

1 EINLEITUNG

In kleinen, geschlossenen Populationen nimmt die Wahrscheinlichkeit von Paarungen zwischen verwandten Tieren zu. Verwandte Tiere haben einen oder mehrere gemeinsame Ahnen und sind durch die Übereinstimmung eines Teils ihres Genoms charakterisiert. Diese Herkunftsgleichheit der Allele einiger Genorte bewirkt die Ähnlichkeit zwischen den Verwandten. Sie nimmt zu, wenn der erwartete Anteil der Genorte mit herkunftsgleichen Allelen steigt. Bei der Paarung von verwandten Tieren (Inzucht) erhöht sich die Wahrscheinlichkeit, daß Vater und Mutter eine Kopie des gleichen Allels eines gemeinsamen Ahnen an die Nachkommen vererben, die dann an diesem Genort herkunftsgleich sind. In einer Population wird der erwartete Anteil von Genorten, der durch die steigende Inzucht homozygot geworden ist, durch den Inzuchtkoeffizienten nach Wright (1921) ausgedrückt. Die Homozygotiezunahme in der Population ist zumeist mit Leistungseinbußen in Form von Inzuchtdepressionen vor allem in den Bereichen Fitness und Reproduktion der Tiere verbunden.

Die Konsequenzen von Inzucht können mit statistischen Methoden auf der Basis der Struktur der Population und der individuellen Verwandtschaftsverhältnisse abgeschätzt werden. Im Gegensatz zu diesen theoretischen Überlegungen ist es seit rund 20 Jahren möglich, die Variabilität innerhalb und zwischen Populationen mit hochpolymorphen Markern direkt auf der Ebene der DNA, z.B. mit Restriktions-Fragment-Längen-Polymorphismen (RFLPs), Multilocus-DNA-Fingerprints (DFPs), Mikrosatelliten oder Random amplified polymorphic DNA (RAPDs) experimentell zu messen. Diese DNA-Marker unterscheiden sich vor allem im Vererbungsmodus, im Polymorphiegrad und im labortechnischen Analyseaufwand. Größte Bedeutung haben die Mikrosatelliten erlangt, welche im Rahmen der Genomkartierungsprojekte bei Nutztieren die am umfangreichsten kartierte Markerklasse darstellen.

Molekulargenetische Marker werden in der Praxis beim Aufbau von kleinen Populationen als lebende Genreserven zur Erhaltung der genetischen Vielfalt eingesetzt. Die Einengung der genetischen Vielfalt läßt sich auf wirtschaftliche Gründe zurückführen, die Zucht und Haltung bodenständiger Rassen gefährden. So gehen bei Nutztieren laut Schätzungen der Weltorganisation für Ernährung und Landwirtschaft (FAO) und dem United Nations Environment Programme (UNEP) im Dezember 2000 pro Woche weltweit 2 Rassen

verloren, 32 % der insgesamt 6500 Nutzierrassen sind vom Aussterben bedroht. Besonders bei den Vögeln ist die Zahl der vom Aussterben bedrohten Rassen seit 1995 im Vergleich zu den Säugetierrassen bedenklich angestiegen. Die molekulargenetischen Marker dienen der Beurteilung der vorhandenen genetischen Variabilität innerhalb und zwischen Populationen oder Rassen, um einerseits die Notwendigkeit der Erhaltung festzustellen und andererseits die Inzucht in einer lebenden Genreserve zu kontrollieren.

Die in der vorliegenden Arbeit untersuchte New Hampshire Linie hat nach der Größe und der Art der Fortpflanzung Eigenschaften einer lebenden Genreserve. Sie umfaßte seit 1955 zwischen 64 und 280 Zuchttiere je Generation. Die Aufgabe der vorliegenden Arbeit bestand in der Untersuchung der genetischen Variabilität in der Linie. Die nach der Inzucht zu erwartende Homozygotiezunahme wurde dazu mit der anhand von 23 Mikrosatelliten-Markern direkt auf dem DNA-Niveau beobachteten Homozygotiezunahme verglichen.