

# GENETISCHE DIFFERENZIERUNG ZWISCHEN SCHWEINE-ZUCHTLINIEN AN HAND VON BLUT- UND ENZYMPOLYMORPHISMEN

Genetic differentiation between lines of pigs using  
blood- and enzyme polymorphism

Différenciation génétique entre des lignées porcines au moyen  
de polymorphismes sanguins et enzymatiques

D. VERHORST \*  
J.-N. MEYER \*  
E. GROENEVELD \*  
P. GLODEK \*

## EINFÜHRUNG

Der genetische Abstand zwischen natürlichen Populationen wurde in der Vergangenheit häufig für völker- oder rassenkundliche Studien verwendet und hat in diesem Zusammenhang auch in die Tierzucht Eingang gefunden (ZETNER *et al.*, 1972; DINKLAGE und GRUHN, 1969; KEESE, 1972; MAJOR *et al.*, 1968).

Bei derartigen Untersuchungen bedient man sich vorwiegend serologisch oder elektrophoretisch identifizierbarer Polymorphismen als Stichprobe für die Segregationsverhältnisse im Gesamtgenom der untersuchten Populationen. Je größer die Stichprobe biochemisch eindeutig bestimmbarer Genorte ist, desto genauer läßt sich der Verwandtschaftsgrad zwischen verschiedenen Populationen abschätzen, da die Repräsentativität verbessert wird.

Besondere Bedeutung dürften solche Untersuchungen für die Aufstellung von Heterosiszuchtprogrammen haben, wenn es darum geht, quantitativ vergleichbare Zuchtlinien in richtiger Stellung in ein Mehrfachkreuzungsprodukt einzubauen. Wenn nämlich, wie SHULL (1908) behauptet und bisher nicht widerlegt erhalten hat, der Heterozyotiegrad von Kreuzungsprodukten ausschlaggebend für die in niedrig erblichen Merkmalen auftretenden Heterosiseffekte ist, so können Informationen über die genetischen Abstände zwischen Zuchtlinien von großem praktischen Wert sein.

Im Rahmen eines laufenden Forschungsvorhabens studieren wir die Zusammenhänge zwischen Heterozyotiegrad und Heterosiseffekten in Schweinekreuzungen und hier soll vorgestellt werden, wie wir die genetischen Abstände zwischen den Linien ermittelt haben.

---

\* Institut für Tierzucht und Haustiergenetik der Universität Göttingen, 34 Göttingen, Albrecht-Thaer-Weg, 1, Bundesrepublik Deutschland.

In die vorliegende Untersuchung wurden Stichproben von Tieren aus neun Schweinezüchtlinien eines nationalen Gebrauchskreuzungsprogrammes einbezogen. Die «Linien» wurden aus genetisch möglichst breiten Stichproben der leistungsstärksten westeuropäischen und nordamerikanischen Schweinerassen begründet; dieses Material entstammt der ersten Zuchtgeneration.

Mit Hilfe der horizontalen Stärkegelelektrophorese wurden von VERHORST (1973) an insgesamt 2200 Tieren zwölf Serumprotein- und Enzymsysteme untersucht. Mit Ausnahme der Esterase wurde für alle Systeme Polymorphismus gefunden und die entsprechenden Allelfrequenzen sind in den Tabellen 1 und 2 nach Linien zusammengestellt worden.

TABELLE 1  
ALLELFREQUENZEN DER PROTEIN- UND ENZYMSYSTEME IM SERUM  
VON 9 SCHWEINEZÜCHTLINIEN

Linie	N	Transferrin			Präalbumin		Amylase				Ceruleplasmin	
		Tf <sup>A</sup>	Tf <sup>B</sup>	Tf <sup>C</sup>	Pra <sup>A</sup>	Pra <sup>B</sup>	Am <sup>A</sup>	Am <sup>B</sup>	Am <sup>Bf</sup>	Am <sup>C</sup>	Cp <sup>1</sup>	Cp <sup>2</sup>
1	304	0.030	0.967	0.003	1.00	0.000	0.007	0.990	0.003	0.000	0.000	1.00
2	279	0.351	0.649	0.000	0.213	0.787	0.045	0.955	0.000	0.000	0.000	1.00
3	267	0.000	1.00	0.000	0.562	0.438	0.028	0.914	0.058	0.000	0.011	0.989
4	394	0.010	0.990	0.000	0.472	0.528	0.070	0.923	0.005	0.003	0.000	1.00
5	210	0.279	0.721	0.000	0.752	0.248	0.243	0.757	0.000	0.000	0.000	1.00
6	270	0.028	0.972	0.000	0.498	0.502	0.000	1.00	0.000	0.000	0.000	1.00
7	255	0.276	0.724	0.000	0.494	0.506	0.100	0.900	0.000	0.000	0.000	1.00
8	93	0.005	0.995	0.000	0.500	0.500	0.102	0.898	0.000	0.000	0.000	1.00
9	134	0.175	0.825	0.000	0.556	0.444	0.000	1.00	0.000	0.000	0.000	1.00

  

Linie	Hämopexin					Alkalische Phosphatase			Esterase	
	Hpx <sup>0</sup>	Hpx <sup>1</sup>	Hpx <sup>1f</sup>	Hpx <sup>2</sup>	Hpx <sup>3</sup>	Akp <sup>A</sup>	Akp <sup>B</sup>	Akp <sup>C</sup>	Es <sup>A</sup>	Es <sup>B</sup>
1	0.000	0.635	0.038	0.007	0.321	0.008	0.980	0.012	0.000	1.00
2	0.159	0.624	0.000	0.129	0.088	0.002	0.934	0.065	0.000	1.00
3	0.000	0.803	0.013	0.047	0.137	0.017	0.968	0.015	0.000	1.00
4	0.003	0.613	0.009	0.049	0.326	0.008	0.926	0.066	0.000	1.00
5	0.005	0.637	0.005	0.007	0.346	0.002	0.861	0.137	0.000	1.00
6	0.000	0.625	0.013	0.009	0.353	0.075	0.897	0.028	0.000	1.00
7	0.033	0.900	0.024	0.000	0.043	0.016	0.953	0.031	0.000	1.00
8	0.075	0.575	0.000	0.032	0.317	0.000	0.914	0.086	0.000	1.00
9	0.000	0.261	0.000	0.045	0.694	0.000	0.929	0.071	0.000	1.00

Der genetische Abstand zwischen verschiedenen Populationen ist auf verschiedene Weise dargestellt worden; VERHORST (1973) verwendete beispielsweise vier verschiedene Maße, die zu sehr ähnlichen Ergebnissen führten. Aus ihrer Arbeit soll hier der Ähnlichkeitsindex nach MAIJALA (1966) verwendet werden.

TABELLE 2

ALLELFREQUENZEN DER ENZYME IM ERYTHROZYTENHÄMOLYSAT VON 9 SCHWEINEZUCHTLINIEN

Linie	N	Carboanhydrase		Phosphohexose Isomerase		6-Phosphogluconat-Dehydrogenase		Glucose-6-Phosphat Dehydrogenase			Saure Phosphatase	
		CA <sup>A</sup>	CA <sup>B</sup>	PHI <sup>A</sup>	PHI <sup>B</sup>	6-PGD <sup>A</sup>	6-PGD <sup>B</sup>	G-6-PD <sup>A</sup>	G-6-PD <sup>B</sup>	G-6-PD <sup>C</sup>	AEP <sup>A</sup>	AEP <sup>B</sup>
1	304 (160)	0.000	1.00	0.123	0.877	0.811	0.189	0.030	0.964	0.007	0.422	0.578
2	279 (144)	0.004	0.996	0.156	0.844	0.898	0.102	0.004	0.989	0.007	0.449	0.551
3	267 (204)	0.021	0.979	0.000	1.00	0.347	0.653	0.045	0.955	0.000	0.589	0.411
4	394 (209)	0.051	0.949	0.079	0.921	0.348	0.652	0.013	0.987	0.000	0.461	0.539
5	210 (114)	0.000	1.00	0.675	0.325	0.678	0.322	0.060	0.935	0.005	0.471	0.529
6	270 (124)	0.000	1.00	0.306	0.694	0.740	0.260	0.011	0.985	0.004	0.687	0.313
7	255 (134)	0.006	0.994	0.399	0.601	0.853	0.147	0.151	0.849	0.000	0.438	0.562
8	93 (69)	0.005	0.995	0.232	0.768	0.668	0.332	0.022	0.978	0.000	0.440	0.560
9	134 (80)	0.000	1.00	0.494	0.506	0.288	0.712	0.000	0.970	0.030	0.473	0.527

Die Anzahl Untersuchungen in der Phosphohexose - Isomerase ist in Klammern angegeben.

In einer grundsätzlichen Arbeit setzt sich GREGORIUS (1974) mit den mathematischen Eigenschaften verschiedener Abstandsmaße auseinander und schlägt als einfachsten, allen Anforderungen genügenden Parameter zur Messung des genetischen Abstandes zwischen den Populationen  $X$  und  $Y$  an einem Genort vor:

$$d_o(x, y) = 1/2 \sum_{i=1}^n |x_i - y_i|$$

Darin sind  $x_i$  und  $y_i$  die an Stichproben geschätzten relativen Frequenzen der  $n$  Allele des betrachteten Genortes. Der so für jeden Genort berechnete genetische Abstand kann wie folgt über  $k$  Genorte gemittelt werden:

$$d_o(x, y) = \sum_{j=1}^k a_j \cdot 1/2 \sum_{i=1}^n |x_{ij} - y_{ij}|$$

worin die  $a_1, \dots, a_k$  Wägefaktoren darstellen, deren Summe = 1 ist; im ungewogenen Fall, wie in dieser Studie ist  $a_i$  die Konstante  $1/k$ .

#### ERGEBNISSE UND DISKUSSION

Die in Tabelle 3 zusammengestellten mittleren Abstandsmaße stimmen im wesentlichen überein, wie auch die Korrelation von  $r = -0.93$  zum Ausdruck bringt.

Das geringste arithmetische Mittel für den genetischen Abstand zu allen einbezogenen Linien zeigt Linie 8 mit 0.093 bzw. 0.973, das höchste die Linie 9 mit 0.142 bzw. 0.938.

Für die Auswahl der aussichtsreichsten Kreuzungspartner sind jedoch die genetischen Abstände zwischen den einzelnen Linienkombinationen maßgebend, die zwischen 0.057 und 0.183 bzw. 0.993 und 0.903 schwanken. Teilt man die Skala der genetischen Abstände willkürlich in die drei Klassen klein ( $d_o < 0.12$ ), mittel ( $0.12 < d_o < 0.15$ ) und groß ( $d_o > 0.15$ ) ein, so lassen sich diesen die Linienkombinationen wie folgt zuordnen:

$d_o$	Linienkombination
$< 0.12$	14, 16, 18, 27, 28, 34, 36, 38, 46, 48, 49, 57, 58, 67, 68, 78
0.12- 0.15	12, 13, 15, 17, 24, 26, 37, 39, 47, 56, 59, 69, 89
$> 0.15$	19, 23, 25, 29, 35, 45, 79

Unter der eingangs aufgestellten Hypothese sollten Testkreuzungen aus der untersten Klasse die höchsten und solche aus der obersten die niedrigsten Heterosiseffekte in niedrig erblichen Merkmalen bringen, während dazwischen mittlere Effekte zu erwarten wären.

TABELLE 3

MITTLERER GENETISCHER ABSTAND  $d_o$  NACH GREGORIUS (1974) RECHTS OBEN UND AEHNLICHKEITSINDEX  $r$  NACH MAIJALA (1966)  
LINKS UNTEN FÜR 9 SCHWEINEZUCHTLINIEN

Linie										$d_o$	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	$\bar{X}$	$s$
1	—	0.138	0.131	0.112	0.138	0.098	0.136	0.091	0.171	0.126	0.026
2	0.922	—	0.164	0.132	0.165	0.130	0.099	0.106	0.181	0.139	0.029
3	0.952	0.935	—	0.057	0.183	0.111	0.147	0.102	0.136	0.129	0.039
4	0.949	0.943	0.993	—	0.157	0.094	0.143	0.059	0.106	0.108	0.037
5	0.949	0.922	0.918	0.929	—	0.131	0.117	0.112	0.136	0.142	0.024
6	0.964	0.963	0.968	0.972	0.959	—	0.111	0.059	0.128	0.108	0.024
7	0.951	0.976	0.943	0.943	0.967	0.972	—	0.097	0.154	0.126	0.022
8	0.970	0.968	0.976	0.986	0.960	0.990	0.973	—	0.120	0.093	0.023
9	0.922	0.903	0.937	0.963	0.952	0.953	0.914	0.959	—	0.142	0.025
	$\bar{X}$	0.947	0.942	0.953	0.960	0.945	0.968	0.955	0.973	0.938	
$r$	$s$	0.017	0.026	0.025	0.023	0.019	0.011	0.021	0.011	0.023	

Da jedoch neben Heterosiseffekten auch rein additive Kombinationseffekte die richtige Planung von Testkreuzungen bestimmen, müssen die Zuchtlinien nach ihrer additiv genetischen Veranlagung zumindest in Vater- bzw. Mutterlinien untergliedert werden. So sind die ersten drei Linien typische Vaterlinien, die als Mutterlinie völlig ungeeignet wären, während Linie 6 eine typische Mutterlinie darstellt und alle anderen sowohl als Mutterlinie aber auch als Vater von Kreuzungssaunen verwendbar erscheinen.

Eignung	Zuchtlinie
Vaterlinie (VL) ... ..	1, 2, 3
Mutterlinie (ML) ... ..	6
ML oder MVL ... ..	4, 5, 7, (8), 9

Unter diesen Gesichtspunkten kann zunächst festgestellt werden, daß Linie 8 wegen ihrer engen Verwandtschaft zu allen anderen keine Berechtigung hat, getrennt weitergeführt zu werden. Sie könnte mit den eng verwandten und leistungsmäßig vergleichbaren Linien 4 oder 6 vereinigt werden.

Die aussichtsreichsten Mutterkombinationen wären alsdann wie folgt zu rangieren:

45/54, 79/97, 47/74, 56, 59/95

Sollen auf der Vaterseite ebenfalls Einfachkreuzungen verwendet werden, bei denen beispielsweise heterotische Effekte auf die Vitalität und Fortpflanzungsfähigkeit erwünscht sind, so wären folgende besonders aussichtsreich:

23/32, 19, 25, 29, 35

Abschließend sei darauf hingewiesen, daß wir gegenwärtig umfangreiche quantitative Leistungsdaten aus einem Testkreuzungsprogramm sammeln, um die aufgestellte Hypothese überprüfen zu können.

## ZUSAMMENFASSUNG

Der genetische Abstand zwischen Zuchtpopulationen wäre für die Planung von Gebrauchskreuzungsprogrammen von Bedeutung, wenn der Heterozygotiegrad der Kreuzungspopulationen für die in ihnen auftretenden Heterosiseffekte ausschlaggebend wäre.

An insgesamt 2200 Jungebern aus neun leistungsmäßig differenzierten Zuchtlinien wurden die relativen Frequenzen von 32 Allelen an 12 polymorphen Genorten im Serum und Erythrozytenhämolysat mit Hilfe der Stärkegelelektrophorese ermittelt. Daraus wurden nach GREGORIUS (1974) die genetischen Abstände zwischen den Zuchtlinien berechnet, die zwischen 0.057 und 0.183 schwankten und unter der Eingangshypothese gewisse Schlußfolgerungen für die sinnvollsten Paarungskombinationen erlauben.

## SUMMARY

The genetic distance between breeding populations would be helpful in planning specific crossbreeding programmes if the degree of heterozygosity and the amount of heterosis found in crossbred populations were correlated.

From 2200 young boars out of nine lines with very different performance in quantitative traits the frequencies of 32 alleles at 12 *loci* for blood- and enzyme polymorphisms, analysed with starch gel electrophoresis, were calculated. From these genetic distances according to GREGORIUS (1974) were calculated and varied between 0.057 and 0.183. Under the above hypothesis some conclusions about preferable crossbred combinations among the lines included have been drawn.

## RESUME

L'écart génétique entre différentes populations reproductrices pourrait revêtir une importance pour la planification des programmes de croisement industriel si le degré d'hétérozygotie des populations croisées déterminait les effets d'hétérosis qui y apparaissent.

Sur un ensemble de 2200 jeunes verrats provenant de neuf lignées généalogiques, qui se distinguaient par des performances différentes, on a déterminé par électrophorèse en gel d'amidon les fréquences relatives de 32 allèles sur 12 *loci* polymorphes dans le sérum et l'hémolysate érythrocytaire, d'où l'on a calculé d'après GREGORIUS (1974) les écarts génétiques entre les lignées. Ces écarts oscillent entre 0,057 et 0,183 et permettent en raison de l'hypothèse faite au début de tirer certaines conclusions sur les combinaisons les plus utiles d'accouplement.

## ZITIERTE LITERATUR

- DINKLAGE, H., und GRUHN, R. (1969): *Z. f. Tierz. u. Zübiol.*, 86,136.  
GREGORIUS, H. R. (1974): *Silvae Genetica*, 23, H 1/2.  
KEESE, A. (1972): *Elektrophoretische Studien zur Populationsanalyse bei der Regenbogenforelle*. Diss. Göttingen.  
MAIJALA, K., und LINDSTRÖM, G. (1966): *Ann. Agr. Fenn.*, 5, 76.  
MAJOR, F.; DINKLAGE, H., und GRUHN, R. (1968): *Züchtungskunde*, 40, 347.  
SHULL, G. H. (1908): *Rep. Am. Breed. Ars.*, 4, 296.  
VERHORST, D. (1973): *Enzym- und Serumproteinpolymorphismen in Schweinezuchtlinien*. Diss. Göttingen.  
ZETNER, K.; ROHRBACHER, H.; SCHLEGER, W., und PIRCHNER, F. (1972): XII Europ. Conf. An. Bl. Gr. Bioch. Pol., Budapest, 1972, pp. 131-135.

