

TANJA HALCZOK, ALAIN C. FRANTZ, Greifswald; KONSTANTIN BÖRNER, ULRICH WITTSTATT, Berlin;  
CHRISTOPH SCHULZE, Frankfurt (Oder)

## Populationsgenetische Struktur des Rotfuchses in Berlin und Brandenburg

Schlagworte/key words: Rotfuchs, *Vulpes vulpes*, DNS, genetische Struktur, Mikrosatelliten, Verstädterung, Berlin

### 1. Einleitung

Urbanisierung führt zu einer abgewandelten Umweltgestaltung mit erheblich veränderter Struktur und Funktion beeinträchtigter Ökosysteme (z. B.: NIMELÄ 1999, TREPL 1995, MACK & LONSDALE 2001). Besonders große Säugertierkarnivore mit ihren beträchtlichen Platzansprüchen, geringen Reproduktionsraten oder Empfindlichkeit gegenüber Störungen durch Menschen werden negativ beeinflusst (MCKINNEY 2006, WOODROFFE 2000). Dennoch sind einige mittelgroße generalistische Prädatoren dazu fähig, in urbanen Landschaften zu bestehen oder gar aus ihnen einen Gewinn zu ziehen (MCKINNEY 2002).

Der Rotfuchs (*Vulpes vulpes*) hat während des letzten Jahrhunderts erfolgreich Städte und deren Vororte besiedelt und stellt eine der am besten dokumentierten urbanen Tierarten dar. Er repräsentiert eine omnivore Säugerart mit einer höchst variablen Ernährung, welche keine speziellen Ansprüche an Habitats stellt. Deshalb ist es dem Rotfuchs möglich viele verschiedene Lebensräume, wie zum Beispiel Grasflächen, Agrarland, Wälder und eben auch Städte und deren Vororte erfolgreich zu besiedeln (MACDONALD 1987, VOIGT 1987). Das Leben in mensch-

lichen Siedlungen bietet dem Rotfuchs zudem Vorteile, wie ein ergiebiges Nahrungsangebot (CONTESSA u. a. 2004) und eine reduzierte Bejagung, sowohl durch natürliche Prädatoren als auch durch den Menschen (BAKER & HARRIS 2007, GOSSELINK u. a. 2007).

Im städtischen Lebensraum konnte eine veränderte Ökologie des Fuchses beobachtet werden, welche sich sowohl in reduzierten Territoriengrößen und individuellen Verbreitungsgebieten, als auch in vergrößerten Familiengruppengrößen und veränderten Paarungssystemen äußert (CREEL & MACDONALD 1995, ADKINS & STOTT 1998, BAKER u. a. 2000). Eine Folge dessen könnte eine mögliche Trennung der städtischen Rotfuchspopulationen von ihren in ländlichen Gebieten lebenden Nachbarn sein. Diese konnte in der Tat bereits festgestellt werden, bisher allerdings hauptsächlich basierend auf verhaltensbiologischen Studien (z. B.: BAKER u. a. 2000, HARRIS & RAYNER 1986).

Einige wenige Studien untersuchten diesen Sachverhalt bereits auf genetischer Ebene (GLOOR u. a. 2001, WANDELER u. a. 2003). WANDELER u. a. (2003) untersuchten die populationsgenetische Struktur von Rotfüchsen in und um Zürich (Schweiz) und entdeckten genetische

Unterschiede zwischen urbanen Individuen und solchen aus benachbarten, ländlichen Gebieten. Die Ergebnisse von WANDELER u. a. (2003) wiesen darauf hin, dass die urbanen Fuchspopulationen jeweils von einigen wenigen, aus der ländlichen Umgebung stammenden, Individuen gegründet wurden. WANDELER u. a. (2003) vermuteten, dass im Laufe der Jahre eine Verringerung der genetischen Unterschiede zwischen Füchsen im urbanen und ländlichen Raum erfolgen würde, da die genetischen Unterschiede nur aus einem initialen Flaschenhalseffekt resultierten, und nicht etwa aus einer ökologisch Trennung der Stadt- und Landfüchse.

Berlin wurde zum ersten Mal in den 1950iger Jahren, und somit 35 Jahre früher als Zürich, durch den Rotfuchs besiedelt (SAAR 1957). Ziel dieser Studie ist es deshalb festzustellen, ob im genanntem Studiengebiet, trotz des längeren Besiedelungszeitraums der Füchse in Berlin im Vergleich zu Zürich, ebenfalls eine genetische Struktur erkennbar ist und ob, bzw. in wie weit, diese sich biologisch erklären lässt.

## 2. Material und Methode

Die Rotfuchsproben wurden sowohl in Berlin, als auch in den benachbarten Bereichen von Brandenburg gesammelt (Abb. 1). Fuchsdichten in Berlin wurden während des Beprobungszeitraums (2011–2012) auf etwa ein bis zwei Fuchsfamilien pro km<sup>2</sup> geschätzt, welche in der Regel aus einem Rüden und mehreren, untereinander verwandten, Fähen bestanden (BÖRNER u. a. 2012).

Im Ganzen wurden 80 Gewebeproben durch das „Landeslabor Berlin-Brandenburg“ – Standorte Berlin und Frankfurt (Oder) – gesammelt. Hierbei wurden 60 Proben aus dem Bundesland Berlin und 20 Proben aus dem Bundesland Brandenburg verwendet, wobei sich die Berliner Proben aus 20 aus dem Zentrum Berlins (Z), 20 aus dem östlichen Randbereich Berlins (RO) und 20 aus dem südlichen Randbereich (RS) zusammensetzten.

Die DNS wurde mit Hilfe der Ammonium-Acetat-Ausfällungs-Methode (NICHOLLS u. a. 2000) isoliert. Mit Hilfe von 13 Mikrosatelliten wurde ein genetisches Profil jeder Probe erstellt. Zur Genotypisierung wurden folgende

Mikrosatelliten verwendet: *DGN3*, *DGN14*, *FH2174*, *FH2281*, *FH2309*, *FH2541*, *FH2658*, *Ren69B24*, *Ren161A12*, *Ren162B09*, *V142*, *V374* und *V468* (WHITESIDE u. a. 2011; Tabelle 1). Obwohl eine andere Art untersucht wurde, wurden hier dieselben Protokolle für die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) verwendet wie in FRANTZ u. a. (2010) und können daher in detaillierter Form aus dieser Studie entnommen werden.

Die im Programm GENEPOP 4.0.7 (RAYMOND & ROUSSET 1995; 10.000 Dememorisation Schritte, 500 Batches und 5.000 nachfolgende Iterationen) enthaltende Markov-Ketten Methode wurde verwendet, um auf signifikante Abweichungen vom Hardy-Weinberg Gleichgewicht (HWG) für jeden einzelnen Locus zu testen. The „false discovery rate (FDR)“ Methode wurde benutzt, um auszuschließen, dass es durch die Anzahl der Tests bedingte signifikante Abweichungen vom HWG gab.

Mit Hilfe des Programmes SPAGED1 1.2 (Hardy & Vekemans 2002) wurden Fixationsindexe errechnet. Der Fixationsindex ( $F_{ST}$ ) beschreibt den Grad der Varianz von Allelfrequenzen zwischen zwei Populationen. Ein hoher  $F_{ST}$ -Wert zeigt hierbei an, dass zwei Populationen sich genetisch stark voneinander unterscheiden. Herrscht zwischen beiden Populationen allerdings ein starker Genfluss, ist auch der  $F_{ST}$ -Wert gering. Der  $F_{ST}$ -Wert variiert hierbei zwischen null für Populationen mit identischen Allelen, und eins für Populationen, die keinerlei gleiche Allele aufweisen (Weir & Cockerham 1984). Das Programm führt Permutationen von Individuen (bzw. kompletten Genotypen) zwischen den Populationen durch, um die  $F_{ST}$ -Werte auf signifikante Unterschiede zwischen Populationen zu schätzen.

Schlussendlich wurde das Programm POPULATIONS 1.2.30 (LANGELLA 1999) verwendet, um die genetische Distance ( $D_S$ ) nach Nei zwischen den vier Populationen zu errechnen. Außerdem wurde oben genanntes Programm verwendet um, zusammen mit dem Programm TREEVIEW 1.5 (Page 1996), einen unverwurzelten Stammbaum zu erstellen, der benachbarte Populationen mithilfe der  $D_S$  Distanz-Matrix miteinander verbindet. Das Bootstrapping wurde hierbei mit Hilfe von 10.000 Bootstraps pro Locus errechnet.

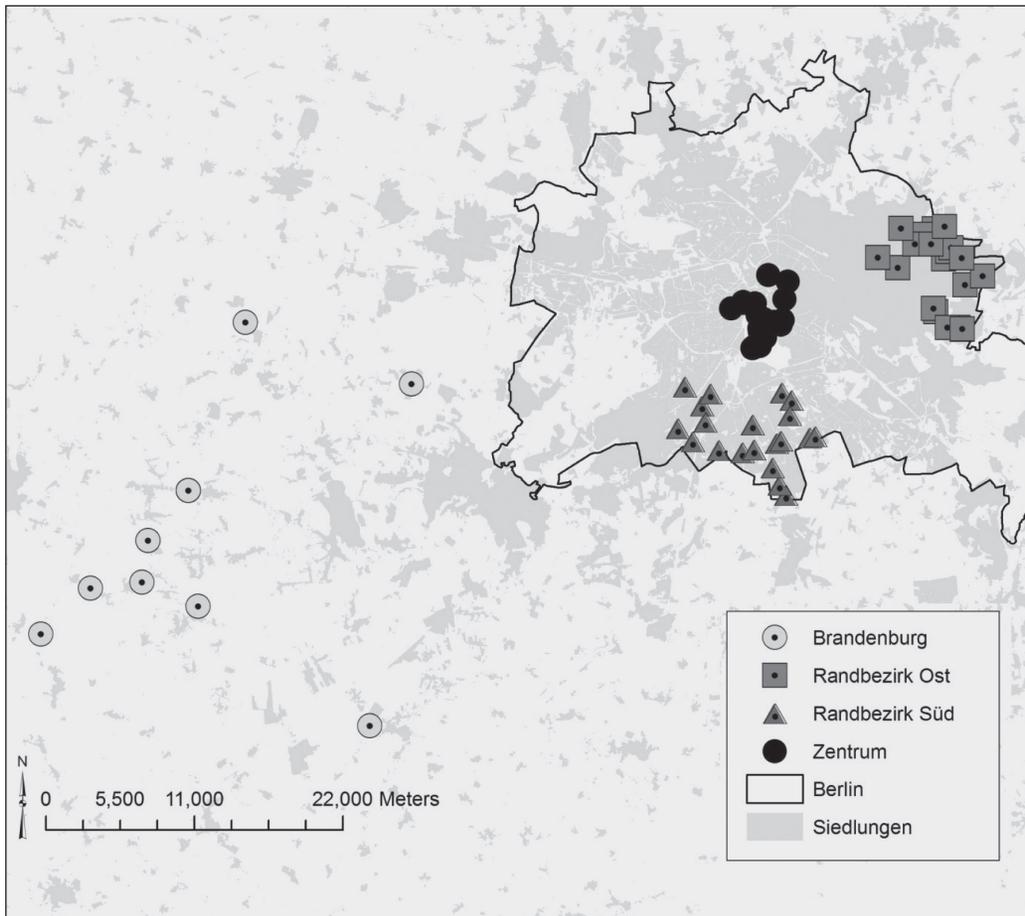


Abb. 1 Auftragung der Fundorte der Rotfuchspalten, wobei eine Markierung auch für mehrere Proben, die am selben Standort gefunden wurden, stehen kann.

### 3. Ergebnisse

Alle 13 Marker waren innerhalb der vier untersuchten Populationen mit vier bis 21 Allelen pro Locus polymorph. Die durchschnittliche erwartete Heterozygotie betrug in den verschiedenen Populationen wie folgt Z:  $H_e = 0,78$ , RO:  $H_e = 0,82$ , RS:  $H_e = 0,81$  und BB:  $H_e = 0,83$ . Die zugehörigen durchschnittlichen beobachteten Heterozygotien waren in jeder Population geringer und variierten zwischen 0,75 und 0,85 (Tabelle 1).

Zwei Loci (FH2174 und DGN14;  $P < 0,0077$ ) zeigten eine signifikante Abweichung vom Hardy-Weinberg Gleichgewicht. Da diese keine

Probleme in den anderen Population bereiteten, wurden die Loci nicht von der Auswertung ausgeschlossen.

Wie aus Tabelle 2 ersichtlich, sind die Populationen „Zentrum“ und „Randgebiet Süd“ nicht voneinander genetisch differenziert, unterscheiden sich aber von den restlichen Populationen. Ein auf der genetischen Distanz ( $D_s$ ) basierender unverwurzelter Stammbaum bestätigt, dass sich die Z und RS Populationen von den beiden anderen genetisch unterscheiden (Abb. 2). Laut  $F_{ST}$  Werten unterscheidet sich die Populationen Randgebiet Ost jeweils von allen übrigen Populationen signifikant.

Tabelle 1 Kennwerte der 13 Mikrosatelliten-Lokusse innerhalb der vier Populationen.  $N$  = Stichprobengröße für den Locus;  $A$  = Anzahl der Allele;  $H_e$  = erwartete Heterozygotie;  $H_o$  = beobachtete Heterozygotie.

Lokus	Zentrum				Randgebiet Ost				Randgebiet Süd				Brandenburg			
	$N$	$A$	$H_e$	$H_o$	$N$	$A$	$H_e$	$H_o$	$N$	$A$	$H_e$	$H_o$	$N$	$A$	$H_e$	$H_o$
DGN3	20	9	0,82	0,65	20	11	0,87	0,75	20	11	0,87	0,70	20	10	0,88	0,70
DGN14	19	10	0,74	0,68	18	12	0,89	0,67	20	10	0,84	0,75	20	13	0,85	0,75
FH2174	17	8	0,83	0,94	18	18	0,91	0,72	19	14	0,90	0,84	18	18	0,91	0,94
FH2281	16	12	0,75	0,75	16	12	0,89	0,94	15	12	0,86	0,87	15	14	0,90	1,00
FH2309	20	7	0,74	0,80	17	6	0,61	0,71	17	7	0,70	0,65	20	7	0,74	0,70
FH2541	20	7	0,72	0,70	20	12	0,86	0,85	19	9	0,82	0,79	20	11	0,84	0,80
FH2658	17	11	0,85	0,65	17	19	0,92	0,94	18	13	0,90	0,67	16	21	0,94	0,94
Ren69B24	19	9	0,84	0,79	20	11	0,86	0,70	18	12	0,88	0,78	19	16	0,90	0,74
Ren161A12	20	8	0,83	0,75	19	9	0,83	0,84	20	9	0,84	0,90	20	9	0,85	1,00
Ren162B09	16	6	0,64	0,63	19	6	0,47	0,58	20	5	0,59	0,60	20	4	0,50	0,75
V142	20	6	0,78	0,75	20	10	0,86	0,85	20	6	0,77	0,70	20	10	0,86	0,95
V374	18	9	0,82	0,78	17	9	0,80	0,88	18	6	0,74	0,83	18	9	0,84	0,89
V468	19	7	0,75	0,89	20	9	0,84	0,90	18	9	0,82	0,89	20	7	0,85	0,85

Tabelle 2 Darstellung der  $F_{ST}$ -Werte zwischen den jeweiligen Populationen (untere Diagonale) und  $P$ -Werten (obere Diagonale). Wenn  $P < 0,05$  ist der  $F_{ST}$ -Wert signifikant unterschiedlich von Null, d. h. die Populationen sind genetisch differenziert.

	Zentrum	Rand. Ost	Rand. Süd	Brandenburg
Zentrum		< 0,001	0,573	< 0,001
Rand. Ost	0,044		0,001	0,020
Rand. Süd	0,0026	0,0195		0,002
Brandenburg	0,040	0,010	0,015	

#### 4. Diskussion

Die Ergebnisse der Untersuchungen zeigen, dass die Rotfuchspopulation im Zentrum Berlins gemeinsam mit der Population des Randbereichs Süd sich genetisch von den übrigen Populationen unterscheidet. Diese Differenzierung lässt sich anhand der signifikanten  $F_{ST}$ -Werte belegen. Unsere Ergebnisse zur Situation in Berlin stimmen somit mit denen von WANDELER u. a. (2003) an der Züricher Fuchspopulation erzielten überein und sprechen daher für eine genetische Differenzierung der städtischen Individuen von ihren benachbarten landlebenden Artgenossen. Unsere Studie stellt somit einen weiteren Beleg dafür dar, dass urbane Rotfuchse sich nicht nur ökologisch, sondern auch

genetisch von ihren landlebenden Nachbarn unterscheiden.

Allerdings lassen sich nicht alle im Bundesland Berlin lebenden Rotfuchse zum Cluster „städtische Individuen“ zuordnen, da die im Randbereich Ost lebenden Individuen genetisch von den anderen beiden Stadtpopulationen differenziert sind. Die im RO vorherrschende Infrastruktur würde diese Region allerdings ebenfalls als eine urbane Region klassifizieren. Eventuell könnte ein Landschaftsmerkmal eine genetische Barriere darstellen und auf diese Weise den Genfluss zwischen den Populationen RS+Z und RO verhindern. Ein solches Landschaftsmerkmal, das als genetische Barriere dienen könnte, scheint im heutigen Ber-

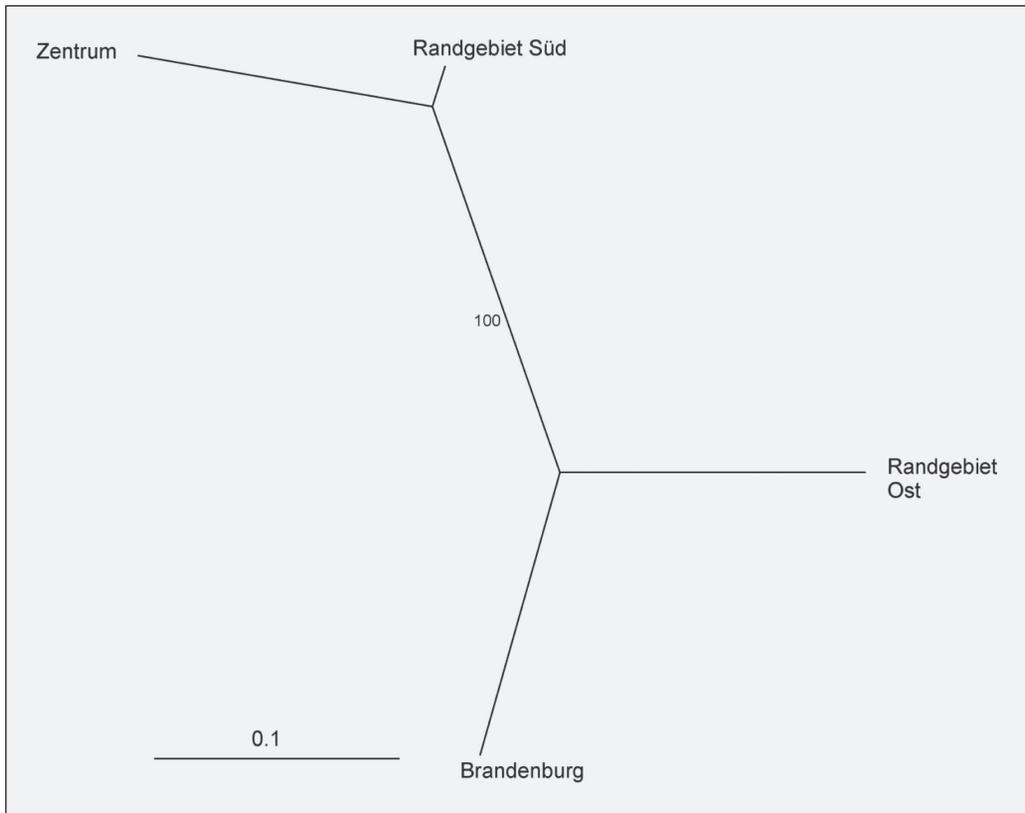


Abb. 2 Unverwurzelter, „neighbour-joining“ Stammbaum, basierend auf der genetischen Distanz nach Nei ( $D_S$ ). Der Bootstrap Support wurde mit Hilfe von 10.000 Bootstraps pro Locus errechnet.

lin nicht zwischen Z+RS und RO zu finden zu sein. Betrachtet man allerdings den geschichtlichen Hintergrund Berlins, scheint die Berliner Mauer eine mögliche Barriere dargestellt zu haben. Diese bestand zwar lediglich für etwa 28 Jahre (1961–1989), trotzdem kann theoretisch eine genetische Differenzierung in solch einer relativ kurzen Zeitperiode als Folge von zufälliger genetischer Drift oder einem Gründereffekt erreicht werden (SOULÉ 1980). Allerdings lässt sich diese Theorie nicht anhand unserer Daten belegen. Weitere Studien, eventuell auch Untersuchungen der mitochondrialen DNS von Rotfüchsen, sind nötig, um diese Theorie testen zu können.

Wie bereits erwähnt, konnte schon im Raum Zürich (Schweiz) eine genetische Differenzierung zwischen urbanen und landlebenden

Fuchspopulationen festgestellt werden (WANDERLER u. a. 2003). Die in der Züricher Studie ermittelten  $F_{ST}$ -Werte zwischen ländlichen und urbanen Populationen variierten zwischen 2,7 und 5,4 % und lagen somit etwa in der selben Größenordnung, wie die hier ermittelten Werte (1,5 und 4,4 %). Da in beiden Studien unterschiedliche genetische Marker verwendet wurden, kann man die ermittelten  $F_{ST}$ -Werte nicht gleichsetzen. Trotzdem erscheint es zulässig anhand der Größenordnung Vergleiche anzustellen. Somit kann man sagen, dass der Isolationsgrad der urbanen Individuen in Zürich und Berlin in etwa vergleichbar ist. Auch Analysen der genetischen Struktur anderer Tiere wurden bereits in und um menschliche Siedlungsgebiete durchgeführt. Zum Beispiel konnte eine Isolation städtischer Nagetiere (*Calomys uscu-*

*linus*) ( $F_{ST}$  von 1,5 %) in Riù Carto (Argentinien) festgestellt werden (CHIAPPERO u. a. 2011) und Waschbären (*Procyon lotor*) innerhalb von Chicago zeigten eine reduzierte Anzahl an Allelen im Vergleich zu ihren benachbarten, landlebenden Artgenossen (SANTONASTASO u. a. 2012). Differenzierung konnte auch in anderen Tierklassen, wie Vögel, Amphibien oder Reptilien, festgestellt werden (DELANEY u. a. 2010; HITCHINGS & BEEBEE 1997; RUTKOWSKI u. a. 2006), allerdings ist eine Vergleichbarkeit zu unserer Studie anhand spezifischer morphologischer und genetischer Merkmale bestimmter Tierklassen nicht gegeben.

## Zusammenfassung

In der Region Berlin-Brandenburg wurde eine genetische Differenzierung zwischen urbanen und landlebenden Rotfüchsen (*Vulpes vulpes*) festgestellt. Somit konnte ein weiterer Beleg dafür geliefert werden, dass urbane Füchse sich nicht nur auf ökologischer, sondern auch auf genetischer Ebene von ihren benachbarten, landlebenden Artgenossen unterscheiden.

## Summary

### The population genetic structure of the red fox (*Vulpes vulpes*) in Berlin and Brandenburg

We identified a genetic differentiation between urban and rural red foxes (*Vulpes vulpes*) in the region of Berlin and Brandenburg. We were therefore able to provide further evidence that the difference in the ecology of adjacent urban and rural red fox populations can result in genetic differentiation.

## Danksagung

Wir möchten uns herzlich bei Prof. Gerald Kerth, Zoologisches Institut der Universität Greifswald, sowie bei Terry Burke und Gavin Horsburgh von der Universität Sheffield, für die finanzielle und materielle Unterstützung bedanken.

## Literatur

- ADKINS, C.; STOTT, P. (1998): Home ranges, movements and habitat associations of red foxes *Vulpes vulpes* in suburban Toronto, Ontario. – *Can. J. Zool.* **244**: 335–346.
- BAKER, P.; FUNK, S.; HARRIS, S.; WHITE, P. (2000): Flexible spatial organization of urban foxes, *Vulpes vulpes*, before and during an outbreak of sarcoptic mange. – *Anim. Behav.* **59**: 127–146.
- BAKER, P.J.; HARRIS, S. (2007): Urban mammals: what does the future hold? An analysis of the factors affecting patterns of use of residential gardens in Great Britain. – *Mammal Rev.* **37**: 297–315.
- BÖRNER, K.; SCHNEIDER, R.; WITTSTATT, U.; METZ, A. (2012): Ausgewählte Parameter zur Populationsbiologie und dem Krankheitsgeschehen des Rotfuchses (*Vulpes vulpes*) in Berlin. – In: *VWJD Tagung „Wildtiere in Raum und Zeit“*, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn.
- CHIAPPERO, M.B.; PANZETTA-DUTARI, G.M.; GÓMEZ, D.; CASTILLO, E.; POLOP, J.J.; GARDENAL, C.N. (2011): Contrasting genetic structure of urban and rural populations of the wild rodent *Calomys musculus* (Cricetidae, Sigmodontinae). – *Mamm. Biol.* **76**: 42–50.
- CONTESSÉ, P.; HEGGLIN, D.; GLOOR, S.; BONTADINA, F.; DEPLAZES, P. (2004): The diet of urban foxes (*Vulpes vulpes*) and the availability of anthropogenic food in the city of Zurich, Switzerland. – *Mamm. Biol.* **69**: 81–95.
- CREEL, S.; MACDONALD, D. (1995): Sociality, group size and reproductive suppression among carnivores. – *Adv. Stud. Behav.* **24**: 203–257.
- DELANEY, K.; RILEY, S.; FISHER, R. (2010): A Rapid, Strong, and Convergent Genetic Response to Urban Habitat Fragmentation in Four Divergent and Widespread Vertebrates. – *PLoS One* **5**: e 12767.
- FRANTZ, A.C.; DO LINH SAN, E.; POPE, L.C.; BURKE, T. (2010): Using genetic methods to investigate dispersal in two badger (*Meles meles*) populations with different ecological characteristics. – *Heredity* **104**: 493–501.
- GLOOR, S.; BONTADINA, F.; HEGGLIN, D.; DEPLAZES, P.; BREITENMOSER U. (2001): The rise of urban fox populations in Switzerland. – *Mamm. Biol.* **66**: 155–164.
- GOSSELINK, T.; VAN DEELEN, T.; WARNER, R.; MANKIN, P. (2007): Survival and cause-specific mortality of red foxes in agricultural and urban areas of Illinois. – *J. Wildlife Manage.* **71**: 1862–1873.
- HARDY, O.J.; VEKEMANS, X. (2002): SPAGEDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. – *Mol. Ecol. Notes* **2**: 618–620.
- HARRIS, S.; RAYNER, J.M.V. (1986): Urban fox (*Vulpes vulpes*) population estimates and habitat requirements in several British cities. – *J. Anim. Ecol.* **55**: 575–591.
- HITCHINGS, S.P.; BEEBEE, T.J.C. (1997): Genetic substructuring as a result of barriers to gene flow in urban *Rana temporaria* (common frog) populations: implications for biodiversity conservation. – *Heredity* **79**: 117–127.
- LANGELLA, O. (1999): Populations 1.2.30: Population genetic software (individuals or population distances, phylogenetic trees). CNRS UPR9034, France.
- MACDONALD, D. (1987): *Running with the fox*. – Unwin Hyman Limited, London.

- MACK, R.N.; LONSDALE, W.M. (2001): Humans as global plant dispersers: Getting more than we bargained for. – *Bioscience* **51**: 95–102.
- McKINNEY, M.L. (2002): Urbanization, biodiversity, and conservation. – *Bioscience* **52**: 883–890.
- McKINNEY, M.L. (2006) Urbanization as a major cause of biotic homogenization. – *Biol. Conserv.* **127**: 247–260.
- NICHOLLS, J.; DOUBLE, M.; ROWELL, D.; MAGRATH, R. (2000): The evolution of cooperative and pair breeding in thornbills *Acanthiza* (Pardalotidae). – *J. Avian. Biol.* **31**: 165–176.
- PAGE, R.D.M. (1996): TREEVIEW: an application to display phylogenetic trees on personal computers. – *Comput. Appl. Biosci.* **12**: 357.
- RAYMOND, M.; ROUSSET, F. (1995): Genepop (version 1.2): a population genetics software for exact tests and ecumenicism. – *J. Hered.* **86**: 248–249.
- RUTKOWSKI, R.; REJT, L.; SZCZUKA, A. (2006): Analysis of microsatellite polymorphism and genetic differentiation in urban and rural kestrels *Falco tinnunculus* (L.). – *Pol. J. Ecol.* **54**: 473–480.
- SAAR, C. (1957): Parasitologische Untersuchung beim Rotfuchs (*Vulpes vulpes*) im Raum West-Berlin. – Diss. Freie Universität Berlin.
- SANTONASTASO, T.; DUBACH, J.; HAUVER, S.; GRASER, W.; GEHRT, S. (2012): Microsatellite analysis of raccoon (*Procyon lotor*) population structure across an extensive metropolitan landscape. – *J. Mammal.* **93**: 447–455.
- SOULÉ, M.E. (1980): Thresholds for survival: maintaining fitness and evolutionary potential. – In: *Conservation Biology: An Evolutionary-Ecological Perspective* (eds. SOULÉ M.E., WILCOX B.A.), pp. 151–170. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- TREPL, L. (1995): Towards a theory of urban biocoenoses. – In: *Urban Ecology as the Basis for Urban Planning* (eds. SUKOPP, H.; NUMATA, M.; HUBER, A.), pp. 3–21. SPB Academic Publishing, The Hague.
- VOIGT, D.R. (1987): Red fox. – In: *Wild furbearer management and conservation in North America* (eds. NOVAK, M.; BAKER, J.; OBBARD, M.E.; MALLOCH, B.), pp. 379–392. Ontario Ministry of Natural Resources, Ontario.
- WANDELER, P.; FUNK, S.; LARGIADER, C.; GLOOR, S.; BREITENMOSER, U. (2003): The city-fox phenomenon: genetic consequences of a recent colonization of urban habitat. – *Mol. Ecol.* **12**: 647–656.
- WEIR, B.S.; COCKERHAM, C.C. (1984): Estimating F-Statistics for the analysis of population structure. – *Evolution* **38**: 1358–1370.
- Whiteside, H.; Dawson, D.; Soulsbury, C.; Harris, S. (2011): Mother Knows Best: Dominant Females Determine Offspring Dispersal in Red Foxes (*Vulpes vulpes*). – *Plos One* **6**: e22145.
- Woodroffe, R. (2000): Predators and people: using human densities to interpret declines of large carnivores. – *Anim. Conserv.* **3**: 165–173.

#### *Anschriften der Verfasser:*

TANJA HALCZOK  
Universität Greifswald  
J.S. Bach Str. 11/12  
D-17489 Greifswald

KONSTANTIN BÖRNER  
Humboldt-Universität zu Berlin  
Institut für Biologie  
Philippstr. 13, Haus 2  
D-10115 Berlin

ULRICH WITTSTATT und CHRISTOPH SCHULZE  
Landeslabor Berlin-Brandenburg  
Gerhard-Neumann-Str. 2-3  
D-15236 Frankfurt (Oder)  
und  
Invalidenstr. 60  
D-10557 Berlin

ALAIN FRANTZ  
Nationales Naturkundemuseum Luxemburg  
25, rue Munster  
L-2160 Luxemburg

# ZOBODAT - [www.zobodat.at](http://www.zobodat.at)

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

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

Jahr/Year: 2013

Band/Volume: [38](#)

Autor(en)/Author(s): Halczok Tanja, Frantz Alain C., Börner Konstatin, Wittstatt Ulrich, Schulze Christoph

Artikel/Article: [Populationsgenetische Struktur des Rotfuchses in Berlin und Brandenburg 105-111](#)