

Auswirkung von Habitatfragmentierung auf die genetische Vielfalt von Rehpopulationen

Karin Hindenlang¹, Josef Senn¹ und Ralph Kühn²

¹ Eidgenössische Forschungsanstalt WSL, CH-8903 Birmensdorf, ² Technische Universität München, D-85354 Freising

Kontakt: Karin Hindenlang, karin.hindenlang@wsl.ch

Zielsetzung des Projektes

Die Lebensräume vieler Wildtierarten wie Feldhase, Reh, Rothirsch und Wildschwein werden durch Siedlungsgürtel, das dichte Strassen- und Eisenbahnnetz und den ansteigenden Verkehr zunehmend beeinträchtigt. Lebensräume werden getrennt, weiträumige Wanderwege unterbrochen und Tierpopulationen isoliert. Die Folgen davon können kleine, isolierte Populationen sein. Diese Populationen sind besonders gefährdet, da ihr Fortpflanzungserfolg als Folge von Inzucht abnehmen und ihre Überlebenschancen beeinträchtigt werden können. Wann aber kann eine Population als isoliert bezeichnet werden, sodass Vernetzungsmassnahmen dringend notwendig werden? Mit dem vorliegenden Projekt wollen wir am Beispiel des Rehs ein genetisches Referenzsystem erarbeiten, um diese Frage für das Autobahnnetz der Schweiz beantworten zu können. Dazu werden mehrere Rehpopulationen, die unterschiedlich stark fragmentiert sind, auf ihre genetische Vielfalt hin untersucht.

Das Projekt will folgende Fragen beantworten: (1) Unterscheiden sich von Verkehrswegen und Siedlungen getrennte Rehpopulationen genetisch und welche Rolle spielt dabei das Alter der Barriere? (2) Wie beeinflussen die Populationen im „Hinterland“ die genetische Differenzierung der direkt betroffenen Rehpopulationen beiderseits der Autobahn? (3) Erlauben genetische Methoden Prognosen für zukünftigen Entwicklungen? (4) Wie lassen sich diese Erkenntnisse verkehrsplanerisch in die Praxis umsetzen?

Methoden und Untersuchungsgebiet

Für die Analysen werden Herzmuskelproben von Rehen aus der ordentlichen Jagd und von Fallwild verwendet, die uns die betroffenen Jäger und Wildhüter in verdankenswerter Weise zuschicken. In einer Vorstudie wurde die genetische Methode (Mikrosatelliten-Marker) erarbeitet und an mehreren, durch Barrieren unterschiedlich stark von einander getrennten Paaren von Rehpopulationen getestet. Wir konnten zeigen, dass die vorgeschlagene Methode funktioniert und genetische Unterschiede zwischen Rehpopulationen bestehen, die entweder durch eine natürliche Barriere (zB. Zürichsee) oder durch eine künstliche Mehrfachbarriere (Autobahn mit paralleler Kantonsstrasse und Siedlungsgürtel) voneinander getrennt sind. Im vorliegenden Projekt sollen diese Erkenntnisse nun an wichtigen überregionalen Wildtierkorridoren überprüft und generalisiert werden. Für ein besseres Verständnis des grossräumigen Austausches zwischen Rehpopulationen werden von der Barriere weiter entfernte Populationen bei den Analysen mitberücksichtigt. Parallel dazu werden landschaftliche Merkmale wie zB. Vernetzungsstrukturen und Korridore erhoben, um die genetischen Resultate besser interpretieren zu können.

Folgende Untersuchungsgebiete mit weitgehend unterbrochenen Wildtierkorridoren werden im Zeitraum von 2004 bis 2006 bearbeitet: (1) A3 Linthebene SG/GL, (2) A13 St. Galler Rheintal SG/FL, (3) A1 Winterthur-Frauenfeld ZH/TG, (4) A2 Zofingen-Sursee AG/LU, (5) A2 Sursee-Rothenburg LU, (6) A8 Bern – Thun BE, (7) Zug – Schwyz (Kontrollgebiet).

Erwartete Resultate

Das Projekt liefert detaillierte Resultate über die genetische Struktur und Differenzierung der untersuchten Populationen sowie über den bestehenden Austausch zwischen ihnen. Die Resultate können als Entscheidungshilfe für eine möglichst effiziente und ökonomische Planung von Vernetzungsmassnahmen wie Wildtierpassagen entlang des schweizerischen Verkehrsnetzes dienen, wie sie der Bund als Massnahme zur Aufwertung der Lebensräume von Tier- und Pflanzenarten vorsieht. Das Projekt liefert auch wichtige Grundlagen zur Erfolgskontrolle von bestehenden oder in naher Zukunft geplanten Wildtierpassagen.

Die Resultate werden nach Projektende im Jahre 2007 veröffentlicht und der Praxis zugänglich gemacht.

Karin Hindenlang, 19.05.2005