

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 Großsäugern in Europa	26
2.3.1	Populationsgenetische Untersuchungen bei großen Landsäugetern – im Besonderen beim Wildschwein in Europa.....	26
2.3.1.1	Untersuchungen bei großen Landsäugetern.....	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 Barrierewirkung 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 GenAlEx 6.3 und Genepop on the web	60
3.6.2.1	Allelfrequenzen und Heterozygotität	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 Heterozygotität	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 Heterozygotität	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	Heterozygotitäten	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