

Inhaltsangabe

Tabellenverzeichnis	I
Abbildungsverzeichnis	II
Abkürzungsverzeichnis	III
1 Einleitung und Zielsetzung	1
2 Literaturübersicht	2
2.1 Hirsche	2
2.1.1 Biologie	2
2.1.2 Geweihentwicklung	4
2.1.3 Rotwildgebiete	5
2.2 Populationsgenetik	8
2.2.1 Genetische Drift	8
2.2.2 Genfluss/ Migration	9
2.2.3 Mikrosatelliten	9
2.2.4 Populationsgenetische Kennwerte	11
2.2.4.1 Hardy-Weinberg Gleichgewicht	11
2.2.4.2 erwartete Heterozygotie	12
2.2.4.3 beobachtete Heterozygotie	12
2.2.4.4 F-Statistiken	12
2.2.4.5 effektive Allelanzahl	13
2.2.4.6 Allelreichtum	14
2.2.4.7 effektive Populationsgröße	14

2.3 genetischer Flaschenhals	14
2.4 Inzuchtdepression	15
2.5 geografische Barrieren	16
2.6 genetische Untersuchungen an Rotwildpopulationen	18
3 Materialien und Methoden	27
3.1 Materialien	27
3.1.1 Geräte	27
3.1.2 Chemikalien und Puffer	28
3.2 Ausgangsmaterial	29
3.3 DNA-Isolation	31
3.4 Primer/ Mikrosatelliten	31
3.5 Polymerase Kettenreaktion	33
3.6 Elektrophorese und Sequenzierung	34
3.7 Auswertung der Sequenzierung	34
3.8 Auswertung der Fragmentlängen	35
3.8.1 Berechnung der populationsgenetischen Parameter	36
3.8.2 Interaktion zwischen den Rotwildgebieten	36
3.8.3 Bonferroni Korrektur	38
3.9 Populationsgenetische Vorversuche	38
3.9.1 Probengröße	38
3.9.2 Geschlechtsdifferenzierung	39
3.9.3 Anzahl verwendeter Mikrosatelliten	39
3.9.4 Anteil übereinstimmender Mikrosatelliten	39
3.9.5 Zeitlicher Effekt	40

3.10 Graphische Darstellungen	40
4 Ergebnisse	41
4.1 Populationsgenetische Vorversuche	41
4.1.1 Probengröße	42
4.1.2 Geschlechtsdifferenzierung	44
4.1.3 Mikrosatelliten-Anzahl	45
4.1.4 Mikrosatelliten-Auswahl	47
4.1.5 Auswirkung zeitlicher Effekte	47
4.2 Hauptuntersuchung	49
4.2.1 Charakterisierung der Mikrosatelliten	49
4.2.2 Populationsgenetische Charakterisierung der Rotwildgebiete	53
4.2.3 Genetische Interaktion zwischen den Gebieten	56
4.2.3.1 Verwandtschaftsanalyse	56
4.2.3.2 F_{st}-Statistik	57
4.2.3.3 Genetische Distanzen	58
4.2.3.4 Assignment Test	61
5 Diskussion	65
5.1 Populationsgenetische Vorversuche	65
5.1.1 Stichprobengröße	65
5.1.2 Mikrosatelliten	66
5.1.2.1 Mikrosatellitenanzahl	66
5.1.2.2 Mikrosatellitenauswahl	66
5.1.3 Geschlechtsdifferenzierung	67
5.1.4 Zeitliche Effekte	67

5.1.5 Schlussfolgerung der populationsgenetischen Voruntersuchungen	68
5.2 Hauptuntersuchung	69
5.2.1 Populationsgenetische Parameter	69
5.2.2 Populationsgenetische Interaktion	70
5.2.3 Schlussfolgerung	74
6 Zusammenfassung	75
7 Summary	77
Literaturverzeichnis	80
Anhang 1 Gesamtliste aller unterschiedlichen Proben	86
Anhang 2 Arbeitsanweisung für die Isolation von DNA nach dem Virus-RNA-Kit	94
Anhang 3 Allelfrequenzen aller 16 Marker in den Populationen Lahn-Bergland, Dill-Bergland, Hoher Vogelsberg, Nördlicher Vogelsberg und Krofdorfer Forst	96
Anhang 4 Stammbäume aller Rotwildgebiete Mittelhessens	102