

4 Ergebnisse

Zur Untersuchung des Einfluß der Fellfarbe des Schweins auf Leistungsmerkmale der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität wird zunächst der Einfluß der Genotypen der Loci MC1R, KIT, Agouti und Tyrosinase auf die Ausprägung der Fellfarbe in der Ressourcepopulation überprüft.

Die Analyse des Effekts der Farbloci sowie des Farbphänotypen auf die quantitativen Leistungsmerkmale erfolgte mittels einer GLM Varianzanalyse. Als Ausgangskreuzung (P) wurden Tiere der Rasse Duroc und Berliner Miniaturschwein verpaart. Die F₂-Generation wurde in 62 Familien unterteilt. Eine Familie besteht aus den Vollgeschwistern mehrerer Würfe aus der Verpaarung der gleichen Sau und desselben Ebers der F₁-Generation.

4.1 Ergebnisse der Farbphänotypisierung

Die Ausgangsrassen der P-Generation zeigen den einfarbig rotbraunen (Duroc) und den einfarbig weißen (Miniaturschwein) Phänotyp.

4.1.1 Bestimmung der Farbphänotypen der F₁-Generation

In der F₁-Generation ließen sich fünf Phänotypen differenzieren:

- **white, (w)**: Tiere mit weißem Fell und unpigmentierter Haut
- **spotted black, (spb)**: Tiere mit wenigen kleinen schwarzen Flecken in sonst weißem Fell und unpigmentierter Haut, meist in der Kopfregion, häufig mit einem einzelnen Fleck auf dem Auge, mitunter ist nur die Haut pigmentiert
- **patched black, (pb)**: Tiere mit mehreren großen schwarzen Flecken meist im Rumpfbereich und auf dem Auge bei sonst weißem Fell und unpigmentierter Haut, mitunter zeigen die Flecke einen Rand pigmentierter Haut, die Ausdehnung der Flecke ist sehr variabel
- **spotted red, (spr)**: Tiere mit wenigen kleinen rotbraunen Flecken in sonst weißem Fell und unpigmentierter Haut, meist in der Kopfregion
- **patched red, (pr)**: Tiere mit mehreren großen rotbraunen Flecken in sonst weißem Fell, meist im Rumpfbereich

Alle Phänotypen zeigen eine schwarze Augenfarbe (siehe Abbildung 4.1).



white



spotted black



patched black



spotted red



patched red

Abbildung 4.1: Farbphänotypen der F₁-Generation

Tabelle 4.1: Anzahl Tiere (n) in den Farbphänotypenklassen der F₁-Generation

Phänotyp / Tierzahl	gesamt	w	pb	pr	spb	spr
n	179	12	139	8	14	3
%		6,7	77,6	4,46	7,82	1,68

w = white; pb = patched black; pr = patched red; spb = spotted black; spr = spotted red

Entgegen der Annahme, daß die weiße Farbe dominant vererbt wird, ist der Großteil der F₁-Tiere schwarz gescheckt (pb) (77,6 %). Weiße (w) Tiere treten größtenteils in Familien auf, die auch rot gescheckte (pr) und rot gefleckte (spr) F₁-Tiere aufweisen (ca. 30 % der F₁ Nachkommen dieser Familien sind weiß). Diese Familien stammen ausnahmslos von Miniaturschweinsauen in der P-Generation ab. Im Gegensatz dazu zeigen nur 1,4 % der F₁ Tiere der Familien ohne Beteiligung des rot gefleckten oder gescheckten Phänotyps eine weiße Fellfarbe. Die weiblichen Ausgangstiere der P-Generation dieser Gruppe gehören sowohl der Rasse Duroc als auch dem Miniaturschwein an.

Tabelle 4.2: Anzahl Tiere in den Farbphänotypenklassen der F₁-Generation in den 11 Großmutter-Familien, die zur Erzeugung der F₂ Population genutzt wurden

Familie / Farbe	M1	M2	M3	D4	D5	D6	D7	D8	M9	M10	M11
w			1					1			
pb	6	8	1	7	5	8	4	3	5	1	4
spb				1				3			
pr			1								
spr			1								

w = white; pb = patched black; pr = patched red; spb = spotted black; spr = spotted red

M1-3, M9-11 = Miniaturschweinsauen

D4-8 = Durocsauen

In der Verteilung ist zu erkennen, daß nur in der Familie 3 in Abstammung von einer Miniaturschweinsau der rot gescheckte (pr) oder rot gefleckte (spr) Phänotyp auftritt. Fünf weitere Miniaturschweinsauen zeigen rot gescheckte (pr) oder rot gefleckte (spr) Nachkommen, die jedoch nicht zur F₂-Generation beitragen. Zur Erzeugung der F₂ Generation wurden

- 2 Eber der Färbung schwarz gefleckt (spb) aus den Familien 1 und 4
- 1 Eber der Färbung schwarz gescheckt (pb) aus der Familie 6
- 1 Eber der Färbung rot gescheckt (pr) aus der Familie 3

an weiße (w), schwarz gescheckte (pb), schwarz gefleckte (spb), rot gescheckte (pr) und rot gefleckte (spr) Sauen wiederholt angepaart. Da eine Verpaarung innerhalb einer Familie vermieden wurde, fand keine Kreuzung zweier Phänotypen mit Rotanteil statt.

4.1.2 Bestimmung der Farbphänotypen der F₂-Generation

Alle Farbphänotypen der F₁-Generation konnten auch in der F₂-Generation gefunden werden. Zusätzlich traten noch Tiere folgender Färbungen auf:

- **red, (r)**: einfarbig rotbraun
- **black, (b)**: einfarbig schwarz
- **black six points white, (b6p)**: schwarz mit weißem Bauch und weißen Füßen, die Ausdehnung der Weißfärbung ist variabel
- **red six points white, (r6p)**: rotbraun mit weißem Bauch und weißen Füßen, die Ausdehnung der Weißfärbung ist variabel
- **red spotted black, (rspb)**: rotbraun mit vielen kleinen schwarzen Flecken
- **red spotted black six points white, (rspb6p)**: rotbraun mit vielen kleinen schwarzen Flecken mit weißem Bauch und Füßen, die Ausdehnung ist variabel
- **spotted black pietrain, (spbpiet)**: mehrere größere schwarze Flecke meist mit einem Rand pigmentierter Haut auf weißem Fell ähnlich der Rasse Piétrain
- **tricolor, (tric)**: dreifarbig mit wenigen kleinen schwarzen Flecken in großen roten Flecken oder mehrere größere schwarze Flecke auf aufgehellten großen roten Flecken, mitunter reichen die schwarzen Flecke über den rot gefärbten Bereich hinaus

Alle Tiere zeigen eine schwarze Augenpigmentierung (siehe Abbildung 4.2).



white



spotted black



patched black



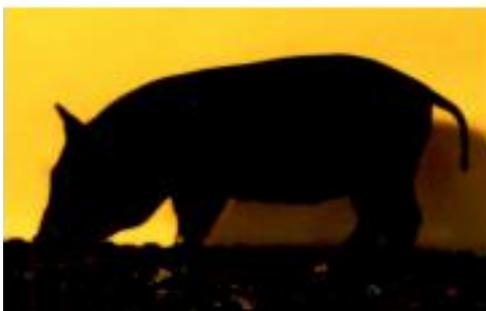
spotted red



patched red



red



black



black six points white

Abbildung 4.2: Farbphänotypen der F₂-Generation



red six points white



red spotted black



red spotted black six points white



spotted black Piétrain



tricolor



tricolor

Fortsetzung Abbildung 4.2: Farbphänotypen der F₂-Generation

Tabelle 4.3: Anzahl Tiere in den Farbphänotypenklassen der F₂ Generation

Farbe / Tierzahl	gesamt	w	pb	spb	pr	spr	b	r	b6p	r6p	rs pb	rs pb6p	spbpiet	tric
	1251	329	311	138	136	2	127	31	57	56	16	21	5	22

w = white; pb = patched black; pr = patched red; spb = spotted black; spr = spotted red; b = black; r = red; b6p = black six points white; r6p = red six points white; rs pb = red spotted black; rs pb6p = redspotted black six points white; spbpiet = spotted black Piétrain; tric = tricolor

Dreifarbige (tric) und rote F₂-Nachkommen mit schwarzen Flecken mit (rs pb6p) und ohne weiße Füße (rs pb) traten nur in Familien mit mindestens einem rot gescheckten (pr) oder rot gefleckten (spr) Elternteil aus der F₁-Generation auf. Alle weiteren Farbschläge können mit jeder beliebigen Farbkombination der Elterntiere erzielt werden.

4.2 Phänotypische Merkmale der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität

Die Ressource Population wurde aus zwei Rassen erstellt, die phänotypisch stark divergieren. Es wird davon ausgegangen, daß diese Divergenz hauptsächlich auf genetischen Unterschieden beruht. Ein Zusammenhang von einem bestimmten Genotypen mit dem jeweiligen Merkmal wird demzufolge durch ein kombiniertes Aufspalten in der F₂-Population ersichtlich.

4.2.1 Phänotypische Merkmale der Mastleistung

Mit einem mittleren Geburtsgewicht von 840 g und einem durchschnittlichen Mastendgewicht von 71 kg am 200. Tag entsprach die Körpermasse der Tiere der F₂-Generation nur 20 % der Körpermasse der Ausgangstiere der Rasse Duroc, jedoch ca. 180 % der Körpermasse reinrassiger Miniaturschweine. Da im Zeitraum zwischen dem 150. und 200. Tag noch eine tägliche Zunahme von 412 g zu verzeichnen war, kann davon ausgegangen werden, daß die Körpermasseentwicklung am 200. Lebenstag der F₂-Generation noch nicht abgeschlossen war.

Tabelle 4.4: Mittelwerte (μ) und Standardabweichung (s) der Körpermasse, der Körpermassenzunahme, und der Körpergröße in der F₂-Generation

Merkmal	n	μ	s
Körpermasse in kg			
Geburt	1487	0,84	0,2
50. d	1238	9,0	1,89
100. d	1005	28,77	5,41
200. d	574	71,16	12,6
Körpermassenzunahme in kg/d			
Geburt bis 50. d	1238	0,16	0,04
50. bis 100. d	1005	0,39	0,09
100. bis 200. d	574	0,41	0,09
Körperbreite in cm			
Geburt	1482	5,74	0,69
175. d	551	21,71	1,75
Körperlänge in cm			
Geburt	1482	19,73	1,80
175. d	551	76,42	5,10
Körperhöhe in cm 175. d	551	42,24	2,89

Die Einkreuzung des Miniaturschweins verringerte die tägliche Zunahme um 40 % gegenüber reinrassigen Durocs. Gleichzeitig ist der Futterverbrauch ca. 70 % höher als bei Tieren der Rasse Duroc. Dies ist in einem erhöhten Fett- anstatt Proteinansatz begründet (HARDGE, 1999).

Tabelle 4.5: Mittelwerte (μ) und Standardabweichung (s) der Futterraufnahme und Futtermittelfütterung in der F₂-Generation

Merkmal	n	μ	s
Futterraufnahme in kg/d			
100. bis 150. d	470	1,58	0,26
150. bis 200. d	467	2,09	0,40
Futtermittelfütterung in kg/kg			
100. bis 150. d	470	4,09	1,05
150. bis 200. d	467	5,35	1,86
Nettofuttermittelfütterung in kg/kg	466	6,01	1,11

4.2.2 Phänotypische Merkmale des Schlachtkörperwerts

Bei der Schlachtung waren die Tiere der F₂-Generation im Mittel 205 Tage alt und wogen durchschnittlich 71 kg. Die Schlachtkörpermasse erreichte einen Durchschnittswert von 56 kg.

Tabelle 4.6: Mittelwerte (μ) und Standardabweichung (s) der Merkmale des Schlachtkörperwerts in der F₂-Generation

Merkmal	n	μ	s
Schlachtkörpermasse warm (kg)	573	56,69	11,02
Rückenspeck Ultraschall (mm)	468	11,76	5,20
FOM Speckmaß (mm)	567	38,5	1,09
FOM Fleischmaß (mm)	567	37,2	0,84
Magerfleischanteil (%)	570	34,56	8,44
Rückenspeckdicke (mm)	573	37,9	0,72
Speckmaß B (mm)	573	31,0	0,80
Speckmaß D (mm)	573	46,9	1,20

Fortsetzung Tabelle 4.6: Mittelwerte (μ) und Standardabweichung (s) der Merkmale des Schlachtkörperwerts in der F₂-Generation

Merkmal		n	μ	s
Kotelettfäche	(cm ²)	552	22,24	3,81
Fettfläche	(cm ²)	552	27,32	6,41
Fleisch : Fettverhältnis	(1:)	552	1,25	0,33
Schlachtkörperlänge	(cm)	572	79,04	5,25

Die durch die Einkreuzung des Miniaturschweins verursachte stärkere Körperverschmälerung im Vergleich zum reinrassigen Duroc fand Ausdruck in den Speckmaßen B und D (Erhöhung um 93 % bzw. 77 %) und in der Rückenspeckdicke (Erhöhung um 36 %), sowie der Fettfläche des Koteletts (Erhöhung um 42 %). Die Einwirkung auf die Schlachtkörperlänge war weniger gravierend (Verminderung um 5,2 %) (HARDGE, 1999).

4.2.3 Phänotypische Merkmale der Fleischqualität

Die Fleischqualität der F₂-Tiere unterscheidet sich nur geringfügig von denen reinrassiger Durocs (HARDGE, 1999). Die pH-Werte (6,4 nach 45 min; 5,5 nach 24 h) und die Leitfähigkeitswerte (3,3 nach 45 min; 3,4 nach 24 h) zeigen eine gute Fleischqualität der F₂-Tiere.

Tabelle 4.7: Mittelwerte (μ) und Standardabweichung (s) der Merkmale der Fleischqualität in der F₂-Generation

Merkmal	n	μ	s
pH1k	557	6,40	0,26
pH2k	557	5,52	0,14
Leitfähigkeit 1k	548	3,33	0,53
Leitfähigkeit 2k	548	3,44	1,43
Fleischfarbe	551	69,68	6,32
Reflektion	565	40,70	13,98
Marmorierung	558	3,60	1,30

4.3 Ergebnisse der Genotypisierung der Farbloci und ihr Effekt auf den Farbphänotypen in der F₂-Generation der Ressourcepopulation

Zur Untersuchung des genetischen Hintergrunds der Farbvererbung wurden zunächst die beiden Loci (E-Locus, I-Locus) typisiert, deren Genotypisierung und Einfluß auf die Fellfarbe beim Schwein bereits bekannt war (MARKLUND et al., 1998; KIJAS et al., 1998b). Da auch die Kombination der Genotypen beider Loci die Vielfalt der Phänotypen nicht hinreichend erklären, wurden der Agouti-Locus und der Tyrosinase-Locus als Kandidatengene hinzugezogen. Vom Tyrosinase-Locus wurde eine Aufklärung des hohen Anteils weiß gefärbter Tiere erhofft. Der Agouti-Locus wurde ausgewählt, da er bei der Maus, aber auch bei anderen Tierarten als Auslöser einer hell gefärbten Ventralseite bekannt ist.

4.3.1 Ergebnisse der Genotypisierung des E-Locus und sein Effekt auf den Farbphänotypen in der F₂-Generation der Ressourcepopulation

Mit Hilfe der molekulargenetischen Analyse des MC1R konnte dargestellt werden, daß in der Ressource-Population drei Allele des E-Locus, E^{D1} (dominant schwarz), E^P (schwarz gefleckt) und e (rezessiv rot) vererbt werden. Für die Großelterntiere der Rasse Duroc bestätigte sich die Annahme, daß sie für das rezessive Allel e homozygot sind. Bei den Großelterntieren der Rasse Miniaturschwein zeigen der Eber und fünf der Sauen den homozygoten Genotypen E^{D1}E^{D1}. Eine der Miniaturschweinsauen (M3) ist auf dem E-Locus heterozygot und trägt den Genotyp E^{D1}E^P. Von drei untersuchten Miniaturschweinsauen, die ebenfalls phäomelanotisch gefärbte Nachkommen zeigten, ist eine ebenfalls heterozygot E^{D1}E^P, die beiden anderen sind homozygot für das Allel E^P.

In der F₁ Generation tragen eumelanotisch gefärbte Tiere den Genotyp E^{D1}e, phäomelanotisch gefärbte Tiere den Genotyp E^Pe. Die beiden weiß gefärbten Tiere zeigen jeweils einmal beide Genotypen. Da ein rotgeschleckter Eber zur Erzeugung der F₂-Generation vermehrt eingesetzt wurde, konnte das Allel E^P an einen großen Teil der F₂-Generation weitervererbt werden.

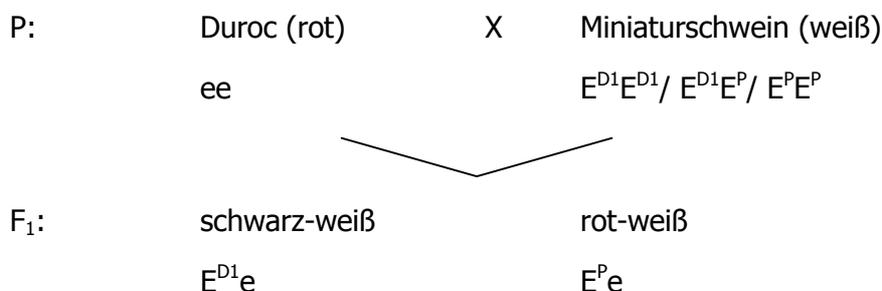


Abbildung 4.3: Kreuzungsschema für die Vererbung der Allele des E-Locus in der P- und F₁-Generation der Ressourcepopulation.

In der F₂-Generation entstehen schwarze (b) und schwarz gescheckte (pb) Phänotypen durch die Beteiligung mindestens eines Allels E^{D1} (E^{D1}E^{D1}/ E^{D1}E^P/ E^{D1}e). Rote (r) oder rot gescheckte (pr) Phänotypen stehen in Zusammenhang mit dem homozygoten Genotypen ee. Der Genotyp E^Pe bildet den Hintergrund für die Färbungen rot gescheckt (pr), rot mit schwarzen Flecken (rs pb) und dreifarbig (tric). Bei schwarz gefleckten Tieren wurde jeder Genotyp außer ee festgestellt. Für die Ausbildung der weißen Farbe kann auf dem E-Locus jeder Genotyp vorliegen. Da eine Verpaarung zweier phäomelanotischer Tiere nicht stattfand, ist ein homozygoter Genotyp für das Allel E^P nicht vertreten. Tiere der Färbung rot gefleckt (spr) wurden aufgrund ihrer geringen Anzahl mit dem Phänotyp rot gescheckt (pr) zusammengefaßt.

Tabelle 4.8: Anzahl Tiere (n) der Genotypen des E-Locus in den Farbphänotypen der Gesamtpopulation der F₂-Generation

Genotyp / Farbphänotyp	n	E^{D1}e	E^Pe	E^{D1}E^P	E^{D1}E^{D1}	ee
Schwarz (b)	84	49		17	18	
Schwarz, Beine weiß (b6p)	44	24		11	9	
Schwarz gescheckt (pb)	203	122		29	50	2*
Rot gescheckt (pr)	91		22			69
Rot (r)	23		1*			22
Rot, Beine weiß (r6p)	38	1*			1*	36
Rot, schwarz gefleckt (rs pb)	7	1*	6			
Rot schwarz gefleckt, Beine weiß (rs pb6p)	12	1*	11			
Schwarz gefleckt (spb)	89	57	4	9	19	
Schwarz gefleckt, Piétrain (spbpiet)	4	2	2			
Dreifarbige (tric)	15		15			
Weiß (w)	222	60	42	20	16	84
gesamt	832	317	103	86	113	213

* Tiere zeigen trotz wiederholter Genotypisierung von der Erwartung abweichende Genotypen. Es wird davon ausgegangen, daß es sich um Fehler in der Identifizierung (Zuordnung Bild – Tiernummer bzw. phänotypische Zuordnung) handelt.

Tabelle 4.9: Allelfrequenzen des E-Locus in der F₂-Gesamtpopulation

E-Locus	n	E^{D1}	E^P	e
	832	0,38	0,11	0,51

Tabelle 4.10: Genotypenfrequenzen des E-Locus in der F₂-Gesamtpopulation

E-Locus	n	E^{D1}E^{D1}	E^{D1}E^P	E^{D1}e	E^Pe	ee
	832	0,14	0,10	0,38	0,12	0,26

Für die statistische Analyse des E-Locus war es erforderlich, die Gesamtpopulation in zwei Subpopulationen zu unterteilen, da das Allel E^P aufgrund der zufälligen Anpaarung nicht in allen Familien vererbt wird. Diese Unterteilung ermöglicht eine Unterscheidung zwischen dem Einfluß der großelterlichen Familien und dem Einfluß des Allels E^P. In der Subpopulation 1 werden nur die Allele E^{D1} und e vererbt. Die Subpopulation 2 enthält die Allele E^{D1}, E^P und e.

In der Subpopulation 2 zeigen weiße Tiere eine auffallend ungleichmäßige Verteilung der E-Genotypen, die signifikant ($\chi^2 = 0,009$) von der erwarteten Verteilung abweicht.

Tabelle 4.11: Anzahl Tiere der Genotypen des E-Locus in den Farbphänotypen der F₂-Generation in der Subpopulation 2 (Allele E^{D1}, E^P, e)

Genotyp / Farbphänotyp	n	E^{D1}e	E^Pe	E^{D1}E^P	ee
Schwarz (b)	31	14		17	
Schwarz, Beine weiß (b6p)	17	6		11	
Schwarz gescheckt (pb)	58	29		29	
Rot gescheckt (pr)	43		22		21
Rot (r)	10		1*		9
Rot, Beine weiß (r6p)	12				12
Rot, schwarz gefleckt (rsbp)	7	1*	6		
Rot schwarz gefleckt, Beine weiß (rsbp6p)	12	1*	11		

Fortsetzung Tabelle 4.11: Anzahl Tiere der Genotypen des E-Locus in den Farbphänotypen der F₂-Generation in der Subpopulation 2 (Allele E^{D1}, E^P, e)

Genotyp / Farbphänotyp	n	E^{D1}e	E^Pe	E^{D1}E^P	ee
Schwarz gefleckt (spb)	31	18	4	9	
Schwarz gefleckt, Piétrain (spbpiet)	3	1	2		
Dreifarbig (tric)	15		15		
Weiß (w)	117	21	42	20	34
gesamt	356	91	103	86	76

* Tiere zeigen trotz wiederholter Genotypisierung von der Erwartung abweichende Genotypen. Es wird davon ausgegangen, daß es sich um Fehler in der Identifizierung (Zuordnung Bild – Tiernummer bzw. phänotypische Zuordnung) handelt.

Tabelle 4.12: Allelfrequenzen des E-Locus in der F₂-Subpopulation 2

E-Locus	n	E^{D1}	E^P	e
mit E ^P	356	0,25	0,26	0,49

Tabelle 4.13: Genotypenfrequenz des E-Locus in der F₂-Subpopulation 2

E-Locus	n	E^{D1}E^P	E^{D1}e	E^Pe	ee
mit E ^P	356	0,24	0,26	0,29	0,21

Der Genotyp E^Pe wird bei den Fellfarben rot gescheckt, rot mit schwarzen Flecken, schwarz gefleckt und tricolor angetroffen. Er kann also nicht alleiniger Auslöser dieser Phänotypen sein.

Unter der Voraussetzung, daß der E-Locus keine Rolle für die Vererbung des weißen Phänotyps spielt, müßten alle E-Genotypen bei den weißen Tieren in einem Aufspaltungsverhältnis 1 : 2 : 1 vertreten sein. Für die Subpopulation 1 wäre der heterozygote Genotyp zu 50 % und die homozygoten Genotypen zu jeweils 25 % bei den weißen Tieren vertreten. Auch hier existiert eine hochsignifikante ($\chi^2 = 5,^{07}$) Abweichung.

Tabelle 4.14: Anzahl Tiere der Genotypen des E-Locus in den Farbphänotypen der F₂-Generation in der Subpopulation 1 (Allele E^{D1}, e)

Genotyp / Farbphänotyp	n	E^{D1}e	E^{D1}E^{D1}	ee
Schwarz (b)	53	35	18	
Schwarz, Beine weiß (b6p)	27	18	9	
Schwarz gescheckt (pb)	145	93	50	2*
Rot gescheckt (pr)	48			48
Rot (r)	13			13
Rot, Beine weiß (r6p)	26	1*	1*	24
Rot, schwarz gefleckt (rspb)				
Rot schwarz gefleckt, Beine weiß (rspb6p)				
Schwarz gefleckt (spb)	58	39	19	
Schwarz gefleckt, Piétrain (spbpiet)	1	1		
Dreifarbig (tric)				
Weiß (w)	105	39	16	50
gesamt	476	226	113	137

* Tiere zeigen trotz wiederholter Genotypisierung von der Erwartung abweichende Genotypen. Es wird davon ausgegangen, daß es sich um Fehler in der Identifizierung (Zuordnung Bild – Tiernummer bzw. phänotypische Zuordnung) handelt.

Tabelle 4.15: Allelfrequenzen des E-Locus in der F₂-Subpopulation 1

E-Locus	n	E^{D1}	e
ohne E ^P	476	0,47	0,53

Tabelle 4.16: Genotypenfrequenz des E-Locus in der F₂-Subpopulation 1

E-Locus	n	E^{D1}E^{D1}	E^{D1}e	ee
ohne E ^P	476	0,24	0,47	0,29

4.3.2 Ergebnisse der Genotypisierung des I-Locus und sein Effekt auf den Farbphänotypen in der F₂-Generation der Ressourcepopulation

Die Genotypisierung des KIT-Locus der P-Generation zeigte, daß weder Großelterntiere der Rasse Duroc noch Tiere der Rasse Miniaturschwein das Allel I (dominant weiß) tragen. Dies zeigt erstmalig, daß die weiße Farbe beim Schwein einen anderen genetischen Hintergrund haben kann als bisher angenommen. Die weiße Farbe des Miniaturschweins wird nicht durch das Allel I hervorgerufen. Da eine Unterscheidung zwischen den Allelen i (rezessiv pigmentiert) und I^P (gefleckt) anhand des PCR-RFLP nicht möglich ist, wurden zwei Mikrosatellitenmarker in unmittelbarer Nähe des KIT-Locus typisiert.

4.3.2.1 Mikrosatellitenmarker 131F2STS2

Für den Marker 131F2STS2 sind alle Tiere der Rasse Duroc homozygot für ein Allel der Länge 114 bp, alle Tiere der Rasse Miniaturschwein homozygot für ein Allel der Länge 121 bp. In der F₁-Generation sind demnach alle Tiere heterozygot mit dem Genotyp 114/121. Es wird davon ausgegangen, daß das Allel 114 des Markers mit dem Allel i des I-Locus und das Allel 121 des Markers mit dem Allel I^P des I-Locus gekoppelt ist. Da sich die Allele eindeutig auf die großelterlichen Genotypen zurückführen lassen, wird das Allel 114 im Folgenden mit „Du“ für Duroc und das Allel 121 mit „Mi“ für Miniaturschwein bezeichnet.

In der F₂-Population zeigen vollständig pigmentierte (b, r, rspb) und pigmentierte Tiere mit weißen Beinen (b6p, r6p, rspb6p) den homozygoten Genotyp Du/Du. Gescheckte und dreifarbige Tiere (pb, pr, tric) tragen den heterozygoten Genotypen Du/Mi, und weiße und gefleckte Tiere (w, spb) sind entweder heterozygot oder homozygot für das Allel Mi. Eine Verteilung auf die Genotypen Du/Du und Du/Mi findet für die Piétrain ähnlich gefleckten (spbpiet) und einen Teil der dreifarbigem (tric) Tiere statt.

Tabelle 4.17: Anzahl Tiere der 131F2STS2 Markergenotypen in den Farbphänotypen der F₂-Generation

Genotyp / Farbphänotyp	n	Du/Du	Du/Mi	Mi/Mi
Schwarz (b)	73	72		1
Schwarz, Beine weiß (b6p)	44	42	2	
Schwarz gescheckt (pb)	172	2	139	31

Fortsetzung Tabelle 4.17: Anzahl Tiere der 131F2STS2 Markergenotypen in den Farbphänotypen der F₂-Generation

Genotyp / Farbphänotyp	n	Du/Du	Du/Mi	Mi/Mi
Rot gescheckt (pr)	80	6	66	8
Rot (r)	22	21	1	
Rot, Beine weiß (r6p)	35	34		1
Rot, schwarz gefleckt (rs pb)	7	7		
Rot schwarz gefleckt, Beine weiß (rs pb6p)	12	10	2	
Schwarz gefleckt (sp b)	77	1	43	33
Schwarz gefleckt, Piétrain (sp bpiet)	9	4	5	
Dreifarbige (tric)	17	4	12	1
Weiß (w)	188		77	111
gesamt	736	207	359	187

Du bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft von der Rasse Duroc

Mi bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft vom Miniaturschwein

Tabelle 4.18: Allelfrequenzen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 in der F₂-Population

131F2STS2	n	Du	Mi
	736	0,51	0,49

Tabelle 4.19: Genotypenfrequenzen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 in der F₂-Population

131F2STS2	n	Du/Du	Du/Mi	Mi/Mi
	736	0,28	0,47	0,25

4.3.2.2 Mikrosatellitenmarker S0086

Ein ähnliches Bild bietet der Mikrosatellitenmarker S0086. Von den Großelterntieren der Rasse Duroc werden Allele der Längen 152 bp und 175 bp vererbt, sie werden als gekoppelt mit dem Allel i des I-Locus betrachtet. Bei den Miniaturschweinen wurden Allele der Längen

171 bp und 180 bp gefunden, bei denen eine Kopplung mit dem Allel I^P des I-Locus vorausgesetzt wird. In der F₁-Generation treten alle Kombinationen der Duroc und Miniaturschwein Allele auf. Da sich die Markerallele eindeutig auf den Ursprung aus den Großelterntieren zurückführen lassen, werden sie zur Vereinfachung mit „Du“ für die Allele 152 und 175 des Duroc und mit „Mi“ für die Allele 171 und 180 des Miniaturschwein bezeichnet.

Tabelle 4.20: Anzahl Tiere der S0086 Markergenotypen in den Farbphänotypen der F₂-Generation

Genotyp / Farbphänotyp	n	Du/Du	Du/Mi	Mi/Mi
Schwarz (b)	56	49	7	
Schwarz, Beine weiß (b6p)	27	20	7	
Schwarz gescheckt (pb)	124	11	106	18
Rot gescheckt (pr)	54	7	37	10
Rot (r)	18	14	4	
Rot, Beine weiß (r6p)	23	21	2	
Rot, schwarz gefleckt (rspb)	5	5		
Rot schwarz gefleckt, Beine weiß (rspb6p)	5	3	2	
Schwarz gefleckt (spb)	53	4	28	21
Schwarz gefleckt, Piétrain (spbpriet)				
Dreifarbige (tric)	11	4	4	3
Weiß (w)	142	6	52	84
gesamt	518	144	238	136

Du bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft von der Rasse Duroc

Mi bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft vom Miniaturschwein

Tabelle 4.21: Allelfrequenzen des Mikrosatellitenmarkers S0086 in der F₂-Population

S0086	n	Du	Mi
	518	0,51	0,49

Tabelle 4.22: Genotypenfrequenz des Mikrosatellitenmarkers S0086 in der F₂-Population

S0086	n	Du/Du	Du/Mi	Mi/Mi
	518	0,28	0,46	0,26

Beide Marker zeigen einen hochsignifikanten Einfluß auf die Farbausprägung ($\chi^2 < 0,0009$).

4.3.3 Zusammenfassung der Ergebnisse der Effekte der Genotypen des E- und I-Locus auf die Farbphänotypen

Die Zahlenverhältnisse der einzelnen Farbphänotypen in den Genotypen des I- und des E-Locus zeigen, daß diese zwei Loci die Farbaufspaltungen in der F₂-Generation nicht hinreichend erklären können. Die Farbphänotypen, die von der durch ihren Genotyp erwarteten Farbe abweichen, zeigen einen prozentualen Anteil von 35 % oder 65 %, abhängig von ihrem Genotypen des I-Locus und der Melaninqualität (Phäomelanin oder Eumelanin), die durch den Genotypen des E-Locus bestimmt wird (Tabelle 4.23). Unter der Hypothese, daß ein weiterer Locus beteiligt ist, der die partielle oder vollständige Weißfärbung in Wechselwirkung mit dem I-Locus unterstützt, kann diese Verteilung durch einen einzelnen Locus mit einem dominanten Allel für Weißfärbung (D) und einem rezessiven Allel (d) für Pigmentierung erklärt werden. Dabei erfordert die Weißfärbung genetisch phäomelanotischer Bezirke (Allele E^P und e des E-Locus) weniger dominante Aufhellungsallele, als die Weißfärbung eumelanotischer Farben. In Zusammenarbeit mit dem Allel i des I-Locus sind mehr dominante Aufhellungsallele erforderlich um teilweise oder vollständig weiße Phänotypen zu erzeugen als für die Genotypen I^Pi und I^PI^P.

In Tabelle 4.23 ist die prozentuale Verteilung der Farbphänotypen auf die Genotypenkombinationen des I- und E-Locus sowie der wahrscheinliche Genotyp eines weiteren Locus zur Weißfärbung (D) dargestellt.

Tabelle 4.23: Farbphänotypen in den Genotypenkombinationen des I- und E-Locus, ihre prozentuale Verteilung (%) und der wahrscheinliche Genotyp des D-Locus (D)

Genotyp I-Locus	Ii			Iⁱi			I^PI^P		
Genotyp E-Locus	Phänotyp	%	D	Phänotyp	%	D	Phänotyp	%	D
ee	pr	10	DD	pr	60	Dd / dd	pr	11	dd
	r6p	54	Dd	w	40	DD	w	88	DD / Dd
	r	36	dd						
E^{D1}e	b	65	Dd / dd	pb	64	Dd / dd	pb	23	dd
	b6p	35	DD	spb	24	Dd	spb	25	Dd
				w	11	DD	w	51	DD
E^{D1}E^{D1}	b	66	Dd / dd	pb	77	Dd / dd	pb	27	dd
	b6p	33	DD	spb	15	Dd	spb	38	Dd
				w	7½	DD	w	34	DD
E^{D1}E^P	b	60	Dd / dd	pb	62	Dd / dd	pb	26	dd
	b6p	40	DD	spb	10	Dd	spb	22	Dd
				w	27	DD	w	52	DD
E^Pe	rs pb	30	dd	pr	33	Dd	pr	16	dd
	rs pb6p	45	Dd	spb	5	Dd	w	84	DD / Dd
	spb	10	DD	tric	19	dd			
	tric	15	DD	w	42	DD			

Unter der Voraussetzung, daß das Miniaturschwein homozygot für D und die Rasse Duroc homozygot für d ist, ergibt sich in der F₁-Generation der heterozygote Genotyp Dd. Die Aufspaltung der Farbphänotypen in der F₂-Generation unter Berücksichtigung der bekannten Genotypen des I- und E-Locus zeigte im Chi-square Test keine signifikante Abweichung der Familien von diesem Modell. Als Kandidatengene für den hypothetischen D-Locus wurden der Agouti-Locus und der Tyrosinase-Locus ausgewählt. Allele des Agouti-Locus der Maus sind für eine ventrale Farbaufhellung verantwortlich (SILVERS, 1979). Die Allele des Tyrosinase-Locus sind Auslöser von Farbaufhellungen bei mehreren Tierarten (SEARLE, 1968).

4.3.4 Ergebnisse der Genotypisierung des Agouti-Locus und sein Effekt auf die Farbphänotypen

Bei der Genotypisierung des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 nahe des Agouti-Locus konnten Allele der Längen 123 bp, 125 bp, 127 bp und 129 bp in den Ausgangstieren der Rasse Duroc und Allele der Längen 113 bp, 118 bp, 125 bp, 127 bp und 129 bp in Miniaturschweinen dargestellt werden. Zur Untersuchung der Beziehung zwischen den Allelen des Mikrosatellitenmarkers und den Farbphänotypen wurden nur Nachkommen von F₁-Tieren ausgewählt, deren Allelherkunft eindeutig auf die Großelterntiere zurückzuführen war. Dadurch wurden keine Tiere aus der Subpopulation 2, die das Allel E^P des E-Locus vererbt, analysiert. Ein Einfluß des Genotyps des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 auf die Farbphänotypen ließ sich nicht nachweisen. In der nachfolgenden Tabelle sind zur Vereinfachung die Allele, die sich auf das Miniaturschwein zurückführen ließen, mit „Mi“ und die Allele, die von Tieren der Rasse Duroc stammen, mit „Du“ bezeichnet. Eine derartige Zusammenfassung der Allele ist möglich, da im Familienmodell davon ausgegangen wird, daß keine Neukombination zwischen den Allelen des Mikrosatellitenmarkers und des Agouti-Locus auftreten.

Tabelle 4.24: Anzahl Tiere der AgCA1 Markergenotypen in den Farbphänotypen der F₂-Generation

Genotyp / Farbphänotyp	n	Du/Du	Du/Mi	Mi/Mi
Schwarz (b)	39	10	21	8
Schwarz, Beine weiß (b6p)	25	6	10	9
Schwarz gescheckt (pb)	82	12	49	21
Rot gescheckt (pr)	34	8	15	11
Rot (r)	9	1	7	1
Rot, Beine weiß (r6p)	15	2	8	5
Schwarz gefleckt (spb)	34	4	22	8
Weiß (w)	56	13	26	17
gesamt	294	56	158	80

Du bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft von der Rasse Duroc

Mi bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft vom Miniaturschwein

Tabelle 4.25: Allelfrequenzen des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 in der F₂-Population

AgCA1	n	Du	Mi
	294	0,46	0,54

Tabelle 4.26: Genotypenfrequenz des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 in der F₂-Population

AgCA1	n	Du/Du	Du/Mi	Mi/Mi
	294	0,19	0,54	0,27

4.3.5 Ergebnisse der Genotypisierung des Tyrosinase-Locus (C) und sein Effekt auf die Farbphänotypen

Die Genotypisierung des Tyrosinase-Locus ergab, daß die Großelterntiere der Rasse Miniaturschwein homozygot die Substitution T tragen. Bei den Tieren der Rasse Duroc sind die Sauen homozygot für die Genvariante mit der Base C, der Eber ist heterozygot (CT). In der F₁-Generation traten somit die Genotypen C^CC^T und C^TC^T auf. Zur Untersuchung des Einflusses des Genotypen des Tyrosinase Locus auf den Farbphänotyp der F₂-Generation wurden nur Tiere ausgewählt, deren Allelherkunft eindeutig auf die Ausgangsrassen zurückzuführen war. Dabei stammt die Genvariante C^C von der Rasse Duroc, die Genvariante C^T vom Miniaturschwein. Tiere der Subpopulation 2, die das Allel E^P des E-Locus vererben, fielen nicht in die Analyse. Ein Einfluß des Genotypen des Tyrosinase Locus auf die Farbphänotypen in der F₂-Generation ließ sich nicht nachweisen.

Tabelle 4.27: Verteilung der Genotypen des Tyrosinase Locus auf die Farbphänotypen der F₂-Generation

Genotyp / Farbphänotyp	n	C^C/C^C	C^C/C^T	C^T/C^T
Schwarz (b)	25	8	14	3
Schwarz, Beine weiß (b6p)	16	4	7	5
Schwarz gescheckt (pb)	59	16	25	18
Rot gescheckt (pr)	24	3	8	13
Rot (r)	5	2	2	1
Rot, Beine weiß (r6p)	10	1	7	2

Fortsetzung Tabelle 4.27: Verteilung der Genotypen des Tyrosinase Locus auf die Farbphänotypen der F₂-Generation

Genotyp / Farbphänotyp	n	c^c/c^c	c^c/c^T	c^T/c^T
Schwarz gefleckt (spb)	30	9	14	7
Weiß (w)	43	11	17	15
gesamt	212	54	94	64

Tabelle 4.28: Allelfrequenzen des Tyrosinase-Locus in der F₂-Population

TYR	n	c^c	c^T
	212	0,48	0,52

Tabelle 4.29: Genotypenfrequenzen des Tyrosinase-Locus in der F₂-Population

TYR	n	c^c/c^c	c^c/c^T	c^T/c^T
	212	0,25	0,44	0,31

4.4 Beziehungen zwischen den Farbphänotypen und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität

4.4.1 Mastleistung

Zur Berechnung des Einflusses der Farbphänotypen auf die Leistungsmerkmale wurden die 13 Farbphänotypen der F₂-Population anhand der Größe der weiß gefärbten Areale in vier Klassen zusammengefaßt. Dabei fallen die Phänotypen b, r und rspb in die Klasse 1 ohne weiß gefärbte Areale, b6p, r6p und rspb6p in die Klasse 2, in der nur die Beine und der Bauch weiß gefärbt sind, pb, pr, tric in die Klasse 3 mit großen weiß gefärbten Arealen und spb und w in die Klasse 4, weiß bzw. fast vollständig weiß. Aufgrund ihrer geringen Anzahl wurden Tiere der Färbung spr mit pr und spbpiet mit pb zusammengefaßt. Aus der Einteilung ergibt sich folgende Besetzung der Klassen in der F₂-Gesamtpopulation:

Tabelle 4.30: Tierzahlen in den vier Farbphänotypenklassen

Klasse	gesamt	1	2	3	4
Tierzahl	1251	174	134	476	467

Bei einem Signifikanzniveau von $p \leq 0,05$ wurden signifikante Beziehungen zwischen den Farbphänotypen und Merkmalen der Mastleistung zwischen dem 50. und dem 200. Tag ermittelt (Tabelle 4.31). Die Körpermassen und die Körpermassenzunahmen sind zu Beginn der Mastperiode für die Farbphänotypenklasse 2 am größten. Die Phänotypenklasse 1 erreicht durch höhere Zunahmen in der zweiten Hälfte der Mastperiode das höchste Mastendgewicht. Die Merkmale der Körpergröße mit signifikantem p-Wert bestätigen die Überlegenheit der Tiere der Klasse 1. Tiere der Phänotypenklasse 3 zeigen Werte zwischen den Klassen 2 und 4, während die Phänotypenklasse 4 durchweg die niedrigsten Werte aufweist. Am 200. Lebenstag ist ein Unterschied von 4 kg Körpermasse zwischen den Phänotypenklassen 1 und 4 zu verzeichnen (Tabelle 4.32). Bei den Körpermassenzunahmen zeigt sich, daß der Einfluß der Phänotypen sich vor allem zwischen dem fünfzigsten und einhundersten Lebenstag auswirkt. Da keine signifikanten Werte für den Futterverbrauch und die Futterverwertung auftraten, ist ein erhöhtes Wachstum auch mit einem erhöhten Futterverbrauch verbunden (Tabelle 4.33).

Tabelle 4.31: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung des Farbphänotypen zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße

Merkmal	n	p	μ
Körpermasse in kg			
Geburt	1178	0,09	0,87
50. d	1165	0,0009	9,01
100. d	1005	0,0003	28,77
200. d	574	0,03	71,15
Körpermassenzunahme in kg/d			
Geburt bis 50. d	1165	0,001	0,16
50. bis 100. d	1005	0,005	0,39
100. bis 200. d	574	0,17	0,41
Körperbreite in cm			
Geburt	1178	0,09	5,83
175. d	530	0,33	27,23
Körperlänge in cm			
Geburt	1178	0,07	19,98
175. d	530	0,04	92,28
Körperhöhe in cm 175. d	530	0,0001	50,45

Die Tabelle 4.32 zeigt die LSQ Mittelwerte und den Standardfehler der durch den Farbphänotyp signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung.

Tabelle 4.32: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Farbphänotypenklassen für die signifikant beeinflussten Merkmale der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße mit LSM1 = b, r, rspb; LSM2 = b6p, r6p, rspb6p; LSM3 = pb, pr, tric; LSM4 = spb, w

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.	LSM4	s.e.
Körpermasse in kg								
50. d	9,14 ^a	0,16	9,34 ^a	0,17	8,81 ^b	0,12	8,73 ^b	0,12
100. d	28,75 ^a	0,48	28,07 ^{ab}	0,52	27,55 ^b	0,36	26,83 ^c	0,36
200. d	72,61 ^a	1,27	71,70 ^{ab}	1,63	69,96 ^{ab}	0,94	68,64 ^b	0,93
Körpermassenzunahme in kg/d								
Geburt bis 50. d	0,16 ^a	0,15	0,16 ^a	0,17	0,15 ^b	0,11	0,15 ^b	0,11
50. bis 100. d	0,39 ^a	0,007	0,37 ^{ab}	0,008	0,37 ^b	0,005	0,36 ^b	0,005
Körperlänge in cm 175. d	93,31 ^a	0,74	92,16 ^{ab}	0,90	91,58 ^b	0,54	91,11 ^b	0,53
Körperhöhe in cm 175. d	51,67 ^a	0,39	51,50 ^a	0,48	50,52 ^b	0,29	49,96 ^b	0,28

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet.

Die Anzahl der Tiere für die Phänotypenklassen sind in der Tabelle A 1 des Anhangs dargestellt.

Tabelle 4.33: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung des Farbphänotypen zum Futterverbrauch und der Futterverwertung

Merkmal	n	p	μ
Futteraufnahme in kg/d			
100. bis 150. d	467	0,20	1,58
150. bis 200. d	467	0,81	2,08
Futterverwertung in kg/kg			
100. bis 150. d	467	0,66	4,08
150. bis 200. d	467	0,48	5,34
Nettofutterverwertung	466	0,28	6,01

4.4.2 Schlachtkörperwert und Fleischqualität

Zwischen den Farbphänotypen und den Merkmalen des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität bestand kein signifikanter Zusammenhang mit Ausnahme des FOM Fleischmaß und der Reflektion (Tabelle 4.34 und Tabelle 4.35).

Tabelle 4.34: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung des Farbphänotypen zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts

Merkmal	n	p	μ
Schlachtkörpermasse warm (kg)	573	0,36	56,68
Rückenspeck Ultraschall (mm)	463	0,57	11,55
FOM Speckmaß (mm)	567	0,31	38,4
FOM Fleischmaß (mm)	567	0,04	37,1
Magerfleischanteil (%)	570	0,48	34,55
Rückenspeckdicke (mm)	573	0,37	37,9
Speckmaß B (mm)	573	0,93	31,0
Speckmaß D (mm)	573	0,23	46,9
Kotelettfäche (cm ²)	552	0,15	22,24
Fettfläche (cm ²)	552	0,12	27,31
Fleisch : Fettverhältnis (1:)	552	0,90	1,25
Schlachtkörperlänge (cm)	572	0,15	79,04

Tabelle 4.35: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung des Farbphänotypen zu Merkmalen der Fleischqualität

Merkmal	n	p	μ
pH1k	552	0,26	6,39
pH2k	552	0,62	5,51
Leitfähigkeit 1k	543	0,30	3,34
Leitfähigkeit 2k	543	0,78	3,45
Fleischfarbe	544	0,83	69,61
Reflektion	561	0,04	40,62
Marmorierung	552	0,96	3,6

Das FOM Fleischmaß ist bei den Tieren der Klasse 3 deutlich niedriger als in den anderen Klassen. Die Phänotypklasse 2 zeigt den höchsten Reflektionswert.

Die Tabelle 4.36 zeigt die LSQ Mittelwerte und den Standardfehler der durch den Farbphänotyp signifikant beeinflussten Merkmale des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität.

Tabelle 4.36: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Farbphänotypenklassen für die signifikant beeinflussten Merkmale FOM Fleischmaß und Reflektion mit LSM1 = b, r, rspb; LSM2 = b6p, r6p, rspb6p; LSM3 = pb, pr, tric; LSM4 = spb, w

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.	LSM4	s.e.
FOM Fleischmaß (mm)	37,5 ^a	0,09	36,0 ^b	0,11	34,8 ^a	0,06	37,4 ^a	0,06
Reflektion	40,23 ^a	1,49	43,79 ^b	1,87	43,41 ^{ab}	1,10	40,31 ^a	1,10

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet.

Die Anzahl der Tiere für die Phänotypenklassen sind in der Tabelle A 1 des Anhangs dargestellt.

4.5 Beziehungen zwischen den Genotypen der Farbloci und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität

4.5.1 Beziehungen zwischen den Genotypen des E-Locus und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität

Durch die Familienstruktur der F_2 -Population tritt das Allel E^P nur in bestimmten Familien auf. Um dies zu berücksichtigen, wurde zur Berechnung des Einflusses des Genotypen des E-Locus auf die Leistungsmerkmale die gesamte F_2 -Population in zwei Subpopulationen unterteilt. In der Subpopulation 1 werden nur die Allele E^{D1} und e vererbt. Die Subpopulation 2 enthält die Allele E^{D1} , E^P und e .

4.5.1.1 Mastleistung

Bei einem Signifikanzniveau von $p \leq 0,05$ war in beiden Subpopulationen ein signifikanter Einfluß des Genotyps auf die Merkmale der Mastleistung nicht nachweisbar (Tabelle 4.37 und Tabelle 4.38).

Tabelle 4.37: Anzahl F_2 -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße in der Subpopulation 1

Merkmal	n	p	μ
Körpermasse in kg			
Geburt	446	0,20	0,82
50. d	442	0,47	8,57
100. d	372	0,66	27,27
200. d	188	0,41	65,21
Körpermassenzunahme in kg/d			
Geburt bis 50. d	377	0,52	0,15
50. bis 100. d	372	0,58	0,36
100. bis 200. d	183	0,18	0,37

Fortsetzung Tabelle 4.37: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße in der Subpopulation 1

Merkmal	n	p	μ
Körperbreite in cm			
Geburt	446	0,92	5,76
175. d	142	0,69	26,6
Körperlänge in cm			
Geburt	446	0,85	19,68
175. d	142	0,50	90,12
Körperhöhe in cm 175. d	142	0,08	49,61

Tabelle 4.38: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße in der Subpopulation 2

Merkmal	n	p	μ
Körpermasse in kg			
Geburt	383	0,38	0,94
50. d	311	0,90	9,78
100. d	279	0,81	31,36
200. d	239	0,80	73,9
Körpermassenzunahme in kg/d			
Geburt bis 50. d	347	0,94	0,17
50. bis 100. d	279	0,94	0,42
100. bis 200. d	234	0,75	0,43
Körperbreite in cm			
Geburt	383	0,57	5,95
175. d	239	0,50	27,49

Fortsetzung Tabelle 4.38: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße in der Subpopulation 2

Merkmal	n	p	μ
Körperlänge in cm			
Geburt	383	0,95	20,44
175. d	239	0,41	93,34
Körperhöhe in cm 175. d	239	0,13	50,54

In der Subpopulation 1 zeigt sich ein signifikanter Einzelwert des Einflusses des Genotypen des E-Locus auf die Futterverwertung zwischen dem 150. und 200. Tag. In der Subpopulation 2 liegen keine signifikanten Einflüsse des E-Locus auf den Futterverbrauch und die Futterverwertung vor (Tabelle 4.39 und Tabelle 4.40).

Tabelle 4.39: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zum Futterverbrauch und der Futterverwertung in der Subpopulation 1

Merkmal	n	p	μ
Futteraufnahme in kg/d			
100. bis 150. d	82	0,12	1,43
150. bis 200. d	82	0,17	1,93
Futterverwertung in kg/kg			
100. bis 150. d	82	0,93	4,48
150. bis 200. d	82	0,04	5,4
Nettofutterverwertung	82	0,11	6,29

Tabelle 4.40: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zum Futterverbrauch und der Futterverwertung in der Subpopulation 2

Merkmal	n	p	μ
Futteraufnahme in kg/d			
100. bis 150. d	239	0,62	1,61
150. bis 200. d	239	0,35	2,05
Futterverwertung in kg/kg			
100. bis 150. d	239	0,95	4,03
150. bis 200. d	239	0,45	5,17
Nettofutterverwertung	239	0,50	5,84

Die LSQ Mittelwerte des signifikanten Einzelwertes der Subpopulation 1 sind in Tabelle 4.41 dargestellt.

Tabelle 4.41: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des E-Locus der Subpopulation 1 für das signifikant beeinflusste Merkmal der Futterverwertung mit LSM1 = ee; LSM2 = E^{D1}e; LSM3 = E^{D1}E^{D1}

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.
Futterverwertung in kg/kg						
150. bis 200. d	6,57 ^a	0,52	5,27 ^b	0,45	4,84 ^b	0,57

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet.

Die Anzahl der Tiere für die Genotypen des E-Locus der Subpopulation 1 sind in der Tabelle A 2 des Anhangs dargestellt.

Für die Leistungsmerkmale der Futterverwertung lag eine sehr ungleichmäßige Verteilung der Genotypen des E-Locus der Subpopulation 1 in den einzelnen Saisonabschnitten vor. Die LSQ Mittelwerte konnten dadurch erst nach Ausschluß des Merkmals Saison ermittelt werden.

4.5.1.2 Schlachtkörperwert

Die Tabelle 4.42 und Tabelle 4.43 demonstrieren den Einfluß der Genotypen des E-Locus in der Subpopulation 1 und 2 auf die Merkmale des Schlachtkörperwerts. In der Subpopulation 1 werden die Rückenspeckdicke und das Speckmaß B, in der Subpopulation 2 die Rückenspeckmessung mittels Ultraschall und das FOM Fleischmaß signifikant durch die Genotypen des E-Locus beeinflusst. In der Subpopulation 1 zeigt der Genotyp $E^{D1}E^{D1}$ die niedrigsten Mittelwerte dieser Merkmale, während in der Subpopulation 2 der Genotyp ee die geringsten Werte aufweist (Tabelle 4.44)

Tabelle 4.42: Anzahl F_2 -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts in der Subpopulation 1

Merkmal	n	p	μ
Schlachtkörpermasse warm (kg)	188	0,97	50,65
Rückenspeck Ultraschall (mm)	133	0,65	13,01
FOM Speckmaß (mm)	182	0,33	35,5
FOM Fleischmaß (mm)	182	0,50	37,1
Magerfleischanteil (%)	185	0,34	36,86
Rückenspeckdicke (mm)	188	0,005	34,9
Speckmaß B (mm)	188	0,03	28,0
Speckmaß D (mm)	188	0,26	41,8
Kotelettfäche (cm ²)	188	0,06	21,89
Fettfläche (cm ²)	188	0,22	25,28
Fleisch : Fettverhältnis (1:)	188	0,07	1,18
Schlachtkörperlänge (cm)	187	0,74	76,34

Tabelle 4.43: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts in der Subpopulation 2

Merkmal	n	p	μ
Schlachtkörpermasse warm (kg)	239	0,25	59,5
Rückenspeck Ultraschall (mm)	234	0,03	10,29
FOM Speckmaß (mm)	239	0,38	40,1
FOM Fleischmaß (mm)	239	0,03	37,5
Magerfleischanteil (%)	239	0,78	33,82
Rückenspeckdicke (mm)	239	0,70	40,2
Speckmaß B (mm)	239	0,43	33,1
Speckmaß D (mm)	239	0,46	50,1
Kotelettfäche (cm ²)	239	0,17	22,4
Fettfläche (cm ²)	239	0,70	29,18
Fleisch : Fettverhältnis (1:)	239	0,24	1,32
Schlachtkörperlänge (cm)	239	0,78	80,62

Die folgende Tabelle 4.44 zeigt die LSQ Mittelwerte und den Standardfehler der signifikant beeinflussten Merkmale beider Subpopulationen.

Tabelle 4.44: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des E-Locus der Subpopulation 1 und 2 für die signifikant beeinflussten Merkmale des Schlachtkörperwerts mit LSM1 = ee; LSM2 = E^{D1}e; LSM3 = E^{D1}E^{D1}, LSM4 = E^{D1}E^P, LSM5 = E^Pe

Merkmal		LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.	LSM4	s.e.	LSM5	s.e.
Subpopulation 1											
Rückenspeckdicke	(mm)	36,5 ^a	0,08	35,3 ^a	0,06	33,1 ^b	0,09				
Speckmaß B	(mm)	28,8 ^a	0,10	28,2 ^a	0,08	25,7 ^b	0,12				
Subpopulation 2											
Rückenspeck US	(mm)	10,08 ^a	0,50	11,1 ^{bc}	0,46			11,52 ^b	0,46	10,54 ^{ac}	0,45
FOM Fleischmaß	(mm)	34,7 ^a	0,14	39,6 ^b	0,14			36,9 ^{ab}	0,13	36,9 ^{ab}	0,13

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet.

Die Anzahl der Tiere für die Genotypen des E-Locus sind in der Tabelle A 2 des Anhangs dargestellt.

In der Subpopulation 1 liegen die p-Werte für die Größe der Kotelettlfläche und das Fleisch zu Fett Verhältnis sehr nahe dem Signifikanzniveau. Der Genotyp $E^{D1}E^{D1}$ zeigt hier die geringsten Fettwerte und die größten Kotelettlflächen gegenüber den anderen Genotypen.

4.5.1.3 Fleischqualität

Für die Merkmale der Fleischqualität konnte eine Beeinflussung des pH-Werts nach 24 Stunden in der Subpopulation 1 und ein signifikanter p-Wert für die Marmorierung in der Subpopulation 2 dargestellt werden (Tabelle 4.45 und Tabelle 4.46).

Tabelle 4.45: Anzahl F_2 -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zu Merkmalen der Fleischqualität in der Subpopulation 1

Merkmal	n	p	μ
pH1k	188	0,62	6,39
pH2k	188	0,01	5,51
Leitfähigkeit 1k	188	0,46	3,27
Leitfähigkeit 2k	188	0,23	3,55
Fleischfarbe	180	0,25	69,64
Reflektion	178	0,74	41,87
Marmorierung	188	0,35	3,63

Tabelle 4.46: Anzahl F_2 -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zu Merkmalen der Fleischqualität in der Subpopulation 2

Merkmal	n	p	μ
pH1k	239	0,14	6,37
pH2k	239	0,18	5,49
Leitfähigkeit 1k	239	0,44	3,52
Leitfähigkeit 2k	239	0,41	3,83

Fortsetzung Tabelle 4.46: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zu Merkmalen der Fleischqualität in der Subpopulation 2

Merkmal	n	p	μ
Fleischfarbe	239	0,56	69,7
Reflektion	237	0,50	39,4
Marmorierung	238	0,04	3,41

Die LSQ Mittelwerte zeigen eine Überlegenheit des Genotypen ee mit dem höchsten pH-Wert nach 24 Stunden in der Subpopulation 1. In der Subpopulation 2 ist eine stärkere Marmorierung bei den heterozygoten Genotypen E^{D1}e und E^Pe zu verzeichnen (Tabelle 4.47).

Tabelle 4.47: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des E-Locus der Subpopulation 1 und 2 für die signifikant beeinflussten Merkmale der Fleischqualität mit LSM1 = ee; LSM2 = E^{D1}e; LSM3 = E^{D1}E^{D1}, LSM4 = E^{D1}E^P, LSM5 = E^Pe

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.	LSM4	s.e.	LSM5	s.e.
Subpopulation 1										
pH2k	5,46 ^a	0,02	5,52 ^b	0,01	5,48 ^{ab}	0,02				
Subpopulation 2										
Marmorierung	3,08 ^a	0,18	3,49 ^b	0,17			3,09 ^a	0,17	3,50 ^b	0,16

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet.

Die Anzahl der Tiere für die Genotypen des E-Locus sind in der Tabelle A 2 des Anhangs dargestellt.

4.5.2 Beziehungen zwischen den Genotypen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität

Der Mikrosatellitenmarker 131F2STS2 dient der näheren Beschreibung der Region des KIT-Locus. Unter der Voraussetzung, daß zwischen dem KIT Locus und dem Mikrosatellitenmarker aufgrund einer geringen Entfernung voneinander nahezu keine Rekombination auftritt, wird der Marker genutzt, um die Allele I^P und i des KIT-Locus zu unterscheiden.

4.5.2.1 Mastleistung

Die Genotypen des Markers stehen in signifikantem Zusammenhang mit allen Merkmalen der Mastleistung außer der Futtermittelnutzung. Höhere Körpermassen wurden demnach durch einen höheren Futtermittelverbrauch erzielt. Im Zeitraum der 1. Masthälfte sind dabei die größten Effekte zu verzeichnen (Tabelle 4.48 und Tabelle 4.49).

Tabelle 4.48: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Markers 131F2STS2 zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße

Merkmal	n	p	μ
Körpermasse in kg			
Geburt	738	0,0024	0,87
50. d	730	0,0001	9,05
100. d	640	0,0002	28,94
200. d	420	0,0018	70,23
Körpermassenzunahme in kg/d			
Geburt bis 50. d	730	0,0002	0,16
50. bis 100. d	640	0,0012	0,39
100. bis 200. d	420	0,01	0,40
Körperbreite in cm			
Geburt	738	0,14	5,83
175. d	376	0,002	27,17
Körperlänge in cm			
Geburt	738	0,004	20,01
175. d	376	0,004	92,21
Körperhöhe in cm 175. d	376	0,0004	50,21

Tabelle 4.49: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Markers 131F2STS2 zum Futterverbrauch und der Futterverwertung

Merkmal	n	p	μ
Futtermaufnahme in kg/d			
100. bis 150. d	316	0,10	1,57
150. bis 200. d	316	0,72	2,02
Futterverwertung in kg/kg			
100. bis 150. d	316	0,55	4,15
150. bis 200. d	316	0,50	5,24
Nettofutterverwertung	316	0,43	5,96

Tiere, die das Allel der Rasse Duroc (114) tragen sind von Geburt an schwerer und zeigen eine verstärkte Massenzunahme gegenüber den Tieren, die das Allel des Miniaturschweins (121) tragen. Heterozygote Tiere ähneln zu Beginn der Wachstumsperiode den Tieren, die homozygot für das Allel 121 sind, gegen Ende des Wachstums liegen ihre Werte häufig zwischen den beiden homozygoten Genotypen (Tabelle 4.50).

Tabelle 4.50: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des Markers 131F2STS2 für die signifikant beeinflussten Merkmale der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße mit LSM1 = Du/Du (114/114); LSM2 = Du/Mi (114/121); LSM3 = Mi/Mi (121/121)

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.
Körpermasse in kg						
Geburt	0,91 ^a	0,02	0,86 ^b	0,02	0,86 ^b	0,02
50. d	9,78 ^a	0,29	9,23 ^b	0,28	9,07 ^b	0,30
100. d	29,27 ^a	0,85	28,17 ^b	0,83	27,08 ^c	0,88
200. d	73,69 ^a	2,07	71,99 ^a	1,93	68,00 ^b	2,16

Fortsetzung Tabelle 4.50: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des Markers 131F2STS2 für die signifikant beeinflussten Merkmale der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße mit LSM1 = Du/Du (114/114); LSM2 = Du/Mi (114/121); LSM3 = Mi/Mi (121/121)

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.
Körpermassenzunahme in kg/d						
Geburt bis 50. d	0,18 ^a	0,005	0,17 ^b	0,005	0,16 ^b	0,005
50. bis 100. d	0,39 ^a	0,01	0,38 ^a	0,01	0,36 ^b	0,01
100. bis 200. d	0,42 ^a	0,01	0,41 ^a	0,01	0,38 ^b	0,01
Körperbreite in cm 175. d	27,37 ^a	0,35	27,16 ^a	0,32	26,42 ^b	0,37
Körperlänge in cm						
Geburt	20,19 ^a	0,24	19,79 ^b	0,23	19,83 ^b	0,25
175. d	93,02 ^a	1,11	91,38 ^a	1,02	90,03 ^b	1,17
Körperhöhe in cm 175. d	51,32 ^a	0,59	50,07 ^b	0,54	49,50 ^b	0,62

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet.

Die Anzahl der Tiere für die Genotypen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 sind in der Tabelle A 3 des Anhangs dargestellt.

4.5.2.2 Schlachtkörperwert und Fleischqualität

Mit Ausnahme der Schlachtkörpermasse, die mit der erhöhten Körpermasse in direktem Zusammenhang steht, üben die Genotypen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 keine signifikanten Effekte auf die Merkmale des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität aus (Tabelle 4.51 und Tabelle 4.53).

Tabelle 4.51: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts

Merkmal		n	p	μ
Schlachtkörpermasse warm	(kg)	420	0,006	55,76
Rückenspeck Ultraschall	(mm)	362	0,31	11,33
FOM Speckmaß	(mm)	414	0,11	36,8

Fortsetzung Tabelle 4.51: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts

Merkmal		n	p	μ
FOM Fleischmaß	(mm)	414	0,80	35,9
Magerfleischanteil	(%)	417	0,36	35,32
Rückenspeckdicke	(mm)	420	0,60	35,9
Speckmaß B	(mm)	420	0,89	29,6
Speckmaß D	(mm)	420	0,38	44,0
Kotelettfläche	(cm ²)	420	0,33	21,8
Fettfläche	(cm ²)	420	0,40	26,04
Fleisch : Fettverhältnis	(1:)	420	0,67	1,22
Schlachtkörperlänge	(cm)	419	0,68	78,8

Auch bei der Schlachtkörpermasse ist der homozygote Genotyp 114/114 des Durocs dem Genotypen 121/121 des Miniaturschweins überlegen. Der Wert des heterozygoten Genotyps liegt zwischen denen der homozygoten Genotypen (Tabelle 4.52).

Tabelle 4.52: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des Markers 131F2STS2 für die Schlachtkörpermasse mit LSM1 = Du/Du (114/114); LSM2 = Du/Mi (114/121); LSM3 = Mi/Mi (121/121)

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.
	n = 121		n = 201		n = 98	
Schlachtkörpermasse warm (kg)	58,09 ^a	1,77	56,82 ^a	1,65	53,76 ^b	1,85

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet.

Tabelle 4.53: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 zu Merkmalen der Fleischqualität

Merkmal	n	p	μ
pH1k	420	0,42	6,38
pH2k	420	0,13	5,5
Leitfähigkeit 1k	420	0,83	3,41
Leitfähigkeit 2k	420	0,87	3,7
Fleischfarbe	412	0,60	69,65
Reflektion	408	0,77	40,53
Marmorierung	419	0,88	3,51

4.5.3 Beziehungen zwischen den Genotypen des Mikrosatellitenmarkers S0086 und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität

Wie für den Marker 131F2STS2 gilt für den Mikrosatellitenmarker S0086, daß von einer vernachlässigbaren Rekombinationshäufigkeit zwischen ihm und den Allelen des KIT Locus ausgegangen wird.

4.5.3.1 Mastleistung

Ein signifikanter Einfluß des Genotypen S0086 besteht auf nahezu alle Merkmale der Körpermasse. Der Futterverbrauch und die Futterverwertung werden nicht beeinflusst. Dieses Resultat bestätigt die Ergebnisse, die sich mit Hilfe des Markers 131F2STS2 bereits darstellen ließen. Einzige Ausnahme bildet die Geburtssmasse, die durch den Genotypen des Markers S0086 nicht beeinflusst wird (Tabelle 4.54 und Tabelle 4.55).

Tabelle 4.54: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Markers S0086 zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße

Merkmal	n	p	μ
Körpermasse in kg			
Geburt	518	0,37	0,88
50. d	518	0,0001	9,14
100. d	486	0,0001	29,4
200. d	428	0,0001	70,01
Körpermassenzunahme in kg/d			
Geburt bis 50. d	518	0,0001	0,16
50. bis 100. d	486	0,0002	0,40
100. bis 200. d	428	0,0072	0,40
Körperbreite in cm			
Geburt	518	0,48	5,82
175. d	382	0,0001	27,16
Körperlänge in cm			
Geburt	518	0,86	20,01
175. d	382	0,0001	92,1
Körperhöhe in cm 175. d	382	0,0001	50,19

Tabelle 4.55: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Markers S0086 zum Futterverbrauch und der Futterverwertung

Merkmal	n	p	μ
Futterraufnahme in kg/d			
100. bis 150. d	322	0,72	1,56
150. bis 200. d	322	0,78	2,02
Futterverwertung in kg/kg			
100. bis 150. d	322	0,88	4,14
150. bis 200. d	322	0,61	5,24
Nettofutterverwertung	322	0,98	5,96

Die Tiere der F₂-Generation, die homozygot Allele tragen, die von der Rasse Duroc stammen zeigen höhere Körpergewichte und bessere Zunahmen gegenüber den Tieren, die homozygot die Allele des Miniaturschweins tragen. Die Werte des heterozygoten Genotyps liegen zwischen denen der homozygoten Genotypen (Tabelle 4.56).

Tabelle 4.56: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des Markers S0086 für die signifikant beeinflussten Merkmale der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße mit LSM1 = Du/Du; LSM2 = Du/Mi; LSM3 = Mi/Mi

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.
Körpermasse in kg						
50. d	9,53 ^a	0,13	8,89 ^b	0,11	8,73 ^b	0,14
100. d	30,48 ^a	0,43	29,03 ^b	0,37	27,73 ^c	0,48
200. d	72,44 ^a	1,21	69,08 ^b	1,05	65,57 ^c	1,36
Körpermassenzunahme in kg/d						
Geburt bis 50. d	0,17 ^a	0,002	0,16 ^b	0,002	0,15 ^b	0,002
50. bis 100. d	0,41 ^a	0,006	0,39 ^b	0,005	0,37 ^d	0,007
100. bis 200. d	0,41 ^a	0,009	0,39 ^b	0,008	0,37 ^b	0,01

Fortsetzung Tabelle 4.56: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des Markers S0086 für die signifikant beeinflussten Merkmale der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße mit LSM1 =Du/Du; LSM2 =Du/Mi; LSM3 = Mi/Mi

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.
Körperbreite in cm 175. d	27,46 ^a	0,21	27,04 ^a	0,18	26,26 ^b	0,23
Körperlänge in cm 175. d	93,83 ^a	0,68	91,32 ^b	0,59	90,11 ^b	0,75
Körperhöhe in cm 175. d	51,34 ^a	0,36	50,00 ^b	0,31	49,17 ^c	0,39

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet.

Du bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft von der Rasse Duroc

Mi bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft vom Miniaturschwein

Die Anzahl der Tiere für die Genotypen des Mikrosatellitenmarkers S0086 sind in der Tabelle A 4 des Anhangs dargestellt.

4.5.3.2 Schlachtkörperwert

Ähnlich dem Marker 131F2STS2 ist auch beim Marker S0086 ein signifikanter Einfluß der Genotypen auf die Schlachtkörpermasse zu verzeichnen. Dieser resultiert aus dem Einfluß auf die Mastleistungsmerkmale. Weitere Merkmale des Schlachtkörperwerts sind nicht beeinflusst (Tabelle 4.57).

Tabelle 4.57: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers S0086 zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts

Merkmal		n	p	μ
Schlachtkörpermasse warm	(kg)	428	0,0004	55,56
Rückenspeck Ultraschall	(mm)	369	0,88	11,3
FOM Speckmaß	(mm)	422	0,22	38,0
FOM Fleischmaß	(mm)	422	0,70	37,2
Magerfleischanteil	(%)	425	0,39	35,19
Rückenspeckdicke	(mm)	428	0,58	37,8
Speckmaß B	(mm)	428	0,78	30,8

Fortsetzung Tabelle 4.57: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers S0086 zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts

Merkmal		n	p	μ
Speckmaß D	(mm)	428	0,07	46,3
Kotelettfäche	(cm ²)	428	0,21	22,19
Fettfläche	(cm ²)	428	0,31	27,43
Fleisch : Fettverhältnis	(1:)	428	0,72	1,26
Schlachtkörperlänge	(cm)	427	0,80	78,73

Tabelle 4.58: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des Markers S0086 für die Schlachtkörpermasse mit LSM1 = Du/Du; LSM2 = Du/Mi; LSM3 = Mi/Mi

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.
	n = 130		n = 193		n = 105	
Schlachtkörpermasse warm (kg)	57,29 ^a	1,04	54,56 ^b	0,89	51,93 ^c	1,16

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet.

Du bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft von der Rasse Duroc

Mi bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft vom Miniaturschwein

4.5.3.3 Fleischqualität

Der Genotyp des Mikrosatellitenmarkers S0086 übt keinen Einfluß auf die Merkmale der Fleischqualität aus. Eine Ausnahme bildet der pH-Wert des Koteletts nach 24 Stunden (Tabelle 4.59).

Tabelle 4.59: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers S0086 zu Merkmalen der Fleischqualität

Merkmal	n	p	μ
pH1k	428	0,39	6,38
pH2k	428	0,002	5,5
Leitfähigkeit 1k	428	0,86	3,41
Leitfähigkeit 2k	428	0,83	3,7
Fleischfarbe	420	0,73	69,72
Reflektion	416	0,36	40,71
Marmorierung	427	0,71	3,5

Der durchschnittliche pH-Wert nach 24 Stunden des heterozygoten Genotypen liegt deutlich höher als bei den homozygoten Genotypen (Tabelle 4.60).

Tabelle 4.60: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des Markers S0086 für den pH-Wert nach 24 Stunden mit LSM1 = Du/Du; LSM2 = Du/Mi; LSM3 = Mi/Mi

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.
	n = 130		n = 193		n = 105	
pH2k	5,48 ^a	0,01	5,53 ^b	0,01	5,49 ^a	0,01

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet.

Du bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft von der Rasse Duroc

Mi bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft vom Miniaturschwein

4.5.4 Beziehungen zwischen den Genotypen des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität

Es wird davon ausgegangen, daß die Allele des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 Allele des Agouti Locus repräsentieren, da durch die geringe Entfernung zwischen den beiden Loci eine Rekombination nahezu ausgeschlossen ist.

4.5.4.1 Mastleistung

Ein Einfluß der Markergenotypen des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 konnte auf keines der Merkmale der Körpermasseentwicklung und Körpergröße dargestellt werden.

Tabelle 4.61: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Markers AgCA1 zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße

Merkmal	n	p	μ
Körpermasse in kg			
Geburt	294	0,94	0,812
50. d	289	0,41	8,73
100. d	257	0,83	27,71
200. d	206	0,27	66,07
Körpermassenzunahme in kg/d			
Geburt bis 50. d	289	0,41	0,15
50. bis 100. d	257	0,66	0,37
100. bis 200. d	206	0,07	0,38
Körperbreite in cm			
Geburt	294	0,97	5,66
175. d	162	0,21	26,72
Körperlänge in cm			
Geburt	294	0,98	19,54
175. d	162	0,53	90,61
Körperhöhe in cm 175. d	162	0,72	49,81

Die Nettofutterverwertung wird durch die Genotypen des Markers AgCA1 beeinflusst (Tabelle 4.62).

Tabelle 4.62: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Markers AgCA1 zum Futterverbrauch und der Futterverwertung

Merkmal	n	p	μ
Futtermaufnahme in kg/d			
100. bis 150. d	105	0,51	1,49
150. bis 200. d	105	0,34	1,99
Futterverwertung in kg/kg			
100. bis 150. d	105	0,20	4,47
150. bis 200. d	105	0,54	5,4
Nettofutterverwertung	104	0,02	6,29

Die LSQ Mittelwerte der Genotypen für die Nettofutterverwertung zeigen, daß Tiere, die homozygot für die Allele der Rasse Duroc sind, die beste Futterverwertung aufweisen. Die schlechteste Futterverwertung wird von den Tieren, die homozygot für die Allele des Miniaturschweins sind, erreicht (Tabelle 4.63).

Tabelle 4.63: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des Markers AgCA1 für die Nettofutterverwertung mit LSM1 = Du/Du; LSM2 = Du/Mi; LSM3 = Mi/Mi

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.
	n = 20		n = 59		n = 25	
Nettofutterverwertung	6,18 ^a	0,32	6,28 ^a	0,22	7,22 ^b	0,30

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet

Du bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft von der Rasse Duroc

Mi bezeichnet Allele mit großelterlicher Herkunft vom Miniaturschwein

Durch eine ungleiche Besetzung der Saisonklassen ließen sich die LSQ Mittelwerte der Genotypen des Markers AgCA1 für das Merkmal Nettofutterverwertung erst ermitteln, nachdem die Effekte der Saison und des Geschlechts im Modell nicht mehr berücksichtigt wurden.

4.5.4.2 Schlachtkörperwert und Fleischqualität

Es besteht kein signifikanter Zusammenhang zwischen den Genotypen des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 und den Merkmalen des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität (Tabelle 4.64 und Tabelle 4.65).

Tabelle 4.64: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts

Merkmal		n	p	μ
Schlachtkörpermasse warm	(kg)	205	0,26	51,64
Rückenspeck Ultraschall	(mm)	150	0,72	12,96
FOM Speckmaß	(mm)	199	0,63	36,4
FOM Fleischmaß	(mm)	199	0,48	36,9
Magerfleischanteil	(%)	202	0,38	36,09
Rückenspeckdicke	(mm)	205	0,41	35,4
Speckmaß B	(mm)	205	0,17	28,6
Speckmaß D	(mm)	205	0,32	42,7
Kotelettfäche	(cm ²)	201	0,79	21,96
Fettfläche	(cm ²)	201	0,18	25,65
Fleisch : Fettverhältnis	(1:)	201	0,59	1,19
Schlachtkörperlänge	(cm)	204	0,70	76,56

Tabelle 4.65: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 zu Merkmalen der Fleischqualität

Merkmal	n	p	μ
pH1k	201	0,43	6,40
pH2k	201	0,63	5,52
Leitfähigkeit 1k	201	0,76	3,24
Leitfähigkeit 2k	201	0,86	3,44
Fleischfarbe	193	0,93	69,22
Reflektion	196	0,47	41,68
Marmorierung	201	0,93	3,70

4.5.5 Beziehungen zwischen den Genotypen des Tyrosinase Gens und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität

4.5.5.1 Mastleistung

Signifikante Beziehungen des Polymorphismus des Tyrosinase Gens zu den Körpermassen am 50., 100. und 200. Lebenstag sowie den Körpermassenzunahmen zwischen der Geburt und dem 100. Lebenstag spiegeln einen Einfluß des Gens auf die erste Hälfte der Mastperiode wider (Tabelle 4.66).

Tabelle 4.66: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Tyrosinase Gens zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße

Merkmal	n	p	μ
Körpermasse in kg			
Geburt	212	0,56	0,81
50. d	207	0,01	8,77
100. d	175	0,02	27,48
200. d	140	0,04	64,43

Fortsetzung Tabelle 4.66: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Tyrosinase Gens zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße

Merkmal	n	p	μ
Körpermassenzunahme in kg/d			
Geburt bis 50. d	207	0,01	0,16
50. bis 100. d	175	0,03	0,37
100. bis 200. d	140	0,10	0,36
Körperbreite in cm			
Geburt	212	0,81	5,66
175. d	101	0,09	26,49
Körperlänge in cm			
Geburt	212	0,51	19,53
175. d	101	0,63	90,17
Körperhöhe in cm 175. d	101	0,90	49,52

Die Tiere, die homozygot das Allel C^T des Miniaturschweins tragen, zeigen eine ca. zwei kg geringere Körpermasse und eine 20 g geringere tägliche Zunahme gegenüber den Tieren mit dem homozygoten Genotypen des Allels C^C des Duroc. Heterozygote Tiere haben jedoch noch niedrigere Werte als die Tiere, die für C^T homozygot sind (Tabelle 4.67).

Tabelle 4.67: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des Tyrosinase Locus für die signifikant beeinflussten Merkmale der Körpermasse und der Körpermassenzunahme mit LSM1 = C^C/C^C ; LSM2 = C^C/C^T ; LSM3 = C^T/C^T

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.
Körpermasse in kg						
50. d	9,68 ^a	0,24	8,96 ^b	0,20	9,29 ^{ab}	0,23
100. d	29,54 ^a	0,79	27,41 ^b	0,64	27,56 ^b	0,79
200. d	68,47 ^a	2,55	62,30 ^b	2,08	66,76 ^{ab}	2,46
Körpermassenzunahme in kg/d						
Geburt bis 50. d	0,18 ^a	0,23	0,16 ^b	0,19	0,17 ^{ab}	0,22
50. bis 100. d	0,39 ^a	0,01	0,36 ^b	0,01	0,36 ^b	0,01

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet.

Die Anzahl der Tiere für die Genotypen des Tyrosinasegens sind in der Tabelle A 5 des Anhangs dargestellt.

Mit Ausnahme der Nettofutterverwertung stehen die Genotypen des Tyrosinase Locus nicht in Zusammenhang mit den Merkmalen der Futteraufnahme und der Futterverwertung (Tabelle 4.68).

Tabelle 4.68: Anzahl F_2 -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Tyrosinase Gens zum Futterverbrauch und der Futterverwertung

Merkmal	n	p	μ
Futteraufnahme in kg/d			
100. bis 150. d	66	0,69	1,5
150. bis 200. d	66	0,85	1,84
Futterverwertung in kg/kg			
100. bis 150. d	66	0,13	4,79
150. bis 200. d	66	0,43	5,14
Nettofutterverwertung	66	0,05	6,29

Tabelle 4.69: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des Tyrosinase Locus für die Nettofuttermittelverwertung mit LSM1 = C^C/C^C; LSM2 = C^C/C^T; LSM3 = C^T/C^T

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.
	n = 21		n = 31		n = 14	
Nettofuttermittelverwertung	6,58 ^a	2,52	6,22 ^{ab}	1,22	6,03 ^b	1,10

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet

4.5.5.2 Schlachtkörperwert

Der signifikante Wert für die Beeinflussung der Schlachtkörpermasse durch den Genotyp der Tyrosinase bestätigt die Ergebnisse der Untersuchung der Mastleistungsmerkmale. Die signifikanten Werte für das FOM Speckmaß und den Magerfleischanteil sowie tendenzielle Signifikanzen für die Rückenspeckdicke und das Speckmaß B zeigen, daß das Allel C^T des Miniaturschweins mit einem erhöhten Fettansatz verbunden ist. Die heterozygoten Tiere zeigen einen noch höheren Magerfleischanteil als die Tiere, die für das Allel C^C des Duroc homozygot sind. Die tendenziell signifikanten p-Werte für die Merkmale Rückenspeckdicke und Speckmaß B unterstützen diese Aussage. (Tabelle 4.70 und Tabelle 4.71).

Tabelle 4.70: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Tyrosinase Gens zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts

Merkmal	n	p	μ
Schlachtkörpermasse warm (kg)	140	0,04	50,16
Rückenspeck Ultraschall (mm)	96	0,35	13,7
FOM Speckmaß (mm)	134	0,01	35,7
FOM Fleischmaß (mm)	134	0,74	36,2
Magerfleischanteil (%)	137	0,05	36,5
Rückenspeckdicke (mm)	140	0,08	34,4
Speckmaß B (mm)	140	0,07	27,9
Speckmaß D (mm)	140	0,40	41,1
Kotelettlfläche (cm ²)	140	0,66	21,73
Fettfläche (cm ²)	140	0,24	24,94
Fleisch : Fettverhältnis (1:)	140	0,19	1,17
Schlachtkörperlänge (cm)	139	0,41	76,03

Tabelle 4.71: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler der Genotypen des Tyrosinase Locus für die signifikant beeinflussten Merkmale des Schlachtkörperwerts mit LSM1 = C^C/C^C; LSM2 = C^C/C^T; LSM3 = C^T/C^T

Merkmal	LSM1	s.e.	LSM2	s.e.	LSM3	s.e.
Schlachtkörpermasse warm (kg)	54,58 ^a	2,11	49,46 ^b	1,72	53,11 ^{ab}	2,04
FOM Speckmaß (mm)	3,86 ^a	0,20	3,43 ^b	0,16	3,92 ^a	0,19
Magerfleischanteil (%)	35,85 ^{ab}	1,49	38,33 ^b	1,17	35,02 ^a	1,37

Signifikante Differenzen ($p \leq 0,05$) sind durch ungleiche Hochbuchstaben gekennzeichnet.

Die Anzahl der Tiere für die Genotypen des Tyrosinasegens sind in der Tabelle A 5 des Anhangs dargestellt.

4.5.5.3 Fleischqualität

Die Merkmale der Fleischqualität werden nicht durch den Genotypen des Tyrosinasegens beeinflusst (Tabelle 4.72).

Tabelle 4.72: Anzahl F₂-Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Tyrosinase Gens zu Merkmalen der Fleischqualität

Merkmal	n	p	μ
pH1k	140	0,65	6,39
pH2k	140	0,84	5,52
Leitfähigkeit 1k	140	0,64	3,32
Leitfähigkeit 2k	140	0,79	3,48
Fleischfarbe	132	0,89	69,82
Reflektion	133	0,42	41,55
Marmorierung	140	0,32	3,67

4.6 Zusammenfassung der durch den Farbphänotyp und durch die Farbloci signifikant beeinflussten Merkmale

Den größten Effekt üben die Farbphänotypen und die Region des KIT-Locus auf die Wachstumsmerkmale aus. Auch der Tyrosinase-Locus hat einen Einfluß auf das Wachstum. Merkmale der Körperverschmälerung werden vom E-Locus und vom Tyrosinase-Locus beeinflusst.

Bei einem Signifikanzniveau von $p \leq 0,05$ waren folgende Merkmale der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität durch den Farbphänotypen oder die Genotypen eines Farblocus signifikant beeinflusst (Tabelle 4.73).

Tabelle 4.73: Überblick über die Signifikanzwerte (p) und die Größenverhältnisse der LSQ Mittelwerte der Farbphänotypen und Genotypen der Farbloci (LSMs) für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität

Einflußfaktor	Merkmal	p	LSMs
Phänotyp	Körpermassen 50. – 200.d	0,03 – 0,0009	1 > 2 > 3 > 4
	Zunahmen 50. – 100.d	0,01 – 0,05	1 > 2 > 3 > 4
	Körpergrößen 175.d	0,04 – 0,0001	1 > 2 > 3 > 4
	FOM Fleischmaß	0,04	1 > 4 > 2 > 3
	Reflexion	0,04	2 > 3 > 4 > 1
E-Locus			
Subpop. 1	Futterverwertung 150. – 200.d	0,04*	ee > E ^{D1} e > E ^{D1} E ^{D1}
	Rückenspeckdicke	0,005	ee > E ^{D1} e > E ^{D1} E ^{D1}
	Speckmaß B	0,03	ee > E ^{D1} e > E ^{D1} E ^{D1}
	pH2k	0,01	E ^{D1} e > E ^{D1} E ^{D1} > ee
Subpop. 2	Rückenspeck Ultraschall	0,03	E ^{D1} E ^P > E ^{D1} e > E ^P e > ee
	FOM Fleischmaß	0,03	E ^{D1} e > E ^{D1} E ^P ; E ^P e > ee
	Marmorierung	0,04	E ^P e > E ^{D1} e > E ^{D1} E ^P > ee

Fortsetzung Tabelle 4.73: Überblick über die Signifikanzwerte (p) und die Größenverhältnisse der LSQ Mittelwerte der Farbphänotypen und Genotypen der Farbloci (LSMs) für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität

Einflußfaktor	Merkmal	p	LSMs
131F2STS2	Körpermasse Geburt	0,002	Du/Du > Du/Mi; Mi/Mi
	Körpermassen 50. – 200.d	0,001 – 0,0001	Du/Du > Du/Mi > Mi/Mi
	Zunahmen Geburt – 200.d	0,01 – 0,0002	Du/Du > Du/Mi > Mi/Mi
	Körperlänge Geburt	0,004	Du/Mi > Du/Du > Mi/Mi
	Körpergrößen 175.d	0,002 – 0,0004	Du/Du > Du/Mi > Mi/Mi
	Schlachtmasse warm	0,006	Du/Du > Du/Mi > Mi/Mi
S0086	Körpermassen 50. – 200.d	0,0001	Du/Du > Du/Mi > Mi/Mi
	Zunahmen Geburt – 200.d	0,007 – 0,0001	Du/Du > Du/Mi > Mi/Mi
	Körpergrößen 175.d	0,0001	Du/Du > Du/Mi > Mi/Mi
	Schlachtmasse warm	0,0004	Du/Du > Du/Mi > Mi/Mi
	pH2k	0,002	Du/Mi > Mi/Mi > Du/Du
AgCA1	Nettofutterverwertung	0,02	Mi/Mi > Du/Mi > Du/Du
TYR	Körpermassen 50. – 200.d	0,04 – 0,01	$C^C/C^C > C^T/C^T > C^C/C^T$
	Zunahmen	0,03 – 0,01	$C^C/C^C > C^T/C^T > C^C/C^T$
	Nettofutterverwertung	0,05	$C^C/C^C > C^T/C^T > C^C/C^T$
	Schlachtmasse warm	0,04	$C^C/C^C > C^T/C^T > C^C/C^T$
	FOM Speckmaß	0,01	$C^T/C^T > C^C/C^C > C^C/C^T$
	Magerfleischanteil	0,05	$C^C/C^T > C^C/C^C > C^T/C^T$