©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

Ber. ANL | 22 (1998) | 45-49

Zur Situation der Genetik bayerischer Rotwildbestände

I. Inzucht*)

Ralph KÜHN, Oswald ROTTMANN, Franz PIRCHNER

1. Einleitung

Fortpflanzungsgemeinschaften des Wildes unterliegen gerade in der heutigen Zeit besonders stark einer Fülle vom Menschen gewollter, aber auch unbeabsichtigter, jedoch permanent ihre genetische Struktur verändernder Einflüsse (HARTL 1986). Zu den ersteren zählen die selektive Bejagung und Überjagung, sowie Gehegehaltung und Fremdblutauffrischung. Die vom Menschen unbeabsichtigten Einflüsse sind die Zerschneidung und Verringerung von einstmals großräumigen homogenen Landschaften, die zur Bildung von Inselpopulationen mit meist geringen Individuenzahlen führen, was mit zunehmender Inzucht und Inzuchtdepression, wie z. B. Fruchtbarkeitsstörungen einhergehen kann.

Gerade unsere größte heimische Schalenwildart, das Rotwild, treffen diese Einflüsse offensichtlich, wobei unklar ist inwieweit dadurch eine Veränderung der genetischen Struktur der Rotwildpopulationen hervorgerufen wurde.

Über rein demographisch-ökologische Ansätze läßt sich zwar die zeitlich-räumliche Struktur von Populationen darstellen, jedoch können Stärke und Richtung des Genflusses sowie die genetische Homogenität nur durch genetische Untersuchungen aufgeklärt werden. Durch die Verbindung genetischer und wildbiologischer Methoden lassen sich Populationen besser charakterisieren und es sind Hinweise zu erwarten, welche die Erhaltung von Wild in dessen natürlicher Umwelt sichern helfen.

Die schnelle Entwicklung der molekularen Analytik, vor allem in der Human- und Nutztiergenetik, liefert Daten, die es erlauben auch komplexe populationsgenetische Fragestellungen zu lösen (DI RIENZO et al. 1994, GOLDSTEIN et al. 1995). Da Wildpopulationen besonders aus populationsgenetischer Sicht ein wohl schwieriges, aber auch interessantes Forschungsfeld sind liegt es nahe die Molekulargenetik und den großen Erfahrungsschatz aus der Human- und Nutztiergenetik in der Wildforschung an natürlichen Populationen anzuwenden (ROY et al. 1994, KUEHN et al. 1996, ESTOUP et al. 1996)

Die relativ enge Verwandtschaft zwischen Cervus elaphus und dem molekular- und populationsgenetisch weit mehr untersuchten Bos taurus erleichtert die Anwendung molekular-genetischer Techniken beim Rotwild. Aus wildbiologisch-populationsgenetischer Sicht ist eine große Datenfülle zu erwarten, womit die genetische Konstitution unseres heimischen Rotwildes dargestellt werden kann.

Die Ermittlung der Migrationsintensität zwischen den Populationen, deren genetischen Distanzen zueinander und die Homogenität bzw. Inzucht der Populationen, dienen als Maßzahlen zur Darstellung des genetischen Zustandes der bayerischen Rotwildpopulationen und bieten weitere Möglichkeiten, Probleme aus der angewandten Populationsökologie angesichts der fortschreitenden anthropogenen Degradierung, Fragmentierung und Zerstörung von Lebensräumen zu bearbeiten.

Die vorliegende Arbeit ist ein Auszug einer umfassenden Veröffentlichung und beschäftigt sich mit der Inzucht, dem Inzuchtzuwachs und der Homogenität bayerischer Rotwildpopulationen.

2. Material und Methoden

Während der Jagdsaisonen 1994/95 und 1996/97 wurden von Jägern der beteiligten Forstämter und von Privatjägern insgesamt 395 Gewebeproben von Rotwild verschiedenen Alters und Geschlechts aus den Gebieten des Ammergebirges, des Nationalparks Bayerischer Wald, des Nationalparks Berchtesgaden, des Böhmerwaldes, des Fichtelgebirges, des Truppenübungsplatzes Grafenwöhr, der Haßberge, der Isarauen, der Rhön, des Spessart und des Thüringer Waldes gesammelt. Zuzüglich konnten Stichproben aus einer Rotwildpopulation der Isle of Rhum und einer Sicapopulation als „Outgroups" mit in die Studie aufgenommen werden. Der Altersaufbau und die Geschlechtsverhältnisse der Stichproben entsprechen den zugrundeliegenden Populationen und somit kann davon ausgegangen werden, daß die Stichproben repräsentativ sind.

Zur molekulargenetischen Differenzierung dieser Populationen wurden die Proben nach der DNA-Isolierung (HOGAN et al. 1986) mit 19 bovinen und einem cervinen Mikrosatellitensystem, welche in einer Voruntersuchungen auf ihre Eignung zur Darstellung der genetischen Konstitution von Rotwildpopulatio-

*) Vortrag auf der gemeinsamen Fachveranstaltung der ANL zusammen mit dem BJV: „Nachhaltig naturgerechte jagdliche Nutzung – Agenda 21 ohne Jagd?" am 11./12. März 1998 in Ingolstadt (Leitung: Dr. Notker Mallach, ANL und Dr. Joachim Reddemann, BJV).

©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

nen getestet worden waren, mit einem automatischem Sequenzer ABI 377 (Applied- Bio-Systems/ Perking Elmer) typisiert (KUEHN 1998).

Aus den sehr umfangreichen Typisierungsdaten wurden, da sich Mikrosatelliten wie kodominante Systeme verhalten, die Allelfrequenzen durch einfaches Auszählen ermittelt.

Der durchschnittlich erwartete Heterozygotiegrad ist der am häufigsten verwendete Parameter zur Quantifizierung der genetischen Variabilität innerhalb Populationen. Dieser wurde aus den Allelfrequenzen nach der Formel von NEI & ROYCHOUDHURY (1974) berechnet.

$$H_e = 1/r \sum_{j=1}^{r} 2n \,(1-\sum_{i=1}^{m} q_{ij}^2)/(2n-1)$$

Dabei ist q i j das i-te Allel am j-ten Locus, n die Anzahl der untersuchten Tiere und r die Anzahl der Loci. Über den t-Test von NEI (1987) wurde auf signifikante Unterschiede zwischen den einzelnen Heterozygotiegraden getestet.

Nach Shannon und Weaver (POWELL 1983, HEDRICK 1985) kann mit dem Informationswert ein möglicher Flaschenhals nachgewiesen werden.

$$H' = -\sum_{j=1}^{r} \sum_{i=1}^{m} q_{ij} \ln (q_{ij})$$

Der Wert wurde in einer Korrelationsstudie zu anderen Populationsparametern in Beziehungen gesetzt. Er kombiniert den Heterozygotiegrad und die Allelzahlen zu einem einzigen Maß.

In Verbindung mit dem Heterozygotiegrad ist die durchschnittliche Anzahl der polymorphen Allele (AP) über alle Loci je Population ein weiterer wichtiger populationsgenetischer Parameter zur Darstellung genetischer Variabilität bzw. Homogenität innerhalb einer Population. Dieser Wert wurde durch einfaches Auszählen ermittelt.

Die effektive Zahl der Allele ist der reziproke Wert des Homozygotiegrades bzw. der Genidentität (KIMURA & CROW 1964) und ein gemeinsamer Ausdruck fiir die absolute Allelzahl und die jeweiligen Frequenzen (VAN ZEVEREN et al. 1995).

In Wright_s Terminologie ist der Fixations-Index FIS, der auch als Inzuchtkoeffizient bezeichnet werden kann (WEIR 1996), die Korrelation zwischen zwei Gameten eines Individuums relativ zur Subpopulation (WRIGHT 1969).

Über alle Loci wurde FIS für jede Population nach der Formel von WEIR (1996) berechnet,

$$F_{IS} = 1/r \sum_{j=1}^{r} (\sum_{i=1}^{m} ((Q_{ij} - q^2_{ij}) + 1/2n \,(1-\sum_{i=1}^{m} Q_{ij})) /$$

$$((1 - \sum_{i=1}^{m} q_{ij}^2) - 1/2n \,(1 - \sum_{i=1}^{m} Q_{ij})))$$

wobei Qi j die relative Genotypenfrequenz der Homozygoten AA am i-ten Allel des j -ten Locus ist.

Aus dem Inzuchtkoeffizienten der Eltern- und der Nachkommenpopulation konnte der Inzuchtzuwachs () F) bestimmt werden. Er ist die Zunahme an Homozygotie relativ zur noch vorhandenen Heterozygotie (PIRCHNER 1979) bzw. der Anstieg des Inzuchtkoeffizienten in einer Generation relativ zu dem noch bestehenden Abstand zu vollständiger Inzucht (FALCONER 1984).

$$\Delta F = (F_{IS\,t} - F_{IS\,t-1}) / (1 - F_{IS\,t-1})$$

FIS t ist der Inzuchtkoeffizient der Nachkommenpopulation und FIS t-1 ist der Inzuchtkoeffizient der Elternpopulation.

Zur Ermittlung dieser Werte wurden alle potentiellen Elterntiere und deren mögliche Nachkommen getrennt betrachtet, d.h. alle Tiere, die älter waren als 3 Jahre in eine Gruppe und alle Wild- und Hirschkälber in die andere zusammengefaßt, und die jeweiligen FIS - Werte berechnet.

3. Ergebnisse und Diskussion

Insgesamt wurden 8700 Genotypen analysiert und aus 187 Allelen 1324 Allelfrequenzen errechnet. Dies entspricht bei diallelen biochemischen Systemen ca. 93 Loci.

In Tabelle 1 sind die daraus ermittelten populationsgenetischen Parameter, Anzahl der polymorphen Allele, Anzahl der effektiven Allele, durchschnittlich erwarteter Heterozygotiegrad H_e und der Informationsindex H' über alle Loci je Population dargestellt.

Die Anzahl der Allele je Locus und Population liegt in dieser Untersuchung zwischen 4,2 und 6,8 (Tabelle 1). Auffällig hierbei sind die niedrigen Werte der Populationen Haßberge, Isarauen und Rhön. Die Allelzahl ist ein Maß für die genetische Variation einer Population, hat aber den Nachteil, daß es die Allelfrequenzen nicht einbezieht und stark abhängig ist von der Anzahl der untersuchten Tiere (CHAKRABORTY & RAO 1991). Die Korrelationsanalyse zwischen der Anzahl der untersuchten Tiere und der durchschnittlichen Allelzahl über alle Loci bestätigt dies mit einem positiven Wert von 0,61.

Um die Homogenität einer Population darstellen zu können, muß gleichzeitig der erwartete Heterozygotiegrad He beachtet werden. In monomorphen Populationen bzw. Loci ist die Gendiversität 0. Ihr Maximum ist erreicht wenn alle segregierenden Allele die gleiche Frequenz in der Population haben. Der H_e bewegt sich hier zwischen 0,501 und 0,632 (Tabelle 1). Nach dem t-Test (α=0,05) auf Unterschiede zwischen den Heterozygotiegraden ergibt sich, daß die Gendiversität der Population Isarauen zu allen anderen Populationen signifikant geringer ist, die der Population der Haßberge ebenfalls, ausgenommen zur

©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

Tabelle 1

Tierzahl, Probenzahl, polymorphe Allele, effektive Allelzahl, Heterozygotiegrade H_e und Informationsindex H' je Population über alle Loci.

Population	Tier-zahl [1)]	Proben-zahl	poly. Allele/ Locus	eff. Allel-zahl	H_e	H'
Ammergebirge	300-330	44	6,4	3,6	0,609	25,517
NP Bayerischer Wald	120-130	43	6,8	3,8	0,609	26,076
NP Berchtesgaden	215	46	6,6	3,6	0,621	25,916
Böhmerwald	-	16	5,3	3,4	0,606	24,150
Fichtelgebirge	750	75	6,2	3,2	0,605	24,841
TÜ Grafenwöhr	1500	73	5,8	3,4	0,579	23,915
Haßberge	70-90	12	4,2	2,7	0,552	20,183
Isarauen	200-300	34	4,7	2,6	0,501	18,840
Rhön	350-400	10	4,2	3,0	0,613	22,118
Spessart	1500	16	5,2	3,2	0,616	24,024
Thüringer Wald	5000	26	6,4	4,0	0,632	26,754

[1)] Ungefähre Angaben

Population Truppenübungsplatz Grafenwöhr. Bei gleichzeitiger Betrachtung des Heterozygotiegrades und der Allelzahl stellen sich die beiden Populationen Isarauen und Haßberge als sehr homogen dar. Für die niedrigen Allelzahlen der Population Rhön ist der geringe Umfang des untersuchten Tiermaterials wohl als eine wesentliche Ursache anzunehmen.

Die effektive Allelzahl hat zur Anzahl der polymorphen Allele, zum Heterozygotiegrad H_e, und Informationsindex H' sehr hohe Korrelationwerte von 0,856, 0,773 bzw. 0,952, womit die Aussage von VAN ZEVEREN et al. (1995), die effektive Allelzahl sei ein gemeinsamer Ausdruck für die absolute Allelzahl und die jeweiligen Frequenzen, bestätigt wird (Tabelle 1). Wiederum haben die oben als homogen bezeichneten Populationen Haßberge und Isarauen die geringsten Werte von 2,7 und 2,6. Der Informationsindex H' zeigt für die Populationen Isarauen und Haßberge mit 18,84 und 20,18 ebenfalls niedrige Werte und deutet auf deren geringe Variabilität.

Bei Betrachtung der oben diskutierten Populationsparameter muß davon ausgegangen werden, daß die beiden Populationen Haßberge und Isarauen während ihrer jüngsten Entwicklungsgeschichte durch einen Flaschenhals gegangen und seit mehreren Generationen isoliert sind. Berücksichtigt man die historischen Kenntnisse und geographischen Gegebenheiten, so ist diese Aussage zu bestätigen.

In vereinfachter Form besteht nach CLUTTON-BROCK (1985) die Struktur einer Rotwildpopulation aus Familienverbänden, die von einem oder zwei erfahrenen Alttieren geführt werden, mit ihren Schwestern, Töchtern und anderen Verwandten der mütterlichen Linie. Der Fortpflanzungserfolg dominanter Hirsche manifestiert sich hauptsächlich während des Alters von 6 bis 11 Jahren. Diese 5 Jahre der Fortpflanzung entsprechen ungefähr eineinhalb Generationsintervallen. Anschließend verliert der Platzhirsch seine dominante Stellung und wird verdrängt. Damit kann davon ausgegangen werden, daß sich der dominante Hirsch mindestens einmal mit seinen eigenen Nachkommen paart. Dieses Paarungssystem wird als Eltern-Nachkommen-Paarungssystem mit einem konstanten Elter beschrieben. Dabei werden Inzuchtkoeffizienten von 0,25 in der ersten Generation und von 0,375 in der zweiten erwartet (PIRCHNER 1979).

Ausgehend davon, daß eine Population aus mehreren Familienverbänden besteht und es zum Wechsel der dominanten Hirsche alle eineinhalb Generationen kommt, treten relativ oft Vater-Tochterpaarungen auf. Mit dem neuen Platzhirsch beginnt die Auszucht, da es zur Paarung von Individuen kommt, die geringer miteinander verwandt sind als der Durchschnitt dieses Familienverbandes. Der Inzuchtkoeffizient der gesamten Population sollte sich daher im Rahmen von 0 und 0,25 bewegen.

In Tabelle 2 wird dies anhand empirischer Daten bestätigt. Die Inzuchtkoeffizienten je Population sind sehr heterogen und variieren zwischen 0,05 bis 0,23. Dieses Ergebnis ist vergleichbar mit den FIS-Werten bei verschiedenen Cerviden aus der Arbeit mit biochemischen Methoden von APOLLONIO & HARTL (1993). Interessanterweise kann FIS selbst in kleinen Populationen (Isarauen) niedrig sein und andererseits

©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

Population	Inzucht-koeffizient	Inzucht-zuwachs
Ammergebirge	0,143	0,101
NP Bayerischer Wald	0,048	-0,021
NP Berchtesgaden	0,149	0,026
Böhmerwald	0,227	-
Fichtelgebirge	0,059	-0,037
TÜ Grafenwöhr	0,049	0,044
Haßberge	0,153	0,144
Isarauen	0,057	0,076
Rhön	0,116	-0,072
Spessart	0,232	-0,104
Thüringer Wald	0,121	-0,001

Tabelle 2

Inzuchtkoeffizient und Inzuchtzuwachs je Population.

hoch in großen, was auf das momentane Verwandtschaftsverhältnis zurückzuführen ist, d.h. wie lange ein Platzhirsch gerade aktiv ist.

Der Inzuchtzuwachs wurde über die potentiellen Elterntiere und deren Nachkommen je Population ermittelt. Er ist ebenfalls sehr unterschiedlich und bewegt sich von -0,104 bis 0,144 (Tabelle 2). Ein negativer Inzuchtzuwachs deutet an, daß es hier zur Paarung von Individuen kam, die weniger eng miteinander verwandt waren als der Durchschnitt der Population. Der Wechsel eines Platzhirsches kann hierfür eine Ursache sein.

Die sehr heterogenen Inzuchtwerte und Inzuchtzuwächse zeigen, daß das Rotwild in Populationsgrößen wie man sie in Bayern vorfindet, auf natürliche Weise die Inzucht und den Inzuchtzuwachs begrenzt. Das Paarungssystem läßt größere Schwankungen zu, deren obere Extremwerte jedoch offensichtlich keine schädlichen Auswirkungen zeigen. UECKERMANN & HANSEN (1983) stellen in einer Studie über Damwild fest, daß auch dort keine Inzuchtprobleme auftreten. Inzuchtdepressionen scheinen also beim Hirschen selbst bei Werten bis zu 40% unbekannt. Höhere Homozygotiewerte schließt das Paarungssystem von selbst aus, da mit einem neuen Platzhirsch die FIS-Werte ins Extrem umschlagen

4. Zusammenfassung

Ist die genetische Vielfalt des bayerischen Rotwildes bedroht? Zur Genetik der bayerischen Rotwildbestände

Insgesamt 395 Stück Rotwild aus 9 bayerischen und 2 angrenzenden Regionen wurden mit Mikrosatelliten genotypisiert. Davon waren 19 boviner und einer cerviner Herkunft. An den 20 Loci konnten die Allelfrequenzen von 187 Allelen ermittelt werden, mit denen folgende Populationsparameter errechnet wurden: Anzahl der polymorphen Allele, effektive Allelzahl, Heterozygotiegrad, Inzuchtkoeffizient und Inzuchtzuwachs.

Die durchschnittliche Allelzahl der 20 Mikrosatellitenloci reichte von 4,2-6,8. Im Heterozygotiegrad ergaben sich signifikante Unterschiede zwischen Populationen. Bereits an diesen Merkmalen zeigt sich die Verinselung einiger isolierter Populationen. Durch Einbeziehung weiterer Populationsparameter wie effektive Allelzahl und Informationsindex werden die Erkenntnisse bekräftigt.

Die Inzuchtkoeffizienten sind sehr heterogen (0,05-0,23), ebenso wie der Inzuchtzuwachs (-0,104 bis 0,144). Auf einen direkten Zusammenhang zwischen diesen Werten und dem Paarungssystem des Rotwildes wird hingedeutet.

Die Migrationswerte variieren populationsbedingt (0,37 - 53,4) sehr stark. Generell bestätigt der genetische Wert die Beobachtungen über die Dispersion der Tiere.

Die Darstellung der genetischen Distanzen in einem phylogenetischen Baum stimmen mit den geographischen Standorten der einzelnen Populationen gut überein.

In der Arbeit wird gezeigt, wie mit molekulargenetischen Methoden, komplexe wildbiologische Situationsbeschreibungen erstellt und interpretiert werden können. Mit ihrer Hilfe ist es möglich, genetische Momentanaufnahmen zu analysieren und daraus populationsrelevante Einflüsse zu erkennen.

©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

Literatur:

APOLLONIO, M. & G.B. HARTL (1993):
Are biochemical-genetic variation and mating systems related in large mammals? Acta Theriologica 38 (Suppl. 2), 175-185.

CHAKRABORTY, R. & C.R. RAO (1991):
Measurement of genetic variation for evolutionary studies. In Handbook of Statistics, 8. (eds. by C.R RAO & R. CHAKRABORTY), 271-316, Elsevier Science Publishers B.V., Amsterdam.

CLUTTON-BROCK, T.H. (1985):
Fortpflanzung beim Rothirsch: Kosten-Nutzen-Prinzip. Spektrum der Wissenschaft, 114-121.

DI RIENZO, A.; A.C. PETERSON, J.C. GARZA, A.M. VALDES, M. SLATKIN & N.B. FREIMER (1994):
Mutational processes of simple-sequence repeat loci in human populations. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 91(8), 3166-3170.

ESTOUP, A.; M. SOLIGNAC, J.M. CORNUET, J. GOUDET & A. SCHOLL (1996):
Genetic differentiation of continental and island populations of Bombus terrestris (Hymenoptera: Apidae) in Europe. Molecular Ecology 5(1), 19-31.

FALCONER, D.S. (1984):
Einführung in die quantitative Genetik. Verlag Ulmer, Stuttgart.

GOLDSTEIN, D.B.; L.A. RUIZ, S.L.L. CAVALLI & M.W. FELDMAN (1995):
Genetic absolute dating based on microsatellites and the origin of modern humans. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 92(15), 6723-6727.

HARTL, G.B. (1986):
Genetische Variabilität beim Rotwild – Auswirkungen anthropogener Einflüsse auf den Genpool von Wildtierpopulationen. Tagungsbericht CIC Rotwildtagung Graz. 423-431.

HEDRICK, P.W. (1985):
Genetics of populations. Jones and Bartlett Publications, Boston.

HOGAN B.L.M.; F. CONSTANTINI & E. LACY (1986):
Manipulating the mouse embryo, section D. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York.

KIMURA, M. & J.F. CROW (1964):
The number of alleles that can be maintained in a finite population. Genetics 49, 725-738.

KUEHN, R. (1998):
Morphologische und genetische Differenzierung bayerischer Rotwildpopulationen. Diss. TU-München, Weihenstephan.

KUEHN, R.; C. ANASTASSIADIS, F. PIRCHNER (1996):
Transfer of bovine microsatellites to the cervine (Cervus elaphus). Animal Genetics 27, 199-201.

NEI, M. (1987):
Molecular evolution genetics. Columbia university press. New York.

NEI, M. & A.K. ROYCHOUDHURY (1974):
Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. Genetics 76, 379-390.

PIRCHNER, F. (1979):
Populationsgenetik in der Tierzucht. Verlag Paul Parey, Hamburg und Berlin.

POWELL, J.R. (1983):
Molecular approaches to studying founder effects. In Genetics and conservation (eds. Schonewld-Cox et al.). Benjamin Cummings, Menlo Park, CA. 229-240.

ROY, M.S.; E. GEFFEN, D. SMITH, E.A. OSTRANDER, & R.K. WAYNE (1994):
Patterns of differentiation and hybridization in North American wolflike canids, revealed by analysis of microsatellite loci. Molecular Biology and Evolution 11(4), 553-570.

E. UECKERMANN & D. HANSEN (1983):
Das Damwild. Paul Parey, Hamburg und Berlin.

VAN ZEVEREN, A.; L. PEELMAN, D.W.A. VAN & Y. BOUQUET (1995):
A genetic study of four Belgian pig populations by means of seven microsatellite loci. Journal of Animal Breeding and Genetics 112(3), 191-204.

WEIR, B. S. (1996):
Genetic Data Analyses II. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.

WRIGHT, S. (1969):
Evolution and the genetics of populations. Vol. 2. The theory of gene frequencies. University of Chicago Press. Chicago.

Anschrift der Verfasser:

Dr. Ralph Kühn
Lehrbereich für Wildbiologie
und Wildtiermanagement an der
Forstwissenschaftlichen Fakultät,
Technische Universität München
Am Hochanger 13
85354 Freising (Weihenstephan)

©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

Berichte der ANL 22 (1998)

Herausgeber:
Bayerische Akademie für Naturschutz
und Landschaftspflege (ANL)
Seethaler Str. 6
D - 83406 Laufen
Telefon: 0 86 82 / 89 63 - 0,
Telefax: 0 86 82 / 89 63 - 17 (Verwaltung)
0 86 82 / 89 63 - 16 (Fachbereiche)
E-Mail: Naturschutzakademie@t-online.de
Internet: http://www.anl.de

Die Bayerische Akademie für Naturschutz
und Landschaftspflege ist eine dem
Geschäftsbereich des Bayerischen Staatsministeriums
für Landesentwicklung und Umweltfragen
angehörende Einrichtung.

Schriftleitung und Redaktion:
Dr. Notker Mallach, ANL

Dieser Bericht erscheint verspätet
im Frühjahr 2000.
Für die Einzelbeiträge zeichnen die
jeweiligen Autoren verantwortlich.

Die Herstellung von Vervielfältigungen
– auch auszugsweise –
aus den Veröffentlichungen der
Bayerischen Akademie für Naturschutz
und Landschaftspflege sowie deren
Benutzung zur Herstellung anderer
Veröffentlichungen bedürfen der
schriftlichen Genehmigung unseres Hauses.

Erscheinungsweise:
Einmal jährlich

Bezugsbedingungen:
Siehe Publikationsliste am Ende des Heftes

Satz: Christina Brüderl (ANL) und
Fa. Hans Bleicher, 83410 Laufen
Druck und Bindung: Fa. Kurt Grauer, 83410
Laufen;
Druck auf Recyclingpapier (100% Altpapier)

ISSN 0344-6042
ISBN 3-931175-57-X

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Berichte der Bayerischen Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

Jahr/Year: 1998

Band/Volume: 22

Autor(en)/Author(s): Kühn Ralph

Artikel/Article: Zur Situation der Genetik bayerischer Rotwildbestände 45-49