

Rotwild in Europa – Vielfalt, Biogeographie und Einfluss des Menschen

Frank E. Zachos^{1*}

Taxonomie des Rothirsches (*Cervus elaphus*) – Hirsch ist nicht gleich Hirsch

Der Rothirsch ist nah mit dem Sikahirsch (*Cervus nippon*) und dem Wapiti verwandt. Letzterer wird meist als eine getrennte Art vom Rothirsch betrachtet und unter dem Namen *Cervus canadensis* geführt. Doch auch in Europa gibt es eine beeindruckende Vielfalt innerhalb dessen, was wir als Art Rothirsch kennen. Eine Vielzahl von Unterarten sind im Laufe der Zeit beschrieben worden; die meisten nur auf der Basis sehr oberflächlicher Befunde. Es gibt jedoch auch einige recht gut geographisch und/oder morphologisch-genetisch abgrenzbare Taxa wie etwa die Hirsche der Iberischen Halbinsel (*C. elaphus hispanicus*) oder die Rothirsche der Britischen Inseln (*C. e. scoticus*). Am besten jedoch ist ein eigener Unterartstatus für drei evolutionär eigenständige und recht divergente Populationen zu begründen:

1. *C. e. corsicanus* (Tyrrhenischer Rothirsch; Sardinien und Korsika);
2. *C. e. barbarus* (Atlaschirsch; Nordafrika im Grenzgebiet von Tunesien und Algerien) sowie
3. *C. e. italicus* (Mesola-Rothirsch; Mesolaschutzgebiet im Podelta in Italien).

Die Frage, was Unterarten (bzw. Arten) sind und wie und ob sie sich objektiv voneinander abgrenzen lassen, wird in der Biologie seit ca. 300 Jahren diskutiert. Für den vorliegenden Kontext spreche ich von gut begründeten Unterarten, wenn es sich um eigenständige Linien innerhalb des Rothirsches handelt, die sich morphologisch und/oder genetisch von allen anderen unterscheiden.

Allen drei gemeinsam ist, dass sie morphologische Besonderheiten aufweisen und genetische Linien darstellen, die bei keinen anderen Rothirschen gefunden wurden (Zachos and Hartl, 2011; Zachos *et al.*, 2014; Lorenzini and Garofalo, 2015). Atlas- und Mesolahirsche zeigen eine Fleckung nicht nur bei Jungtieren und die Tyrrhenischen Rothirsche sind die kleinsten der Welt (Männchen wiegen nur um die 100 kg). Weiterhin verbindet diese drei Rothirschtaxa eine gemeinsame Leidensgeschichte: Alle sind sie dem Aussterbetod im 20. Jh. nur knapp entgangen, und teilweise war ihr Bestand auf einige wenige Tiere zusammengeschrumpft. Die genetischen Folgen sind bis heute sichtbar, zeigen sie doch im europäischen Vergleich die geringsten genetischen Diversitätsmaße (Hmwe *et al.*, 2006; Hajji *et al.*, 2007, 2008; Zachos *et al.*, 2009, 2016). Aufgrund ihrer Besonderheit und der z. T. nach wie vor bestehenden Bedrohung durch geringe Populationsgrößen und/oder genetische Verarmung sind diese drei Unterarten heute streng geschützt.

Phylogeographie des Rothirsches in Europa

Die Verbreitung europäischer Säugetierarten (und nicht nur dieser) sah zur letzten Eiszeit ganz anders aus als heute. Die Klimazonen waren südwärts verschoben, und viele Arten der gemäßigten Breiten mussten insbesondere das Letzte Glaziale Maximum (LGM, ca. 25.000 – 18.000 BP) in südlichen Refugialgebieten überdauern. In Europa waren dies vor allem die Iberische Halbinsel, Italien sowie der Balkan (Sommer and Zachos, 2009). Mit der Erwärmung nach dem LGM und vor allem im Holozän breiteten sich die Arten dann wieder nach Norden aus – auf unterschiedliche Weise, da Populationen aus den drei Refugialräumen unterschiedlich stark an der Rekolonisation beteiligt waren. Rothirsche in Europa zeigen vorwiegend zwei verschiedene genetische Linien der mitochondrialen DNA, die häufig für die molekulare Analyse der Verbreitungsgeschichte (Phylogeographie) benutzt wird: eine westliche und eine östliche. Die Westliche (als A bezeichnete) erstreckt sich von der Iberischen Halbinsel nordwärts über Frankreich, die Britischen Inseln, Skandinavien und Mitteleuropa bis nach Polen, während die Östliche (C genannt) hauptsächlich auf Südosteuropa und das östliche und südliche Mitteleuropa beschränkt ist (Ludt *et al.*, 2004; Sommer *et al.*, 2008; Skog *et al.*, 2009; Niedzalkowska *et al.*, 2011; Meiri *et al.*, 2018). Weite Teile Europas wurden demnach postglazial vom Westen wiederbesiedelt (im Gegensatz zum Reh, *Capreolus capreolus*, bei dem der Großteil der heute lebenden Populationen auf ein östliches Refugialgebiet zurückzugehen scheint; Sommer *et al.*, 2009). Eine Italien zuzuordnende Rothirschlinie wurde nicht gefunden, allerdings wurden bis auf die oben erwähnten Mesolahirsche auch alle autochthonen italienischen Rothirsche ausgerottet. Die außerhalb von Mesola heute in Italien lebenden Rothirsche sind wieder eingewandert oder vom Menschen wieder eingeführt. Eine dritte mtDNA-Linie (B) wurde jedoch auf den Tyrrhenischen Inseln (Sardinien und Korsika) sowie in Nordafrika gefunden. Genetische Untersuchungen an (sub-)fossilen Hirschen aus Italien aus einer Zeit, als noch autochthone Rothirsche dort lebten, haben die B-Linie dort mittlerweile nachweisen können und sie damit als die italienische Refugiallinie identifizieren können (Doan *et al.*, 2017).

Die Rothirsche Sardinien, Korsikas sowie Nordafrikas wurden vor Jahrtausenden dort eingeführt, sodass diese Regionen eine Art genetisches Museum für die in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet ausgestorbene genetische Linie darstellen.

¹ Naturhistorisches Museum Wien & Department für Integrative Zoologie der Universität Wien, Burgring 7, 1010 Wien

* Ansprechpartner: Priv.-Doz. Dr. habil. Frank E. Zachos, frank.zachos@nhm-wien.ac.at



Anthropogene Einflüsse auf den Genpool des Rothirsches in Europa

Die großen Säugetierarten sind in weiten Gebieten Europas mit einem ganz besonderen Evolutionsfaktor konfrontiert – dem Menschen. Durch die dichte Besiedlung und hoch entwickelte Infrastruktur, die das Verbreitungsgebiet dieser Arten immer weiter verkleinert und zerschneidet; durch direkte Verfolgung und Bejagung und den damit verbundenen künstlichen Selektionsdruck (Trophäenjagd!); und nicht zuletzt durch intensive Hege und Verbringungen nimmt der Mensch seit Jahrhunderten intensiv Einfluss auf Populationen von Arten wie dem Rothirsch (Hartl *et al.*, 2003).

Frühere und oft legale ebenso wie jüngere, oft illegale Translokationen („Verbringungen“) führen zu einer künstlichen Veränderung lokaler Genpools, so etwa mittels populationsgenetischer Analysen konkret nachgewiesen im Falle einiger auffälliger Hirsche in Luxemburg (Frantz *et al.*, 2006). Einer vor Kurzem publizierten umfangreichen Studie zufolge, in der knapp 1.800 belgische Hirsche genetisch mit einem europaweiten populationsgenetischen Referenzdatensatz (Zachos *et al.*, 2016) verglichen wurden, betrug der Anteil nicht-autochthoner Tiere (inkl. deren Nachfahren) ca. 3,7 % (Frantz *et al.*, 2017). Ob dieser Wert hoch oder niedrig ist, ist derzeit unbekannt, da es noch keine weiteren Untersuchungen vergleichbaren Ausmaßes gibt.

Der vermutlich bedeutendste anthropogene Faktor jedoch dürfte die Habitatfragmentierung sein. Vor allem Straßen, aber auch Flüsse oder Kanäle mit betonierten Uferböschungen können das natürlich vorhandene Wanderverhalten wirksam unterbinden. So ist der Einfluss von Autobahnen auf den Genfluss (bzw. die Verhinderung desselben) bei Rothirschen deutlich nachzuweisen (Frantz *et al.*, 2012). Der Umstand, dass dieselben Autobahnen, die zu einer genetischen Differenzierung beim Rothirsch führten, keinen solchen Effekt bei Wildschweinen derselben Region hatten (ibid.), zeigt aber auch, dass man mit Verallgemeinerungen vorsichtig sein muss. Wozu die genetische Verinselung in der Kulturlandschaft bei Rothirschen führen kann, zeigt sich exemplarisch in Schleswig-Holstein in Norddeutschland. Hier ist eine kleine Population von ca. 50 – 60 Tieren im Hasselbusch seit Jahrzehnten komplett isoliert. Die genetische Diversität ist entsprechend niedrig, und Inzuchtwerte sind hoch (Zachos *et al.*, 2016; Edelhoff *et al.*, unveröffentlicht). Die sogenannte effektive Populationsgröße, die ein Maß für die Verlustrate an genetischer Vielfalt ist, ist gefährlich niedrig (Zachos *et al.*, 2016), und es wurden wiederholt Tiere mit deutlich (ca. 5 cm) verkürztem Unterkiefer geschossen (Zachos *et al.*, 2007). Diese sogenannte *Brachygnathia inferior* ist eine Fehlbildung, die bei verschiedenen Arten im Zusammenhang mit hohen Inzuchtkoeffizienten steht. Gegenmaßnahmen, die die negativen Auswirkungen der anthropogenen Verinselung ausgleichen könnten, sind Grünbrücken, gezielte Aussetzungen nicht-verwandter Individuen oder der Schutz von Wanderkorridoren. So wirksam diese Methoden auch wären, sie sind allesamt mit hohem finanziellem und/oder logistischem Aufwand verbunden.

Literatur

- Doan K.; F.E. Zachos, B. Wilkens, J.-D. Vigne, N. Piotrowska, A. Stanković, B. Jędrzejewska, K. Stefaniak and M. Niedziałkowska (2017): Phylogeography of the Tyrrhenian red deer (*Cervus elaphus corsicanus*) resolved using ancient DNA of radiocarbon-dated subfossils. *Sci Rep* 7: 2331.
- Frantz A.C.; S. Bertouille, M.C. Eloy, A. Licoppe, F. Chaumont and M.-C. Flamand (2012): Comparative landscape genetic analyses show a Belgian motorway to be a gene flow barrier for red deer (*Cervus elaphus*), but not for wild boars (*Sus scrofa*). *Mol Ecol* 21: 3445 – 3457.
- Frantz A.C.; J. Tigel Pourtois, M. Heuertz, L. Schley, M.C. Flamand, A. Krier, S. Bertouille, F. Chaumont and T. Burke (2006): Genetic structure and assignment tests demonstrate illegal translocation of red deer (*Cervus elaphus*) into a continuous population. *Mol Ecol* 15: 3191 – 3203.
- Frantz A.C.; F.E. Zachos, S. Bertouille, M.-C. Eloy, M. Colyn and M.-C. Flamand (2017): Using genetic tools to estimate the prevalence of non-native red deer (*Cervus elaphus*) in a Western European population. *Ecol Evol* 7: 7650 – 7660.
- Hajji G.M.; F. Charfi-Cheikrouha, R. Lorenzini, J.-D. Vigne, G.B. Hartl and F.E. Zachos (2008): Phylogeography and founder effect of the endangered Corsican red deer (*Cervus elaphus corsicanus*). *Biodivers Conserv* 17: 659 – 673.
- Hajji G.M.; F.E. Zachos, F. Charfi-Cheikrouha and G.B. Hartl (2007): Conservation genetics of the imperilled Barbary red deer in Tunisia. *Anim Conserv* 10: 229 – 235.
- Hartl G.B.; F. Zachos and K. Nadlinger (2003): Genetic diversity in European red deer (*Cervus elaphus* L.): anthropogenic influences on natural populations. *CR Biologies* 326: S. 37 – 42.
- Hmwe S.S.; F.E. Zachos, I. Eckert, R. Lorenzini, R. Fico and G.B. Hartl (2006a): Conservation genetics of the endangered red deer from Sardinia and Mesola with further remarks on the phylogeography of *Cervus elaphus corsicanus*. *Biol J Linn Soc* 88: 691 – 701.
- Lorenzini R. and L. Garofalo (2015): Insights into the evolutionary history of *Cervus* (Cervidae, tribe Cervini) based on Bayesian analysis of mitochondrial marker sequences, with first indications for a new species. *J Zool Syst Evol Res* 53: 340 – 349.
- Ludt C.J.; W. Schroeder, O. Rottmann and R. Kuehn (2004): Mitochondrial DNA phylogeography of red deer (*Cervus elaphus*). *Mol Phyl Evol* 31: 1064 – 1083.
- Meiri M.; P. Kosintsev, K. Conroy, S. Meiri, I. Barnes and A. Lister (2018): Subspecies dynamics in space and time: A study of the red deer complex using ancient and modern DNA and morphology. *J. Biogeogr.* 45: 367 – 380.
- Niedziałkowska M.; B. Jędrzejewska, A.-C. Honnen, T. Otto, V.E. Sidorovich, K. Perzanowski, A. Skog, G.B. Hartl, T. Borowik, A.N. Bunevich, J. Lang and F.E. Zachos (2011): Molecular biogeography of red deer *Cervus elaphus* from eastern Europe: insights from mitochondrial DNA sequences. *Acta Theriol.* 56: 1 – 12.
- Skog A.; F.E. Zachos, E.K. Rueness, P.G.D. Feulner, A. Myrsterud, R. Langvatn, R. Lorenzini, S.S. Hmwe, I. Lehoczky, G.B. Hartl, N.C. Stenseth and K.S. Jakobsen (2009): Phylogeography of red deer (*Cervus elaphus*) in Europe. *J Biogeogr* 36: 66 – 77.
- Sommer R.S.; J.M. Fahlke, U. Schmölcke, U. Benecke and F.E. Zachos (2009): Quaternary history of the European roe deer *Capreolus capreolus*. *Mammal Rev* 39: 1 – 16.

- Sommer R.S. and F.E. Zachos (2009): Fossil evidence and phylogeography of temperate species: „glacial refugia” vs. postglacial recolonization. *J. Biogeogr.* 36: 2013 – 2020.
- Sommer R.S.; F.E. Zachos, M. Street, O. Jöris, A. Skog and N. Benecke (2008): Late Quaternary distribution dynamics and phylogeography of the red deer (*Cervus elaphus*) in Europe. *Quaternary Sci Rev* 27: 714 – 733.
- Zachos F.E.; C. Althoff, Y. v. Steynitz, I. Eckert and 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.
- Zachos F.E.; A.C. Frantz, R. Kuehn, S. Bertouille, M. Colyn, M. Niedzialkowska, J. Pérez-González, A. Skog, N. Sprëm and M.-C. Flamand (2016): Genetic structure and effective population sizes in European red deer (*Cervus elaphus*) at a continental scale: insights from microsatellite DNA. *J Hered* 107: 318 – 326.
- Zachos F.E.; G.M. Hajji, S.S. Hmwe, G.B. Hartl, R. Lorenzini and S. Mattioli (2009): Population viability analysis and genetic diversity of the endangered red deer population from Mesola. *Wildlife Biol* 15: 175 – 186.
- Zachos F.E. and G.B. Hartl (2011): Phylogeography, population genetics and conservation of the European red deer *Cervus elaphus*. *Mammal Rev.* 41: 138 – 150.
- Zachos F.E.; S. Mattioli, F. Ferretti and R. Lorenzini (2014): The unique Mesola red deer of Italy: taxonomic recognition (*Cervus elaphus italicus nova ssp.*, *Cervidae*) would endorse conservation. *Ital J Zool* 81: 136 – 143.