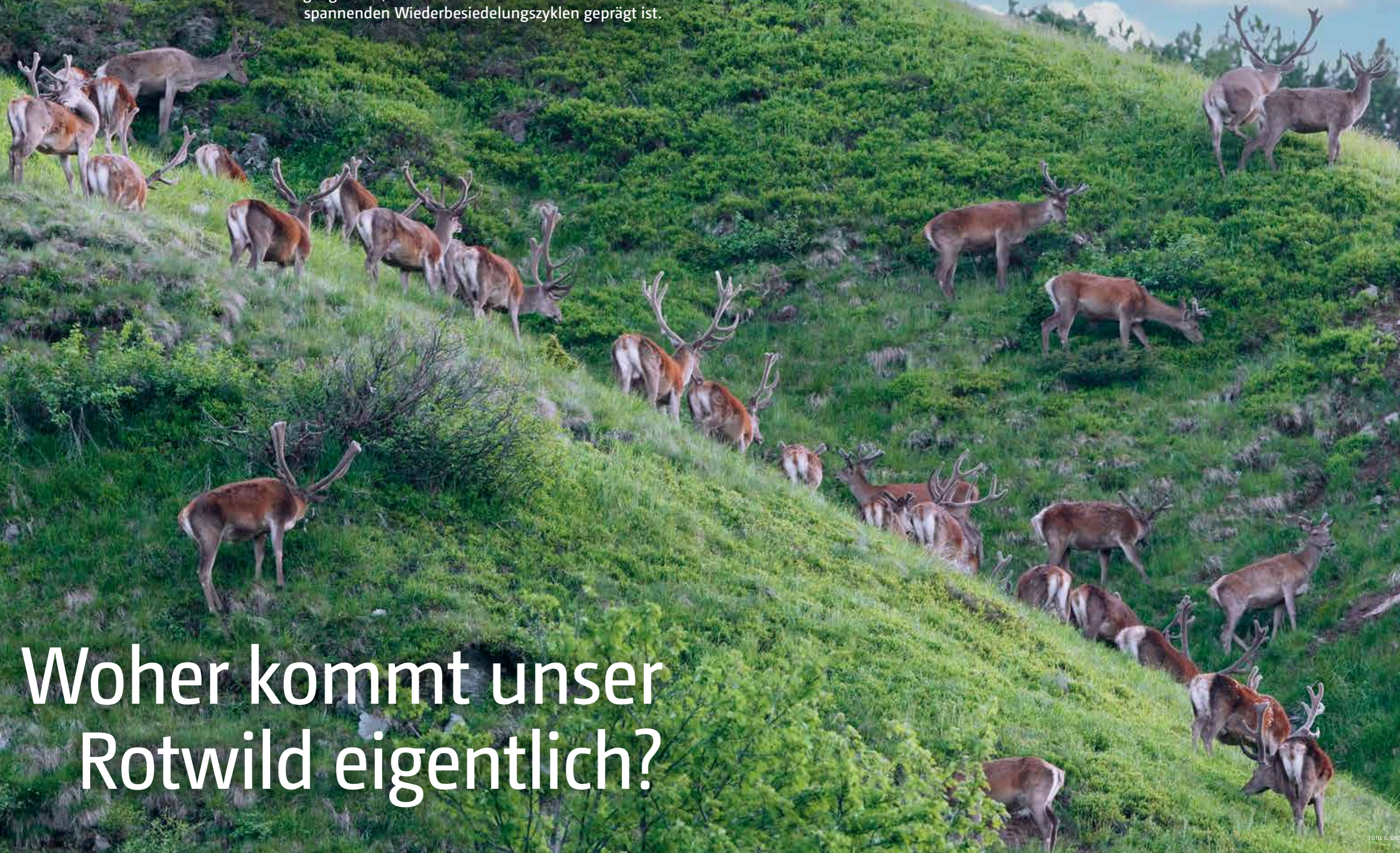


Heutige Rotwildpopulationen scheinen schon seit Ewigkeiten in ihrer Art und Weise zu existieren. Tatsächlich lohnen sich jedoch detaillierte Blicke in ihre Vergangenheit, die von umfassenden Einschnitten und spannenden Wiederbesiedelungszyklen geprägt ist.



Woher kommt unser
Rotwild eigentlich?

Internationale Rotwildgenetik: Woher kommt unser Rotwild eigentlich?

Dem Rotwild als europäischer Charakterart und wichtigem jagdbarem Wild kommt naturgemäß viel Interesse entgegen. Populationen werden dabei oft als stabil und alteingesessen angesehen – „Rotwild gibt's hier ja schon immer“. Ein spezielles Feld in der Wildtiergenetik ermöglicht uns jedoch Einsichten in die historische Entwicklung von Wildtierpopulationen, die weit über unseren persönlichen Zeithorizont hinausgehen und dabei eine spannende und bewegte Geschichte zutage fördern. Diese enthält oft unerwartete Erkenntnisse und stellt so manche scheinbar unwichtige Population in ein neues Licht.

Die Geschichte hinterlässt genetische Spuren

Genetische Analysen über große Räume sind in der Lage, Populationsstrukturen zu erfassen und die historische Herkunft einzelner Populationen herzuweisen. Unter der Fachdisziplin der Phylogeografie zusammengefasst, können damit spannende und wichtige Einsichten in die Ausbreitungsgeschichte gesamtartlicher Arten über viele Jahrtausende gewonnen werden. Arten der nördlichen Hemisphäre zeigen dabei oft ein typisches Muster. Der wesentli-

VERERBT UND ANGEBOREN

Von Florian Kunz

che Faktor sind die generell als Eiszeiten bekannten Perioden. Diese korrekterweise eigentlich als Kaltzeiten zu bezeichnenden Klimaereignisse haben sich in der jüngeren Erdgeschichte mit Warmzeiten abgewechselt. Während der kältesten Phasen der Kaltzeiten kam es stets zu weitreichenden Vergletscherungen und zur Bildung von Permafrostböden in Europa, welche sich in den Warmzeiten wieder zurückzogen und abschmolzen. Arten mussten sich an diesen Zyklus abwechselnder Vergletscherungen anpassen, womit meist eine räumliche Verschiebung einherging. Die letzte Kaltzeit war die Würm-Kaltzeit, benannt nach der Würm – ein Fluss in Bayern. Diese Kaltzeit begann vor etwa 115.000 Jahren und dauerte ungefähr bis vor 10.000 Jahren an. Die Würm-Gletscher hatten dabei ihre flächenmäßig größte Ausdehnung, das sogenannte letzte glaziale Maximum, vor rund 23.000 bis 18.000 Jahren.

In Phasen solcher Ausdehnungen wurden Arten gezwungen auszuweichen, um weiterhin Gebiete mit ausreichend Vege-

tation und damit Nahrungsressourcen zu finden. Auf dem Weg nach Süden blieben mitteleuropäischen Arten damit im letzten glazialen Maximum drei bekannte Rückzugsorte: die Iberische Halbinsel, der italienische Stiefel und die Balkanhalbinsel. Diese drei Räume fungierten als Refugien für viele verschiedene Arten während der Kaltzeiten, die dort gewissermaßen „überwintern“ konnten. Da es während der Phasen der Überdauerung in den Refugien zu keinem Genfluss zwischen den Refugien kommen konnte, differenzierten sich die einzelnen Populationen sukzessive voneinander und regionale Anpassung und Artbildung fanden statt. Mit dem Ende der Kaltzeit und damit dem Abschmelzen der Gletscher sowie der Veränderung der Vegetation konnten die Tiere dann aus diesen Refugialräumen wieder expandieren. Dabei trafen nun Artgenossen aus verschiedenen Refugien im europäischen Festland aufeinander. Durch die voranschreitende Differenzierung waren diese nun jedoch teils mehr, teils weniger unterschiedlich. Wenn gleich noch keine verschiedenen Arten, so war die Zeit in den Refugialräumen dennoch meist lange genug, um zumindest Unterarten auszubilden. Noch heute sehen wir eindeutige genetische Muster, die uns

von den Refugialräumen und der Ausbreitungsgeschichte erzählen.

Phylogeografie des Rotwilds

Das rezente europäische Rotwild zeigt wie viele andere größere europäische Säugetiere typische Muster dieser Refugialräume und der darauffolgenden Ausbreitung. Umfassende genetische Studien fanden dementsprechend drei große Linien im heutigen europäischen Rotwild. Individuen der Linie A stammen aus dem Refugialraum der Iberischen Halbinsel und haben sich im Laufe der letzten 18.000 Jahre nördlich der Alpen über Frankreich und das westliche Nordeuropa bis nach Großbritannien und Skandinavien verbreitet. Die Rotwild-Linie C stammt aus dem Refugialraum der Balkanhalbinsel, womit sich die Tiere nachvollziehbarerweise nun vor allem über Ost- und Zentraleuropa und südlich der Alpen entlang nach Norditalien ausgebreitet haben. Spannend wird es nun mit der Linie B, welche lediglich in einer Population in Mesola (Italien) vorkommt. Die restlichen rezent in Italien vorkommenden Rothirsche sind Nachkommen von Aussetzungen aus mitteleuropäischen Populationen. Die Mesola-Hirsche sind damit das letzte autochthone, also „einheimische“, Rotwild in Italien und folglich aufgrund ihrer genetischen Einmaligkeit von besonderer Bedeutung. Großräumige genetische Untersuchungen der letzten Jahre fanden noch zwei weitere Populationen von Rotwild, welche vermutlich der Linie B entspringen und damit zu den eigentlichen

italienischen Tieren gehören könnten: Rotwild in Sardinien und in Korsika sowie in Nordafrika. Während die beiden Inselpopulationen bereits als eigene Unterart geführt werden (der Tyrrhenische Rothirsch), konnte ein Unterart-Status für die Mesola-Hirsche aufgrund der genetischen Studien erst vor Kurzem vorgeschlagen werden (der Mesola-Rothirsch). Die gemeinsame Abstammung könnte dabei auf Aussetzung von ursprünglich italienischem Rotwild auf den Inseln beruhen, bevor das heimische italienische Rotwild dann weitestgehend ausstarb. Die lange isolierte Existenz auf den Inseln hat vermutlich zu einer gewissen eigenständigen Entwicklung geführt, die genetischen Signale der gemeinsamen Abstammung sind aber nach wie vor vorhanden. Die beiden Insel stellen somit besonders wertvolle Populationen dar, die für den generellen Erhalt der Linie B relevant werden könnten. Den Mesola-Hirschen als letzter autochthone Population kam dank der Ergebnisse der umfangreichen genetischen Untersuchungen ein besonderer Schutz zugute, welcher wohl für die inzwischen wieder positive Populationsentwicklung mitverantwortlich ist. Unter anderem wurden dabei ein nationales Schutzkonzept ausgearbeitet, der taxonomische Status als Unterart etabliert sowie einige konkrete Maßnahmen zur Habitatgestaltung und Konkurrenzsituation mit Damwild implementiert. Unser heutiges Rotwild in Zentraleuropa besteht damit hauptsächlich aus Nachkommen der Linie A, während Tiere der

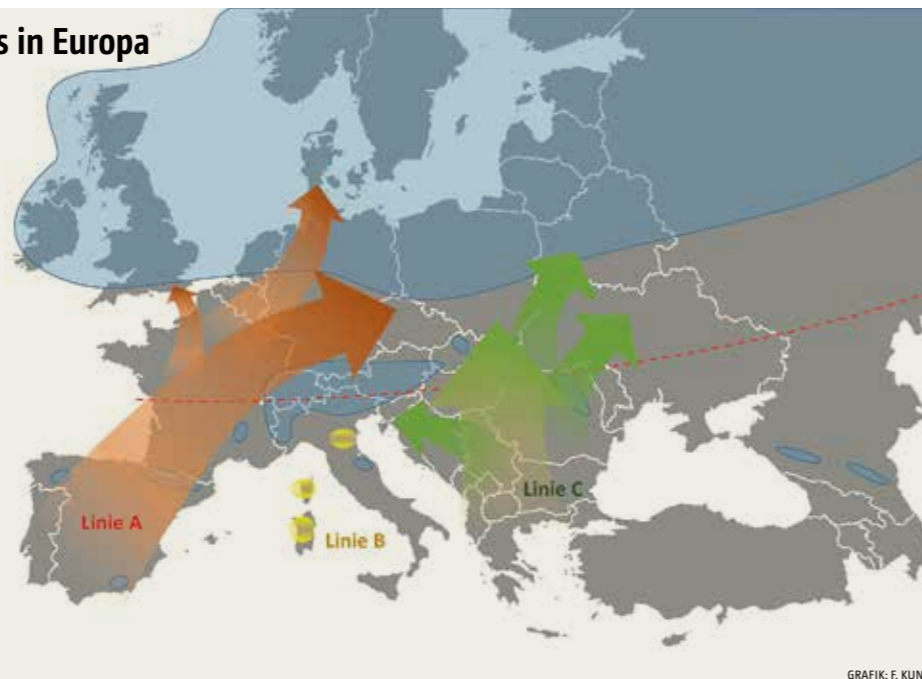
Linie C vor allem in Osteuropa vorkommen und auch südlich der Alpen nach Italien gewandert sind. Obgleich bereits seit Jahrhunderten Vermischung stattfindet, kann die Grenze zwischen den Linien nach wie vor anhand genetischer Untersuchungen festgemacht werden. Sie verläuft ungefähr von Österreich durch Süd-Polen und Belarus bis ins Baltikum. Österreich wurde dabei ursprünglich wohl hauptsächlich von Hirschen der Linie C aus Italien und Ungarn kommend besiedelt.

Anthropogene Einflüsse durch Umsiedelungen

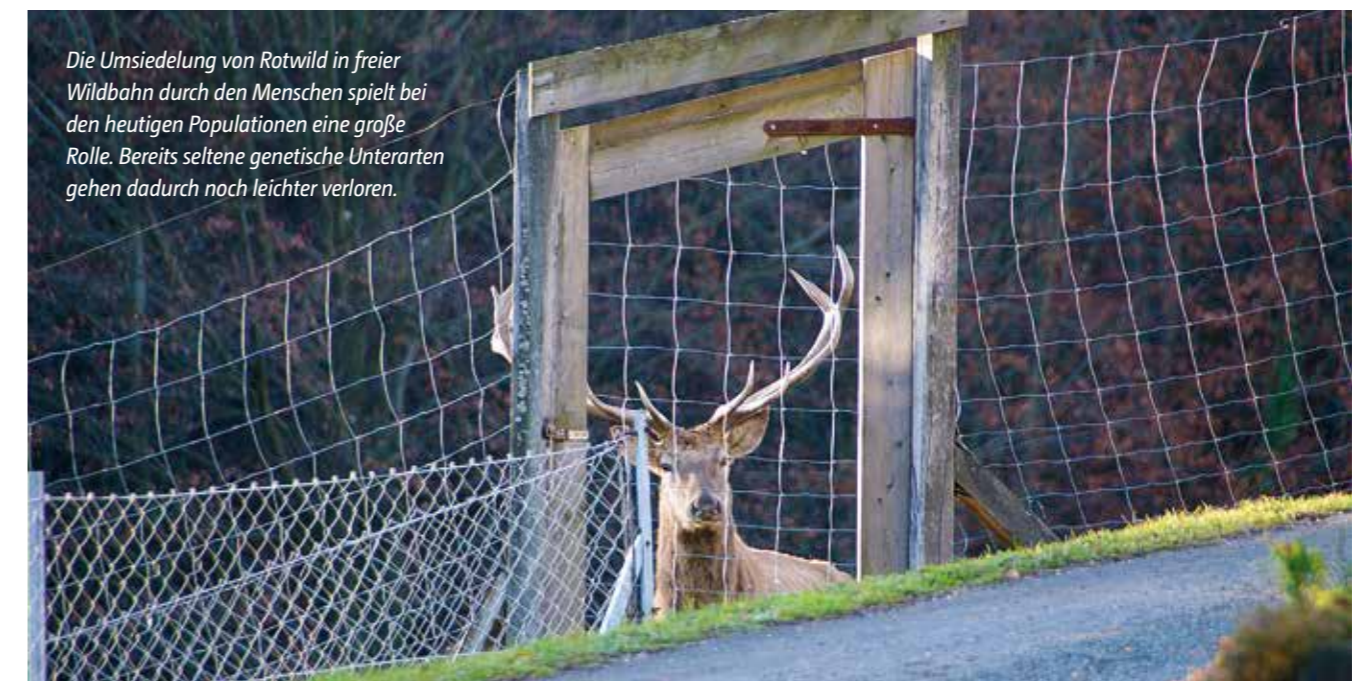
Während die großen Ausbreitungsgeschichten die Basis für die heutigen Arten, Unterarten und deren Populationsstruktur liefern, sind natürlich auch rezente Effekte für die genetische Diversität und damit auch die langfristige Überlebenswahrscheinlichkeit bedeutend. Gerade bei Arten wie dem Rotwild spielt anthropogene Translokation, also die Umsiedelung durch den Menschen, eine große Rolle. Ausgesetzte Tiere, die sich über ein paar Jahre hinweg erfolgreich in ihrer neuen Population fortpflanzen, tragen ihre Gene unwiederbringlich in diese Population ein. Dies kann bei besonders gefährdeten Populationen eine notwendige Schutzmaßnahme darstellen, um genetische Diversität zu erhöhen und Inzucht zu vermeiden. Bei guten Populationen hingegen ist das in der Regel nicht notwendig und Aussetzungen führen eher zum Verlust der lokalen Anpassungen beziehungsweise

Ausbreitung des Rotwildes in Europa

Die vermutliche Ausbreitungsgeschichte des Rotwildes nach der letzten Eiszeit aus den Refugialräumen auf der Iberischen Halbinsel (Linie A), der Balkanhalbinsel (Linie C) sowie Italien (Linie B). In Blau die ungefähre Vergletscherung Europas zum Zeitpunkt des letzten glazialen Maximums vor 23.000 bis 28.000 Jahren. Die rote Linie deutet dabei die ungefähre Grenze des Permafrostbodens an. Tiere der Linie A haben sich dabei über ganz Mitteleuropa nach Nordeuropa ausgebreitet und sind vermutlich mit Tieren der Linie C in einer Zone vom südlichen Polen über Belarus bis ins Baltikum in Kontakt gekommen. Linie B existiert heute nur mehr in den drei vorkommenden Populationen.



GRAFIK: F. KUNZ



Die Umsiedelung von Rotwild in freier Wildbahn durch den Menschen spielt bei den heutigen Populationen eine große Rolle. Bereits seltene genetische Unterarten gehen dadurch noch leichter verloren.



FOTO: NORINO CANOVI, STEFANO MATTIOLI

Die Mesola-Hirsche in der Po-Ebene sind die letzten genetisch nachweisbaren Vertreter der italienischen Rotwildlinie nach der Eiszeit. Auffällig sind die typischen gelblichen Punkte in der Sommerdecke, welche in allen Altersklassen hervortreten. Diese Art der Fellzeichnung ist sehr selten in Populationen des europäischen Festlands, jedoch häufig für Tiere der nordafrikanischen Populationen.



FOTO: M. SCHÜTTE

Der genetische Ursprung des schottischen Rotwildes ist ident mit der auch in Mitteleuropa vorkommenden Linie A. Körper und Geweihmasse hängen stark von der Umwelt ab und sind nicht allein erblich bedingt.

zur Hybridisierung zwischen Linien und Unterarten. Durch hochauflösende genetische Methoden können Aussetzungsereignisse inzwischen ganz gut nachvollzogen werden – eine Studie in Belgien konnte so feststellen, dass knapp 3,7 % aller belgischen Rotwildindividuen ausgesetzt sind oder auf Aussetzungen zurückgehen. Diese Zahl unterschätzt dabei vermutlich

noch die tatsächliche Häufigkeit von Aussetzungsereignissen in Europa und Schätzungen gehen davon aus, dass so gut wie jede größere Population fremde Gene in sich trägt. Brisant sind diese Ergebnisse unter mehreren Blickwinkeln. Einerseits können durch unbedachte Aussetzungen genetische Effekte verursacht werden, die nicht mehr rückgängig zu machen sind.

Andererseits sind Aussetzungen nicht immer legal. Durch die inzwischen existierenden großen Referenzdatenbanken ist es möglich, fragliche Individuen zu untersuchen und deren Abstammung zu bestimmen. Somit können illegale Aussetzungen relativ einfach nachgewiesen werden.

Einheimisches Rotwild – gibt es das denn noch?

Unter Berücksichtigung der vielen Translokationen fragt man sich: Gibt es denn überhaupt noch unbeeinflusste einheimische Populationen? Die Beweislage ist dabei leider nicht eindeutig, aber Regionen in Mesola, in Skåne (Schweden) und in manchen Gebieten in den schottischen Highlands und in Spanien beherbergen eventuell noch solche Populationen. Die Betrachtung von autochthonen Populationen als den letzten „Echten“ ist jedoch generell für eine Art wie das Rotwild abzulehnen. Einerseits zeichnet die Naturgeschichte ein Bild stetiger Wiederausbreitung, Vermischung und Veränderung von Linien. Andererseits gilt gerade für eine vom Menschen so intensiv genutzte Art wie das Rotwild, dass ebendiese Nutzung als Faktor zum Beitrag der heute beobachtbaren Biologie betrachtet werden sollte. Neben den Translokationen gibt es zudem eine Unzahl weiterer menschlicher Aktivitäten, die mehr und stärker Einfluss auf die Genetik von Rotwildpopulationen nehmen können. Die infrastrukturelle Entwicklung mit dem Straßen- und Siedlungsbau steht hier beispielhaft für Prozesse, die generell großräumige Lebensräume zerschneiden und damit zur Fragmentierung führen. Die Konsequenzen dieser kurzfristigen Prozesse im Vergleich zu den hier besprochenen langfristigen Ausbreitungsmechanismen waren bereits Thema im letzten ANBLICK 7/2022. Umso mehr ergeben Untersuchungen zur Phylogeografie wichtige Schlüsse. So konnte einerseits die Bedeutung der Mesola-Population unterstrichen werden, was schlussendlich zu intensiven Schutzmaßnahmen und damit dem Erhalt dieser besonderen Population geführt hat. Andererseits können zukünftige Managementkonzepte und angeordnete Translokationen unter dem Blickwinkel gleicher Herkunft durchgeführt werden, um einen ansonsten eventuell unnatürlichen Eintrag fremder Gene in Populationen zu verhindern. Dies gilt für Schutzkonzepte gefährdeter Populationen wie jener in Mesola, aber auch für Umsiedlungen innerhalb Europas.