

Inhaltsverzeichnis

Abkürzungsverzeichnis	IV
Tabellenverzeichnis	VII
Abbildungsverzeichnis	VIII
1. Einleitung	1
2. Literaturübersicht	2
2.1. <i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i>	2
2.1.1. Ätiologie	2
2.1.2. Epidemiologie	2
2.1.3. Virulenzfaktoren und Pathogenese	3
2.1.4. Klinik	3
2.1.5. Pathomorphologie	4
2.1.6. Therapie und Prophylaxe	5
2.2. Genetische Krankheitsresistenz	7
2.2.1. Krankheitsresistenz beim Nutztier	8
2.2.2. Krankheitsresistenz beim Schwein	8
2.2.3. Nutzen der genetischen Krankheitsresistenz in der Tierzucht	11
2.3. Forschungsstand zur Krankheitsresistenz gegen <i>A. pleuropneumoniae</i>	13
2.4. QTL-Analyse	17
2.4.1. Prinzip der QTL-Analyse	17
2.4.2. Voraussetzung für die QTL-Analyse	17
2.4.3. Auswahl geeigneter Marker	18
2.4.4. Ziel der QTL-Analyse	19
2.5. Auswirkungen von single nucleotide polymorphisms	20
2.6. Auswahl der Kandidatengene	22
2.6.1. CD14	23
2.6.2. NR3C1	25
2.6.3. RPL38	27
2.6.4. Grb2	27
2.6.5. Interleukin 4	28
2.6.6. Interleukin 5	29
2.6.7. Interleukin 9	30
2.6.8. STAT3	31
2.6.9. LMNB1	32
3. Fragestellung	33
4. Material und Methoden	34

4.1. Projektablauf	34
4.2. Versuchstiere	35
4.3. Material	36
4.3.1. Geräte und Labormaterial	36
4.3.2. Chemikalien und Enzyme	36
4.3.3. Lösungen und Puffer	37
4.3.4. Datenbanken und Computerprogramme	38
4.4. Methoden	39
4.4.1. Datenbankrecherche	39
4.4.2. Primerdesign	40
4.4.3. Konzentrationsbestimmung Primer	46
4.4.4. DNA-Extraktion	46
4.4.5. Whole Genome Amplification (WGA)	47
4.4.6. Polymerasekettenreaktion (PCR)	48
4.4.7. Agarosegelelektrophorese	49
4.4.8. Vorbereitung der PCR-Produkte für die Sequenzierung	49
4.4.9. Sequenzierung von Amplifikaten der F ₀ -Tiere	50
4.4.10. Identifizierung von SNPs und Auswahl der SNPs für die Pyrosequenzierung	50
4.4.11. Primerdesign für die Pyrosequenzierung	50
4.4.12. Polymerasekettenreaktion für die Pyrosequenzierung	52
4.4.13. Pyrosequenzierung	53
4.4.14. Statistische Auswertung	54
4.4.15. Kartierung der Kandidatengene	54
4.4.16. QTL-Analyse	54
5. Ergebnisse	55
5.1. Gensequenzen	55
5.2. SNPs in den sequenzierten Bereichen	58
5.2.1. CD14	58
5.2.2. NR3C1	58
5.2.3. RPL38	60
5.2.4. Grb2	60
5.2.5. IL-4	61
5.2.6. IL-5	61
5.2.7. IL-9	62
5.2.8. STAT3	64
5.2.9. LMNB1	66
5.3. Pyrosequenzierung	69

5.3.1. Auswahl der SNPs für die Pyrosequenzierung	69
5.3.2. Genotyp-Verteilung in der F ₂ -Generation	73
5.4 Assoziation zwischen Phänotyp und SNP in der F ₂ -Generation	74
5.5. Kartierung der Kandidatengene für die QTL-Analyse	84
5.6. QTL-Analyse und Statistik	85
6. Diskussion	110
7. Zusammenfassung	117
8. Summary	119
9. Literaturverzeichnis	120
10. Anhang	134