

Inhaltsverzeichnis

Abbildungsverzeichnis	V
Tabellenverzeichnis.....	VII
Abkürzungsverzeichnis	VIII
1 Einleitung und Zielsetzung	1
2 Literaturübersicht.....	2
2.1 Hirsche.....	2
2.1.1 Geschichte	2
2.1.2 Verbreitung.....	3
2.1.3 Lebensraum und Sozialverhalten	4
2.1.4 Ernährung.....	5
2.1.5 Brunft	6
2.1.6 Geweih	6
2.1.7 Rotwildgebiete	8
2.2 Populationsgenetik.....	11
2.2.1 Gendrift	11
2.2.2 Inzucht.....	11
2.2.3 Genfluss/Migration	11
2.2.4 Population, Metapopulation, Subpopulation, Substrukturierung	12
2.2.5 Mikrosatelliten	13
2.2.5.1 Nullallele, Stotterbanden, Adenin-Anhänge.....	14
2.2.6 Kennzahlen der Populationsgenetik	15
2.2.6.1 Hardy-Weinberg-Gleichgewicht	15
2.2.6.2 F-Statistiken.....	17
2.2.6.2.1 Fixationsindex:.....	18
2.2.6.2.2 Inzuchtkoeffizient	18
2.2.6.2.3 Gesamtinzuchtkoeffizient	19
2.2.6.3 Migranten	19
2.2.6.4 Jost's <i>D</i>	19
2.2.6.5 Populationsgröße	20
2.2.6.6 Effektive Populationsgröße	20
2.2.6.6.1 Die 50/500 Regel	20
2.2.6.7 <i>Minimum Viable Population Size</i>	21
2.2.6.8 Gründer- und Wahlund-Effekt.....	22
2.2.6.9 Genetischer Flaschenhals	23

2.2.6.10	Genetische Distanzen und Subpopulationen	23
2.2.6.11	Effektive Allelzahl.....	24
2.2.6.12	Beobachtete und erwartete Heterozygotie	25
2.2.6.13	Allelreichtum	25
2.2.6.14	<i>Evenness</i>	25
2.2.6.15	Barrieren, Habitat-Fragmentierung, Lebensraumverlust.....	26
2.3	Populationsgenetische Untersuchungen Rotwild.....	27
2.3.1	Deutschland.....	27
2.3.2	Europa	31
3	Material und Methoden	36
3.1	Untersuchungsmaterial	36
3.2	Geräte und Labormaterial.....	38
3.2.1	Geräte	38
3.2.2	Chemikalien und Puffer	39
3.2.3	DNA-Isolation.....	40
3.2.4	DNA-Konzentration	41
3.2.5	Stichprobengröße, Geschlechtsdifferenzierung, Auswahl und Anzahl der Mikrosatelliten	41
3.2.6	Primer/Mikrosatelliten	42
3.2.7	Polymerase-Kettenreaktion	44
3.2.8	Kapillarelektrophorese	44
3.3	Auswertung	45
3.3.1	Fragmentlängen.....	45
3.3.2	Stotterbanden, Nullallele, Abweichungen, Kopplungen.....	46
3.4	Populationsgenetische Parameter	47
3.4.1	Statistisches Software-Programm <i>R</i>	47
3.4.1.1	Nullallele	47
3.4.1.2	Hardy-Weinberg-Gleichgewicht	48
3.4.1.3	Allelreichtum (<i>Ar</i>)	48
3.4.1.4	Effektive Allelzahl.....	48
3.4.1.5	Heterozygotie	49
3.4.1.6	Inzuchtkoeffizient.....	49
3.4.1.7	<i>F_{st}</i> und Jost's <i>D</i>	50
3.4.1.8	Migranten/Genfluss	50
3.4.1.9	<i>Evenness</i>	51
3.4.1.10	Prevostis Distanz und Dendrogramme	51

3.4.1.11	Diskriminanzanalyse der Hauptkomponenten.....	52
3.4.2	<i>GenAlEx</i>	52
3.4.2.1	<i>Assignment</i> -Test.....	53
3.4.2.2	PCoA	53
3.4.2.3	Mantel-Test.....	54
3.4.3	<i>NeEstimator</i>	55
3.4.3.1	Effektive Populationsgröße (N_e).....	55
3.4.3.2	Demographische effektive Populationsgröße	55
3.4.3.3	Inzuchtzuwachs pro Generation	56
3.4.4	<i>Colony</i>	56
3.4.5	<i>Bottleneck</i>	57
3.4.6	<i>Structure 2.3.4</i>	57
3.5	Graphische Darstellungen	58
3.5.1	QGIS 3.4.4.....	58
3.5.2	<i>MSAnalyser, TreeView</i>	58
3.5.3	Microsoft <i>PowerPoint, Excel, Word, Paint</i>	58
4	Ergebnisse	59
4.1	Verwendete Proben	59
4.2	Mikrosatelliten	61
4.2.1	Nullallele	61
4.2.2	Hardy-Weinberg-Gleichgewicht	61
4.2.3	Allele, Informationswert, private Allele, <i>Evenness</i>	62
4.3	Populationsgenetische Parameter der Gebiete	63
4.4	Effektive Populationsgröße.....	65
4.5	Direkte Verwandtschaftsnachweise	68
4.6	Bottleneck.....	70
4.7	Konnektivität und Substrukturierung.....	71
4.7.1	<i>Assignment</i> -Test	71
4.7.2	Mantel-Test	76
4.7.3	PCoA	77
4.7.4	F_{st} und Jost's D	80
4.7.5	<i>Structure</i>	82
4.7.6	Cluster Dendrogramm	83
4.7.7	DAPC	84
4.8	Brachygnathia inferior	93
5	Diskussion	95

5.1	Methodenkritik	95
5.1.1	Proben.....	95
5.1.2	Mikrosatellitenmarker	95
5.2	Besprechung der Ergebnisse.....	96
5.2.1	Mikrosatelliten	96
5.2.1.1	Nullallele	96
5.2.1.2	Hardy-Weinberg-Gleichgewicht	96
5.2.1.3	Allelanzahl.....	97
5.2.1.4	<i>Evenness</i>	97
5.2.2	Populationsgenetische Parameter der Gebiete	98
5.2.2.1	private Allele	98
5.2.2.2	Mittlere Allelanzahl, <i>Allelic richness</i> , erwartete und beobachtete Heterozygotie	98
5.2.2.3	<i>F_{is}</i>	98
5.2.3	Effektive Populationsgröße und Inzuchtzuwachs	99
5.2.4	Direkte Verwandtschaftsnachweise	100
5.2.5	Konnektivität und Substrukturierung.....	101
5.2.5.1	Assignmet Test	101
5.2.5.2	PCoA	101
5.2.5.3	<i>F_{st}</i> -Werte und Jost's <i>D</i>	101
5.2.5.4	<i>Structure</i>	103
5.2.5.5	DAPC.....	103
5.2.6	<i>Brachignatia inferior</i>	106
5.2.7	Barrieren.....	107
5.3	Bewertung und Ausblick.....	108
6	Zusammenfassung.....	109
7	Summary	111
8	Literaturverzeichnis.....	113
9	Anhang	134
9.1	Abbildungen	134
9.2	Tabellen	135
9.3	Arbeitsanweisung für die DNA-Isolation nach dem Virus-RNA Kit.....	137
9.3.1	Gewebe.....	137
9.3.2	Knochen	138
	Danksagung.....	137