

MAIK JÄHRIG, Zarrentin am Schaalsee

Der Biber – Revierkartierung und Unterartenverteilung in der Oberlausitz

Schlagworte/key words: Revierkartierung, *Castor fiber albicus*, *Castor fiber vistulanus*, Unterartenverteilung in der Oberlausitz, Hybridisierungszone

1. Einleitung

1.1 Taxonomie und genetische Diversität

Derzeit gehören zwei rezente Arten zur Familie der Biber (Castoridae), die sich in die Ordnung der Nagetiere (Rodentia) einordnen: der kanadische Biber, *Castor canadensis* KUHL, 1820 (*C. canadensis*) und der eurasische Biber, *Castor fiber* LINNÉ, 1758 (*C. fiber*). Die ursprüngliche Verbreitung in Nordamerika und Eurasien spiegelt sich in den Trivialnamen wider. Kanadische Biber wurden jedoch in einigen Ländern Europas wie Finnland (ERMALA et al., 1989; LATHI & HELMINEN, 1974; LATHI et al., 1997), Polen (DJOSHKIN & SAFONOW, 1972) und Österreich (SIEBER, 1989) angesiedelt (Abbildung 1).

In Eurasien teilt sich *C. fiber* in zwei geschlossene Abstammungsgemeinschaften, die zur Bildung einer westlichen und östlichen *evolutionary significant unit* (ESU) führen (JANESZEWSKI, 2014). Dabei handelt es sich um ein qualitatives Kriterium, welches historisch voneinander isolierte Gruppen einer Population beschreibt. Die Einteilung in die unterschiedlichen ESU basiert auf der Verteilung von Allelen in der mitochondrialen DNA (mtDNA) (MORITZ, 1994). Laut DURKA (2005) enthält die westliche ESU die Reliktpopulationen aus Deutschland (*C. f. albicus* MATCHIE, 1907), Frankreich (*C. f. galliae* GEOFFROY, 1803) und Norwegen (*C. f. fiber* LINNÉ, 1758). Die Unterarten der

östlichen ESU stammen aus China sowie der Mongolei (*C. f. birulai* SEREBRENNIKOV, 1929), Westsibirien (*C. f. tuvinicus* LAVROV, 1969), Zentralsibirien (*C. f. pholei* SEREBRENNIKOV, 1929), Russland (*C. f. orientoeuropaeus* LAVROV, 1981, Zuchtfarm aus Woronesch) und Weißrussland (*C. f. belorussicus* LAVROV, 1981). Die Taxonomie und Systematik der beiden Reliktpopulationen des osteuropäischen Bibers ist nicht geklärt, da drei Namen (*C. f. belorussicus*, *C. f. orientoeuropaeus* und *C. f. vistulanus* MATSCHIE, 1907) für ein potentiell Taxa zur Verfügung stehen. GABRYS & WAZNA (2003) empfehlen hierbei das Taxon *C. f. vistulanus*. Die vorübergehende Kontaktzone zwischen westlicher und östlicher ESU wird in Polen vermutet (FROSCH et al., 2014; SENN et al., 2014).

Die phylogenetische Separation der westlichen und östlichen ESU fand vor 210.000 Jahren statt (HORN et al., 2011). Die heute existierenden mitochondrialen Unterschiede zwischen den Reliktpopulationen einer ESU und den daraus abgeleiteten Unterarten sind auf anthropogenen Ursprung zurückzuführen, der durch den bis heute andauernden genetischen Flaschenhals verursacht wird (FROSCH et al., 2014). Alle Reliktpopulationen waren für Jahrhunderte demografisch unabhängig und entwickelten eine genetisch limitierte Variabilität (AVISE, 2012). Zusätzlich unterlagen diese kleinen Populationen einem Gendrift-Effekt und erlitten einen Verlust der Heterozygotie durch In-

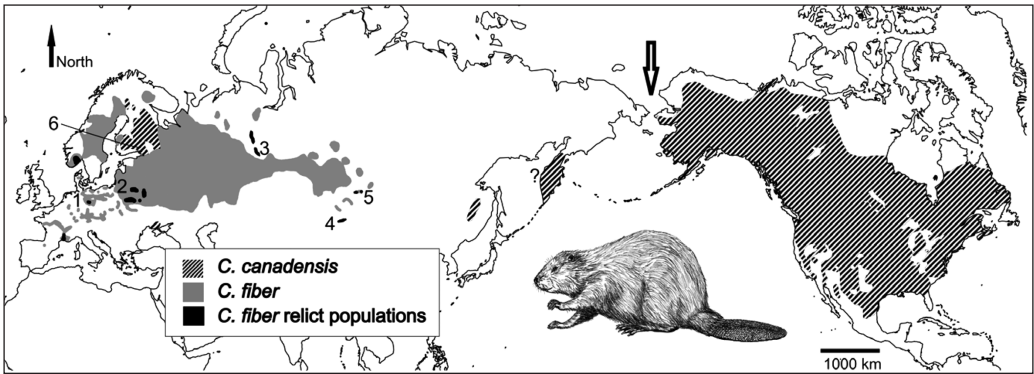


Abb. 1: Übersicht zur weltweiten Verbreitung des kanadischen (*C. canadensis*) und eurasischen Bibers (*C. fiber*) sowie dessen Reliktpopulationen (relict populations). graue Flächen = *C. fiber*, gestreifte Flächen = *C. canadensis*, schwarze Flächen = Reliktpopulationen des Bibers, Pfeil = Verbindungsstück einer möglichen Migration des Bibers zwischen dem eurasischen und amerikanischen Kontinenten (Abbildung aus HORN et al., 2011).

zucht (AVISE & MORITZ, 1994). Der Verlust von Allelen während diesem Prozess ist speziell in kleinen Populationen mit limitierter genetischer Variabilität sehr hoch. Zahlreiche Studien zeigen eine geringe genetische Varianz in *C. fiber* (ELLEGREN et al., 1993; KOHLER et al., 2000; MILISHNIKOV et al., 1994; MILISHNIKOV & SASELÉV, 2001; MILISHNIKOV et al., 1997). Um den Genpool der Reliktpopulationen aufzufrischen und ehemalige vom Biber besiedelte Gebiete wieder zu besetzen, wurden seit 1960 weiterführende Wiederansiedlungsprogramme in zentraleuropäischen Ländern implementiert (DEWAS et al., 2012; ZAHNER et al., 2005). Die natürliche Ausbreitung und vor allem die anthropogene Translokation von Biberpopulationen unterbricht demzufolge die historische und geographische Separation der westlichen und östlichen Linie. Daher konnten bereits westliche Haplotypen in östlichen Regionen wie Kirov und Woronesch nachgewiesen werden (DURKA et al., 2005).

1.2 Historische Populationsentwicklung in der Oberlausitz

Zur historischen Besiedlung des Bibers in Ostsachsen ist nur sehr wenig bekannt. Die damalige Verbreitung wird eher durch die bis ins 18. Jahrhundert andauernde Bejagung belegt, als das sie in wissenschaftlichen Dokumenten er-

halten blieb (ZIMMERMANN, 1922). Das letzte Vorkommen erlosch zwischen 1780 und 1789 durch einen Lebendfang und der anschließenden Präparation bei Deutsch-Ossig an der Lausitzer Neiße (FECHNER, 1851; zitiert in HERTWECK & HIEKE, 1999). Laut HERTWECK & BENA (2001) war der Biber in der Oberlausitz gegen Ende des 18. Jahrhunderts ausgestorben, wohingegen im polnischen Nachbarland bis 1842 Bibervorkommen in der Finow, einem Unterlauf der Oder, zu nennen sind (HOFFMANN, 1967). 1975 gelang es dann den ersten Bibernachweis in Ostsachsen aus dem Kreis Kamenz zu beschreiben und die natürliche Wiederbesiedlung des eurasischen Bibers aus dem Elbssystem über die Schwarze Elster und die Pulsnitz, nach 190 Jahren ohne Biber, wieder einzuleiten (KUBASCH, 1981). In den folgenden Jahren fand eine Expansion des Elbbibers in die Königsbrücker Heide und das Grüngärchen statt (ZINKE, 1999). Die seit 1948 andauernden Wiederansiedlungsprojekte in Polen galten der Aufstockung des Bestandes des Ostbibers. 1999 bewies dann die erste frische Fraßspur nördlich von Görlitz die Rückkehr des Bibers an die Lausitzer Neiße (HERTWECK & HIEKE, 1999). Es bestehen zwei Theorien dazu, einerseits der unkontrollierten Einsetzung von Bibern aus Polen und andererseits einer Abwanderung aus dem Mündungsgebiet der Neiße in die Oder, in dem seit dem Jahr 2000

Bibervorkommen bekannt sind (HERTWECK & BENA, 2001). Weiterhin ist zu erwähnen, dass der Biber seit 2000 die Spree bei Fürstenwalde erreicht hat und die Wiederbesiedlung dieses letzten großen Flusssystemes begann (DOLCH et al., 2002). Drei Jahre darauf bewiesen erste Fraßspuren bei Spremberg die Anwesenheit des Bibers an der Spree (PANNACH, 2004). 2010 erreichte er schlussendlich den Schwarzen Schöps östlich von Boxberg und hat die Besiedlung der Oberlausitzer Einzugsgebiete der Spree eingeleitet (PANNACH, 2011).

1.3 Anliegen der Arbeit

Mit dieser Studie sollte, neben der Populationsgrößenbestimmung, die Hypothese einer natürlichen Besiedlung Ost Sachsens aus zwei geographischen Richtungen überprüft werden. (i) Zum einen erfolgte die Ausbreitung des Elbebibers (*C.f. albicus*) aus dem Nordwesten Brandenburgs, über die Wasserstraßen Spree, Schwarze Elster und der Pulsnitz sowie über den nördlichen Zufluss der Oder (KETTMANN, 1960; JORGA, 1977, 1979; DOLCH et al., 2002). Jüngste genetische Untersuchungen unterstützen diese Annahme und zeigen im Grenzgebiet zwischen Brandenburg und Sachsen eine Elbebiber-Besiedlung der Schwarzen Elster (FROSCH et al., 2014). (ii) Eine zweite Besiedlungsfrente erschließt sich aus den Nachbarländern Polen und Tschechien und erfolgte durch den osteuropäischen Biber (*C.f. vistulanus*) direkt über die Neiße oder dessen Zuflüsse. Die hydrographischen Verhältnisse im Süden des Untersuchungsgebietes und das Mittelgebirge als natürliche Ausbreitungsbarriere, sprechen gegen eine Besiedlung aus südlicher Richtung (HERTWECK & BENA, 2001). Die Hybridisierungszone zwischen *C.f. albicus* und *C.f. vistulanus* würde sich demnach an der Spree, der Neiße oder in dem von diesen Flüssen umrahmten Gebiet befinden.

2. Material und Methoden

2.1 Untersuchungsgebiet

Das Untersuchungsgebiet befindet sich nach HEINRICH & HERGT (1990) im nemoralen Zonobiom mit typisch gemäßigtem Klima und kurzer

Winterkälte (ozeanische und Übergangswaldklima). Es ist in Ost Sachsen, Deutschland, lokalisiert und wird von den Flüssen Spree (Westen) sowie Lausitzer Neiße (Osten) umschlossen (Abbildung 2).

Die Eckpunkte der Grenze nach Süden belaufen sich auf die Talsperre Bautzen (51,214° N, 14,471° O) und Ludwigsdorf (51,177° N, 15,005° O). Die Grenze nach Norden liegt zwischen Neustadt/Spree (51,480° N, 14,460° O) und Steinbach (51,420° N, 14,966° O). Die Zeiträume der Kartierung beliefen sich auf Oktober 2015 bis Januar 2016 an der Spree sowie November 2015 bis Januar 2016 an der Lausitzer Neiße.

2.2 Revier- und Bestandbestimmung

Die Revierbestimmung erfolgt nach SCHWAB & SCHMIDBAUER (2001), unter Verwendung des geografischen Informationssystems (QGIS, 2.10.1 Pisa). Einfließende Faktoren zur Feststellung eines Reviers sind frische Fraßspuren und Bibergeil (BG). Die Grundeinheit zur Konstruktion eines Reviers bildet das durch Fraßspuren auftretende Aktivitätszentrum (AZ). Beieinander liegende AZ (wenige Meter) fusionieren zu einem Revier. Die Revier-Markierung des Bibers mit BG unterstützt im Gegenzug die Abgrenzung von beieinander liegenden AZ. Anhand der in den ermittelten Revieren auftretenden Spuren kann die Art des Reviers bestimmt und in zwei Kategorien eingeteilt werden: Einzel/Paar- (1,5 Biber/Revier) oder Familienrevier (5 Biber/Revier).

2.3 Probengewinnung durch Haarfallen (HF)

Die Gewinnung von DNA-Molekülen kann sowohl invasiv als auch nicht-invasiv erfolgen (FROSCH et al., 2014). In der invasiven Gewinnung dienen Gewebeproben aus Muskeln oder Organen als Ausgangsmaterial für die DNA-Extraktion. Diese Proben stammen ausschließlich von Totfunden. Zusätzlich zu den Gewebeproben sind Knochen sowie Zähne als Ausgangsmaterial zur DNA-Gewinnung geeignet (HORN et al., 2014). Die nicht-invasive Probengewinnung erfolgt über Haarfallen (HF). Das Ausgangsmaterial zur DNA-Gewinnung ist

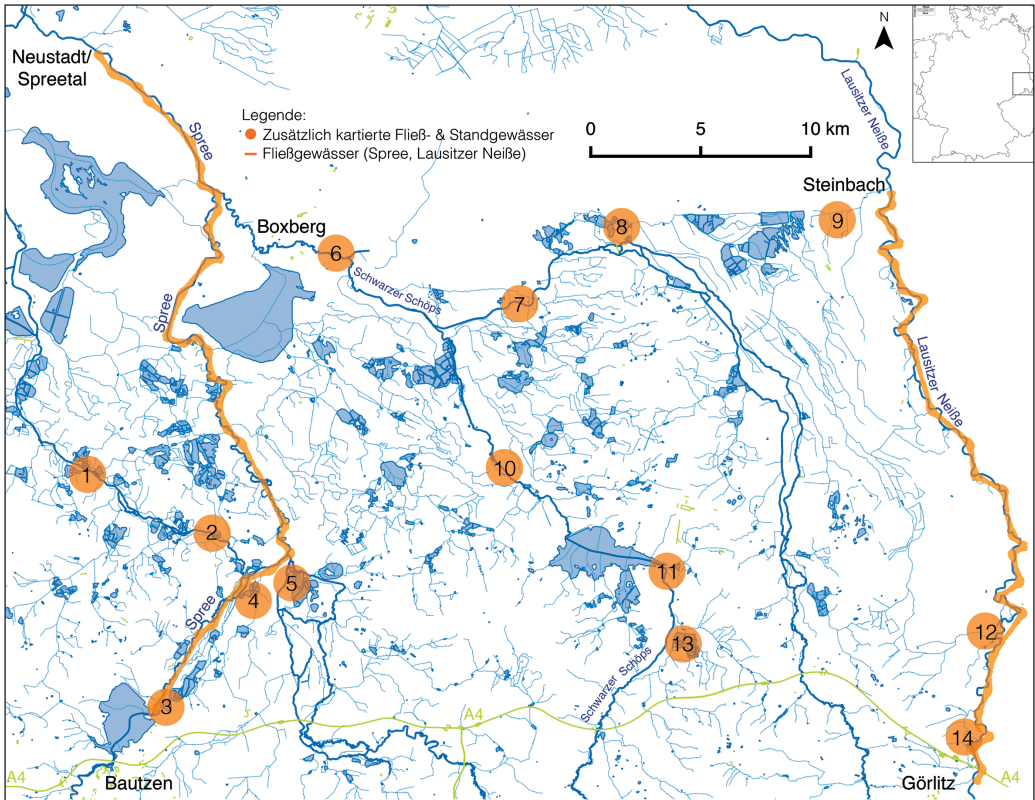


Abb. 2: Untersuchungsgebiet in Ostsachsen, Deutschland.

Kartierte Gewässersysteme sind orange illustriert.

Linien (orange) = Hauptflüsse (Spree & Lausitzer Neiße), Kreise (orange) = zusätzlich kartierte Fließ- und Standgewässer;

1 & 2 = Kleine Spree, 3 = Teichgruppe Niedergurig, 4 = Pschidockengraben, 5 = Löbauer Wasser, 6 = Schwarzer Schöps, 7 = Weißer Schöps, 8 = Unterer/Ober Oberteich, 9 = Haupt/Welschgraben, 10 = Schwarzer Schöps, 11 = Talsperre Quitsdorf, 12 = Altarm Zodel, 13 = Ullersdorfer Teiche, 14 = Mühlgraben.

das Biberhaar (Haarwurzel). Die zum Einsatz kommenden HF bestehen aus zwei angespitzten Holzpflocken (60 cm), welche an den oberen Enden durch einen 100 cm langen Stacheldraht verbunden werden. Im Feld werden die Pflöcke bis zu einer Tiefe von 40 cm auf beiden Seiten eines aktiven Biberwechsels eingeschlagen (HERR & SCHLEY, 2009). Der Draht wird ausreichend flexibel gespannt, um die Haut der Tiere nicht zu verletzen. Es wurden insgesamt 26 HF an ausgewählten Standorten aktiven Biberwechsels an der Lausitzer Neiße (n=12) und Spree (n=14) aufgestellt. Die Probenahme erfolgte über den Zeitraum vom Januar bis Februar 2016.

2.4 Mitochondriale DNA-Amplifikation und Analyse

Die Bestimmung der Haplotypen erfolgte auf der 487 bis 489 Basenpaar (bp) großen, sogenannten Kontroll-Region (CR, *control region*) der mtDNA des Tieres (SENN et al., 2014). Hierbei wurde ein Teil der hypervariablen Domäne, die sich auf der CR befindet, mit den Oligonukleotid-Primern 1F und 6R sequenziert (HORN et al., 2011). Die PCR fand in einem finalen Volumen von 15 µl statt und enthielt 9,9 Units Taq-DNA-Polymerase, 1,5 µl 10-fach Taq-DNA-Polymerase Puffer, 3 mM MgCl₂,

0,5 µM vom Vorwärts -und Rückwärtsprimer, 0,2 mM dNTPs und 0,1 µg/µl Rinderserum-Albumin (BSA). Die Reaktion lief im Thermocycler mit folgenden Konditionen: 3 Minuten bei 95 °C, 36 PCR Zyklen (30 s bei 94 °C, 30 s bei 54 °C, 60 s bei 72 °C) und 10 Minuten bei 72 °C. Die Sequenzierung der PCR-Produkte erfolgte extern im Senckenberg-Forschungszentrum für Biodiversität und Klima (BiK-F, Frankfurt a. M.) in einem „3.730 DNA Analyzer“ (Applied Biosystems). Die so erhaltenen DNA-Sequenzen dienten der Unterarten-Bestimmung, unter Verwendung von Referenz-Sequenzen aus der GenBank (NCBI).

3. Ergebnisse

3.1 Revierermittlung Spree

Die Spree besitzt 20 Aktivitätszentren. Der Median für die Länge aller Aktivitätszentren liegt bei 452,5 m. Die Spree verfügt über zwölf Reviere. Die Spree wird durch fünf Einzel/Paar- und sieben Familienreviere besetzt, was zu einer Bestandsgröße von 43 Bibern im Untersuchungsgebiet an der Spree führt. Auf der untersuchten Flussstrecke (49 km) kann von 0,9 Bibern auf einem Kilometer ausgegangen werden.

3.2 Revierermittlung Lausitzer Neiße

Die Neiße besitzt, mit einem Median von 773,5 m, 36 Aktivitätszentren. Drei Einzel/Paarreviere (RN12, RN14, RN17) und 15 Familienreviere lassen auf eine Bestandsgröße von 80 Bibern im Untersuchungsgebiet schließen (18 Reviere). An der Neiße (59 km) kann somit von 1,4 Bibern auf einem Flusskilometer ausgegangen werden.

3.3 Nahrungspräferenz während der Wintermonate

Zur Bestimmung der präferierten Nahrung des Bibers während des Jahreswechsels 2015/2016 erfolgte neben der allgemeinen Erfassung der Fraßspuren gleichzeitig die Bestimmung der vom Biber selektierten Baumart. Die Traubenkirsche (*Prunus spec.* 26 %), gefolgt von der Weide (*Salix spec.*, 22 %), Stieleiche (*Quercus*

robur, 17 %), Aspe (*Populus tremula*, 16 %) und der Winterlinde (*Tilia cordata*, 11 %), ist die am häufigsten präferierte Baumart an der Spree.

An der Lausitzer Neiße ist die Weide (*Salix spec.*) die überwiegend bevorzugte Baumart des Bibers. Sie macht, zusammengefasst aus den Anteilen *Salix spec.* (Baum) und *Salix spec.* (Strauch) über die Hälfte aus. An zweiter Stelle steht die Traubenkirsche (*Prunus spec.*) mit 10 % und die Aspe (*Populus tremula*) mit 12 %.

3.4 Haplotyp-Bestimmung an der Spree

Von 27 Haarproben wurden 24 (89 %) als *C. fiber* identifiziert; zwei konnten keiner Tierspezies zugeordnet werden. Für alle 24 Proben reichte die Sequenzqualität zur Bestimmung des Haplotypen aus – an der Spree kommt demnach ausschließlich *C.f. orientoeuropaeus* vor.

3.5 Haplotyp-Bestimmung an der Lausitzer Neiße

Aus 76 gewonnenen Proben konnten 66 (87 %) als *C. fiber* identifiziert werden. Für drei Proben reichte die Sequenzqualität zur Haplotyp-Bestimmung nicht aus. An der Neiße kommen demnach *C.f. orientoeuropaeus* (n=41) sowie *C.f. belorussicus* (n=21) vor.

4. Diskussion

4.1 Biberbestand der Oberlausitz

Der überwiegende Teil des Untersuchungsgebietes war bis 2009 einschließlich der Spree unbesiedelt und zeigte lediglich an der Neiße vereinzelter Biberaufkommen (MEYER, 2009). Die wahrscheinlich durch natürliche Immigration eingeleitete Besiedlung der Lausitzer Neiße (HERTWECK & HIEKE, 1999) bewirkt seit 1999 eine andauernde Verbreitung des Bibers und deutet heute auf eine nahezu lückenlose Besiedlung des Grenzflusses zwischen Görlitz und Steinbach hin (Abbildung 3). Die eingeleitete Besiedlung der Spree in Ostsachsen fand 2010 bei Boxberg statt (PANNACH, 2011). Im Einzugsgebiet der Spree zeigt sich, durch die aktuell ermittelten Aktivitätszeichen, eine progressive Arealerweiterung des Bibers. Dieses

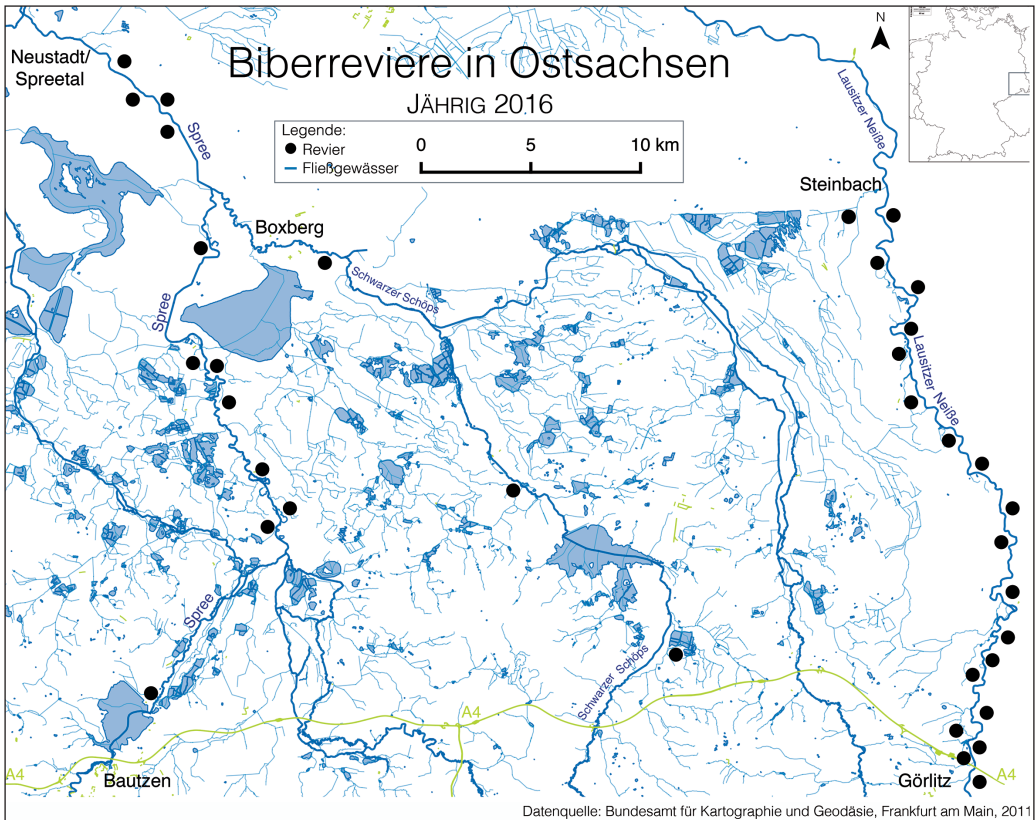


Abb. 3: Übersicht zu den in Ostsachsen bestimmten Revieren 2015/16.

Der Biberbestand an der Lausitzer Neiße ist fast doppelt so groß wie an der Spree.

Gefüllte Kreise = bestimmte Reviere, blaue Linien, Flächen = Wasserstraßen, Standgewässern, gelbe Linie = Autobahn A4.).

Kartendaten © Bundesamt für Kartographie und Geodäsie, Frankfurt am Main, 2011; Geofabrik GmbH und OpenStreetMap-Mitwirkende, 2015

Verhältnis spiegelt sich im Biberbestand wider (Abbildung 3).

Der Bestand an der Neiße ist derzeit fast doppelt so groß (80), wie an der Spree (43). Dies könnte auf die angenommene Verteilung der Unterarten an Spree (*C.f. albicus*) und Neiße (*C.f. vistulanus*) zurückzuführen sein. Die geringen Anwesenheitszeichen stützen zu Beginn dieser Studie die Besiedlungshypothese, dass *C.f. albicus* die Spree über Brandenburg nach Ostsachsen besiedelt hat (MEYER, 2009). Diese Vermutung ist jedoch durch die Freilandkartierung nicht zu beantworten und wird im zweiten Teil dieser Arbeit (4.3 Haplotyp-Verteilung in der Oberlau-

sitz) nochmals aufgegriffen. Der an der Spree vermutete Elbebiber könnte sich aufgrund von Inzuchtdepressionen langsamer ausbreiten.

4.2 Stadien der Bestandsentwicklung

An der Lausitzer Neiße besteht die Möglichkeit eines anlaufenden Verdichtungsprozesses von Revieren in bereits besiedelten Gebieten. Denn nach JOHN et al. (2010) geht die Besiedlung von optimalen Gebieten, einer Besiedlung suboptimaler Gebiete voraus. Dies bedeutet, dass bereits alle attraktiven Habitate zwischen Görlitz und Steinbach seit 1999 besetzt sein könnten

und das Schließen der Lücken von suboptimalen Gebieten durch Neubesiedlung eingesetzt hat. Zusätzlich sind Biber stark anpassungsfähig und besiedeln sogar suboptimale Habitate, wie Großstädte (HUNDRIESER et al., 1995) oder schmale Gräben (ULEVICIUS et al., 2011).

Ein weiterer wichtiger Punkt, der das unterschiedlich hohe Aufkommen des Bibers an Spree und Neiße begründen könnte, ist der unabhängige Bewertungsfaktor zur Bestimmung der Nahrungsverfügbarkeit des Bibers. Im kompletten Untersuchungsgebiet der Spree zeigen nur 1,2 % der Abschnitte eine optimale Verfügbarkeit an regenerationsfähiger Winternahrung, die im Ufersaum überwiegend Weide und Pappel und mindestens 50 % Strauchweidendeckung voraussetzt. Über die Hälfte der Abschnitte (61,7 %) weisen eine pessimale Verfügbarkeit an regenerationsfähiger Winternahrung auf. Demzufolge sind Weichholzer im Ufersaum der Spree nur spärlich vorhanden oder fehlen völlig. Dies spiegelt sich ebenfalls in dem vom Biber als Nahrung dienenden Gehölzen wider. An der Spree liegt überwiegend die Traubenkirsche (*Prunus spec.*) als Nahrungsressource an erste Stelle, gefolgt von Aspen (*Populus tremula*), Winterlinden (*Tilia cordata*), Weiden (*Salix spec.*) und Stieleichen (*Quercus robur*). Demzufolge kann der Biber an der Spree nicht seine präferierte Winternahrung nutzen und schaltet auf andere Baumarten um. Dieses Umschalten weist zwar auf seine hohe Anpassungsfähigkeit hin, zeigt jedoch auch, dass eine Expansion nur progressiv möglich sein könnte. Dem gegenüber steht die Neiße. Mit 10,2 % besitzt die Neiße, im direkten Vergleich zur Spree, fast das Zehnfache an optimaler Nahrungsverfügbarkeit. Der Schwerpunkt liegt hier in den Kategorien ausreichend gut (44,9 %) und pessimal (44,9 %). Fast 50 % des Ufersaums der Neiße zeigen derzeit eine Hartholzbestockung mit mindestens 25 % Weide- und Pappelbestand. Genau diese unabhängige Bewertung der Neiße reflektiert die vom Biber selektierten Baumarten. An erster Stelle stehen Weiden (*Salix spec.*) und Aspen (*Populus tremula*). Die Traubenkirsche (*Prunus spec.*) ist hier die dritthäufigste Baumart. Der Biber kann an der Neiße seine präferierte Nahrung nutzen, da sie in ausreichender Menge zur Verfügung steht.

Zwei Theorien, die separat betrachtet werden können oder ineinander verzahnt sind, können

den unterschiedlichen Biberbestand der unterschiedlich stark besiedelten Flüsse erklären. (i) Zum Besiedlungszeitpunkt wies die Neiße von Grund auf bessere Habitatvoraussetzungen als die Spree auf. (ii) Die Neiße wies ebenfalls eine pessimale Verfügbarkeit der Winternahrung auf, wurde jedoch durch die 17 Jahre andauernde Anwesenheit des Bibers soweit modifiziert, dass sie jetzt zu mindestens 25 % mit Weiden und Pappeln bestockt ist.

Aspen sind des Bibers präferierte Nahrung und es wird zum Erreichen dieser Baumart, sogar eine Entfernung von bis zu 240 m von ihm zurückgelegt (NORTHCOTT, 1971; MILLER, 1960). Einst vom Biber gefällte Aspen treiben mit zahlreichen Wurzelsprosslingen wieder aus und werden in den folgenden Jahren vom Biber nicht gefressen (JONES et al., 2009). Das Meiden dieser Sprosslinge geht auf die vermehrte Produktion von Sekundärstoffen (Phenolharze) im Pflanzengewebe zurück, welche von der Pflanze als Reaktion auf das Fällen initiiert wird (KARBAN & MYERS, 1989; GILL, 1992b). Die vegetative Reproduktion ist sowohl bei Pappeln als auch bei Weiden sehr erfolgreich. Weiden schlagen an gefällten Stämmen (FULLER & WARREN, 1993) und abgetrennten Ästen (EDLIN, 1958) wieder aus. Somit leistet der Biber einen wichtigen Beitrag zur Verbreitung dieser Baumart. Dies gilt ebenfalls für in Dämmen verwendete Weidenäste und Nahrungsflöße (JONES et al., 2009). Gleichzeitig zeigt die Studie von JONES et al. (2009), dass neubesiedelte Gebiete am Anfang einer stark selektiven Beweidung von Weichhölzern unterliegen und diese Standorte in den Folgejahren unter konstanter Nutzung aufgesucht werden, wodurch sich das Fällen von anderen Laubbaumarten am Ufer limitiert. Demzufolge könnte sich eine durch den Biber initiierte Verbreitung von Weiden und Pappeln sukzessiv eingestellt haben. Der Faktor Zeit mag demzufolge die ausschlaggebende Ursache für die unterschiedlich stark besiedelten Flüsse sein. Die Spree befindet sich vermutlich erst im Stadium der optimalen Habitatbesetzung, wohingegen an der Neiße eine Bestandsverdichtung stattfindet. Somit könnte, neben der Hypothese der Unterartenverteilung, zusätzlich die Besiedlungshistorie in Ostsachsen zu diesem Unterschied führen.

4.3 Haplotyp-Verteilung in der Oberlausitz

Die aufgestellte Hypothese zur Verbreitung der Haplotypen des Bibers in Ostsachsen und die damit in Verbindung gebrachte Hybridisierungszone wurde nicht bestätigt. Weder an der Spree noch an der Lausitzer Neiße konnte der Elbebiber (*C.f. albicus*) aus den insgesamt 91 untersuchten Proben ermittelt werden.

Erstaunlicherweise zeigte die Spree ausschließlich die Haplotypen *C.f. orientoeuropaeus* (n = 24). Bezüglich dieser Region war anzunehmen, dass die seit dem Jahr 2000 mit dem Elbebiber andauernde Besiedlung der Spree bei Fürstenwalde (DOLCH et al., 2002) und den darauffolgenden Beweisen aus Spremberg (PANNACH, 2004) erste Nachweise dieser Haplotypen flussaufwärts in Ostsachsen liefert. Im Osten des Untersuchungsgebietes trat eine Zweiteilung der Besiedlung auf. Zum einen wurde die Neiße im Norden von *C.f. orientoeuropaeus* und zum anderen von *C.f. belorussicus* besiedelt. *C.f. belorussicus* konnte nur in einem 300 m langen Abschnitt nördlich von Görlitz bestimmt werden. Interessanterweise war die Verbreitung dieser Haplotypen nur an diesem Ort lokalisiert. Mit Berücksichtigung der Empfehlung zur taxonomischen Benennung laut GABRYS & WAZNA (2003), demnach wurde im Untersuchungsgebiet nur der Haplotyp *C.f. vistulanus* nachgewiesen.

Das Verbindungsstück zwischen Spree und Neiße, welches auch als Ausbreitungsweg von *C.f. vistulanus* an die Spree gedient haben könnte, könnte seinen Ursprung am Welschgraben bei Steinbach haben (Abbildung 4).

Er verbindet die Neiße mit dem Teichgebiet Niederspree und besitzt ein seit dem Jahr 2011 aktiv mit Bibern besetztes Revier. Die Teichgruppe Niederspree ist wiederum durch zahlreiche Gräben mit den Teichgruppen bei Rietschen verbunden, welche ebenfalls alte Fraßspuren aufwiesen. Die Verbindung erstreckt sich von dort aus über den Weißen Schöps und schlussendlich über den Schwarzen Schöps in die Spree. Über diese Wasserstraße könnte *C.f. vistulanus* in das Flusssystem der Spree eingedrungen sein und erreichte noch vor dem Elbebiber die Spree. Die Hybridisierungszone befindet sich dementsprechend nicht vertikal zwischen Spree und

Neiße, sondern fixiert sich eher horizontal im Raum Bad Muskau, Spremberg und Hoyerswerda zwischen den Flüssen Schwarze Elster, Spree und Neiße.

Biber aus unterschiedlichen Reliktpopulationen der westlichen ESU haben sich erfolgreich in Süddeutschland vermischt und bilden derzeit stabile Populationen (FROSCH et al., 2014). Hybridisierte Populationen aus Russland besitzen beispielsweise eine höhere Reproduktionsrate sowie eine höhere Belastbarkeit im Bezug auf Prädation (SAVELJEV & MILISHNIKOV, 2002). Dies unterstützt die vorläufige Annahme, dass die Hybridisierung positive Effekte auf Biberpopulationen haben kann. Die geringe Heterozygotie in den nativen und den neu gegründeten Populationen aus *C.f. albicus* weist darauf hin, dass eine hohe genetische Bürde eine plausible Bedrohung für *C.f. albicus* ist (FROSCH et al., 2014). Daraus resultierend, treten bei der Unterart *C.f. albicus* geringe Wurfgrößen (HALLEY et al., 2012), Gebissanomalien (PIECHOCKI 1977) und eine hohe Anfälligkeit gegenüber epidemischer Krankheiten (ELLEGREN et al., 1993; DOLCH et al., 2002) auf. Diese geringe genetische Diversität ist jedoch relevant für den andauernden Schutz des eurasischen Bibers, da es vermutlich die Ursache für das sinkende Potenzial der Population ist, sich auf zukünftige Veränderungen, wie den Klimawandel, anzupassen (SENN et al., 2014).

FROSCH et al. (2014) stellen die Langzeitwirkung und die Eignung von andauernden Schutzmaßnahmen von Reliktpopulation in Frage. Es gibt derzeit keinen Grund das Durchmischen von Haplotypen einer ESU zu verhindern, da somit der Anstieg der genetischen Diversität in der Biberpopulation gewährleistet ist (FROSCH et al., 2014).

Zusammenfassung

Zur Untersuchung des eurasischen Bibers (*Castor fiber*) im anthropogenen Lebensraum fanden Analysen zur Revierkartierung und zur Unterartenverteilung statt. Die Zielstellung der Revierkartierung, lag in der Ermittlung eines aktuellen Biberbestandes an der Lausitzer Neiße und der Spree. Hierfür erfolgte eine Kartierung der zwei Fließgewässern nach SCHWAB & SCHMID-

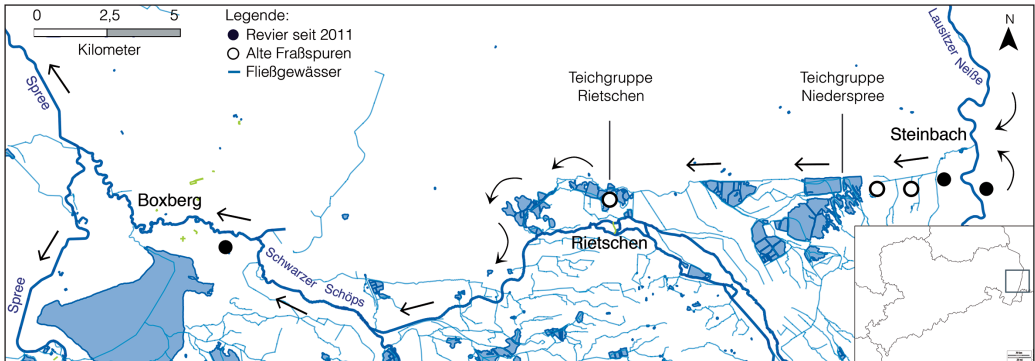


Abb. 4: Möglicher Ausbreitungsweg von *C. f. orientoeuropaeus* von der Lausitzer Neiße (Osten) zur Spree (Westen). Die Wanderrichtung ist mit Pfeilen dargestellt. Blaue Linien, Flächen = Wasserstraßen, Standgewässer, gefüllte Kreise = Reviere seit 2011, heller Kreis = alte Fraßspuren (Nachweis von 2016). Kartendaten © Bundesamt für Kartographie und Geodäsie, Frankfurt am Main, 2011; Geofabrik GmbH und OpenStreetMap-Mitwirkende, 2015.

BAUER (2001). Anhand dieser Methode konnten zwölf Reviere an der Spree und 18 Reviere an der Lausitzer Neiße ermittelt werden. Weiterhin wurde die Unterartenverteilung von *C. fiber* in der Oberlausitz untersucht. Zur Bestimmung dieser, erfolgte eine Sequenzierung einer mitochondrialen Kontrollregion aus Haar, Gewebe- sowie Knochenproben. Im Untersuchungsgebiet konnten somit die drei Haplotypen *C. f. albicus* (Elbebiber), *C. f. orientoeuropaeus* (russische Unterart) und *C. f. belorussicus* (weißrussische Unterart) bestimmt werden.

Summary

Mapping of beaver territories and distribution of subspecies in Lusatian rivers

In order to investigate the Eurasian beaver (*Castor fiber*) in the anthropogenic habitat, studies on population size and subspecies distribution was implemented. A territorial mapping was conducted with the objective to determine the current beaver population on the Lusatian rivers Neisse and Spree. The mapping was performed according to SCHWAB & SCHMIDBAUER (2001). By using this method, 12 territories at the Spree and 18 territories at the Lusatian Neisse could be identified. Furthermore, the subspecies dis-

tribution of *C. fiber* in Upper Lusatia was investigated. Thus, a sequencing of a mitochondrial control region of hair, tissue and bone samples was performed. As a result, the three haplotypes *C. f. albicus* (Elbebiber), *C. f. orientoeuropaeus* (Russian subspecies) and *C. f. belorussicus* (Belorussian subspecies) were determined within the study area.

Literatur

- AVISE, J. C. (2012): Molecular markers, natural history and evolution. – Springer Science & Business Media.
- AVISE, J. C.; CRAIG, M. (1994): Molecular Markers Natural History and Evolution. – Trends in Ecology and Evolution: 499–499.
- DEWAS, M.; HERR, J.; SCHLEY, L.; ANGST, C.; MANET, B.; LANDRY, P.; CATUSSE, M. (2012): Recovery and status of native and introduced beavers *Castor fiber* and *Castor canadensis* in France and neighbouring countries. – Mammal Review – 42 (2): 144–165.
- Djoshkin, W. W.; Safonow, W. G. (1972): Die Biber der alten und neuen Welt. – A. Ziemsen Verlag.
- DOLCH, D.; HEIDECHE, D.; TEUBNER, J.; TEUBNER, J. (2002): Der Biber im Land Brandenburg. Naturschutz und Landschaftspflege in Brandenburg 11 (4): 220–234.
- DURKA, W.; BABIK, W.; DUCROZ, J. F.; HEIDECHE, D.; ROSELL, F.; SAMJAA, R.; STUBBE, M. (2005): Mitochondrial phylogeography of the Eurasian beaver *Castor fiber* L. – Molecular Ecology 14 (12): 3843–3856.
- EDLIN, H. L. (1958): The Living Forest. – Thames and Hudson: London.

- ELLEGREN, H.; HARTMAN, G.; JOHANSSON, M.; ANDERSSON, L. (1993): Major histocompatibility complex monomorphism and low levels of DNA fingerprinting variability in a reintroduced and rapidly expanding population of beavers. – Proceedings of the National Academy of Sciences **90** (17): 8150–8153.
- ERMALA, A.; HELMINEN, M.; LAHTI, S. (1989): Some aspects of the occurrence, abundance and future of the Finnish beaver population. – Suomen Riista **35**: 108–118.
- FECHNER, C. (1851): Versuch einer Naturgeschichte der Umgegend von Görlitz. 14. Jahresbericht über die höhere Bürgerschule zu Görlitz I – Görlitz.
- FROSC, C.; KRAUS, R.H.S.; ANGST, C.; ALLGÖWER, R.; MICHAUX, J.; TEUBNER, J.; NOWAK, C. (2014): The genetic legacy of multiple beaver reintroductions in Central Europe. – PLoS one, **9** (5).
- FULLER, R.J.; WARREN, M.S. (1993): Coppiced Woodlands: Their Management for Wildlife. JNCC: Peterborough.
- GABRYS G., WAZNA A (2003) Subspecies of the European beaver *Castor fiber* Linnaeus, 1758. Acta Theriologica, **48**: 433–439.
- GILL, R.M.A. (1992b): A review of damage by mammals in northtemperate forests: 3. Impact on trees and forests. Forestry **65**: 363–388.
- HALLEY, D., ROSELL, F.; SAVELJEV, A. (2012): Population and Distribution of Eurasian Beaver (*Castor fiber*): Baltic Forestry **18** (1): 168–175.
- HEINRICH, D. & HERGT, M. (1990): Dtv-Atlas Ökologie. Deutscher Taschenbuch Verlag GmbH & Co. KG, München. ISBN 3-423-03228-6.
- HERTWECK, K. & A. HIEKE (1999): Erster Nachweis des Bibers (*Castor fiber*) an der Oberlausitzer Neiße seit über 200 Jahren. Veröffentlichungen des Museums der Westlausitz Kamenz **21**: 87–90.
- HERTWECK, K.; BENA, W. (2001): Zum Vorkommen des Bibers *Castor fiber* L., 1758 in der deutschen und polnischen Oberlausitz. – Przyroda Sudetow Zachodnich: 157–462.
- HOFFMANN, M. (1967): Ein Beitrag zur Verbreitungsgeschichte des Bibers *Castor fiber albus* Matschie 1907 im Grobeinzugsgebiet der Elbe. – Hercynia N.F. **4** (3): 279–324.
- HORN, S.; DURKA W.; WOLF, R.; ERMALA, A.; STUBBE, A. (2011): Mitochondrial Genomes Reveal Slow Rates of Molecular Evolution and the Timing of Speciation in Beavers (*Castor*), One of the Largest Rodent Species. PLoS ONE **6** (1): e14622. doi:10.1371/journal.pone.0014622.
- HORN, S.S.; PROST, M.; STILLER, D.; MAKOWIECKI, T.; KUZNETSOVA, N.; BENECKE, E.; PUCHER, A.K.; HUFTHAMMER, C.; SCHOUWENBURG, B.; HOFREITER, S.M. (2014): Ancient mitochondrial DNA and the genetic history of Eurasian beaver (*Castor fiber*): in Europe. – Molecular Ecology **23**: 1717–1729. doi: 10.1111/mec.12691.
- HUNDRIESER, A.; KRAUSS, M.; RAUSCHENBERG, M.; RECKER, W.; REMEK, H. (1995): Biber und Fischotter an Oberhavel und Tegeler See in Berlin. Berliner Naturschutzblätter **39**: 293–296.
- JANISZEWSKI, P.; HANZAL, V.; MISIUKIEWICZ, W. (2014): The Eurasian Beaver (*Castor fiber*): as a Keystone Species – a Literature Review. – Baltic Forestry **20** (2): 277–286. (Review paper)
- JOHN, F.; BAKER, S.; KOSTKAN, V. (2010): Habitat selection of an expanding beaver (*Castor fiber*): population in central and upper Morava River basin. – European journal of wildlife research, **56** (4): 663–671.
- JORGA, W. (1979): Zur Verbreitung und Lebensweise des Elbebibers im Bezirk Cottbus. Natur u. Landschaft Bez. Cottbus **2**: 57–70.
- JORGA, W. (1977): Die Biber der Schwarzen Elster. – Liebenwerdaer Museumshefte: pp.1–15.
- KARBAN, R., MYERS, J.H. (1989): Induced plant responses to herbivory. Annual Review of Ecology and Systematics **20**: 331–348.
- KETTMANN, H. (1960): Biber bei Prieschka. – Heimatkalendar Kr. Bad Liebenwerda, 177–181.
- KOHLER, A.C.; KAUTENBURGER, R.; MÜLLER, P. (2000): Populationsgenetische Untersuchungen von mitteleuropäischen Bibern (*Castor fiber* L.). – Eigenverlag des Instituts für Biogeographie, Saarbrücken, Germany.
- KUBASCH, H. (1981): Elbebiber im Kreis Kamenz. – Veröff. Mus. Westlausitz Kamenz **5**: 75–81.
- LAHTI, S.; HELMINEN, M. (1974): The beaver *Castor fiber* (L.) and *Castor canadensis* (Kuhl) in Finland. – Acta Theriologica, **19** (13): 177–189.
- LAHTI, S.; NITSCHKE, K. A.; PACHINGER, K. (1997): Development, distribution, problems and prospects of Finnish beaver populations (*Castor fiber* L. and *C. canadensis* Kuhl). – In Nitsche, K.A. & Pachinger, K. (Eds.), 61–65.
- MEYER, M. (2009): Biber *Castor fiber* L., 1758. L. – Landesamt für Umwelt (Hrsg.): Atlas der Säugetiere Sachsens, 211–215.
- MILISHNIKOV, A.N.; LIKHOVA, O.P.; NIKONOVA, O.A.; LAVROV, V.L.; ORLOV, V.N. (1994): [Allozyme variability of the European beaver *Castor fiber* 1758 (Castoridae, Rodentia): from the Voronezh State Nature Reserve]. Genetika **30** (4): 529–534.
- MILISHNIKOV, A.N.; SAVELJEV, A.P.; LIKHOVA, O.P. (1997): Allozyme Variation in European Beaver *Castor fiber* L., 1758 from the Basins of Rivers Berezina and Cheptska. Genetika **33** (5): 667–672.
- MILISHNIKOV, A.N. & SAVELJEV, A.P. (2001): Genetic divergence and similarity of introduced populations of European beaver (*Castor fiber* L., 1758) from Kirov and Novosibirsk oblasts of Russia. Russian Journal of Genetics **37** (1): 108–111.
- MILLER, G.S. (1912): Catalogue of the mammals of Western Europe.
- MORITZ, C. (1994): Applications of mitochondrial DNA analysis in conservation: a critical review. – Molecular Ecology **3** (4): 401–411.
- NOLET, B.A.; ROSELL, F. (1998): Comeback of the beaver *Castor fiber*: an overview of old and new conservation problems. – Biological Conservation **83** (2): 165–173.

- NORTHCOTT, T. H. (1971): Feeding habits of beaver in Newfoundland. *Oikos* **22**: 407–410.
- PANNACH, D. (2004): Biber (*Castor fiber* L., 1758) an der Spree bei Spremberg. – Ber. Naturforsch. Ges. Oberlausitz **13**: 145–146.
- PANNACH, D. (2011): Ein weiteres Vorkommen des Bibers (*Castor fiber*) in der Oberlausitz. – Ber. Naturforsch. Ges. Oberlausitz **19**: 73–74.
- PIECHOCKI, R. (1977): Ökologische Todesursachenforschung am Elbebiber (*Castor fiber albus*). – Beiträge zur Jagd- und Wildforschung **10**: 332–341.
- SAVELJEV, A. P.; MILISHNIKOV, A. N. (2002): Biological and genetic peculiarities of cross composed and aboriginal beaver populations in Russia. *Acta Zoologica Lituanica* **12**: 397–402.
- SCHWAB, G. & SCHMIDBAUER, M., 2001. Kartieren von Bibervorkommen und Bestandserfassung. http://www.gerhardschwab.de/Veroeffentlichungen/Kartieren_von_Bibervorkommen_Textteil.pdf
- SENN, H.; OGDEN, R. ; FROSC, C.; SYRUCKOVA, A.; CAMPBELL-PALMER, R.; MUNCLINGER, P.; DURKA, W.; KRAUS, R. H. S.; SABELJEV, A. P.; NOWAK, C.; STUBBE, A.; STUBBE, M.; MICHAUX, J.; LAVROV, V.; SAMIYA, R.; ULEVICIUS, A.; ROSEL, F. (2014): Nuclear and mitochondrial genetic structure in the Eurasian beaver (*Castor fiber*) – implications for future reintroductions. Evolutionary Applications published by John Wiley & Sons Ltd. doi:10.1111/eva.12162.
- SIEBER, J. (1989): Biber in Oberösterreich – eine aktuelle Bestandsaufnahme an Inn und Salzach: na.
- ULEVICIUS, A.; KISIELYTE, N.; JASIULIONIS, M. (2011): Habitat use and selectivity by beavers (*Castor fiber*): in anthropogenic landscape. – *Ekologija* **57**: 47–54.
- ZÄHNER, V.; SCHMIDBAUER, M.; SCHWAB, G. (2005): Der Biber: die Rückkehr der Burgherren. – Bayern, Bund Naturschutz Buch- und Kunstverl. Oberpfalz.
- ZIMMERMANN, R. (1922): Zur Geschichte des Bibers in Sachsen. – Mitteilung Verein Sächsischer Heimatschutz **11**: 162–166.
- ZINKE, O. (1999): Methodische Betrachtung zur Kartierung terrestrischer Kleinsäuger aus der Sicht der zoologischen Sammeltätigkeit am Museum. – Mitteilung Sächsischer Säugetierfreunde – NABU/Landesverband Sachsen e. V. **1**: 12–17.

Anschrift des Verfassers:

MAIK JÄHRIG
Zarrentin am Schaalsee
E-Mail: maikjaehrig@gmx.de

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

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

Jahr/Year: 2018

Band/Volume: [43](#)

Autor(en)/Author(s): Jährg maik

Artikel/Article: [Der Biber – Revierkartierung und Unterartenverteilung in der Oberlausitz 187-197](#)