

ALAIN C. FRANTZ, Luxemburg, JOACHIM LUDWIG, Greifswald

Das Rotwild auf der Halbinsel Darß-Zingst (Mecklenburg-Vorpommern) bildet eine eigenständige genetische Population

Schlagworte: *Cervus elaphus*, Phänotypenanalyse, Populationsgenetik, Wildtier-Genetik

1. Einleitung

Die Lebensräume von Wildtieren wurden in den letzten Jahrzehnten immer stärker zerstückelt. Hauptursachen hierfür sind die Verdichtung des Verkehrsnetzes, die Ausdehnung der Wohn- und Industriegebiete, sowie die Intensivierung der Landwirtschaft. Die weitere ökonomische Entwicklung wird unweigerlich zu einer größeren Fragmentierung der Landschaft führen und zur weiteren Begrenzung des verfügbaren natürlichen Lebensraumes (JONGMAN 2002, ANTROP 2004). Schlimmsten Falles werden Tiere in inselartigen Refugien isoliert, mit allen damit zusammenhängenden Problemen der Inzucht und genetischen Verarmung (ZACHOS et al. 2007).

Da die vom Menschen verursachten landschaftlichen Veränderungen in der Zwischenzeit als eine der größten Bedrohungen für die einheimische Tierwelt betrachtet werden (JOHNSON et al. 2004), versuchen eine Reihe Länder und Regionen der Fragmentierung des natürlichen Lebensraumes entgegenzuwirken. So haben bereits die Niederlande vor mehr als 20 Jahren ein nationales Programm umgesetzt, bei dem an bestehenden Verkehrswegen Querungshilfen eingesetzt wurden. Unter anderem in Luxemburg

(BAGHLI et al. 2007), Österreich (GRILLMAYER et al. 2002) und der Schweiz (HOLZGANG et al. 2001) gibt es Untersuchungen zum Zerschneidungsgrad des Landes, die das großräumige Vernetzungspotential für waldbundene, wildlebende Großsäuger ermitteln. Prinzipiell sollen besonders kritische Problemzonen identifiziert werden und räumliche Auswirkungen konkreter Planungsvorhaben vorhergesagt werden. Für viele Arten sind jedoch die Faktoren und Landschaftselemente, die die Konnektivität beeinflussen, nur unzureichend bekannt (BOWNE & BOWERS 2004).

Laut Schätzungen zufolge, kommt das Rotwild (*Cervus elaphus*) auf 23 % der Bundesfläche vor (KINZER et al. 2010). Jedoch wird in neun Bundesländern versucht sein Vorkommen auf behördlich festgesetzte Rotwildbezirke zu begrenzen. Die Ausbreitung der Tiere außerhalb dieser Gebiete soll durch Totalabschuss verhindert werden. Neben Brandenburg, Niedersachsen und dem Saarland, ist Mecklenburg-Vorpommern (MV) eins der wenigen Bundesländer, in dem sich die Tiere frei ausbreiten können (KINZER et al. 2010). Abgesehen von den Stadtstaaten hat jedoch nur Schleswig-Holstein weniger Waldbedeckung als MV (ROERING 2004). Da zudem noch die Bundesautobahn A20 im

Laufe der letzten 25 Jahre gebaut wurde, bietet MV ein interessantes Studiengebiet zur Erforschung des Einflusses der Landschaftsfragmentierung auf das Rotwild.

Während der Jagdsaison 2011/2012 wurden Gewebeprobe von Rotwild in Vorpommern gesammelt, um mit Hilfe genetischer Methoden die Habitatvernetzung des Rotwildes zu ermitteln. Das Ziel der Untersuchung war, die Anzahl der verschiedenen genetischen Populationen in der Region zu erkunden, da zwischen diesen Subpopulationen der Austausch vermindert ist. Zusätzlich wurden innerhalb des Untersuchungsgebietes Geweihe und Abwurfstangen vermessen, um möglicherweise phänotypischen Unterschiede zwischen den Populationen nachweisen zu können. Wir stellen in diesem Bericht erste Resultate dieses Projektes vor.

2. Methodik

Genetische Analysen

Während der Jagdsaison 2011/2012 wurde Muskelfleisch von 157 Stücken Rotwild beprobt. Der Mehrzahl der Proben stammen aus den Forstämtern Jägerhof, Schuenhagen, Pogendorf und vom Darß (Abb. 1). Die DNS wurde mit Hilfe der Ammonium-Acetat-Ausfällungs-Methode (MILLER et al. 1988) isoliert. Mit Hilfe von 21 Mikrosatelliten wurde ein genetisches Profil jeder Probe erstellt. Bei 12 Mikrosatelliten (BM1818, Cer14, CSPS115, CSSM16, CSSM19, CSSM22, CSSM66, ETH225, Haut14, ILSTS06, INRA35, MM12) wurden hier dieselben Protokolle für die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) verwendet wie bei DELLICOUR et al. (2011).

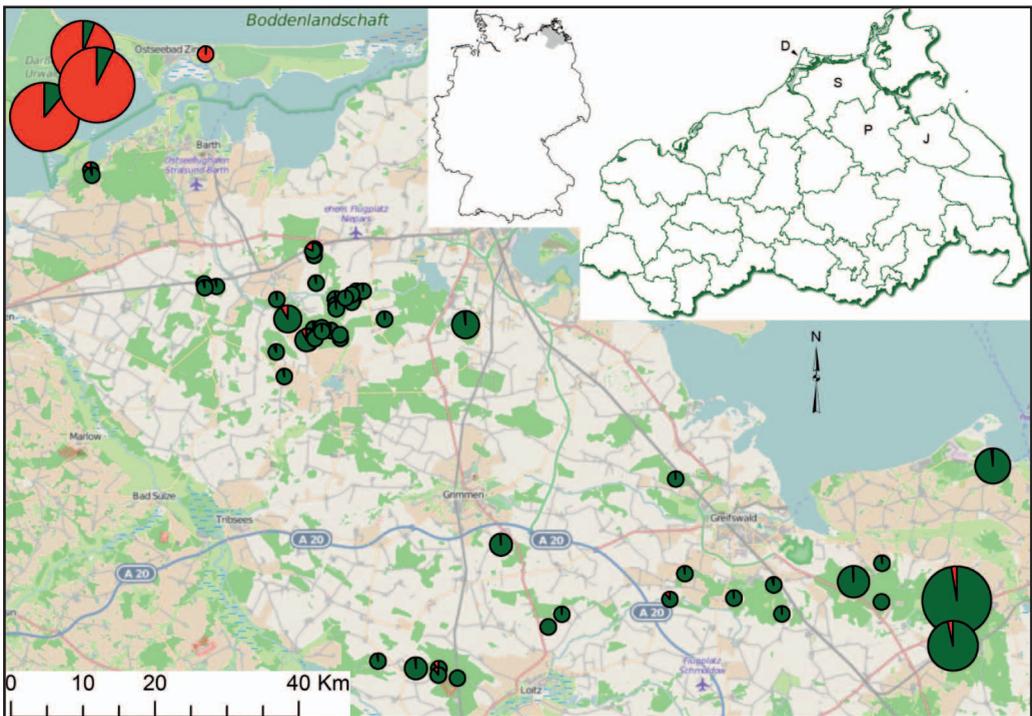


Abb. 1 Herkunft der Gewebeprobe (N=157) und genetische Struktur der Studienpopulation. Die Größe der Kreise ist abhängig von der Anzahl der Proben, die an einem Ort gesammelt wurden. Die Tortendiagramme geben Prozentsatz der Zugehörigkeit den zwei genetischen Populationen (unterschiedliche Farben) an. Die eingefügten Karten zeigen die Lage der Forstämter (J: Jägerhof; P: Pogendorf; S: Schuenhagen) und des Darß (D) innerhalb des Studiengebietes, sowie die Lage des Studiengebietes innerhalb Deutschlands. Kartenhintergrund: OpenStreet-Map, Landesforstamt Mecklenburg-Vorpommern.

Die restlichen neun Mikrosatelliten (CelJP27, OarFCB05, OarFCB304, RT1, T156, T193, T26, T268, T501, siehe PÉREZ-ESPONA et al. 2008) wurden in einer PCR als Multiplex amplifiziert. Jede Reaktion enthielt $1 \times$ QIAGEN Multiplex Master Mix und $0.2 \mu\text{M}$ von jedem Primer. Nachdem $1 \mu\text{l}$ DNA ($10 \text{ ng}/\mu\text{l}$) verdunstet wurde, wurden die PCR in einem Gesamtvolumen von $2 \mu\text{l}$ durchgeführt. Die Reaktionszeiten der PCR waren wie folgt: 5 min bei 95°C , gefolgt von 35 Zyklen von 30 s bei 95°C , 90 s bei 55°C (Annealing-Temperatur) und 30 s bei 72°C . Zum Schluss wird die Reaktion für 10 min auf 68°C gesetzt.

Die Anzahl der genetischen Populationen (K) wurde mit Hilfe des Programmes STRUCTURE (PRITCHARD et al. 2000) ermittelt. Es wurden zehn unabhängige Analysen für $K = 1-5$ durchgeführt, mit je 10^6 Markov-Chain Monte-Carlo Iterationen der nach einem burn-in von 10^5 Iterationen. Folgende Parameter wurden benutzt: korrelierte Allfrequenzen und genetische Vermischung (admixture), wobei ALPHA, der Dirichlet Parameter für den Vermischungsgraf, sich zwischen den Population unterscheiden konnte. Die Anzahl der genetischen Subpopulationen wurde mit Hilfe der ΔK Methode von EVANNO et al. (2005) bestimmt.

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 (VERHOEVEN et al. 2005).

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.

Phänotypanalyse

Im Ganzen wurden 103 Trophäen bzw. Abwurfstangen vermessen (Darß: $N=23$; Forstamt Jägerhof: $N=29$; Forstamt Schuenhagen: $N=24$; Forstamt Poggendorf $N=27$). Sowohl die Auswahl der Trophäen, als auch die Alterszuordnung erfolgte innerhalb der Einstandsgebiete durch die Bewirtschafter. Ausgewählt wurden Trophäen bzw. Abwurfstangen, die dem optimalen Ziel des Gebietes im Erntealter entsprachen. Vermessen wurde nur die linke Seite. Dabei wurden acht Geweihmerkmale erfasst, wovon zwei (Geweihgewicht, Geweihenden) in dieser Studie ausgewertet werden. Das Geweihgewicht der Abwürfe wurde über eine altersabhängige Regression für den kleinen Schädel berechnet. Eine Varianzanalyse (englisch *analysis of variance*, ANOVA) wurde benutzt, um zu testen, ob es zwischen den vier Studiengebieten Unterschiede in der Altersverteilung der beprobten Tiere gab. Ein Histogramm ließ den Schluss zu, dass die Residuen der abhängigen Variablen normal verteilt waren.

Wir testeten für signifikante phänotypische Unterschiede zwischen den hier untersuchten Einstandsgebieten Darß und Festland (Forstämter Jägerhof, Schuenhagen, Poggendorf) mit Hilfe einer Kovarianzanalyse (englisch *analysis of covariance*, ANCOVA). Bei dieser Methode wird der Einfluss einer Drittvariablen – hier als Kovariate bezeichnet – auf die abhängige Variable herausgerechnet.

In unserem Fall wird der Einfluss des Alters auf den Geweihphänotypen rechnerisch konstant gehalten um signifikante Unterschiede zwischen den Einstandsgebieten zu identifizieren. Histogramme ließen den Schluss zu, dass die Residuen beider Variablen normal verteilt waren. Turkey *post-hoc* Tests wurde in Rahmen der „General Linear Hypothesis (glht)“ Prozedur angewendet um signifikante Unterschiede

zwischen den Einstandsgebiete in paarweisen Vergleichen nachzuweisen. Alle statistischen Tests wurden mit Hilfe des Programmes R (IHAKA & GENTLEMAN 1996) durchgeführt. Für die *gllt* Prozedur wurde das „multcomp“ Paket (HOTHORN et al. 2008) benutzt.

3. Resultate

Genetische Analysen

Die STRUCTURE Resultate zeigen deutlich, dass der Datensatz aus zwei genetischen Populationen bestand, die, prinzipiell, mit dem Festland und dem Darß übereinstimmen (Abb. 1 & Abb. 2). Ein Tier, das auf dem Darß zur Strecke kam, hatte ein genetisches Profil, das der Festlandpopulation angehört, während ein weiteres halb der einen, halb der anderen genetischen Population angehörte (d. h. je ein Elternteil aus den beiden Populationen). Von den übrigen 57 Hirschen, die auf dem Darß beprobt wurden, konnten 48 mit hoher Wahrscheinlichkeit ($a > 0.9$) der Darßpopulation zugeordnet werden, während 88 der 98 Festlandhirsche mit derselben hohen Wahrscheinlichkeit dem Festland genetisch zugeordnet werden können. Es gilt zu beachten, dass auch die zwei Stücke, die auf dem Festland unmittelbar südlich vom Darß beprobt wurden, genetisch der Festlandpopulation zugeordnet wurden.

Nach Korrektur für multiple Tests, wich in beiden Populationen weder ein Locus signifikant vom Hardy-Weinberg Gleichgewicht ab ($P < 0.0025$), noch gab es Loci die signifikant vom Kopplungsgleichgewicht abwichen ($P < 0.0002$).

Trotz der relativ starken genetischen Strukturierung war die genetische Differenzierung ($F_{ST} = 0.035$; $P < 0.001$) zwischen den beiden Populationen relativ gering und beide Population hatten vergleichbare Durchschnittswerte für die erwartete Heterozygotie (Festland: $H_c = 0.747$; Darß: $H_c = 0.712$). Die Population auf dem Darß hatte jedoch eine geringere Anzahl Allele als die auf dem Festland (*Allelic richness*: Darß $A_R = 6.5$, Festland $A_R = 8.3$; basierend auf 54 diploiden Individuen). In den genetischen Profilen der Tiere vom Darß kamen im Ganzen vier Allele vor, die auf dem Festland nicht vorgefunden wurden.

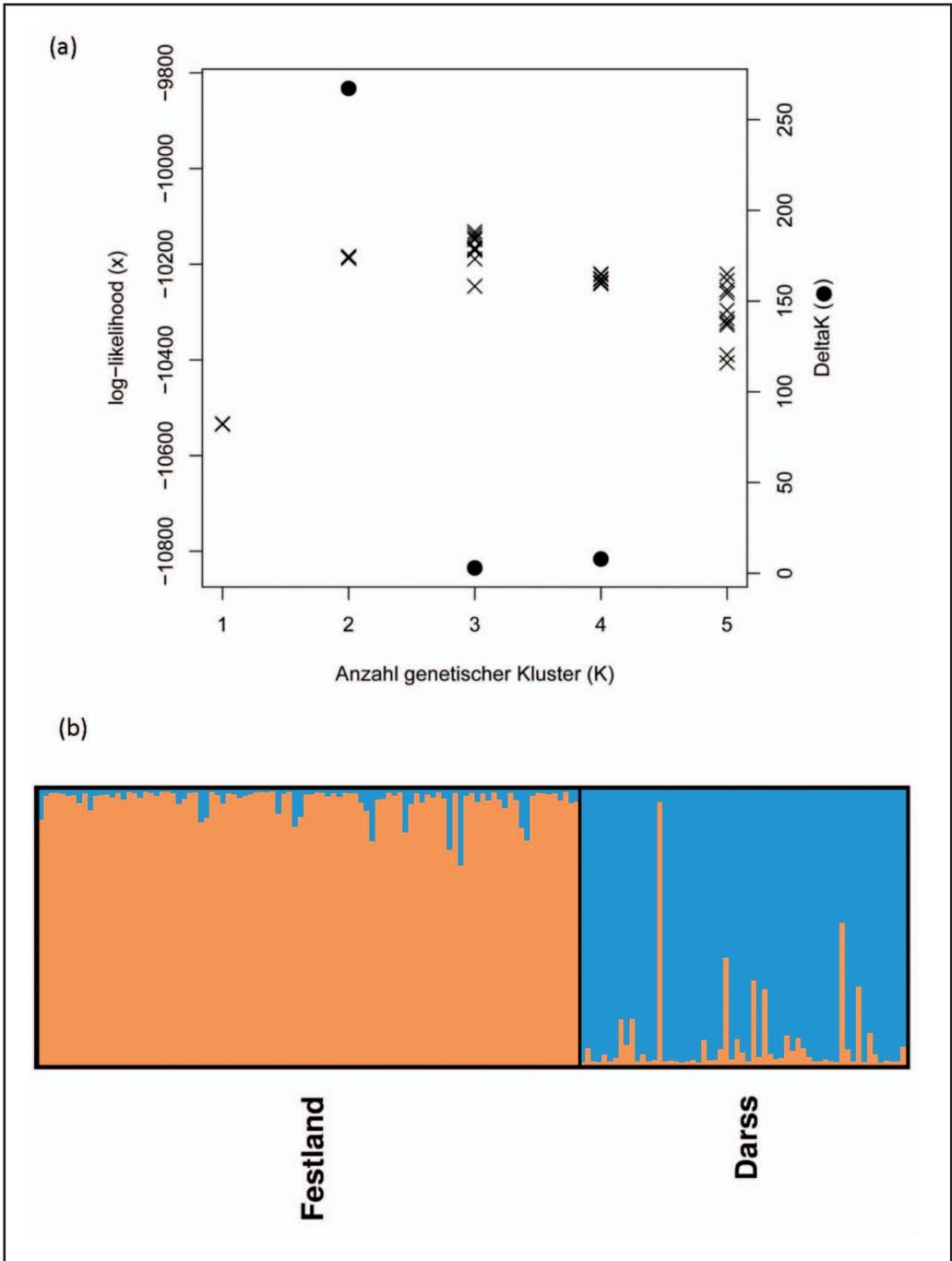
Phänotypanalyse

Laut ANOVA gab es signifikante Unterschiede zwischen den Studiengebieten in der Altersverteilung der beprobten Tiere ($F_{3,99} = 5.85$, $P = 0.001$). Die Trophäen aus Schuenhagen stammen von älteren Hirschen als die, die in den drei anderen Studiengebieten beprobt wurden (Abb. 3). Nachdem der Einfluss des Alters der Hirsche herausgerechnet wurde, gab es signifikante Unterschiede zwischen den Studiengebieten, sowohl für das Gewicht der Geweihe, als auch für die Anzahl der Enden (Tabelle 1). Das Rotwild in Einstandsgebiet Poggendorf hatte signifikant schwerere Trophäen als die Hirsche in den drei anderen Studiengebieten (Abb. 4). Die Hirsche auf dem Darß hatten signifikant mehr Enden als die Tiere in den Forstämtern Jägerhof und Schuenhagen (Abb. 4). Die Hirsche aus dem Forstamt Poggendorf hatten tendenziell mehr Enden als die Hirsche aus den beiden anderen Forstämtern. Poggendorf unterschied sich nicht signifikant vom Darß (hohe Endenzahl) und Jägerhof, wohl aber von Schuenhagen.

4. Diskussion

Wir haben hier erste Resultate einer populationsgenetischen Studie des Rotwildes in Vorpommern vorgestellt. Es war nicht möglich, einen Einfluss des durch den Menschen veränderten Lebensraumes (z. B. der Autobahnbau) auf das Wanderverhalten des Rotwildes festzustellen. Es muss aber als wahrscheinlich angesehen werden, dass unser Probenumfang, vor allem in der Umgebung der Autobahn, zu gering ist, um gesicherte Aussagen über den Einfluss der Transportinfrastruktur zu treffen (siehe auch FRANTZ et al. 2012). Im Gegensatz dazu zeigen unsere Resultate eindeutig, dass es sich bei dem Rotwild auf dem Darß um eine genetisch separate Population handelt. Zusätzlich hat das Darßer Rotwild eine geringere Anzahl an Allelen als die Festlandpopulation, d. h. sie ist genetisch weniger divers. Beide Resultate belegen, dass kein freier Austausch zwischen der Insel und dem Festland besteht.

Es mag *a priori* vielleicht erstaunlich erscheinen, dass ein reduzierter Austausch zwischen dem Darß und dem Festland herrscht. Zu be-



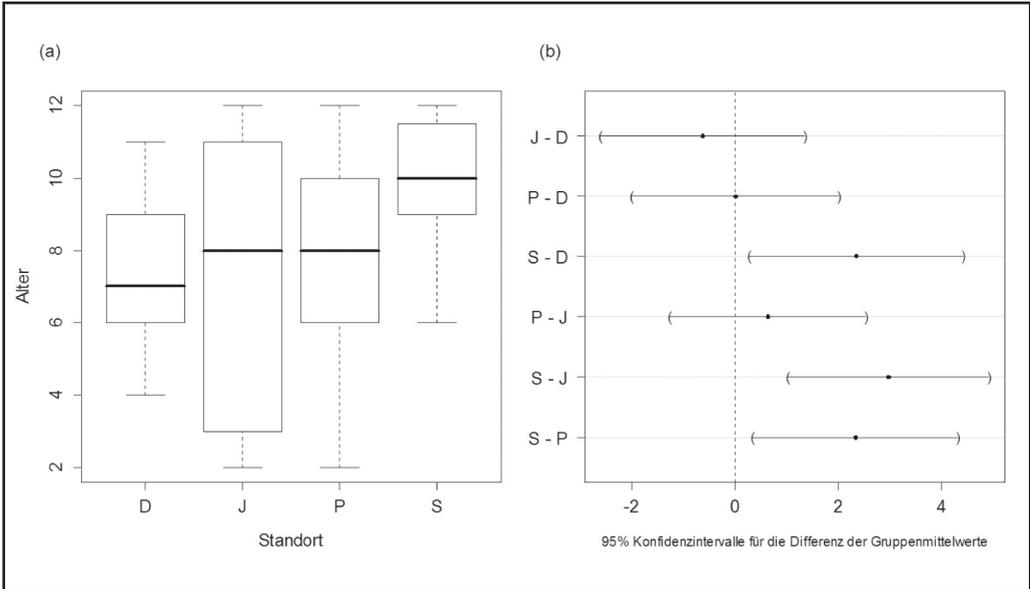


Abb. 3 Unterschiede bei der Altersverteilung der Geweihproben nach Studiengebiet (D: Darß, J=Jägerhof, P=Poggendorf, S=Schuenhagen) (a) Medianwerte nach Studiengebiet. Der Kasten des Box- und Whisker-Diagrammes gibt das 25. und 75. Perzentil an, die vertikalen gestrichelten Linien den Maximalwert. (b) Resultate des Turkey post-hoc Testes: Vergleiche zwischen Studiengebieten sind signifikant, wenn die 95 % Konfidenzintervalle für die Differenz der Mittelwerte der paarweisen Vergleiche null nicht mit einbeziehen.

Tabelle 1 Ergebnisse der ANCOVA: Effekt des Einstandsgebietes auf Geweihgewicht und Geweihenden bei Kontrolle für Alter. df= Freiheitsgrade, SS=Quadratsumme, MS=quadratischer Mittelwert

(a) Geweihgewicht					
Effekt	df	SS	MS	F-Wert	P-Wert
<i>Haupteffekt</i>					
Einstandsgebiet	3	79.04	26.35	24.54	<0.0001
<i>Kovariante</i>					
Alter	1	311.06	311.06	289.73	<0.0001
Residuen	98	105.22	1.07		
(b) Geweihenden					
Effekt	df	SS	MS	P Wert	P Wert
<i>Haupteffekt</i>					
Einstandsgebiet	3	105.90	35.30	5.16	0.0024
<i>Kovariante</i>					
Alter	1	355.70	355.70	52.03	<0.0001
Residuen	98	669.90	6.80		

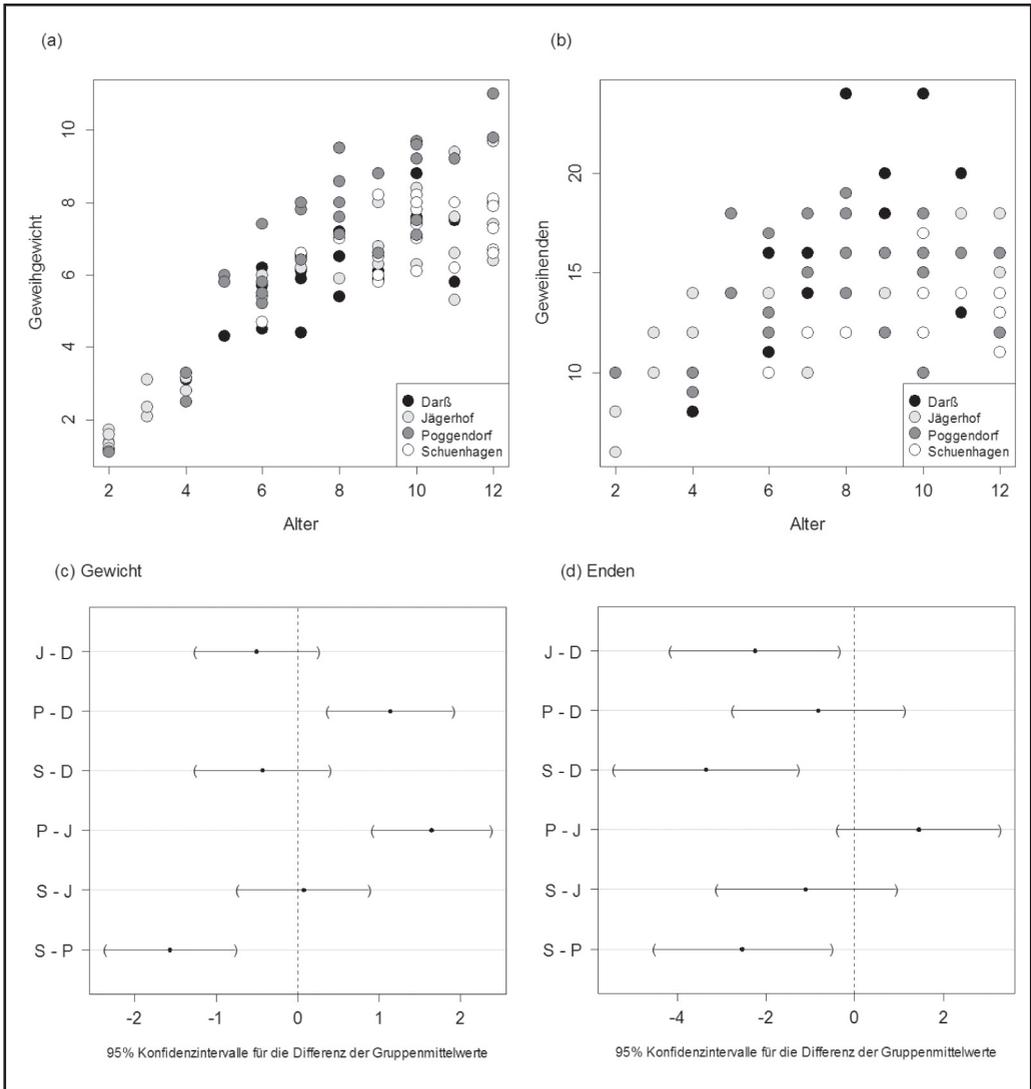


Abb. 4 Unterschiede zwischen den Studiengemeinden bei Trophäengewicht und Anzahl der Enden (a). Phänotypische Eigenschaften, getrennt nach Studiengemeinde und Alter. b) Resultate des Turkey post-hoc Testes: Vergleiche zwischen Studiengemeinden sind signifikant, wenn die 95 % Konfidenzintervalle für die Differenz der Mittelwerte der paarweisen Vergleiche null nicht mit einbeziehen (D: Darß, J=Jägerhof, P=Poggendorf, S=Schuenhagen).

achten ist, dass wir hier von *effektivem* Austausch ausgehen, d. h. um einen genetischen Austausch zu bewerkstelligen, müssten die abgewanderten Tiere es schaffen, sich auf dem Festland fortzupflanzen. In der Tat scheint es, dass das flache Küstengewässer (der sogenannte Bodden), der den Darß vom Festland trennt, keine Barriere für die Abwanderung beim

Rotwild darzustellen. Per Satellitentelemetrie konnte nachgewiesen werden, dass ein vierjähriger Hirsch während einer etwa dreimonatigen Periode circa 100-mal zwischen Bock (kleine Insel östlich der Fischland-Darß-Zingst Halbinsel) und Festland pendelte, um auf den Feldflächen des Festlandes zu äsen (TOTTEWITZ & NEUMANN 2012).

Die Resultate der Genetik weisen jedoch recht klar auf eine Strukturierung hin. Obwohl der Bodden keine unüberwindbare Barriere darstellt, muss er demnach den Austausch mit dem Festland dennoch signifikant reduzieren. Von den 13 Stücken, die von Tottewitz und Neumann während einer mehrjährigen Studie besendert und telemetriert wurden, überquerte nur eins den Bodden (TOTTEWITZ & NEUMANN 2010); und dies an einer Stelle, an der die Insel und das Festland relativ nahe beieinander liegen. Im Lichte der Resultate der genetischen Analyse ist demnach anzunehmen, dass ein erfolgreicher effektiver Austausch eher eine Ausnahme als die Regel darstellt.

Die Tatsache, dass das Rotwild auf dem Darß eine eigenständige genetische Population bildet, spiegelt sich nicht im Geweihphänotyp wider. KRUK et al. (2002) haben nachgewiesen, dass, obwohl Umweltbedingungen einen starken Einfluss haben, Geweihgewichte teilweise vererbbar sind (siehe auch LUDWIG 1995). Die Darßer Trophäen sind nicht signifikant schwerer, als jene aus zwei Forstämtern auf dem Festland (Jägerhof und Schuenhagen). Dass das Poggendorfer Rotwild signifikant schwerere Trophäen besitzt, ist wohl eher günstigeren Umweltbedingungen geschuldet. Obwohl die Darßer Geweihe signifikant mehr Enden haben, als die Trophäen aus den zwei Forstämtern, unterscheiden sie sich in diesem phänotypischen Merkmal nicht signifikant von Poggendorf (Abb. 4).

Die hier vorgestellten Ergebnisse sind eindeutig genetische Beweise dafür, dass das Rotwild auf dem Darß eine separate Population bildet und sich nur in reduzierter Weise mit dem Festland austauscht. Dies bedeutet für die Praxis, dass der Darß als eigenständige Population für das Rotwildmanagement zu betrachten ist (zum Thema Hege auf dem Darß siehe LUDWIG 1998).

Zusammenfassung

Die Lebensräume von Wildtieren wurden in den letzten Jahrzehnten immer stärker zerstückelt. Hauptursachen hierfür sind die Verdichtung des Verkehrsnetzes, die Ausdehnung der Wohn- und Industriegebiete, sowie die Intensivierung

der Landwirtschaft. Für viele Arten sind die Faktoren und Landschaftselemente, die die Vernetzung ihrer Populationen beeinflussen nur unzureichend bekannt. Ziel der vorliegenden Untersuchung war es, die Habitatvernetzung des Rotwildes (*Cervus elaphus*) in Vorpommern zu erforschen. Während der Jagdsaison 2011/2012 wurden von 157 Stücken Gewebeprobe gesammelt. Zusätzlich wurden 103 Trophäen und Abwurfstangen gewogen und vermessen, um phänotypische Unterschiede zwischen den Populationen nachweisen zu können. Unsere Resultate zeigen eindeutig, dass es sich bei dem Rotwild auf der Halbinsel Darß um eine genetisch separate Population handelt, d. h. dass kein freier Austausch zwischen der Halbinsel und dem Festland besteht. Der Fakt dass das Rotwild auf dem Darß eine eigenständige genetische Population bildet wird jedoch nicht im Geweihphänotyp widerspiegelt. Im Kontext des Rotwildmanagement ist der Darß als eigenständige Population zu betrachten.

Summary

The red deer on the Darß-Zingst peninsula (Western Pomerania) form a genetically distinct population

As a result of agricultural intensification as well as increasing density in urbanisation, transport infrastructure and industry, wildlife habitats have become increasingly fragmented over the past decades. Specific landscape features mediating connectivity are, however, unknown for many species. In the present study, we aimed to investigate habitat connectivity of red deer (*Cervus elaphus*) in Western Pomerania. We collected 157 tissue samples during the hunting season 2011/2012 and weighted and measured 103 antlers to look for phenotypic differences between study areas.

Our results provided clear evidence for the red deer on the Darß peninsula forming a genetically distinct population and, therefore, for a reduced exchange between the peninsula and the mainland. The antler phenotype of the Darß deer did not, however, differ significantly from the mainland populations. The red deer on Darß needs to be managed separately from the nearest mainland populations.

Danksagung

Wir wollen uns herzlich bei allen Personen bedanken, die bei der Probenakquise behilflich waren: Gernot Haffner, Ralf Oswald (Nationalpark Vorpommersche Boddenlandschaft), Andreas Baumgart, Bernd Helm (Forstamt Schuenhagen), Matthias Sandmann, Lothar Vogt (Forstamt Poggendorf), Fred Lockenvitz, Wilfried Sdunek (Forstamt Jägerhof), Bent Knoll (Stadtforst Greifswald), Wolfgang von Diest, Sebastian Erkel (Universitätsforst Greifswald), Peter Latendorf, Albrecht Heitesen. (Hegegemeinschaft Grimmen), Peter Krüger, Fredy Hafemeister (Hegegemeinschaft Schuenhagen-Franzburg), Klaus Gadow (Hegegemeinschaft Darß), Gerd Karrasch (Jagdmuseum Born), Kerstin Helm (priv. Forstverwaltung Gäthkenhagen), Albert Zielitz (Gut Alt Seehagen), Karl-H. Buse (AgrarBetrieb Triebohm). Wir hoffen, dass die hier vorgestellten Resultate hilfreich für die Praxis sind. Für die kritische Durchsicht des Manuskriptes danke ich M. Heddergott.

Literatur

- ANTROP, M. (2004): Landscape change and the urbanization process in Europe. – *Landscape Urban. Plan.* **67**: 9–26.
- BAGHLI, A.; MOES, M.; WALZBERG, C. (2007): Les corridors faunistiques du cerf (*Cervus elaphus* L.) au Luxembourg. – *Bull. Soc. Nat. luxemb.* **108**: 63–80.
- BOWNE, D.R.; BOWERS, M.A. (2004): Interpatch movements in spatially structured populations: a literature review. – *Landscape Ecol.* **19**: 1–20.
- DELLICOUR, S.; FRANTZ, A.C.; COLYN, M.; BERTOUILLE, S.; CHAUMONT, F.; FLAMAND M.C. (2011): Population structure and genetic diversity of red deer (*Cervus elaphus*) in forest fragments in north-western France. – *Conserv. Genet.* **12**: 1287–1297.
- EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. (2005): Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. – *Mol. Ecol.* **14**: 2611–2620.
- FRANTZ, A.C.; BERTOUILLE, S.; ELOY, M.C.; LICOPPE, A.; CHAUMONT, F.; FLAMAND, M.C. (2012): Comparative landscape genetic analyses show a Belgian motorway to be a gene flow barrier for red deer (*Cervus elaphus*), but not wild boars (*Sus scrofa*). – *Mol. Ecol.* **21**: 3445–3457.
- GRILLMAYER, R.; SCHACHT, H.; SCHNEIDER, W.; VÖLK, F.; WÖSS, M. (2002): Forschungsprojekt Wildökologische Korridore. – Universität für Bodenkultur, Wien.
- HARDY, O.; 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.
- HOLZGANG, O.; PFISTER, H.P.; HEYNEN, D.; BLANT, M.; RIGHETTI, A.; BERTHOUD, G.; MARCHESI, P.; MADDALENA, T.; MÜRI, H.; WENDELSPIESS, M.; DÄNDLIKER, G.; MOLLET, P.; BORNHAUSER-SIEBE U. (2001): Les corridors faunistiques en Suisse. Cahier de l'environnement 326, Office fédéral de l'environnement, des forêts et du paysage (OFEFP). – Société suisse de biologie de la faune (SSBF) & Station ornithologique suisse de Sempach, Bern.
- HOTHORN, T.; BRETZ, F.; WESTFALL, P.; HEIBERGER, R.M. (2008): multcomp: simultaneous inference for general linear hypotheses. – URL <http://CRAN.R-project.org>.
- IHAKA, R.; GENTLEMAN, R. (1996) R: A language for data analysis and graphics. – *J. Comput. Graph. Stat.* **5**: 299–314.
- JONGMAN, R.H.G. (2002): Homogenisation and fragmentation of the European landscape: ecological consequences and solutions. – *Landscape Urban. Plan.* **58**: 211–221.
- ZACHOS, F.E.; ALTHOFF, C.; STEYNITZ, Y.V.; ECKERT, I.; HARTL, G.B. (2007): Genetic analysis of an isolated red deer (*Cervus elaphus*) population showing signs of inbreeding depression. – *Eur. J. Wildl. Res.* **53**: 61–67.
- JOHNSON, A.R.; ALLEN, C.R.; SIMPSON, A.N. (2004): Estimating functional connectivity of wildlife habitat and its relevance to ecological risk assessment. – In: *Landscape Ecology and Wildlife Habitat Evaluation: Critical Information for Ecological Risk Assessment, Land-Use Management Activities, and Biodiversity Enhancement Practices*. KAPUSTKA, L.; GALBRAITH, H.; LUXON, M.; BIDDINGER, G.R. (Eds.).
- WEST CONSHOCKEN, PA: ASTM International.
- KINZER A.; KOOP, K.; Frhr. v. MÜNCHHAUSEN, H. (2010): Die Rotwildverbreitung in Deutschland. *AFZ – Der Wald*, **5**: 32–34.
- KRUK, L.E.B.; SLATE, J.; PEMBERTON, J.M.; BROTHSTONE, S.; GUINNESS, F.; CLUTTON-BROCK, T. (2002): Antler size in red deer: heritability and selection but no evolution. *Evolution* **65**: 1683–1695.
- LUDWIG, J. (1995): Wie erblich sind die Dimensionen beim Rothirschgeweih? – *Beitr. Jagd- u. Wildforsch.* **20**: 33–39.
- LUDWIG, J. (1998): 100 Jahre „Hege mit der Büchse“ auf dem Darß. – *Beitr. Jagd- u. Wildforsch.* **23**: 65–73.
- MILLER, S.A.; DYKES, D.D.; POLESKY, H.F. (1988): A simple salting-out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. – *Nucl. Acids Res.* **16**: 1215.
- PÉREZ-ESPONA, S.; PÉREZ-BARBERÍA, F.J.; MCLEOD, J.; GORDON, I.J.; JIGGINS, C.D.; PEMBERTON, J.M. (2008): Landscape features affect gene flow of Scottish Highland red deer (*Cervus elaphus*). – *Mol. Ecol.* **17**: 981–996.
- PRITCHARD, J.K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. – *Genetics* **155**: 945–959.
- RAYMOND, M.; ROUSSET, F. (1995): GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. – *J. Hered.* **86**: 248–249.
- ROERING, H.W. (2004): Study on Forestry in Germany. – Federal Research Centre for Forestry and Forestry Products, Hamburg.

- TOTTEWITZ, F.; NEUMANN, M. (2010): Untersuchungen zur Lebensraumnutzung des Rotwildes (*Cervus elaphus* L.) auf der Halbinsel Darß/Zingst im Nationalpark Vorpommersche Boddenlandschaft durch GPS-Satelliten-Telemetrie. – Beitr. Jagd- u. Wildforsch. **35**: 15–32.
- TOTTEWITZ, F.; NEUMANN, M. (2012) Was die Darß-Hirsche uns erzählen: Erstaunliche Ergebnisse offenbart. – Wald & Wild **8**: 1–4.
- VERHOEVEN, K.J.F.; SIMONSEN, K.L.; MCINTYRE, L.M. (2005): Implementing false discovery rate control: increasing your power. – *Oikos* **108**: 643–647.
- WEIR, B.S.; COCKERHAM, C.C. (1984): Estimating F -statistics for the analysis of population structure. – *Evolution* **38**: 1358–1370.

Anschriften der Verfasser:

Dr. ALAIN FRANTZ
Musée National d'Histoire Naturelle,
Luxembourg
25, rue Münster
L-2160 Luxembourg
E-Mail: Alain.FRANTZ@mnhn.lu

Dr. JOACHIM LUDWIG
Hans-Beimler-Straße 13
D-17491 Greifswald

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

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

Jahr/Year: 2015

Band/Volume: [40](#)

Autor(en)/Author(s): Frantz Alain C., Ludwig Joachim

Artikel/Article: [Das Rotwild auf der Halbinsel Darß-Zingst \(Mecklenburg-Vorpommern\) bildet eine eigenständige genetische Population 165-174](#)