NATUR UND LANDSCHAFT Zeitschrift für Naturschutz und Landschaftspflege

314 W. Kohlhammer, Stuttgart

Nicht invasive genetische Untersuchungen des Feldhamsters und ihr Beitrag zu Erfassung, Monitoring und Populationsabgrenzung

Non-invasive genetic monitoring of the Common Hamster and the contribution of such monitoring to detection, surveillance and population differentiation

Tobias Erik Reiners und Carsten Nowak

Zusammenfassung

Anhand von aktuellen Forschungsarbeiten wird die Bedeutung begleitender genetischer Untersuchungen in Feldhamsterschutz- und Monitoringprojekten exemplarisch aufgezeigt. Mittels einfacher Haarfallen und hochauflösender Mikrosatellitenmarker gelingt es, Feldhamster individuell voneinander zu unterscheiden, Verwandtschaftsbeziehungen aufzulösen und die Dynamik innerhalb von Populationen zu erfassen. Die genetischen Analysen zeigen, dass Feldhamsterpopulationen durch Isolation und Lebensraumverlust beeinträchtigt sind. Des Weiteren kann die effektive Populationsgröße erfasst werden, die bessere Abschätzungen des Erhaltungszustands liefert, als es einfache Baukartierungen vermögen. In Erhaltungszuchten und Wiederansiedlungsprojekten wird das genetische Monitoring genutzt, um den Erfolg der Maßnahmen zu bewerten und zwischen autochthonen und angesiedelten Tieren zu unterscheiden. Wir empfehlen daher die Integration genetischer Erfassungsmethoden im Rahmen von Monitoringprogrammen und Schutzprojekten, um zukünftig Bestandstrends sowie den Erhaltungszustand von Populationen detaillierter erfassen zu können.

1 Einleitung

Der Feldhamster (Cricetus cricetus L. 1758) gehört in Westeuropa zu den stark gefährdeten Säugetierarten und kommt auch in Deutschland nur noch in wenigen zusammenhängenden Gebieten vor (Nechay 2000; Weinhold 2009). In der aktuellen Roten Liste für Deutschland ist er seit 2009 als "vom Aussterben bedroht" eingestuft ist (MEINIG et al. 2009). Die aktuelle Gefährdung des Feldhamsters wird in Staaten seiner westlichen Verbreitungsgrenze, wie in den Niederlanden, in Belgien und Frankreich, besonders deutlich. In diesen Ländern sind die Bestände in den letzten Jahrzehnten dramatisch eingebrochen oder sogar erloschen (Frankreich: Losin-GER u. Poter 2008; Niederlande und Belgien: Kuiters et al. 2010). Nach aktuellsten Erkenntnissen hat dieser Rückgang auch mehrere osteuropäische Staaten erfasst, darunter Polen (ZIOMEK u. BA-NASZEK 2007), Tschechien (TKADLEC et al. 2012) und die Ukraine (Rusin et al. 2013).

Durch die massiven landwirtschaftlichen und landschaftlichen Veränderungen sind Feldhamsterpopulationen am westlichen Arealrand im besonderen Maße von Habitatverlust, Verinselung und Isolation betroffen (BANASZEK et al. 2010; REINERS et al. 2011 c). Daraus resultierend zeigen zahlreiche der europäischen Populationen Zeichen von genetischer Verarmung (SMULDERS et al.

2003; NEUMANN et al. 2005; BANASZEK et al. 2010; LA HAYE et al. 2012; REINERS et al. 2011 a). In dem letzten Jahrzehnt hat sich gezeigt, dass die Berücksichtigung genetischer Aspekte zunehmend an Relevanz gewinnt. In diesem Artikel wird an aktuellen Forschungsarbeiten gezeigt, welche Methoden und Verfahren dem genetischen Feldhamster-Monitoring zu Grunde liegen und welche Erkenntnisse und Möglichkeiten für das verbesserte Verständnis des Feldhamsters und seines Schutzes entstehen.

2 Einfache, nicht invasive Gewinnung von DNA-Proben durch Haarfallen

Reiners et al. (2011b) entwickelten vor Kurzem eine einfache und kostengünstige Haarfalle, die die Gewinnung von Probenmaterial mit vergleichsweise geringem zeitlichem, logistischem und finanziellem Aufwand ermöglicht. Im Freiland konnte eine sehr hohe Fängigkeit von 30-50% erreicht werden. Bei günstiger Witterung kann so in einem Feldhamstervorkommen mit ca. 50 gefundenen Bauen in nur 2-3 Nächten eine ausreichende Anzahl von Proben für eine genetische Populationscharakterisierung gesammelt werden. Die Aufbewahrung der Proben in speziell dafür vorgesehenen, luftdichten Gefäßen ermöglicht eine schnelle und unkomplizierte Sicherung des genetischen Materials (Abb. 1). Der Einsatz dieser Haarfallen hat sich bereits in mehreren Studien in Baden-Württemberg, den Niederlanden, Belgien, Frankreich, Polen und der Ukraine bewährt (RAEDTS et al. 2011; REINERS et al. 2011 a; REINERS et al. 2013; RUSIN et al. 2013).

3 Ein individueller genetischer Fingerabdruck für Feldhamster

Die Feldhamster-Proben werden am Senckenberg-Labor für Wildtiergenetik mittels 18 variabler artspezifischer Kern-DNA-Markern untersucht, die als Mikrosatelliten bekannt sind (NEUMANN u. Jansman 2004; Jakob u. Mammen 2006). Einzelne Allele an jedem der 18 Loci (Locus=Genort, untersuchte Stelle in der DNA) unterscheiden sich durch die Länge der jeweiligen DNA-Sequenz. Ziel ist die Erfassung der Verteilung und Variabilität der Allele (=mittlere Anzahl von Allelen pro Genort) innerhalb einer Population. Umso höher die Anzahl von Allelen und je gleichmäßiger sie in einer Population verteilt sind, umso höher ist der Anteil an heterozygoten Individuen (=Heterozygotie). Die Heterozygotie ist gemeinhin das sinnvollste und am häufigsten verwendete Maß für die genetische Vielfalt innerhalb von Popu-

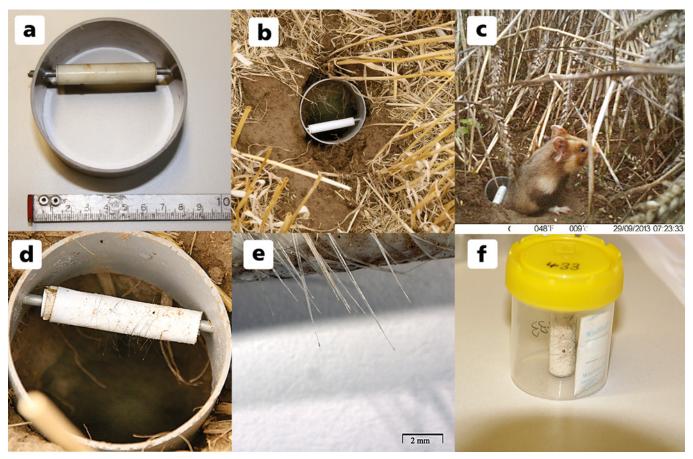


Abb. 1: Aufbau und Anwendung einer simplen und kostengünstigen Feldhamster-Haarfalle. Die Falle besteht aus einem PVC-Rohr, einem Eisennagel und einer Plastikrolle. Um die Plastikrolle wird doppelseitiges Klebeband gewickelt und in dem PCV-Rohr mit dem Eisennagel frei beweglich befestigt (a). Die Falle wird in den Eingang eines Baus gesteckt (b) und die Haare nach dem Passieren eines Tieres (c) durch eine rollende Bewegung entfernt. Gewonnene Proben enthalten meist viele Haarwurzeln mit einem ausreichenden Anteil an Follikelgewebe für eine anschließende genetische Untersuchung (d, e). Die Aufbewahrung der Proben in luftdichten, mit Trocknungsmittel versehenen Gefäßen, ermöglicht eine schnelle, unkomplizierte Sicherung und eine optimale Lagerung des genetischen Materials (f). (Fotos: Tobias Erik Reiners)

Fig. 1: Materials and application of the optimized hair trap. The trap consists of a PVC pipe with two holes, an iron nail and a plastic roll. The plastic roll is wrapped with double-faced adhesive tape and attached inside the pipe by the nail (a). Traps are placed in the entrances of burrows (b) and when an animal passes, hairs are plucked by the rolling tape (c). Plucked hairs contain a large amount of bulbs with a sufficient amount of follicular tissue (d & e). The preservation of samples in air-tight vials together with silica makes it possible to save and store genetic materials optimally (f).

Ähnlich wie in der Kriminalistik, kann das von uns verwendete genetische Markersystem auch zur sicheren Unterscheidung von Individuen verwendet werden. Die genetische Individualisierung kann beispielsweise für die Analyse des Baunutzungsverhaltens genutzt oder auch in klassischen Fang-Wiederfang-Studien verwendet werden. Für den praktischen Naturschutz ist die Methodik besonders relevant, da die Mindestanzahl von Individuen in einem Gebiet ermittelt werden kann, ohne Tiere zu fangen. Im Rahmen eines Monitoringprojekts in Frankfurt a.M. konnte gezeigt werden, dass in einer Schutzmaßnahme sieben Feldhamsterbaue angelegt waren. Nach intensiver Beprobung mittels Haarfallen wurden jedoch nur drei individuelle Tiere nachgewiesen (REINERS, unveröffentlicht). In einer aktuellen Studie zum Vorkommen des Feldhamsters im südlichen Elsass konnte gezeigt werden, dass

einzelne Individuen bis zu vier Baue auf einem Feld nutzen (Abb. 2, S. 358). Dass die Anzahl von genutzten Bauen saisonal sowie geschlechtsspezifisch schwanken kann, wurde bereits durch Telemetrieund Fang-Wiederfang Studien gezeigt (WEINHOLD 1998; KAYSER 2002). Über genetische Untersuchungen mittels Haarfallen und genetischer Individualisierung kann man den Faktor der mehrfachen Baunutzung durch einzelne Individuen zukünftig besser berücksichtigen.

4 Direkte verwandtschaftliche Beziehung

Die untersuchten Mikrosatelliten folgen der Mendel'schen Vererbung; die Nachkommen einer Paarung tragen folglich immer ein Allel des Vaters und ein Allel der Mutter und können somit auch zur Identifizierung verwandtschaftlicher Beziehungen verwendet werden (=genetischer Verwandtschaftstest). So kann es sowohl in Freilandstudien als auch in Feldhamsterzuchten von Interesse sein, ob Jungtiere von einem bestimmten Elterntier stammen. In der Feldhamsterzucht im Heidelberger Zoo konnte nach einer Geburt nicht eindeutig bestimmt werden, welches Männchen bei der Paarung erfolgreich war. Diese Information ist jedoch für ein vollständiges Zuchtbuch wichtig. Von den zwei potenziellen Vätern konnte schließlich durch die genetischen Analysen einer als der tatsächliche Erzeuger bestimmt werden (Tab.1, S.358).

Im Freiland ist die verwandtschaftliche Zuordnung für das Verständnis der Dynamik in Feldhamsterpopulationen von Bedeutung. In einem Gemeinschaftsprojekt mit der Universität Wien ist es gelungen, nahezu den vollständigen Stammbaum einer isolierten Feldhamsterpopulation zu rekonstruieren (Abb. 3, S. 359).

5 Isolation, Populationsabgrenzung und genetische Diversität

Populationen, die über einen langen Zeitraum voneinander reproduktiv isoliert sind, werden sich im Laufe der Zeit auf Grund stochastischer populationsgenetischer Prozesse immer unähnlicher. Ist die Anzahl der Tiere in einer isolierten Population gering, so wird dies auf Dauer zu Inzucht und einem Verlust von Allelen führen.

Im zentralen Verbreitungsschwerpunkt in Hessen (Rhein-Main-Gebiet und Wetterau bis Gießen) gibt es noch ein stetiges Feldhamstervorkommen, wobei einige Populationen durch ihre isolierte Lage und geringe Lebensraumgröße gefährdet sind. In einer Studie wurde die genetische Struktur von 5 Feldhamsterpopulationen mit unterschiedlichem Landschaftskontext verglichen (Abb.4, Tab.2, S.360). Zwei Populationen (LG, ZH) mit starker räumlicher Isolation und kleiner Lebensraumgröße zeigen Anzeichen von genetischer Verarmung. Populationen mit großem Lebensraum und stetigem Feldhamstervorkommen (MKK, FH) weisen dagegen eine vergleichsweise hohe genetische Diversität auf (Abb.5, S.361). Ein Ähnlichkeitsvergleich zeigt, dass sich die Teilpopulationen bereits voneinander differenziert haben. Populationen, welche nur 4km Luftlinie voneinander entfernt, aber durch Autobahnen getrennt sind (LG \rightarrow HH, FH \rightarrow ZH), zeigten dabei einen ähnlich hohen Grad an genetischer Differenzierung wie zwei 50km voneinander entfernte Populationen (Abb. 4, S. 360). Einen effektiven Austausch zwischen den Populationen über diese Barriere scheint es über Jahrzehnte hinweg nicht gegeben zu haben.

6 Effektive Populationsgröße und der Erhalt genetischer Diversität

Feldhamster sind r-Strategen und zeigen natürlicherweise starke Schwankun-

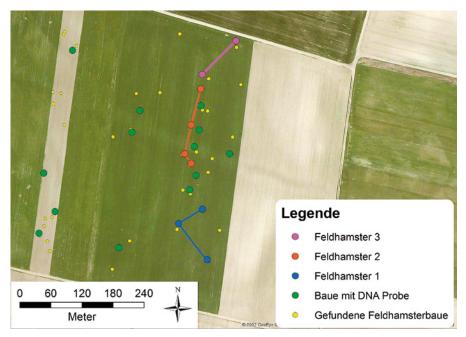


Abb. 2: Analyse des Baunutzungsverhaltens von Feldhamstern im südlichen Elsass mittels Haarfallen und genetischer Individualisierung. Drei Individuen konnten mehrfach in verschiedenen Bauen nachgewiesen werden.

Fig. 2: Analysis of burrow use behaviour of Common Hamsters in Southern Alsace, as revealed by hair traps and subsequent genetic individualization. Three individuals were detected at several burrows.

gen der Populationsgröße (WEINHOLD u. KAYSER 2006). Für den Fortbestand der Population ist nur das Vorkommen paarungsbereiter adulter Tiere in einem Gebiet wichtig. Die Anzahl der Tiere, die einen reproduktiven Beitrag für die nächste Generation liefern, bestimmt die effektive Populationsgröße. Es muss an dieser Stelle betont werden, dass für den Artenschutz die effektive und nicht die tatsächliche Populationsgröße die wichtigste Kenngröße ist, da sich nicht fortpflanzende Individuen in der Regel keinen Beitrag zum Populationserhalt leisten.

Dass genetische Diversität auch in rapide abnehmenden Feldhamsterpopulationen über einen längeren Zeitraum durch eine hohe effektive Populationsgröße erhalten bleiben kann, konnte in einer aktuellen Studie zum Feldhamster im Elsass gezeigt werden (REINERS et al.

2013). Trotz eines massiven Rückgangs der Verbreitung gibt es noch Feldhamster in der Nähe von Straßburg in einem etwa 5000 ha großen Lebensraum. Durch einen Vergleich zu einer genetischen Erfassung aus dem Jahr 1999, die in dem gleichem Gebiet durchgeführt wurde, konnte festgestellt werden, dass die genetische Diversität über 13 Jahre hinweg beinahe unverändert erhalten geblieben ist (Abb. 5, S. 361). Mittels statistischer Methoden wurde eine effektive Populationsgröße von Ne=427-580 in dem Gebiet ermittelt; ein Wert, der trotz des anhaltenden Populationsschwunds im Elsass ausreicht, um die genetische Diversität einer Population mittelfristig zu bewahren. Die genetische Diversität konnte auch in den Erhaltungszuchten bewahrt werden. Dort werden seit 2001 ca. 500 Tiere in mehreren Zuchtstationen gehalten. An die-

Tab. 1: Genetische Vaterschaftsanalyse eines Wurfs. Nur der potenzielle Vater 2 trägt die Allele (hier repräsentativ 5 der 18 Loci), die auch bei den Jungtieren gefunden wurden.

Tab. 1: Genetic paternity analysis of a litter. Only prospective father 2 exhibits the alleles (only 5 of 18 markers are shown) which are found in offspring as well.

Locus	IPK06a	IPK06b	IPK05a	IPK05b	IPK12a	IPK12b	IPK07a	IPK07b	IPK01a	IPK01b
potenzieller Vater 1	84	90	155	157	104	108	156	162	115	117
potenzieller Vater 2	82	82	155	157	106	108	162	164	119	127
Muttertier	84	84	153	153	100	100	162	164	115	127
Jungtier 1	82	84	153	157	100	108	162	164	119	127
Jungtier 2	82	84	153	157	100	108	164	164	115	119
Jungtier 3	82	84	153	157	100	108	162	164	119	127
Jungtier 4	82	84	153	157	100	106	162	164	119	127

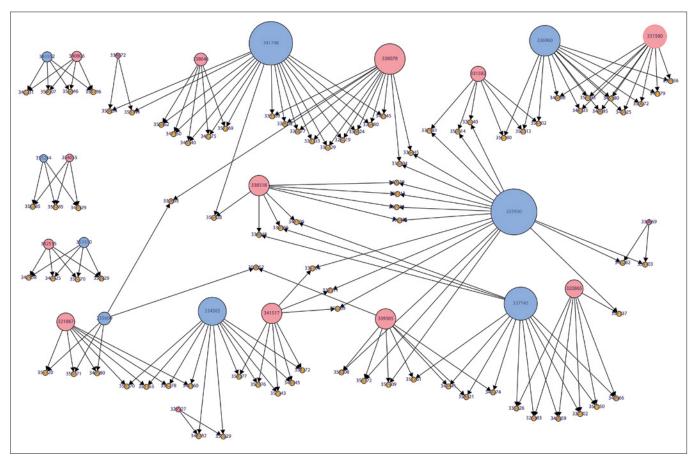


Abb. 3: Durch genetische Verwandtschaftstests aufgelöstes Paarungssystem von Feldhamstern in Wien. Weibchen sind in rot, Männchen in blau und Jungtiere in orange dargestellt. Die Größe der Kreise ist proportional zur Anzahl der Nachkommen.

Fig. 3: Mating system of Common Hamsters in Vienna, as revealed by genetic paternity analysis. Females are shown in red, males in blue and offspring in orange. The size of circles is proportional to the number of assigned offspring.

sem Beispiel wird ersichtlich, dass die Lebensraumgröße und eng damit verbunden die effektive Populationsgröße wichtige Faktoren für das Überleben des Feldhamsters und den Erhalt genetischer Diversität sind.

7 Genetisches Management in Erhaltungszuchten und Wiederansiedlungen

Die aktuelle Gefährdungssituation des Feldhamsters in Westeuropa bedingt das zeitnahe Ergreifen eines aktiven Populationsmanagements. Zur Verbesserung des Erhaltungszustands wird die Vermehrung von Hamstern in Erhaltungszuchten derzeit in den Niederlanden, in Frankreich und Baden-Württemberg durchgeführt. Diese bilden die Basis für die Bestandsstützung in stark dezimierten Populationen sowie die Wiederansiedlung der Tiere in erloschenen Populationsräumen. Hierbei spielt das genetische Begleitmonitoring aus mehreren Gründen eine zentrale Rolle:

 Erhaltung naturnaher Zustände – nach IUCN-Richtlinien (IUCN 1998)

- sind bei der Wiederansiedlung/Bestandsstützung bevorzugt Linien zu verwenden, die den autochthonen Beständen genetisch am ähnlichsten sind.
- Lokale Anpassung Verwendung fremder, nicht an lokale Bedingungen (Klima etc.) angepasster Zuchtlinien kann den Misserfolg der Wiederansiedlung/Bestandstützungsmaßnahmen zur Folge haben oder sogar die Bestandssituation der verbleibenden autochthonen Bestände verschlechtern (outbreeding depression).
- Genetische Diversität in Zuchtlinien Inzucht und genetische Verarmung führen zur Absenkung der Fertilität und Gesamtfitness und reduzieren die Erfolgsaussichten der ergriffenen Maßnahmen. Regelmäßige genetische Messungen bilden ein Frühwarnsystem und erlauben die Identifikation der geeignetsten Zuchttiere für den genetischen Diversitätserhalt.
- Erfolgskontrolle eine gute genetische Charakterisierung der Auswilderungszucht erlaubt die spätere Erfolgskontrolle im Freiland durch den genetischen Abgleich mit den Zuchtlinien

7.1 Identifizierung autochthoner Feldhamster in Baden-Württemberg

Der fortschreitende Rückgang der Feldhamsterbestände rund um Mannheim führte dazu, dass im Jahr 2004 im Zoo Heidelberg eine Auswilderungszucht etabliert wurde. Da die Dichten der Feldhamster im Jahr 2004 jedoch bereits sehr gering waren, konnte keine Entnahme von Gründertieren aus dem Freiland durchgeführt werden. Als alternative Gründerpopulation wurden Hamster aus dem Elsass identifiziert. Im Jahr 2007 wurden insgesamt 70 Tiere aus der Zucht in Straßburg für den Aufbau eines Zuchtstocks erworben. Seit 2007 wurden jährlich etwa 70 Tiere nahe Mannheim ausgewildert. Ab 2009 wurden einzelne Männchen in der Region gefangen und mit den französischen Gründertieren gekreuzt. Trotz der Einkreuzung einzelner Männchen aus der Region schien das autochthone Vorkommen bis auf wenige Tiere erloschen. Im Jahr 2012 wurden jedoch Feldhamsterbaue in einem Gebiet gefunden, in dem die Feldhamster als ausgestorben galten. Mittels Haarfallenmethode wurden 2012

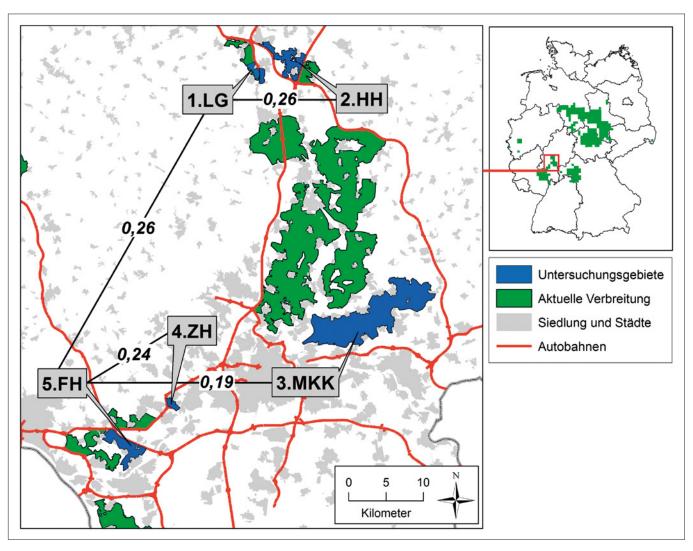


Abb. 4: Verbreitung des Feldhamsters in Mittelhessen (grün) und Lage der fünf Untersuchungsgebiete (blau), in denen eine genetische Erfassung durchgeführt wurde. Die genetische Differenzierung (Linien und Werte) ist auch zwischen nahe gelegenen Populationen hoch, unbeachtet der räumlichen Distanz.

Fig. 4: Distribution of Common Hamsters in central Hesse (green) and location of the five study sites (blue) where the genetic monitoring was carried out. The genetic distances (lines and values) are high even if spatial distance is low.

zwei Baue erfolgreich beprobt. Die genetischen Analysen zeigten bei beiden Tieren das Vorkommen von Allelen, welche in der Erhaltungszucht nicht vorhanden waren. Ein Abgleich mit genetischen Daten von Neumann aus dem Jahr 1997 belegte, dass es sich bei den Tieren tatsächlich um autochthone Feldhamster der Region handelte (Abb.6, S.362). Eines der Tiere wurde in die Erhaltungszucht in Heidelberg integriert, da sie einerseits die genetische Diversität in den Zuchten erhöhen, und darüber hinaus genetische Merkmale der Ursprungspopulation in die Zucht bringen.

7.2 Genetisches Management und genetische Auffrischung von Feldhamstern in Belgien

Wie eine erfolgreiche Bestandstützung und die Erfolgskontrolle mittels eines genetischen Monitorings durchgeführt werden kann, wurde in einem Vorkommen in Belgien, welches bereits starke Inzucht aufwies, gezeigt. Die Bestände bei Tongeren wurden 2007 und 2008 mit Tieren aus einer niederländisch-nordrhein-westfälischen Zuchtline gestützt. Es wurden 30 bzw. 27 Tiere in zwei Phasen ausgewildert. Mittels Haarfallen wurden die Bestände 2010 beprobt und eine Kreuzung der autochthonen belgischen Bestände mit den ausgewilderten Tieren bestätigt. Die genetische Diver-

sität der belgischen Bestände konnte so von He=0 (keine genetische Diversität) auf He=0.33 erhöht werden. Die genetische Rettung der belgischen Bestände ist demnach als erfolgreich anzusehen.

8 Ausblick

Es zeigt sich immer wieder, dass der Einsatz genetischer Marker oft kostengünstiger ist als eine langfristige telemetrische

Tab. 2: Genetische Diversität (Heterozygotie) in Abhängigkeit von der Lebensraumgröße für die fünf untersuchten Feldhamsterpopulationen

Tab. 2: Genetic diversity (heterozygosity) as a function of habitat size for five Common Hamster populations studied

Gebietskürzel	Proben	Lebensraum [ha]	Genetische Diversität	
1.LG	76	350	0,35	
2. HH	23	990	0,44	
3. MKK	36	6 100	0,48	
4. ZH	35	150	0,37	
5. FH	32	990	0,49	

Erfolgskontrolle oder eine Fang-Wiederfang-Studie, die meist mit hohem Zeitund Personalaufwand verbunden sind. Darüber hinaus ist eine langfristige und nachhaltige Evaluierung der ergriffenen Maßnahmen mit klassischen Methoden allein kaum möglich, da auch bei intensiver Verwendung von Telemetrie oder intensiven Baukartierungen die Unterscheidung zwischen ausgewilderten und autochthonen Tieren über mehrere Generationen hinweg nicht möglich ist und damit der Auswilderungserfolg bei Bestandsstützungen langfristig nicht sicher bestimmt werden kann. Für einen nachhaltigen Feldhamsterschutz sind die genetischen Erfassungen von unschätzbarem Wert. Auf Grund der Bedeutung genetischer Faktoren und der gezeigten Vorteile DNA-basierter Untersuchungsmethoden wird empfohlen, im Rahmen des bundesweiten FFH-Monitorings des Feldhamsters genetische Untersuchungen routinemäßig zu implementieren. Dies könnte über das Sammeln von Haarproben in jeder Stichprobenfläche geschehen, mittels derer der genetische Populationszustand und der Grad an Konnektivität zu benachbarten Populationen bestimmt werden kann. Über mehrere Berichtsperioden hinweg könnten so Populationstrends über die Bestimmung der effektiven Populationsgröße weitaus genauer ermittelt werden, als es momentan über die reine Baukartierung geschieht. Auch würden genetische Faktoren, die das langfristige Überleben der Population gefährden, wie Inzucht und der Verlust evolutionären Potenzials, rechtzeitig erkannt, um effektive Gegenmaßnahmen ergreifen zu können.

9 Summary

Based on current research projects we document how genetic monitoring of Common Hamsters is used in conservation research and monitoring. With the help of simple and effective hair traps, genetic tools make it possible to distinguish individuals, resolve relatedness within populations and understand population dynamics in this species. Ongoing genetic analyses highlight that Common Hamster populations are threatened by habitat loss and isolation. Genetic analyses also facilitate the determination of effective population sizes as an important indicator of population status in species conservation. In reintroduction programmes genetic monitoring is used to evaluate the effectiveness of the implemented actions in the field. We strongly urge the routine integration of effective genetic monitoring in the frame of ongoing species conservation and monitoring

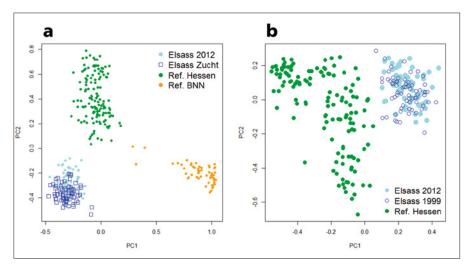


Abb. 5: Erhalt der genetischen Diversität im Elsass in Erhaltungszuchten (a) und im Freiland (b) im Vergleich zu Populationen in Hessen und BNN (Belgien, Niederlande, NRW). Die Feldhamster in Zuchten (a, blaue Vierecke) und aus dem Jahr 1999 (b, blaue Kreise) zeigen die gleiche genetische Diversität wie Feldhamster aus dem Jahr 2012 (a, b, hellblaue Punkte).

Fig. 5: Preservation of genetic diversity in Alsace in conservation breeding **(a)** and in the wild **(b)** in comparison to populations in Hesse and BNN (Belgium, Netherlands, North-Rhine/ Westphalia). Common Hamsters in breeding stations (a, blue squares) and of 1999 (b, blue open circles) show the same genetic diversity as found in Common Hamsters sampled in 2012 (a, b, light blue filled circles).

programmes. This integration will allow for an improved assessment of population trends and help to reveal the impact of landscape characteristics as well as genetic factors on the status of Common Hamster populations.

10 Literatur

Banaszek, A.; Jadwiszczak, K.A. u. Ziomek, J. (2010): Genetic variability and differentiation in the Polish common hamster (*Cricetus cricetus* L.): Genetic consequences of agricultural habitat fragmentation. Mammalian Biology 76 (6): 665–671.

IUCN/SSC RE-INTRODUCTION SPECIALIST GROUP. (1998): IUCN Guidelines for Re-introductions. IUCN. http://www.iucnsscrsg.org/. Zuletzt aufgerufen am 1.4.2014.

Jakob, S.S. u. Mammen, K. (2006): Eight new polymorphic microsatellite loci for genetic analyses in the endangered common hamster (*Cricetus cricetus* L.). Molecular Ecology Notes 6 (2): 511–513.

KAYSER A. (2002): Populationsökologische Studien zum Feldhamster *Cricetus cricetus* (L. 1758) in Sachsen-Anhalt. Dissertation an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg. 101 S.

Kuiters, A.T.; La Haye, M.J.J.; Müskens, G.J.D.M. u. Van Kats, R.J.M. (2010): Perspectieven voor een duurzame bescher-

ming van de hamster in Nederland. Alterra. Wageningen. 80 S.

La Haye, M.J.J.; Neumann, K. u. Koelewijn, H. (2012): Strong decline of gene diversity in local populations of the highly endangered Common hamster (*Cricetus cricetus*) in the western part of its European range. Conservation Genetics 13 (2): 311–322.

Losinger, I. u. Poter, J. (2008): The second French Common Hamster (*Cricetus cricetus* L.) conservation program: concept and details. Common Hamster (*Cricetus Cricetus*): Perspectives on an Endangered Species 25: 11–25.

MEINIG, H.; BOYE, P. u. HUTTERER, R. (2009): Rote Liste und Gesamtartenliste der Säugetiere (Mammalia) Deutschlands. Naturschutz und Biologische Vielfalt 70: 115–135.

NECHAY, G. (2000): Report on the status of hamsters: *Cricetus cricetus, Cricetulus migratorius, Mesocricetus newtoni* and other hamster species in Europe. Nature and Environment. Strasbourg. 106S.

NEUMANN, K. u. Jansman, H. (2004): Polymorphic microsatellites for the analysis of endangered common hamster populations (*Cricetus cricetus* L.). Conservation Genetics 5 (1): 127–130.

NEUMANN, K.; MICHAUX, J.R.; MAAK, S.; JANSMAN, H.A.H.; KAYSER, A.; MUNDT, G. u. GATTERMANN, R. (2005): Genetic spatial

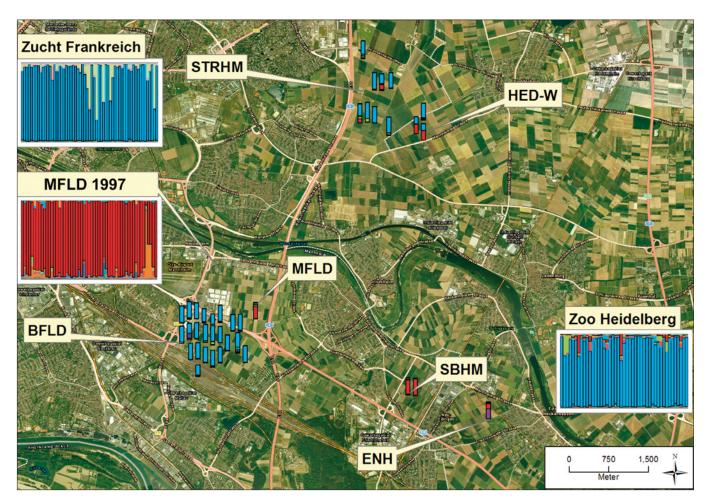


Abb. 6: Räumliche Darstellung der Ergebnisse des genetischen Monitorings bei Mannheim von 2012. Die Balken stellen die Wahrscheinlichkeit der Zugehörigkeit von einzelnen Individuen zu einer Elternpopulation dar. Die Tiere aus Auswilderungsgebieten (BFLD und STRHM) können den Zuchten in Heidelberg und Frankreich eindeutig zugeordnet werden (hellblau). Die Tiere aus MFLD und SBHM können dagegen klar den autochthonen Feldhamster-Referenzproben von 1997 aus MFLD zugeordnet werden (rot). Ein Tier aus ENH besitzt einen autochthonen Genotyp und einen zusätzlichen bisher unbekannten Teil. In HED-W und STRHM sowie in der Zucht in Heidelberg sind jedoch auch Mischgenotypen aus beiden Elternpopulationen (rot und blau) zu finden.

Fig. 6: Spatial presentation of the results of the genetic monitoring carried out in Mannheim in 2012. The coloured bars indicate the probability of membership of sampled individuals to a parental population. Animals in reintroduction sites (BFLD & STRHM) can be assigned to the breeding stations in France and Heidelberg (blue). Individual samples in MFLD and SBHM can be clearly assigned to the autochthonous reference population samples in MFLD in 1997 (red). A single animal out of ENH exhibits an autochthonous genotype as well as an unknown part. In HED-W and STRHM as well as in the breeding in Heidelberg mixed genotypes of both parental populations (red and blue) were also found.

structure of European common hamsters (*Cricetus cricetus*): a result of repeated range expansion and demographic bottlenecks. Molecular Ecology 14 (5): 1473–1483.

RAEDTS, R.; VAN KATS, R.J.M.; KOELEWIJN, H.; KUITERS, L.; MÜSKENS G.J.D.M. u. LA HAYE, M.J.J. (2011): Genetic diversity in reintroduced and restocked populations of the Common hamster (*Cricetus cricetus*). Säugetierkundliche Informationen 8 (42): 107–116.

Reiners, T.E.; Bornmann, N. u. Encarnação, J.A. (2011a): Genetic diversity of common hamster populations (*Cricetus cricetus*) revealed by non-invasive genetics. Säugetierkundliche Informationen 8(42): 99–105.

REINERS, T.E.; ENCARNAÇÃO, J.A. u. Wolters, V. (2011b): An optimized hair-trap

for non-invasive genetic studies. European Journal of Wildlife Research 57 (4): 991–995.

REINERS, T. E.; GOTTSCHALK, T. K. u. ENCARNAÇÃO, J. A. (2011c): Potential vs. realized distribution – Habitat suitability modelling for the Common hamster (*Cricetus cricetus*) in Hesse (Germany). Säugetierkundliche Informationen 8(42): 51–61.

Reiners, T. E.; Eidenschenk, J.; Neumann, K. u. Nowak, C. (2013): Preservation of genetic diversity in a wild and captive population of a rapidly declining mammal, the Common hamster of the French Alsace region. Mammalian Biology. DOI: j.mambio. 2013.10.004.

Rusin, M. Y.; Banaszek, A. u. Mishta, A. V. (2013). The common hamster (*Cricetus crice*-

tus) in Ukraine: evidence for population decline. Folia Zoologica 62(3): 207–213.

SMULDERS, M.J.M.; SNOEK, L.B.; BOOY, G. u. VOSMAN, B. (2003): Complete loss of MHC genetic diversity in the Common Hamster (*Cricetus cricetus*) population in The Netherlands. Consequences for conservation strategies. Conservation Genetics 4(4): 441–451.

TKADLEC, E.; HEROLDOVA, M.; VISKOVA, V.; BEDNAR, M. u. ZEJDA, J. (2012): Distribution of the common hamster in the Czech Republic after 2000: retreating to optimum lowland habitats. Folia Zoologica 61 (3–4): 246–253.

WEINHOLD, U. (1998) Zur Verbreitung und Ökologie des Feldhamsters (*Cricetus crice-*

Anzeigen

tus L. 1758) in Baden-Württemberg, unter besonderer Berücksichtigung der räumlichen Organisation auf intensiv genutzten landwirtschaftlichen Flächen im Raum Mannheim-Heidelberg. Dissertation an der Ruprecht-Karls-Universität in Heidelberg. 130 S.

Weinhold, U. (2009): European Action Plan for the conservation of the Common hamster (*Cricetus cricetus*, L. 1758). Convention on the Conservation of European Wildlife and Natural Habitats. Strasbourg, Council of Europe. Documents of the 28th meeting T-PVS/Inf (2008). 9 rev. 38 S.

WEINHOLD, U. u. KAYSER, A. (2006): Der Feldhamster. Westarp Wiss.-Verl.-Ges. Hohenwarsleben. 128S.

ZIOMEK, J. u. BANASZEK, A. (2007): The Common hamster, *Cricetus cricetus*, in Poland: status and current range. Folia Zoologica Praha 56(3): 235.

Tobias Erik Reiners

Korrespondierender Autor

Senckenberg Forschungsinstitut und Naturkundemuseum Fachgebiet Naturschutzgenetik Clamecystraße 12 63571 Gelnhausen E-Mail:

Tobias.reiners@senckenberg.de



Der Autor, geboren am 30.9.1983, studierte Biologie an der Justus-Liebig-Universität in Gießen. Im Rahmen seiner Diplomarbeit befasste er sich mit dem Einfluss von Landschaftselementen auf Populationen des Feldhamsters. Hier erstellte er

Habitatmodelle und kombinierte diese mit genetischen Analysen. Ab 2010 war er als wissenschaftlicher Mitarbeiter in der Arbeitsgruppe Säugetierökologie tätig und erforschte die Habitatnutzung von Fledermäusen und Kleinsäugern. Seit 2012 ist er Doktorand am Senckenberg Forschungsinstitut, Fachgebiet Naturschutzgenetik, und bearbeitet neben seiner Promotion über den Feldhamster u. a. das genetische Monitoring von Wildkatzen, Braunbären und weiteren Säugetieren. Freiberuflich arbeitet er beim Monitoring des Feldhamsters in Hessen mit und koordiniert Schutzmaßnahmen im Rahmen des Artenhilfsprogramms. Weiter ist er für die Arbeitsgemeinschaft Feldhamsterschutz (AGF, http://www.feldhamster.de) tätig und betreut ehrenamtliche Schutzprojekte für den Feldhamster.

Dr. Carsten Nowak
Senckenberg Forschungsinstitut
und Naturkundemuseum
Fachgebiet Naturschutzgenetik
Clamecystraße 12
63571 Gelnhausen
E-Mail: cnowak@senckenberg.de





