

# Genetik - Glossar

Begriffe, die an späterer Stelle erklärt werden, sind bei ihrer erstmaligen Verwendung unterstrichen.

|   |  |
|---|--|
| <b>Allel</b>                                | Zustandsform (Variante) eines <u>Gen</u> s, die aus einer bestimmten Abfolge (Sequenz) von <u>Nukleotiden</u> besteht und die ein Individuum von seinen Eltern erbt (Gamet)  |
| <b>Autosomen</b>                            | Chromosomen, die nicht an der Bestimmung des Geschlechts beteiligt sind  |
| <b>Balancierende Selektion</b>              | Form der <u>Selektion</u> , die Allele oder <u>Haplotypen</u> in einer Population erhält, sodass diese im Laufe der Zeit weder fixiert werden noch verloren gehen;<br>Künstliche balancierende Selektion erfolgt mitunter aufgrund eines Vorteils bei <u>Heterozygoten</u> , während bei <u>Homozygoten</u> negative Folgen zum Ausdruck kommen können – Beispiele sind <u>Zwergwuchs</u> oder <u>English Spotting</u> . <sup>1)</sup> |
| <b>Codon</b>                                | Triplett von Nukleotiden in der DNA, das eine Aminosäure spezifiziert  |
| <b>Deletion</b>                             | <u>Mutation</u> , bei der ein oder mehrere Nukleotide an einer bestimmten Stelle aus der DNA entfernt werden   |
| <b>Dominanz</b>                             | Ein Allel A ist dominant, wenn der <u>Phänotyp</u> des Heterozygoten Aa mit dem Phänotyp des Heterozygoten AA identisch ist. (Das Allel a wird dann als rezessiv bezeichnet.)  |
| <b>Einzelnukleotidpolymorphismus (SNP)</b>  | Polymorphismus, der durch genetische Variation an einer einzelnen Nukleotidstelle zustandekommt  |
| <b>Epistasie</b>                            | Nicht-additive, genetische Interaktion zwischen polymorphen <u>Genorten</u> (Loki); die <u>Expression</u> eines Gens „überdeckt“ die Expression eines anderen Gens und verändert oder verhindert damit dessen Ausprägung   |
| <b>Exosomen</b>                             | Extrazelluläre Vesikel, die Biomoleküle wie miRNAs von einer Spender- zu einer Empfängerzelle transportieren können und so als Vermittler der Zell-Zell-Kommunikation dienen   |
| <b>Fitness</b>                              | Durchschnittliche Anzahl von Nachkommen von Individuen mit einem bestimmten <u>Genotyp</u> (relativ zur Anzahl von Nachkommen von Individuen mit anderen Genotypen)  |
| <b>Gen</b>                                  | Funktionale Informationseinheit eines Genorts  |
| <b>(Gen-)Expression</b>                     | Umsetzung der in der DNA enthaltenen Information in funktionelle Moleküle  |
| <b>Genom</b>                                | Gesamtheit der Erbinformation eines Lebewesens   |
| <b>Genomweite Assoziationsstudie (GWAS)</b> | Untersuchung der molekularen Variabilität einer Population, um ein <u>quantitatives Merkmal</u> mit bestimmten Allelen oder Haplotypen zu assoziieren  |
| <b>Genort (Lokus)</b>                       | Ort auf einem Chromosom, an dem sich ein bestimmtes Gen befindet   |
| <b>Genotyp</b>                              | Set der Allele an einem oder mehreren Genort(en) in einem Individuum   |
| <b>Gen-Stilllegung, -Silencing</b>          | Unterdrückung oder Unterbrechung der Expression eines Gens auf <u>transkriptionaler</u> oder <u>translationaler</u> Ebene  |

|  |  |
|--|--|
| <b>Haplotyp</b>                            | Set der Allele an mehreren Genorten, die ein Individuum von seinen Eltern erbt (Gamet); Multi-Lokus Analogon eines Allels  |
| <b>Heterozygot</b>                         | Mischerbig (bezogen auf einen Locus, d.h. die beiden Allele unterscheiden sich voneinander)  |
| <b>Hitchhiking-Effekt</b>                  | Einfluss eines Allels, das unter Selektion steht, auf gekoppelte neutrale Allele; führt zu einer Veränderung der neutralen genetischen Variation in der Nähe eines selektierten Locus  |
| <b>Homozygot</b>                           | Reinerbig (bezogen auf einen Locus, d.h. die beiden Allele sind gleich)  |
| <b>Insertion</b>                           | Mutation, bei der ein oder mehrere Nukleotide an einer bestimmten Stelle in die DNA eingesetzt werden  |
| <b>Inzucht</b>                             | Paarung verwandter Tiere, deren Verwandtschaftsgrad unterschiedlich, d.h. von eng bis entfernt verwandt, sein kann;<br>grobes Schema: „Inzestzucht“ – sehr enge Inzucht, d.h. Paarung von Verwandten ersten Grades; „Linienzucht“ – mäßige oder schwache Inzucht, d.h. Paarung von Tieren, die weiter entfernt verwandt sind als ersten Grades; <sup>2)</sup><br>Inzucht resultiert immer in einer Reduktion der genetischen Vielfalt (und erfordert ein geeignetes <a href="#">Populationsmanagement</a> ). |
| <b>Kandidatengen</b>                       | Gen, von dem vermutet wird, dass es mit dem Auftreten eines bestimmten Merkmals zusammenhängt, und dessen Varianten zur variablen Ausprägung des Merkmals beitragen; Die Auswahl von Kandidatengen erfolgt auf Grundlage früherer Erkenntnisse, häufig abgeleitet von anderen Arten.   |
| <b>(Blut-)Linie/ Stamm, Strain</b>         | Untergruppe innerhalb einer Rasse, die über mehrere Generationen hinweg (weitgehend) isoliert war, wodurch sie sich genetisch etwas von anderen Linien derselben Rasse unterscheidet; in der Regel mit bestimmten Züchtern/ Zuchtstätten verbunden (und demnach subjektiv definiert) <sup>3)</sup>   |
| <b>Monogenes/ diskretes Merkmal</b>        | Wird durch verschiedene Allele eines einzigen Locus, bzw. „diskrete“ Variabilität verursacht   |
| <b>Mutation</b>                            | Spontan auftretende Veränderung des Erbguts (z.B. Deletion, Insertion oder Nukleotidaustausch); in der Regel irreversibel  |
| <b>Nukleotid</b>                           | Baustein der DNA, bestehend aus einem Zucker, einer Phosphatgruppe und einer Base  |
| <b>Phänotyp</b>                            | Durch Genotyp und Umwelt bedingte Ausprägung eines Merkmals eines Individuums  |
| <b>Polygenes/ quantitatives Merkmal</b>    | Wird von einer Vielzahl von Loci bestimmt, bzw. durch „quantitative“ Variabilität verursacht   |
| <b>Populationsflaschenhals, Bottleneck</b> | Temporäre, meist starke Reduktion der <u>Populationsgröße</u>  |
| <b>Populationsgröße</b>                    | Anzahl der Individuen einer Population; Die <b>effektive</b> Populationsgröße gibt grob an, wie viele Individuen einer Population an der Reproduktion beteiligt sind.  |
| <b>Promotor</b>                            | DNA-Abschnitt in der Nähe des Startpunkts eines Gens - hier binden Transkriptionsfaktoren (Initiierung der Transkription)  |

|                                       |   |
|---------------------------------------|---|
| <b>Quantitative trait locus (QTL)</b> | Genort, welcher die Ausprägung eines quantitativen Merkmals beeinflusst   |
| (Haustier-)Rasse                      | Eine durch natürliche oder menschliche Einflüsse geprägte, genetisch unterscheidbare Untergruppe von Haustieren einer Art mit einem charakteristischen, weitgehend reproduzierbaren Phänotyp;<br>Für den langfristigen Erhalt einer Rasse ist genetische Vielfalt eine wichtige Ressource. <sup>4)</sup>  |
| <b>Referenzgenom</b>                  | Eine gut assemblierte und annotierte Genomsequenz, auf die Sequenzierungsdaten anderer Individuen abgebildet werden können  |
| <b>Scaffold</b>                       | Verdichtete Struktur aus DNA und Proteinen, (noch) keinem Chromosom zugeordnet  |
| <b>Selective sweep</b>                | <i>Hitchhiking</i> , das durch positiv gerichtete Selektion eines Allels hervorgerufen wird; führt zu starker Reduktion der neutralen Variation in der Nähe des selektierten Locus (und erhöht damit die genetische Differenzierung zwischen Populationen)  |
| <b>Selektion</b>                      | <b>Natürliche</b> Selektion: Prozess, durch den die am besten angepassten Individuen in einer Population gegenüber den weniger angepassten in der Frequenz zunehmen;<br><b>künstliche</b> Selektion: Änderung des Genpools einer Population durch den Menschen;<br>Selektion wirkt nie alleine, sondern spielt zusammen mit anderen Evolutionskräften wie Mutation, Migration, genetische Drift oder Rekombination. |
| <b>Soft sweep</b>                     | Haplotypen, die parallel fixiert werden; sie unterscheiden sich zwar nicht am positiv selektierten Locus, aber an daran gekoppelten, (neutralen) Nukleotidstellen   |
| <b>Spleißen, Splicing</b>             | Prozessierung von prä-mRNA zu reifer mRNA; Entfernung der Introns und Verknüpfung der Exons   |
| <b>Transkription</b>                  | Kopie eines DNA-Strangs und Synthese von reifer Messenger-RNA (mRNA), dem Vermittler-Molekül für die Proteinsynthese, im Zellkern   |
| <b>Translation</b>                    | Synthese von Proteinen entsprechend den Instruktionen der mRNA-Matrizen (siehe Codon und Transkription), im Cytoplasma  |

4 1 1003

1)

Derks, M. F., & Steensma, M. (2021). Balancing selection for deleterious alleles in livestock. *Frontiers in Genetics*, 12, 761728.

2) , 3) , 4)

Sponenberg, D. P., Beranger, J., Martin, A., & Couch, C. 2022. *Managing Breeds for a secure future – Strategies for Breeders and Breed Associations*. Third Edition. 5M Books Ltd., UK. ISBN 9781789181647.

From:

<https://www.wikikanin.de/> - **Wikikanin**

Permanent link:

<https://www.wikikanin.de/doku.php?id=genetik:glossar&rev=1773087234>

Last update: **2026/03/09 21:13**

