


Mangalitza Wollschweine – Verwandtschaft

Datengrundlage

Züchter	N Tiere	Schwalbe		Rot		Blond		Kreuzung	
		Eber	Sauen	Eber	Sauen	Eber	Sauen	Eber	Sauen
1	1				1				
2	2		1		1				
3	1				1				
4	1								1
5	2								2
6	2				1	1			
7	2	1	1						
8	12				1		1	3	7
9	2			1					1
10	2	1	1						

Datengrundlage

Züchter	N Tiere	Schwalbe		Rot		Blond		Kreuzung	
		Eber	Sauen	Eber	Sauen	Eber	Sauen	Eber	Sauen
11	1				1				
12	5	2	3						
13	3			1	2				
14	8	1		2	3	1	1		
15	3			1	2				
16	2	2							
17	3	1	2						
Gesamt	52	8	8	5	13	2	2	3	11



Genotypisierung - Qualitätskontrolle

- Tiere, mit weniger als 65% erfolgreicher Genotypisierung fallen raus
- Insgesamt: 2 Tiere

Genotypisierung - Qualitätskontrolle

Züchter	N Tiere	Schwalbe		Rot		Blond		Kreuzung	
		Eber	Sauen	Eber	Sauen	Eber	Sauen	Eber	Sauen
1	1				1				
2	2		1		1				
3	1				1				
4	1								1
5	2 1								2 1
6	2				1	1			
7	2	1	1						
8	12				1		1	3	7
9	2			1					1
10	2	1	1						

Genotypisierung - Qualitätskontrolle

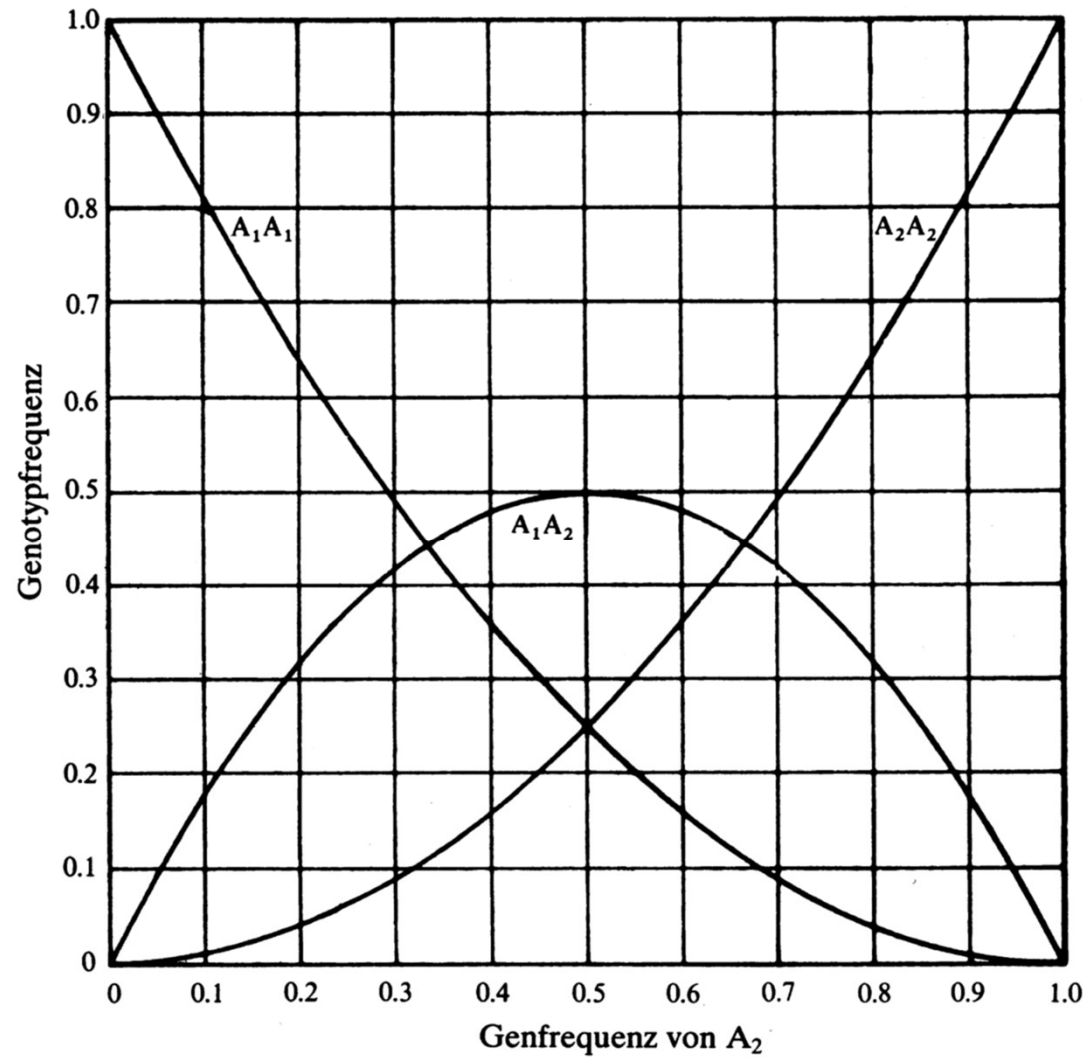
Züchter	N Tiere	Schwalbe		Rot		Blond		Kreuzung	
		Eber	Sauen	Eber	Sauen	Eber	Sauen	Eber	Sauen
11	1				1				
12	5	2	3						
13	3			1	2				
14	8 7	1		2 1	3	1	1		
15	3			1	2				
16	2	2							
17	3	1	2						
Gesamt	50	8	8	4	13	2	2	3	10



Beobachtete Heterozygotie

- Die beobachtete Heterozygotie (H_o) beschreibt die tatsächlich in der Population vorhandene Frequenz heterozygoter Allelloci. Ein Defizit an Heterozygoten spricht für gesteigerten Inzuchtgrad oder Nachteile für Heterozygote Merkmalsträger.

Beobachtete Heterozygotie



■ $H_o \rightarrow 0 - 50\%$



Beobachtete Heterozygotie - Wollschweine

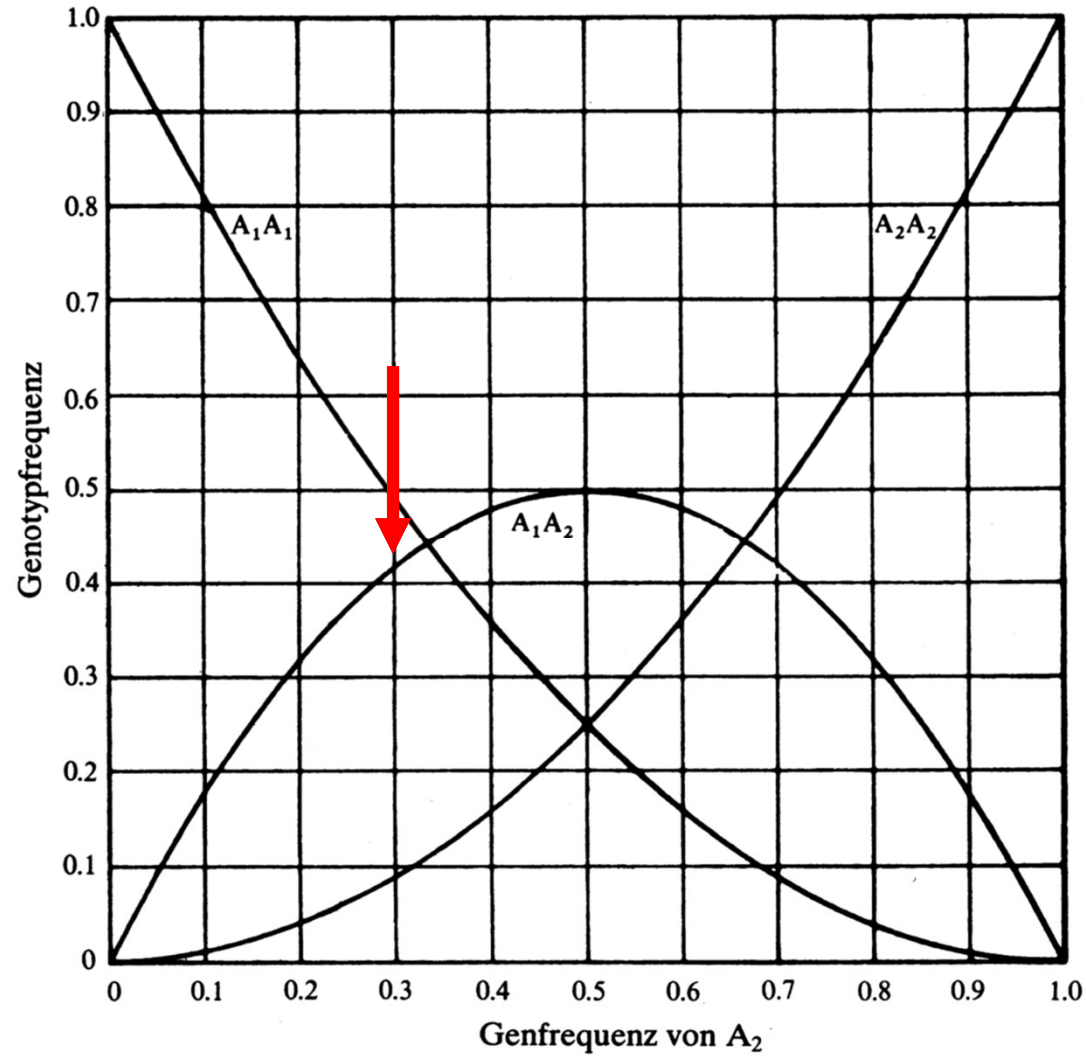
Mittelwert: 0,295

Minimum: 0,175

Maximum: 0,377

Standardabweichung: 0,175

Beobachtete Heterozygotie



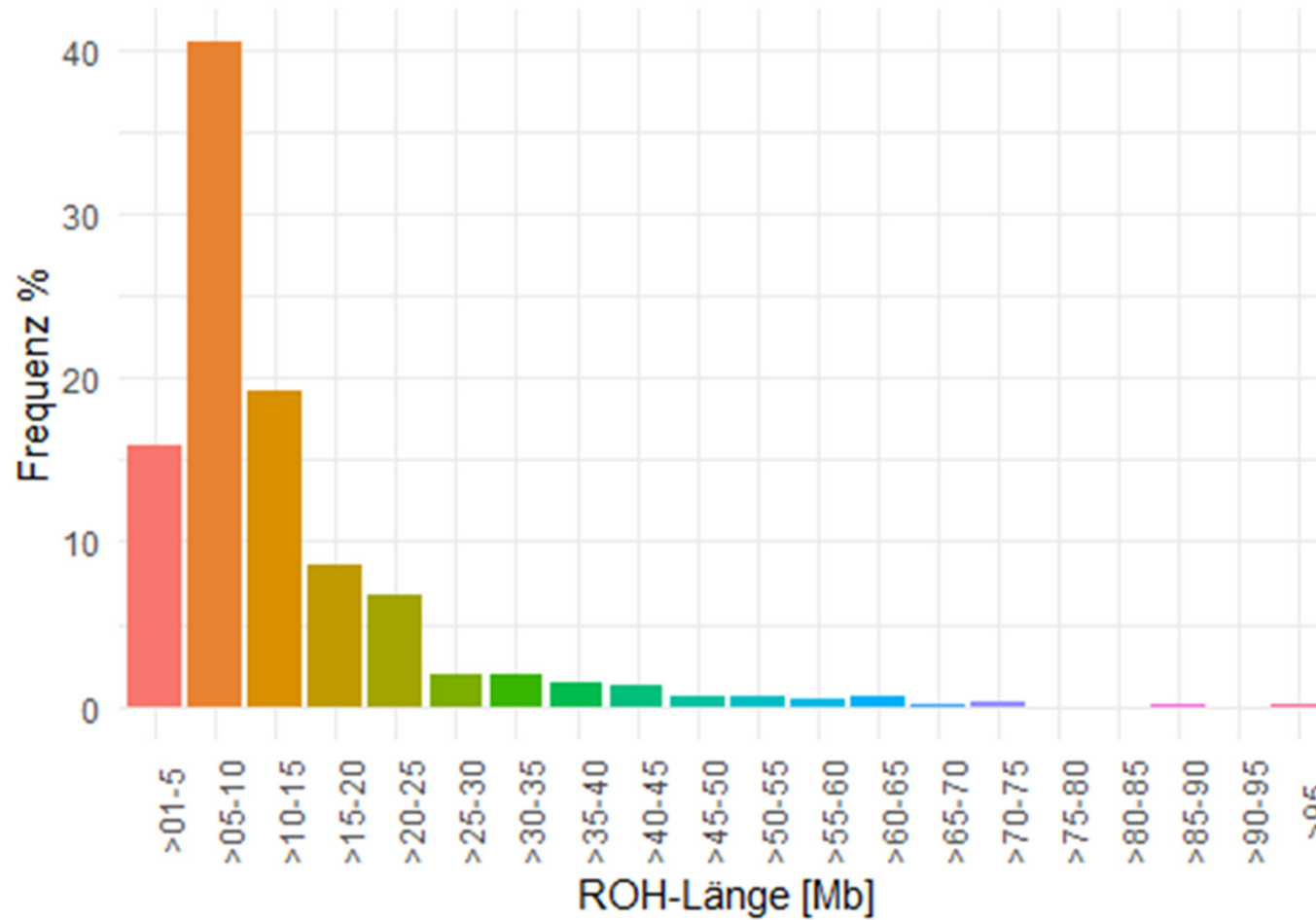
■ H_o -> 0 - 50%

Runs of homozygosity

Mittelwert (RoH Länge):	12,78 Mb
Standardabweichung:	11,96 Mb
Minimum:	2,40 Mb
Maximum:	145,030 Mb

- RoH -> lange Abschnitte homozygoten Genoms ->
- Das Tier ist der Nachkomme von verwandten Individuen
- Genomabschnitte sind identical by decent (IBD)
- Lange RoH stammen von einem nahen Vorfahren; kürzere, von einem weiter entfernten

Runs of homozygosity





Froh

Froh 4 Mb

Mittelwert:	13438
Minimum:	4002
Maximum:	145030

Froh 8 Mb

Mittelwert:	18094
Minimum:	8008
Maximum:	145030

Froh 16 Mb

Mittelwert:	28920
Minimum:	16018
Maximum:	145030



Fhom

Mittelwert (RoH Länge):	0,09
Standardabweichung:	0,13
Minimum:	-0,17
Maximum:	0,46

