

Inhaltsverzeichnis

Abbildungsverzeichnis	VI
Tabellenverzeichnis.....	VIII
Abkürzungsverzeichnis	X
1 EINLEITUNG.....	1
2 LITERATURÜBERSICHT	2
2.1 Das europäische Wildschwein: <i>Sus scrofa scrofa</i>.....	2
2.1.1 Taxonomische Einordnung und geographische Verbreitung	2
2.1.2 Entwicklung der Jagdstrecken in Deutschland und Bestandsentwicklungen in Europa.....	5
2.1.3 Sozialstruktur und Fortpflanzungsgeschehen.....	7
2.1.4 Lebensraumwahl und Aktionsraum (Home Range).....	8
2.2 Theoretische Grundlagen der Populationsgenetik	11
2.2.1 Mikrosatelliten	11
2.2.1.1 Mikrosatelliten	11
2.2.1.2 Anwendung porciner Mikrosatelliten beim Wildschwein	13
2.2.2 Populationsgenetik und Einflüsse auf die Populationsstruktur.....	14
2.2.2.1 Hardy-Weinberg-Gleichgewicht.....	15
2.2.2.2 Genetische Drift	17
2.2.2.3 Genfluss bzw. Migration.....	18
2.2.2.4 Wahlund-Effekt	19
2.2.2.5 F-Statistiken – Heterozygotenrückgang und Inzuchtkoeffizient	19
2.2.2.6 Gründer-Effekt.....	21
2.2.2.7 Effektive Populationsgröße und genetischer Flaschenhals.....	22
2.2.2.8 Genetische Distanzen.....	24
2.2.2.9 Subpopulationen	25

2.3 Populationsgenetische Untersuchungen an Wildschweinen, heimischen Wildarten und anderen Großäugern in Europa	26
2.3.1 Populationsgenetische Untersuchungen bei großen Landsäugern – im Besonderen beim Wildschwein in Europa.....	26
2.3.1.1 Untersuchungen bei großen Landsäugern.....	26
2.3.1.2 Untersuchungen bei Wildschweinen in Europa.....	27
2.4 Landschaftszerschneidung und Barrieren	31
2.4.1 Begriffsbestimmung - „Landscape genetics“	31
2.4.2 Begriffsbestimmungen – Barriere und Habitatzerschneidung	32
2.4.3 „Landscape Genetics“ und Untersuchungen zur Barrierefunktion auf Wild	34
2.4.4 Barrieren beim Wildschwein.....	37
3 MATERIAL UND METHODEN	38
3.1 Untersuchungsmaterial.....	38
3.2 Geräte und Labormaterial.....	42
3.2.1 Geräte	42
3.2.2 Chemikalien	42
3.2.3 Lösungen und Puffer	43
3.3 Auswahl der Primer und Mikrosatellitenloci	44
3.4 Multiplex-PCR und Touchdown-Prinzip	48
3.5 Darstellung der Mikrosatelliten-DNA und Fragmentlängenanalyse.....	50
3.5.1 Längenstandard	50
3.5.2 Herstellung der Gele.....	52
3.5.3 Probenvorbereitung und Probenverarbeitung.....	53

3.5.4 Elektrophoresebedingungen	53
3.5.5 Auswertung der Fragmentlängenanalyse	54
3.5.6 Überprüfung der Fragmentlängen	56
3.5.7 Informativität der Mikrosatelliten und Etablierung der Multiplex-PCR-Systeme.....	58
3.6 Statistische Auswertung.....	60
3.6.1 Überprüfung des Datensatzes mit Micro-Checker 2.2.3	60
3.6.2 Berechnungen mit GenAIEx 6.3 und Genopon on the web	60
3.6.2.1 Allelfrequenzen und Heterozygosität	61
3.6.2.2 Hardy-Weinberg-Gleichgewicht.....	62
3.6.2.3 Linkage Disequilibrium	64
3.6.2.4 F-Statistiken.....	64
3.6.2.5 Genfluss	65
3.6.2.6 Mantel-Test.....	65
3.6.3 Berechnungen mit BOTTLENECK 1.2.02	67
3.6.4 Neighbor-Joining.....	67
3.6.5 Berechnungen mit STRUCTURE 2.3.3	68
3.6.6 Berechnung des Einflusses von Hindernissen.....	68
4 ERGEBNISSE.....	73
4.1 Allelfrequenzen, Genotypfrequenzen, Hardy-Weinberg-Gleichgewicht und Berechnungen zur Heterozygosität	73
4.1.1 Allelfrequenzen, Genotypfrequenzen und Hardy-Weinberg-Gleichgewicht....	74
4.1.1.1 Mikrosatellit SW1701	74
4.1.1.2 Mikrosatellit SW1979	76
4.1.1.3 Mikrosatellit S0005.....	78
4.1.1.4 Mikrosatellit S0070.....	80
4.1.1.5 Mikrosatellit SW288	82
4.1.1.6 Mikrosatellit SW2052.....	84

4.1.1.7	Mikrosatellit S0228.....	86
4.1.1.8	Mikrosatellit S0359.....	88
4.1.2	Berechnungen zur Heterozygosität	90
4.1.3	Linkage disequilibrium	93
4.1.4	F-Statistiken	93
4.1.5	Genfluss.....	94
4.1.6	Mantel-Tests.....	96
4.2	Berechnungen mit BOTTLENECK 1.2.02.....	97
4.3	Neighbor-Joining.....	98
4.4	Genetische Struktur der Gesamtpopulation	99
4.5	Varianzanalysen zur Berechnung des Einflusses von Hindernissen.....	103
4.5.1	Autobahnen als Barriere zwischen Revieren	104
4.5.2	Bahnlinien, Flüsse und Kanäle als Barriere zwischen Revieren.....	106
4.5.3	Innerdeutsche Grenze	110
5	DISKUSSION.....	112
5.1	Methodenkritik	112
5.2	Besprechung der Ergebnisse.....	114
5.2.1	Phylogenetische Berechnungen.....	114
5.2.1.1	Allele, Allelfrequenzen, Allelverteilung.....	114
5.2.1.2	Heterozygositäten	114
5.2.1.3	Hardy-Weinberg-Gleichgewicht.....	115
5.2.1.4	Linkage disequilibrium	116
5.2.1.5	F-Statistiken und Genfluss.....	116

5.2.1.6	Mantel-Test.....	117
5.2.1.7	Genetischer Flaschenhals.....	117
5.2.1.8	Neighbor-Joining und genetische Stammbäume	118
5.2.1.9	Berechnungen mit STRUCTURE 2.3.3.....	118
5.2.2	Varianzanalysen – Barrieren und Korridore	119
5.3	Vergleich der Ergebnisse mit anderen Studien	123
5.4	Bewertung und Ausblick.....	124
6	ZUSAMMENFASSUNG	126
7	SUMMARY	128
8	LITERATURVERZEICHNIS.....	129
9	ANHANG.....	147
	Danksagung.....	189