

## Trends in der Raufusshuhnforschung

Gernot Segelbacher



SEGELBACHER, G. (2013): Trends in tetraonid research. Ornithol. Beob. 110: 271–280.

Black Grouse *Tetrao tetrix* and Capercaillie *T. urogallus* are considered to be model species for the conservation of moorland and old growth forest. Within the last decades research in grouse has largely benefitted from methodological advances and the research is now more often focused on applied conservation questions. Genetic methods have led to a new research field (Conservation genetics) where grouse have been intensively studied. Stable isotope and hormone analysis both also contribute to a better understanding of dispersal, food choice and the impact of human activities. Modelling approaches help us to identify priority areas for conservation on a landscape scale and enable us to estimate how environmental changes will impact grouse populations in the future.

Gernot Segelbacher, Wildtierökologie und Wildtiermanagement, Universität Freiburg, Tennenbacher Straße 4, D–79106 Freiburg, E-Mail [gernot.segelbacher@wildlife.uni-freiburg.de](mailto:gernot.segelbacher@wildlife.uni-freiburg.de)

In den letzten Dekaden hat die Anzahl der publizierten Artikel zur Ökologie der Raufusshühner kontinuierlich zugenommen. Seit der umfassenden Übersicht von Urs Glutz von Blotzheim 1973 in Band 5 des «Handbuchs der Vögel Mitteleuropas» (Glutz von Blotzheim et al. 1973), dessen Inhalte in vielen Bereichen noch immer ihre Gültigkeit besitzen, sind allein mehrere hundert Publikationen zu Auerhuhn *Tetrao urogallus* (n = 330) und Birkhuhn *T. tetrix* (n = 222) in Fachzeitschriften erschienen (Web of Science, Februar 2013, Suchbegriffe «*Tetrao urogallus*», «*Tetrao tetrix*»). Die grosse Anzahl an Veröffentlichungen spiegelt auch die Vielfalt an methodischen Ansätzen wider, die in den letzten Jahren in der Forschung an Bedeutung gewonnen haben. Einige wesentliche Methoden sollen im Weiteren am Beispiel der Raufusshühner vorgestellt werden.

Während früher häufig die Biologie oder Populationsdynamik der Arten im Vordergrund standen, sind heute naturschutzrelevante Fragestellungen dominierend (s. auch Moss et al.

2010). Beide Arten, Auerhuhn wie Birkhuhn, werden als wichtige Zielarten für den Naturschutz betrachtet und spielen bei der Planung sowie Entwicklung von Schutzgebieten eine Schlüsselrolle. So werden bei der Einrichtung von Wildschutzgebieten wie auch bei der Planung von neuen Infrastrukturen wie z.B. Windparks in den Alpen oder Mittelgebirgen Raufusshühner häufig als wichtige Arten für die Beurteilung herangezogen.

Auerhühner werden in Mitteleuropa als Schirmarten für alte montane Wälder betrachtet (Suter et al. 2002, Bollmann et al. 2004). Sowohl Auerhühner als auch Birkhühner gelten in Mitteleuropa als gefährdete Arten, deren Bestände in den letzten Jahrzehnten stark zurückgegangen sind (Glutz von Blotzheim et al. 1973, Klaus et al. 1989, 1990). Sie werden in vielen Ländern auf der Roten Liste gefährdeter Arten aufgeführt (Storch 2007).

Als wesentliche Ursachen für den Rückgang der Bestände sind vor allem der fortschreitende Verlust und die Fragmentierung des Lebensrau-

mes zu nennen. Zunehmend wirken sich in den letzten Jahren auch stark ansteigende intensive menschliche Freizeitaktivitäten (wie z.B. Wintersportaktivitäten) als massive Störungen auf die Raufusshühner aus. So leben Auerhühner heute in Mitteleuropa ausserhalb der Alpen und des Juras nur noch im Schwarzwald (etwa

500 Individuen), in den Vogesen (etwa 200 Individuen), im Bayerischen Wald (etwa 500 Individuen) und einige wenige Tiere im Fichtelgebirge im Nordosten Bayerns. Vom Birkhuhn finden sich neben den Vorkommen in der Lüneburger Heide (etwa 200 Tiere) nur noch einzelne Tiere in der Rhön, in den Niederlanden und in Belgien.

### 1. Genetik

Genetische Methoden spielen seit den Achtzigerjahren in der ornithologischen Forschung eine zunehmend wichtige Rolle. Während zunächst taxonomische Fragestellungen im Vordergrund standen (Sibley et al. 1988), wurden dann genetische Ansätze zur Identifizierung von Fremdvaterschaften (Birkhead & Biggins 1987, Westneat 1987) und zur Geschlechtsbestimmung (Griffiths et al. 1998) entwickelt, die heute in verhaltensökologischen Untersuchungen zum Standard gehören. Die sich schnell entwickelnden genetischen Techniken machten es bald möglich, aus nur winzigen Spuren Erbgut zu extrahieren und genetische Informationen aus Federn, Eischalen, Kotproben und Museumsbälgen zu gewinnen (für eine Übersicht s. Segelbacher 2012). Heute können innerhalb kürzester Zeit ganze Genome sequenziert werden, und die Analyse dieser enormen Datenmengen eröffnet vielfältige Möglichkeiten auch für zukünftige Forschungsprojekte.

Nachdem im Jahr 2000 erste geeignete genetische Mikrosatellitenmarker für Raufusshühner etabliert worden waren (Segelbacher et al. 2000), konnten diese erfolgreich in zahlreichen Feldstudien angewendet werden. Heute werden genetische Methoden routinemässig in vielen Projekten eingesetzt, beispielsweise beim Monitoring von Populationen (z.B. Auerhuhnmonitoring Schweiz). Insgesamt sind mittlerweile über 30 Studien veröffentlicht worden (n = 34, Web of Science, Februar 2013), die diese genetischen Marker benutzen.

#### 1.1. Schutz von Populationen

Eines der wichtigen Themen im Naturschutz ist häufig die Frage, welche Vorkommen gezielter Schutzmassnahmen bedürfen. Die Einführung



**Abb. 1.** Küken von Birkhuhn *Tetrao tetrix* (oben) und Auerhuhn *T. urogallus* (unten). Aus Farbtafel 1 von Band 5 des Handbuchs der Vögel Mitteleuropas (Glutz von Blotzheim et al. 1973). – Chicks of Black Grouse (top) and Capercaillie (bottom), from plate 1 of volume 5 of the «Handbuch der Vögel Mitteleuropas».

des Konzepts der Naturschutzeinheiten (Conservation units) trägt diesem Umstand Rechnung. Es werden einzelne Vorkommen identifiziert, die sich von den anderen Vorkommen im Verbreitungsgebiet aufgrund ihrer evolutionären Geschichte klar unterscheiden, so dass sich deutliche genetische Unterschiede nachweisen lassen. Solche Besonderheiten sollten dann zu einem speziellen Schutzstatus dieser Populationen führen.

Am Beispiel des Auerhuhns in Europa lässt sich dies auf anschauliche Weise verdeutlichen. Das Auerhuhn wurde innerhalb Europas bisher in über 10 verschiedene Unterarten aufgespalten (s. z.B. Segelbacher & Piertney 2007). Allerdings stimmen die Ergebnisse aus mehreren genetischen Untersuchungen nicht unbedingt mit dieser Einteilung überein. Phylogeographische Studien zeigen, dass in Europa zur Zeit der letzten grossen Vergletscherung mindestens zwei eiszeitliche Refugien bestanden haben müssen. Von dort aus erfolgte dann eine Ausbreitung in die eisfrei werdenden Gebiete. Heute kann man zwei genetische Linien in Europa unterscheiden, eine südliche mit Vorkommen auf der Iberischen Halbinsel und dem Balkan und eine vorherrschende boreale Linie im übrigen Europa (Duriez et al. 2007, Rodríguez-Muñoz et al. 2007, Segelbacher & Piertney 2007, Bajc et al. 2011). Die Vorkommen in den Rhodopen und im kantabrischen Gebirge benötigen daher einen besonderen Schutz, da sie nur aus Individuen der südlichen Linie bestehen und gleichzeitig nur noch wenige Individuen umfassen. Die kantabrische Unterart des Auerhuhns wurde daher vor einigen Jahren auf der Roten Liste der IUCN (International Union for Conservation of Nature) als bedroht eingestuft (Storch et al. 2006).

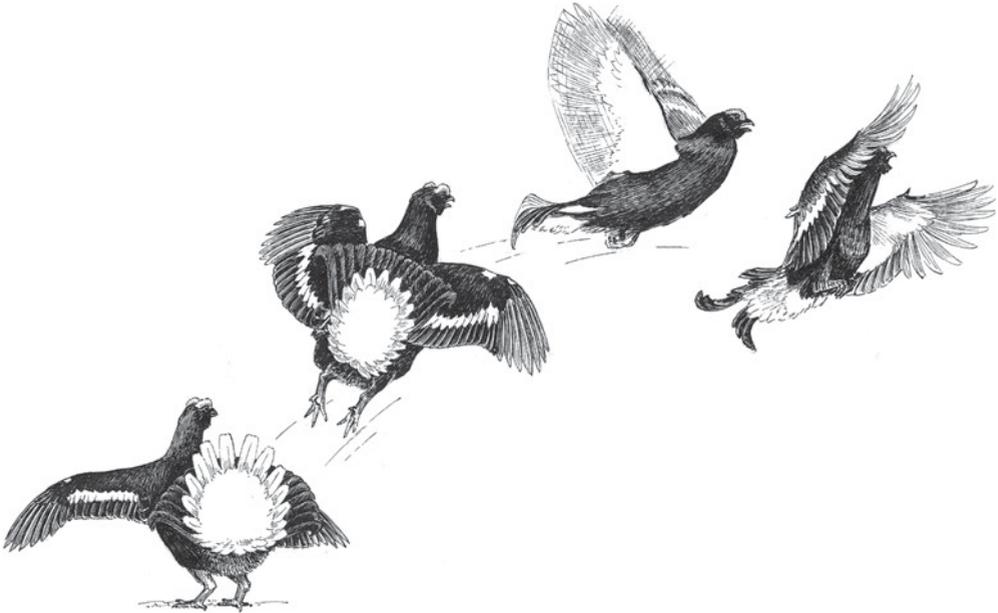
### *1.2. Austausch oder Isolation?*

Ob Populationen miteinander im Austausch stehen oder voneinander isoliert sind, ist eine weitere wichtige Frage, die sich im Naturschutz häufig stellt. Mit genetischen Methoden lässt sich heute zuverlässig feststellen, ob sich Individuen zwischen verschiedenen Vorkommen austauschen, indem der Genfluss zwischen diesen Beständen berechnet wird. Es ist also nicht

mehr notwendig, durch direkte Beobachtung Wanderbewegungen nachzuweisen, sondern es kann durch indirekte molekulare Methoden ermittelt werden, ob und in welche Richtung solche Migrationen stattfinden. Es hat sich ein eigenes Forschungsfeld «Molecular road ecology» etabliert (Balkenhol & Waits 2009), das sich mit der Barrierewirkung beispielsweise von Strassen auf den Austausch zwischen Populationen beschäftigt. Genetische Informationen werden dazu mit geografischen Daten verknüpft. Die Kombination räumlicher Faktoren, eine Auswahl verschiedener Umweltvariablen und genetische Informationen ermöglichen es dann, die Effekte verschiedener Landschaftsvariablen auf die genetische Struktur von Populationen zu berechnen. Dieses Forschungsfeld wird auch als Landschaftsgenetik bezeichnet (Manel et al. 2003) und ermöglicht es, konkrete Managementempfehlungen für Tierarten zu entwickeln (Segelbacher et al. 2010). Insbesondere im Zuge sich schnell ändernder Umweltbedingungen, wie sie z.B. durch klimatische Veränderungen in den Alpen auftreten können, ist es wichtig zu wissen, welche Faktoren den Austausch zwischen Populationen bestimmen.

Für das Auerhuhn konnte in mehreren Studien festgestellt werden, dass sich räumlich isolierte Vorkommen wie im Schwarzwald genetisch bereits deutlich von den benachbarten Vorkommen in den Alpen unterscheiden (Segelbacher et al. 2003). Innerhalb der Alpen sind viele Populationen noch miteinander vernetzt (Segelbacher & Storch 2002), allerdings lassen sich auch hier kleine isolierte Vorkommen feststellen. Für ihre Erhaltung ist es daher wesentlich, dass sie mit anderen Vorkommen im Kontakt stehen, da sie für sich alleine nicht überlebensfähig sein dürften.

Mit genetischen Methoden können nun der Austausch zwischen den einzelnen Lebensräumen quantifiziert und mögliche Barrieren identifiziert werden (Segelbacher et al. 2008). Eine Kombination genetischer Daten mit Landschaftsparametern (wie z.B. Waldstruktur, Höhe, Siedlungen, Strassen) ermöglicht eine genaue Vorhersage, wo Wanderungen zwischen den einzelnen Vorkommen stattfinden können. Damit lassen sich planerisch Korridore festlegen, die dann in einem konkreten Aktionsplan



**Abb. 2.** Flatterflug des balzenden Birkhahns *Tetrao tetrix*. Nach Zeichnungen von Ingemar Hjorth (Hjorth 1970) und Fotos von Jürg Zettel, aus Band 5 des Handbuchs (Glutz von Blotzheim et al. 1973). – *Flutter jump of a displaying Black Grouse cock.*

für die Art Niederschlag finden (z.B. Braunisch et al. 2010). Beispiele aus dem Toggenburg (Kanton St. Gallen, Kormann et al. 2012) zeigen, dass kleinräumig verteilte Vorkommen auch über Täler hinweg noch in Kontakt stehen können. Die Erhaltung eines solchen Populationsverbundes ist für das Überleben von Arten unabdingbar.

Für eine möglichst effektive Naturschutzplanung ist es auch wichtig zu wissen, wie viele Tiere in einzelnen Gebieten vorkommen. Auch dazu kann der genetische Fingerabdruck herangezogen werden. Jedes Individuum lässt sich eindeutig genetisch charakterisieren. Damit lassen sich Bestandsgrößen mit grosser Genauigkeit ermitteln. Genetische Methoden sind also den traditionellen Balzplatzzählungen häufig überlegen (s. z.B. Jacob et al. 2010). Mit relativ geringem Aufwand lassen sich damit nicht nur die Anzahl der Tiere, sondern auch deren verwandtschaftlichen Beziehungen beschreiben (Kormann et al. 2012). Heute

werden genetische Methoden als ein routinemässiges Instrument im langfristigen Monitoring von vielen Tierarten angewandt – auch bei Raufusshühnern ist eine Bestandsabschätzung durch den genetischen Fingerabdruck eine häufig eingesetzte Methode (z.B. beim Auerhuhn in den Schweizer Alpen und bei Populationen in Österreich, im Bayerischen Wald oder im Schwarzwald).

### 1.3. Verhalten

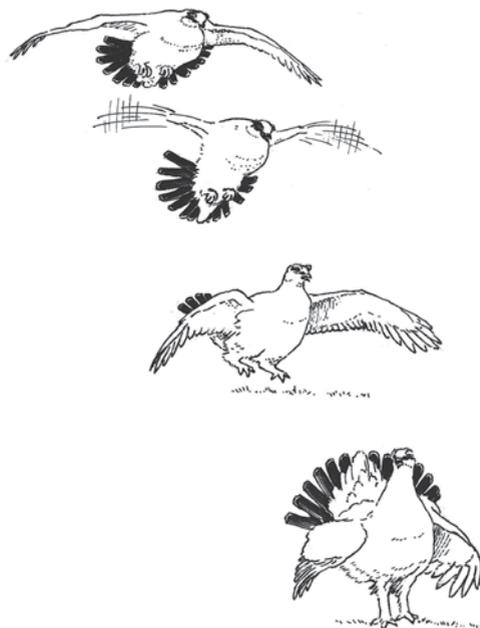
Die Kenntnis der Verwandtschaftsverhältnisse zwischen einzelnen Individuen lässt sich auch für verhaltensökologische Fragestellungen nutzen. Auerhuhn wie Birkhuhn zeigen beide ein ausgeprägtes Balzplatzsystem, bei dem sich die Hähne an den Balzplätzen versammeln. Genetische Methoden zeigten, dass sich Auerhähne an grossen Balzplätzen in Verwandtschaftsgruppen einteilen lassen (Segelbacher et al. 2007) und grosse Gelege bei Auerhennen durch das

Zusammenlegen von Eiern mehrerer Hennen entstehen (Storch & Segelbacher 2005). Bei Birkhähnen an finnischen Balzplätzen dagegen liessen sich nur geringe Verwandtschaftsgrade feststellen (Lebigre et al. 2008). Neuere Studien am Beifusshuhn *Centrocercus urophasianus* zeigen, dass die Verwandtschaftsverhältnisse oft nicht so eindeutig sind und dass auch bei Arten mit einem ausgeprägten Balzplatzsystem die Eier in einem Gelege von mehreren Vätern stammen können (Bird et al. 2013).

#### 1.4. Nahrungsanalysen

Die rasante Entwicklung in der Sequenzier-technologie ermöglicht es heute, viele bisher unbekannte Organismen z.B. im Boden oder im Wasser genetisch zu bestimmen. Diese Techniken bieten die Möglichkeit, eine detaillierte qualitative und quantitative Bestimmung der Nahrungsbestandteile in Kotproben vorzunehmen (Pompanon et al. 2012). Auch wenn diese Methoden bisher hauptsächlich bei Säugetieren (z.B. beim Wisent oder bei Gämsen) angewandt wurden, sind erste Versuche bei Vögeln (u.a. beim Auerhuhn) sehr erfolgversprechend.

Ein spannendes Beispiel für die praktische Relevanz solcher Studien stellen die Untersuchungen zur Bakterienzusammensetzung im Blinddarm von Auerhühnern dar (Wienemann et al. 2011). Der Blinddarm ist bei Raufusshühnern stark entwickelt und kann z.B. beim Auerhuhn über einen Meter Länge aufweisen. Der paarig angelegte Blinddarm dient dem Abschluss der Zellulose mit Hilfe von Bakterien und ist damit für die Energiebilanz der Vögel von essentieller Bedeutung (Vispo & Karasov 1997). Während der Wintermonate ernähren sich Auerhühner für lange Zeit ausschliesslich von Koniferennadeln. Diese enthalten häufig Resine oder Phenole, die im Blinddarm entgiftet werden (Vispo & Karasov 1997). Frühere Studien zeigten, dass Raufusshühner Nadeln mit hohem Energiegehalt und geringem Anteil von Resinen bevorzugen (Lindén 1984). Der Wechsel zwischen der vielfältigen Sommer-nahrung auf eine ausschliessliche Nadeldiät im Winter erfordert von den Tieren eine graduelle Anpassung während der Herbstmonate. In dieser Zeit verlängert sich der Blinddarm, um die



**Abb. 3.** Landephase des Balzflugs eines Schneehahns *Lagopus muta*. Nach Zeichnungen von MacDonald (1970) aus Band 5 des Handbuchs (Glutz von Blotzheim et al. 1973). – *Flutter jump of a displaying Rock Ptarmigan cock.*

Nahrungsbestandteile noch besser aufschliessen zu können (Gremmels 1986, Moss 1989). Raufusshühner als Spezialisten kalter Lebensräume weisen also eine hochspezialisierte Anpassung an die Energiegewinnung aus der Nahrung auf. Hierbei spielen die Blinddärme und die darin enthaltenen Bakterien eine tragende Rolle. Interessanterweise zeigen Auerhühner, die in Gefangenschaft aufgezogen wurden, eine signifikant andere Bakterienzusammensetzung in ihren Blinddärmen als Wildvögel (Wienemann et al. 2011). Auch sind die Blinddärme bei Wildvögeln länger als bei Vögeln in Käfighaltung (Moss 1972, Lieser et al. 2005). Die unterschiedliche Bakterienzusammensetzung im Blinddarm von Zuchttieren gegenüber Wildvögeln ist möglicherweise eine der Ursachen dafür, dass bisher alle Aussetzungsversuche mit Käfigvögeln erfolglos geblieben sind (s. schon Zbinden 1980).

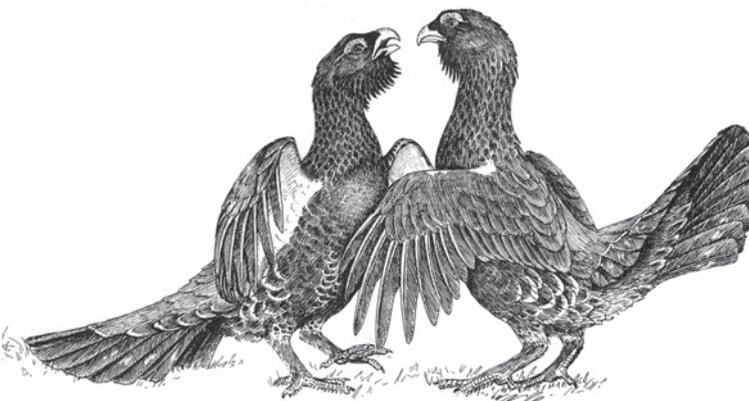
## 2. Habitatmodelle

Waren frühere Arbeiten häufig auf Balzplätze oder kleinräumige Habitatstrukturen ausgerichtet, spielen heute landschaftsökologische Ansätze eine zunehmend wichtige Rolle. Die Entwicklung von Habitatmodellen, die die Ansprüche der Tiere auf verschiedenen räumlichen Ebenen untersuchen, ermöglicht auf Landschaftsebene eine Identifizierung geeigneter Lebensräume. Hierzu werden z.B. Daten aus Satellitenbildern herangezogen und in geografischen Informationssystemen (GIS) aufbereitet. Für die Planung von Korridoren oder Ausweisung von Schutzgebieten sind solche Daten heute ein wichtiges Instrument, da die exakte Ermittlung direkter Nachweise für viele Arten grossflächig oft nicht möglich ist. Solche räumlichen Planungsinstrumente spielen in vielen Ländern eine wichtige Rolle, z.B. für das Auerhuhn in Finnland (Sirkiä et al. 2012), die Habitatgestaltung für Birkhühner in den Alpen (Patthey et al. 2012), die Erhaltung eines Populationsnetzwerks für das Auerhuhn in den Alpen (Bollmann et al. 2011), die Identifizierung geeigneter Auerhuhnlebensräume in den Schweizer Alpen (Graf et al. 2009) und im Schwarzwald (Braunisch et al. 2008, Braunisch & Suchant 2008) oder für das Birkhuhn und das Alpenschneehuhn *Lagopus muta* in den Alpen (Schweiger et al. 2012).

Mit diesen Modellen lassen sich detaillierte Karten erstellen, die potenzielle Aufenthalts-

orte der Arten beschreiben und damit für die Naturschutzplanung wichtig sind. Insbesondere bei der Ausweisung von Schutzzonen im Zusammenhang mit Neuerschliessungen (wie z.B. Wegebau, Windkraftanlagen) oder für Lenkungskonzepte im Zusammenhang mit Wintertourismus sind solche Ansätze wichtig (Braunisch & Suchant 2010, Braunisch et al. 2011). Die Effektivität bestehender Schutzgebiete lässt sich damit evaluieren und für die Zukunft optimieren (Virkkala et al. 2013).

Besonders relevant sind solche Daten für die Abschätzung des Einflusses zukünftiger Umweltveränderungen auf die Lebensraumqualität der Arten. Anhand von ausgeklügelten Modellen lässt sich beispielweise abschätzen, inwieweit sich eine bestimmte Waldstruktur unter höheren Temperaturen oder veränderten Niederschlagsmustern künftig verändern wird. Modellierungen zur zukünftigen Verbreitung von Alpenschneehuhn und Moorschneehuhn *Lagopus lagopus* in Europa (Smith et al. 2013), des Birkhuhns (Zurell et al. 2012) oder des Alpenschneehuhns (Revermann et al. 2012) in den Alpen zeigen beispielhaft das Potenzial dieser Methode auf. Gleichzeitig müssen solche Modelle aber noch weiter entwickelt werden. Besonders in alpinen Lebensräumen besteht noch ein grosser Forschungsbedarf, um mögliche Auswirkungen des prognostizierten Klimawandels auf die Vogelwelt abschätzen zu können (Chamberlain et al. 2012).



**Abb. 4.** Flügelkampf von Auerhähnen. Nach Skizzen von Franz Müller aus Band 5 des Handbuchs (Glutz von Blotzheim et al. 1973). – *Fighting Capercaillie cocks.*

### 3. Isotope

Die Analyse stabiler Isotope hat in den letzten Jahren eine weite Anwendung in der Ornithologie gefunden. Seit dem Ende der Neunzigerjahre (Hobson 1999) wurden über 800 Veröffentlichungen publiziert (n = 801, Web of Science, Februar 2012). Anhand stabiler Isotope aus Federn oder Krallen ist es möglich, z.B. Überwinterungsgebiete, Rastgebiete und damit Zugstrategien von vielen Vogelarten festzustellen (Hobson et al. 2004, Bowen et al. 2005). Es gibt auch Ansätze, die eine Altersbestimmung anhand stabiler Isotope ermöglichen (Yohannes et al. 2012). Eine zunehmende Bedeutung haben stabile Isotope jedoch für die indirekte Bestimmung der Nahrungszusammensetzung. Die Anwendung stabiler Isotope in Nahrungsstudien beruht dabei auf der Tatsache, dass das Gewebe eines Tieres die Isotopenzusammensetzung seiner Nahrung widerspiegelt (Fry 2006). Für Nahrungsstudien eignen sich dabei insbesondere die stabilen Isotope der Elemente Stickstoff, Kohlenstoff und Schwefel. In Kombination lassen sich diese stabilen Isotope dann dazu nutzen, räumliche Nahrungsgebiete einzugrenzen sowie die Breite des Nahrungsspektrums zu bestimmen. Während dies bei vielen Vogelarten bereits erfolgreich durchgeführt wird, gibt es bei Raufusshühnern erst eine Arbeit zum Auerhuhn in Spanien (Blanco-Fontao et al. 2012), die nachweisen konnte, dass Hähne und Hennen unterschiedliche Habitate nutzen und Nahrungspräferenzen zeigen, was Marti (1985) beim Birkhuhn schon mit konventionellen Methoden (Kotanalyse) nachweisen konnte.

### 4. Stresshormone

Auch die Analyse von Hormonen hat in der Ornithologie in den letzten Jahren weite Anwendung gefunden. Dabei ist insbesondere die nichtinvasive Probenahme und Analyse der Abbauprodukte von Stresshormonen in Kotproben eine spannende Anwendung für den Artenschutz. So konnte in mehreren Studien erfolgreich gezeigt werden, dass sich bei Auerhuhn und Birkhuhn höhere Stresshormonkonzentrationen in Gebieten finden, die eine hohe

Anzahl touristischer Aktivitäten im Winter (wie Skifahren, Schneeschuhgehen etc.) aufweisen. In Gegenden, die weniger durch menschliche Freizeitaktivitäten belastet werden, sind auch die gemessenen Stresslevels bei den Vögeln geringer (Arlettaz et al. 2007, Thiel et al. 2008, 2011).

### 5. Umsetzung

Die Naturschutzgenetik hat in den letzten Jahren in der praktischen Naturschutzplanung zunehmend an Bedeutung gewonnen, indem sie neueste Technologien in die Wildtierforschung integriert. Am Beispiel der Raufusshühner lässt sich das modellhaft aufzeigen. Diese Forschungsergebnisse sollten aber immer mit praktischem Naturschutz verknüpft werden (Hoban 2013). Dazu gibt es seit kurzer Zeit eine spezielle Internetseite ([www.congressgenetics.eu](http://www.congressgenetics.eu)), die kostenlose Werkzeuge und Informationen für alle Naturschützer zur Verfügung stellt. Ziel ist es, Entscheidungsträger aus Politik und Naturschutz für die Möglichkeiten genetischer Methoden zu sensibilisieren und das für Managementpläne notwendige Wissen zu vermitteln. Die Ursachen für den Rückgang der Raufusshuhnarten sind heute weitgehend bekannt – es liegt an uns, sich dafür einzusetzen, dass auch künftige Generationen diese faszinierenden Vögel in freier Natur erleben können.

### Zusammenfassung

Raufusshühner stellen in der ornithologischen Forschung Modellarten dar. In den letzten Jahrzehnten haben sich die Schwerpunkte von eher artspezifischer ökologischer Forschung hin zu deutlich naturschutzorientierter Forschung gewandelt. Raufusshühner werden heute als wichtige Zielarten für den Schutz ihrer Lebensräume betrachtet. Die vielfältigen methodischen Entwicklungen zeigen sich vor allem in der routinemässigen Anwendung eines breiten Methodenspektrums. Mit molekularen Methoden lassen sich nicht nur einzelne Individuen eindeutig identifizieren, sondern es kann auch der Austausch zwischen Populationen bestimmt werden. Stabile Isotope ermöglichen es ebenso wie genetische Methoden, detaillierte Informationen zur Nahrungszusammensetzung zu gewinnen. Mit der Analyse von Hormonen lassen sich direkt die Auswirkungen von menschlichen Freizeitaktivitäten auf Wildtiere messen. Habitatmodelle bieten die Möglichkeit, auf

Landschaftsebene grossräumig prioritäre Flächen für den Naturschutz zu identifizieren und mögliche Auswirkungen von Umweltveränderungen abzuschätzen. Diese verschiedenen methodischen Ansätze bieten uns heute eine Palette von Werkzeugen, mit der wir konkrete Schutzmassnahmen planen können.

## Literatur

- ARLETTAZ, R., P. PATTHEY, M. BALTIC, T. LEU, M. SCHAUB, R. PALME & S. JENNI-EIERMANN (2007): Spreading free-riding snow sports represent a novel serious threat for wildlife. *Proc. R. Soc. B* 274: 1219–1224.
- BAJC, M., M. CAS, D. BALLIAN, S. KUNOVAC, G. ZUBIC, M. GRUBESIC, P. ZHELEV, L. PAULE, T. GREBENC & H. KRAIGHER (2011): Genetic differentiation of the Western Capercaillie highlights the importance of South-Eastern Europe for understanding the species phylogeography. *PLoS ONE* 6: 15.
- BALKENHOL, N. & L. P. WAITS (2009): Molecular road ecology: exploring the potential of genetics for investigating transportation impacts on wildlife. *Mol. Ecol.* 18: 4151–4164.
- BIRD, K. L., C. L. ALDRIDGE, J. E. CARPENTER, C.-A. PASZKOWSKI, M. S. BOYCE & D. W. COLTMAN (2013): The secret sex lives of sage-grouse: multiple paternity and intraspecific nest parasitism revealed through genetic analysis. *Behav. Ecol.* 24: 29–38.
- BIRKHEAD, T. R. & J. D. BIGGINS (1987): Reproductive synchrony and extra-pair copulations in birds. *Ethology* 74: 320–334.
- BLANCO-FONTOA, B., J. R. OBESO, M. J. BANUELOS & M. QUEVEDO (2012): Habitat partitioning and molting site fidelity in *Tetrao urogallus cantabricus* revealed through stable isotopes analysis. *J. Ornithol.* 153: 555–562.
- BOLLMANN, K., R. F. GRAF, R. DEBRUNNER & W. SUTER (2004): The capercaillie as indicator of high species richness: potential and limitations of the umbrella species concept. S. 200–207 in: *Proc. 12<sup>th</sup> ann. IALE (UK) conf. «Landscape ecology of trees and forests»*, Cirencester.
- BOLLMANN, K., R. F. GRAF & W. SUTER (2011): Quantitative predictions for patch occupancy of capercaillie in fragmented habitats. *Ecography* 34: 276–286.
- BOWEN, G. J., L. I. WASSENAAR & K. A. HOBSON (2005): Global application of stable hydrogen and oxygen isotopes to wildlife forensics. *Oecologia* 143: 337–348.
- BRAUNISCH, V., K. BOLLMANN, R. F. GRAF & A. H. HIRZEL (2008): Living on the edge – Modelling habitat suitability for species at the edge of their fundamental niche. *Ecol. Model.* 214: 153–167.
- BRAUNISCH, V., P. PATTHEY & R. ARLETTAZ (2011): Spatially explicit modeling of conflict zones between wildlife and snow sports: prioritizing areas for winter refuges. *Ecol. Appl.* 21: 955–967.
- BRAUNISCH, V., G. SEGELBACHER & A. H. HIRZEL (2010): Modelling functional landscape connectivity from genetic population structure: a new spatially explicit approach. *Mol. Ecol.* 19: 3664–3678.
- BRAUNISCH, V. & R. SUCHANT (2008): Using ecological forest site mapping for long-term habitat suitability assessments in wildlife conservation – demonstrated for capercaillie (*Tetrao urogallus*). *For. Ecol. Manage.* 256: 1209–1221.
- BRAUNISCH, V. & R. SUCHANT (2010): Predicting species distributions based on incomplete survey data: the trade-off between precision and scale. *Ecography* 33: 826–840.
- CHAMBERLAIN, D., R. ARLETTAZ, E. CAPRIO, R. MAGGINI, P. PEDRINI, A. ROLANDO & N. ZBINDEN (2012): The altitudinal frontier in avian climate impact research. *Ibis* 154: 205–209.
- DURIEZ, O., J.-M. SACHET, E. MENONI, N. PIDANCIER, C. MIQUEL & P. TABERLET (2007): Phylogeography of the capercaillie in Eurasia: what is the conservation status in the Pyrenees and Cantabrian Mountains? *Conserv. Genet.* 8: 513–526.
- FRY, B. (2006): *Stable isotope ecology*. Springer, New York.
- GLUTZ VON BLOTZHEIM, U. N., K. M. BAUER & E. BEZZEL (1973): *Handbuch der Vögel Mitteleuropas*. Bd. 5, Galliformes und Gruiformes. Akad. Verl.-Ges., Frankfurt a.M.
- GRAF, R. F., L. MATHYS & K. BOLLMANN (2009): Habitat assessment for forest dwelling species using LiDAR remote sensing: Capercaillie in the Alps. *For. Ecol. Manage.* 257: 160–167.
- GREMMELS, H. D. (1986): The digestive system of the tetranoides – a survey of the physiology and micro-anatomy of this system of organs. *Z. Jagdwiss.* 32: 96–104.
- GRIFFITHS, R., M. C. DOUBLE, K. ORR & R. J. G. DAWSON (1998): A DNA test to sex most birds. *Mol. Ecol.* 7: 1071–1075.
- HOBAN, S. (2013): Bringing genetic diversity to the forefront of conservation policy and management. *Conserv. Gen. Res.* 5: 593–598.
- HOBSON, K. A. (1999): Tracing origins and migration of wildlife using stable isotopes: a review. *Oecologia* 120: 314–326.
- HOBSON, K. A., G. J. BOWEN, L. I. WASSENAAR, Y. FERRAND & H. LORMEE (2004): Using stable hydrogen and oxygen isotope measurements of feathers to infer geographical origins of migrating European birds. *Oecologia* 141: 477–488.
- JACOB, G., R. DEBRUNNER, F. GUGERLI, B. SCHMID & K. BOLLMANN (2010): Field surveys of capercaillie (*Tetrao urogallus*) in the Swiss Alps underestimated local abundance of the species as revealed by genetic analyses of non-invasive samples. *Conserv. Genet.* 11: 33–44.
- KLAUS, S., A. ANDREEV, H.-H. BERGMANN, F. MÜLLER, J. PORKERT & J. WIESNER (1989): *Die Auerhühner*. Neue Brehm Bücherei Bd. 86. Ziemsen, Wittenberg Lutherstadt.

- KLAUS, S., H.-H. BERGMANN, C. MARTI, F. MÜLLER, O. A. VITOVIĆ & J. WIESNER (1990): Die Birkhühner. Neue Brehm-Bücherei Bd. 397. Ziemsen, Wittenberg Lutherstadt.
- KORMANN, U., F. GUGERLI, N. RAY, L. EXCOFFIER & K. BOLLMANN (2012): Parsimony-based pedigree analysis and individual-based landscape genetics suggest topography to restrict dispersal and connectivity in the endangered capercaillie. *Biol. Conserv.* 152: 241–252.
- LEBIGRE, C., R. V. ALATALO, H. E. FORS & H. SIITARI (2008): Low levels of relatedness on black grouse leks despite male philopatry. *Mol. Ecol.* 17: 4512–4521.
- LIESER, M., K. SCHROTH & P. BERTHOLD (2005): Ernährungsfysiologische Aspekte im Zusammenhang mit der Auswilderung von Auerhühnern *Tetrao urogallus*. *Ornithol. Beob.* 102: 97–108.
- LINDÉN, H. (1984): The role of energy and resin contents in the selective feeding of pine needles by the capercaillie. *Ann. Zool. Fenn.* 21: 435–439.
- MANEL, S., M. K. SCHWARTZ, G. LUIKART & P. TABERLET (2003): Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends Ecol. Evol.* 18: 189–197.
- MARTI, C. (1985): Unterschiede in der Winterökologie von Hahn und Henne des Birkhuhns *Tetrao tetrix* im Aletschgebiet (Zentralalpen). *Ornithol. Beob.* 82: 1–30.
- MOSS, R. (1989): Gut size and the digestion of fibrous diets by tetraonid birds. *J. experim. Zool. Suppl.* 3: 61–65.
- MOSS, R. (1972): Effects of captivity on gut length in red grouse. *J. Wildl. Manage.* 36: 99–104.
- MOSS, R., I. STORCH & M. MÜLLER (2010): Trends in grouse research. *Wildl. Biol.* 16: 1–11.
- PATTHEY, P., N. SIGNORELLI, L. ROTELLI & R. ARLETTAZ (2012): Vegetation structural and compositional heterogeneity as a key feature in Alpine black grouse microhabitat selection: conservation management implications. *Eur. J. Wildl. Res.* 58: 59–70.
- POMPANON, F., B. E. DEAGLE, W. O. C. SYMONDSON, D. S. BROWN, S. N. JARMAN & P. TABERLET (2012): Who is eating what: diet assessment using next generation sequencing. *Mol. Ecol.* 21: 1931–1950.
- REVERMANN, R., H. SCHMID, N. ZBINDEN, R. SPAAR & B. SCHRÖDER (2012): Habitat at the mountain tops: how long can Rock Ptarmigan (*Lagopus muta helvetica*) survive rapid climate change in the Swiss Alps? A multi-scale approach. *J. Ornithol.* 153: 891–905.
- RODRÍGUEZ-MUÑOZ, R., P. M. MIROL, G. SEGELBACHER, A. FERNÁNDEZ & T. TREGENZA (2007): Genetic differentiation of an endangered capercaillie (*Tetrao urogallus*) population at the Southern edge of the species range. *Conserv. Genet.* 8: 659–670.
- SCHWEIGER, A. K., U. NOPP-MAYR & M. ZOHMANN (2012): Small-scale habitat use of black grouse (*Tetrao tetrix* L.) and rock ptarmigan (*Lagopus muta helvetica* Thienemann) in the Austrian Alps. *Eur. J. Wildl. Res.* 58: 35–45.
- SEGELBACHER, G. (2012): Molekulare Methoden im Naturschutz. *Vogelwarte* 50: 9–14.
- SEGELBACHER, G., S. A. CUSHMAN, B. K. EPPERSON, M. J. FORTIN, O. FRANCOIS, O. J. HARDY, R. HOLDEREGGER, P. TABERLET, L. P. WAITS & S. MANEL (2010): Applications of landscape genetics in conservation biology: concepts and challenges. *Conserv. Genet.* 11: 375–385.
- SEGELBACHER, G., J. HÖGLUND & I. STORCH (2003): From connectivity to isolation: genetic consequences of population fragmentation in capercaillie across Europe. *Mol. Ecol.* 12: 1773–1780.
- SEGELBACHER, G., S. MANEL & J. TOMIUK (2008): Temporal and spatial analyses disclose consequences of habitat fragmentation on the genetic diversity in capercaillie (*Tetrao urogallus*). *Mol. Ecol.* 17: 2356–2367.
- SEGELBACHER, G., R. J. PAXTON, G. STEINBRUCK, P. TRONTELI & I. STORCH (2000): Characterization of microsatellites in capercaillie *Tetrao urogallus* (Aves). *Mol. Ecol.* 9: 1934–1935.
- SEGELBACHER, G. & S. PIERTNEY (2007): Phylogeography of the European capercaillie (*Tetrao urogallus*) and its implications for conservation. *J. Ornithol.* 148: S269–S274.
- SEGELBACHER, G. & I. STORCH (2002): Capercaillie in the Alps: genetic evidence of metapopulation structure and population decline. *Mol. Ecol.* 11: 1669–1677.
- SEGELBACHER, G., P. WEGGE, A. V. SIVKOV & J. HÖGLUND (2007): Kin groups in closely spaced capercaillie leks. *J. Ornithol.* 148: 79–84.
- SIBLEY, C. G., J. E. AHLQUIST & B. L. MONROE (1988): A classification of the living birds of the world based on DNA-DNA hybridisation studies. *Auk* 105: 409–423.
- SIRKIÄ, S., J. LEHTOMÄKI, H. LINDÉN, E. TOMPPA & A. MOILANEN (2012): Defining spatial priorities for capercaillie *Tetrao urogallus* lekking landscape conservation in south-central Finland. *Wildl. Biol.* 18: 337–353.
- SMITH, S. E., R. D. GREGORY, B. J. ANDERSON & C. D. THOMAS (2013): The past, present and potential future distributions of cold-adapted bird species. *Diversity and Distributions* 19: 352–362.
- STORCH, I. (2007): Status survey and conservation action plan: Grouse action plan update. [www.gct.org.uk/gsg/publicat.htm#gap2006](http://www.gct.org.uk/gsg/publicat.htm#gap2006). WPA/BirdLife/SSC Grouse Specialist Group. IUCN, Gland, BirdLife International, Cambridge, and World Pheasant Association, Reading.
- STORCH, I., M. J. BAÑUELOS, A. FERNÁNDEZ-GIL, J. R. OBESO, M. QUEVEDO & R. RODRÍGUEZ-MUÑOZ (2006): Subspecies Cantabrian capercaillie *Tetrao urogallus cantabricus* endangered according to IUCN criteria. *J. Ornithol.* 147: 653–655.
- STORCH, I. & G. SEGELBACHER (2005): Two grouse clutches in the same nest: evidence for nest site adoption in capercaillie (*Tetrao urogallus*). *J. Ornithol.* 146: 85–88.

- SUTER, W., R. F. GRAF & R. HESS (2002): Capercaillie (*Tetrao urogallus*) and avian biodiversity: Testing the umbrella-species concept. *Conserv. Biol.* 16: 778–788.
- THIEL, D., S. JENNI-EIERMANN, V. BRAUNISCH, R. PALME & L. JENNI (2008): Ski tourism affects habitat use and evokes a physiological stress response in capercaillie *Tetrao urogallus*: a new methodological approach. *J. Appl. Ecol.* 45: 845–853.
- THIEL, D., S. JENNI-EIERMANN, R. PALME & L. JENNI (2011): Winter tourism increases stress hormone levels in the Capercaillie *Tetrao urogallus*. *Ibis* 153: 122–133.
- VIRKKALA, R., R. K. HEIKKINEN, S. FRONZEK, H. KUJALA & N. LEIKOLA (2013): Does the protected area network preserve bird species of conservation concern in a rapidly changing climate? *Biodiv. Conserv.* 22: 459–482.
- VISPO, C. & W. KARASOV (1997): The interactions of avian gut microbes and their host: an elusive symbiosis. S. 116–166 in: R. MACKIE & B. WHITE (eds): *Gastrointestinal microbiology*. Chapham and Hall, New York.
- WESTNEAT, D. F. (1987): Extra-pair fertilizations in a predominantly monogamous bird – genetic evidence. *Anim. Behav.* 35: 877–886.
- WIENEMANN, T., D. SCHMITT-WAGNER, K. MEUSER, G. SEGELBACHER, B. SCHINK, A. BRUNE & P. BERTHOLD (2011): The bacterial microbiota in the ceca of Capercaillie (*Tetrao urogallus*) differs between wild and captive birds. *Syst. Appl. Microbiol.* 34: 542–551.
- YOHANNES, E., R. W. LEE, M. VALCU & B. KEMPENERS (2012): Feather deuterium as an indicator of age-class in the Pectoral Sandpiper *Calidris melanotos*. *Ibis* 154: 868–873.
- ZBINDEN, N. (1980): Zur Verdaulichkeit und umsetzbaren Energie von Tetraoniden-Winternahrung und zum Erhaltungsbedarf des Birkuhns (*Tetrao tetrix*) in Gefangenschaft mit Hinweisen auf Verdauungsversuche. *Vogelwelt* 101: 1–18.
- ZURELL, D., V. GRIMM, E. ROSSMANITH, N. ZBINDEN, N. E. ZIMMERMANN & B. SCHRÖDER (2012): Uncertainty in predictions of range dynamics: black grouse climbing the Swiss Alps. *Ecography* 35: 590–603.