

## Forschungsaktivitäten in der Schweinezucht und –mast in Hohenschulen

Die Schweinezucht- und -mastanlage auf dem Versuchsgut Hohenschulen wurde 1986 gebaut und zwischenzeitlich mehrfach im Rahmen von Umbauarbeiten modernisiert. Während bis zum Jahr 2001 der Mastbereich dem Versuchsgut Hohenschulen (Institut für Pflanzenbau) zugeordnet war, ist im beiderseitigen Einvernehmen ab dem 1.1.2003 die gesamte Anlage unter der Leitung des Institutes für Tierzucht und Tierhaltung (Prof. Dr. Dr. h.c. mult. Ernst Kalm). In der nachfolgenden Tabelle 1 sind die wichtigsten Eckdaten der Haltungssysteme aufgeführt.

Tab. 1: Charakteristika der Schweinezucht- und Schweinemastanlage auf dem Versuchsgut Hohenschulen

<b>Deckzentrum</b>	<b>Wartestall</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• 2 Deckbuchten</li> <li>• 3 Gruppenbuchten</li> <li>• 19 Kastenstände</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 2 Gruppen mit je 30 Sauen</li> <li>• Futtermittellieferung über 4 Abruffütterungsstationen (Einzeltiererkennung)</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• 2 Deckbuchten</li> <li>• 3 Gruppenbuchten</li> <li>• 19 Kastenstände</li> </ul>	Futtermittellieferung: Einzeltierautomaten/ Futterkettenbefüllung
<b>Abferkelbereich</b>	<b>Flatdeckbereich</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• 4 Abferkelabteile mit 8 Buchten</li> <li>• Einzeltierfütterungsautomaten</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 4 Abteile mit je 8 Buchten</li> <li>• Vorratsautomatenfütterung</li> </ul>
<b>Maststall</b>	<b>Arbeitskräftebesatz</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• 600 Plätze (5 Abteile mit je 120 Plätze) á 6 Buchten</li> <li>• Einzeltiererkennung, Abruffütterung (Fit-Mix)</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Betriebsleiter</li> <li>• 1 Mitarbeiter</li> </ul>

Die Fütterung der einzelnen Tiergruppen erfolgt nach den folgenden Vorgaben.

### *Saugferkel:*

- Anfütterung mit Prestarter während der Säugezeit (Absetzalter 25 Tage – 3-Wochenrhythmus)

### *Abgesetzte Ferkel:*

- direkt nach dem Absetzen für etwa 20 Tage Prestarter, anschließend bis zum Verkauf/ Umställen Automatenstarter

### *Sauen im Deckzentrum:*

- einmal täglich Fütterung mit Sauenalleinfutter (11,8 MJ Energie, 15,5 % Rohprotein)
- die verabreichte Menge variiert in Abhängigkeit vom Trächtigkeits- und Ernährungszustand

*Sauen im Wartestall:*

- eine Futterperiode/ Tag an der Abruffütterung

*Sauen im Abferkelstall:*

- täglich zweimalige Fütterung mit Sauenalleinfutter (Laktation) (13,4 MJ, 18,0 % Rohprotein) bis maximal 8 kg/ Tag

*Maststall:*

- Vormast bis 40 kg 13,4 MJ, 17,5 % Rohprotein
- 40 – 80 kg 13,4 MJ, 16,0 % Rohprotein
- ab 80 kg 13,0 MJ, 15,0 % Rohprotein

Die Ergebnisse des Sauenbestandes sind in der folgenden Tabelle 2 zusammengestellt: Bei den Sauen sind die Rassen DL, LW – in Reinzucht und Kreuzungen LW x DL bzw. DE x LW im Bestand. Es wird ausschließlich KB - genutzt.

Tab. 2: Fruchtbarkeitsleistung der Sauenherde

	1990	2000	2002
Anzahl Sauen Ø	114	95	106
Würfe/ Sau u. Jahr	2.33	2.14	2.32
Produktionstage/ Wurf	157	171	157
leb. geb. Ferkel/ Sau/ u. Jahr	23.5	20.6	24.6
tot geb. Ferkel/ Sau u. Jahr	2.8	2.8	3.1
abgesetzte Ferkel/ Wurf	9.2	7,9	9,1
abgesetzte Ferkel/ Sau u. Jahr	21.4	18.1	20.2
Ferkelverluste %	8.9	18.1	14.9
Wurfnummer Ø	4.2	3.6	3.1

Der Forschungsschwerpunkt bis zur Mitte der neunziger Jahre war der Bereich Verhaltensforschung in der Sauenhaltung. Unterschiedliche Haltungssysteme wurden auf ihre Tiergerechtigkeit hin untersucht.



Abb.1: Sauen im Wartestall an der Abruffütterungsstation

Weiterhin konnten von Mitarbeiter des Instituts für Landwirtschaftliche Verfahrenstechnik in mehreren Forschungsvorhaben Fütterungsstrategien für die zu dieser Zeit noch vorhandene Flüssigfütterungsanlage entwickelt werden. Hierdurch konnte eine nährstoffangepaßte und tiergerechte Futterzuteilung gewährleistet werden.

Mitte der neunziger Jahre bildeten die Aktivitäten in der Versuchsanlage zunehmend die Grundlage für Genomanalyseprojekte am Institut für Tierzucht und Tierhaltung, da gezielt Ressourcenfamilien aufgebaut wurden.

### **Aufbau von Ressourcenfamilien für Genomanalyseprojekte**

Im Vergleich zur Humangenetik hat die Genomanalyse bei landwirtschaftlichen Nutztieren den Vorteil, daß gezielt Familien erstellt werden können, an denen

sich spezielle Fragestellungen für die Zuchtarbeit untersuchen lassen. Diese Familien werden Ressourcenfamilien genannt. Sie sind dadurch gekennzeichnet, daß unterschiedliche Varianten von Genen in den Familien vererbt werden, die sich innerhalb von Genkartierungsprojekten lokalisieren lassen. Hierfür ist es notwendig, daß genau definierte Familienstrukturen aufgebaut werden und von den einzelnen Familienmitgliedern Erbmaterial für die Markeranalysen zur Verfügung steht. Weiterhin werden an den Tieren phänotypische Merkmale exakt erfaßt, die von den gesuchten Genen beeinflußt werden. Derartige Familien wurden bisher für drei Projekte erstellt.

### **Das RN-Projekt**

Mitte der achtziger Jahre zeigten französische Untersuchungen, daß Tiere der Rasse Hampshire im Vergleich zu anderen Rassen einen niedrigeren End-pH-Wert (24 Stunden nach dem Schlachten) aufweisen. Ein im Vergleich zu anderen Rassen erhöhter Glykogengehalt hat nach dem Abbau einen erhöhten Laktatgehalt zur Folge, der den niedrigen End-pH-Wert verursacht. Eine wirtschaftliche Bedeutung erlangt der erhöhte Glykogengehalt dadurch, daß die Verarbeitungseignung des Fleisches bei der Kochschinkenherstellung beeinflußt wird. Der durch die Verarbeitung auftretende Gewichtsverlust ist beim Fleisch von Tieren der Rasse Hampshire erhöht. Die Methode mit der der Gewichtsverlust bestimmt wird, heißt **Rendement NAPOLE (RN)**. Aus diesem Grund wird das Hampshire-Gen auch RN-Gen genannt. Außerdem war vor Beginn der Untersuchungen bekannt, daß es sich beim gesuchten Gen um ein Hauptgen handelt, d.h. ein Gen, das einen großen Einfluß auf das untersuchte Merkmal hat. Nach dem in Abbildung 2 dargestellten Schema wurden Familien für die Kartierung des Gens erstellt.

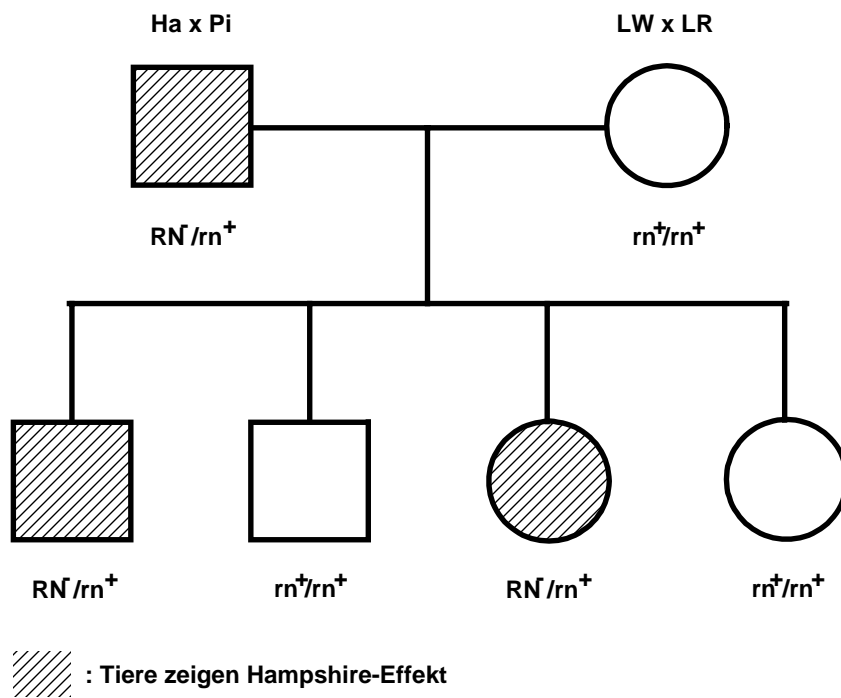


Abb. 2: Kreuzungsschema zur Kartierung des RN-Gens

Die Kartierung des RN-Gens erfolgte 1997 in Übereinstimmung mit einer französischen und schwedischen Arbeitsgruppe auf dem Chromosom 15 des Schweines. Für die Entwicklung eines exakten gendiagnostischen Tests war es jedoch notwendig, das Gen zu isolieren, das für den Fleischbeschaffenheitsmangel verantwortlich ist.

Nachdem die genaue Lage des Gens in einem engen Chromosomenabschnitt beim Schwein weiter eingegrenzt werden konnte, folgte die Entschlüsselung des genetischen Codes des RN-Gens und der Nachweis der Wirkung auf den Energiestoffwechsel. 3 Jahre nach dem Beginn der Arbeiten gelang es den beteiligten Wissenschaftlern nachzuweisen, daß das PRKAG3 und das RN-Gen identisch sind. Da das isolierte Gen eine Schlüsselfunktion für einen Teil des Energiestoffwechsels hat, besteht die Möglichkeit, daß das gefundene Gen sogar einen Einfluss auf eine Form der Typ-II-Diabetes beim Menschen hat.

Nach der Identifizierung des RN-Gens wurde ein gendiagnostischer Test entwickelt, der eine schnelle und sichere Bestimmung des genetischen Status beim Schwein erlaubt. Der entwickelte Test für das RN-Gen ist inzwischen beim

Europäischen Patentamt zur Patentierung angemeldet worden und wird bereits weltweit von einer großen Anzahl von Zuchtunternehmen angewendet.

Literatur:

- LOOFT, C., D. MILAN, J. T. JEON, S. PAUL, N. REINSCH, C. ROGEL-GAILLARD, V. REY, V. AMARGER, A. ROBIC, E. KALM, P. CHARDON und L. ANDERSSON (2000b): A high-density linkage map of the *RN* region in pigs. *Genetics Selection Evolution* 32, 321-329
- MILAN, D., J. T. JEON, C. LOOFT, V. AMARGER, A. ROBIC, M. THELANDER, C. ROGEL-GAILLARD, S. PAUL, N. IANNUCELLI, L. RASK, H. RONNE, K. LUNDSTRÖM, N. REINSCH, J. GELLIN, E. KALM, P. LE ROY, P. CHARDON und L. ANDERSSON (2000): A mutation in *PRKAG3* associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle. *Science* 288, 1248-1251
- REINSCH, N., C. LOOFT, I. RUDAT, E. KALM (1998): Is the porcine *RN* locus a pleiotropic QTL? A Bayesian marker assisted segregation analysis. *Genetics Selection Evolution*, 30, 257-273
- RUDAT, I. (1997): Kartierung des *RN*-Gens beim Schwein, Schriftenreihe des Instituts für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, 97



Abb. 3: Ferkel im Flatdeckbereich

### **Das Quantitative Trait Loci (QTL) - Projekt**

Die meisten Merkmale, die tierzüchterisch beeinflusst werden sind quantitative Merkmale mit einer kontinuierlichen Verteilung. Genorte, die diese Merkmale stark beeinflussen, werden **Quantitative Trait Loci (QTL)** genannt und sind zur Zeit noch weitgehend unbekannt. Ebenso wie beim RN-Projekt ist die Voraussetzung für die Identifizierung dieser Genorte die Erstellung von Familien, in denen unterschiedlichen Varianten (Allele) der **Quantitative Trait Loci** vererbt werden. Ein Familienmaterial wurde durch gezielte Anpaarung erstellt und die Nachkommen dieser Familien werden unter standardisierten Bedingungen geprüft. So erfolgte die Erfassung der Mastleistungsparameter und nach der Schlachtung die Schlachtkörpermerkmale entsprechend den Richtlinien

der Leistungsprüfungsanstalten. Zusätzlich wurde von den Tieren Blutproben gezogen, aus denen eine Isolierung der DNA erfolgte. Anschließend wurde das Erbmateriale im molekulargenetischen Labor des Instituts für Tierzucht und Tierhaltung mit DNA-Markern charakterisiert.

Exemplarisch wird nachfolgend ein Ergebnis aus der Dissertation von GUO (2002) dargestellt. Die Abbildung 4 zeigt, daß an der Position 0 cM auf dem Chromosom 4 des Schweins mit einer hohen Wahrscheinlichkeit ein Gen, mit einem Einfluß auf das Merkmal pH-Wert des Fleisches im Musculus longissimus dorsi, vorhanden ist.

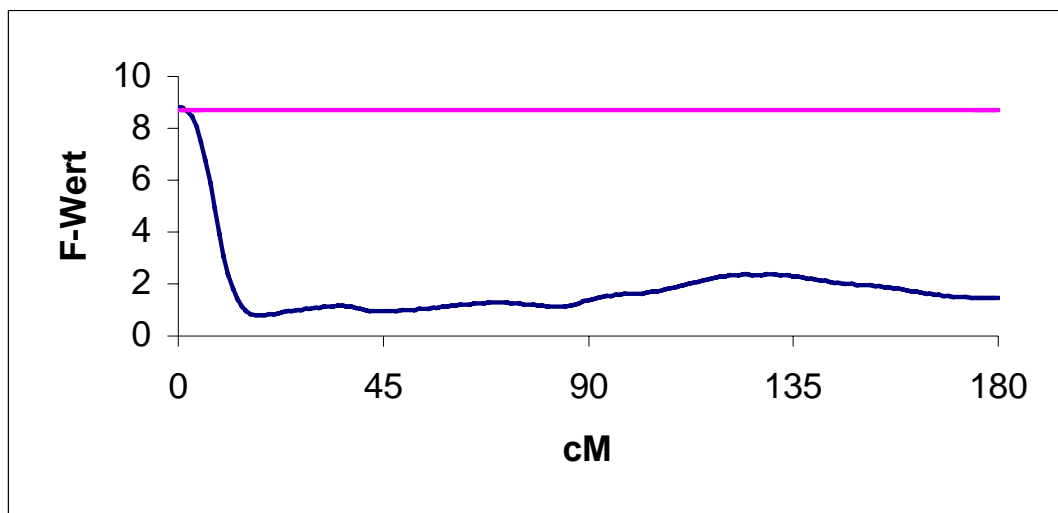


Abb. 4: F-Werte für das Merkmal pH-Wert auf dem Chromosom 4

#### Literatur:

GUO (2002): Kartierung von Genorten mit einem Einfluss auf Schlachtkörperwert-, Fleischbeschaffenheits- und Exterieurmerkmale beim Schwein, Schriftenreihe des Instituts für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, 163

### **Das Imprinting-Projekt**

Das Phänomen des genomischen Imprinting als nicht mendelnder Vererbungsablauf konnte erst in den 80er Jahren bei Mäusen nachgewiesen



werden. Dabei wird ein elterliches Allel an einem Genort vollkommen ausgeschaltet, so dass die Merkmalsausprägung eines Gen nicht nur von der Genausstattung sondern auch von der elterlichen Herkunft abhängt. Dies bezeichnet man auch als Parent-of-Origin Effekt.

Familien zur Analyse dieses Phänomens wurden im Rahmen eines laufenden Forschungsprojektes (DFG) erstellt (Borchers 2002). Es erfolgte eine Anpaarung von Ebern der Rasse Piétrain an Kreuzungssauen (Large White x Landrasse). Die resultierenden F1-Tiere wurden wiederum miteinander angepaart, so daß eine F2-Kreuzungsgeneration entstand. Anhand der erzeugten Familien und der nachfolgenden Analyse mit Marker kann untersucht werden in welchen Genomregionen Imprintingeffekte vorhanden sind. Imprinting ist vorhanden, wenn sich für Allele eines Gens in Abhängigkeit von der väterlichen oder mütterlichen Vererbung unterschiedliche Effekte nachweisen lassen. Das gesamte Pedigree beinhaltet 2000 Tiere und wird zur Zeit mit Markern genotypisiert.

Literatur:

BORCHERS, N. (2002): Establishing a Piétrain F2-resource-population and analysing several phenotypes as markers, Schriftenreihe des Instituts für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, 157

## **Perspektiven**

Die drei dargestellten Forschungsprojekte zeigen, daß sich nur auf einem Versuchsbetrieb qualitativ hochwertige Daten erfassen lassen. Dies wird in Zukunft noch bedeutsamer werden, da in Projekten, in denen die Funktion von Genen (funktionelle Genomanalyse) untersucht werden soll, eine möglichst gute Standardisierung der Umweltbedingungen, eine entscheidende Voraussetzung für eine erfolgreiche Bearbeitung von Forschungsprojekten darstellt.

Eine Verbesserung in der Datenerfassung konnte durch die Ersatzbeschaffung der Fütterungsanlage im Rahmen der Hochschulbauförderung im Mastbereich realisiert werden. Die Fitmix-Anlage der Firma Mannebeck erlaubt eine tierindividuelle Futterzuteilung und somit eine genaue Erfassung der Futtermenge. Weiterhin hat eine kontinuierliche Anpassung der Fütterung an den Nährstoffbedarf der Tiere eine Reduktion der Emissionen der Versuchsanlage zur Folge.



Abb. 5: Futterstation im Maststall mit Mastendprodukten