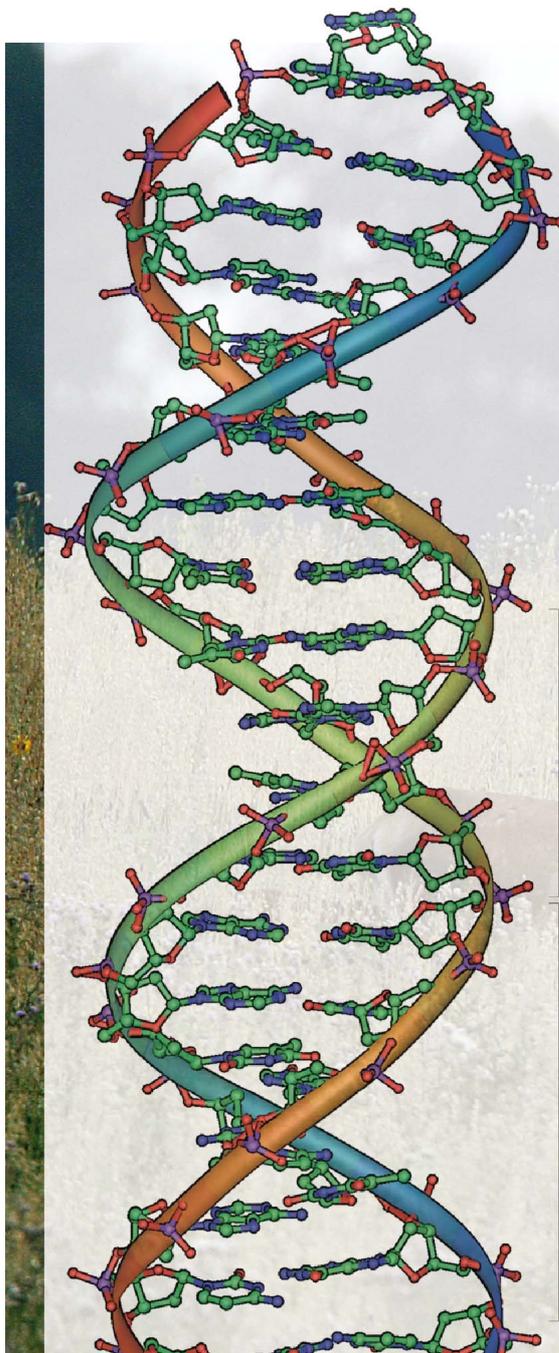




Genetisches Monitoring von Rotwild in Niedersachsen - Ergebnisse einer Langzeitstudie





Genetisches Monitoring von Rotwild in Niedersachsen - Ergebnisse einer Langzeitstudie

Titelfoto

Deutsche Wildtier Stiftung/T. Martin, Wikipedia

Projekträger:

Deutsche Wildtier Stiftung

Projektlaufzeit:

01.08.2005 – 31.05.2008

Autoren:

Andreas Kinser

Deutsche Wildtier Stiftung

Billbrookdeich 216

22113 Hamburg

Prof. Dr. Dr. Sven Herzog

Dozentur für Wildökologie und Jagdwirtschaft

Technische Universität Dresden

Pienner Strasse 8 • 01737 Tharandt

Wissenschaftliche Leitung:

Prof. Dr. Dr. Sven Herzog,

Dozentur für Wildökologie und Jagdwirtschaft

Technische Universität Dresden

Projektkoordination:

Andreas Kinser

Magnus J. K. Herrmann (bis 03.2007)

Deutsche Wildtier Stiftung

Mit Jagdforschungsmitteln des Landes Niedersachsen gefördert

Hamburg, Mai 2008



Inhalt

1 Einleitung	5
1.1 ZUR SITUATION DES ROTWILDES IN DEUTSCHLAND	5
1.2 ZIEL DES PROJEKTES	5
1.3 STAND DER FORSCHUNG	5
2 Material und Methoden	7
2.1 ZEITLICHER ABLAUF	7
2.2 UNTERSUCHUNGSGEBIETE	7
2.3 PROBENNAHME	8
2.4 METHODIK DER GENETISCHEN UNTERSUCHUNG	9
3 Ergebnisse	10
3.1 ANZAHL UNTERSUCHTER PROBEN	10
3.2 GESCHLECHTERVERHÄLTNIS UND ALTERSSTRUKTUR	11
3.3 ALLEL- UND GENOTYPENZAHL	11
3.4 DIVERSITÄT, GESAMTDIFFERENZIERUNG UND GENETISCHE DISTANZ	12
3.5 VERGLEICH MIT DER HARDY-WEINBERG-STRUKTUR	13
4 Diskussion.....	15
4.1 GENETISCHE STRUKTUREN	15
4.2 VERÄNDERUNG DER GENETISCHEN STRUKTUR NACH 25 JAHREN	16
4.3 FORDERUNGEN AN DEN BIOTOPVERBUND.....	18
5 Öffentlichkeitsarbeit	20
Literatur	21
Anhang.....	23



Tabellen- und Abbildungsverzeichnis

<i>Abbildung 1: Beteiligte Landesforstämter in Niedersachsen</i>	7
<i>Abbildung 2: Schätzung der Rotwilddichte (Stück/ 100 ha) aufgrund der Jahresstrecke in den Untersuchungsgebieten</i>	8
<i>Tabelle 1: Aufteilung der genommenen Proben auf die Untersuchungsgebiete</i>	10
<i>Abbildung 3a & b: Anzahl der Proben und regionale Verteilung</i>	10
<i>Abbildung 4: Anteile der Altersklassen an der Gesamtstrecke in den Untersuchungsgebieten</i>	11
<i>Tabelle 2: Anzahl der Allele pro Locus und mittlere Allelzahlen der Einstandsgebiete in Niedersachsen</i>	12
<i>Tabelle 3: Anzahl der Genotypen pro Locus und mittlere Genotypenanzahl in den Untersuchungsgebieten</i>	12
<i>Tabelle 4: Genetische Diversität und mittlere Gesamtdifferenzierung der Untersuchungsgebiete</i>	13
<i>Tabelle 5: Genpool-Abstand d_{XY} und Multilocus-Abstand d_{PQ} zwischen den Untersuchungsgebieten</i> ...	13
<i>Tabelle 6: Aktuelle und erwartete Heterozygotie in % pro Genort und gemittelt in den Untersuchungsgebieten</i>	14
<i>Abbildung 6: Karte zur Rotwildverbreitung in Deutschland mit rotwildrelevanten Querungshilfen von Barrieren</i>	17
<i>Abbildung 7: Autobahnen und Querungshilfen im Untersuchungsgebiet</i>	19
<i>Tabelle 7: Wildzäune und Querungshilfen im Untersuchungsgebiet</i>	19



1 Einleitung

1.1 Zur Situation des Rotwildes in Deutschland

Rotwild (*Cervus elephus*) ist das letzte heimische Großsäugetier in Deutschland. Der ursprüngliche Bewohner offener Steppenlandschaften, dessen Populationsbiologie auf eine hohe Durchlässigkeit der Landschaft ausgelegt ist, kommt heute größtenteils nur noch in isolierten Teilpopulationen vor. In Deutschland ist seine Verbreitung auf 140 ausgewiesene Rotwildgebiete beschränkt. Nur in den Bundesländern Niedersachsen, Mecklenburg-Vorpommern und dem Saarland unterliegt Rotwild außerhalb seiner verbliebenen Verbreitungsgebiete keinem Abschussgebot. Doch auch seine letzten Rückzugsgebiete sind durch die fortschreitende Zerschneidung und Zersiedlung der Landschaft und durch intensive Landnutzung in ihrer Eignung als Rotwild-Lebensraum eingeschränkt (MÜNCHHAUSEN & HERRMANN 2007). Erste Beobachtungen weisen lokal begrenzt bereits auf eine zunehmende Inzuchtproblematik in kleinen Populationen hin (SCHLESWIG-HOLSTEIN MINISTERIUM FÜR LANDWIRTSCHAFT 2007).

1.2 Ziel des Projektes

Mit dem Projekt zum „Genetischen Monitoring beim Rotwild“ führte die Deutsche Wildtier Stiftung in Kooperation mit der Dozentur für Wildökologie und Jagdwirtschaft der Technischen Universität Dresden zwischen den Jahren 2005 bis 2007 Untersuchungen in drei Teilpopulationen des Rotwildes in Niedersachsen durch. Für die Projektregionen in der Lüneburger Heide, dem Harz und dem Solling lagen bereits genetische Auswertungen aus den 1980er Jahren vor (HERZOG 1988). Mit identischen Methoden sollte 20 Jahre später analysiert werden, ob sich die Rotwildbestände in den Projektregionen genetisch differenziert haben und wie stark die Differenzierung ist. Zentrale Fragestellung des Projektes war also, ob sich ein Zerschneidungseffekt der Hauptverkehrsachsen Niedersachsens, der Autobahnen A 7 und A 2, auch in der Entwicklung genetischer Kenngrößen beim Rotwild nachweisen lässt. Auf diese Weise könnten erstmals mögliche langfristige Wirkungen von Zerschneidung erkennbar gemacht werden.

Durch das Projekt wird das Wissen um die Auswirkungen von Landschaftszerschneidungen auf die Genetik von Rotwild weiter vertieft. Die Ergebnisse lassen außerdem Aussagen zur Wirkung von Landschaftszerschneidung auf andere Arten mit ausgeprägtem Verbreitungspotential zu. Zu diesen Arten gehören unter anderem die Wildkatze, der Fischotter oder der Luchs (HERRMANN *et al.* 2007; RECK *et al.* 2004). Gefördert wurde das Projekt mit Jagdforschungsmitteln des Landes Niedersachsen.

1.3 Stand der Forschung

Die Populationsgenetik ist eine wichtige Disziplin im Zusammenhang mit einer Vielzahl unterschiedlichster Fragestellungen im Bereich des Artenschutzes (VEITH & SEITZ 1995). Aus ersten Untersuchungen gibt es Hinweise, dass die genetischen Strukturen des Rotwildes durch anthropogene Einflüsse, insbesondere als Folge genetischer Drift nach Isolation von Populationen oder nach drastischen Reduktionen des Populationsumfanges, verändert werden können (HERZOG 2000). Welche Auswirkungen jedoch anthropogene Barrieren, wie Autobahnen oder Kanäle, auf den genetischen Austausch und damit die biologische Vielfalt haben, können nur langfristige Untersuchungsreihen zeigen. Die Folgen des Autobahnbaus auf die Genetik des Rotwildes werden seit 2001 von der Deutschen Wildtier Stiftung am Beispiel der A 20 in Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg untersucht. Die ersten Ergebnisse aus dem Langzeitmonitoring-Projekt zeigen, dass bisher nicht isolierte Populationen an zwei Genorten bereits recht deutliche Unterschiede aufweisen (HERZOG & GEHLE 2004). Zu ähnlichen Ergebnissen kamen Untersuchungen in verschiedenen, voneinander isolierten, Rotwildgebieten in Sachsen (MÜLLER 2008; WAURICH 2007).



Genetische Untersuchungen liegen bislang ausschließlich im Sinne von „Momentaufnahmen“ zu einem bestimmten Zeitpunkt vor. Es fehlt dagegen an längerfristigen, in die Zukunft weisenden Untersuchungsreihen, welche Entwicklungstrends aufzeigen könnten. Welche Auswirkungen anthropogene Barrieren auf den genetischen Austausch und damit auf die biologische Vielfalt haben, kann daher erst mit langfristigen Untersuchungsreihen belegt werden.

Die in der Vergangenheit beobachteten genetischen Unterschiede zwischen Rotwildpopulationen in Mecklenburg-Vorpommern (WAURICH 2007), Brandenburg (GEHLE & HERZOG 2003) und Sachsen könnten auf ganz unterschiedlichen Ursachen beruhen. Als Erklärung sind insbesondere folgende Hypothesen denkbar:

- Es kann sich um einen Zufallseffekt aufgrund des Stichprobenumfangs handeln. Die Wahrscheinlichkeit für einen Zufallseffekt nimmt jedoch mit zunehmender Zahl untersuchter Tiere ab und die vorhandenen Stichprobenumfänge (ca. 100 Individuen pro Teilgebiet) können als bereits recht zuverlässig angesehen werden.
- Es kann sich um einen Zufallseffekt aufgrund begrenzter Populationsumfänge („genetische Drift“), etwa nach umfangreichen reduzierenden Eingriffen in die Populationen handeln.
- Die Unterschiede können sich aufgrund von Isolation durch Landschaftszerschneidung ausgebildet haben. Eventuell reichen eine intensive Bewirtschaftung landwirtschaftlicher Flächen und die Entwicklung damit verbundener Traditionen schon zur Zerschneidung des Lebensraumes aus.
- Es existieren kleinräumig unterschiedliche Selektionsbedingungen, die für den Menschen bisher nicht erkennbar sind.
- Die Sozialstruktur des Rotwildes könnte eine genetische Differenzierung begünstigt haben. Eventuell spielt dies in Kombination mit spezifischen Bejagungsmustern eine Rolle.
- Die genetischen Unterschiede könnten auch durch Einkreuzungen entstanden sein.

Die drei letztgenannten Hypothesen konnten für Rotwildpopulationen bisher jedoch noch nicht nachgewiesen werden und es finden sich auch keine Anhaltspunkte für deren Zutreffen. Gegen Auswirkungen der Sozialstruktur sprachen bislang immer die fehlenden Homozygotenüberschüsse in den Populationen, welche bei einer angenommenen vermehrten Paarung verwandter Individuen zu erwarten gewesen wären. Die letztgenannte Hypothese ist als Ursache für die beobachteten Differenzierungsprozesse ebenfalls unwahrscheinlich, wie es Untersuchungen aus anderen Rotwildpopulationen mit nachweislich erfolgten Einkreuzungen zeigen (STRÖHLEIN *et al.* 1994).

Der genetische Austausch zwischen Populationen scheint zumindest teilweise nicht mehr in vollem Umfang gewährleistet zu sein, so dass hier ein langfristiges Risiko des Verlustes biologischer Vielfalt und damit langfristiger Anpassungsfähigkeit besteht. Dies erfordert beim Rotwild grundsätzlich ein langfristiges genetisches Monitoring.



2 Material und Methoden

2.1 Zeitlicher Ablauf

Die Kontaktaufnahme mit den Forstämtern und Jagdpächtern in den drei Teilpopulationen geschah im Herbst 2005. Mit Hinweis auf die Untersuchungen in den 1980er Jahren wurden die entsprechenden Ansprechpartner gebeten, ein weiteres Mal die Probennahme im routinemäßigen Jagdbetrieb zu organisieren. Die Probennahme geschah im Herbst und Winter 2005/ 2006 und 2006/ 2007.

Den Probennahmen folgten im Sommer 2006 und im Sommer 2007 die Laboruntersuchung und Auswertung der Stichproben an der Fakultät für Forst-, Geo- und Hydrowissenschaften der TU Dresden.

2.2 Untersuchungsgebiete

In insgesamt zehn Forstämtern der Niedersächsischen Landesforsten und im Nationalpark Harz wurden Proben für die genetische Untersuchung von Rotwild genommen. Die beteiligten Forstämter sind in Abbildung 1 gekennzeichnet.

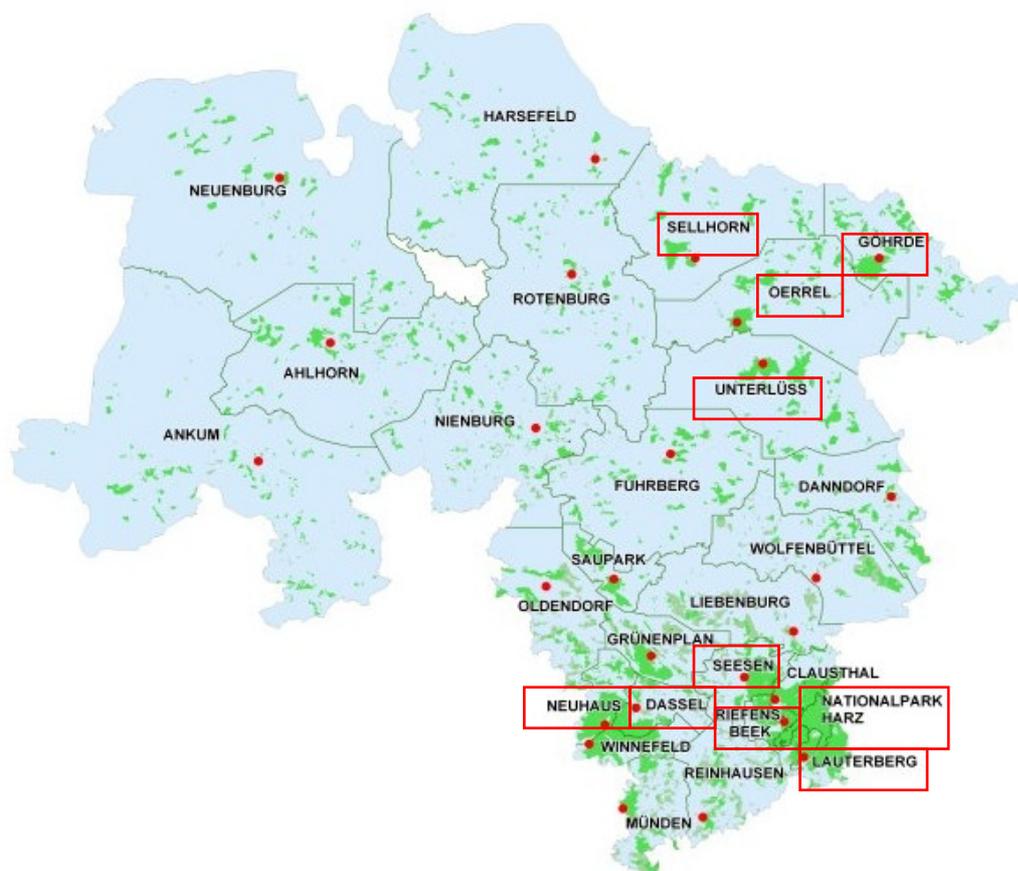


Abbildung 1: Beteiligte Landesforstämter in Niedersachsen (Quelle: Niedersächsische Landesforsten; www.landesforsten.de)



Die betreffenden Regionen zeichnen sich durch das flächendeckende Vorkommen von Rotwild aus. Die mittlere Dichte wird zwischen zwei bis vier Stück Rotwild per 100 ha Vorkommensfläche eingeschätzt (WOTSCHIKOWSKY & KERN 2004). Um Aussagen über Auswirkungen der Zerschneidungswirkung der Autobahn A7 auf die genetische Struktur der Rotwildpopulationen zu erhalten, mussten Populationen östlich und westlich der A 7 beprobt werden. Diese Vorgabe konnte mit der Auswahl der 10 Verwaltungen erfüllt werden, da das Rotwildvorkommen des Niedersächsischen Forstamtes Sellhorn westlich der A7 gelegen ist. Leider war der Probenumfang aus dieser Teilpopulation zu gering, um belastbare Ergebnisse aus den Untersuchungen erwarten zu können. Aus diesem Grund wurde für die Lüneburger Heide keine Unterscheidung in zwei Teilpopulationen vorgenommen.

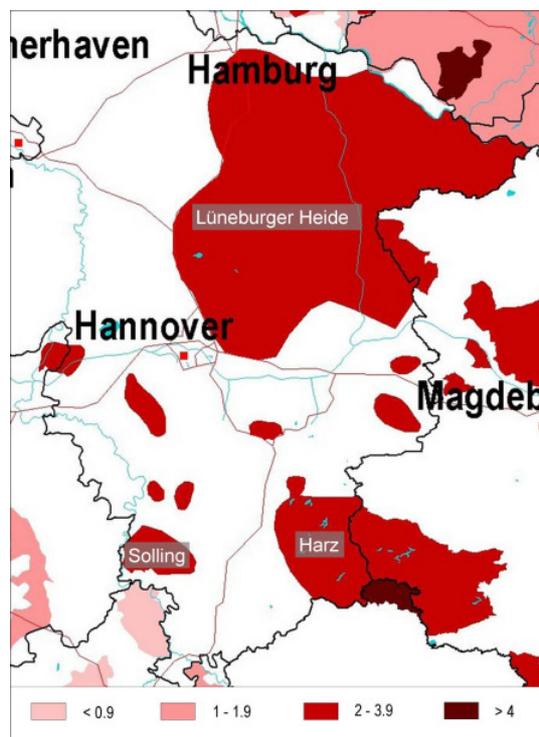


Abbildung 2: Schätzung der Rotwilddichte (Stück/ 100 ha) aufgrund der Jahresstrecke in den Untersuchungsgebieten (Karte verändert nach WOTSCHIKOWSKY & KERN 2004)

2.3 Probennahme

Die Probennahme geschah während der Einzel- und Gesellschaftsjagd im Laufe des routinemäßigen Jagdbetriebes in den vier Untersuchungsregionen. Jeweils zum 1. August 2005 bzw. 2006 wurden dazu die beteiligten Verwaltungen angeschrieben, um sie über das Vorgehen während der Probennahme zu informieren. Ein Merkblatt zur Probennahme findet sich im Anhang dieses Endberichtes. Zur genetischen Untersuchung des erlegten Rotwildes sollten entnommen werden:

1. eine Niere
2. ein etwa 5x5 cm großes Stück Leber
3. ein etwa 5x5 cm großes Stück Herzmuskulatur



Das Probenmaterial wurde nach der Entnahme baldmöglichst tiefgefroren gelagert. Die Proben wurden mit einem Begleitformular versehen, welches folgende Informationen enthielt:

- Forstamt/ Revier
- Datum
- Uhrzeit der Erlegung
- Geschlecht
- geschätztes Alter
- Jagdart (Einzeljagd oder Bewegungsjagd)

Zum Ende der Jagdzeit auf Rotwild wurden die Proben an den entsprechenden Sammelstellen abgeholt und zur weiteren Untersuchung an die TU Dresden gebracht.

2.4 Methodik der genetischen Untersuchung

Die Untersuchung der Proben und die Auswertung der Untersuchungsergebnisse erfolgten durch die Abteilung Wildökologie der TU Dresden. Die ursprünglich vorgesehene vergleichende Untersuchung mit den, mittlerweile nicht mehr routinemäßig verwendeten, biochemisch-genetischen Markern, also insbesondere Isoenzymen, und den aktuell genutzten molekularen Markersystemen konnte aufgrund technischer Restriktionen nicht erfolgen. Die dazu erforderliche Qualität der Stärke als Grundlage für die Elektrophorese-Gele ist derzeit weltweit nicht mehr verfügbar. Aus diesem Grunde erfolgt die Beschränkung auf molekulare Untersuchungen.

Aus den Gewebeproben wurde die DNA extrahiert, gereinigt und zur Erhöhung der auswertbaren DNA mittels Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR) vervielfältigt. Die DNA wurde anschließend mit unterschiedlichen, für das Rotwild geeigneten Primern für sogenannte Mikrosatelliten-Genorte hybridisiert und auf das Vorhandensein genetischer Polymorphismen überprüft. Mit verschiedenen biometrischen Methoden wurde sodann überprüft, wie sehr sich

1. die Proben der einzelnen Forstämter innerhalb eines Teilraumes des Untersuchungsgebietes voneinander unterscheiden;
2. die einzelnen Teilräume voneinander unterscheiden;
3. wie groß das Ausmaß an genetischer Variation innerhalb der Teilkollektive ist.

Neben der möglichen Barrierewirkung von Hindernissen, wie beispielsweise der A7, und deren möglichen Einfluss auf die untersuchten Teilpopulationen, wurde auch die Entfernung zwischen den Teilpopulationen der Untersuchungsgebiete in die Auswertung einbezogen.

Ausgewertet und miteinander in Beziehung gesetzt wurden bestimmte unterschiedliche Ausprägungen des gleichen Gens (sog. Allele). Betrachtet wurden unter anderem

1. die gefundenen Allelfrequenzen (Anzahl eines spezifischen Allels/ Gesamtsumme der Allele), um das Verhältnis eines Allel zum Gesamtbestand zu untersuchen. Hiermit kann die Häufigkeit bestimmter Merkmale einer Population festgestellt werden.
2. die gefundene Alleldiversität (Anzahl der unterschiedlichen Allele). Je größer die Diversität einer Art ist, umso weniger wirken sich spezifische Selektionsfaktoren auf die Population aus.
3. die Heterozygotie bzw. die Mischerbigkeit der Population in Bezug auf ein genetisches Merkmal. Diese bietet ein gutes Maß, um die Gefährdung einer Population durch Inzucht zu untersuchen. Je geringer die Mischerbigkeit, desto höher die mögliche Gefahr von Inzucht.



3 Ergebnisse

3.1 Anzahl untersuchter Proben

In der Jagdzeit 2005/2006 wurden 86 Proben von den Forstämtern bereitgestellt, im Jagdjahr 2006/2007 waren es insgesamt 176 Proben.

Tabelle 1: Aufteilung der genommenen Proben auf die Untersuchungsgebiete

Untersuchungsgebiet		Anzahl der Proben 2005 - 2007
Harz	Nds. FoA Lauterberg	27
Harz	Nds. FoA Riefensbeek	57
Harz	Nds. FoA Seesen	5
Harz	NP Harz	20
Lüneburger Heide	Nds. FoA Gohrde	31
Lüneburger Heide	Nds. FoA Oerrel	10
Lüneburger Heide	Nds. FoA Sellhorn	25
Lüneburger Heide	Nds. FoA Unterlüß	44
Solling	Nds. FoA Dassel	10
Solling	Nds. FoA Neuhaus	34
Gesamtprobenzahl		263

Insgesamt konnten 263 Proben ausgewertet werden. 69 von ihnen wurden westlich der A7 gesammelt, der überwiegende Teil der Proben aber im östlichen Teil der Lüneburger Heide (85 Proben) und im Harz (109 Proben).

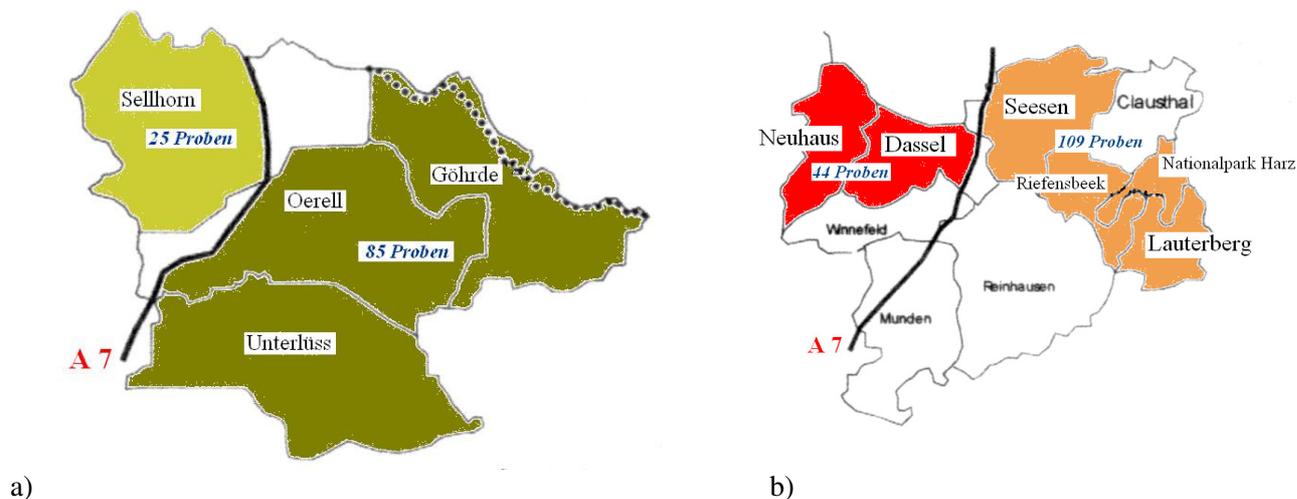


Abbildung 3a & b: Anzahl der Proben und regionale Verteilung (nach IMRON 2006)



3.2 Geschlechterverhältnis und Altersstruktur

45 % der niedersächsischen Proben stammen von männlichen und 55 % von weiblichen Tieren. Infolgedessen beträgt das Geschlechterverhältnis 1:1,2 (♂:♀). Der Anteil erlegter Kälber an der Gesamtstrecke liegt bei 53,6 %. Mit durchschnittlich 14,7 % sind Tiere der Altersklassen I bis III vertreten. Lediglich 2,2 % des Untersuchungsmaterials stammt von Rotwild der Altersklasse IV. Hirschkälber und junge Hirsche wurden häufiger erlegt als ihre weiblichen Altersgenossen. Dagegen ist der Anteil an Schmaltieren und Alttieren der Altersklasse III und IV wesentlich höher als der der Spießer und Hirsche. Dies wird in Abbildung 4 deutlich, in der die Anteile der Altersklassen an der Gesamtstrecke mit Berücksichtigung der Geschlechter dargestellt sind.

Anteile der Altersklassen an der Gesamtstrecke in Niedersachsen

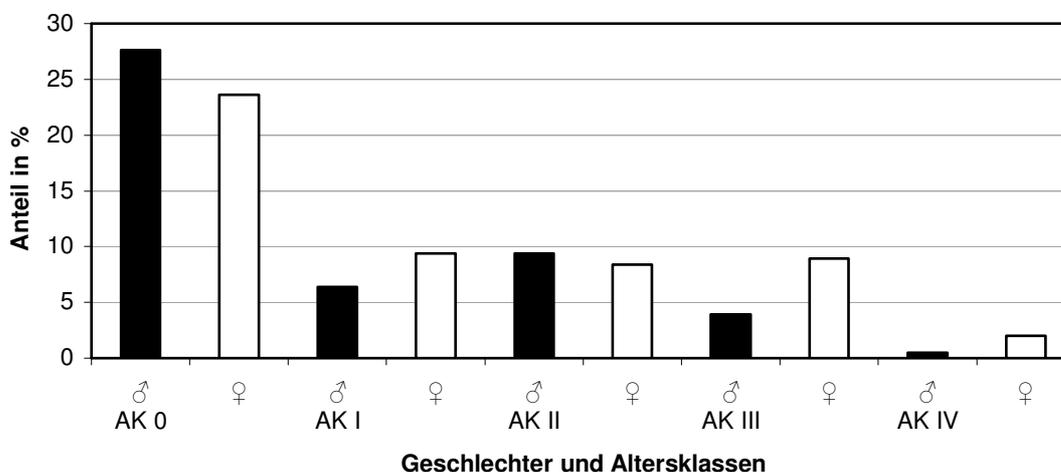


Abbildung 4: Anteile der Altersklassen an der Gesamtstrecke in den Untersuchungsgebieten (AK: Altersklasse; schwarze Balken: ♂; weiße Balken: ♀)

3.3 Allel- und Genotypenzahl

Die meisten Allele wurden am Genort HAUT14 gefunden. Sowohl die Lüneburger Heide als auch der Harz weisen an diesem Locus 14 verschiedene Allele auf. Die niedrigsten Allelzahlen pro Genort konnten im Harz und im Solling bei MM12 und RME25 festgestellt werden. An beiden Loci wurden in diesen Populationen nur drei Allele gefunden. Die mittlere Allelzahl pro Genort liegt zwischen 6,4 Allelen im Solling und 8,4 Allelen in der Lüneburger Heide. Tabelle 2 zeigt die Anzahl der Allele und mittleren Allelzahlen pro Locus der niedersächsischen Untersuchungsgebiete.

Wie Tabelle 3 zeigt, wurde auch die höchste Anzahl von Genotypen pro Locus wieder am Genort HAUT14 ermittelt. Mit 51 unterschiedlichen Genotypen liegt die maximale Genotypenzahl in der Lüneburger Heide. Dagegen wurden in der Sollinger Population bei MM12 die wenigsten Genotypen gefunden. Die mittleren Genotypenzahlen pro Locus reichen von 12,0 im Solling bis 23,8 in der Lüneburger Heide.



Tabelle 2: Anzahl der Allele pro Locus und mittlere Allelzahlen der Einstandsgebiete in Niedersachsen (LÜH: Lüneburger Heide; H: Harz; SO: Solling; n: Stichprobenumfang)

Einstands- gebiet	HAUT14	IOBT965	CSSM16	MM12	RME25	mittlere Allelzahl
LUH n = 110	14	11	8	4	5	8,4
H n = 109	14	11	8	3	3	7,8
SO n = 44	13	8	5	3	3	6,4

Tabelle 3: Anzahl der Genotypen pro Locus und mittlere Genotypenzahl in den Untersuchungsgebieten (LÜH: Lüneburger Heide; H: Harz; SO: Solling; n: Stichprobenumfang)

Einstands- gebiet	HAUT14	IOBT965	CSSM16	MM12	RME25	mittlere Genotypen- zahl
LUH n = 110	51	28	25	7	8	23,8
H n = 109	45	26	23	5	6	21,0
SO n = 44	31	11	11	3	4	12,0

3.4 Diversität, Gesamtdifferenzierung und Genetische Distanz

Die höchste allelische Diversität konnte in der Lüneburger Heide am Locus HAUT14 mit $\nu k = 10,373$ ($\delta_T^* = 0,908$) ermittelt werden, die niedrigste mit $\nu k = 1,347$ im Solling am Genort RME25. Sowohl die größte als auch die kleinste Gesamtdifferenzierung wurde im Solling festgestellt. Dabei liegt das Maximum mit $\delta_T^* = 0,909$ am Locus HAUT14 und das Minimum mit $\delta_T^* = 0,260$ am Genort RME25. Mit $\nu k = 3,035$ und $\delta_T^* = 0,674$ weist die Lüneburger Heide nicht nur die größte genetische Diversität, sondern auch die größte mittlere Gesamtdifferenzierung auf. Dagegen zeigt die Sollinger Population mit $\nu k = 2,287$ und $\delta_T^* = 0,569$ die geringste mittlere effektive Allelzahl und Gesamtdifferenzierung.

Die Diversitäten und Gesamtdifferenzierungen der Genotypen verhalten sich gleich wie die der Allele. So konnten in der Lüneburger Heide am Genort HAUT14 mit $\nu k = 38,291$ ($\delta_T^* = 0,983$) die meisten effektiven Genotypen nachgewiesen werden. Wiederum befindet sich die niedrigste Diversität mit $\nu k = 1,544$ im Solling am Locus RME25. Die höchste sowie die niedrigste Gesamtdifferenzierung zeigt wieder der Solling mit $\delta_T^* = 0,986$ bei HAUT14 und $\delta_T^* = 0,360$ bei RME25. Die Lüneburger Heide ist mit $\nu k = 4,874$ und $\delta_T^* = 0,802$ die variabelste niedersächsische Rotwildpopulation. Danach folgt der Harz mit 4,386 effektiven Genotypen und einer Gesamtdifferenzierung von $\delta_T^* = 0,779$. Mit $\bar{\nu} = 3,228$ und $\delta_T^* = 0,706$ konnte im Solling die geringste mittlere Anzahl effektiver Genotypen und die kleinste mittlere Gesamtdifferenzierung festgestellt werden. In Tabelle 4 sind die mittleren effektiven Allel- bzw. Genotypenzahlen sowie die mittleren Gesamtdifferenzierungen der Untersuchungsgebiete zusammengefasst.



Tabelle 4: Genetische Diversität (vk) und mittlere Gesamtdifferenzierung (δ_T^*) der Untersuchungsgebiete (n: Stichprobenumfang)

Einstandsgebiet		Allele	Genotypen
Lüneburger Heide	vk	3,035	4,874
n = 110	δ_T^*	0,674	0,802
Harz	vk	2,684	4,386
n = 109	δ_T^*	0,630	0,779
Solling	vk	2,287	3,228
n = 44	δ_T^*	0,569	0,706

Die Genpool-Abstände der untersuchten Populationen liegen zwischen 0,231 und 0,277, wobei die kleinste Differenzierung zwischen dem Harz und dem Solling und die größte zwischen dem Harz und der Lüneburger Heide festzustellen war.

Bei Betrachtung der genotypischen Strukturen (siehe Tabelle 5) weisen die Lüneburger Heide und der Solling mit $d_{PQ} = 0,444$ den größten Multilocus-Abstand auf. Die geringste Distanz mit $d_{PQ} = 0,383$ besteht wiederum zwischen dem Harz und dem Solling.

Tabelle 5: Genpool-Abstand d_{XY} und Multilocus-Abstand d_{PQ} zwischen den Untersuchungsgebieten

<i>d</i>	Lüneburger Heide	Harz	Solling
Lüneburger Heide	/	0,277	0,261
Harz	0,436	/	0,231
Solling	0,444	0,383	/

3.5 Vergleich mit der Hardy-Weinberg-Struktur

Nach dem Likelihood-Ratio-Test (G) und Pearson's χ^2 -Test unterscheiden sich die aktuelle und erwartete Heterozygotie in der Lüneburger Heide an den Genorten IOBT965 ($G = 18,242^{***}$; $\chi^2 = 20,614^{***}$; $FG = 1$) und CSSM16 ($G = 9,768^{**}$; $\chi^2 = 11,263^{***}$; $FG = 1$) hochsignifikant. Des Weiteren weisen der Harz am Locus CSSM16 ($G = 6,179^*$; $\chi^2 = 6,791^{**}$; $FG = 1$) und der Solling am Locus RME25 ($G = 5,633^*$; $\chi^2 = 4,762^*$; $FG = 1$) signifikante Unterschiede zwischen dem aktuellen und erwarteten Heterozygotenanteil auf. In Tabelle 6 sind die aktuellen und erwarteten Heterozygotien je Genort sowie gemittelt angegeben.



*Tabelle 6: Aktuelle (H_a) und erwartete (H_e) Heterozygotie in % pro Genort und gemittelt in den Untersuchungsgebieten (LÜH: Lüneburger Heide, H: Harz, SO: Solling */**/**: Signifikanzen nach dem Likelihood-Ratio-Test, */**/**: Signifikanzen nach Pearson's χ^2 -Test, */**/**: Signifikanzen nach dem χ^2 -Test mit Kontinuitätskorrektur von 0,5 (Abweichungen von H_e))*

Genort	LÜH		H		SO	
	H_a	H_e	H_a	H_e	H_a	H_e
HAUT14	85,45	90,36	83,33	85,44	81,82	89,84
IOBT965	56,36***/**/**	75,09	66,06	73,97	56,82	67,98
CSSM16	70,00***/**/**	82,23	67,89**/**	78,19	59,00	70,41
MM12	31,82	35,81	36,70	40,61	31,82	27,39
RME25	55,45	51,75	29,36	35,49	11,36**/**	25,75
gesamt	59,82	67,05	56,67	62,74	48,16	56,27



4 Diskussion

4.1 Genetische Strukturen

Das Untersuchungsmaterial wurde in drei Teilkollektive (Lüneburger Heide, Harz und Solling) unterteilt. Die Unterscheidung des Gebietes „Lüneburger Heide“ in ein Subkollektiv „östlich der A 7“ und in ein solches „westlich der A 7“ war beabsichtigt, doch aufgrund des Stichprobenumfangs aus dem Gebiet westlich der A 7 (siehe Abbildung 3) letztlich nicht sinnvoll.

Das Geschlechterverhältnis war mit 1: 1,2 vergleichsweise typisch für derartige Probenahmen. Der geringe Überschuss an weiblichen Stücken ist ein aktuell regelmäßig zu beobachtendes Phänomen, für welches derzeit noch keine schlüssige Erklärung existiert. Die regelmäßig geäußerte Vermutung, dass der Jäger bei den Kälbern tendenziell das schwächere und damit das weibliche Kalb erlege, wird durch den zunehmenden Anteil der Rotwildstrecke, welcher auf Bewegungsjagden erlegt wird, eher widerlegt. Bei Bewegungsjagden müsste man dann unter den Kälbern nämlich ein ausgeglichenes Geschlechterverhältnis erwarten, was aber offenbar nicht der Fall ist.

Die Lüneburger Heide zeigt die höchste, der Solling die geringste genetische Variabilität (Tabelle 2). Das gleiche Bild zeigt sich bei der Betrachtung der mittleren Anzahl an Allelen pro Genort, wobei letztere jedoch auch durch den Stichprobenumfang beeinflusst wird und damit lediglich zwischen Lüneburger Heide und Harz unmittelbar vergleichbar ist.

Hinsichtlich des Ausmaßes an genetischer Variabilität innerhalb der Teilpopulationen liegen die drei niedersächsischen Teilpopulationen in einer Größenordnung, wie sie auch in anderen Regionen Deutschlands beobachtet wurde. So finden sich ähnliche Werte in Sachsen und Mecklenburg-Vorpommern (MÜLLER 2008; WAURICH 2007). Allerdings liegt in letztgenannter Region die mittlere Anzahl an Allelen teilweise deutlich unter den Werten Niedersachsens. Hingegen zeigt sich insbesondere in der Stichprobe aus dem Solling eine vergleichsweise niedrige genetische Variation sowohl auf allelischer als auch auf genotypischer Ebene (Tabelle 3).

Die genetischen Abstände auf Basis des Genpools, also der aufsummierten Betrachtung aller Allele d_o , zwischen den einzelnen niedersächsischen Populationen liegen mit Werten zwischen 0,231 und 0,277 ebenfalls im Rahmen dessen, was in anderen Regionen beobachtet werden konnte (Tabelle 5). So finden wir beispielsweise für die sächsischen Teilpopulationen d_o -Werte zwischen 0,171 und 0,535 (MÜLLER 2008). Dies gibt zumindest einen Hinweis auf eine insgesamt noch vergleichsweise homogene Struktur des Rotwild-Genpools in Niedersachsen.

Auffallend ist auch der relativ größere Abstand zwischen der Lüneburger Heide und den beiden übrigen Teilkollektiven Harz und Solling (Tabelle 5). Dieser geht sowohl mit einem größeren geographischen Abstand einher als auch mit einer größeren Anzahl anthropogener Barrieren. Letztere finden wir insbesondere in Gestalt der vielbefahrenen und weitgehend gezäunten Autobahnen A 7 und A 2 sowie des Mittellandkanals.

Hinsichtlich der Frage des Reproduktionssystems ist es sinnvoll, die aktuell beobachteten genetischen Strukturen mit der sog. Hardy-Weinberg-Struktur, einer theoretischen Kenngröße für eine ideale zufallspaarende Population, zu vergleichen. Hier zeigt sich eine signifikante Abweichung lediglich punktuell, d.h. für einzelne Genorte (Tabelle 6). Eine systematische Abweichung, wie sie etwa bei deutlicher Inzuchtwirkung zu beobachten wäre, ist nicht nachweisbar.

Vergleicht man die Untersuchungsgebiete untereinander, so stellen wir fest, dass Harz und Lüneburger Heide aufgrund vergleichbarer und insgesamt recht hoher Stichprobenumfänge am besten miteinander direkt vergleichbar sind. Beim Solling ist immer der insgesamt geringere Stichprobenumfang in Betracht zu ziehen. Vor diesem Hintergrund ist die Population der Lüneburger Heide diejenige mit der größten genetischen Variation, es folgen der Harz und schließlich der Solling. Da wir im Solling auch vergleichsweise niedrige δ_T^* -Werte beobachten (Tabelle 4), können wir davon ausgehen, dass dieses



Resultat nicht alleine mit dem geringeren Stichprobenumfang zusammenhängt, sondern auch die aktuelle genetische Situation orientierend widerspiegelt. Es ist anzunehmen, dass sich an dieser Stelle die jahrzehntelange Isolation der Rotwildpopulation durch das Solling-Umfanggatter auswirkt. Das etwa 145 km lange Umfanggatter wurde erst im Jahr 2001 geöffnet. In den Jahrzehnten zuvor konnte nur in absoluten Ausnahmefällen ein Austausch zwischen der Population im Solling und angrenzenden Vorkommen beispielsweise in Nordhessen stattfinden.

4.2 Veränderung der genetischen Struktur nach 25 Jahren

Nachdem zwar ein direkter Vergleich mit identischen Markersystemen aus technischen Gründen derzeit nicht mehr möglich ist (siehe Material und Methoden), so ist doch der Vergleich der aus den jeweiligen Untersuchungen errechneten populationsgenetischen Kennzahlen möglich und auch sinnvoll. Im Rahmen der Untersuchung von HERZOG (1988) wurden die Rotwildvorkommen in Heide, Harz und Solling detailliert hinsichtlich ihrer genetischen Strukturen beschrieben. Das Untersuchungsmaterial wurde auf die gleiche Weise gewonnen, wie dies auch in der vorliegenden Untersuchung der Fall war.

Betrachten wir die δ_T^* -Werte, so liegen diese absolut gesehen in einer anderen Größenordnung als diejenigen der vorliegenden Untersuchungen. Dies begründet sich durch die Verwendung unterschiedlicher Markersysteme. Die geringste genetische Variation fanden wir schon seinerzeit im Solling. Dies könnte wie bereits erwähnt Ergebnis der jahrzehntelangen Isolation dieser Population durch das Solling-Umfanggatter sein. Die höchsten Werte waren allerdings seinerzeit im Harz zu beobachten, heute finden wir diese in der Lüneburger Heide. Diese Beobachtung soll zunächst einmal hinterfragt werden. Der Stichprobenumfang scheidet als Begründung für diese Diskrepanz sicherlich aus, da einerseits δ_T^* als Maß vergleichsweise unanfällig gegen Unterschiede im Stichprobenumfang ist und darüber hinaus die frühere Stichprobe aus dem Harz kleiner als die aktuelle war. Eine weitere denkbare Hypothese wäre die Reduktion des Populationsumfanges bis in die 1990er Jahre hinein, die sich möglicherweise in der kleineren Harz-Teilpopulation deutlicher als in der Lüneburger Heide ausgewirkt haben mag. Vor dem Hintergrund der Tatsache, dass eine bedeutende Reduktion des Bestandes im Harz bereits Ende der 1960er und Anfang der 1970er Jahre durchgeführt wurde (POHLMAYER 2004), ist diese Hypothese jedoch unwahrscheinlich. Die deutsche Wiedervereinigung mit der Durchmischung der Ostharz- und Westharzpopulation dürfte als Ursache ausscheiden, da diese zwar kurzfristig zu einem Homozygotenüberschuss (sog. Wahlund-Effekt), aber kaum zu einer dauerhaften Reduktion der genetischen Variation hätte führen können. Schließlich ist eine zunehmende Isolation der Teilpopulation im Harz zu diskutieren.

Ein Blick auf die Karte zur Rotwildverbreitung in Deutschland (Abbildung 6) weist in der Tat auf eine Isolierung der Teilpopulation im Harz hin. Während die Rotwildpopulation der Lüneburger Heide einen direkten Anschluss an große Rotwildverbreitungsgebiete in den östlichen Bundesländern hat, weist auch der Solling, nur durch die Weser getrennt, eine unmittelbare Verbindung zu den weitläufigen Rotwildverbreitungsgebieten Nordhessens und Thüringens auf. Der Harz hingegen ist nur durch eine Querungshilfe mit einem sehr kleinen Rotwildverbreitungsgebiet im Nord-Osten von Erfurt verbunden, im Norden schließen sich die großräumig waldfreien Landschaften der Hildesheimer und Magdeburger Börde an, im Westen das über 50 km breite und ebenfalls überwiegend landwirtschaftlich geprägte Leinetal. Auch die sich dem Harz in südlicher und östlicher Richtung anschließenden Landschaften sind überwiegend landwirtschaftlich geprägt und weisen über große Distanzen keine weiteren Rotwildvorkommen auf. All dies spricht für die Vermutung, dass eine zunehmende Isolation der Teilpopulation des Harzes tatsächlich zu befürchten ist.



Rotwildverbreitung in Deutschland

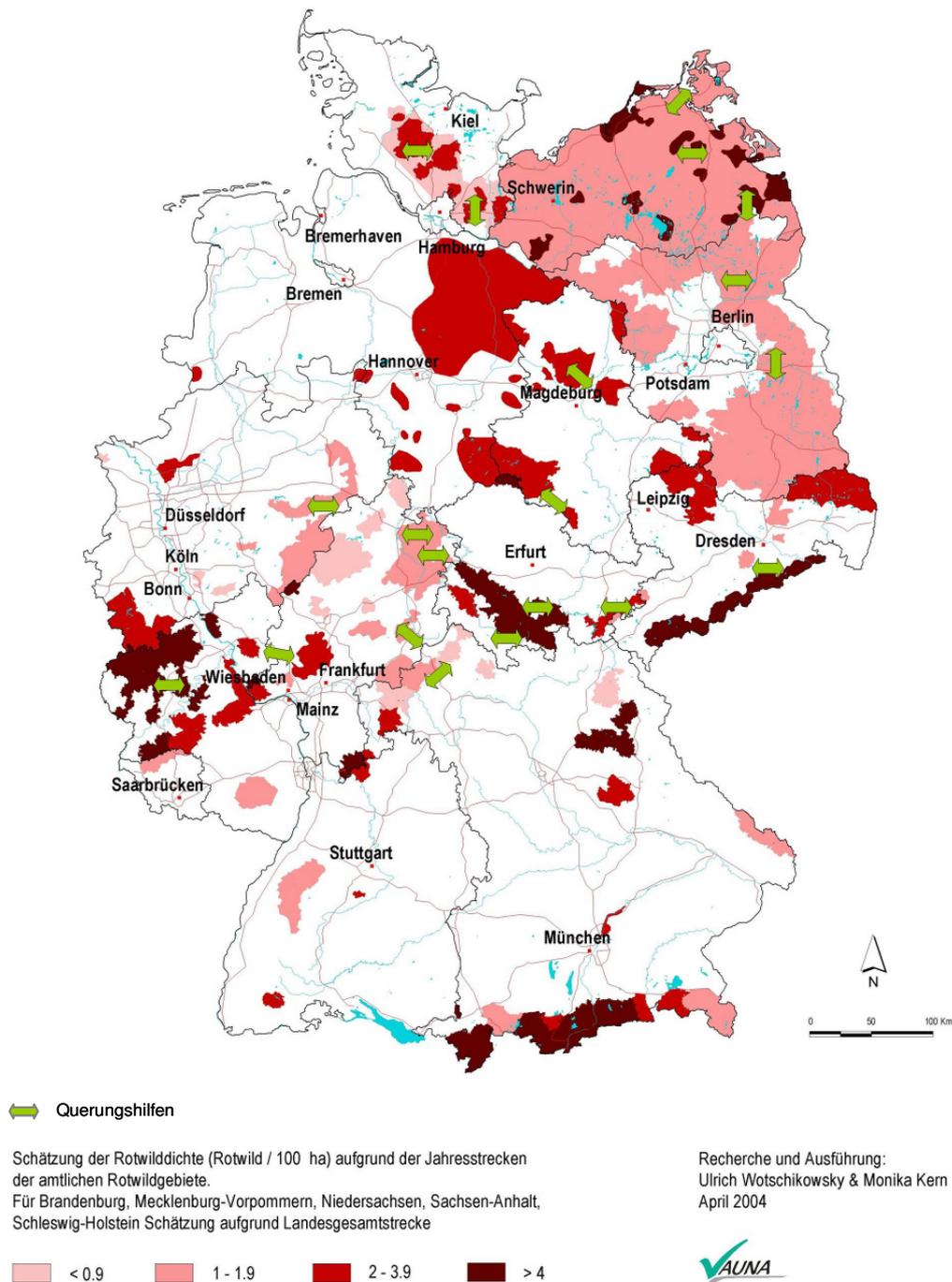


Abbildung 6: Karte zur Rotwildverbreitung in Deutschland mit rotwildrelevanten Querungshilfen von Barrieren (Karte nach WOTSCHIKOWSKY & KERN (2004) und verändert nach HERGENHAN (2003))



Die genetischen Abstände zwischen den einzelnen Teilvorkommen zeigten vor 20 Jahren ein der aktuellen Untersuchung vergleichbares Bild. Der größte genetischen Abstand d_0 konnte zwischen der Lüneburger Heide und dem Solling beobachtet werden, der geringste Abstand fand sich zwischen Harz und Solling. Der Vergleich der beobachteten genotypischen Struktur mit der Hardy-Weinberg-Struktur zeigte seinerzeit einen, wenngleich nur in Einzelfällen signifikanten, Trend zum Homozygotenüberschuss, welcher in der vorliegenden Untersuchung in ähnlicher Weise bestätigt werden konnte.

Vor dem Hintergrund der Untersuchung in den 1980er Jahren und der vorliegenden Studie lässt sich zusammenfassend feststellen, dass für die niedersächsischen Rotwildpopulationen während der letzten 20 Jahre offenbar keine drastische Verschlechterung, aber auch keine Verbesserung der genetischen Situation eingetreten ist. Akute Probleme, welche eine langfristige Bestandesgefährdung befürchten ließen, sind derzeit nicht erkennbar. Dennoch stellt sich die Frage, welche Ursachen für die Verschiebung der Relation zwischen Lüneburger Heide und Harz hinsichtlich der genetischen Variation innerhalb der Teilpopulationen verantwortlich sind. Die Hypothese einer zunehmenden Isolation insbesondere des Harzes als Lebensraum sollte in Zukunft weiter geprüft werden.

4.3 Forderungen an den Biotopverbund

Die vorgestellten Untersuchungen zeigen, dass in den vergangenen 20 Jahren keine signifikanten Veränderungen im Genpool der untersuchten Teilpopulationen stattgefunden haben. Aufgrund unzureichender Langzeitanalysen kann hieraus jedoch nicht abgeleitet werden, dass eine durch anthropogene Barrieren hervorgerufene Isolation von Teilpopulationen einer Art nicht zu einer genetischen Verarmung der betreffenden Population führen. Im Gegenteil verweisen verschiedene Autoren auf die besondere Bedeutung von Migration zur Vermeidung von Inzucht bei Rotwild (MEIBNER *et al.* 2006; STUBBE *et al.* 1997). Die genetische Struktur lokaler Kleinpopulationen entfernt sich im Laufe der Zeit immer weiter von der autochthonen Subspezies (BUNDESANSTALT F. STRAßENWESEN 2004). Die sich in der Untersuchung gezeigte genetische Variation zwischen der Rotwildpopulation in der Lüneburger Heide und im Harz ist hierfür ein erstes Indiz. Um die Anpassungsfähigkeit der Art aufgrund einer genetischen Verarmung nicht zu gefährden, erscheint eine vorbeugende Vernetzung der Rotwildlebensräume sinnvoll.

Abbildung 7 zeigt in dem Zusammenhang die Vernetzungssituation der Rotwildlebensräume im Untersuchungsgebiet. Nach HERGENHAN (2003) ist praktisch keinerlei Querungshilfe zwischen den Teilpopulationen Solling, Harz und Lüneburger Heide gegeben. Auch die zwischen den Untersuchungsgebieten liegenden Teilpopulationen des Rotwildes im Hildesheimer Wald, im Vogler, im Deister und in den Bückebergen sind demnach durch keine rotwildrelevanten Querungshilfen vernetzt. Die Niedersächsische Landesbehörde für Straßenbau und Verkehr gibt allerdings bei Kilometer 38,1 eine Wildbrücke über die A 39 an, welche bei HERGENHAN (2003) nicht verzeichnet ist (siehe Tabelle 7). Trotzdem ist die Vernetzungssituation dieser Teilpopulationen des Rotwildes unzureichend. Gerade vor dem Hintergrund der zentralen Lage der betrachteten Regionen innerhalb Deutschlands könnten Querungshilfen eine Vernetzung der großen Verbreitungsgebiete des Rotwildes in Ostdeutschland mit den Verbreitungsgebieten in den Mittelgebirgen Westdeutschlands ermöglichen. Ein Blick auf Abbildung 6 verdeutlicht diese besondere Rolle der Untersuchungsregionen für den Lebensraumverbund für großräumig wandernde Arten.

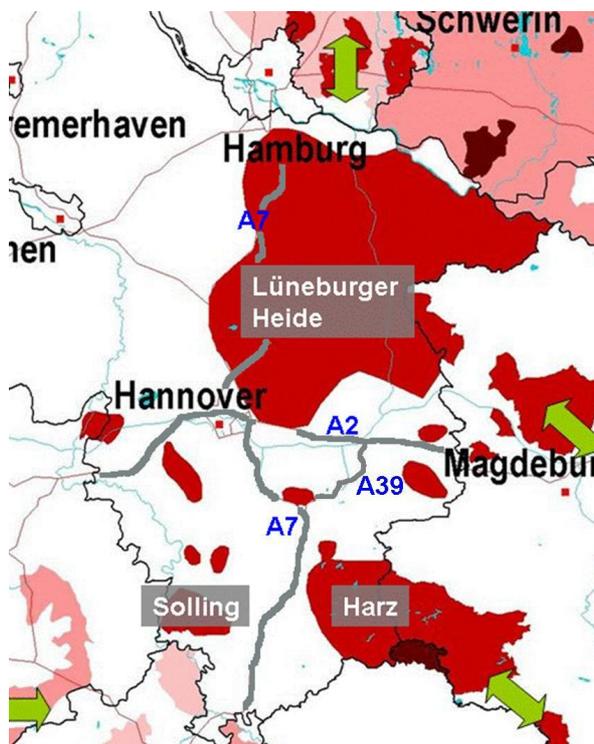


Abbildung 7: Autobahnen und Querungshilfen im Untersuchungsgebiet (Karte verändert nach HERGENHAN 2003)

Tabelle 7: Wildzäune und Querungshilfen im Untersuchungsgebiet (Quelle: Niedersächsische Landesbehörde für Straßenbau und Verkehr)

	BAB 2	BAB 7	BAB 39
Streckenabschnitt	Hannover Ost bis Helmstedt	Kassel Nord bis Hannover Ost	Autobahndreieck Salzgitter bis Autobahnkreuz Königslutter
Wildschutzzäune	von km 128,5 bis 213,0	von km 142,3 bis 155,0 von km 156,3 bis 162,5 von km 182,2 bis 193,5 von km 234,4 bis 241,6 von km 247,3 bis 250,7 von km 290,7 bis 300,2	von km 0 bis 1,1 von km 37,3 bis 41,3
Art der Zäunung	auf beiden Seiten	auf beiden Seiten	auf beiden Seiten
Ausnahmen	Ausnahmen im Bereich von Anschlussstellen, Lärmschutzwänden bzw -Wällen	Ausnahmen im Bereich von Anschlussstellen, Lärmschutzwänden bzw -Wällen	Ausnahmen im Bereich von Anschlussstellen, Lärmschutzwänden bzw -Wällen
Querungshilfe			Wildbrücke bei km 38,1



Als ursprüngliche Art der halboffenen und offenen Landschaft ist das Verhalten des Rothirsches vor allem durch saisonale Wanderungen geprägt (HECK 2005). Eine Unterdrückung der natürlichen Verhaltensmuster kann zu den bekannten Konflikten innerhalb der vom Rotwild besiedelten Waldgebiete führen (HOLST & HERZOG 2002). Nicht zuletzt zur Entschärfung dieser Konflikte sollte der Schwerpunkt eines Rotwildmanagements nicht ausschließlich auf die Vernetzung bestehender Verbreitungsgebiete ausgerichtet sein. Auch die Erschließung ursprünglicher Verbreitungsräume durch Schaffung entsprechender Wanderkorridore hilft dem Rotwild, ein artgerechteres Leben zu führen. Grundvoraussetzung für weiträumige Wanderungen ist allerdings die Auflösung der behördlich ausgewiesenen Rotwildverbreitungsgebiete. Niedersachsen gehört zu den wenigen Bundesländern in Deutschland, in denen Rotwild wandern darf.

5 Öffentlichkeitsarbeiten

Mit Beginn des Projektes wurde am 10. November 2005 eine Pressemitteilung zu den Inhalten und Zielen des Projektes zum Genetischen Monitoring beim Rothirsch veröffentlicht (siehe Anhang 2). Weiterhin wurde im Rahmen der Öffentlichkeitsarbeit über das Projekt in der Zeitschrift „Niedersächsischer Jäger“ ausführlich berichtet, um die Fachöffentlichkeit über das Projekt zu informieren (siehe Anhang 4). Dies sollte auch interessierten Inhabern von privaten Revieren im Projektgebiet die Möglichkeit zur Teilnahme am Projekt eröffnen. Weiterhin wurden Informationen zu dem Projekt auf der Homepage www.rothirsch.org der Deutschen Wildtier Stiftung der Öffentlichkeit zur Verfügung gestellt.

Am 03. und 07. März 2007 fanden Vortragsveranstaltungen im Rahmen der Jahreshauptversammlungen der Hochwildringe Gohrde und Süsing statt, bei denen die Untersuchung und erste Zwischenergebnisse der Jägerschaft vorgestellt wurden. Die Möglichkeiten der Verbesserung des bestehenden Rotwildmanagements waren ebenfalls Bestandteil der Vorträge.

Im Frühjahr 2008 wurden verschiedene Termine innerhalb der Jägerschaften der Projektregionen und nationaler Symposien wahrgenommen. Hierbei sind unter anderem das Symposium zur Landschaftszerschneidung von NABU, DJV und BUND zur Lebensraumzerschneidung in Berlin (21. Februar 2008) und die Mitgliederversammlung des Hochwildringes Gohrde (01. März 2008) zu nennen. Am 14. März und 14. Mai 2008 wurden darüber hinaus Vorträge zum Engagement der Deutschen Wildtier Stiftung rund um den Rothirsch inklusive der Untersuchungen zur Rotwildgenetik im Weser- und Weserleinebergland gehalten.

Am 20. Mai 2008 fand die Abschlussveranstaltung des Projektes im Kaisersaal des Jagdschloss Springe statt. Eingeladen waren Vertreter des Niedersächsischen Ministerium für den ländlichen Raum, Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz als Fördermittelgeber, die beteiligten Niedersächsischen Forstämter und des Nationalparks Harz, die Landesjägerschaft, die Hochwild-Hegegemeinschaften aus den Projektregionen sowie Vertreter aus den wildbiologischen Instituten Niedersachsens. Neben den Ergebnissen des Projektes wurde hier das Engagement der Deutschen Wildtier Stiftung rund um den Rothirsch vorgestellt. Zeitgleich zur Abschlussveranstaltung wurde eine weitere Pressemitteilung zu den Ergebnissen des Projektes veröffentlicht (Anhang 3).

Die Ergebnisse des Projektes werden mit Abgabe des Endberichtes an den Fördermittelgeber für eine populärwissenschaftliche Veröffentlichung in einer Jagdzeitschrift aufbereitet. Eine Veröffentlichung von Vorgehen und Ergebnissen des Projektes im Landesjagdbericht des Bundeslandes Niedersachsen wird angestrebt.



Literatur

- BUNDESANSTALT F. STRAßENWESEN 2004: Standorte für Grünbrücken, in: Berichte der Bundesanstalt für Straßenwesen Verkehrstechnik Heft V 117.
- GEHLE, T. & S. HERZOG 2003: Bestimmung genetischer Strukturen für ein genetisches Monitoring am Beispiel des Rothirsches (*Cervus elephus*) in Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg, Zeitschrift für Jagdwissenschaft Volume 49, Number 1 / März 25-40.
- HECK, A. 2005: Die Bedeutung des Rotwildes (*Cervus elephus*) als Schutzobjekt und Zielart im Naturschutz; Lebensräume-Korridore-Biotopverbund, Jahrbuch Naturschutz in Hessen 9.
- HERGENHAN, C. 2003: Grünbrücken: Standorte in Deutschland, Anforderungen und Probleme, in: Rotwild in Bayern - heute und morgen (L. B. e.V. und B. A. f. T. U.-u. Jagdwissenschaften, eds.). Schriftenreihe des Landesjagdverbandes Bayern e.V., Prien/ Chiemsee Band 13.
- HERRMANN, M., J. ENSSLE, M. SÜSSER und J.-A. KRÜGER 2007: Der NABU-Bundeswildwegeplan.
- HERZOG, S. 1988: Cytogenetische und biochemisch-genetische Untersuchungen an Hirschen der Gattung *Cervus* (Cervidae, Artiodactyla, Mammalia), Göttingen Research Notes in Forest genetics 10:1-139.
- HERZOG, S. 2000: Genetische Strukturen des Rotwildes (*Cervus elephus*) in Westdeutschland und deren Bedeutung im Rahmen innovativer Managementkonzepte, European Journal of Wildlife Research 46: 188-192.
- HERZOG, S. & T. GEHLE 2004: Genetische Veränderungen beim Rotwild (*Cervus elephus*) durch den Einfluss des Menschen? in: Ein Leitbild für den Umgang mit dem Rothirsch in Deutschland, Tagungsband zum 2. Rotwildsymposium der Deutschen Wildtier Stiftung, Bonn.
- HOLST, S. & S. HERZOG 2002: Der Rothirsch - Ein Fall für die Rote Liste? P. 348, in: Tagungsband zum 1. Rotwildsymposium der Deutschen Wildtier Stiftung, Bonn.
- IMRON, M. A. 2006: Landscape fragmentation, genetic differentiation and long-term survival in Red deer (*Cervus elephus*). Minor Thesis, Universität Wageningen.
- MEIBNER, M., H. REINECKE und F. ZACHOS 2006: Nordlichter, in: Pirsch 18/ 2006.
- MÜLLER, S. 2008: Molekulargenetische Untersuchungen zur Frage der Auswirkungen von Landschaftszerschneidung beim Rotwild (*Cervus elephus*). Diplomarbeit zur Erlangung des akademischen Grades Diplom-Forstwirt, TU Dresden, Dresden, Diplom.
- MÜNCHHAUSEN, H. F. v. & M. J. HERRMANN 2007: Freiheit für den Rothirsch - zur Zukunft der Rotwildgebiete in Deutschland, P. 210 S., in: Tagungsband zum 3. Rotwildsymposium der Deutschen Wildtier Stiftung, Berlin.
- POHLMAYER, K. 2004: Modell für die Zukunft – 50 Jahre Rotwildring Harz, in: Niedersächsischer Jäger 9/2004.
- RECK, H., K. HÄNEL, M. BÖTTCHER und A. WINTER 2004: Lebensraumkorridore für Mensch und Natur. Deutscher Jagdschutzverband e.V. (DJV): Teil I S. 11-69; Teil II S. 71-313.
- SCHLESWIG-HOLSTEIN MINISTERIUM FÜR LANDWIRTSCHAFT, U. U. L. R. 2007: Jagd und Artenschutz, P. 130 (Themenheft), in: Jahresbericht 2007 (U. u. L. R. Schleswig-Holstein Ministerium für Landwirtschaft, Hrsg.).
- STRÖHLEIN, H., F. JÄGER, W. HECHT, A. HERZOG und S. HERZOG 1994: Genetische Studien an Rotwild (*Cervus elephus*, L.) aus Hessen, Niedersachsen und Sachsen-Anhalt. Teil II: Diskussion der ermittelten Parameter der Isoenzymgenetik unter Beachtung mitochondrialer DNS-Haplotypverteilung, European Journal of Wildlife Research 40, S. 74-83.



- STUBBE, C., W. BORROCK und I. MAHNKE 1997: Rothirschwanderungen in Mecklenburg-Vorpommern, Beiträge zur Jagd- und Wildforschung 22: S. 307-320.
- VEITH, M. & A. SEITZ 1995: Anwendungsmöglichkeiten der Populationsgenetik für den Artenschutz, Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie. Band 24: S. 219-226.
- WAURICH, R. 2007: Die Auswirkungen der Lebensraumfragmentierung auf die Genetik großer mobiler Säugetierarten am Beispiel von *Cervus elephus*. Diplomarbeit, Humboldt-Universität Berlin.
- WOTSCHIKOWSKY, U. & M. KERN 2004: Verbreitung des Rothirsches in Deutschland, in: Ein Leitbild für den Umgang mit dem Rothirsch in Deutschland, Deutsche Wildtier Stiftung (Hrsg.), Bonn, Tagungsband zum 2. Rotwildsymposium.



Anhang

Anhang 1: Merkblatt zur Probennahme

DEUTSCHE WILDTIER STIFTUNG
Schirmherr: Bundespräsident a.D. Prof. Dr. Roman Herzog

Merkblatt für die Probenentnahme im Rahmen des Rotwildgenetikprojektes 2007

Für die genetische Analyse wird von möglichst jedem erlegten Stück Rotwild benötigt:

1. eine Niere,
2. ein etwa 5x5 cm großes Stück Leber
3. ein etwa 5x5 cm großes Stück Herzmuskulatur.

Technische Hinweise zu den Proben:

- Das Probenmaterial sollte nach der Entnahme baldmöglichst tiefgefroren gelagert werden.
- Die Organproben eines Tieres können zusammen in einem Beutel gelagert werden. Handelsübliche Gefrierbeutel sind ausreichend.
- Die Beschriftung der Proben sollte folgende Informationen umfassen:
 - Forstamt/Revier
 - Datum
 - Uhrzeit der Erlegung
 - Geschlecht
 - geschätztes Alter
 - Jagdart (Einzeljagd oder Bewegungsjagd)

Bitte versehen Sie die Proben mit einem möglichst mit Bleistift oder wasserfesten Stift beschrifteten Zettel oder Etikett.

Selbstverständlich stehe ich Ihnen für Rückfragen jederzeit gerne unter 040/ 733 39-1876 zur Verfügung.

Mit einem herzlichen Dank
und vor allem Weidmannsheil

Deutsche Wildtier Stiftung


Andreas Künzer
Forst- und Jagdpolitik

Bilbrockdeich 210 • 22113 Hamburg • Telefon: 040 733 39-18 80 • Fax: 040 7330278 • info@DeWIS.de
Vorstand: Haymo G. Reithwisch • Vorsitzender des Kuratoriums: Dr. Rainer Hagemann
Spenderkonto: HSH Nordbank • Konto: 380 618 010 • BLZ: 210 500 00
www.DeutscheWildtierStiftung.de



Anhang 2: Presse-Information zu Beginn des Projektes am 10.11.2005

Führt die Landschaftszerschneidung zu genetischen Veränderungen?

Langzeitprojekt: „Genetisches Monitoring beim Rotwild“

Hamburg, 10. November 2005. Mit dem Projekt „Genetisches Monitoring beim Rotwild“ der Deutschen Wildtier Stiftung sollen die Erkenntnisse zu den Auswirkungen von Landschaftszerschneidungen auf die Genetik von Wildtieren weiter vertieft und neue Erkenntnisse gewonnen werden. Beispielhaft sollen Rotwildpopulationen in vier Projektregionen in Niedersachsen, für die bereits genetische Daten aus den 1980er Jahren vorliegen, untersucht werden. Mit identischen Methoden wird heute, 25 Jahre später, der Frage nachgegangen, ob sich hier die Rotwildbestände genetisch verändert haben. In diesem Fall wären Maßnahmen zur Vernetzung von Rotwildpopulationen in Niedersachsen notwendig. Die Untersuchungen werden vom Lehrstuhl für Wildökologie und Jagdwirtschaft der Technischen Universität Dresden durchgeführt. Das Projekt mit der Laufzeit von 24 Monaten startete im Sommer 2005. Die Finanzierung erfolgt durch die Stiftung, zudem erfolgt die Förderung aus Jagdforschungsmitteln des Landes Niedersachsen.

Der Rothirsch ist in Mitteleuropa eine der letzten frei lebenden Großwildarten. Aus offenen oder halboffenen Landschaften, dem ursprünglichen Lebensraum dieser Art, wurde er weitgehend verdrängt und sein Lebensraum in Deutschland auf 140 ausgewiesene Rotwildgebiete reduziert. Doch auch diese Gebiete sind durch Zerschneidung und forstliche Nutzung in ihrer Funktion als Lebensraum für das Rotwild nur eingeschränkt tauglich.

Langzeitmonitoring ist unerlässlich

Welche Auswirkungen künstliche Barrieren auf den genetischen Austausch und damit auf die Überlebensfähigkeit von Arten haben, können nur langfristige Untersuchungsreihen zeigen. Aus diesem Grund untersucht die Stiftung seit 2001 die Auswirkungen des Autobahnbaus auf die Rotwildgenetik am Beispiel der A 20 in Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg. Erste Ergebnisse aus diesem Langzeitmonitoring-Projekt zeigen, dass bisher nicht isolierte Populationen an zwei Genorten bereits deutliche Unterschiede aufweisen.

Zu ähnlichen Ergebnissen kamen Untersuchungen in verschiedenen, allerdings voneinander isolierten Rotwildgebieten in Sachsen. Um dieses Phänomen weiter zu erforschen, will die Stiftung weitere Rotwildpopulationen in Deutschland untersuchen. Bisher liegen genetische Daten ausschließlich im Sinne von „Momentaufnahmen“ zu einem bestimmten Zeitpunkt vor. Es fehlt an längerfristigen, zukunftsweisenden Untersuchungsreihen, um tatsächliche Entwicklungstendenzen nachweisbar zu machen.



Langzeitmonitoring in Niedersachsen

Die genetischen Untersuchungen in Niedersachsen aus den 1980er Jahren zeigen keine oder nur sehr geringe genetische Unterschiede zwischen Rotwildvorkommen. Sollten sich heute solche Unterschiede auch für ehemals „nicht-differenzierte“ Rotwildvorkommen zeigen, würde dies weit reichende Konsequenzen für einen zukünftigen Umgang mit dem Rotwild, aber auch mit anderen großen wandernden Wildarten haben.

Vorgehensweise

Die Organproben werden in vier Untersuchungsregionen (Solling, Harz, und der Lüneburger Heide – jeweils westlich und östlich der A 7) erhoben. Für jede Region wird ein Probenumfang von 100 Individuen angestrebt. Die Proben werden mit Hilfe der niedersächsischen Landesforstverwaltung und den Bundesforsten im Rahmen des Routinejagdbetriebes entnommen. Ab Herbst 2005 werden Proben gesammelt, erste Auswertungen liegen im Frühjahr 2006 vor. Finale Ergebnisse werden zum Sommer 2007 erwartet.



Anhang 3: Presse-Information zur Abschlussveranstaltung des Projektes am 20.05.2008

Eingesperrtes Rotwild verliert genetische Vielfalt

Deutsche Wildtier Stiftung veröffentlicht Ergebnisse zum genetischen Monitoring von Rotwild in Niedersachsen

Hamburg, 20. Mai 2008. Der Rothirsch ist das größte in Deutschland lebende Säugetier. Einst ein Wildtier der offenen und halboffenen Landschaften, wurde sein Lebensraum überwiegend auf Waldgebiete reduziert. Auch das für den Rothirsch wichtige Wanderverhalten ist durch Autobahnen und Siedlungen weitgehend unmöglich geworden. Weil die von Menschen geschaffenen Barrieren einen Austausch zwischen den Populationen einschränken, verinseln die Rotwildbestände. Dies ist umso problematischer, je kleiner die Populationen sind. Die lokal stark reduzierte genetische Vielfalt kann Krankheiten und Missbildungen begünstigen und letztendlich den Fortbestand der Art gefährden.

Gefördert aus Jagdforschungsmitteln des Landes Niedersachsen hat die Deutsche Wildtier Stiftung daher ein genetisches Monitoring von Rotwild in der Lüneburger Heide, dem Harz und dem Solling durchgeführt. Aufbauend auf einer ersten Studie aus den 1980er Jahren wurde dazu am Lehrstuhl für Wildökologie der Technischen Universität Dresden die genetische Struktur von 263 Rotwild-Proben aus den drei Projektregionen ausgewertet. Auf der Abschlussveranstaltung am 20. Mai 2008 im Jagdschloss Springe stellte Prof. Dr. Dr. Sven Herzog, Dozent für Wildökologie und Jagdwirtschaft der TU Dresden, die Ergebnisse vor: „Das Rotwild in der Lüneburger Heide besitzt die größte genetische Variation, es folgen der Harz und schließlich der Solling. Vor 20 Jahren wies noch die Rotwildpopulation im Harz die größte genetische Variation auf.“

Warum der Harz in den letzten 20 Jahren an genetischer Vielfalt verloren haben könnte, zeigt ein Blick auf die Verbreitungskarte der Rotwildvorkommen in Deutschland: Die Population der Lüneburger Heide schließt direkt an große Verbreitungsgebiete in den östlichen Bundesländern an. Der Harz ist jedoch umgeben von großräumig waldfreien Landschaften, in denen auf große Distanzen keine weiteren Rotwildvorkommen bestehen. „Da es in Niedersachsen weder entlang der Bundesautobahn 7 noch entlang der Bundesautobahn 2 Wildbrücken gibt, wird sich die Isolation des Rotwildes im Harz voraussichtlich weiter verschärfen“, betont Hilmar Freiherr v. Münchhausen, Geschäftsführer der Deutschen Wildtier Stiftung. Gerade vor dem Hintergrund der zentralen Lage von Lüneburger Heide und Harz in Deutschland könnten Querungshilfen die Vernetzung der großen Verbreitungsgebiete des Rotwildes in Ostdeutschland mit denen der Mittelgebirge Westdeutschlands ermöglichen.

Projektbericht „Genetisches Monitoring beim Rotwild in Niedersachsen“ und Rotwildverbreitungskarte unter: www.rothirsch.org.



Anhang 4: Beitrag im Niedersächsischen Jäger im Januar 2006

JAGDBETRIEB

Der Rothirsch ist in Mitteleuropa eine der letzten frei lebenden Großwildarten. Aus offenen oder halboffenen Landschaften, dem ursprünglichen Lebensraum dieser Art, wurde er weitgehend verdrängt und sein Lebensraum in Deutschland auf 140 ausgewiesene Rotwildgebiete reduziert. Doch auch diese Gebiete sind durch Zerschneidung und forstliche Nutzung in ihrer Funktion als Lebensraum für das Rotwild nur eingeschränkt tauglich.

Mit dem Projekt „Genetisches Monitoring beim Rotwild“ der Deutschen Wildtier Stiftung sollen die Erkenntnisse zu den Auswirkungen von Landschaftszerschneidungen auf die Genetik von Wildtieren weiter vertieft und neue Erkenntnisse gewonnen werden. Beispielhaft werden die Rotwildpopulationen in vier Projektregionen in Niedersachsen, für die bereits genetische Daten aus den 1980er-Jahren vorliegen, untersucht. Mit identischen Methoden wird heute – 25 Jahre später – der Frage nachgegangen, ob sich hier die Rotwildbestände genetisch verändert haben. In diesem Fall wären Maßnahmen zur Vernetzung von Rotwildpopulationen in Niedersachsen notwendig.

Die Untersuchungen werden vom Lehrstuhl für Wildökologie und Jagdwirtschaft der Technischen Universität Dresden durchgeführt. Das Projekt mit einer Laufzeit von 24 Monaten ist im Sommer 2005 gestartet. Finanziert wird es durch die Deutsche Wildtier Stiftung. Außerdem werden die Untersuchungen durch Jagdforschungsmittel des Landes Niedersachsen gefördert.

Langzeitmonitoring ist unerlässlich

Welche Auswirkungen künstliche Barrieren auf den genetischen Austausch und damit auf die Überlebensfähigkeit von Arten haben, können nur langfristige Untersuchungsreihen zeigen. Aus diesem Grund unter-

Langzeitprojekt „Genetisches Monitoring beim Rotwild“ in Niedersachsen

Quo vadis, Rotwild?



Führt die zunehmende Zerschneidung und vorrangig auf den Menschen ausgerichtete Nutzung der Landschaft zu genetischen Veränderungen in den zunehmend isolierten Rotwildvorkommen?
Foto: Karl-Heinz Volkmar

sucht die Deutsche Wildtier Stiftung seit 2001 die Auswirkungen des Autobahnbaus auf die Rotwildgenetik am Beispiel der A 20 in Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg. Erste Ergebnisse aus diesem Langzeitmonitoring-Projekt zeigen, dass bisher nicht isolierte Populationen an zwei Genorten bereits deutliche Unterschiede aufweisen.

Zu ähnlichen Ergebnissen kamen Untersuchungen in verschiedenen, allerdings voneinander isolierten Rotwildgebieten in Sachsen. Um dieses Phänomen weiter zu erforschen, will die Stiftung weitere Rotwildpopulationen in Deutschland untersuchen. Bisher liegen genetische Daten ausschließlich im Sinne von „Momentaufnah-

men“ zu einem bestimmten Zeitpunkt vor. Es fehlt an längerfristigen, zukunftsweisenden Untersuchungsreihen, um tatsächliche Entwicklungstendenzen nachweisbar zu machen.

Proben aus vier niedersächsischen Regionen

Die genetischen Untersuchungen in Niedersachsen aus den 1980er-Jahren zeigen keine oder nur sehr geringe genetische Unterschiede zwischen Rotwildvorkommen. Sollten sich heute solche Unterschiede auch für ehemals „nicht-differenzierte“ Rotwildvorkommen zeigen, würde dies weit reichende Konsequenzen für einen zukünftigen Umgang mit dem Rotwild, aber auch mit anderen großen

wandernden Wildarten haben. Die Organproben werden seit Herbst 2005 mit Hilfe der niedersächsischen Landesforsten und der Bundesforsten im Rahmen des Routinejagdbetriebes in vier Untersuchungsregionen (Solling, Harz und Lüneburger Heide westlich und östlich der A 7) entnommen. Für jede Region wird ein Probenumfang von 100 Individuen angestrebt. Erste Auswertungen liegen im Frühjahr 2006 vor. Endgültige Ergebnisse werden zum Sommer 2007 erwartet.

Inhaber von Privatrevieren, die Interesse an der Teilnahme an diesem Projekt haben, können sich an Prof. Dr. Dr. Sven Herzog, TU Dresden, Tel. (03 52 03) 3 83 13 38, wenden.
DeWiSt