

Der genetische Zustand der Rotwildbestände in Rheinland-Pfalz



Zusammenfassung des Abschlussberichts zum
Projekt „Genotypisierung der Rotwild-Bestände
in Rheinland-Pfalz – Aufbau einer Gendatenbank“

PD Dr. Axel Hochkirch

Universität Trier

Zusammenfassung

Gefördert durch das **Ministerium für Umwelt, Landwirtschaft, Ernährung, Weinbau und Forsten** (aus Mitteln der **Jagdabgabe**) und mit Unterstützung des **Landesjagdverbandes Rheinland-Pfalz** wurde in den Jahren 2009 bis 2012 eine Gendatenbank für die Rotwild-Bestände in Rheinland-Pfalz aufgebaut. Insgesamt wurden mehr als 2300 Individuen aus allen rheinland-pfälzischen Rotwildbezirken untersucht. Die Ergebnisse zeigen, dass die Rotwild-Populationen in Rheinland-Pfalz generell eine **hohe genetische Vielfalt** aufweisen und **keine negativen Effekte von Inzucht** zeigen. Die Rotwildbestände können aufgrund ihrer genetischen Konstitution zu **vier genetischen Clustern (Populationen)** zusammengefasst werden, die **weitgehend naturräumlichen Strukturen** folgen und zwischen denen der Austausch nur gering ist: **Eifel** (Rotwildbezirke Prüm-Bitburg, Daun-Wittlich, Ahrweiler-Mayen und Cochem-Kondel), **Hunsrück** (Rotwildbezirke Zell, Osburg-Saar, Hochwald und Vorderer Hunsrück), **Pfälzerwald** sowie die **rechtsrheinischen** Populationen (Rotwildbezirke Kaub-Taunus, Montabaur Höhe und Neuwied). Ein negativer Effekt von Verkehrswegen lässt sich anhand des Datensatzes nicht nachweisen. Lediglich der Verlauf der Autobahn A1 zwischen dem Moseltal und Nonnweiler stimmt mit einer auffälligen Veränderung von Allelfrequenzen im Rotwildbezirk Hochwald überein. Insgesamt ist die Rotwildpopulation in Rheinland-Pfalz aus genetischer Sicht als sehr **vital und genetisch vielfältig** zu bezeichnen.

1 Einleitung

Die zunehmende Zerschneidung von Lebensräumen durch Straßen, Siedlungen, Bahntrassen, aber auch durch die land- und forstwirtschaftliche Nutzung stellt einen wichtigen Gefährdungsfaktor für unsere Wildtiere dar. Die Zerschneidung von Lebensräumen führt nicht nur zur Verkleinerung von Lebensräumen, sie vermindert auch den Austausch zwischen Populationen, und kann damit zur genetischen Verarmung von Wildtierbeständen führen und Inzucht begünstigen. Mit Hilfe moderner molekulargenetischer Methoden lassen sich solche Gefahren abschätzen. Die Anwendung molekulargenetischer Methoden erlaubt eine Vielzahl von Analysen, wie u.a. die Bestimmung der Identität, Herkunft oder Elternschaft von Individuen. Die Bearbeitung naturschutzbiologischer Fragestellungen mit Hilfe von genetischen Methoden wird als „Naturschutzgenetik“ bezeichnet. Je nach Fragestellung stehen für genetische Analysen verschiedene Methoden zur Verfügung. Eine der wichtigsten Methoden ist die sogenannte „Mikrosatelliten-Analyse“. Mikrosatelliten sind kleine Wiederholungs-Abschnitte in der Erbsubstanz, die keine Funktion besitzen. Aufgrund ihrer hohen Variabilität sind sie insbesondere für die Aufdeckung sehr feiner genetischer Strukturierungen (wie z.B. Elternschaften) besonders gut geeignet.

Im Rahmen eines Forschungsprojektes an der Universität Trier wurden von 2009 bis 2012 die Rotwild-Bestände in Rheinland-Pfalz untersucht. Rheinland-Pfalz zeichnet sich durch einen sehr starken Rotwild-Bestand aus, insbesondere in Eifel, Hunsrück und Pfälzerwald. Im Jagdjahr 2012/13 betrug die rheinland-pfälzische Jagdstrecke 9154 Tiere. In Rheinland-Pfalz wird das Rotwild in 13 Rotwildbezirken bewirtschaftet, die teils direkt aneinander grenzen (in Eifel und Hunsrück), teils aber auch durch größere Entfernungen oder geographische Barrieren getrennt sind (wie z.B. Pfälzerwald, Montabaur, Neuwied). Ziel der vorliegenden Untersuchung war der Aufbau einer Gen-Datenbank für die Rotwild-Bestände in Rheinland-Pfalz. Hierbei sollte insbesondere untersucht werden, in wie weit die Rotwild-Populationen durch Verkehrswege, natürliche Barrieren oder die Bewirtschaftung in Rotwildbezirken fragmentiert sind und wie stark die genetische Diversität der Populationen variiert.

2 Bearbeitetes Material

Zwischen 2009 und 2012 wurden insgesamt 2302 Individuen beprobt. Die Probenahme fand jeweils während der Jagdsaison statt (01. Mai bis 31. Januar). Der Großteil der Proben stammte von Drückjagden im Herbst. Die Anzahl der Proben variierte stark zwischen den Rotwildbezirken (siehe Tabelle 1). Während in einigen Rotwildbezirken die Abdeckung ausgesprochen gut war (Pfälzerwald, Hochwald, Neuwied, Vorderer Hunsrück, Osburg-Saar), gab es aus anderen Bezirken nur sehr wenige Proben (insbesondere Kaub-Taunus, Zell, Montabaur). Tiere, die außerhalb der Rotwildbezirke geschossen wurden, wurden wenn möglich dem benachbarten Rotwildbezirk zugeordnet. Bei 83 Proben war jedoch auch eine solche Zuordnung nicht durchführbar, weil entweder die Fundortangabe zu ungenau war oder der Fundort genau zwischen zwei Rotwildbezirken lag.

Tabelle 1: Herkunft und Anzahl der Proben

| Ort | Anzahl | Anteil (%) |
|-------------------|-------------|------------|
| Prüm-Bitburg | 158 | 6.86 |
| Daun-Wittlich | 77 | 3.34 |
| Ahrweiler-Mayen | 132 | 5.73 |
| Meulenwald | 106 | 4.60 |
| Cochem-Kondel | 82 | 3.56 |
| Zell | 25 | 1.08 |
| Neuwied | 284 | 12.34 |
| Montabaur | 50 | 2.17 |
| Vorderer Hunsrück | 252 | 10.95 |
| Hochwald | 411 | 17.85 |
| Osburg-Saar | 245 | 10.64 |
| Kaub-Taunus | 11 | 0.48 |
| Pfälzerwald | 386 | 16.77 |
| Nicht zuzuordnen | 83 | 3.60 |
| Summe | 2302 | 100 |

3 Ergebnisse der Studie

Generell erwiesen sich alle beprobten Rotwild-Populationen als genetisch sehr vielfältig. Es gibt verschiedene Maße der genetischen Vielfalt, von denen hier nur exemplarisch der Allel-Reichtum dargestellt wird. Der Allel-Reichtum gilt als ein neutrales Maß der genetischen Diversität, da er nur geringfügig von der Größe der Stichprobe beeinflusst wird. In Abbildung 1 wird deutlich, dass der Allel-Reichtum nur wenig zwischen den Rotwildbezirken schwankt. Die Fehlerbalken überlappen sich deutlich zwischen den einzelnen Säulen, so dass die geringfügigen Unterschiede nicht als signifikant gewertet werden können. Insgesamt haben alle Rotwild-Populationen in Rheinland-Pfalz eine hohe genetische Vielfalt im Vergleich zu anderen Populationen in Europa. Dies wird vermutlich durch die hohen Populationsgrößen und verhältnismäßig gute Konnektivität der Populationen verursacht.

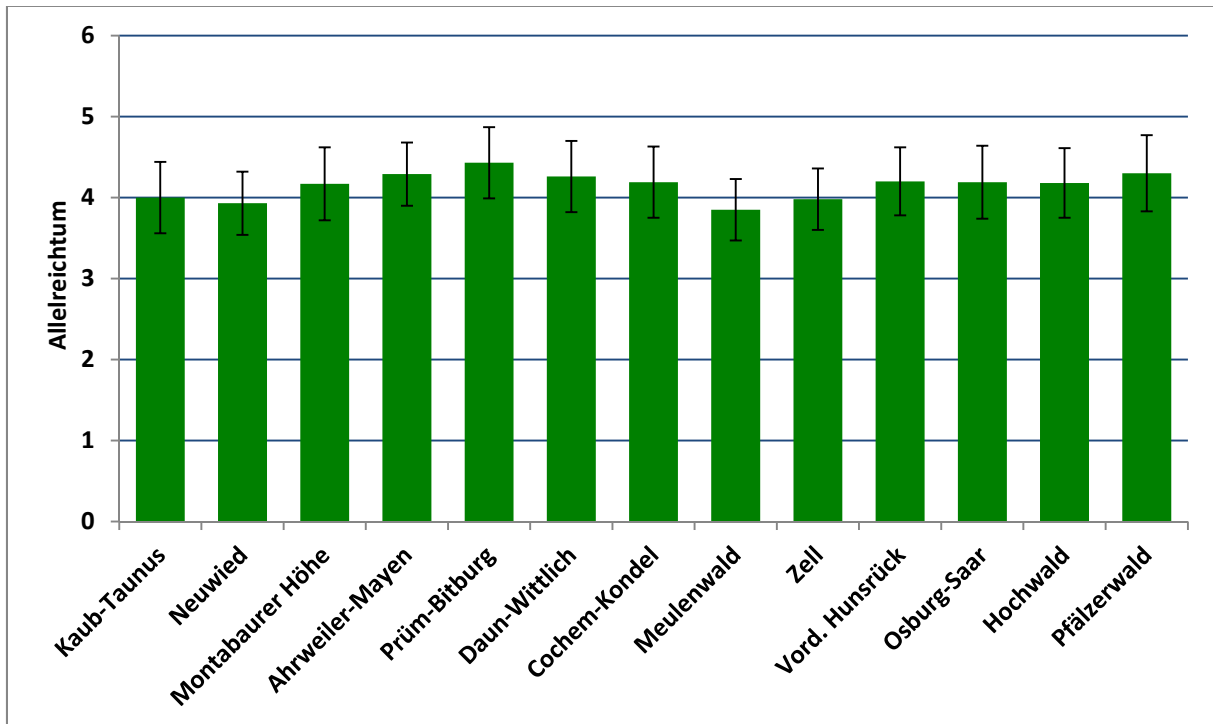


Abb. 1: Allel-Reichtum der Rotwildbezirke in Rheinland-Pfalz (Mittelwerte mit Standardfehlern).

Basierend auf der genetischen Konstitution der Populationen lassen sich vier große Bestände (Cluster) abgrenzen. Diese folgen den naturräumlichen Einheiten (Abbildung 2a): Eifel, Hunsrück, Pfälzerwald, rechtsrheinische Populationen. Die genetischen Unterschiede (Differenzierung) waren zwischen Rotwildbezirken einer Region geringer als zwischen den Regionen. Abbildung 2b zeigt die mittlere Differenzierung für alle Rotwildbezirke. Hierbei fällt auf, dass Bezirke, die direkt an andere Bezirke angrenzen (also einer Region angehören) eine geringere Differenzierung aufweisen als Bezirke, die stärker isoliert sind (wie zum Beispiel Pfälzerwald, Kaub-Taunus, Neuwied, Montabaur).

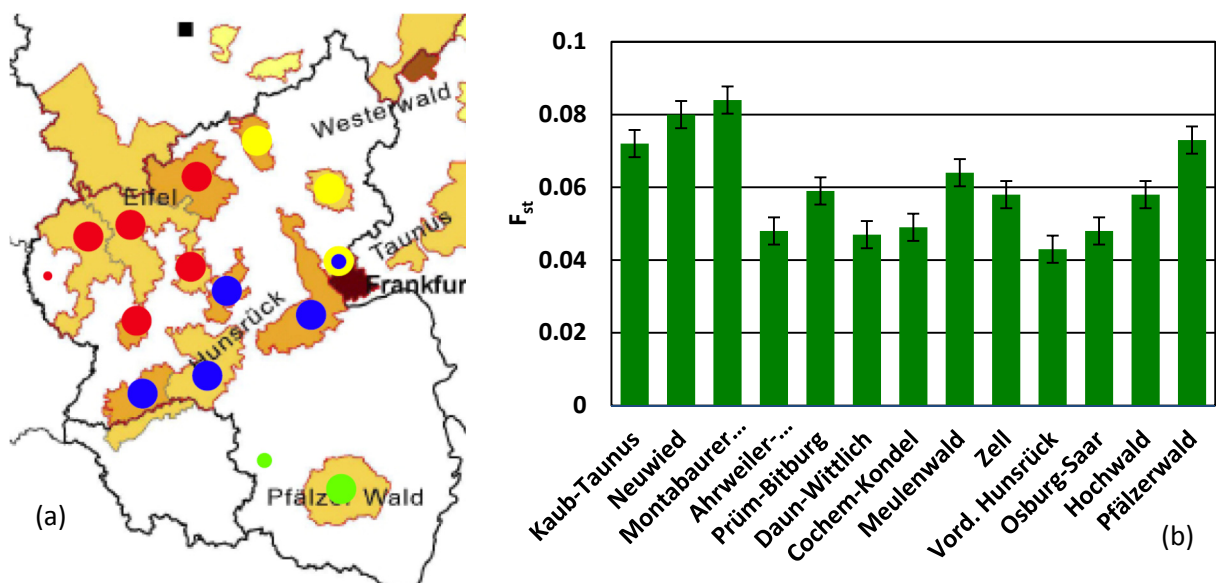


Abb. 2: (a) Geographische Verteilung der genetischen Cluster der Rotwild-Bestände in Rheinland-Pfalz. Jede Farbe stellt ein anderes genetisches Cluster dar. (b) Mittlere genetische Differenzierung der Rotwildbezirke zu allen anderen Rotwildbezirken.

4 Die Rotwild-Regionen im Einzelnen

Eifel: Zur Region Eifel lassen sich die Rotwildbezirke Prüm-Bitburg, Daun-Wittlich, Ahrweiler-Mayen, Meulenwald und Cochem-Kondel zählen. Es handelt sich um eine vitale Population mit sehr hoher genetischer Vielfalt und gutem Austausch zwischen den einzelnen Rotwildbezirken. Es scheint auch gelegentlichen Austausch mit der Region Hunsrück zu geben. Die genetischen Unterschiede zu den rechtsrheinischen Populationen und zum Pfälzerwald sind dagegen schon beträchtlich.

Hunsrück: Zur Region Hunsrück zählen die Rotwildbezirke Zell, Hochwald, Osburg-Saar und Vorderer Hunsrück. Auch diese Region zeichnet sich durch genetisch sehr vielfältige Populationen aus, zwischen denen ein reger Austausch herrscht. Es kommt gelegentlich zum Austausch mit den Populationen der Eifel, jedoch kaum mit den rechtsrheinischen Populationen (mit Ausnahme von Kaub-Taunus) und dem Pfälzerwald

Rechtsrheinisches Cluster: Die Populationen Neuwied, Montabaur und Kaub-Taunus haben ebenfalls eine hohe genetische Vielfalt, wenn diese auch geringfügig kleiner ist als in den Regionen Hunsrück, Eifel und Pfälzerwald. Zwischen den drei Rotwild-Regionen kommt es zum Austausch von Individuen, jedoch in geringerem Maße als bei den Populationen Eifel und Hunsrück. Auch Austausch mit anderen Regionen scheint nur selten stattzufinden, am häufigsten zwischen Vorderem Hunsrück und Kaub-Taunus.

Pfälzerwald: Der Pfälzerwald hat eine genetisch sehr vielfältige Rotwild-Population, die jedoch so gut wie keinen Austausch mit anderen Populationen zeigt. Am ehesten scheint es noch gelegentlichen Austausch mit dem Hunsrück zu geben.

5 Danksagung

Die Durchführung dieses Projektes wäre ohne die Hilfe zahlreicher Jäger, Forstämter und Hegegemeinschaften nicht möglich gewesen. Insbesondere gebührt Herrn Dr. Ulf Hohmann, Herrn Ulf Hettich und Herrn Ditmar Huckschlag unser besonderer Dank für die Zurverfügungstellung zahlreicher Proben aus den Rotwildbezirken Pfälzerwald und Hochwald. Ebenso stellten uns Herr Dr. Alain Frantz (Naturhistorisches Museum Luxemburg) und Herr Sebastian Hoffmann (Universität Mainz) zahlreiche Proben zur Verfügung. Des Weiteren seien hier einige Jäger persönlich erwähnt, die in besonderem Maße zum Gelingen der Arbeit beigetragen haben: Dr. Bruno Viertel, Bernd Bahr, Florian Diehl, Peter Irsfeld, Kurt Volkemer, Rudolf Reichsgraf von Kesselstatt, Hans Reinert, Christian Jost, Wolfgang Keck, Olaf Simon, Erich Dötsch, Waldemar Thielen, Astrid Moller-Racke. Eine Auflistung sämtlicher beteiligter Personen ist aus Platzgründen nicht möglich. Bei den Laborarbeiten waren neben den Technischen Assistenten/-innen Petra Willems, Karin Fischer, Sabine Naber und Dirk Louy auch die Wissenschaftlichen Hilfskräfte Sarah Wirtz, Jasmin Weinberger, Marcus Fingerle und Corrado Modica beteiligt. Auch haben einige Studierende mit ihren Abschlussarbeiten (Bachelor- und Masterarbeiten) zum Gelingen der Arbeit beigetragen. Hierzu gehören Sarah Wirtz, Vera Schubert, Hannah Holzmann und Patricia Thielen.