

ARND SCHREIBER, Heidelberg, ANNEGRET STUBBE, Halle, MICHAEL STUBBE, Halle

Zur Populationsgenetik des Mäusebussards: Erste Befunde aus dem Havel, Sachsen-Anhalt

Einleitung

Mit 250 000 für Europa westlich der ehemaligen Sowjetunion, 120 000 für Mitteleuropa und 60 000 für Deutschland geschätzten Brutpaaren ist der Mäusebussard großflächig der häufigste heimische Greifvogel (MEBS, 1989). Als Bruthabitat bevorzugt er die Kulturlandschaft mit ausgeglichenen Wald-Feld-Anteilen (GLUTZ et al., 1971; LOOFT und BUSCHE, 1981; KOSTRZEWA, 1986), wo er in Deutschland flächendeckend mit durchschnittlichen Brutdichten von 14-22 Paaren pro 100 km² auftritt (KOSTRZEWA und SPEER, 1995). In Ostdeutschland wurden im Mittel 20-30 Brutpaare/100 km² gezählt, es treten regionale Spitzenwerte bis 66 Paare/100 km² auf (NICOLAI, 1993). GEDEON (1994) berechnete in Auswertung des „Monitorings Greifvögel und Eulen“ den Bestand des Mäusebussards im ostdeutschen Raum mit 28 000 bis 32 000 Revierpaaren. Das Beutespektrum des Bussards umfaßt neben mehreren Arten von Kleinsäugetern (besonders Wühlmäusen) auch Singvögel, Amphibien, Reptilien und Regenwürmer (BROWN 1976; GLUTZ et al., 1971; MELDE, 1960). Auf Veränderungen im Nahrungsspektrum gehen vor allem STUBBE et al. (1991) ein. Als Nahrungs-generalist ist der Mäusebussard nicht ausschließlich auf Beutetiere der offenen Landschaft angewiesen, er gilt auch als geschickter Ansitzjäger im Wald. Mäusebussarde sind eine anpassungsfähige Art, für welche der Mensch

über Aas von Straßenverkehrstopfern und Beutetierkonzentrationen an Abfalldeponien und Intensivhaltungen von Geflügel zusätzliche Nahrungsquellen erschließt. Dennoch stellen *Microtus*-Arten, besonders die Feldmaus (*Microtus arvalis*), in den meisten Gebieten die wichtigste Beute. Abundanzzyklen der Feldmaus bestimmen vielerorts den Bruterfolg und in einzelnen Gebieten auch die Brutdichte des Mäusebussards (WENDLAND, 1952; WARNCKE und WITTENBERG, 1959; MELDE, 1960; MEUNIER, 1961; MEBS, 1964a; GLUTZ et al., 1971; HOLDSWORTH, 1971; ROCKENBAUCH, 1975; NEWTON, 1979; LOOFT und BUSCHE, 1981; SYLVÉN 1982; STEGEMANN, 1986). Diese zeitliche und räumliche Populationsdynamik erschwert populationsökologische Untersuchungen, da die fluktuierende Reproduktion und die Brutdichte großflächig und über längere Zeiträume hinweg erfaßt werden müssen (LOOFT und BUSCHE, 1981). Dies ist das besondere Anliegen des an der Universität Halle koordinierten „Monitoringprogramms Greifvögel und Eulen Europas“ (STUBBE, 1996). Trotz der auffälligen Populationsbiologie fehlen Untersuchungen zur genetischen Variabilität und zur populationsgenetischen Struktur von Beständen für den Mäusebussard ebenso wie für weitere Arten der Gattung *Buteo*. Im Ausmaß des Gefiederpolymorphismus, den er mit weiteren Arten der Gattung *Buteo* teilt, wird *B. buteo* nur von wenigen Greifvögeln, und von keiner heimischen Art, übertrif-

fen (HENNICKE, 1903; HARTERT, 1912-1921; SCHIÖLER, 1931; VAURIE, 1961, 1965; BAUMGART, 1974; SCHMUTZ und Schmutz, 1981; DEL HOYO et al., 1994). Drei Farbmorphen wurden unterschieden, um die Färbungsvariabilität zu typisieren, eine schokoladenbraune („schwarze“), eine braune und eine weißliche helle Phase. Zahlreiche Übergangskleider verbinden diese Morphen, die deshalb häufig nicht eindeutig anzusprechen sind. Die Gefiedervariabilität betrifft die Grundpigmentierung der verschiedenen Körperteile, die Musterung der einzelnen Feder durch Pigmentbanden oder -flecken sowie die musterliche Abgrenzung der Gefiederpartien unterschiedlicher Körperteile (SCHIÖLER, 1931). Bussarde verschiedener Färbungstypen können kleinräumig innerhalb einer Brutpopulation und teilweise als Nestgeschwister auftreten. Trotz zerstreuter Angaben zur regionalen Häufung einzelner Typen bleibt unklar, in welchem Ausmaß die individuelle Variation durch geographische Gruppierung überlagert wird. Alle heimischen Brutvögel gehören zu der als besonders farb- und musterpolymorph beschriebenen Nominatform *B. b. buteo*. Als Gastvögel tauchen vereinzelt Exemplare des östlichen Steppenbussards (*B. b. vulpinus*) in Mitteleuropa auf, die als Individuen allerdings nicht immer zweifelsfrei dieser rötlicher gefärbten Subspezies zuzuordnen sind (STRESEMANN, 1925; VAURIE, 1961). Merkmale beider Unterarten sind in einer Übergangszone zu beobachten, die von Nordschwedens über die Baltischen Republiken, Westrußland und die Ukraine bis zur östlichen Balkanhalbinsel verläuft. Populationen mit vermittelnden Phänotypen („Falkenbussarde“) waren von HARTERT (1912-1921) als eigene Form *B. b. zimmermannae* geführt worden (= *intermedius* Stresemann 1925). „Falkenbussarde“ sind Zugvögel, haben rötlicher gefärbtes Schwanzgefieder und sollen sich in einzelnen Verhaltensweisen vom Mäusebussard abheben (STRESEMANN, 1925). Allerdings sind Mäusebussarde mit rötlich gefärbtem Schwanzgefieder auch in Deutschland nicht selten (STRESEMANN, 1925) und können im Hake beobachtet werden. Möglicherweise echte „Falkenbussarde“ wurden vereinzelt in Mitteleuropa nachgewiesen (STRESEMANN, 1925). VAURIE (1961, 1965) er-

kennt diese Übergangstypen nicht als eigene Unterart an, und auch STEPANIAN (1975) nennt für das Gebiet der ehemaligen Sowjetunion lediglich die Subspezies *B. b. vulpinus*, *B. b. mnestriesi* und *B. b. japonicus*. Die Angabe von STRESEMANN (1925), daß Mäuse- und „Falkenbussarde“ in der Ukraine und im Ostbalkan sympatrisch vorkämen, wird in späteren Revisionen (VAURIE, 1961, 1965) nicht besprochen. In jedem Fall wird Deutschland lediglich von einer einzelnen Unterart besiedelt, so daß der auffällige Färbungspolymorphismus von *B. b. buteo* ein populäres Phänomen darstellt.

Als erster Schritt zur Erfassung der genetischen Variabilität von *B. b. buteo* wurden Blutproteine von 122 Mäusebussarden aus dem Hake und dem nahegelegenen Huy (Sachsen-Anhalt) elektrophoretisch untersucht. Diese Stichprobe enthält neben 60 nestjungen Bussarden, die dem Brutbestand dieser Waldgebiete angehören, auch 62 Mäusebussarde, die überwiegend außerhalb der Brutzeit in Käfigfallen gefangen worden waren. Die derzeitigen Kenntnisse zu Zugbewegungen der Art im Untersuchungsgebiet reichen noch nicht aus, um die geographische Herkunft dieser Fallenfänge abzuschätzen.

Material und Methoden

Population: In den Jahren 1994 und 1995 wurden Blutproben von 122 Mäusebussarden im Hake-Wald (Sachsen-Anhalt) gewonnen. Dieser 1300 ha umfassende Laubwald bietet Lebensraum für eine zahlenmäßig starke Greifvogelzönose, die mehrfach populationsökologisch untersucht worden ist (u.a. STUBBE, 1961, 1971, 1982; STUBBE et al., 1991; STUBBE und ZÖRNER, 1993; WUTTKY, 1968; WUTTKY et al., 1982). Zur Zeit der Probengewinnung (1994/95) brüteten im Hake 29 bzw. 26 Bussardpaare, die überwiegend auf den umliegenden Ackerflächen nach Nahrung suchten. Sechs weitere Proben wurden im 20 km entfernt gelegenen Waldgebiet des Huy von U. MAMMEN gewonnen, dem hierfür Dank gebührt.

Proben: Die Blutentnahme erfolgte aus der Flügelvene. Hierzu wurden die nestjungen Bussarde im Alter zwischen zwei und vier Wo-

Tabelle 1 Bei Mäusebussarden (*Buteo buteo*) untersuchte Proteine, elektrophoretisch dargestellte Loci, Stichprobe (=n), Allelzahlen und gewählte Puffersysteme (EP-Elektroden-, GP=Gelpuffer)

Enzym	Loci	n	Allele	Puffer
Lactat-Dehydrogenase (E.C. 1.1.1.27)	<i>Ldh-1*</i> <i>Ldh-2*</i>	122 122	1	200 mM NaH ₂ PO ₄ /Na ₂ HPO ₄ , pH 7,0 (EP) EP 1 : 20, pH 7,0 (GP)
Malat-Dehydrogenase (E.C. 1.1.1.37)	<i>Mdh-1*</i> <i>Mdh-2*</i>	122 122	1 1	245 mM NaH ₂ PO ₄ /150 mM Citronensäure, pH 5,9 mit NaOH (EP) EP 1 : 40, pH 5,9 (GP)
Malat-Enzym	<i>Me*</i>	108	1	90 mM Tris/10 mM Citronensäure, pH 8,6 (EP) EP 1 : 5, pH 8,6 (GP)
Isocitrat-Dehydrogenase	<i>Icd*</i>	99	1	245 mM NaH ₂ PO ₄ /150 mM Citronensäure, pH 5,9 mit NaOH (EP) EP 1 : 40, pH 5,9 (GP)
6-Phosphogluconat-Dehydrogenase	<i>6-Pgd*</i>	122	1	100 mM NaH ₂ PO ₄ /Na ₂ HPO ₄ , pH 7,4 (EP) EP 1 : 10, pH 7,4 (GP)
Superoxiddismutase	<i>Sod*</i>	106	1	245 mM NaH ₂ PO ₄ /150 mM Citronensäure, pH 5,9 mit NaOH (EP) EP 1 : 40, pH 5,9 (GP)
Glutamat-Oxalacetat-Transaminase (E.C. 2.6.1.1)	<i>Got*</i>	112	2	200 mM Na ₂ HPO ₄ /150 mM Borat, pH 7,0 (EP) EP 1 : 10, pH 7,4 (GP)
Creatinkinase (E.C. 2.7.3.2)	<i>Ck*</i>	122	1	100 mM Tris/Citrat pH 8,6 (EP) EP 1 : 5, pH 8,6 (GP)
Adenylatkinase (E.C. 2.7.4.3)	<i>Ak-1*</i> <i>Ak-2*</i>	122	1	100 mM Tris/Citrat pH 8,6 (EP) EP 1 : 5, pH 8,6 (GP)
Phosphoglucomutase (E.C. 2.7.5.1)	<i>Pgm*</i>	123	1	100 mM Tris/100 mM Maleinsäure/10 mM MgCl ₂ /10 mM EDTA, pH 7,4 (EP) EP 1 : 10, pH 7,4
Esterase (E.C. 3.1.1.1)	<i>Es-1*</i> <i>Es-2*</i> <i>Es-3*</i> <i>Es-4*</i>	122 122 122 122	1 1 1 1	100 mM Tris/ 100 mM Maleinsäureanhydrid pH 7,2 (EP) EP 1 : 10, pH 7,2 (GP)
Saure Phosphatase (E.C. 3.1.3.2)	<i>Acp*</i>	123	1	150 mM Trisnatriumcitrat/240 mM NaH ₂ PO ₄ , pH 7,4 (EP) EP 1 : 10, pH 7,4 (GP)
Adenosindeaminase (E.C. 3.5.4.4)	<i>Ada*</i>	122	2	100 mM NaH ₂ PO ₄ /Na ₂ HPO ₄ , pH 7,4 (EP) EP 1 : 10, pH 7,4 (GP)
Carboanhydrase (E.C. 4.2.1.1)	<i>Ca*</i>	81	1	60 mM Tris, 2 mM EDTA, 40 mM Borsäure pH 8,6 (EP) EP 1 : 40, pH 8,6 (GP)
Glyoxalase (E.C. 4.4.1.5)	<i>Glo*</i>	122	2	200 mM Tris/HCl, pH 8,0 (EP) EP 1 : 10, pH 8,0 (GP)
Mannosephosphat-Isomerase (E.C. 5.3.1.8)	<i>Mpi*</i>	122	1	50 mM Tris/ 50 mM NaH ₂ PO ₄ , pH 7,4 (EP)
Glucosephosphat-Isomerase (E.C. 5.3.1.9)	<i>Gpi*</i>	122	1	250 mM Tris/ 57 mM Citronensäure pH 7,5 (EP) 57 mM Tris/ 2,3 mM Citronensäure pH 7,5 (GP)
Albumin	<i>Alb*</i>	83	1	PAGE

chen aus dem Horst abgeseilt. Der Fang der Altvögel erfolgte mit Habichtskörben oder in Fangkäfigen nach dem Muster von Krähenfallen (vgl. STUBBE et al., 1995). Blutproben des Jahres 1995 wurden sofort nach Abnahme ans Labor geschickt, jene aus 1994 waren bis zum Trockeneistransport ins Labor etwa ein Jahr lang als Vollblut tiefgefroren gelagert worden.

Elektrophorese: Die Blutproteine wurden in horizontalen Agarose-Dünnschichtgelen elektrophoretisch aufgetrennt. Die gewählten Puffersysteme sind in Tabelle 1 aufgelistet. Angesichts der längeren Lagerung zahlreicher Proben bei -20°C wurden verschiedene Maßnahmen getroffen, um mögliche Lagerungsartefakte erkennen und ausschließen zu können. Hämolyse wurde mit 10 mM β -Mercaptoethanol stabilisiert. Beobachtete Proteinvarianten wurden nur berücksichtigt, wenn sie auch nach mehrtägiger Lagerung der Hämolyse bei $+4^{\circ}\text{C}$ reproduziert werden konnten. Schließlich wurden Muster gelagerter Proben mit Zymogrammen aus Frischbluten abgeglichen.

Ergebnisse

Die elektrophoretische Darstellung von 17 Enzymsystemen (s. Tabelle 1) aus Blutzellen von bis zu 122 Mäusebussarden und von Albumin aus dem Blutplasma von 83 Bussarden des Hakens (und des Hues) in Sachsen-Anhalt erbrachte Zymogramme, die den Expressionsprodukten von mindestens 25 genetischen Loci entsprechen.

Glyoxalase (*Glo**), Isocitrat-Dehydrogenase (*Icd**), 6-Phosphogluconat-Dehydrogenase (*Pgd**), Glutamat-Oxalacetat-Transaminase (*Got**), Malatenzym (*Me**), Mannosephosphat-Isomerase (*Mpi**), Creatinkinase (*Ck**), Superoxiddismutase (*Sod**), Glucosephosphat-Isomerase (*Gpi**) und Albumin (*Alb**) erschienen als einbandige Elektrophoresenmuster, zuweilen kombiniert mit einer deutlich schwächeren Vorbande (*Gpi**). Diese Systeme repräsentieren eindeutig die Produkte von jeweils einem Einzellocus. Die Zymographie von Creatinkinase erbrachte keine zusätzliche Banden zu jenen, die bereits nach Adenylatkinase-Färbung im selben Gel erschienen waren, jedoch erschien eine Einzelbande an-

odisch der *Ak**-Muster bei Creatin-haltigem Färbensatz etwas kräftiger und wird deshalb als *Ck** interpretiert. Saure Phosphatase und Phosphoglucomutase erzeugten anodenwärts der deutlichen Hauptbande jeweils eine schmalere und schwächere Vorbande, welche möglicherweise ein nicht-genetisch verursachtes sekundäres Isoenzym darstellte, andererseits aber deutlich genug hervortrat, um eventuell das Produkt eines zweiten, für diese Enzymsysteme codierenden Locus anzuzeigen. Aus Hämolyseaten von Milanen (*Milvus*) wurden zwei *Acp**-Loci dargestellt (A. Schreiber, unveröff. Daten). Vorsichtshalber werden beide Zymogramme dennoch als von jeweils nur einem Locus, *Acp** bzw. *Pgm**, bestimmt ausgewertet, bis die Beobachtung allelischer Variation die exakte Beurteilung gestattet. Die Aktivität der Adenosindesaminase verteilte sich auf zwei deutlich getrennte, ähnlich kräftig angefärbte Einzelbanden, deren deutlich verschiedene elektrophoretische Mobilität an sich zwei getrennte Isoenzymloci anzeigen könnten. Beide Aktivitätszonen waren jedoch zugleich vom biallelischen Polymorphismus betroffen, so daß trotz des Mobilitätsunterschiedes die Bandenverdopplung auf ein sekundäres Isoenzym zurückgehen dürfte. Daher wird für die Auswertung nur ein kodierender Locus, *Ada**, zugrundegelegt, der zwei klar getrennte Allele aufwies. Aktivitätszonen der mehrbandigen Adenylatkinase wanderten unter den gewählten Bedingungen (Tab. 1) sowohl anodisch wie kathodisch, wobei die Aktivitätszonen als Muster zweier Loci, *Ak-1** und *Ak-2**, interpretiert werden. Fünf *Ldh**-Banden stellten ebenfalls die Produkte zweier Loci, *Ldh-1** und *Ldh-2**, dar, samt der resultierenden Hybridmoleküle des tetrameren Enzyms. Esterasen (Substrat: β -Methylumbelliferylacetat) wiesen das komplexeste Zymogramm von allen untersuchten Proteinen auf. Neben einem kathodisch wandernden Isoenzym (*Es-1**) wurden, in aufsteigender anodischer Reihe, die leicht diffus bandende *Es-2**, eine klar begrenzte, aber schwach aktive *Es-3** sowie als sehr kräftig fluoreszierende Bandengruppe *Es-4** unterschieden. *Mdh** wurde in jeweils ein anodisch und ein kathodisch wanderndes Isoenzym aufgetrennt, die von zwei Loci codiert werden.

Tabelle 2 Polymorphismus (P), beobachtete Heterozygotie (H_o) und Allelfrequenzen von Blutproteinen bei n Mäusebussarden (*Buteo buteo*) der Waldgebiete Hakei und Huy, Sachsen-Anhalt

Population	n	P	H_o	Frequenz p des Hauptallels	Frequenz q des seltenen Allels
Hakei/Huy, Nestjunge	60	0,04	0,0007	$p_{Ada^*} = 0,975$ $p_{Got^*} = 1,000$ $p_{Glo^*} = 1,000$	$q_{Ada^*} = 0,025$ $q_{Got^*} = 0,000$ $q_{Glo^*} = 0,000$
Hakei/Huy, Fänge außerhalb der Brutsaison	62	0,12	0,0032	$p_{Ada^*} = 0,992$ $p_{Got^*} = 0,976$ $p_{Glo^*} = 0,992$	$q_{Ada^*} = 0,008$ $q_{Got^*} = 0,024$ $q_{Glo^*} = 0,008$

Elektrophoretische Varianten waren auf vereinzelte Heterozygote dreier Enzyme beschränkt. Ada^* zeigte drei Muster: Neben dem häufigsten zweibandigen $Ada^* 100/100$ mit Banden bei +42 mm und +52 mm wurde bei vier Bussarden ein vierbandiger heterozygoter Genotyp beobachtet, mit Aktivitätszonen bei +33 mm, +42 mm, +46 mm und +52 mm. Das zusätzliche Allel $Ada^* 84$, mit 84% der Laufweite des häufigen Typs, trat nur in heterozygoter Kombination $Ada^* 84/100$ auf. Der Glo^* -Polymorphismus war auf ein einziges Individuum beschränkt, das das typische Dreibandmuster der Heterozygotie eines dimeren Enzyms aufwies ($Glo^* 80/100$), zusätzlich zur anodischen Einzelbande des homozygoten Hauptgenotyps $Glo^* 100/100$. Die katholicisch wandernde Got^* zeigte bei drei Bussarden die heterozygote Dreierbande des dimeren Moleküls mit $Got^* 30/100$.

Mit drei variablen Proteinen von 22 untersuchten Loci beträgt der Polymorphismus bei 122 Individuen $P = 0,12$, wobei dieser Wert allerdings ausschließlich auf seltene Allele zurückzuführen ist. Diese erfüllen bei minimalen Frequenzen der Varianten nur bei Ada^* in der Brutpopulation und bei Got^* im Winterbestand das Kriterium einer Mindestfrequenz von $> 1\%$ (Tab. 2), die häufig gewählt wird, um zwischen seltenen Mutationen und eigentlichen Polymorphismen zu unterscheiden. Folgt man dieser Einschränkung, würde der Polymorphismus in beiden Kollektiven jeweils nur $P = 0,04$ betragen. Es ist von Interesse, die Stichprobe zu unterteilen in: 1. die beprobten Nestjungen, die definitiv der Brutpopulation

des Hakeis bzw. des Huy angehören und 2. die überwiegend in den Wintermonaten gefangenen adulten Mäusebussarde, die sich aus überwinterten Hakeibrutvögeln, aus Wintergästen anderer Herkunft, Durchzügler und Streunern zusammensetzt (Tabelle 2). Offensichtlich verbleiben im Winter nur sehr wenige der im Brutgebiet geborene Jungvögel vor Ort. Den Fragen der Populationsstruktur wird gegenwärtig verstärkt Aufmerksamkeit geschenkt. Die „Winterpopulation“ erbrachte mit drei variablen Systemen eine um etwa das 4,5fache höhere beobachtete Heterozygotie von $H_o = 0,0032$ als die Hakei/Huy-Brutpopulation mit nur einem biallelischen Protein und $H_o = 0,0007$ (Tab. 2). Offensichtlich enthalten die im Hakei brütenden Mäusebussarde weniger genetische Variabilität als Wintergäste, wenn man nicht annehmen möchte, daß die Brutpaare selektiv monomorpher seien als die nichtbrütende Reserve des Hakeis. Da das winterliche Bussardkollektiv neben Gästen überwinterte Hakeibussarde enthalten wird, und da diese autochthone Population weniger variabel ist, würden nach deren Ausscheiden aus dem Winterkollektiv die zugewanderten Tiere wohl als relativ variabler erscheinen. Da die Unterschiede zwischen beiden Stichproben auf ziemlich seltene Allele zurückgeht, ist allerdings die statistische Absicherung der Verschiedenheit der Genotypenverteilung nicht möglich, weil die minimalen Erwartungswerte für den χ^2 -Test unterschritten werden. Weitergehende Unterteilungen der Gesamtstichprobe nach biologischen Gruppierungen sind derzeit nicht möglich, da zu weni-

ge Ringvögel wiedergefangen wurden, um die individuelle Ansprache zu gestatten. Derartige Ergebnisse werden in nächster Zukunft erwartet.

Diskussion

Der auf den Hakelbestand beschränkte Datensatz zur Proteinvariabilität des Mäusebussards wirft zwei Probleme auf. Einerseits fällt die gemessene elektrophoretische Variabilität ziemlich gering aus, wenn man sie mit entsprechenden Befunden vieler anderer Vogelarten vergleicht (EVANS, 1978). Das überrascht zunächst angesichts der Häufigkeit des Mäusebussards. Andererseits weist die offenbare Unterschiedlichkeit zwischen dem Brut- und dem Winterbestand im Hakel auf eine gewisse populäre Entmischung genetischer Muster hin, welche Fragen nach dem Populationskonzept und der Durchmischung von Bussardbeständen aufwirft. Da jedoch diese Daten lediglich eine wenn auch ausführliche Stichprobe von einem Einzelstandort betreffen und die Seltenheit der Varianten eine statistische Absicherung der Differenzierung noch nicht erlaubt, können an dieser Stelle lediglich Arbeitshypothesen diskutiert werden.

Die untersuchten Mäusebussarde weisen für den Durchschnitt von Vogelarten niedrige Werte zur Proteinvariabilität auf. Die Zusammenstellung der bis 1987 protein-elektrophoretisch untersuchten Non-Passeriformes (EVANS, 1987) wies einen durchschnittlichen Polymorphismus von $P = 0,244$ (27 Arten) und eine beobachtete Heterozygotie von $H_o = 0,035$ (20 Arten) auf. Leider wurden bisher nur wenige Greifvogelarten bezüglich hinreichender Stichproben an Loci und Individuen untersucht. VAN WYK et al. (1992) ermittelten bei 42 Fahlgeiern (*Gyps coprotheres*) eine mittlere Allozymheterozygotie von $H_o = 0,039$, errechnet über 34 Loci. MORIZOT et al. (1985) fanden bei Weißkopfseeadlern (*Haliaeetus leucocephalus*) fünf polymorphe Proteine, davon mindestens drei Loci mit relativ hohen Frequenzen der selteneren Allele, geben jedoch keine Heterozygotie an, weil die Anzahl einbezogener Loci unklar geblieben war. Angesichts der Frequenzen an fünf variablen Loci sollte die Heterozygotie bei diesem See-

adler aber größer ausfallen als bei den Hakelbussarden. Die geringe Variabilität der Hakelbussarde fällt auch im Vergleich zu den beiden im Hakel brütenden Milanarten (*M. milvus* und *M. migrans*) auf, die eine höhere Proteinheterozygotie zeigen (unveröff. Daten). ZIEGLER (1995) belegt für baden-württembergische Wanderfalken Homozygotie von RAPD-Markern, was einer deutlich geringeren Variabilität entspricht als in zu Vergleichszwecken herangezogenen Turmfalken beobachtet wurde. Der noch sehr begrenzte Kenntnisstand zur genetischen Variabilität von Greifvögeln erlaubt keine abschließende Einordnung dieser Ergebnisse zum Mäusebussard, läßt aber vermuten, daß die untersuchte Population im Vergleich mit anderen Greifen vergleichsweise homozygot ist.

Die zahlreichen Faktoren der Partnerwahl, des Sozialverhaltens, der Populationsökologie bis hin zur Artbildung und Phylogenie, welche die genetische Struktur von Tierpopulationen gestalten, sind im konkreten Fall einer einzelnen Art sehr schwer zu erschließen. Aus der Biologie des Bussards ergeben sich jedoch Anhaltspunkte für mögliche Erklärungsansätze. Diese können bei der gegenwärtigen Beschränkung der Untersuchung lediglich angesprochen werden. Fragen nach der Dauer der Fortpflanzungsfähigkeit, stabilen Ehebeziehungen über eine Brutperiode hinaus sowie nach mehrjährigem Besetzen eines Territoriums sind bislang kaum untersucht. Der Fang adulter Vögel und deren individuelle Kennzeichnung müssen uns im Erkenntnisprozeß weiterbringen. Der saisonale Wandel im Revierverhalten ist ebenso noch völlig unzureichend dokumentiert: Dies gilt auch für die mehrjährige Besetzung von Brut- und Nahrungsterritorien. Im Rahmen der langzeitökologischen Arbeiten interessieren im besonderen Maße Daten zur Dismigration. Aus diesem Grund wurden im Hakel Fang, Markierung und Wiederfang von Altvögeln in letzter Zeit intensiviert.

Zahlen zur großräumigen Häufigkeit des Mäusebussards in Europa wurden im Einleitungskapitel genannt. Zahlreiche Vogelarten mit deutlich kleineren Populationen weisen höhere genetische Variabilität als die Hakelbussarde auf (EVANS, 1987). Sachsen-Anhalt wurde von 1988-1994 in einer mittleren Dich-

te von 26,5 Brutpaaren pro 100 km² bewohnt, ermittelt auf Kontrollflächen von 1616 km² (MAMMEN, 1995). Trotz leichterer Bestandeschwankung kann für den Zeitraum 1988-1994 von ungefähre Konstanz der Brutpaarzahlen ausgegangen werden, und auch der Anteil erfolgreicher Brutpaare schwankte lediglich von 70,75 - 79,19 %.

Adulte Mäusebussarde gelten als weitgehend ortstreu Besitzer von Brutterritorien, die das ganze Jahr über gehalten werden (GLUTZ et al., 1971). Ein unterschiedlich großer Anteil der Population durchstreift ausgedehntere Räume, in Abhängigkeit vom Lebensalter und wahrscheinlich der Region. Die verfügbaren Berinungsdaten legen einen genügenden Austausch zwischen den lückenlos verbreiteten Mäusebussarden Mitteleuropas nahe, um zu verhindern, daß im flächendeckend besiedelten Mitteleuropa lokale Isolate entstehen (BURR, 1936; OLSSON, 1958; MEBS, 1964b; PICCOZZI und WEIR, 1964a).

Die vielerorts lebhafte Populationsdynamik des Mäusebussards, oft einhergehend mit Wühlmauszyklen, wurde bereits erwähnt

(WENDLAND, 1952; WARNCKE und WITTENBERG, 1959; MELDE 1960; MEUNIER, 1961; MEBS, 1964a; GLUTZ et al., 1971; HOLDSWORTH, 1971; ROCKENBAUCH, 1975; NEWTON, 1979; LOOFT und BUSCHE, 1981; SYLVÉN, 1982; STEGEMANN, 1986). Schwankungen der Brutpaardichte als Folge zusammenbrechender Feldmausgradationen scheinen auf Gegenden beschränkt zu sein, wo für den nahrungsökologisch relativ unspezialisierten Mäusebussard ungenügende Ausweichnahrung verfügbar ist (STEGEMANN, 1986). Der Reproduktionserfolg, gemessen am Anteil von Gelegen mit mehr als zwei Eiern oder der Brutgröße (= aufgezogene Jungvögel / erfolgreiches Paar) wurden allerdings auch in guten Habitaten mit der Feldmausdichte korreliert. Die Abbildung 1 veranschaulicht Schwankungen im Brutbestand des Hake, deren Ursache unbekannt sind. In den Jahren 1957-1967 und 1982-1994 brüteten dort im Mittel 16,8 Bussardpaare pro Jahr. Populationsfluktuationen erhöhen den zufälligen Ausfall von Allelen aus der Population (genetische Drift), weil bestimmte Vererber in manchen Jahren ausfallen und andere

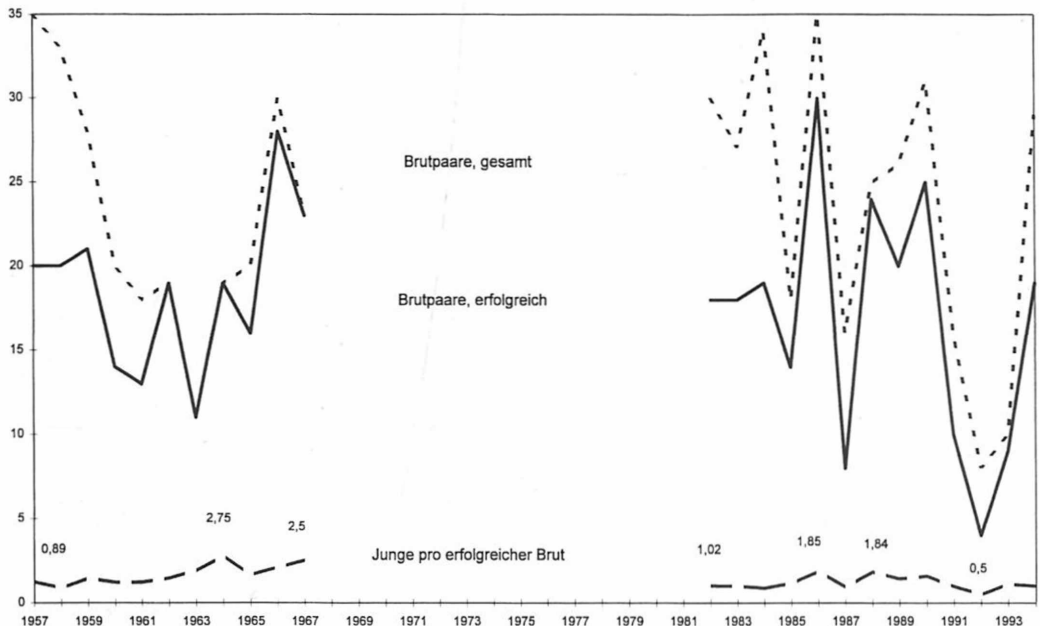


Abb. 1 Bestandesentwicklung des Mäusebussards im Hake, 1957-1993.

überrepräsentiert sind. Die Drift durch Populationswellen kann annähernd aus dem harmonischen Mittel der tatsächlichen Brutpaarzahl abgeleitet werden (FALCONER, 1984). Dieses harmonische Mittel beträgt für den genannten Zeitraum im Hakel 13,93, d.h. es erreicht 82,9% des arithmetischen Mittels der numerischen Brutpaarzahl von 16,8. Fluktuierende Brutdichten senken also die genetisch effektive Populationsgröße (N_e) als Medium der Weitergabe genetischer Variabilität an die nächste Generation um etwa 20% gegenüber der durchschnittlichen numerischen Dichte ab. Diese Überlegung geht allerdings von stark vereinfachten Bedingungen aus, da die Jahresleistung der Hakelpopulation nicht mit der Lebenszeitreproduktion der mehrjährig fortpflanzungsfähigen Bussarde gleichzusetzen ist. Nach LOOFT und BUSCHE (1981) wurde in Schleswig-Holstein in nahrungsreichen Jahren lediglich eine Brutreserve von Jungbussarden mobilisiert, welche in knappen Jahren mit der Erstbrut abwarten würde. Selbst Totalausfälle mehrerer Paare wie im Jahr 1992, wo von den nur acht zur Brut schreitenden Paaren lediglich vier Elternpaare jeweils ein Jungtier erzeugten, könnten in anderen Jahren ausgeglichen werden. Die durchschnittliche Lebenserwartung des Mäusebussards liegt nur wenig über vier Jahre (STUBBE, 1982), über die Fertilität bis ins hohe Alter ist kaum etwas bekannt (STUBBE, 1987). Das Höchstalter wird mit 25 Jahren und acht Monaten angegeben. Da *Microtus*-Zyklen in der Regel in (3)4-5-jährigem Rhythmus auftreten, ist der Einfluß auf die Nettoerproduktion eines vererbenden Altbussards kaum realistisch abzuschätzen. In guten Mäusejahren vermehrt aufgezogene Jungbussarde könnten erhöhter Konkurrenz unterliegen und beim Vorliegen von Fitnessunterschieden zwischen genetischen Linien könnte ein Verdrängungseffekt auf bestimmte Deme einsetzen. Darüber ist nichts bekannt. Der unterschiedliche Reproduktionserfolg verschiedener Eltern übt einen wesentlichen Einfluß auf die effektive Populationsgröße aus (FALCONER, 1984). Sein Einfluß korreliert mit der Varianz einer Poisson-Verteilung der Nachwuchszahlen der Elternpaare. Berechnet man diese Varianz für die im Hakel in den Jahrgängen 1957-1967 und 1982-1994 beob-

achteten Bruten mit 0, 1, 2, 3 oder 4 ausfliegenden Jungen und kalkuliert man auf dieser Basis die effektiven Populationsgrößen für diese Jahrgänge, ergibt sich eine genetische Effektivpopulation von 13,23, gemittelt über die betrachteten Jahre. Diese Zahl fällt deutlich geringer aus als das arithmetische Mittel der Brutpaarzahlen dieser Jahre, das 21,54 Paare beträgt. Die Reproduktionsvarianz der Brutpaare im Hakel senkt die effektive Populationsgröße also auf 61,4% des mittleren numerischen Brutpaarbestandes ab. Dadurch erweist sich beim Mäusebussard die ungleiche Reproduktionsleistung der Brutpaare als eine für die genetische Drift besonders wichtige Einflußgröße. In schlechten Brutjahren wie 1992 kamen nur vier Einerbruten hoch, weitere vier Paare brüteten erfolglos. Trotz dieser pessimalen Verhältnisse von acht Bruten mit 0,5 Jungen pro Paar beträgt die N_e in diesem Jahr 8,89, liegt also höher als die Zahl der Brutpaare (inklusive der Brutversager). Dieses zunächst unerwartete Ergebnis beruht darauf, daß trotz des geringen Gesamterfolges die Varianz zwischen den Brutpaaren in diesem schlechten Jahr geringer ausfiel als in einem guten Jahr wie 1964, als eine Einer-, sechs Zweier-, fünf Dreier- und vier Viererbruten erbracht wurden, und keine erfolglosen Paare beobachtet wurden. Die 16 Brutpaare des Jahres 1964 entsprechen einer Effektivpopulation von 12,31. Die Streuung der Brutgrößen, die gerade in insgesamt guten Jahren ansteigt, scheint die genetische Variabilität deutlich stärker negativ zu beeinflussen als die jährlichen Fluktuationen des Bestandes. In der Diskussion über unterschiedliche Fortpflanzungsleistung verschiedener Teilpopulationen ist bei einer territorialen Art, deren Brutterritorium gleichzeitig ein Nahrungsterritorium darstellt, auch die unterschiedliche Ressourcenausstattung einzelner Reviere zu berücksichtigen, ebenso wie die Dynamik des Revierwechsels an Optimal- und Pessimalstandorten. Hierzu gibt es noch kaum quantitative Daten. Es erscheint immerhin möglich, daß einzelne Paare aufgrund nahrungsreicherer Reviere fortgesetzt erfolgreicher brüten, so daß sich der verzerrende Effekte unterschiedlicher Gelegeteigenschaften noch verstärkt. Zum anderen hängt der Bruterfolg sehr stark vom Brutbeginn ab, da

frühe Schlupftermine mit einer besseren Nahrungsversorgung einhergehen (STUBBE et al., 1991; SCHÖNBRODT und TAUCHNITZ, 1987). STUBBE et al. (1991) konnten zeigen, daß Brutpaare der offenen Landschaft einen signifikant höheren Bruterfolg als jene geschlossener Waldungen haben. Bei der Korrelation mit Klimadaten fiel besonders für den Havel auf, daß die Brutgröße des Mäusebussards von der Anzahl der Schneetage in dem der Brutsaison vorangegangenen Winter und Vorfrühling abhängig war. Die höchsten Fortpflanzungsziffern fand GEDEON (1994) in den Kontrollflächen der Lößgebiete. In den „Waldinseln“ dieser Lößgebiete, aber auch in den Auen erreichte der Mäusebussard (wie auch der Rotmilan) die höchsten lokalen Dichten. Auswirkungen einer interspezifischen Konkurrenz zwischen Mäusebussard und Rotmilan konnten bislang nicht nachgewiesen werden. In Jahren mit hohem Brutbestand der einen Art war auch der Brutbestand der anderen Art erhöht. Gleiches gilt für den Bruterfolg.

Aspekte wie das Ausmaß der Partnertreue, der Möglichkeit der Reproduktion zwischen den Angehörigen überlappender Generationen und die Ungewißheit über die Lebenszeitreproduktion derjenigen Bussarde, welche die Nichtbrüterreserve stellen, erschweren die Abschätzung der genetischen Effektivpopulation zusätzlich. Polygamie jedenfalls scheint nach gegenwärtigem Wissen keine wesentliche Erhöhung der genetischen Drift zu bewirken, da Bigamie nur ausnahmsweise beobachtet wurde (PICOZZI und WEIR, 1974b). Überschlagsrechnungen (Formel nach FALCONER, 1984) ergeben, daß Bigamie aufgrund ihrer Seltenheit (PICOZZI und WEIR, 1974b) die genetisch effektive Populationsgröße um weniger als 1% absenken sollte, auf jeden Fall aber keine nennenswerte Auswirkung auf den Polymorphismus ausüben dürfte.

In harten Wintern, besonders wenn sie mit ungünstigen Feldmausjahren zusammenfallen, verhungern zuweilen zahlreiche Bussarde, sofern sie nicht rechtzeitig in günstigere Nahrungsgebiete ausweichen (PIECHOCKI, 1955, 1964; GLUTZ et al., 1971). Der kalte Winter 1962/63 reduzierte die Bussardpopulation des Havel von 19 (1960-1962) auf 11 Brutpaare (1963) (PIECHOCKI, 1964). Der Winter 1962/

1963 bewirkte eine mittlere Abnahme der Brutpopulation in fünf ostdeutschen Kontrollflächen um 45%, und auf einer Probestfläche in Schleswig-Holstein um 32% (GLUTZ et al., 1971). Am Niederrhein waren 1963 zunächst nur 25% der Brutplätze besetzt, dies erhöhte sich im Laufe der Saison durch Zuwanderung auf 50% (GLUTZ et al., 1971). Naßkalte Witterung zur Brutzeit vermag die Mortalität von Nestjungen stark zu erhöhen (LOOFT und BUSCHKE, 1981; KOSTRZEWA, 1986). Da winterliche Einbrüche, ebenso wie die kleinräumig verschiedenen ausgeprägten Wühlmauszyklen nur regionale Bestände nachhaltig beeinflussen dürften, ist davon auszugehen, daß die großflächig immer noch beträchtlichen Populationsreserven einen Flaschenhals der Gesamtpopulation verhindern. Bei geringer Dispersion können allerdings solche Einbrüche möglicherweise lange nachwirken und den Polymorphismus örtlich absenken. Die erkennbaren, wenn auch geringen Unterschiede des Proteinpolymorphismus zwischen dem Brut- und dem Winterbestand des Havel könnten auf derartige Einflüsse hinweisen. Der Frage der Abwanderung bzw. der Rückkehr von streifenden Jungbussarden ins Heimatgebiet zur eigenen Territorienbegründung gilt auch deswegen besonderes Interesse, weil Angaben zu relativ gleichmäßiger Bestandesstärke in einem Gebiet kleinräumige Dichteschwankungen nennenswerten Ausmaßes verbergen können (GLUTZ et al., 1971). Zur Kenntnis der Dismigration des Mäusebussards in Deutschland ist auf die Arbeiten von MEBS (1964b) und ULBRICHT (1988, vgl. auch KLENKE et al. 1996) hinzuweisen. Jungtiere übernehmen den Hauptteil der Dispersion. Nach MEBS (1964b) verließen 68% der beobachteten Jungbussarde einen Radius von 50 km um ihren Geburtsort, und dennoch siedelten sich nach der Geschlechtsreife 80% in der Gegend ihres Geburtsortes an. Nach ULBRICHT (1988, vgl. KLENKE et al. 1996) dismigrierten von 240 Mäusebussarden 25% weniger als sieben Kilometer, 50% bis maximal 26 km und 75% nicht weiter als 72 km. 24 Individuen (von $n = 240$) siedelten sich zwischen 300 und 1054 km an. Neben der Fortpflanzungsvarianz zwischen Elternpaaren bildet die Dismigration die gewichtigste Einflußgröße auf die genetische

Effektivpopulation, da sie den Genfluß zwischen Teilbeständen bestimmt.

Die weitergehende Untersuchung zusätzlicher Bussardpopulationen und weiterer *Buteo*-Arten ist notwendig, um die Stichhaltigkeit verschiedener Hypothesen zur geringen genetischen Variabilität einer relativ häufigen Greifvogelart zu prüfen. Zunächst gilt es zu untersuchen, ob die geringe Variabilität auf die Hakelpopulation beschränkt ist oder aber ein Charakteristikum des Mäusebussards als Art darstellt, d.h. auf welcher räumlichen oder taxonomischen Ebene abgesenkte Variabilität im Vergleich zu nachweislich variableren Greifvogelpopulationen deutlich wird. Zweitens gilt der räumlichen Differenzierung von Mäusebussardpopulationen erhöhte Aufmerksamkeit. Sofern geringe genetische Variabilität kein Populationspezifikum der Hakelbussarde ist, liefert diese Arbeit drittens einen deutlichen Hinweis auf eine nichtlineare Beziehung zwischen dem Polymorphismus auf der Ebene der Proteine und der Vielgestaltigkeit des Federkleides einer Greifvogelart, denn phänotypisch sind auch die Hakelbussarde äußerst variabel. Ein Netz zahlreicher Untersuchungsstandorte ist Voraussetzung zum weitergehenden Verständnis populationsgenetischer Differenzierung des Mäusebussards.

Literatur

- BAUMGART, W. (1974): Über die Ausbildung heller und dunkler Phasen bei Greifvögeln. *Der Falke* **11**: 376-383.
- BROWN, L. (1976): *British birds of prey*. London: Collins.
- BURR, F. (1936): Über die jahreszeitliche Verbreitung des Mäusebussards (*Buteo b. buteo* L.) mit besonderem Vergleich einzelner Populationen. *Der Vogelzug* **7**: 17-34.
- DEL HOYO, J.; ELLIOTT, A.; SARGATAL, J. (1994): *Handbook of the birds of the world*. Vol 2. Barcelona: Lynx Ediciones.
- EVANS, P.G.H. (1987): Electrophoretic variability of gene products. In: COOKE, F.; BUCKLEY, P.A. (Hrsg.): *Avian genetics. A population and ecological approach*. London: Academic Press. S. 105-162.
- FALCONER, D.S. (1984): *Einführung in die quantitative Genetik*. Stuttgart: Ulmer.
- GEDEON, K. (1994): Monitoring Greifvögel und Eulen. Grundlagen und Möglichkeiten einer langfristigen Überwachung von Bestandsgrößen und Reproduktionsraten. Jahresber. Monitoring Greifvögel Eulen Europas, 1. Ergebnisband: 1-118.
- GLUTZ VON BLOTZHEIM, U.; BAUER K.M.; BEZZEL, E. (1971): *Handbuch der Vögel Mitteleuropas*. Band 4, Falconiformes. Frankfurt, Akad. Verlagsgesellschaft.
- HARTERT, E. (1912-1921). *Die Vögel der palaearktischen Fauna*. Band II, Band III. Berlin: Friedländer und Sohn.
- HENNICKE, C. (1903): *Die Raubvögel Mitteleuropas*. Halle: Hermann Geseus.
- HOLDSWORTH, M. (1971): Breeding biology of buzzards at Sedbergh during 1937-1967. *Brit. Birds* **64**: 412-420.
- KLENKE, R.; ROTH, M.; FRIEDRICH, P.; BINNER, U. (1996): Analyse der großräumigen Dispersion, Dismigration sowie anthropogen bedingten Mortalität von Säugern und Vögeln zur Bewertung der Wirkung von Zerschneidungen. *Schriftenreihe Landesamt für Umwelt und Natur Mecklenburg-Vorpommern* **1**: 71-78.
- KOSTRZEWA, A. (1986): Quantitative Untersuchungen zur Ökologie, Habitatstruktur und Habitattrennung von Mäusebussard (*Buteo buteo*), Habicht (*Accipiter gentilis*) und Wespenbussard (*Pernis apivorus*) unter Berücksichtigung von Naturschutzmanagement und Landschaftsplanung. Diss., Univ. Köln.
- KOSTRZEWA, A.; SPEER G. (1986): *Greifvögel in Deutschland. Bestand, Situation, Schutz*. Wiesbaden: Aula-Verlag.
- LOOFT, V.; BUSCHE, G. (1981): *Vogelwelt Schleswig-Holsteins*. Vol 2: Greifvögel. Neumünster: Karl Wachholtz-Verlag.
- MAMMEN, U. (1995): Die Situation der Greifvögel (Falconiformes) und Eulen (Strigiformes) in Sachsen-Anhalt unter besonderer Berücksichtigung des Jahres 1994. *Orn. Jber. Mus. Heineanum* **13**: 101-114.
- MEBS, T. (1964a): Zur Biologie und Populationsdynamik des Mäusebussards (*Buteo buteo*) unter besonderer Berücksichtigung der Abhängigkeit vom Massenwechsel der Feldmaus *Microtus arvalis*. *J. Orn.* **105**: 247-306.
- MEBS, T. (1964b): Über Wanderungen und bestandsgestaltende Faktoren beim Mäusebussard (*Buteo buteo*) nach deutschen Ringfunden. *Die Vogelwarte* **22**: 180-194.
- MEBS, T. (1989): *Greifvögel Europas. Biologie, Bestandsverhältnisse, Bestandsgefährdung*. Stuttgart: Franckh'sche Verlagsbuchhandlung.
- MELDE, M. (1960): *Der Mäusebussard*. Wittenberg: Ziemsen, Neue Brehmbücherei (Nachdruck 1995: Westarp-Verlag).
- MEUNIER, K. (1961): Die Populationsdynamik des Mäusebussards (*Buteo buteo* L.) nach Ringfunden, mit Anmerkungen zur Methodik. *Zool. Anz.* **166**: 229-242.
- MOORE, N.W. (1957): The past and present status of the buzzard in the British Isles. *Brit. Birds* **50**: 173-197.
- MORIZOT D.C.; ANTHONY, R.G.; GRUBB, T.G.; HOFFMAN, S.W.; SCHMIDT, M.E.; FERRELL, R.F. (1985): Clinal genetic variation at enzyme loci in bald eagles (*Haliaeetus leucocephalus*) from the Western United States. *Biochem. Genet.* **23**: 337-345.
- NEWTON, R. (1979): *Population ecology of raptors*. Berkhamsted: T. & A.D. Poyser.
- NICOLAI, B. (1993): *Atlas der Brutvögel Ostdeutschlands*. Stuttgart: Fischer.
- NIELSEN, B. (1977): Migratory habits and dispersal of Danish buzzards *Buteo buteo*. *Dansk Orn. Foren. Tidsskr.* **71**: 1-9.

- OLSSON, V. (1958): Dispersal, migration, longevity and death causes of *Strix aluco*, *Buteo buteo*, *Ardea cinerea* and *Larus argentatus*. Acta vertebratica 1: 91-189.
- PICOZZI, N.; WEIR, D. (1974a): Dispersal and causes of death in buzzards. Brit. Birds 69: 193-201.
- PICOZZI, N.; WEIR, D. (1974b): Breeding biology of the buzzard in Speyside. Brit. Birds 67: 199-210.
- PIECHOCKI, R. (1955): Beobachtungen über das Mäusebussardsterben im Winter 1953/1954. Der Falke, Sonderheft 1: 29-32.
- PIECHOCKI, R. (1964): Über die Vogelverluste im strengen Winter 1962/63 und ihre Auswirkungen auf den Brutbestand 1963. Der Falke 1964, 2: 50-58.
- ROCKENBAUCH, D. (1975): Zwölfjährige Untersuchungen zur Ökologie des Mäusebussards (*Buteo buteo*) auf der Schwäbischen Alb. J. Orn. 116: 39-54.
- SCHJØLER, E.L. (1931): Danmarks Fugle med henblik paa di i Grønland, paa Faerøerne og i kongeriget Island forkommende Arter. Bind III Rovfugle (Falconiformes). København: Gyldendalske Boghandel, Nordisk Forlag.
- SCHMUTZ, S.M.; SCHMUTZ J.K. (1981): Inheritance of color phases of ferruginous hawks. Condor 83: 187-189.
- Schönbrodt, R.; Tauchnitz, H. (1987): Ergebnisse zehnjähriger Planberingung von jungen Greifvögeln in den Kreisen Halle, Halle-Neustadt und Saalkreis. Populationsökologie von Greifvogel- und Eulenarten 1: 67-84.
- SCHUSTER, L. (1940): Langjährige Wiederkehr eines Mäusebussards (*Buteo buteo*) an denselben Überwinterungsplatz. Vogelzug 11: 86.
- STEGEMANN, K.-D. (1986): Achtjährige Untersuchungen zur Entwicklung des Brutbestandes und zur Nistweise von Mäusebussard und Turmfalke in der Friedländer Großen Wiese von 1974-1981. Der Falke 33: 157-161.
- STEPANJAN, L.S. (1975): Sostav i raspredelenie ptic fauny SSSR, Non- Passeriformes. Moskva.
- STRESEMANN, E. (1925): Raubvogelstudien. IX. Falkenbussard und Mäusebussard. J. Orn. 73: 429-446.
- STUBBE, C. (1961): Die Besiedlungsdichte eines abgeschlossenen Waldgebietes (Hake) mit Greifvögeln im Jahre 1957. Beitr. Vogelkd. 7: 155-224.
- STUBBE, C.; AHRENS, M.; STUBBE, M.; GORETZKI, J. (1995): Lebensfang von Wildtieren. Landwirtschaftsverlag Berlin.
- STUBBE, M. (1971): Wald-, Wild- und Jagdgeschichte des Hake. Arch. Forstwesen 20: 115-204.
- STUBBE, M. (1982): Brutdichte und Altersstruktur einer Rotmilan-Population -*Milvus milvus* (L., 1758)- im nördlichen Harzvorland der DDR, ein Vergleich zum Mäusebussard *Buteo buteo* (L., 1758). Arch. Naturschutz Landschaftsforsch. 22: 205-214.
- STUBBE, M. (1987): Greifvögel. In: H. STUBBE (Hrsg.): Buch der Hege, Band 2 Federwild. Berlin. S. 263-305.
- STUBBE, M. (1996): Stand und Perspektive des Monitoringprojektes „Greifvögel und Eulen Europas“ - Vision eines Pilotprojektes im Arten- und Biotopschutz Europas und außereuropäischer Überwinterungsgebiete. Populationsökologie Greifvögel und Eulen 3.
- STUBBE, M.; ZÖRNER, H.; MATTHES, H.; BÖHM, W. (1991): Reproduktionsrate und gegenwärtiges Nahrungsspektrum einiger Greifvogelarten im nördlichen Harzvorland. Populationsökologie von Greifvogel- und Eulenarten 2: 39-80.
- STUBBE, M.; ZÖRNER, H. (1993): 25 Jahre Greifvogelforschung im Wildforschungsbereich Hake, Sachsen-Anhalt. Beitr. Jagd- und Wildforsch. 18: 147-160.
- SYLVÉN, M. (1982): Reproduction and survival in common buzzards (*Buteo buteo*) illustrated by the seasonal allocation of energy expenses. Diss., Univ. Lund.
- ULBRICHT, C. (1988): Das Phänomen der Dismigration bei Vögeln - seine Ursachen und Konsequenzen. Diss., Univ. Greifswald.
- VAN WYK, E.; VAN DER BANK, F.H.; VERDOORN, G.H. (1992): A biochemical genetic study of allozyme polymorphism in two natural populations of the Cape griffon vulture (*Gyps coprotheres*) and individuals held in captivity. Comp. Biochem. Physiol. 103B: 481-493.
- VAURIE, C. (1961): Systematic notes on Palearctic birds, No. 47. Accipitridae: The genus *Buteo*. Amer. Mus. Novit. 2042: 1-14.
- VAURIE, C. (1965): The birds of the Palearctic fauna. Non-Passeriformes. London: H.F. & G. Witherby.
- WARNCKE, E.; WITTENBERG, J. (1959): Über Siedlungsdichte und Brutbiologie des Mäusebussards (*Buteo buteo*). Vogelwelt 80: 101-108.
- WENDLAND, V. (1952): Populationsstudien an Raubvögeln. I. Zur Vermehrung des Mäusebussards (*Buteo b. buteo* L.). J. Orn. 93: 144-153.
- Wuttky, K. (1968): Ergebnisse zehnjähriger Beobachtungen an der Greifvogelpopulation des Wildforschungsbereiches Hake (Kr. Aschersleben). Beitr. Jagd- und Wildforsch. 6: 159-173.
- Wuttky, K.; Stubbe, M.; Matthes, H. (1982): Greifvogelbesiedlung des Hake und Überwinterung des Rotmilans *Milvus milvus* (L., 1758). Hercynia N.F. 19: 121-134.
- ZIEGLER, B. (1995): Populationsgenetische Analyse der Wanderfalkenpopulation Baden-Württembergs mit der RAPD-Technik. Diplomarbeit, Univ. Tübingen.

Zusammenfassung

Die elektrophoretische Analyse von 25 Blutproteinloci bei 122 Mäusebussarden aus den Wäldern des Hakes und Huy im nördlichen Harzvorland (Sachsen-Anhalt) erbrachte einzelne heterozygote Muster von drei Enzymen (Adenosinaminase, Glutamat-Oxalacetat-Transaminase, Glyoxalase). Wertet diese Varianten trotz Seltenheit als Polymorphismus, errechnet sich bei einem Anteil polymorpher Loci von $P = 0,12$ eine sehr geringe Heterozygotie. Letztere beträgt bei Nestjungen aus dem Brutbestand des Gebietes $H_o = 0,0007$, bei adulten Mäusebussarden, die überwiegend im Winter gefangen worden waren, dagegen $H_o = 0,032$. Dieser Unterschied deutet an, daß Win-

tergäste eine etwas größere genetische Variabilität aufweisen als der Brutbestand. Arbeits-hypothesen zum möglichen Verständnis der niedrigen elektrophoretischen Variabilität werden diskutiert.

Summary

Title of the paper: Low allozyme heterozygosity in common buzzards (*B. buteo*) from the Hake Forest (Sachsen-Anhalt, Germany)

Blood proteins representing 25 genetic loci were investigated by agarose gel electrophoresis in 122 common buzzards (*B. b. buteo*) from

Hake and Huy Forests, Sachsen-Anhalt (Germany). Three variable allozyme loci displayed rare allelic variants, i.e. adenosine deaminase, glutamate-oxaloacetate transaminase, and glyoxalase. Variability was restricted to a few heterozygotes only. Sixty nestlings from the Hake and Huy breeding stocks exhibited lower heterozygosity ($H_o = 0.0007$) than did 62 adult buzzards caught chiefly in winter when both overwintering specimens from the local population and guests were present ($H_o = 0.0032$). Hypotheses which may explain low allozyme heterozygosity in a comparatively common raptor are discussed against the background of long-term observations into the demography and ecology of buzzards from the Hake area.

Anschrift der Verfasser:

Dr. ARND SCHREIBER
Zoologisches Institut, Universität Heidelberg
Im Neuenheimer Feld 230
D-69120 Heidelberg

Dr. ANNEGRET und Prof. Dr. MICHAEL STUBBE
Institut für Zoologie, Universität Halle-Wittenberg
Domplatz 4
D-06099 Halle

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Beiträge zur Jagd- und Wildforschung](#)

Jahr/Year: 1996

Band/Volume: [21](#)

Autor(en)/Author(s): Schreiber Arnd, Stubbe Annegret, Stubbe Michael

Artikel/Article: [Zur Populationsgenetik des Mäusebussards: Erste Befunde aus dem Hake, Sachsen-Anhalt 325-336](#)