlosen Anpaarungen sowie 6 Tieren aus heterozygot x homozygot hornlosen Anpaarungen durchgeführt. In einem Fall konnte mit einem Wert von ca. 67 % keine sichere Aussage bezüglich der Genotypenwahrscheinlichkeiten am Polled-Locus getroffen werden. Bei den restlichen Tieren lagen die Wahrscheinlichkeiten zwischen 84 % und 98 %.

Um die Aussagefähigkeit des Systems zu erhöhen, ist die Entwicklung weiterer, polymorpher Marker in dieser Genomregion notwendig. Die Aussagesicherheit läßt sich nur durch beidseitig genflankierende Marker steigern, um ein Rekombinationsereignis zwischen Gen und Marker identifizierbar zu machen. Flankierende Marker werden außerdem benötigt, um die Genomregion für die positionelle Klonierung des Polled-Locus stärker einzugrenzen.

8. Summary

Karen Eichler, geb. Wiegand:

„Development of an indirect diagnostic test at the polled locus in cattle“

The aim of this study was to locate the polled locus via linkage analysis. An indirect diagnostic test at the polled locus should be developed to accelerate the introgression of polledness into horned cattle breeds.

Twelve DNA-markers (AGLA17, ARO9, ARO24, BM6438, BMS1928, DVEPC088, DVEPC123, DVEPC141, IFNAR = Interferon alpha receptor, INRA212, SOD1MICRO2 and TGLA49) located on the proximal part of BTA1 were genotyped on 366 offspring from heterozygous polled sires of different breeds (German Holstein, Pinzgauer, Simmentaler Fleckvieh and Welsh Black as well as cross-breed animals). Four markers could be located within an interval of 4,3 cM. The polled locus has been placed 2,1 cM proximal to the marker BM6438 outside of the intervall analyzed. Because different haplotypes partly within and usually among different breeds were inherited with the allele for polledness different mutations within the polled locus are expected to cause this phenotype.

The indirect test has been carried out on 16 offspring from heterozygous x heterozygous polled matings and 6 progeny from heterozygous x homozygous polled matings. In one case, with a probability of 67 % the genotype at the polled locus could not be predicted. For the remaining animals the probabilities were between 84 % and 98 %.

To further improve the test, more polymorphic markers in this region are needed. Markers flanking the gene both sides are needed to increase the accuracy because they make recombination between the polled locus and marker detectable. Flanking markers are furthermore necessary to narrow down the region for positional cloning of the gene itself.