

Aus dem Fachgebiet
Züchtungsbiologie und Molekulare Tierzüchtung des Instituts für Nutztierwissenschaften der
Humboldt-Universität zu Berlin

Eingereicht über das
Institut für Veterinär-Biochemie des Fachbereichs Veterinärmedizin der
Freien Universität Berlin

**Analyse genetischer Varianten von Loci für die Fellfarbe und
ihre Beziehungen zum Farbphänotyp und zu quantitativen
Leistungsmerkmalen beim Schwein**

Inaugural-Dissertation
zur Erlangung des Grades eines Doktors der Veterinärmedizin
an der Freien Universität Berlin

Vorgelegt von Krista Siebel
Tierärztin aus Stuttgart

Berlin, Juli 2001

Journal Nr. 2551

Gedruckt mit der Genehmigung des
Fachbereiches Veterinärmedizin der
Freien Universität Berlin

Dekan: Univ. Prof. Dr. M. F. G. Schmidt

Erster Gutachter: Prof. Dr. S. Risse

Zweiter Gutachter: Prof. Dr. G. Leuthold

Dritter Gutachter: PD Dr. H.-J. Wagner

Tag der Promotion: 24.05.2002

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	5
2	Literaturübersicht	6
2.1	Mythologie der Fellfarbe	6
2.2	Entstehung des Farbeindrucks	9
2.3	Histologie der Pigmentbildung	9
2.4	Embryologie der Pigmentbildung	11
2.5	Biochemie der Pigmentbildung	11
2.6	Einflußfaktoren der Ausprägung der Fellfarbe	16
2.6.1	Haarstruktur	16
2.6.2	Pigmentgranula	17
2.6.3	Melanocytenform	17
2.6.4	Migration und Reifung der Pigmentzelle	18
2.6.5	Hormone	19
2.6.6	Benachbarte Zellen	19
2.6.7	Umwelteinflüsse	19
2.7	Vererbung der Fellfarben	20
2.7.1	Tierartübergreifende Farbballelsereien (SEARLE, 1968)	21
2.7.1.1	Agouti-Locus (A)	21
2.7.1.2	Braun-Locus (B)	21
2.7.1.3	Albino-Locus (C)	21
2.7.1.4	Aufhellung (dilution D)	22
2.7.1.5	Ausbreitung (extension E)	22
2.7.1.6	Rosa-Augen Serie (pink eye P)	22
2.7.2	Tierartspezifische Farbballelsereien	24
2.7.2.1	Farbballelsereien der Hausmaus (<i>Mus musculus</i>)	24
2.7.2.2	Rind (<i>Bos taurus</i>)	30
2.7.2.3	Schaf (<i>Ovis ammon</i>)	32
2.7.2.4	Ziege (<i>Capra hircus</i>)	34
2.7.2.5	Pferd (<i>Equus caballus</i>)	34
2.7.2.6	Farbballelsereien des Schweines (<i>Sus scrofa domesticus</i>)	37
2.7.2.6.1	Farbphänotypen beim Hausschwein	37
2.7.2.6.2	Farbvererbung beim Hausschwein	38
2.7.2.7	Farbballelsereien des Menschen (<i>Homo sapiens</i>)	44
2.8	Beziehungen zwischen der Farbausprägung und Leistungs- und Verhaltensmerkmalen	45
2.8.1	Einfluß von Farbgenen auf Reproduktionsmerkmale	47
2.8.2	Einfluß von Farbgenen auf Wachstumsmerkmale	48
2.8.3	Einfluß von Farbgenen auf Verhaltensmerkmale	49
2.9	Beziehung zwischen der Farbausprägung und pathologischen Veränderungen	52
2.9.1	Ausbildung eines Megacolons	52
2.9.2	Deformationen des Innenohrs und des Auges	53
2.9.3	Anämie-Syndrome	54
2.9.4	Neurologische Defekte und Skelettmißbildungen	56
2.9.5	Hautveränderungen	57
2.9.6	Letalität und verminderte Vitalität	58
2.9.7	Diabetes mellitus	58
2.10	Molekulargenetischer Hintergrund der Vererbung der Haarfarbe	62

2.10.1	Gene mit Einfluß auf die Migration und Proliferation der Melanoblasten	62
2.10.1.1	KIT (Mast- und Stammzell – Wachstumsfaktor - Rezeptor / Tyrosin-Kinase - Rezeptor)	62
2.10.1.2	Platelet derived growth factor receptor α -subunit (PDGFRA) und Dipeptidyl aminopeptidase like protein 6 (Dpp6)	65
2.10.1.3	Steel-Faktor (SF)	66
2.10.1.4	Mikrophthalmie-Transkriptions-Faktor (MITF)	67
2.10.1.5	Paired box gene (PAX3)	68
2.10.1.6	Endothelin 3 und sein Rezeptor EDNRB	68
2.10.2	Gene mit Einfluß auf die Melanogenese	69
2.10.2.1	Melanocyten-stimulierendes-Hormon-Rezeptor (MC1R)	69
2.10.2.2	Agouti (ASP)	72
2.10.2.3	Proopiomelanocortin (POMC)	74
2.10.2.4	Mahogany (mg)	74
2.10.3	Mutationen, die melanogenetische Enzyme betreffen	75
2.10.3.1	Tyrosinase (TYR)	75
2.10.3.2	Tyrosinase related Protein 1 und 2 (TYRP1/ 2)	75
2.10.4	Gene mit Einfluß auf die Melanosomenstruktur und –funktion	76
2.10.4.1	Myosin heavy polypeptide kinase class 5a (Myo 5A)	76
2.10.4.2	Pink eye dilution	77
2.10.4.3	Lysosome trafficking regulator (LYST)	77
2.10.4.4	Hermansky-Pudlak Syndrom (HPS)	78
2.10.4.5	100 kiloDalton glycoprotein (gp100)	78
2.10.4.6	Cu ²⁺ Transport ATPase (Atp7a)	78
2.11	Evolutionärer Aspekt	83
3	Material und Methode	84
3.1	Tiermaterial und erfaßte Merkmale	84
3.1.1	Tiermaterial	84
3.1.2	Erfaßte Merkmale	85
3.2	Molekulargenetische Methoden	88
3.2.1	Polymerasekettenreaktion	88
3.2.2	Restriktions-Fragmentlängen-Polymorphismus (RFLP)	89
3.2.3	Mikrosatelliten-Marker	89
3.2.4	DNA-Isolation aus Milzgewebe	90
3.2.5	PCR-RFLPs des E-Locus	90
3.2.5.1	PCR-RFLP zur Detektion des Allels e	90
3.2.5.2	PCR-RFLP zur Detektion des Allels E ^{D2}	92
3.2.5.3	PCR-RFLP zur Detektion des Allels E ^{D1}	93
3.2.6	Fragmentlängen-Polymorphismus des Allels E ^P	94
3.2.7	PCR-RFLP des I-Locus	95
3.2.8	Mikrosatelliten-Analyse zur Genotypisierung des I-Locus	96
3.2.9	Mikrosatelliten-Analyse zur Genotypisierung des Agouti-Locus	98
3.2.10	PCR-RFLP zur Genotypisierung des Tyrosinase-Locus	98
3.3	Statistische Methoden	99
4	Ergebnisse	101
4.1	Ergebnisse der Farbphänotypisierung	101
4.1.1	Bestimmung der Farbphänotypen der F ₁ -Generation	101
4.1.2	Bestimmung der Farbphänotypen der F ₂ -Generation	104
4.2	Phänotypische Merkmale der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität	107
4.2.1	Phänotypische Merkmale der Mastleistung	107

4.2.2	Phänotypische Merkmale des Schlachtkörperwerts	109
4.2.3	Phänotypische Merkmale der Fleischqualität	110
4.3	Ergebnisse der Genotypisierung der Farblocci und ihr Effekt auf den Farbphänotypen in der F ₂ -Generation der Ressourcepopulation	111
4.3.1	Ergebnisse der Genotypisierung des E-Locus und sein Effekt auf den Farbphänotypen in der F ₂ -Generation der Ressourcepopulation	111
4.3.2	Ergebnisse der Genotypisierung des I-Locus und sein Effekt auf den Farbphänotypen in der F ₂ -Generation der Ressourcepopulation	116
4.3.2.1	Mikrosatellitenmarker 131F2STS2	116
4.3.2.2	Mikrosatellitenmarker S0086	117
4.3.3	Zusammenfassung der Ergebnisse der Effekte der Genotypen des E- und I-Locus auf die Farbphänotypen	119
4.3.4	Ergebnisse der Genotypisierung des Agouti-Locus und sein Effekt auf die Farbphänotypen	121
4.3.5	Ergebnisse der Genotypisierung des Tyrosinase-Locus (C) und sein Effekt auf die Farbphänotypen	122
4.4	Beziehungen zwischen den Farbphänotypen und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität	123
4.4.1	Mastleistung	123
4.4.2	Schlachtkörperwert und Fleischqualität	126
4.5	Beziehungen zwischen den Genotypen der Farblocci und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität	128
4.5.1	Beziehungen zwischen den Genotypen des E-Locus und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität	128
4.5.1.1	Mastleistung	128
4.5.1.2	Schlachtkörperwert	132
4.5.1.3	Fleischqualität	134
4.5.2	Beziehungen zwischen den Genotypen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität	135
4.5.2.1	Mastleistung	136
4.5.2.2	Schlachtkörperwert und Fleischqualität	138
4.5.3	Beziehungen zwischen den Genotypen des Mikrosatellitenmarkers S0086 und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität	140
4.5.3.1	Mastleistung	140
4.5.3.2	Schlachtkörperwert	143
4.5.3.3	Fleischqualität	145
4.5.4	Beziehungen zwischen den Genotypen des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität	146
4.5.4.1	Mastleistung	146
4.5.4.2	Schlachtkörperwert und Fleischqualität	148
4.5.5	Beziehungen zwischen den Genotypen des Tyrosinase Gens und Merkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität	149
4.5.5.1	Mastleistung	149
4.5.5.2	Schlachtkörperwert	152
4.5.5.3	Fleischqualität	153
4.6	Zusammenfassung der durch den Farbphänotyp und durch die Farblocci signifikant beeinflussten Merkmale	154
5	Diskussion	156
5.1	Effekte der untersuchten Farbgene auf den Farbphänotyp	157

5.1.1	KIT	158
5.1.2	MC1R	159
5.1.3	Agouti	162
5.1.4	Tyrosinase	163
5.2	Effekte des Farbphänotyps und der untersuchten Farbgene auf die Merkmale der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität	164
5.2.1	Farbphänotyp	165
5.2.2	KIT	166
5.2.3	MC1R	169
5.2.4	TYR	171
5.3	Schlußfolgerungen	172
6	Zusammenfassung	174
7	Literaturverzeichnis	178
8	Verzeichnis der Tabellen	202
8.1	Verzeichnis der Tabellen im Text	202
8.2	Verzeichnis der Tabellen im Anhang	208
9	Verzeichnis der Abbildungen	209
10	Anhang	211
11	Verzeichnis der Abkürzungen	223

6 Zusammenfassung

Anhand einer F_2 -Ressourcepopulation aus der Verpaarung der großelterlichen Rassen „Duroc“ und „Berliner Miniaturschwein“ wurde die Hypothese überprüft, daß zwischen der Fellfarbe und Leistungsmerkmalen beim Schwein ein Zusammenhang besteht. In der Population wurde der Einfluß der vier Farbloci

- Mast- und Stammzell-Wachstumsfaktor-Rezeptor (KIT)
- Melanocyten-stimulierendes-Hormon-Rezeptor (MC1R)
- Tyrosinase (TYR)
- Agouti signalling protein (ASP)

auf die Ausprägung des Farbphänotyps mittels molekulargenetischer Methoden untersucht. Weiterhin wurde überprüft, ob ein Zusammenhang zwischen den Polymorphismen dieser Loci und Leistungsmerkmalen der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität bestehen.

Einfluß der Farbloci auf den Farbphänotyp

Es konnte gezeigt werden, daß die weiße Farbe beim Schwein nicht nur durch das Allel I des I-Locus, sondern auch durch den homozygoten Genotypen $I^P I^P$ ausgelöst werden kann. Die Weißfärbung ist dabei zum Teil abhängig von der Qualität des auf dem E-Locus determinierten Melanins und einem weiteren Aufhellungsfaktor. Der Tyrosinase-Locus stellt eine Kandidaten für diesen Aufhellungsfaktor dar. Es ließ sich jedoch kein Einfluß des Tyrosinase-Locus auf den Farbphänotyp nachweisen.

Der Genotyp $E^P e$ des E-Locus bildet die Grundlage für 3 verschiedene Phänotypen (rot gescheckt / rot mit schwarzen Flecken / tricolor) in der Population. Ein Kandidatengen für die unterschiedliche Ausprägung dieses Genotyps stellt der Agouti-Locus dar. Aufgrund des Anpaarungsschemas konnte diese Hypothese in der Ressourcepopulation nicht überprüft werden.

Einfluß der Farbloci auf die Leistungsmerkmale

Bereits der Farbphänotyp zeigte einen signifikanten Einfluß auf nahezu alle Merkmale der Mastleistung (Körpermasse, Körpermassenzunahme, Körpergröße) mit Signifikanzwerten zwischen $p = 0,0001$ und $p = 0,03$. Der Farbphänotyp spiegelt hier den Einfluß der Mikrosatellitenmarker zur Beschreibung des **KIT**-Locus wider, die mit Signifikanzwerten von $p = 0,0001$ bis $p = 0,01$ einen signifikanten Effekt auf alle Merkmale der Körpermasse, der Körpergröße und der Körpermassenzunahme ausüben. Dieser Effekt wird einer direkten Wirkung von Polymorphismen des KIT-Locus auf die Darmmotilität und die Immunabwehr oder einer Wirkung des dicht benachbarten Locus PDGFRA zugeschrieben.

In der analysierten Ressourcepopulation besteht ein signifikanter Zusammenhang ($p = 0,005$ bis $0,03$) zwischen den Genotypen des **MC1R** und Einzelmerkmalen der Körperversfettung (Rückenspeckdicke, Speckmaß B, Fleischmaß, Marmorierung). Als Auslöser dieser Beziehung wird eine Bindung des Hormons ACTH und seine Auswirkungen auf den Fettstoffwechsel diskutiert.

Der Polymorphismus des **Tyrosinase**-Locus steht in signifikanter Beziehung zu den Einzelmerkmalen der Körpermasse ($p = 0,01$ bis $0,04$), der Körpermassenzunahme ($p = 0,01$ bis $0,03$), der Nettofuttermittelverwertung ($p = 0,05$), der Schlachtmasse warm ($p = 0,04$) sowie den Merkmalen Speckmaß ($p = 0,01$) und Magerfleisch ($p = 0,05$). Es wird nicht von einer direkten Beeinflussung durch den Tyrosinase-Locus sondern von der benachbarter Loci ausgegangen.

Die Ergebnisse der Arbeit bestätigen die Hypothese und liefern neue Aspekte zur Vererbung der Fellfarbe beim Schwein. Die Auswirkung von Polymorphismen der Farbloce wird im Hinblick auf den Farbphänotypen und auf weitere beteiligte Stoffwechselwege diskutiert.

Analysis of genetic variances of coat colour loci and their influence on the coat colour phenotype and quantitative performance traits

Summary

Following the hypothesis that there is an association between coat colour and performance traits in the pig, the influence of polymorphisms of the four genes for coat colour

- mast and stem cell growth factor receptor (KIT)
- melanocyte stimulating hormone receptor (MC1R)
- tyrosinase (TYR)
- agouti signalling protein (ASP)

on coat colour as well as performance traits like growth, carcass value and meat quality has been investigated by molecular genetic methods in an F_2 -resource population derived by a cross-breeding of "Duroc" and "Berlin Miniature pig".

Influence of the coat colour loci on the colour phenotype

The analysis revealed that the white coat colour in the domestic pig is not only produced by the I-allele of the I-Locus but also by a homozygous I^{P^P} genotype. This form of white coat colour is partly dependant from the melanin quality determined by the E-locus but also from other diluting factors. In spite of being a candidate for coat colour dilution the Tyrosinase locus did not show any influence on the coat colour in the resource population.

The genotype $E^P e$ of the E-locus produced three different phenotypes (patched red / red spotted black / tricolor) in the population. The Agouti-locus is a strong candidate to cause the differences between these phenotypes. Owing to the crossing scheme of the population the effect of the Agouti locus on these differences could not be tested.

Influence of the coat colour loci on the performance traits

Even the coat colour phenotype had a significant influence on most of the performance traits for growth (body weight, body weight gain, body height) showing significance values between $p = 0,0001$ and $p = 0,03$. This effect reflects the influence of the microsatellite markers used to describe the chromosomal region of the **KIT** locus which had significant effects on all performance traits for growth (body weight, body weight gain, body height) showing significance values between $p = 0,0001$ and $p = 0,01$. This influence is ascribed to a direct effect of polymorphisms at the KIT locus on gut motility and immune response or to an effect of the closely adjoined locus PDGFRA.

The analysis of the resource population revealed a significant association ($p = 0,005$ to $p = 0,03$) between genotypes of the **MC1R** locus and performance traits for body fatness (back fat measurements, lean meat content, marbling). The formation of a hormone-receptor complex between the MC1R and the hormone ACTH as a cause for this association is discussed.

The polymorphism of the **Tyrosinase** locus is significantly associated to performance traits of body weight ($p = 0,01$ to $0,04$), body weight gain ($p = 0,01$ to $0,03$), feed efficiency ($p = 0,05$), slaughtering mass ($p = 0,04$) and also of back fat measurement ($p = 0,01$) and lean meat content ($p = 0,05$). These effects are not ascribed to an influence of the Tyrosinase locus but to an effect of adjoined loci.

The results of the investigation confirm the hypothesis and give new aspects concerning the inheritance of coat colour in the domestic pig. The effects of polymorphisms of the coat colour loci on the coat colour phenotype and related metabolic pathways are discussed.

8 Verzeichnis der Tabellen**8.1 Verzeichnis der Tabellen im Text**

Tabelle 2.1: Gewebsspezifische Verteilung der Melanocortin Rezeptoren nach MOUSSA, 1998 und MOUSSA and CLAYCOMBE, 1999	16
Tabelle 2.2: Übersicht über die artenübergreifenden Farbgene, Beispiele für ihre Allele und deren phänotypische Auswirkung, modifiziert nach KRÄUSSLICH (1994)	23
Tabelle 2.3: Überblick über die Farbballelsereien der Labormaus	28
Tabelle 2.4: Farbballelsereien beim Rind nach LAUVERGNE (1965, 1977b, 1981, 1983)	30
Tabelle 2.5: Farbballelsereien beim Schaf	33
Tabelle 2.6: Farbballelsereien beim Pferd nach BOWLING (1996)	35
Tabelle 2.7: Farbballelsereien beim Schwein, modifiziert nach LEGAULT, 1998	42
Tabelle 2.8: Wahrscheinliche Genotypen domestizierter Rassen bzw. bestimmter Farbschläge des Hausschweins (nach Legault, 1998).	44
Tabelle 2.9: Übersicht über Beziehungen zwischen der Fellfarbe und Leistungsmerkmalen	51
Tabelle 2.10: Übersicht über die Beziehungen zwischen Farbvarianten und pathologischen Veränderungen	59
Tabelle 2.11: Übersicht über identifizierte Genprodukte der Farblocci, ihre Funktion und ihre phänotypische Auswirkung bei der Maus und beim Menschen.	79
Tabelle 2.12: Chromosomale Lokalisation der identifizierten Genorte bei Maus, Mensch und Schwein	82
Tabelle 3.1: Merkmale der Mastleistung bei Schweinen der F ₂ -Generation der Ressourcepopulation	86
Tabelle 3.2: Merkmale der Schlachtleistung bei Schweinen der F ₂ -Generation der Ressourcepopulation	87
Tabelle 3.3: Merkmale der Fleischqualität bei Schweinen der F ₂ -Generation der Ressourcepopulation	88
Tabelle 4.1: Anzahl Tiere (n) in den Farbphänotypenklassen der F ₁ -Generation	103
Tabelle 4.2: Anzahl Tiere in den Farbphänotypenklassen der F ₁ -Generation in den 11 Großmutter-Familien, die zur Erzeugung der F ₂ Population genutzt wurden	103
Tabelle 4.3: Anzahl Tiere in den Farbphänotypenklassen der F ₂ Generation	107
Tabelle 4.4: Mittelwerte (μ) und Standardabweichung (s) der Körpermasse, der Körpermassenzunahme, und der Körpergröße in der F ₂ -Generation	108
Tabelle 4.5: Mittelwerte (μ) und Standardabweichung (s) der Futterraufnahme und Futtermittelverwertung in der F ₂ -Generation	109
Tabelle 4.6: Mittelwerte (μ) und Standardabweichung (s) der Merkmale des Schlachtkörperwerts in der F ₂ -Generation	109

Tabelle 4.7: Mittelwerte (μ) und Standardabweichung (s) der Merkmale der Fleischqualität in der F ₂ -Generation	110
Tabelle 4.8: Anzahl Tiere (n) der Genotypen des E-Locus in den Farbphänotypen der Gesamtpopulation der F ₂ -Generation	112
Tabelle 4.9: Allelfrequenzen des E-Locus in der F ₂ -Gesamtpopulation	113
Tabelle 4.10: Genotypenfrequenzen des E-Locus in der F ₂ -Gesamtpopulation	113
Tabelle 4.11: Anzahl Tiere der Genotypen des E-Locus in den Farbphänotypen der F ₂ -Generation in der Subpopulation 2 (Allele E ^{D1} , E ^P , e)	113
Tabelle 4.12: Allelfrequenzen des E-Locus in der F ₂ -Subpopulation 2	114
Tabelle 4.13: Genotypenfrequenz des E-Locus in der F ₂ -Subpopulation 2	114
Tabelle 4.14: Anzahl Tiere der Genotypen des E-Locus in den Farbphänotypen der F ₂ -Generation in der Subpopulation 1 (Allele E ^{D1} , e)	115
Tabelle 4.15: Allelfrequenzen des E-Locus in der F ₂ -Subpopulation 1	115
Tabelle 4.16: Genotypenfrequenz des E-Locus in der F ₂ -Subpopulation 1	115
Tabelle 4.17: Anzahl Tiere der 131F2STS2 Markergenotypen in den Farbphänotypen der F ₂ -Generation	116
Tabelle 4.18: Allelfrequenzen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 in der F ₂ -Population	117
Tabelle 4.19: Genotypenfrequenzen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 in der F ₂ -Population	117
Tabelle 4.20: Anzahl Tiere der S0086 Markergenotypen in den Farbphänotypen der F ₂ -Generation	118
Tabelle 4.21: Allelfrequenzen des Mikrosatellitenmarkers S0086 in der F ₂ -Population	118
Tabelle 4.22: Genotypenfrequenz des Mikrosatellitenmarkers S0086 in der F ₂ -Population	119
Tabelle 4.23: Farbphänotypen in den Genotypenkombinationen des I- und E-Locus, ihre prozentuale Verteilung (%) und der wahrscheinliche Genotyp des D-Locus (D)	120
Tabelle 4.24: Anzahl Tiere der AgCA1 Markergenotypen in den Farbphänotypen der F ₂ -Generation	121
Tabelle 4.25: Allelfrequenzen des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 in der F ₂ -Population	122
Tabelle 4.26: Genotypenfrequenz des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 in der F ₂ -Population	122
Tabelle 4.27: Verteilung der Genotypen des Tyrosinase Locus auf die Farbphänotypen der F ₂ -Generation	122
Tabelle 4.28: Allelfrequenzen des Tyrosinase-Locus in der F ₂ -Population	123
Tabelle 4.29: Genotypenfrequenzen des Tyrosinase-Locus in der F ₂ -Population	123
Tabelle 4.30: Tierzahlen in den vier Farbphänotypenklassen	123

Tabelle 4.31: Anzahl F_2 -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung des Farbphänotypen zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße	124
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	125
Tabelle 4.33: Anzahl F_2 -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung des Farbphänotypen zum Futtermittelverbrauch und der Futtermittelverwertung	125
Tabelle 4.34: Anzahl F_2 -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung des Farbphänotypen zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts	126
Tabelle 4.35: Anzahl F_2 -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung des Farbphänotypen zu Merkmalen der Fleischqualität	127
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	127
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	128
Tabelle 4.38: 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 2	129
Tabelle 4.39: Anzahl F_2 -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zum Futtermittelverbrauch und der Futtermittelverwertung in der Subpopulation 1	130
Tabelle 4.40: Anzahl F_2 -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zum Futtermittelverbrauch und der Futtermittelverwertung in der Subpopulation 2	131
Tabelle 4.41: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des E-Locus der Subpopulation 1 für das signifikant beeinflusste Merkmal der Futtermittelverwertung mit LSM1 = ee; LSM2 = $E^{D1}e$; LSM3 = $E^{D1}E^{D1}$	131
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	132
Tabelle 4.43: Anzahl F_2 -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des E-Locus zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts in der Subpopulation 2	133
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	133

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	134
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	134
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	135
Tabelle 4.48: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Markers 131F2STS2 zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße	136
Tabelle 4.49: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Markers 131F2STS2 zum Futterverbrauch und der Futterverwertung	137
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)	137
Tabelle 4.51: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts	138
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)	139
Tabelle 4.53: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 zu Merkmalen der Fleischqualität	140
Tabelle 4.54: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Markers S0086 zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße	141
Tabelle 4.55: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Markers S0086 zum Futterverbrauch und der Futterverwertung	142
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	142
Tabelle 4.57: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers S0086 zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts	143
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	144

Tabelle 4.59: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers S0086 zu Merkmalen der Fleischqualität	145
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	145
Tabelle 4.61: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Markers AgCA1 zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße	146
Tabelle 4.62: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Markers AgCA1 zum Futterverbrauch und der Futtermittelverwertung	147
Tabelle 4.63: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler (s.e.) der Genotypen des Markers AgCA1 für die Nettofuttermittelverwertung mit LSM1 = Du/Du; LSM2 = Du/Mi; LSM3 = Mi/Mi	147
Tabelle 4.64: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts	148
Tabelle 4.65: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Mikrosatellitenmarkers AgCA1 zu Merkmalen der Fleischqualität	149
Tabelle 4.66: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Tyrosinase Gens zu der Körpermasse, der Körpermassenzunahme und der Körpergröße	149
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	151
Tabelle 4.68: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Tyrosinase Gens zum Futterverbrauch und der Futtermittelverwertung	151
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	152
Tabelle 4.70: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Tyrosinase Gens zu Merkmalen des Schlachtkörperwerts	152
Tabelle 4.71: LSQ Mittelwerte (LSM) und Standardfehler der Genotypen des Tyrosinase Locus für die signifikant beeinflussten Merkmale des Schlachtkörperwerts	153
Tabelle 4.72: Anzahl F ₂ -Tiere (n), Signifikanzwert (p) und Mittelwert (μ) der Beziehung der Genotypen des Tyrosinase Gens zu Merkmalen der Fleischqualität	153
Tabelle 4.73: Überblick über die Signifikanzwerte (p) und die Größenverhältnisse der LSQ Mittelwerte der Farbphänotypen und Genotypen der Farbloce (LSMs) für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität	154

Tabelle 5.1: Prozentualer Anteil der Genotypen in den Phänotypenklassen für die Mikrosatellitenmarker 131F2STS2 und S0086 in der F ₂ -Generation	159
Tabelle 5.2: Prozentuale Verteilung der Genotypen des E-Locus in dem weißen Phänotypen der Gesamtpopulation der F ₂ -Generation	160
Tabelle 5.3: Anzahl Tiere des jeweiligen Genotyps des E-Locus in den Farbphänotypklassen weiß und gescheckt für den Genotyp I ^{Pi} des I-Locus	161
Tabelle 5.4: Von der Erwartung abweichende Farbphänotypen (%) für die Kombination der Genotypen des I- und E-Locus und der vermutliche Genotyp des D-Locus	162
Tabelle 5.5: Überblick über die durch den Farbphänotyp und die Farbgene signifikant beeinflussten Leistungsmerkmale	165
Tabelle 5.6: Bereiche des Signifikanzwerts p für die Beziehung der Mikrosatellitenmarker des KIT Locus zu den signifikant beeinflussten Mastleistungsmerkmalen	167
Tabelle 5.7: Standardabweichung, LSQ-Mittelwerte (LSM) und die Differenz (Δ) zwischen den LSMs der homozygoten Genotypen der Mikrosatellitenmarker 131F2STS2 und S0086 für signifikant beeinflusste Merkmale der Mastleistung	168
Tabelle 5.8: Klassische Nomenklatur des KIT-Locus für verschiedene Tierarten	173

8.2 Verzeichnis der Tabellen im Anhang

Tabelle A 1: Anzahl Tiere in den Farbphänotypenklassen für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung und des Schlachtkörperwerts	211
Tabelle A 2: Anzahl Tiere in den Genotypen des E-Locus für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität	211
Tabelle A 3: Anzahl Tiere in den Genotypen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung	212
Tabelle A 4: Anzahl Tiere in den Genotypen des Mikrosatellitenmarkers S0086 für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung	212
Tabelle A 5: Anzahl Tiere in den Genotypen des Tyrosinase-Locus für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung und des Schlachtkörperwerts	213
Tabelle A 6: Allele, Mutationsart, –ort und –Effekt der molekulargenetisch untersuchten Farbloci bei den verschiedenen Tierarten	214

9 Verzeichnis der Abbildungen

Abbildung 2.1: „November“ aus „Les Très Riches Heures du Duc de Berry“ der Brüder Limbourg von ca. 1416	8
Abbildung 2.2: Hieronymus Bosch: „Die Versuchung des heiligen Antonius“ um 1510	8
Abbildung 2.3: Jan Bruegel d.Ä.: „Paradieslandschaft mit Arche Noah“ um 1613	8
Abbildung 2.4: Schematische Darstellung der Melaninsynthese; modifiziert nach KRÄUSSLICH, (1994); TAKEUCHI et al., (1995); LAUKNER, (1998a); KOBAYASHI et al., (1998)	12
Abbildung 2.5: Struktur des Proopiomelanocortin-Vorläufers mit proteolytischen Schnittstellen und Peptiden, nach Cone et al., 1996	13
Abbildung 2.6: Aktivierung der Adenylatcyclase durch Bindung eines Hormons an seinen spezifischen Rezeptor vermittelt durch G-Protein, nach Stryer, 1991	14
Abbildung 2.7: Schematische Darstellung des MC1R, modifiziert nach STRYER, 1991 und LU et al., 1998.	15
Abbildung 2.8: Schematische Darstellung der Mutationen des KIT-Locus beim Schwein (nach MARKLUND, 1997c)	65
Abbildung 2.9: Schematische Darstellung des Zusammenwirkens der Produkte der Farbloci auf die Pigmentbildung 1 (SF ist synonym mit MGF)	67
Abbildung 2.10: Schematische Darstellung des Zusammenwirkens der Produkte der Farbloci auf die Pigmentbildung 2 (SF ist synonym mit MGF)	68
Abbildung 2.11: Schematische Darstellung des Zusammenwirkens der Produkte der Farbloci auf die Pigmentbildung 3 (SF ist synonym mit MGF)	68
Abbildung 2.12: Schematische Darstellung des Zusammenwirkens der Produkte der Farbloci auf die Pigmentbildung 4 (SF ist synonym mit MGF)	69
Abbildung 2.13: Schematische Darstellung des Zusammenwirkens der Produkte der Farbloci auf die Pigmentbildung 5 (SF ist synonym mit MGF)	74
Abbildung 2.14: Schematische Darstellung des Zusammenwirkens der Produkte der Farbloci auf die Pigmentbildung 6 (SF ist synonym mit MGF)	75
Abbildung 2.15: Schematische Darstellung des Zusammenwirkens der Produkte der Farbloci auf die Pigmentbildung 7 (SF ist synonym mit MGF)	76
Abbildung 2.16: Schematische Darstellung des Zusammenwirkens der Produkte der Farbloci auf die Pigmentbildung 8 (SF ist synonym mit MGF)	79
Abbildung 3.1: Struktur der Berliner Ressourcepopulation. Die F ₂ -Generation umfaßt 1.414 Tiere.	85
Abbildung 3.2: PCR-RFLP des MC1R zur Detektion des Allels e	92
Abbildung 3.3: PCR-RFLP zur Detektion des Alleles E ^{D2} oder E ^P	93
Abbildung 3.4: PCR-RFLP zur Detektion des Allels E ^{D1}	94
Abbildung 3.5: Fragmentlängen-Polymorphismus zur Detektion des Allels E ^P	95
Abbildung 3.6: PCR-RFLP des I-Locus zur Detektion des Allels I	96

Abbildung 3.7: PCR-RFLP zur Detektion des Polymorphismus des Tyrosinase Locus	99
Abbildung 4.1: Farbphänotypen der F ₁ -Generation	102
Abbildung 4.2: Farbphänotypen der F ₂ -Generation	105
Abbildung 4.3: Kreuzungsschema für die Vererbung der Allele des E-Locus in der P- und F ₁ -Generation der Ressourcepopulation.	111
Abbildung 5.1: Farbphänotypenaufspaltung in der F ₁ -Generation	158
Abbildung 5.2: Körpermasse der vier Phänotypenklassen der F ₂ -Generation am 200. Lebenstag	166
Abbildung 5.3: Abweichung der Mittelwerte der Genotypen des E-Locus vom Mittelwert der Gesamtpopulation (μ) für die Merkmale Rückenspeckdicke und Speckmaß B in mm	169
Abbildung 5.4: Abweichung der Mittelwerte der Genotypen des Tyrosinase Locus vom Mittelwert der Gesamtpopulation (μ) für die Körpermasse am 50. Tag und Körpermassenzunahme zwischen der Geburt und dem 50. Tag in kg	171

10 Anhang

Tabelle A 1: Anzahl Tiere in den Farbphänotypenklassen für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung und des Schlachtkörperwerts

Merkmal	Phänotyp				gesamt
	Klasse 1	Klasse 2	Klasse 3	Klasse 4	
Körpermasse in kg					
50. d	172	132	470	464	1238
100. d	142	107	378	378	1005
200. d	94	58	205	217	574
Körpermassezunahme in kg/d					
Geburt bis 50. d	172	132	470	464	1238
50. bis 100. d	142	107	378	378	1005
Körperlänge und -höhe in cm					
175. d	84	52	193	201	530
FOM Fleischmaß in mm	94	58	202	213	567
Reflektion	92	58	202	209	561

Tabelle A 2: Anzahl Tiere in den Genotypen des E-Locus für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung, des Schlachtkörperwerts und der Fleischqualität

Merkmal	E ^{D1} E ^{D1}	E ^{D1} E ^P	E ^{D1} e	E ^P e	ee	gesamt
Futtermverwertung						
150. bis 200. d (kg/kg)	18	57	102	62	74	313
Rückenspeckdicke (mm)	39	57	159	62	100	417
Speckmaß B (mm)	39	57	159	62	100	417
Rückenspeck US (mm)	30	56	130	60	83	359
FOM Fleischmaß (mm)	39	57	155	62	98	411
Marmorierung	39	57	159	61	100	416
pH2k	39	57	159	62	100	417

Tabelle A 3: Anzahl Tiere in den Genotypen des Mikrosatellitenmarkers 131F2STS2 für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung

Merkmal	Du/Du	Du/Mi	Mi/Mi	gesamt
Körpermasse in kg				
Geburt	203	351	186	740
50. d	201	346	185	724
100. d	174	303	163	640
200. d	121	201	98	420
Körpermassezunahme in kg/d				
Geburt bis 50. d	201	346	185	724
50. bis 100. d	174	303	163	640
100. bis 200. d	121	201	98	420
Körperbreite, -länge und -höhe in cm				
175. d	106	185	85	376

Tabelle A 4: Anzahl Tiere in den Genotypen des Mikrosatellitenmarkers S0086 für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung

Merkmal	Du/Du	Du/Mi	Mi/Mi	gesamt
Körpermasse in kg				
50. d	153	236	129	518
100. d	148	219	119	486
200. d	130	193	105	428
Körpermassezunahme in kg/d				
Geburt bis 50. d	153	236	129	518
50. bis 100. d	148	219	119	486
100. bis 200. d	130	193	105	428
Körperbreite, -länge und -höhe in cm				
175. d	112	172	98	382

Tabelle A 5: Anzahl Tiere in den Genotypen des Tyrosinase-Locus für die signifikant beeinflussten Merkmale der Mastleistung und des Schlachtkörperwerts

Merkmal	C^cC^c	C^cC^T	C^TC^T	gesamt
Körpermasse in kg				
50. d	53	94	60	207
100. d	46	81	48	175
200. d	36	67	37	140
Körpermassezunahme in kg/d				
Geburt bis 50. d	53	94	60	207
50. bis 100. d	46	81	48	175
Schlachtkörpermasse warm in kg	36	67	37	140
FOM Speckmaß in mm	33	66	35	134
FOM Magerfleisch in %	34	66	37	137

Tabelle A 6: Allele, Mutationsart, –ort und –Effekt der molekulargenetisch untersuchten Farbloci bei den verschiedenen Tierarten

Species	Allel / Effekt	Mutationsart	Mutationsort	Effekt	Quelle
MC1R					
Maus 948bp 1 exon	e	Deletion n549	TM4	Unvollständig	ROBBINS et al., 1993
	E ^{so-3J}	Glu92Lys	TM2	Ständig aktiv	
	E ^{tob}	Ser69Leu	IS1	Hyperaktiv	
	E ^{so}	Leu98Pro	TM2	Ständig aktiv	
Hund 951bp	E	Ser90Gly	TM2	Strukturänderung	NEWTON et al., 2000; EVERTS et al., 2000
	e	Arg306ter	IS4	unvollständig	
Fuchs	E ^A	Cys125Arg		Ständig aktiv	VAGE et al., 1997
Rind	E ^D	Leu99Pro	TM2	Ständig aktiv	KLUNGLAND et al., 1995
	e	Deletion as156		unvollständig	
Schaf	E ^D	Met73Lys	TM2	Ständig aktiv	VAGE et al., 1999
		Asp121Asn	TM3	Bindung erhöht	
Pferd	e	Ser83Phe	TM2	Strukturänderung	MARKLUND et al., 1996
Schwein	E ^{D1}	Val92Met			KIJAS et al., 1998; KIJAS persönliche Mitteilung
		Leu99Pro	TM2	Ständig aktiv	
	E ^{D2}	Asp121Asn	TM3	Ständig aktiv	
		Asp121Asn	TM3		
	e	Insertion n90			
		Ala161Val Ala240Thr	TM6	Nicht funktionsfähig Strukturänderung ?	

Fortsetzung Tabelle A 6: Allele, Mutationsart, –ort und –Effekt der molekulargenetisch untersuchten Farbloci bei den verschiedenen Tierarten

Species	Allel / Effekt	Mutationsart	Mutationsort	Effekt	Quelle	
Mensch 951bp	Typ1 Haut	Asp84Glu	TM2		KOPPULA et al., 1997	
		Val92Met	TM2			
	Rothaarig	Arg151Cys	IS2		Inaktiv	FRÄNDBERG et al., 1998
		Arg160Trp	TM4			
	Hautkrebs rothaarig	Asp294His	TM7		Bindung verringert	REES AND FLANAGAN, 1999
		Ala64Ser	IS1			
		Thr95Met	TM2			
		Val97Ile	TM2			
		Phe76Tyr	TM2			
		Ala103Val				
		Leu106Gln				
		Val60Leu	TM1			
		Thr90Ser				
		Pro162Arg				
		Ala164Arg				
		Arg163Gln	TM4			
		Arg67Val				
		Lys65Asn	IS1			
	Val92Leu	TM2				
	Arg142His	IS2		Bindung verringert	BOX et al., 1997; SCHIÖTH et al., 1999	
Ile155Thr	IS2					
Ala299Thr	TM7					

Fortsetzung Tabelle A6: Allele, Mutationsart, –ort und –Effekt der molekulargenetisch untersuchten Farblocci bei den verschiedenen Tierarten

Species	Allel / Effekt	Mutationsart	Mutationsort	Effekt	Quelle
KIT					
Maus	W ⁴⁴	Insertion		Weniger mRNA	GEISSLER et al., 1988
	W ^x	Umgruppierung			
	W ³⁷				NOCKA et al., 1990
	W ^v	Glu582Lys	TK	Keine Kinaseaktivität	
	W ⁴¹	Thr660Met	TK	Kinaseaktivität ↓	
	W	Val831Met	TK	Kinaseaktivität ↓	
	W ^{ei}	Deletion	TM	Keine Kinaseaktivität	DE SEPULVEDA et al., 1994
		Gly597Ala	TK	Keine Kinaseaktivität	
	W ⁵⁷	Deletion	Regulativ	Expression reduziert	KLÜPPEL et al., 1997
	W ^{bd}	Insertion	Regulativ	Expression reduziert	
W ^{sh}	Inversion ?	Regulativ	Misexpression	DUTTLINGER et al., 1995	
W ^{19H}	Deletion KIT und PDGFRA	Regulativ	Gen zerstört	NAGLE et al., 1994	
Ziege	keine	Insertion	TK	speziesspezifisch	TANAKA et al., 1997
Pferd	Rn	Insertion zw. Exon 1 und 2		Keine Funktion	MARKLUND et al., 1997
Schwein	I	Duplikation/Deletion/G→A Substitution Intron 17	Gesamtes Gen	Keine Kinaseaktivität	MARKLUND et al., 1997
	I ^p	Duplikation	Gesamtes Gen	Kinaseaktivität reduziert	
	Be			regulativ	GIUFFRA et al., 1999
Mensch 21 Exons	Neoplasien	Val560Gly	TM	Ständig aktiv	ANDERSSON, L.C.; 1998
	Piebaldism	Asp816Val	TK	Hydrophilie	GIEBEL AND SPRITZ, 1991
		Gly664Arg	TK		
		Exon13 deletion			FLEISCHMANN et al., 1991

Fortsetzung Tabelle A6: Allele, Mutationsart, –ort und –Effekt der molekulargenetisch untersuchten Farblozi bei den verschiedenen Tierarten

Species	Allel / Effekt	Mutationsart	Mutationsort	Effekt	Quelle
Dpp6					
Maus	Rw	Inversion ab AS 495	C-terminale Region	Gen zerstört	HOUGH et al., 1998
PDGFRA					
Maus	Ph	Deletion	regulativ	Misexpression	DUTTLINGER et al., 1995
MGF					
Maus	SI, SI ^{9b} , SI ^J , SI ^{10H} , SI ^{8H} , SI ^{12H} , SI ^{18H} SI ^d SI17H SI ^{pan} , SI ^{con}	Deletionen zw. 120 und 810 kb Intragene Deletion Punktmutation Umgruppierung	Regulativ Regulativ IR	Gen zerstört Kein membrangebundener MGF Keine zytoplasmatische Region Veränderte MGF Verteilung	BEDELL et al., 1996
Rind 9 Exons	rn	Ala193Asp		Strukturänderung, keine Rezeptorbindung	SEITZ et al., 1999

Fortsetzung Tabelle A6: Allele, Mutationsart, –ort und –Effekt der molekulargenetisch untersuchten Farbloci bei den verschiedenen Tierarten

Species	Allel / Effekt	Mutationsart	Mutationsort	Effekt	Quelle
Agouti					
Maus 730bp, 4 Exons	A ^y	Deletion	Exon 1	Vergrößertes Transkript, Ubiquitäre Expression	TAKEUCHI et al., 1995
	a	Insertion	Regulativ	Verminderte Expression	BULTMANN et al., 1992
	a ^t	Insertion	Intron 1, regulative	Lokale Expression	
	A ^{iapy} , A ^{iy} , A ^{sy} , A ^{vy}	Insertion	Regulativ	Ubiquitäre Expression	PERRY et al., 1994
	a ^x	Deletion	Regulativ	Verminderte Expression	MILLER et al., 1994
	a ^{16H}	Cys16Arg		Strukturänderung, kein Transport und Sekretion	HUSTAD et al., 1995
	a ^e	Deletion	Regulativ	Keine Translation	CHEN et al., 1996
	a ^{mJ}	Deletion	Regulativ	Expression ↓	
	a ^{da}		Regulativ	Expression ↓	
	a ^{18H}	Inversion	Regulativ	Expression ↓	
A ^w	Duplikation + Inversion	Regulativ	Ventral- und Haarzyklus-spezifische Expression		
Fuchs	a	Deletion Exon 2	Regulativ	Keine Translation	VAGE et al., 1997
TYR					
Mensch 5 Exons	OCA1	88 Mutationen Deletionen, Insertionen, Punktmutationen	Exon 1 - 5	Rev. OETTINGER and KING, 1999	OETTINGER and KING, 1999

Fortsetzung Tabelle A6: Allele, Mutationsart, –ort und –Effekt der molekulargenetisch untersuchten Farbloci bei den verschiedenen Tierarten

Species	Allel / Effekt	Mutationsart	Mutationsort	Effekt	Quelle
Maus	C	Cys85Ser		Strukturänderung, Funktionsverlust	JACKSON, 1991
	c ^h	His420Arg	TM	Stabilität und Aktivität ↓	JACKSON, 1997
	c ^{ch}	Ala464Thr			
	c ^{44H}	Ser128Ile	Regulativ	Aktivität ↓	WU et al., 1997
	C ^{m10R}	Insertion		Expression ↓	
c ^m	Umgruppierung	Promoteraktivität verstärkt		JACKSON, 1997	
POMC					
Mensch		G7013T	Stop, Exon 3	Verlust von ACTH, α-MSH, β-Endorphin	KRUDE et al., 1998
		Deletion 7133	Frameshift, Exon 3	Keine Rezeptorbindung von ACTH und α-MSH	
		C3804A	Exon 2	Keine POMC Translation	
Mgca					
Maus	mg ^{3j}		Regulativ	Keine Expression	GUNN et al., 1999
	mg	Insertion	TM	Abnorme Expression	
	mg ^l	Insertion	TM	Abnorme Expression	
TYRP1					
Maus	b	Cys86Tyr	EGF Motiv	Keine mRNA	JACKSON, 1997
	b ^{Pas}				
	b ^c	Arg46Cys	Intron 1	mRNA reduziert	JAVERZAT AND JACKSON, 1998
	B ^h			Inversion	
B ^w			Keine Transkription		
	b ^l	Deletion		Verlust benachbarter Loci	RINCHIK et al., 1994
Mensch	OCA3	1bp Deletion,	Exon 6	Keine Expression	BOX et al., 1998

Fortsetzung Tabelle A 6: Allele, Mutationsart, –ort und –Effekt der molekulargenetisch untersuchten Farblocci bei den verschiedenen Tierarten

Species	Allel / Effekt	Mutationsart	Mutationsort	Effekt	Quelle
TYRP2					
Maus	slt	Arg194Glu	Cu-Bindung		JACKSON, 1994
Myo5a					
Maus	d	Deletion	Schwanz-Region	Expression reduziert	HUANG et al., 1998
	d ^{x-n}	Punktmutationen, induziert	Kopf-Region/ Schwanz-Region	Missense	
Ratte	dop	Deletion	Kopf-Region	Expression reduziert	FUTAKI et al., 2000
Atp7a					
Maus	mo ^{blo}	A→C an Splice Stelle	Verlust von Exon 11	Verändertes Transkript	CECCHI et al., 1997
	mo ^{vbr}	Lys1036Thr	Phosphorylierungsregion	Funktion verringert	
	mo ^{Xm}			Expression reduziert	
EDNRB					
Mensch	HSCR	Asp104Ile Cys109Arg Tryp276Cys	IS4 TM1 TM5	Ca-Anstieg ↓ Lokalisation geändert Funktion verringert	TANAKA et al., 1998 KURIHARA et al., 1999
Ratte	sl	Deletion	Exon1; TM1+2	Funktionsverlust	GARIEPY et al., 1996
Pferd	overo	Ile118Lys	TM1		SANTSCHI et al., 1998 YANG et al., 1998

Fortsetzung Tabelle A6: Allele, Mutationsart, –ort und –Effekt der molekulargenetisch untersuchten Farblozi bei den verschiedenen Tierarten

Species	Allel / Effekt	Mutationsart	Mutationsort	Effekt	Quelle
LYST					
Mensch	CHS	Deletion 489/3073 Duplikation 40 Insertion 633 Deletion 3197 Substitution 148/1103/3085	Stop Stop bei 638 Stop bei 3258	Funktionsverlust	INTRONE et al., 1999
Maus	bg bg ^{8j}	Insertion 2235 C2027T	Stop Stop	Funktionsverlust	PEROU et al., 1996
Ratte	bg	Deletion		Protein unvollständig	MORI et al., 1999
Rind	CHS	His2015Arg		Strukturänderung	KUNIEDA et al., 1999
HPS1					
Mensch	HPS	Duplikation Thr322Cys Ser396Cys	Exon 15 Stop		TORO et al., 1999
PAX3					
Mensch	WS I+III	Deletionen Pro→Leu Gly48Ala Ser84Phe Asn47Lys Asn47His	Exon 2 +4 Exon 2		BALDWIN et al., 1992 MCKUSICK et al., 1986-2000
Maus	Sp ^r , Sp ^{2H} , Sp ^{4H} Sp Sp ^d	Deletionen AG→TG Gly42Arg	 Intron 3	 Splice Mutation Expression ↓	JACKSON, 1994

Fortsetzung Tabelle A6: Allele, Mutationsart, –ort und –Effekt der molekulargenetisch untersuchten Farbloci bei den verschiedenen Tierarten

Species	Allel / Effekt	Mutationsart	Mutationsort	Effekt	Quelle
gp100					
Maus	si	G1808A Insertion	Stop		MARTINEZ-EZPARZA et al., 1999 JACKSON, 1994
MITF					
Maus	mi, mi ^{ws}	Deletion			JACKSON, 1994
Pink eye dilution					
Maus	p ^{6H} , p ^{cp} p ^J p p ^{un} p ^{bs}	Deletion Deletion Duplikation Umgruppierung		mRNA verkleinert Keine mRNA mRNA vergrößert mRNA verkleinert	JACKSON, 1994

11 Verzeichnis der Abkürzungen

A	Agouti / Adenin
a.p.	ante partum
A ^a	nonagouti Schaf, Ziege
A ^b	Agouti badger Rind, Schaf, Ziege, Schwein
A ^{bl}	Agouti blue Schaf
A ^{blm}	Agouti black mask Ziege
A ^{bz}	Agouti bezoar Ziege
ACTH	Adreno-Corticotropes-Hormon
ACTHR	Adreno-Corticotropes-Hormon-Rezeptor
A ^d	Agouti dun Rind
a ^e	extreme non-agouti
A ^{ep}	Agouti eye patch Schaf
A ^g	Agouti grey Schaf, Ziege
AG	Agouti
A ^{gb}	Agouti grey belly Schaf
A ^{gg}	Agouti gotland grey Schaf
Agrp	Agouti related protein
A ^{gt}	Agouti grey and tan Schaf
A ⁱ	intermediate Agouti / Agouti inverse Rind
A ^{iy}	Agouti intermediate yellow
A ^l	Agouti light Rind
Ala	Alanin
A ^{lb}	Agouti light badgerface Schaf / Agouti light belly Ziege
ALB	Albumin
A ^{lbl}	Agouti light blue Schaf
A ^{lg}	Agouti light grey Schaf
A ^{ls}	Agouti lateral stripes Schaf, Ziege
A ^{mh}	Agouti mahogany Ziege
α-MSH	alpha-Melanocyten stimulierendes Hormon
AP3	Adaptor protein complex 3
A ^r	Agouti red Rind
A ^{rc}	Agouti red cheek Ziege
Arg	Arginin
A ^s	Agouti suppressor / Agouti schwarz Rind
a ^s	Agouti sepia Schwein

AS	Aminosäure
A sm	Agouti swiss marked Schaf, Ziege
Asn	Asparagin
AsP	Australian Piebald Schaf
ASP	Agouti signalling protein
Asp	Asparaginsäure
a ^t	black and tan
a ^{td}	agouti tanoid
ATP	Adenosintriphosphat
Atp7a	Cu ²⁺ Transport ATPase
ATPase	ATP abhängiger Transportmechanismus
A ^{vy}	Agouti viable yellow
A ^w	light bellied Agouti / Agouti white bellied Schwein
A ^{wt}	Agouti white Schaf, Ziege
a ^x	lethal non-agouti
A ^y	agouti yellow
B	brown
b	black
b6p	black 6 points white
BAC	Bacterial artificial chromosome
B ^b	brown Schaf / medium brown Ziege
B ^{bl}	light brown Ziege
b ^c	brown cordovan
B ^d	dark brown Ziege
B ^{dg}	blanc dominant Fjällras Rind
B ^{dm}	blanc dominant shorthorn Rind
Be ^w	belted Schwein
bg	beige
B ^k	brown Kenewenka Schwein
Bl	blaze Rind
Blo	blotched
B ^{lt}	brown light
β-MSH	beta-Melanocyten stimulierendes Hormon
BOCA	brown oculocutaneous albinism
bp	base pairs
b ^s	brown swiss Rind

BSA	Bovine Serum Albumin
BspH	Bacillus species H
bt	belted
B-Zellen	Abwehrzellen vom Gedächtnistyp
C	albino
C	Cytosin
°C	Grad Celsius
c ^a	albino Rind
cAMP	cyclisches Adenosinmonophosphat
C ^c	albino Schaf
c ^{ch}	albino chinchilla
C ^{cr}	albino cremello Pferd
CDA	Colour dilution alopezia
c ^e	extreme dilution
c ^h	albino himalayan
Ch ^c	Champagne Pferd
CHS	Chédiak-Higashi-Syndrom
c-kit	zelluläre Rezeptor Tyrosinkinase
cm	centimeter
cM	centi Morgan
C ^{mar}	albino marrabel Schaf
c ^p	albino platin
c ^r	crinkled
C ^s	color sided Rind
CSF1	colony stimulating factor 1
c ^u	partieller Albinismus Rind
Cu ²⁺	Kupferion
Cys	Cystein
D	Duroc
d	Dilution / day
da	dark
d ^f	dilution Fleckvieh Rind
DHICA	Dihydroxyindolcarboxylacid
d ^l	dilution lethal
DMSO	Dimethylsulfoxid
DNA	Desoxyribonucleinacid

dNTP	Desoynucleotidtriphosphat
dop	dilution opisthotonus Ratte
DOPA	3,4-Dihydroxyphenylalanin
Dpp6	Dipeptidyl aminopeptidase like protein 6
d ^s	dilution sepiä Schwein
d ^{su}	dilution supressor
E	extension / normal extension of black Schwein
e.V.	eingetragener Verein
EA	Extension Alaska silver Fuchs
E ^{bl}	extension blackisch Schaf
e ^{br}	extension bringé Rind
E ^{br}	extension brownish Schaf
E ^d	extension dominant Rind, Schaf, Pferd, Schwein
EDN 3	Endothelin 3
EDNRB	Endothelin B Rezeptor
EDTA	Ethylendiamintetraacetat
Ej	extension japanese brindling Schaf
e ^j	red and black Schwein
e ^p	pale ears
E ^p	spotted Schwein
E ^{so}	extension sombre
E ^y	extension yellowish Schaf
F	flexed tail anaemia
F ₁	filial 1
FOM	fat-o-meater
G	grey Pferd / Guanin
g	Gramm
GbR	Gemeinschaft bürgerlichen Rechts
g ^l	grey lethal
GLM	general linear model
Gln	Glutamin
Glu	Glutaminsäure
Gly	Glycin
γ-MSH	gamma-Melanocyten stimulierendes Hormon
GnRH	Gonadotropin Releasing Hormon
gp100	100 kiloDalton glycoprotein

G-Protein	Guanylnucleotidbindendes Protein
Gs	greasy
GS	Griscelli Syndrom
h	hours
h ²	Heritabilität
H ₂ O	Wasser
HCl	Hydrochlorid
He	Hereford Schwein
Hha	Haemophilus haemolyticus
His	Histidin
HIV	Humanes Immundefizienz Virus
HPS	Hermansky-Pudlak-Syndrom
I	inhibition of colour Schwein
I ^{Be}	Inhibition belted Schwein
I ^d	dilution Schwein
Ile	Isoleucin
i ^m	inhibition Mangalitza Schwein
I ^p	patched Schwein
IS	intrazelluläre Schleife
Jh.	Jahrhundert
k	Kotelett
kB	kilobasen
KCl	Kaliumchlorid
kg	Kilogramm
le	light ears
Leu	Leucin
LEWE	Leipzig-Wendefeld
In	leaden
LP	Leopard Pferd
Ls	lethal spotting
LSM	Least Squares Means
LSQ	Least Square
LWFS	lethal white foal syndrome
Lys	Lysin
LYST	Lysosome trafficking regulator
M	markings Pferd / Miniaturschwein / Mol

m	misty
MC1R	Melanocortin-1-Rezeptor
md	mahoganoid
Met	Methionin
mg	mahogany
Mgca	mahogany candidate
MgCl ₂	Magnesiumchlorid
MGF	Mast cell growth factor
Mi	Microphthalmia
min	Minuten
MITF	microphthalmmy transcription factor
Mi ^{wh}	Mikrophthalmia white
ml	milliliter
MluN	Micrococcus luteus
mm	millimeter
mM	millimol
Mo	mottled
MspA	Moraxella species A
MYH12	Myoxin
Myo 5A	Myosin heavy polypeptide kinase
µm	Mikrometer
n	Nukleotid / Tierzahl
NaCl	Natriumchlorid
ng	nanogramm
NH ₄	Ammonium
Nla	Neisseria lactamica
nm	nanometer
O	overo Pferd
OA	ocular albinism
OCA1	oculocutaneous albinism type 1
od	optische Dichte
p	pink eye dilution / pie Schwein / parental / Signifikanzniveau
p.p.	post partum
PAX3	paired box gene 3
pb	patched black
PCR	Polymerase Chain Reaction

p ^d	pink eye dilution dark pink eye
PDGF	Platelet derived growth factor
PDGFRA	platelet derived growth factor receptor a subunit
pe	pearl
Ph	patched
PH	pigmented Head Schaf
Phe	Phenylalanin
pH-Wert	Einheit der Säurebestimmung
pl	platino
p ^m	pink eye dilution mosaiq
PMEL17	Melanocyte protein 17
pmol	pikomol
POMC	Proopiomelanocortin
p ^r	pink eye dilution japanese ruby
pr	patched red
PRA	progressive Retinaatrophie
Pro	Prolin
p ^s	pink eye dilution sterile
p ^{un}	pink eye unstable
QTL	Quantitative trait loci
R	roan Ziege / red eye dilution Schwein
r	red
r6p	red 6 points white
Ra	ragged
RFLP	Restriktions-Fragmentlängen-Polymorphismus
Rn	roan
RNA	Ribonucleinacid
ROCA	rufuos oculocutaneous albinism
rpm	rounds per minute
rspb	red spotted black
rspb6p	red spotted black 6 points white
ru	ruby eye
Rw	rump white
S	piebald / Spotting Rind, Schaf
s	Standardabweichung
s.e.	Standardfehler

S ^c	Spotting cinta Ziege
SDS	Sodiumdodecylsulfat
Ser	Serin
SF	Steel factor
SH	spotting Hereford Rind
si	Silver
Sl	Steel
Sp	splotch
SP	spotted Pinzgauer Rind, Schwein
spb	spotted black
spbpict	spotted black Piétrain
spr	spotted red
Str	striated
SuB	Sur Bukhara Schaf
SuS	Sur Surkhandarya Schaf
T	Thymin
Ta	tabby
Taq	Thermus aquaticus
TBE	Tris Borsäure EDTA
te	light head
TE	Tris EDTA
TEMED	Tetramethylethylendiamin
Thr	Threonin
Ti	Ticking Schaf
TK	Tyrosinkinase
TM	transmembrane Region
To	tortoiseshell / Tobiano Pferd
tric	tricolor
Tris	Trishydroxymethylaminomethan
Trp	Tryptophan
TYR	Tyrosinase
Tyr	Tyrosin
TYRP-1	Tyrosinase related protein 1
T-Zellen	Abwehrzellen vom Soforttyp
U	umbrous / Units
u	Mittelwert

USA	United States of America
UV	ultraviolett
uw	underwhite
V	Volt
Va	Varritin Waddler
Val	Valin
W	dominant white spotting / white Pferd
w	white
wn	white nose
Ws	white spotting Ratte
x	Mittelwert
x^2	Chi Quadrat
Z	silver dapple Pferd

Lebenslauf

Name: Krista Siebel

Geburtsdatum: 24.06.1970

Geburtsort: Stuttgart

Familienstand: ledig

Eltern: Vater Hans-Dieter Siebel

Mutter Ursula Siebel, geb. Freudenberg

Ausbildung:

1976 – 1980 Grundschule Hemmingen, Baden-Württemberg

1980 – 1990 Gymnasium Korntal-Münchingen, Baden-Württemberg, Schulabschluß
Abitur

1991 – 1997 Studium der Veterinärmedizin an der Humboldt-Universität zu Berlin,
nach der Fusion der Fachbereiche 1993 an der Freien Universität Berlin
Staatsexamen und Approbation als Tierarzt

1998 - 2000 Anstellung beim Schweinezucht- und -produktionsverband
Brandenburg

ab 02/2001 Selbständige Tätigkeit

Danksagung

Vielleicht ist es gar nicht so verwunderlich, daß ich, angeregt durch die Vielfalt der Haarfarben in meiner Familie, mir bereits sehr früh Gedanken über die Vererbung dieses Merkmals gemacht habe. Gefördert durch die schulische und universitäre Ausbildung fand ich dieses Interesse neu geweckt, als mir eine Untersuchung an einer Schweinepopulation mit einer breiten Variation an Fellfarben als Promotionsthema in Aussicht gestellt wurde. Ich danke Herrn Prof. S. Risse und Herrn Prof. G. Leuthold sehr herzlich dafür, daß sie mir dieses Thema überlassen und die etwas abenteuerlich anmutende Grundtheorie immer mit allen Kräften unterstützt haben.

Ohne die wissenschaftliche Anleitung und kritische Betreuung des Projekts durch PD Dr. T. Hardge, der mir das Untersuchungsmaterial zur Verfügung gestellt hat und mir immer mit Rat und Tat zur Seite stand, wäre die Arbeit in dieser Form nicht möglich gewesen. Ich danke ihm besonders für eine kreative, anregende und unkomplizierte Zusammenarbeit.

Aller Anfang ist schwer und so möchte ich mich besonders beim Team des Molekulargenetischen Labors des Fachbereichs bedanken. Frau A. Ackermann, Herr M. Kluge, Frau B. Mayer, Frau K. Peschel und Frau A. Schröder haben mit viel Geduld, Freundlichkeit und Kompetenz ihr Wissen über die technische Durchführung der molekulargenetischen Untersuchungen weitergegeben.

Einen besonderen Dank möchte ich an Frau C. Hoffmann richten, die durch ihren unermüdlischen Einsatz im Bibliothekendschongel bei der Beschaffung der Fachliteratur eine große Hilfe war.

Eine Voraussetzung für das Gelingen der Arbeit war die Erfassung der Leistungsdaten zunächst in der Versuchstation der Universität in Berlin-Dahlem und später in der Lehr- und Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung Ruhlsdorf / Groß-Kreutz. Ich danke Frau Dr. H. Michulitz, Herrn P. Kannegießer, Herrn J. Fuchs, Frau B. Raatsch, Frau C. Ebertus, Herrn U. Kießling, Herrn W. Kuschke aus der Versuchstation Dahlem und Dr. G. Nitsche, Dr. H. Redel und Herrn H. Lau der Versuchsanstalt Ruhlsdorf für ihre freundliche und gewissenhafte Unterstützung.

Ich habe es als ein Glück empfunden, daß mir der DAAD es ermöglichte, mir detaillierte Erkenntnisse und Methoden zur Untersuchung der Farbvererbung beim Schwein durch einen Aufenthalt an der Schwedischen Universität für Landwirtschaft in Uppsala anzueignen. Die Zusammenarbeit mit Prof. L. Andersson und Dr. J. Kijas hat einen großen Teil zu meiner Arbeit beigetragen und ihre Diskussionen und Anregungen haben mir wertvolle Aspekte des Projekts verdeutlicht und eröffnet. In diesem Zusammenhang danke ich auch namentlich Dr. V. Amarger und Dr. E. Giuffra, sowie der gesamten Belegschaft des molekulargenetischen Labors, die mir immer hilfreich zur Seite standen.

Bei der Aufarbeitung und Verwertung der biostatistischen Daten war mir Frau I. Körnicke eine unschätzbare Hilfe. Ich danke ihr für ihren Einsatz bei der statistischen Bearbeitung.

Danksagung

Ich möchte mich auch bei Frau H. Irgang für die sorgfältige Durchsicht und Frau Dr. A. Tripler für die Formatierungshilfe bei meiner Arbeit bedanken.

Nicht zuletzt bedanke ich mich bei Northan und Nina, die dafür gesorgt haben, daß mich meine gute Laune und meine Motivation nicht verlassen haben.



Erklärung

Hiermit erkläre ich, daß ich die vorliegende Dissertationsarbeit selbständig und ohne fremde Hilfe ausschließlich unter Verwendung der angegebenen Quellen und Hilfsmittel verfaßt habe.

Berlin, 17. Juli 2001

Krista Siebel