

Bristol-Schriftenreihe Band 42



BRISTOL-STIFTUNG
Ruth und Herbert Uhl-Forschungsstelle
für Natur- und Umweltschutz

Haupt

Herausgeber
Ruth und Herbert Uhl-Forschungsstelle für Natur- und Umweltschutz,
Bristol-Stiftung, Zürich
www.bristol-stiftung.ch

Josef Senn und Ralph Kuehn

Habitatfragmentierung, kleine Populationen und das Überleben von Wildtieren

Populationsbiologische Überlegungen und genetische Hintergründe untersucht am Beispiel des Rehes

! Haupt

Verantwortlich für die Herausgabe
Bristol-Stiftung. Stiftungsrat: Dr. René Schwarzenbach, Herrliberg;
Dr. Mario F. Broggi, Triesen; Prof. Dr. Klaus Ewald, Gerzensee; Martin Gehring, Zürich

Managing Editor
Dr. Ruth Landolt, WSL, Birmensdorf

Adresse der Autoren
Dr. Josef Senn, Eidg. Forschungsanstalt WSL, Zürcherstrasse 111, CH-8903 Birmensdorf,
josef.senn@wsl.ch

Prof. Dr. Ralph Kuehn, Technische Universität München, AG Molekulare Zoologie/Lehrstuhl
für Zoologie, Hans-Carl-von-Carlowitz-Platz 2, D-85354 Freising, kuehn@wzw.tum.de

Layout
Jacqueline Annen, Maschwanden

Umschlag und Illustration
Atelier Silvia Ruppen, Vaduz

Alle Fotos Dr. Josef Senn

Zitierung
SENN, J.; KUEHN, R., 2014: Habitatfragmentierung, kleine Populationen und das Überleben
von Wildtieren. Populationsbiologische Überlegungen und genetische Hintergründe unter-
sucht am Beispiel des Rehes. Zürich, Bristol-Stiftung; Bern, Haupt. 77 S.

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek
Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen
Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über
<http://dnb.dnb.de> abrufbar.

ISBN 978-3-258-07889-2

Alle Rechte vorbehalten
Copyright © 2014 Haupt Bern
Jede Art der Vervielfältigung ohne Genehmigung des Verlages ist unzulässig.

Printed in Germany

www.haupt.ch

Signet FSC

Klimaneutral

Abstract

Habitat fragmentation, small populations and wildlife survival: using roe deer as an example, what can population biology and genetics tell us?

At present habitat fragmentation and destruction caused by human activities leading to small populations in wild species are major challenges in conservation biology. Building activities reduce the available area and deteriorate the quality of habitat for wild species. Traffic infrastructure impedes animal movements and leads to major disturbance which additionally reduces habitat quality for wildlife. Previously functioning metapopulations may end up in isolated relatively small subpopulations with all the concomitant problems.

In Switzerland the built area is still increasing as well as the total length of roads and railway lines. Hence the size of remaining fragments continuously decreases. Average size of fragments in Switzerland varies among regions. "Mesh size" is smallest on the Swiss Plateau and largest in regions like the Jura Mountains and the Alps. A survey showed that 16 percent of all known nationally important wildlife corridors were completely interrupted and functionality was more or less severely impaired in another 56 percent. Most of the affected corridors were situated on the Swiss Plateau. All this may lead to highly fragmented wildlife populations.

Small isolated populations may be threatened by stochastic demographic events, like highly biased sex ratio, or small populations may be extirpated by extreme weather events. Small populations may also suffer from genetic effects, like inbreeding, loss of genetic variation and accumulation of deleterious alleles. Loss of metapopulation functionality may lead to the local extinction of species. A combination of several negative factors with mutual reinforcement may lead to a so-called extinction vortex with severe consequences on local and regional biodiversity.

We used the roe deer (*Capreolus capreolus*) as a model species to study effects of fragmentation through fenced highways on genetic composition and differentiation. Due to its relatively large size and thus relatively extensive area requirements the roe deer may reveal such effects within reasonable time after fragmentation. Further, the roe deer is a common species over large parts of Europe and one of the most important species for hunting. Thus sampling did not pose any extensive logistic problems and was not of conservation concern. All samples could be obtained from the usual annual hunting bag. The examined material was heart muscle from which nuclear DNA was extracted.

In order to detect genetic discontinuities, we screened 12 polymorphic microsatellites on approximately 1100 individuals out of roe deer populations that were sampled on both sides of fenced motorways on the Swiss plateau as well as in larger unfragmented areas along the northern Alps.

For some areas we revealed clear influences of transportation infrastructures on genetic divergence of the roe deer population examined. In other areas no clear effects of fragmentation by the roads was found. In none of the examined populations any impact on genetic diversity was detected. The achieved genetic results clearly revealed geographic areas with potential problems for connectivity between animal populations caused by national highways. These results may be used for future planning and decisions for management implementations to defragment landscapes. The data collected may further be used to control the success of defragmentation measures in future.

Keywords: roe deer; *Capreolus capreolus*; fragmentation; transportation infrastructure; isolation; population size; genetic structure; genetic differentiation; genetic drift; inbreeding; metapopulation dynamics; habitat quality; species conservation; extinction; wildlife management

Vorwort

Die Zerschneidung der Landschaft in vom Mensch dicht genutzten Gebieten gilt als eines der grossen Probleme für den Erhalt der Biodiversität. Die Fragmentierung kann dazu führen, dass die Lebensräume für Fauna und Flora nicht mehr gross genug zum Überleben sind.

Manuela Di Giulio, Rolf Holderegger, Marion Bernhardt und Silvia Tobias unterbreiteten im Band 21 der Bristol-Schriftenreihe in Form einer Literaturstudie die aktuellen Erkenntnisse über die Auswirkungen der Zerschneidung der Landschaft auf Natur und Mensch. Sie präsentierten auch Lösungsansätze für die Praxis.

In diesen Themen-Schwerpunkt passt mit nun direkter Anwendung die vorliegende Studie, die den Fragmentierungseffekt bei Rehen untersucht, deren Metapopulationen durch den Nationalstrassenbau in den letzten Jahrzehnten aufgetrennt wurden.

In diesem Zusammenhang sensibilisierte mich die Aussage der Wildbiologin Helen Müri, dass es nur mehr einen intakt verbliebenen Wildtierkorridor in der Nordwestschweiz gäbe, der vom Jura ins Mittelland im Kanton Aargau führe. Die Studie von Otto Holzgang mit KollegInnen über «Korridore für die Wildtiere in der Schweiz» machte dann im Jahre 2001 auf diesen Umstand gesamtschweizerisch aufmerksam.

So wurde der Vorschlag der Wildbiologin Karin Hindenlang, ehemals an der Eidg. Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft (WSL), von der Bristol Stiftung gerne aufgenommen, am Reh als Modellart mittels seiner Genetik Verinselungseffekte zu untersuchen. Die beiden Autoren Josef Senn und Ralph Kuehn zeigen im ersten Teil dieses Bandes die Problematik der «Verinselung» auf dem Festland als Folgen für die Wildtiere auf. In vier räumlichen Einheiten im Schweizer Mittelland, sowie am Alpennordrand und im Fürstentum Liechtenstein führten sie ihre Untersuchungen anhand von 1200 Proben durch. Die Auswertungen zeigen deutliche genetische Differenzierungen, und zwar dort wo diese Fragmentierung durch Autobahnen und weitere Verkehrsträger besonders wirksam sind. Genetische Methoden eignen sich demnach hervorragend, die Auswirkungen von Verinselungen auf die räumliche Dynamik von Tierpopulationen zu zeigen. Damit werden Problemgebiete identifiziert und quantifiziert. Die «Defragmentierung» ist demnach ein wichtiges Erfordernis des Naturschutzes. Diese Rehproben bilden auch eine wertvolle Referenzsammlung für zukünftige Untersuchungen, beispielsweise ob realisierte Wildtierkorridore auch wirksam werden. Die Schlussfolgerungen und Empfehlungen der Autoren sind der Bristol-Stiftung das besondere Anliegen. Wir danken den Autoren für diese grosse und aufwändig erbrachte Leistung und wünschen der Publikation die gebührende Beachtung im Naturschutzalltag.

Mario F. Broggi
Stiftungsrat Bristol-Stiftung, Zürich

Dank

Wir danken den Jägern und Jagdbehörden der Kantone Aargau, Bern, Glarus, Luzern Schwyz, St. Gallen, Thurgau, Zug, Zürich und des Fürstentums Liechtenstein ganz herzlich für die Unterstützung bei der Planung und der Sammlung der Rehproben.

Karin Hindenlang danken wir für die Initiierung des Projektes und für ihren grossen Einsatz bei der Organisation der Probensammlung und Bernhard Stoeckle für seinen Einsatz im Labor und bei der Analyse der Rehproben. Wir danken Mario F. Broggi und der Bristol-Stiftung für die Finanzierung dieses Projektes.

Bernhard Nievergelt danken wir ganz herzlich für die kritische Durchsicht des Manuskriptes und für die Verbesserungsvorschläge. Ruth Landolt möchten wir ebenfalls ganz herzlich für die fachlichen und die «produktionstechnischen» Hinweise danken.

Josef Senn und Ralph Kuehn

Inhalt

Abstract	5
Vorwort	7
Dank	8
1 Von Inseln und Schutzgebieten	11
2 Lebensraumfragmentierung – die Verinselung auf dem Festland	15
2.1 Die Folgen für die Wildtiere	15
2.2 Die «effektive Maschenweite» als Mass für die Lebensraumfragmentierung	20
3 Biologische Folgen von Fragmentierung: Probleme von kleinen isolierten Populationen	23
3.1 Demographische Zufälligkeiten – oder wenn plötzlich nur noch Weibchen da sind	23
3.2 Gefährdung kleiner Populationen durch Schwankungen der Umweltbedingungen	23
3.3 Genetische Prozesse in kleinen Populationen	27
3.4 Inzucht in kleinen, isolierten Populationen	31
3.5 Der Aussterbestrudel	33
3.6 Inzucht: Problemwahrnehmung in der «Jagd-Praxis»	36
4 Das Reh als Modell-Art zur Untersuchung der Auswirkungen von Habitatfragmentierung auf die Genetik	41
5 Untersuchungsgebiete und Probenmaterial	45
5.1 Pilotprojekt	45
5.2 Auswahl der Untersuchungsgebiete	45
5.3 Probensammlung und DNA-Extraktion	45
5.4 Mikrosatelliten	47
5.5 Verfahren zur Darstellung geographischer und genealogischer Zusammenhänge	49
6 Resultate und Diskussion	53
6.1 Räumliche Verteilung der gesammelten Tiere	53
6.2 Räumliche Verteilung der gefundenen Genotypen	54
6.3 Die gesammelten Rehproben als Momentaufnahme	54
6.4 Bedeutung der Rehproben als Referenzsammlung für zukünftige Untersuchungen	63
6.5 Ein Beispiel für «Defragmentierung»	64

7	Folgerungen und Empfehlungen für die Naturschutzpraxis	67
8	Glossar	69
9	Literatur und Quellenangaben	71
	Portraits der Autoren	77