Populationsmanagement

(in Arbeit)

Genetische Drift

Verlust der genetischen Variabilität einer Population

Zwei Allele einer Population können auf zweifache Weise identisch sein: 1) aufgrund ihres Zustands, z.B. weil sie zufällig, aber nicht aufgrund ihrer Abstammung die gleiche DNA-Sequenz tragen oder 2) aufgrund ihrer Abstammung.

Die Wahrscheinlichkeit, dass zwei Allele aufgrund ihrer Abstammung identisch sind, heißt **Identität durch Abstammung** und wird in der Tierzucht auch als Inzuchtkoeffizient (F_{PED}) bezeichnet.[1)](S. 17) „Diese Definition kann als der Anteil aller Loki des Genoms eines Individuums, der durch Abstammung identisch ist, erweitert werden. In einer Population wird der Grad der Inzucht durch Mittelung aller individuellen F_{PED}-Werte geschätzt.“ (Ballan *et al*., 2022[2)])

Ein erhöhter Inzuchtgrad begünstigt das Auftreten schädlicher rezessiver Allele im homozygoten Zustand und kann zu Inzuchtdepressionen mit beeinträchtigter Vitalität und Fortpflanzungsleistung sowie reduziertem Anpassungsvermögen führen.

Monitoring der genetischen Variabilität einer Population

Stammbaum-Analyse

Eine kontinuierliche Dokumentation von Stammbäumen erlaubt die Berechnung von Inzuchtkoeffizienten F_{PED} oder verwandten Parametern. Dabei entscheidet die Qualität der Stammbäume maßgeblich über die Aussagekraft der erhaltenen Schätzwerte.

Genomische Analyse

Seit einigen Jahren sind für die Art Kaninchen auch genomische Werkzeuge verfügbar, einschließlich Referenzgenomen und eines SNP-Array-Chips (Affymetrix Axiom OrcunSNP array, 200k; Affymetrix Inc., USA, inzwischen Thermo Fisher Scientific), welcher im Rahmen eines europäischen Projekts (TD1101 - A Collaborative European Network on Rabbit Genome Biology, RGB-Net) entwickelt wurde. Diese könnten die Grenzen der Stammbaum-Analyse überwinden und zuverlässigere Aussagen über die genetische Variabilität innerhalb von oder zwischen Populationen ermöglichen. (Sie sind außerhalb von Forschungseinrichtungen aber noch nicht etabliert.)

So können etwa sogenannte **Runs of Homozygosity (ROH)** - kontinuierliche Chromosomenabschnitte, in denen alle Loki einen homozygoten Genotyp aufweisen - ein präzises Maß für die genomische Inzucht eines einzelnen Tieres (F_{ROH}) liefern. Auf Populationsebene können

ROH Hinweise auf die genetische Geschichte der Populationen liefern. ROH können weiters genutzt werden, um genomische Signaturen zu identifizieren: gehäufte ROH in bestimmten Chromosomenregionen (*ROH islands*, ROH-Inseln) weisen auf eine reduzierte Haplotypen-Variabilität hin.[3)4)]

Das Vorhandensein langer ROH-Segmente ist ein Hinweis auf jüngst stattgefundene (enge) Inzucht, während kürzere ROH – aufgrund von Rekombination – den Einfluss entfernter Vorfahren widerspiegeln.
Der individuelle Inzuchtkoeffizient F_{ROH} entspricht dem Verhältnis der Gesamtlänge aller ROH zur Gesamtlänge des Genoms. (Je größer F_{ROH} ist, umso mehr Erbanlagen liegen in Folge von Inzucht reinerbig vor.)

Weitere Methoden und Beispiele: Genomweite Assoziationsstudien (ROH: [5)6)7)8)9)]).

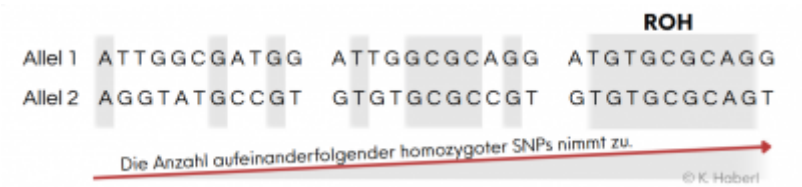

Abb. 1: Methode zur Identifizierung genomischer Signaturen: Homozygotie-Abschnitte (ROH) - Von links nach rechts nimmt die Anzahl aufeinanderfolgender homozygoter SNPs zu, wodurch ein ROH entsteht.

Genomische Selektion

Goswami *et al*., 2025[10)] (Review)

---

1 3 88

[1)]
Stephan, W., & Hörger, A. C. 2019. Molekulare Populationsgenetik - Theoretische Konzepte und empirische Evidenz. Berlin: Springer. ISBN: 978-3-662-59427-8.
[2)], [4)], [6)]
Ballan, M., Schiavo, G., Bovo, S., Schiavitto, M., Negrini, R., Frabetti, A., … & Fontanesi, L. 2022. Comparative analysis of genomic inbreeding parameters and runs of homozygosity islands in several fancy and meat rabbit breeds. Animal Genetics, 53(6), 849-862.
[3)]
Peripolli, E., Munari, D. P., Silva, M. V. G. B., Lima, A. L. F., Irgang, R., & Baldi, F. 2017. Runs of homozygosity: current knowledge and applications in livestock. Animal genetics, 48(3), 255-271.
[5)]
Casto-Rebollo, C., Argente, M. J., García, M. L., Blasco, A., & Ibáñez-Escriche, N. 2021. Selection for environmental variance of litter size in rabbits involves genes in pathways controlling animal resilience. Genetics Selection Evolution, 53, 1-9.
[7)]
Xie, K., Ning, C., Yang, A., Zhang, Q., Wang, D., & Fan, X. 2024. Resequencing analyses revealed genetic diversity and selection signatures during rabbit breeding and improvement. Genes, 15(4), 433.
[8)]
Fekete, Z., Német, Z., Ninausz, N., Fehér, P., Schiller, M., Alnajjar, M., … & Barta, E. 2025. Whole-

Genome Sequencing-Based Population Genetic Analysis of Wild and Domestic Rabbit Breeds. Animals, 15(6), 775.

9)

Ping, X., Chen, Y., Wang, H., Jin, Z., Duan, Q., Ren, Z., & Dong, X. 2025. Whole-genome sequencing reveals patterns of runs of homozygosity underlying genetic diversity and selection in domestic rabbits. BMC genomics, 26(1), 425.

10)

Goswami, N., Solomon Ahamba, I., Kinkpe, L., Mujtaba Shah, A., Xiangyang, Y., Song, B., … & Ren, Z. 2025. Enhancing rabbit farming efficiency with integrated genomics and nutritional strategies. Frontiers in Animal Science, 5, 1514923.

From:
http://wikikanin.de/ - **Wikikanin**

Permanent link:
http://wikikanin.de/doku.php?id=genetik:populationsmanagement

Last update: **2025/08/20 21:46**