

Molekulare Marker erzählen aus dem Geschichtenbuch: Auerhuhn-Populationsgenetik in den Schweizer Alpen

Felix Gugerli, Gwenaël Jacob und Kurt Bollmann



GUGERLI, F., G. JACOB & K. BOLLMANN (2008): Molecular markers tell the story: population genetics of Western Capercaillie in the Swiss Alps. *Ornithol. Beob.* 105: 77–84.

We illustrate how molecular-genetic markers help to better understand population processes in the context of the latter's history and the landscape in which they take place. In the Western Capercaillie *Tetrao urogallus* populations of the Swiss Alps, extensive genotyping using non-invasively sampled faeces and feathers revealed historical gene flow within and among regional occurrences, while the comparison with museum specimens showed the loss of one formerly frequent allele during the 20th century, representing diversity reduction owing to genetic drift. Estimates based on genotyping gave higher population sizes than those taken from direct and indirect evidences of Capercaillie presence assessed by thorough field work. A time series of one model population (Schwäg-alp) demonstrated a positive trend in population size over six years, which we consider a consequence of the conservation measures taken in this area and/or of favourable breeding conditions in the year 2003. We highlight the added value of molecular-genetic data, in combination with information from the field and habitat analyses, to increase the effect of conservation measures for the vulnerable Capercaillie as a model species for rare, elusive animal species.

Felix Gugerli¹, Gwenaël Jacob² und Kurt Bollmann, Eidgenössische Forschungsanstalt WSL, Zürcherstrasse 111, CH–8903 Birmensdorf, ¹ E-Mail felix.gugerli@wsl.ch. ² gegenwärtige Adresse: Laboratoire d'Ecologie, Systématique et Evolution, UMR 8079 – Université Paris-Sud, Bâtiment 362, F–91405 Orsay cedex

Seit Kindsbeinen tragen wir das Bild des dunklen Tannenwaldes in uns, der als Inbegriff für das Unheimliche in der Märchenlandschaft steht. Es ist genau dieser dunkle Wald, der auch dem Auerhuhn in unseren Gebirgswäldern zu schaffen macht: Zu viele dicht stehende gleichaltrige Fichtenbestände sind in diesem Fall nicht des Hasen, aber mittelfristig des Auerhuhns Tod, oder anders ausgedrückt: Das Auerhuhn ist auf lichte, reich strukturierte Wälder angewiesen, die ihm als geeigneter Lebensraum dienen.

Die Aufforstungen des 19. und die forstliche Bewirtschaftung des 20. Jahrhunderts haben wesentlich zur heutigen dichten und gleich-

altrigen Bestandsstruktur vieler subalpiner Wälder – eines wichtigen Lebensraums der Auerhühner in Zentraleuropa – beigetragen. So blieben vielerorts die eher feuchten Moorwälder oder Waldgebiete der höheren Lagen mit eingeschränktem Baumwachstum und Sturmflächen als mögliche Auerhuhnhabitate zurück (Bollmann & Graf 2008). Die schleichende Verminderung der Qualität und der flächenmässige Rückgang der Lebensräume haben zu einer Verinselung (Fragmentation) der besiedelten Lebensräume und im Gleichschritt zu einer Abnahme der Anzahl und der Grösse der Auerhuhnpopulationen geführt (Marti & Hess 1998, Mollet et al. 2003).

Es ist also höchste Zeit, dem Auerhuhn unter die Flügel zu greifen und Anstrengung zu seinem Schutz zu unternehmen. Dazu bedarf es solider Grundlagendaten, welche die Situation der Auerhuhnpopulationen beschreiben und Rückschlüsse auf (negative) Veränderungen erlauben. Da Auerhühner nicht nur sehr scheu und schlecht zu beobachten, sondern auch selten sind, ist es nicht ganz einfach, zu zuverlässigen Daten zu kommen. Zudem lassen sich viele Populationsprozesse nicht beobachten. Deshalb bieten sich genetische Methoden an, Licht in den dunklen Tannenwald zu bringen.

Was genau lässt sich damit herausfinden? Die Anwendung molekular-genetischer Methoden (selektiv neutrale Marker) erlaubt es uns, Populationsprozesse nachzuvollziehen, welche der direkten Beobachtung nicht zugänglich sind und auch nicht durch Experimente beschrieben werden können. Die Palette der möglichen Anwendungen dieser Marker ist gross und reicht von der Bestimmung der Art und des Geschlechts über die Untersuchung der Auswirkung von landschaftlichen Barrieren auf den Genfluss bis hin zum genetischen Fingerabdruck, welcher das Monitoring von Individuen möglich macht. Was sich jedoch aus solchen genetischen Daten nicht direkt ablesen lässt, ist der Fitnesszustand oder die Anpassungsfähigkeit einer Population oder eines Individuums. Dazu bedarf es entweder demographischer Erhebungen (z.B. Fortpflanzungserfolg, Sterberaten) oder genetischer Marker, welche nicht neutral, sondern der Selektion unterworfen sind. Solche Marker sind jedoch zur Zeit zumindest für das Auerhuhn nicht verfügbar. Dies zeigt auch, dass genetische Daten nicht besser oder schlechter sind als andere Methoden, sondern einen komplementären Zugang zu räumlichen und zeitlichen Prozessen erlauben – sie können Feldarbeit nicht ersetzen, aber ergänzen.

Wenn aber das Studienobjekt wie im Falle des Auerhuhns so selten, unauffällig und störungsanfällig ist, ist es für die Forschenden schwierig, zu geeigneten Gewebeproben zu kommen, aus denen sie das Erbgut (DNA) isolieren und analysieren können. Dank der Polymerase-Kettenreaktion (englisch: polymerase chain reaction, PCR), mit der bereits aus wenigen Zellen DNA vervielfältigt und somit

für die Analyse zugänglich gemacht werden kann, wird nur wenig Gewebe benötigt. Im Fall des Auerhuhns können dies Darmepithelzellen sein, welche im Kot enthalten sind. Dank der Ernährung des Auerhuhns – die Winternahrung besteht fast ausschliesslich aus «kratzigen» Koniferennadeln – werden ausreichend Zellen ausgeschieden. Da die DNA in den toten Zellen jedoch schnell abgebaut wird, ist es besonders günstig, die Losungswalzen im Winter zu sammeln, denn die tiefen Temperaturen verlangsamen den Abbau. Als Alternative zum Kot dienen im Spätsommer Mauserfedern, deren Basis Haut- oder Blutzellen enthält. Diese Art von nicht-invasiv gesammelten Proben hat es uns ermöglicht, ohne grosse Störungen ausreichend Material für die genetischen Untersuchungen im Labor zu sammeln.

Allerdings bergen solche Proben verschiedene technische Probleme, welche die Analyse sehr aufwändig machen. Vorab gilt es darauf zu achten, die Proben vor gegenseitiger Kontamination zu schützen. Denn wo nur wenig DNA vorhanden ist, kann diese auch schnell durch solche einer anderen Probe verunreinigt werden, was die Resultate verfälschen würde. Zudem ist es möglich, dass die PCR fehlerhaft oder unvollständig ist. Deshalb müssen von allen Proben wiederholte Analysen gemacht werden. Dennoch gibt es in etwa einem Drittel der gesammelten Proben keine verwendbaren Resultate.

In dem von der Eidg. Forschungsanstalt WSL durchgeführten Projekt zur Populationsbiologie des Auerhuhns (Bollmann et al. 2008) wurden genetische Analysen an einer Stichprobe von Lokalpopulationen des Auerhuhns in den Schweizer Alpen durchgeführt. Im Zentrum dieser als Dissertation durchgeführten Studie (Jacob 2006) standen Fragen zum historischen Genfluss, zur Veränderung der Diversität über die Zeit und zu den Möglichkeiten von Populations-schätzung und Monitoring. Ein Folgeprojekt ermöglichte es, am Beispiel der Schwägälpe Proben aus mehreren Jahren zu untersuchen, um die Entwicklung eines Auerhuhnvorkommens über die Zeit zu verfolgen (Debrunner et al. 2005). Diese Arbeiten zeigen, wie genetische Resultate die im Feld gewonnenen Erkenntnisse ergänzen und so zu einem wir-

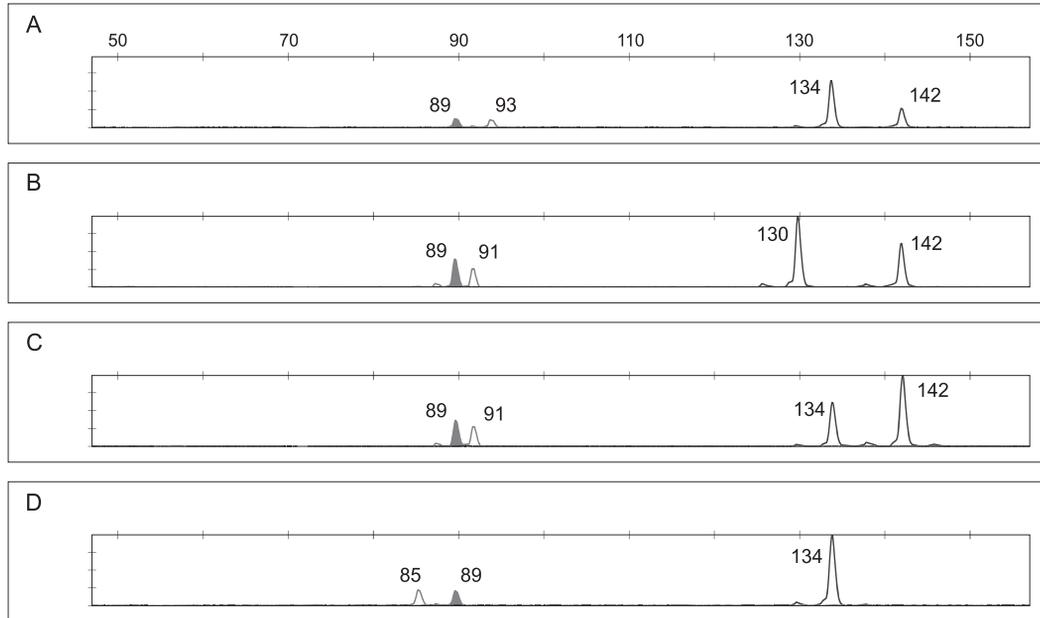


Abb. 1. Beispiel des genetischen Fingerabdrucks von zwei Individuen basierend auf nukleären Mikrosatelliten-Genorten. Die Kurvenausschläge in den Beispieldiagrammen (Elektropherogramme) repräsentieren für jedes Individuum, A–D, bzw. jeden der zwei Genorte (grau, 85–93 Basenpaare bzw. schwarz, 130–142 Basenpaare) die Allel-Kombination (ein Allel wenn homozygot, zwei Allele wenn heterozygot). Der ausgefüllte Kurvenausschlag markiert eines der Fragmente, welches als identisches Allel in jedem der vier Individuen vorkommt. Die eingefügten Zahlen geben die geschätzte Länge der DNA-Fragmente in Basenpaaren an. Wenn mehrere genügend variable Genorte kombiniert werden, erlaubt die Kombinatorik eine individuelle Zuordnung der Individuen, z.B. für Einzeltier-Monitoring, Populationsstammbäume etc. – *Example of genetic fingerprints of two individuals based on nuclear microsatellite gene loci. The curve peaks in the example diagrams (electropherograms) represent the allele combination (one allele if homozygous, two alleles if heterozygous) for each individual, A–D, and two gene loci (grey or black; 85–93 or 130–142 base pairs), respectively. The filled peak marks one fragment which represents one identical allele occurring in each of the four individuals. The numbers indicate the estimated DNA fragment lengths in base pairs. Combining several sufficiently variable gene loci allows one to identify individuals, e.g. to monitor single animals or create pedigrees within populations.*

kungsvollen Schutz der Auerhuhnpopulationen beitragen können.

Es war einmal ... – historische Prozesse

Ein grosser Teil der heutzutage oft durchgeführten molekulargenetischen Untersuchungen befasst sich mit der genetischen Struktur von Populationen innerhalb einer Art. Man bestimmt die genetische Verwandtschaft bzw. die genetische Differenzierung zwischen einzelnen Populationen, was auf vergangene Prozesse wie Genfluss schliessen lässt. Wenn zwei Populationen genetisch sehr ähnlich sind,

kann man davon ausgehen, dass sie zumindest früher im Austausch miteinander gestanden sind, während sich räumlich seit Längerem voneinander getrennte Populationen genetisch deutlich unterscheiden. Ein weiterer wichtiger Parameter in solchen Untersuchungen ist die Schätzung der genetischen Diversität innerhalb von Populationen. Aus theoretischen Überlegungen geht hervor, dass kleine, isolierte Populationen im Vergleich mit grossen und zusammenhängenden Populationen eine reduzierte genetische Diversität aufweisen. Allerdings ist es schwierig zu sagen, was genau «reduziert» bedeutet, da in den meisten Fällen eine direk-

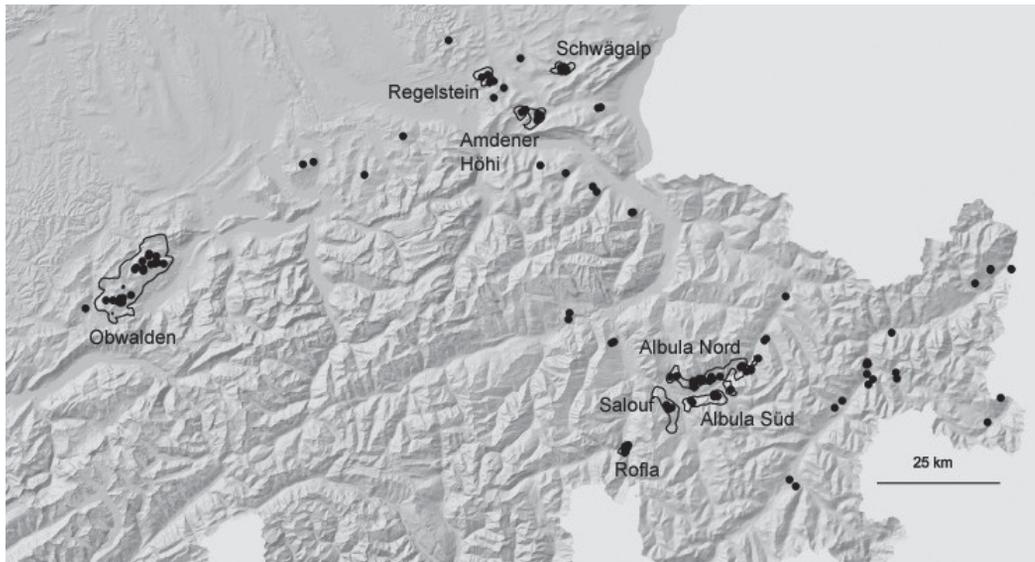


Abb. 2. Räumliche Verteilung und Lage der erfolgreich genotypisierten Auerhuhnkotproben (schwarze Punkte) in der Zentral- und Ostschweiz. Für die Schätzungen der Populationsgrößen wurden acht ausgewählte Gebiete berücksichtigt, deren Proben-Fundorte mit schwarzen Linien umfasst sind (Tab. 1). – *Spatial distribution and location of successfully genotyped fecal samples of Capercaillie (black dots) from central and eastern Switzerland. Eight regions were selected for the estimation of population sizes, and their samples are encircled by black lines (Table 1).*

te Referenzgröße fehlt. Hierzu sind historische Proben nötig, welche über die Diversität in der Vergangenheit Auskunft geben. Dank der früheren (Trophäen-)Jagd stehen in vielen Museen und Sammlungen ausgestopfte Tiere für retrospektive genetische Untersuchungen zur Verfügung, denn auch diese Präparate enthalten noch Gewebe mit Resten von DNA, die analysiert werden kann.

Wie sieht nun die Verwandtschaftsstruktur der Auerhuhnpopulationen in den Schweizer Alpen aus, und in welchem Zusammenhang steht der daraus abgeleitete Genfluss zur räumlichen Anordnung der Vorkommen und deren landschaftlichem Bezug? Und hat die Diversität in den Auerhuhnpopulationen tatsächlich abgenommen? Um dies in den Auerhuhnvorkommen der Schweizer Alpen exemplarisch zu untersuchen, wurden neun Genorte aus dem Zellkern-Genom analysiert (nukleäre Mikrosatelliten). Dank der grossen Variation innerhalb dieser Genorte ergeben diese in Kombination einen hochauflösenden, individuellen genetischen Fingerabdruck, wie er auch in der Kri-

minalistik verwendet wird (Abb. 1). Zudem ist einer dieser Genorte (BG15 und BG18; Pierny & Höglund 2001) charakteristisch für die Unterscheidung zwischen Auerhuhn und Birkhuhn. Da die Kotgrößen dieser beiden Arten einen Überlappungsbereich aufweisen, war die sichere Artzuordnung auf diese Weise möglich. Sogar Rackelhahn- (Bastard zwischen Auer- und Birkhuhn) und Haselhuhn-Losung konnten so identifiziert werden. Zusätzlich wurde mit einem geschlechtsspezifischen Marker bestimmt, ob die Losung von einem Hahn oder einer Henne stammte.

Für den ersten Fragenkomplex wurden die gesammelten Kotproben bzw. die daraus eruierten Genotypen 26 lokalen Auerhuhnvorkommen zugewiesen (Abb. 2, Tab. 1), die wiederum in fünf Regionen gemäss den Auerhuhngebieten nach Mollet et al. (2003) eingeteilt wurden. Die statistische Auswertung zeigte, dass die Individuen in vier genetisch homogene Gruppen gegliedert werden können, wobei jede lokale Population zu einem gewissen Teil Anzeichen von mehr als einer dieser Gruppen

aufwies. Dies lässt erahnen, dass zumindest vor längerer Zeit ein grossräumiger Austausch von Individuen stattgefunden hat, vermutlich in Teilschritten über mehrere Generationen hinweg. Die dicht beprobten Gebiete Alpstein/St. Galler Alpen (Region B), Mittelbündner Täler (Region C) und Engadin (Region D) geben einen Hinweis darauf, weshalb dieser Austausch nicht gleichmässig war. Während die genetische Differenzierung zwischen den Regionen B und C keinen Zusammenhang mit der räumlichen Distanz zwischen einzelnen Populationen erkennen liess, vergrösserte sich die Differenzierung mit zunehmendem geographischem Abstand bei Populationspaaren aus den Regionen C und D. Letzteres war vor allem die Folge der Differenzierung zwischen Paaren von Populationen aus je einer der beiden Regionen. Diese Resultate können so interpretiert werden, dass der Genfluss zwischen den St. Galler Populationen und den Vorkommen in den Mittelbündner Tälern vergleichsweise gut möglich war, da geeignete Lebensräume entlang der Berghänge verfügbar waren. Zwischen den Tälern Mittelbündens und dem Engadin hingegen erheben sich hohe Berge weit über die obere Grenze des subalpinen Waldes, so dass eine Dispersion zwischen diesen beiden Regionen eher selten stattgefunden hat. Am ehesten bot der Albulapass eine mögliche Verbindungsroute, welche von den Vögeln genutzt werden konnte. Dieses Beispiel zeigt, wie die molekularen Analysen im Kontext mit der Landschaft betrachtet werden müssen, in der die untersuchten Populationen leben.

Einen spannenden Vergleich der Diversität in den heutigen Populationen und vor einigen Jahrzehnten ermöglichte die Untersuchung von Museumspräparaten. Leider konnten nur wenige historische Proben genetisch analysiert werden, doch diese zeigten bereits, welcher Informationsgehalt in solchen Präparaten schlummert.

Die verwendeten Präparate stammten wie die rezenten Proben aus den zentralen und östlichen Schweizer Alpen und waren zwischen 1872 und 1975 datiert. Die Genotypisierung war bei 39–83 % der Genorte erfolgreich, was im Mittel unter der Erfolgsrate der rezenten Kot- und Federproben liegt. Zwei Resultate

stachen bei den Analysen dieser Daten heraus. Einerseits war das zeitliche Signal stärker als das räumliche. Dies bedeutet, dass sich Proben aus verschiedenen Regionen, aber demselben Zeitraum, ähnlicher waren als Proben derselben Region aus unterschiedlichen Zeiträumen (rezent gegenüber historisch). Andererseits war die genetische Diversität in den heutigen Proben zwar nicht reduziert gegenüber den historischen Proben, aber eine Genvariante (Allel), die in allen Museumspräparaten vorkam, wurde in keiner der heutigen Proben gefunden. Dies dürfte die Folge genetischer Drift sein, welche schneller zu Allel-Verlust als zu Verminderung der Diversität führt. Es ist anzunehmen, dass im Verlauf des anhaltenden Rückgangs der Auerhuhnvorkommen noch mehr solcher Verluste stattgefunden haben, welche wir wegen der geringen Stichprobengrösse nicht erfasst haben. Die genetische Vielfalt wird auch weiterhin abnehmen, wenn nicht geeignete Förderungs-massnahmen diesem Trend entgegenwirken.

Kürzlich geschah es, dass ... – die gegenwärtige Situation

Für gezielte Schutz- und Förderungs-massnahmen sind Kenntnisse über aktuell stattfindende Populationsprozesse unerlässlich, die den Vergleich mit Erkenntnissen zu den oben ausgeführten historischen Prozessen erlauben. Sehr wichtig ist die Schätzung der aktuellen Populationsgrössen. Analog zu Fang-Wiederfang-Methoden können auch Genotypisierungen verwendet werden, um das Auerhuhnvorkommen in einem Gebiet zu quantifizieren. Hierbei werden nicht die Vögel gefangen, markiert und wieder gefangen, sondern das Auffinden von Kot desselben Genotyps, d.h. Individuums, wird als Wiederfang gewertet. In 8 ausgewählten Gebieten (Tab. 1) wurden Marker-basierte Schätzungen (Fang-Wiederfang-Ansatz) mit Erhebungen aus systematischen Feldbegehungen (Spurentaxation) und nachfolgender Expertenschätzung verglichen. Diese Schätzung beruhte auf der Anzahl Hähne und der Annahme eines ausgeglichenen Geschlechterverhältnisses. Der Vergleich zeigte, dass die Expertenschätzung der vorhandenen Vögel in allen ausser einem Vorkommen unter der minimal

Tab. 1. Zuordnung der aus Auerhuhn-Kotproben eruierten Genotypen zu lokalen Vorkommen aufgrund ihres Fundortes (Abb. 1), Stichprobengrösse und Schätzung der Populationsgrösse. S bezeichnet die Anzahl analysierter Proben, G gibt die Anzahl verlässlich bestimmter Auerhuhngenotypen wieder (einschliesslich wiederholter Beprobung desselben Individuums), n_{\min} bezeichnet die Anzahl individueller Genotypen (keine Bestandsschätzung, sondern minimale Anzahl lebender Individuen), nG und nB entsprechen den Schätzungen der Populationsgrössen aufgrund der genetischen Daten (Millers Modell als konservative Annahme; Jacob et al. submitted) bzw. der Spurentaxationen. – *Allocation of Capercaillie genotypes, inferred from analyses of faeces, to local populations based on the sampling sites (Fig. 1), sample size and estimates of population size. S refers to the number of samples analysed, G represents the number of unambiguously identified Capercaillie genotypes (including repeated sampling of the same individual), n_{\min} indicates the number of individual genotypes (not a population size estimate, but the minimum number of individuals alive), nG and nB give the estimates of population sizes of genetic data (Miller's model as conservative assumption in genetically based estimates; Jacob et al. submitted) and based on field observations and indirect evidence of the species' presence, respectively.*

Fundort der Kotproben	Genetische Daten				Spurentaxation
	S	G	n_{\min}	nG	nB
Obwalden	95	41	29	78 (44–114)	28 (21–35)
Regelstein	33	20	9	14 (9–25)	2 (1–2)
Amdener Höhi	40	29	16	20 (16–26)	4 (2–4)
Schwägalp	36	15	7	10 (7–19)	6 (6–7)
Rofla	35	17	7	10 (7–16)	4 (3–5)
Salouf	46	11	5	5 (5–5)	5 (5–6)
«Albula Nord»	66	36	23	36 (24–51)	21 (17–29)
«Albula Süd»	33	9	8	33 (9–33)	7 (6–8)

vorhandenen Anzahl Individuen lag, die aufgrund der genotypisierten Proben eruiert wurde (Tab. 1). Die relative Differenz zwischen Expertenschätzung und der minimal vorhandenen Anzahl Individuen war in jenen Gebieten am grössten, die zu Beginn des Projekts bearbeitet wurden (Regelstein, Amdener Höhi, Rofla) – in denen die Bearbeiter also am wenigsten Erfahrung bei der Interpretation der Spuren hatten. Generell bestätigt aber der Vergleich der Expertenschätzung mit der genetischen Analyse, dass die Bestandszahlen tendenziell unterschätzt werden und dass es schwierig und aufwändig ist, durch Balzplatzbeobachtung und Spurentaxation verlässliche Zahlen über die Populationsgrössen einer derart scheuen Vogelart des Waldes zu erlangen. Immerhin konnte die bei Bestandsschätzungen gemachte Annahme, dass Hühner und Hähne in einem ausgeglichenen Verhältnis vorkommen, durch die molekulare Geschlechterbestimmung bestätigt werden. Die Erkenntnis, dass die Populationsgrössen bis anhin eher zu klein geschätzt worden sind, ändert zwar nichts am Rote-Liste-Status («stark gefährdet»; Keller et al. 2001) des Auerhuhns

in der Schweiz, ist aber generell eine bessere Ausgangslage für die geplanten und teilweise bereits angelaufenen Förderungsmassnahmen in den Regionen.

Eine verfeinerte Art, um aktuelle Populationstrends zu erfassen, ist die Analyse von Zeitreihen. Unter der Leitung von Franz Rudmann in Zusammenarbeit mit dem regionalen Forstdienst, der Wildhut und der WSL sind auf der Schwägalp seit 2000 (ausser 2002) Kotproben gesammelt worden. Dank dieser Probenreihe konnte die Populationsentwicklung in dieser Region über mehrere Jahre verfolgt werden. Die Auswertung der genetischen Daten bis 2005 zeigt zwar eine leicht abnehmende Überlebenswahrscheinlichkeit der Individuen, aber die geschätzte mittlere Populationsgrösse nahm über die sechs Untersuchungsjahre von 7 auf 17 Individuen zu (Kéry 2006). In der Annahme, dass in allen Jahren gleich intensiv und erfolgreich Kot gesammelt wurde, deutet dieser erfreuliche Trend auf die wirkungsvollen Schutzmassnahmen in diesem Auerhuhngebiet und/oder die guten Brutbedingungen im Jahr 2003 hin.

Dieselben Daten können auch verwendet werden, um einen Stammbaum der Population zu erstellen. Somit werden detaillierte Erkenntnisse über Lebensdauer, Fortpflanzungserfolg oder Abwanderung einzelner Individuen gewonnen. Aber auch Hinweise auf Inzucht in kleinen Populationen können erhalten werden, wenn z.B. der Stammbaum Paarungen zwischen nahe verwandten Vögeln offensichtlich macht. Die genetischen Analysen lassen einen Mehrwert an Information entstehen, welche komplementär zu den Erkenntnissen aus Spurentaxationen und Lebensraumanalysen sind, wodurch effiziente Schutzmassnahmen ermöglicht werden.

Wenn sie nicht gestorben sind ... – mögliche Schutzmassnahmen

Was tragen nun diese genetischen Resultate zur wirkungsvollen Förderung der selten gewordenen Auerhühner bei? Sicherlich reichen rein molekulargenetische Daten nicht aus, um die Überlebensfähigkeit von Auerhuhnvorkommen abschliessend zu bewerten. Vielmehr bieten die auf den genetischen Daten basierenden Erkenntnisse zu Populationsprozessen die Möglichkeit, zusammen mit anderen Analysen zu Lebensraum und Grösse bzw. Verteilung von Populationen die Situation der Auerhuhnvorkommen im historischen und landschaftlichen Kontext besser zu verstehen. Zu wissen, wo früher Genfluss stattgefunden hat, ist gut, aber es braucht auch Kenntnisse über heute noch funktionierende Verbindungen und somit Austausch von Individuen zwischen Populationen. Können diese Verbindungen in ihrem Umfang und ihrer Qualität charakterisiert werden, lassen sich andernorts durch angepasste Waldbewirtschaftung ebensolche potentielle Trittsteinbiotope anlegen. Insbesondere dort, wo vergleichsweise grosse Populationen als Quellen für umliegende kleine Populationen dienen können, oder entlang bewaldeter Landschaftskorridore zwischen benachbarten Auerhuhnregionen sind solche Trittsteine sehr wertvoll (Bollmann & Graf 2008).

Ebenso wichtig ist die Beurteilung der Grösse und der Diversität einer Population und somit ihres Gefährdungsgrads hinsichtlich Aus-

sterben oder Inzucht. Wie wir gezeigt haben, bieten genetische Daten die Möglichkeit, bessere Populationsschätzungen zu machen, aber auch kleinräumig die Verwandtschaftsverhältnisse aufzuklären. Dieses Wissen erlaubt es, die demographischen Trends zu erfassen, den Austausch von Individuen zwischen Populationen nachzuweisen und dadurch Prioritäten in den Schutzbemühungen zu setzen und deren Wirkung zu überprüfen.

Und die Moral von der Geschicht'

Wir haben gezeigt, wie molekulargenetische Daten als Ergänzung zu Feldbeobachtungen helfen können, Populationsprozesse besser zu verstehen und im Kontext mit der Geschichte und der Landschaft, in welcher sich diese Prozesse abspielen, zu interpretieren. Der zusätzliche (finanzielle) Aufwand erscheint uns bei prioritären Arten für Artenförderungsprogramme insbesondere dann gerechtfertigt, wenn sich die kleinen Populationen auf fragmentierte Habitate verteilen und grossflächig koordinierte Schutzbemühungen erfordern. Dies ist beim Auerhuhn in seinem zentraleuropäischen Teilareal sicherlich der Fall. Gleichzeitig dienen die hier an einer Art exemplarisch dargestellten Erkenntnisse als Modell für andere Arten mit ähnlicher Biologie oder entsprechenden Habitatsprüchen.

Genetische Untersuchungen sind z.B. für ein stichprobenartiges Monitoring der Populationsgrösse wünschenswert, so dass Populationstrends erkannt werden und bei negativem Trend entsprechende Massnahmen frühzeitig eingeleitet werden können. Genetische Untersuchungen reduzieren auch den Fehler von Expertenschätzungen, der durch die unterschiedlichen Erfahrungen der Experten verursacht wird. Damit werden die Bestandsschätzungen zwischen einzelnen Regionen besser vergleichbar. Ebenso bietet individuenbasiertes Monitoring die Möglichkeit, die Überlebensrate und den Fortpflanzungserfolg sowie die Habitatansprüche der Auerhühner und -hähne zu studieren und besser einschätzen zu können. Dieses Wissen kann wiederum in eine angepasste Waldbewirtschaftung eingebracht werden, um die Qualität der Lebensräume zu erhöhen, Tritt-

steine zu schaffen und umherziehenden Individuen zu ermöglichen, neue Lokalpopulationen zu gründen.

Es bleibt zu hoffen, dass die vielfältigen und oft ehrenamtlichen Bemühungen zur Erhaltung der Auerhühner Wirkung zeigen und diese faszinierenden Raufusshühner in Zentraleuropa weiterhin strukturreiche und biologisch vielfältige Bergwälder bewohnen, so dass in einigen Jahrzehnten noch gilt: Und weil sie nicht gestorben sind, so leben sie noch heute!

Dank. Diese Untersuchung wurde finanziell unterstützt durch die MAVA Stiftung für Naturschutz, das Programm Wald-Wild-Kulturlandschaft der WSL Birmensdorf, das Amt für Jagd und Fischerei des Kantons St.Gallen sowie das Bundesamt für Umwelt (BAFU). Ergänzende Kot- und Federproben wurden von folgenden Personen und Stellen zur Verfügung gestellt: Thomas Abderhalden, Ernst Aerne, Bruno Badilatti, Urs Büchler, Peter Eggenberger, Roland F. Graf, Reto Hänni, Bruno Keist, Franz Rudmann, Max Stacher, Dominik Thiel, Robert Tschirky, Niklaus Walliser. Museen und Privatbesitzer erlaubten uns, Gewebeprobe von Auerhuhnpräparaten zu entnehmen: Bündner Naturmuseum, Chur (Ulrich Schnepf, Jürg-Paul Müller), Zoologisches Museum der Universität Zürich (Johann Hegelbach), Naturwissenschaftliche Sammlungen der Stadt Winterthur (Hans-Konrad Schmutz), Naturmuseum St.Gallen, St.Gallen (Jonas Barandun), Naturmuseum des Kantons Thurgau (Hannes Geisser), le Musée Cantonal d'Histoire Naturelle du Valais (Jean-Claude Praz); Hubert Kaeslin (Wildhüter, Beckenried), Christian Fehner (Oberstufenschulhaus OZ, Sargans) und Marianne Ziegler (Vadura). Für diese vielfältigen und oft aufwändigen Beiträge, welche wichtige Grundlagen für unsere Untersuchungen lieferten, möchten wir uns herzlich bedanken.

Zusammenfassung

Molekular-genetische Marker helfen, Populationsprozesse im räumlichen und zeitlichen Kontext besser zu verstehen. Wir verwendeten nicht-invasiv gesammelte Kot- und Federproben des Auerhuhns *Tetrao urogallus* aus den Schweizer Alpen. Die weiträumige Bestimmung von Genotypen aus Lokalpopulationen widerspiegelte historischen Genfluss innerhalb und zwischen regionalen Vorkommen. Der Vergleich mit Genotypen von Museumspräparaten zeigte, dass ein früher häufiges Allel im Verlauf des 20. Jahrhunderts verloren gegangen ist, was auf genetische Drift zurückzuführen sein dürfte. Schätzungen der Populationsgrößen, die auf den genetischen Daten basieren, waren höher als diejenigen von intensiven Spurentaxationen. In einer ausgewählten Population (Schwägälp) fanden wir in einer Zeitrei-

he über sechs Jahre einen positiven Trend der Populationsgrösse, was wir als eine Folge der Schutzbemühungen im Gebiet und/oder der guten Brutbedingungen im Jahr 2003 werten. Weiter führen wir aus, weshalb molekular-genetische Daten, in Kombination mit Informationen aus Spurentaxationen und Lebensraumanalysen, verbesserte Grundlagen bieten, um Prioritäten im Artenschutz zu setzen. Dadurch gelingt eine effizientere Förderung des gefährdeten Auerhuhns, das auch eine Modellart für andere seltene und schwer nachweisbare Tierarten ist.

Literatur

- BOLLMANN, K. & R. F. GRAF (2008): Wie beeinflussen Lebensraumangebot und -fragmentierung die Verbreitung von Lokalpopulationen beim Auerhuhn? Ornithol. Beob. 105: 45–52.
- BOLLMANN, K., L. JENNI, N. PERRIN & W. SUTER (2008): Naturschutzforschung am Auerhuhn in der Schweiz: eine Übersicht. Ornithol. Beob. 105: 5–16.
- DEBRUNNER, R., G. JACOB & K. BOLLMANN (2005): Bestandsschätzung des Auerhuhns im Kanton St. Gallen mit genetischen Methoden. Unveröff. Projektschlussbericht. Eidg. Forschungsanstalt WSL, Birmensdorf.
- JACOB, G. (2006): Conservation genetics of the Capercaillie (*Tetrao urogallus* L.) in the Swiss Alps. Diss. Univ. Zürich.
- JACOB, G., R. DEBRUNNER, F. GUGERLI, B. SCHMID & K. BOLLMANN (submitted): Estimating the population census sizes of capercaillie (*Tetrao urogallus* L., Aves) in the Swiss Alps from single-occasion genetic capture-recapture data. Conserv. Genet.
- KELLER, V., N. ZBINDEN, H. SCHMID & B. VOLET (2001): Rote Liste der gefährdeten Brutvogelarten der Schweiz. Vollzug Umwelt. Bundesamt für Umwelt, Wald und Landschaft, Bern, und Schweizerische Vogelwarte, Sempach.
- KÉRY, M. (2006): Populationsanalyse des Auerhuhns *Tetrao urogallus* auf der Schwägälp: Kombination von genetischen Daten und Fang-Wiederfang-Statistik. Unveröff. Schlussbericht. Schweizerische Vogelwarte, Sempach.
- MARTI, C. & R. HESS (1998): Auerhuhn. S. 216–217 in: H. SCHMID, R. LUDER, B. NAEF-DAENZER, R. GRAF & N. ZBINDEN (Hrsg.): Schweizer Brutvogelatlas: Verbreitung der Brutvögel in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein 1993–1996. Schweizerische Vogelwarte, Sempach.
- MOLLET, P., B. BADILATTI, K. BOLLMANN, R. F. GRAF, R. HESS, H. JENNY, B. MULHAUSER, A. PERRENOUD, F. RUDMANN, S. SACHOT & J. STUDER (2003): Verbreitung und Bestand des Auerhuhns *Tetrao urogallus* in der Schweiz 2001 und ihre Veränderungen im 19. und 20. Jahrhundert. Ornithol. Beob. 100: 67–86.
- PIERTNEY, S. B. & J. HÖGLUND (2001): Polymorphic microsatellite DNA markers in black grouse (*Tetrao tetrix*). Mol. Ecol. Notes 1: 303–304.