

NORA THERESIA DÖRR

Genetische Vielfalt von im Gatter gehaltenem Damwild in Hessen



Inaugural-Dissertation zur Erlangung des Grades eines
Dr. med. vet.

beim Fachbereich Veterinärmedizin der Justus-Liebig-Universität Gießen



édition scientifique
VVB LAUFERSWEILER VERLAG

Das Werk ist in allen seinen Teilen urheberrechtlich geschützt.

Die rechtliche Verantwortung für den gesamten Inhalt dieses Buches liegt ausschließlich bei der Autorin dieses Werkes.

Jede Verwertung ist ohne schriftliche Zustimmung der Autorin oder des Verlages unzulässig. Das gilt insbesondere für Vervielfältigungen, Übersetzungen, Mikroverfilmungen und die Einspeicherung in und Verarbeitung durch elektronische Systeme.

1. Auflage 2025

All rights reserved. No part of this publication may be reproduced, stored in a retrieval system, or transmitted, in any form or by any means, electronic, mechanical, photocopying, recording, or otherwise, without the prior written permission of the Author or the Publisher.

1st Edition 2025

© 2025 by VVB LAUFERSWEILER VERLAG, Giessen
Printed in Germany



édition scientifique
VVB LAUFERSWEILER VERLAG

STAUFENBERGRING 15, 35396 GIESSEN, GERMANY
Tel: 0641-5599888 Fax: 0641-5599890
email: redaktion@doktorverlag.de

www.doktorverlag.de

Aus dem Klinikum Veterinärmedizin
Klinik für Schweine
Bestandsbetreuung und molekulare Diagnostik
der Justus-Liebig-Universität Gießen

Betreuer: Prof. Dr. Dr. habil. Gerald Reiner
Prof. Dr. Hermann Willems

Genetische Vielfalt von im Gatter gehaltenem Damwild in Hessen

INAUGURAL-DISSERTATION
zur Erlangung des Grades eines
Dr. med. vet.
beim Fachbereich Veterinärmedizin
der Justus-Liebig-Universität Gießen

eingereicht von

Nora Theresia Dörr

Tierärztin aus Seeheim-Jugenheim

Gießen 2024

**Mit Genehmigung des Fachbereichs Veterinärmedizin
der Justus-Liebig-Universität Gießen**

Dekan: Prof. Dr. Dr. Stefan Arnhold

**Gutachter: Prof. Dr. Dr. habil. Gerald Reiner
PD Dr. Simone Häberlein**

Tag der Disputation: 17.12.2024

2.2.3.5	Erwartete Heterozygotie.....	69
2.2.3.6	Beobachtete Heterozygotie.....	70
2.2.3.7	F-Statistik.....	70
2.2.3.7.1	F_{IT} -Wert.....	71
2.2.3.7.2	F_{IS} -Wert.....	71
2.2.3.7.3	F_{ST} -Wert.....	72
2.2.3.8	Θ (θ)-Wert nach WEIR und COCKERHAM (1984).....	73
2.2.3.9	G_{ST} -Wert nach NEI (1973) und NEI und CHESSER (1983).....	74
2.2.3.10	G'_{ST} -Wert nach HEDRICK (2005).....	74
2.2.3.11	D_{est} oder $Jost's D$ nach JOST (2008).....	75
2.2.3.12	Berechnungen genetischer Distanzen.....	76
2.2.3.12.1	Dendrogramm.....	76
2.2.3.12.2	DAPC.....	76
2.2.3.12.3	Structure.....	76
2.2.3.12.4	AMOVA.....	77
2.2.3.13	Hardy-Weinberg-Gleichgewicht.....	77
2.2.3.14	Chi-Quadrat-Test (χ^2 -Test).....	79
2.2.3.15	Effektive Populationsgröße.....	81
2.2.3.15.1	Demografische effektive Populationsgröße.....	83
2.2.3.16	Jährliche Inzuchtzunahme.....	83
2.3	Genetische Diversität von Damwildpopulationen.....	84
2.3.1	Mikrosatelliten-basiert.....	84
2.3.1.1	BAKER et al. (2017).....	84
2.3.1.2	REIßMANN et al. (2010).....	85
2.3.1.3	POETSCH et al. (2001).....	86
2.3.1.4	SCANDURA (2004).....	87
2.3.2	Weitere genetische Studien zu Damwild.....	87
3	Material und Methoden.....	96
3.1	Materialien.....	96
3.1.1	Geräte und Zubehör.....	96
3.1.2	Chemikalien und Puffer.....	97
3.1.3	PC-Programme.....	98
3.1.3.1	Mikrosatelliten-Vorbereitung und -Auswertung.....	98

3.1.3.2	Populationsgenetische Parameter.....	98
3.1.3.3	Grafische Darstellungen	99
3.1.4	Probenmaterial.....	99
3.2	Methoden.....	100
3.2.1	Probenahme.....	100
3.2.2	DNA-Isolation	100
3.2.3	Etablierung der Mikrosatelliten Multiplex-PCRs.....	104
3.2.4	Kapillarsequenzierung.....	110
3.2.5	Auswertungen und Berechnungen	111
4	Ergebnisse	113
4.1	Qualität der Proben	113
4.2	Qualität der Mikrosatelliten	114
4.3	Populationsgenetische Ergebnisse der untersuchten Populationen	116
4.3.1	Private Allele.....	116
4.3.2	Populationsgenetische Parameter	116
4.3.3	Populationsdifferenzierung.....	122
4.3.4	Populationsstruktur.....	122
4.3.4.1	Dendrogramm	122
4.3.4.2	Diskriminanzanalyse der Hauptkomponenten	123
4.3.4.3	Structure.....	125
4.3.4.4	Analyse der molekularen Varianz.....	128
4.4	Daten der vier hessischen Populationen für den Vergleich mit anderen untersuchten Damwildpopulationen.....	129
4.4.1	Daten der untersuchten Populationen für den Vergleich mit BAKER et al. (2017).....	129
4.4.2	Daten der untersuchten Populationen für den Vergleich mit REISMANN et al. (2010).....	132
4.4.3	Daten der untersuchten Populationen für den Vergleich mit POETSCH et al. (2001).....	134
4.4.4	Daten der untersuchten Populationen für den Vergleich mit SCANDURA (2004).....	136

5	Diskussion	139
5.1	Interpretation der Ergebnisse und Ableitung von Hypothesen.....	139
5.1.1	Mikrosatelliten.....	139
5.1.2	Populationsgenetische Parameter	142
5.1.2.1	Geringe genetische Diversität	142
5.1.2.2	Keine signifikanten Auswirkungen von Inzuchtdepression.....	149
5.1.2.3	Heterogene Gencluster.....	151
5.2	Bewertung der Methoden	155
5.2.1	Probenmaterial und -Umfang	155
5.2.2	Mikrosatelliten.....	156
5.2.3	Labormethoden und Berechnungen.....	157
5.3	Implikationen und Empfehlungen	158
6	Zusammenfassung.....	163
7	Summary.....	166
8	Literaturverzeichnis.....	169
9	Anhang.....	215
9.1	Zeittafel.....	215
9.2	Jagdstrecken Damwild.....	216
9.3	Probenahmeprotokolle	221
9.4	Auswertungsdaten	228
	Eidesstattliche Erklärung	246
	Danksagung	247

Abbildungsverzeichnis

Abb. 1: Aufbau einer Damhirschgeweishaufel (NOLDE, 2020).....	8
Abb. 2: Entwicklung des Damhirschgeweihs (NOLDE, 2020).....	8
Abb. 3: Geweihformen von (a) <i>D. clactoniana</i> , (b) <i>D. dama tiberina</i> und (c) heutigem D. dama (DI STEFANO und PETRONIO, 1997).....	17
Abb. 4: Verbreitungsgebiet des Damwils aus dem IUCN-Bericht von MASSETI und MERTZANIDOU (2008).....	38
Abb. 5: Faktoren, die einen Einfluss auf die vorkommenden Variationen eines Mikrosatelliten haben können (BUSCHIAZZO und GEMMELL, 2006).....	51
Abb. 6: Schrittweise-Mutationsmodell am Beispiel einer Mikrosatellitenvariation, entnommen aus TOMIUK und LOESCHCKE (2017).....	53
Abb. 7: Darstellung der Insertion bzw. Deletion, verursacht durch DNA-Slippage während der Replikation (ELLEGGREN, 2004).....	56
Abb. 8: Beispielhafte Darstellung von Stotterbanden, entnommen aus der Arbeit mit dem Peak Scanner mit Daten dieser Publikation.....	59
Abb. 9: Das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht für zwei Allele (AICHINGER und GRIMM, 2008).....	78
Abb. 10: Genotyp-Akkumulationskurve.....	115
Abb. 11: Dendrogramm der vier untersuchten Populationen nach ROGERS (1972).....	123
Abb. 12: DAPC der vier untersuchten Populationen.....	124
Abb. 13: Verteilung der Cluster in den vier untersuchten Populationen nach Berechnung mittels DAPC.....	125
Abb. 14: Structure-Analyse der einzelnen Individuen der vier untersuchten Populationen.....	127
Abb. 15: Verteilung der Cluster in den vier untersuchten Populationen nach Berechnung mittels Structure-Analyse.....	128

Abbildungsverzeichnis des Anhangs

Abb. A 1: Damwildstrecke in Deutschland - Durchschnittswerte der Jagdjahre 2014/15 bis 2017/18 (GREISER et al., 2020).....	216
Abb. A 2: Jahresstrecken von Rot-, Dam- und Rehwild in Deutschland aus den Jagd Jahren 1996/97 bis 2018/19 (WILDTIER-INFORMATIONSSYSTEM DER LÄNDER DEUTSCHLANDS (WILD)).....	217

Abb. A 3: Jahresstrecken von Rot- und Damwild in Deutschland aus den Jagdjahren
1996/97 bis 2018/19 (WILDTIER-INFORMATIONSSYSTEM DER LÄNDER
DEUTSCHLANDS (WILD)) 218

Abb. A 4: Jahresstrecken von Rot- und Damwild in Hessen aus den Jagdjahren
1996/97 bis 2018/19 (WILDTIER-INFORMATIONSSYSTEM DER LÄNDER
DEUTSCHLANDS (WILD)) 219

Abb. A 5: Streckenvergleiche des Damwildes in den deutschen Bundesländern aus
den Jagdjahren 2004/05 bis 2007/08 und 2014/15 bis 2017/18
(WILDTIER-INFORMATIONSSYSTEM DER LÄNDER DEUTSCHLANDS (WILD)) 220

Tabellenverzeichnis

Tab. 1: Genotypen und Genotypfrequenzen eines Locus mit zwei Allelen	68
Tab. 2: Einteilung des F_{ST} -Wertes	73
Tab. 3: Primer und Sonde für die Real-Time PCR	103
Tab. 4: Vorwärts- und Rückwärtssequenzen der Primer der verwendeten Mikrosatelliten	105
Tab. 5: Erwartete Allellängen der Mikrosatelliten auf Grundlage der Literaturquellen	106
Tab. 6: Farbmarkierungen der Primer und Herstellung von 800 μ l Multiplex- Primerlösung Endkonzentration pro Primerlösung: 0,4 μ M.....	109
Tab. 7: Programm der Proben-PCR	110
Tab. 8: Private Allele pro Locus und Population der untersuchten hessischen Populationen	116
Tab. 9: Anzahl der Allele, die sich daraus maximal ergebenden möglichen Kombinationen der Genotypen und die Anzahl der gefundenen Genotypen zusammengefasst über alle untersuchten Populationen hinweg.....	117
Tab. 10: Zusammenfassung der populationsgenetischen Parameter der vier untersuchten Populationen	119
Tab. 11: Effektive Populationsgröße N_e (mit einem 95 % KI) mit verschiedenen Allelfrequenzthresholds berechnet mittels des NeEstimators.....	120
Tab. 12: Die effektive Populationsgröße abgeleitet von demografischen Daten.....	121
Tab. 13: Populationsdifferenzierungen anhand der F_{st} -Werte (WEIR und COCKERHAM, 1984), der G_{st} -Werte (NEI und CHESSER, 1983), der G'_{st} -Werte (HEDRICK, 2005), der Theta-Werte (WEIR und COCKERHAM, 1984) und Jost's D (JOST, 2008)	122
Tab. 14: AMOVA der vier untersuchten Populationen.....	129
Tab. 15: Populationsgenetische Daten der vier untersuchten Populationen mit den in Baker et al. (2017) verwendeten Mikrosatelliten.....	131
Tab. 16: Allelanzahl N_A und beobachtete Heterozygotie H_o der vier untersuchten Populationen für die in BAKER et al. (2017) verwendeten Mikrosatelliten.....	131
Tab. 17: Populationsgenetische Daten der vier untersuchten Populationen mit den in REIßMANN et al. (2010) verwendeten Mikrosatelliten	133
Tab. 18: Allelanzahl N_A und beobachtete Heterozygotie H_o der vier untersuchten Populationen für die in REIßMANN et al. (2010) verwendeten Mikrosatelliten	133
Tab. 19: Populationsgenetische Daten der vier untersuchten Populationen mit den in POETSCH et al. (2001) verwendeten Mikrosatelliten	136

Tab. 20: Allelanzahl N_A und beobachtete Heterozygotie H_0 der vier untersuchten Populationen für die in POETSCH et al. (2001) verwendeten Mikrosatelliten...	136
Tab. 21: Populationsgenetische Daten der vier untersuchten Populationen mit den in SCANDURA (2004) verwendeten Mikrosatelliten	138
Tab. 22: Allelanzahl N_A und beobachtete Heterozygotie H_0 der vier untersuchten Populationen für die in SCANDURA (2004) verwendeten Mikrosatelliten	138

Tabellenverzeichnis des Anhangs

Tab. A 1: Zeittafel, angelehnt an CHAPMAN und CHAPMAN (1997), LISTER (1984) und Einträgen in den Lexika der SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT VERLAGSGESELLSCHAFT.....	215
Tab. A 2: Probenahmeprotokoll Population Edersee	221
Tab. A 3: Probenahmeprotokoll Population Eulbach	222
Tab. A 4: Probenahmeprotokoll Population Sababurg	224
Tab. A 5: Probenahmeprotokoll anonymisierte Population.....	226
Tab. A 6: Test auf Abweichung vom HWG für die theoretische Gesamtpopulation	228
Tab. A 7: Test auf Abweichung vom HWG für die Population Edersee	228
Tab. A 8: Test auf Abweichung vom HWG für die Population Eulbach	229
Tab. A 9: Test auf Abweichung vom HWG für die Population Sababurg.....	230
Tab. A 10: Test auf Abweichung vom HWG für die anonymisierte Population.....	230
Tab. A 11: Nullallelfrequenzen nach BROOKFIELD (1996) für die Population Edersee	231
Tab. A 12: Nullallelfrequenzen nach BROOKFIELD (1996) für die Population Eulbach	231
Tab. A 13: Nullallelfrequenzen nach BROOKFIELD (1996) für die Population Sababurg	232
Tab. A 14: Nullallelfrequenzen nach BROOKFIELD (1996) für die anonymisierte Population	233
Tab. A 15: Populationsgenetische Parameter der Population Edersee	233
Tab. A 16: Populationsgenetische Parameter der Population Eulbach.....	234
Tab. A 17: Populationsgenetische Parameter der Population Sababurg.....	234
Tab. A 18: Populationsgenetische Parameter der anonymisierten Population	235
Tab. A 19: Allelanzahlen der individuellen Proben der vier untersuchten Populationen	236
Tab. A 20: Allelfrequenzen der Mikrosatelliten der vier untersuchten Populationen ...	238
Tab. A 21: Zuordnung der Individuen (in Prozent) in die vier Cluster der DAPC	239

Tabellenverzeichnis

Tab. A 22: Zuordnung der Individuen (in Prozent) in die vier Cluster der Structure-Analyse	240
Tab. A 23: Populationsgenetische Parameter der in der Literatur beprobten Populationen	241
Tab. A 24: Allelzahl N_A und beobachtete Heterozygotie H_0 der verwendeten Mikrosatelliten aus den einzelnen Literaturquellen	243

Abkürzungsverzeichnis

AMOVA	Analysis of molecular variance
BLAST	Basic local alignment search tool
bp	Basenpaare
DA	Discriminant analysis
DAPC	Discriminant analysis of principal components
Ed	Edersee
EDTA	Ethylendiamintetraacetat
Eu	Eulbach
HWG	Hardy-Weinberg-Gleichgewicht
IAM	Infinite allele model
ICZN	International Commission on Zoological Nomenclature
ITIS	Integrated taxonomic information system
KI	Konfidenzintervall
LINES	Long interspersed nuclear elements
MCMC	Markov Chain Monte Carlo
Mg	Magnesium
MLGs	Multilokus-Genotypen
Mn	Mangan
mtDNA	Mitochondriale DNA
NCBI	National Center for Biotechnology Information
ns	Nicht significant
PCA	Principal component analysis
PCR	Polymerase chain reaction
QTLs	Quantitative Trait Loci
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA
rpm	Rounds per minute
s	Signifikant
s.l.	Sensu lato
Sb	Sababurg

Abkürzungsverzeichnis

SINEs	Short interspersed nuclear elements
SMM	Stepwise mutation model
SNPs	Single Nucleotide Polymorphisms
SSLP	Short/simple sequence length polymorphisms
SSR	Simple/single sequence repeats
STR	Short tandem repeats
VNTR	Variable number of tandem repeats
WILD	Wildtier-Informationssystem der Länder Deutschlands

1 Einleitung und Zielsetzung

Ursprünglich aus Vorderasien und dem östlichen Mittelmeerraum stammend, starb das Damwild infolge der letzten Eiszeit in Europa aus. Im Mittelalter wurde es schließlich in Mitteleuropa und Großbritannien aus jagdlichen Gründen mit einer kleinen Anfangspopulation wieder angesiedelt. Die geringe Anzahl der Gründertiere der heute existierenden Damwildpopulationen in Europa stellt die Frage nach deren genetischen Ursprüngen und Zusammenhängen.

Bis heute haben sich nur wenige Studien gezielt mit der Spezies Damwild im Rahmen dieser Fragestellung beschäftigt. Insbesondere für deutsche Damwildpopulationen wurden bislang nur sehr vereinzelte Untersuchungen durchgeführt.

Über die Jahre wurden die verwendeten wissenschaftlichen Methoden zudem stetig weiterentwickelt und spezifiziert.

Bereits im Jahr 1977 testeten BUTCHER und HAWKEY Tiere aus 30 Spezies auf das Vorkommen von Hämoglobinvarianten. PEMBERTON und SMITH (1985), HARTL et al. (1986), RANDI und APOLLONIO (1988) sowie WEHNER et al. (1991) suchten noch nach Protein- bzw. Isoenzym polymorphismen. MASSETI et al. (1997) verwendeten eine Random Amplified Polymorphic Desoxyribonucleinacid (RAPD)-Analyse, um die genetische Variabilität italienischer Damwildpopulationen zu untersuchen. SAY et al. (2003; 2005) stützen ihre Arbeit über irisches Damwild schließlich auf die Verwendung von Mikrosatelliten.

Zum Zeitpunkt der Erstellung dieser Arbeit war die Verwendung von Mikrosatelliten oder Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) als wissenschaftliche Methode bei Studien zu genetischen Untersuchungen für Randspezies wie das Damwild die wissenschaftliche Praxis.

Die hier vorliegende Dissertation befasst sich mit der Untersuchung der genetischen Diversität von vier in Gattern gehaltenen Damwildherden im geografischen Raum Hessen. Hierfür wurden Gewebe- und Stangenproben aus diesen Herden gezogen und deren genetische Vielfalt mithilfe von Mikrosatelliten untersucht und dargestellt.

Ziel der Arbeit war es, die genetische Diversität innerhalb und zwischen den einzelnen Damwildpopulationen in Hessen zu untersuchen und zu vergleichen. Des Weiteren sollen am Beispiel der hier erzielten Ergebnisse Empfehlungen zur Auswahl des Probenmaterials und zur Verwendung der Mikrosatelliten für weitere wissenschaftliche Arbeiten formuliert werden.

2 Literaturübersicht

2.1 Damwild

2.1.1 Systematische Stellung

Systematisch gehört der Damhirsch (*Dama dama*) zur Ordnung der Paarhufer (*Artiodactyla*) (NOWAK, 1991; CARNE, 2000; FLETCHER, 2013). Dazu zählen überwiegend pflanzenfressende Tiere, die im Gegensatz zu den Unpaarhufern durch eine gerade Anzahl von Zehen charakterisiert sind (NOWAK, 1991; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; CARNE, 2000). Zu den Unterordnungen der Paarhufer gehören die Schweineartigen (*Suina*), die Schwielensohler (*Tylopoda*), die *Whippomorpha* und die Wiederkäuer (*Ruminantia*) (FLETCHER, 2013; SCHOCH et al., 2020).

Die *Ruminantia* sind gekennzeichnet durch ihren mehrteiligen Magen, der es ihnen mittels mikrobieller Verdauung ermöglicht, pflanzenbasierte Nahrung als Energiequelle nutzbar zu machen. Sie können in die Infraordnungen der *Tragulina*, zu der nur die Familie der Hirschferkel (*Tragulidae*) zählt, und die der Stirnwaffenträger (*Pecora*) unterteilt werden (NOWAK, 1991).

Zu den Familien der Stirnwaffenträger gehört neben den Familien der *Giraffidae*, der *Antilocapridae*, der *Bovidae* und der *Moschidae* (FLETCHER, 2013) auch die Familie der Hirsche (*Cervidae*) (NOWAK, 1991; FLETCHER, 2013). Dieser Familie werden über 50 Arten zugeordnet. Eine Möglichkeit der Einteilung erfolgt mittels des Grades der Reduktion der zweiten und fünften Zehe am Vorderfuß (UECKERMANN und HANSEN, 1983).

Eine der beiden großen Entwicklungslinien ist dabei die der *Plesiometacarpalia*. Sie werden durch ihr Vorkommen in der Alten Welt auch als Altwelthirsche bezeichnet. Diese Entwicklungslinie zeichnet sich durch den Umstand aus, dass bei ihren Vertretern die proximalen Enden der lateralen Metacarpalia erhalten sind. Zu den *Plesiometacarpalia* zählen unter anderem das Dam- und das Rotwild (UECKERMANN und HANSEN, 1983).

Im Gegensatz dazu sind bei der Entwicklungslinie der *Telemetacarpalia* die distalen Enden der lateralen Metacarpalia vorhanden (BROOKE, 1878; UECKERMANN und HANSEN,

1983). Die *Telemetacarpalia* bestehen überwiegend aus Vertretern der Neuen Welt und werden daher auch als Neuwelthirsche benannt, obwohl ebenfalls Vertreter europäischer und zirkumpolarer bzw. zirkumborealer Breiten wie Rehwild (*Capreolus*), Rentier (*Rangifer*) und Elch (*Alces*) zu dieser Gruppe gehören (UECKERMANN und HANSEN, 1983; CROITOR, 2006, 2014).

Die Einteilung von BROOKE (1878) in die Entwicklungslinien *Plesiometacarpalia* und *Telemetacarpalia* wird von der *Internationalen Kommission für zoologische Nomenklatur* (englisch: *International Commission on Zoological Nomenclature (ICZN)*) nicht unterstützt. Sie wird aber als Äquivalent zur Einteilung in die Subfamilien *Cervinae* (GOLDFUSS, 1820) und *Capreolinae* (BROOKES, 1828) (= *Odocoileinae* (POCOCK, 1923)) angesehen (FLETCHER, 2013; HECKEBERG, 2020).

Die Familie der Hirsche (*Cervidae*) beinhaltet vier Unterfamilien:

- Die *Odocoileinae*, zu denen unter anderem Elche (*Alces*), Rehwild (*Capreolus*) und Rentiere (*Rangifer*) gehören;
- die *Muntiacinae*, zu denen neben den Muntjakhirschen (*Muntiacus*) auch *Elaphodus*, mit dem Schopfhirsch (*Elaphodus cephalophus*) als alleiniger Spezies, zählt;
- die *Hydropotinae*, mit dem chinesischen Wasserhirsch (*Hydropotes inermis*) als einziger Spezies und
- die *Cervinae*, mit Vertretern wie die Axishirsche (*Axis*), die Rothirsche (*Cervus*), die Damhirsche (*Dama*), die Davidshirsche (*Elaphurus davidianus*) und die ausgestorbene Gattung der Riesenhirsche (*Megaloceros*) (SCHOCH et al., 2020).

Der Europäische oder Gemeine Damhirsch wird von LINNÉ (1758) als *Cervus dama* bezeichnet. Er reiht ihn damit in die Gattung *Cervus* mit dem Artnamen *dama* ein. In historischen jagdlichen Schriften wird der Damhirsch trotzdem oft als Vertreter einer besonderen Gattung *Dama* angesehen und es wurden die Bezeichnungen *Dama dama* sowie *Dama dama dama* gebräuchlich. *Dama dama dama* beschreibt dabei das in Mitteleuropa vorkommende Damwild als eine Subspezies des *Dama dama*. Dies erklärt auch den Aufbau der Bezeichnung als *Cervus (Dama) dama* Linné (UECKERMANN und HANSEN, 1983).

Damit ergibt sich folgende Taxonomie für das Damwild:

Ordnung: *Artiodactyla* (OWEN, 1848)

Subordnung: *Ruminantia* (SCOPOLI, 1777)

Infraordnung: *Pecora* (LINNÉ, 1758)

Familie: *Cervidae* (GOLDFUß, 1820)

Subfamilie: *Cervinae* (GOLDFUß, 1820)

Gattung: *Dama* (FRISCH, 1775)

Spezies: *Dama dama* (LINNÉ, 1758)

Subspezies: *D. dama dama* (LINNÉ, 1758)

D. dama mesopotamica (BROOKE, 1875)

Die Gattungen *Cervus* und *Dama* unterscheiden sich in verschiedenen Merkmalen:

Das Geweih des männlichen Wilds der Gattung *Dama* ist verbreitert und bildet die sogenannte Geweih- oder Damschaukel. Zudem besitzen die männlichen Tiere dieser Gattung keine Mähne. Den adulten Tieren beider Geschlechter fehlen die oberen Canini (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; RUE, 2004; HEINTGES, 2008).

Männliche Vertreter der Gattung *Cervus* hingegen besitzen eine Mähne, bilden jedoch nicht verbreiterte Geweihstangen aus. Beide Geschlechter besitzen die oberen Canini (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

Die Unterschiede der Subspezies *D. dama dama* und *D. dama mesopotamica* fallen gering aus. Das mesopotamische Damwild (*D. dama mesopotamica*) ist etwas größer und die Geweihe der männlichen Tiere verbreitern sich nahe des Ansatzes. Beim europäischen Damwild (*D. dama dama*) beginnt die eigentliche Schaukel weiter distal. In Gefangenschaft waren Kreuzungsversuche der beiden Arten erfolgreich und brachten fertilen Nachwuchs hervor (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

Durch ihre physiologischen und genetischen Ähnlichkeiten herrscht in der vorzufindenden Fachliteratur keine Einigkeit darüber, ob man von zwei Spezies, *D. dama* und *D. mesopotamica*, sprechen sollte oder von zwei Subspezies, *D. dama dama* und *D. dama mesopotamica* (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997). CHAPMAN und CHAPMAN (1980; 1997) sprechen sich aufgrund der großen Ähnlichkeit und der genetischen Nähe für zwei Subspezies aus. Dem schließt sich auch HECKEBERG (2020) in ihrer Analyse an. CHAKANYA

et al. (2016) führen dagegen in ihrer Arbeit an, dass es ausreichend Unterschiede gäbe, die beiden als getrennte Spezies zu betrachten.

Die genetische Studie von MASSETI et al. (2008) bestätigt, dass europäisches und mesopotamisches Damwild in früherer Zeit benachbarte Populationen darstellten, welche durch geografische Barrieren getrennt wurden. Die Trennung erfolgte laut der Studie vor approximativ 420.000 Jahren und unterstützt die Benennung als zwei Subspezies. Das Verbreitungsgebiet des mesopotamischen Damwilds erstreckte sich vom Iran und Irak bis nach Syrien und Palästina sowie bis in einige südliche Teile der Türkei, während das europäische Damwild nordwestlich davon verbreitet war (ARSLANGÜNDOĞDU et al., 2010; CHAKANYA et al., 2016). Das europäische und das mesopotamische Damwild werden von den meisten Autoren als zwei Subspezies behandelt. So ist es auch der Datenbank des INTEGRATED TAXONOMIC INFORMATION SYSTEM (ITIS) (2020) zu entnehmen.

2.1.2 Allgemeine Beschreibung

Die Nomenklatur des Damwildes erfolgt entsprechend des Geschlechts in die weiblichen Damtiere und die männlichen Damhirsche (HEINTGES, 2008). Eine genauere Unterteilung der Damhirsche wird unter dem Gesichtspunkt der Entwicklung der Geweihschaufeln vorgenommen, auf die im weiteren Verlauf des Kapitels eingegangen wird.

Das Damwild weist eine Körperlänge von circa 1,2 bis 1,7 m auf (CARNE, 2000; LANGBEIN und CHAPMAN, 2003; HEINTGES, 2008).

Der Schwanz, auch Wedel genannt, misst eine Länge von bis zu 28 cm (NOWAK, 1991; CARNE, 2000; LANGBEIN und CHAPMAN, 2003; RUE, 2004).

Das Damtier erreicht eine Schulterhöhe von ca. 70 bis 80 cm, der Damhirsch eine Schulterhöhe von ca. 90 bis 100 cm (PUTMAN, 1989; CARNE, 2000; LANGBEIN und CHAPMAN, 2003).

Das durchschnittliche Körpergewicht beträgt 35 bis 60 kg bei den Damtieren und 70 bis 100 kg bei den Damhirschen (PUTMAN, 1989; NOWAK, 1991; CARNE, 2000; RUE, 2004). Ihr maximales Körpergewicht erreichen Damtiere mit circa drei und Damhirsche mit circa fünf Jahren (LANGBEIN und CHAPMAN, 2003).

Beide Geschlechter treten in allen Varianten der möglichen Fellfarben auf (HEINTGES, 2008).

Wildfarbene Tiere, auch braune Tiere genannt, sind haselnussbraun mit heller Tüpfelung und einem prominenten schwarzen Aalstrich, der sich bis zur Spitze des Wedels fortsetzt. Der sogenannte Spiegel, eine hellere Zeichnung der Hinterseite der Oberschenkel, wird von einem schwarzen Rand begrenzt. Auf der Mitte der Körperseite verläuft ein waagerechter, heller Strich. Die Bauchunterseite und Läufe sind hell und einfarbig. Das Winterkleid ist braungrau und die Tüpfelung nur schwach zu erkennen (CHAPMAN, 1991; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; CARNE, 2000; LANGBEIN und CHAPMAN, 2003; RUE, 2004).

Isabellfarbene Tiere sind in ihrer Färbung den Wildfarbenen ähnlich, sie sind aber insgesamt heller gefärbt. Der Aalstrich ist hier dunkelbraun (CHAPMAN, 1991; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; CARNE, 2000; LANGBEIN und CHAPMAN, 2003; RUE, 2004).

Weiß gefärbte Tiere kommen als cremefarbene Kitzte zur Welt und hellen sich mit der Zeit auf. Eine Tüpfelung ist nicht erkennbar. Die Augen sind dunkel gefärbt, die Nase ist weniger pigmentiert als bei den anderen Farbschlägen und die sonst schwarzen Hufe sind hellbraun (CHAPMAN, 1991; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; CARNE, 2000; LANGBEIN und CHAPMAN, 2003; RUE, 2004).

Beim schwarzen Farbschlag ist das Fell ganzjährig dunkel, fast schwarz oder gräulich-braun gefärbt. Eine undeutliche bräunliche Tüpfelung ist vorhanden (CHAPMAN, 1991; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; CARNE, 2000; LANGBEIN und CHAPMAN, 2003; RUE, 2004).

Damhirsche sind für ihr charakteristisches Geweih bekannt. Es ist abgeflacht, verbreitert und ähnelt der Form einer Handfläche (NOWAK, 1991; LANGBEIN und CHAPMAN, 2003). Es erreicht vollausgebildet eine durchschnittliche Länge von 60 cm (CARNE, 2000) und ein Gewicht von bis zu 4 kg (REINKEN, 1980).

Mit sechs bis sieben Monaten beginnt das Geweihwachstum an den beidseitigen Stirnbeinforstsätzen, den sogenannten Rosenstöcken (LANGBEIN und CHAPMAN, 2003). Das Geweih setzt sich aus zwei Stangen zusammen, die bei ausgewachsenen Männchen aus je einer Augsprosse, einer darüberliegenden Mittelsprosse und einer sogenannten Schaufel bestehen (Abb. 1). Zudem kann eine zusätzliche Sprosse, die sogenannte

Eissprosse, zwischen Aug- und Mittelsprosse vorkommen. Diese ist jedoch bei Damwild verhältnismäßig selten vorzufinden. Der vordere Rand der Schaufel ist in der Regel glatt, die anderen Seiten können ausgebuchtet oder eingeschlitzt sein (HEINTGES, 2008).

Bezeichnungen

1. Rosenstock
2. Augsproß
3. Mittelsproß
4. Dorn
5. Schaufel



Abb. 1: Aufbau einer Damhirschgeweihschaufel (NOLDE, 2020)

Anhand der Entwicklungsstufen der Geweihe, dargestellt in Abb. 2, unterscheidet man die Damhirsche wie folgt:

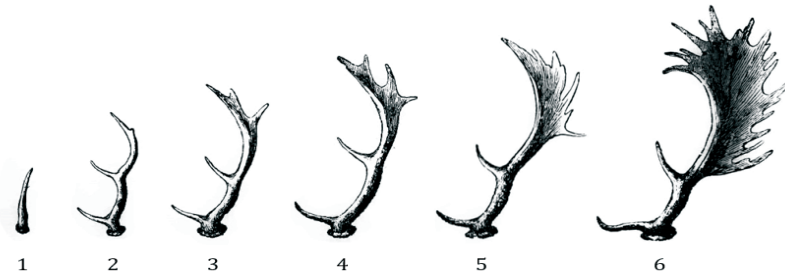


Abb. 2: Entwicklung des Damhirschgeweihs (NOLDE, 2020)

1: Schmalspießer (1. Kopf), 2: Knieper (2. Kopf), 3: Löffler (3. Kopf), 4: Angehender Schaufler (4. Kopf), 5: Halbschaufler (5. Kopf), 6: Vollschaufler (6. Kopf)

Im zweiten Lebensjahr tragen die Spießer gemäß ihrer Namensgebung nur je einen Geweihspieß (Abb. 2 Nr. 1), der sich in den darauffolgenden Jahren mit jedem neuen Geweih weiterentwickelt (NOWAK, 1991). Im Alter von sechs bis sieben Jahren ist das Geweih voll ausgebildet (Abb. 2 Nr. 6) (CARNE, 2000; LANGBEIN und CHAPMAN, 2003). Die Form des Geweihs wird durch die Genetik beeinflusst, die Größe ist vor allem von der Nährstoffversorgung abhängig (LANGBEIN und CHAPMAN, 2003).

Die Geweishschaukeln werden im April bzw. Mai abgeworfen und wachsen bis August bzw. September nach (NOWAK, 1991; CARNE, 2000; LANGBEIN und CHAPMAN, 2003; RUE, 2004). Während der Wachstumsphase sind sie von einer schützenden Basthaut umgeben, die das Geweih mit Nährstoffen versorgt. Aufgrund ihrer Sensibilität können Verletzungen in dieser Zeit langfristige Deformationen des Geweihs nach sich ziehen. Wird der Rosenstock verletzt, kann daraus eine lebenslange Malformation resultieren. Bei Abschluss der Geweihbildung im Spätsommer stirbt die Basthaut ab und wird durch Fegen an Bäumen und Sträuchern vom eigentlichen Geweih entfernt (CARNE, 2000).

Der Lebensraum des Damwils schließt Wiesen sowie Wälder ein (NOWAK, 1991; RUE, 2004). Zwar bevorzugt das Damwild Laubwälder mit Graslichtungen und Strauchvegetation, es kann sich jedoch an viele Lebensräume adaptieren (LANGBEIN und CHAPMAN, 2003; HEINTGES, 2008). Das heutige europäische Damwild lebt größtenteils in Laub- oder Mischwäldern, ist aber auch in Nadelwäldern mit offenen Grasungsflächen beheimatet. Selbst in kleinen Waldflächen kann Damwild zu finden sein, da sie diese nur als Rückzugsort benötigen und den größten Teil ihrer Zeit mit Weiden zubringen (LANGBEIN und CHAPMAN, 2003).

Damwild gehört bei den Wiederkäuern zu den sogenannten Zwischen- oder Mischtypen (HEINTGES, 2008). Diese ernähren sich das ganze Jahr über vorwiegend von Gräsern und Kräutern (LANGBEIN und CHAPMAN, 2003; RUE, 2004). Zur Äsung gehören aber auch Blätter, Knospen, Pilze, Getreide, Kartoffeln, Kastanien, Eicheln, Obst, Hackfrüchte, Rinde und junge Triebe (HEINTGES, 2008). Meist findet die Futteraufnahme in den frühen Morgenstunden und vom späten Nachmittag bis in den Abend statt (NOWAK, 1991; RUE, 2004). Diese Zeiten wechseln sich mit Phasen des Ruhens und Wiederkäuens ab (LANGBEIN und CHAPMAN, 2003).

Größere Rudel bestehen üblicherweise aus mehreren weiblichen adulten Tieren mit den diesjährigen und vorjährigen Kälbern (LANGBEIN und CHAPMAN, 2003). Ihnen schließen sich gelegentlich auch subadulte Damhirsche an. Nach der Geburt der Kälber sondern sich die Muttertiere einige Wochen vom Rudel ab (HEINTGES, 2008).

Zu reinen Hirschrudeln gehören gewöhnlich zwischen sieben und zwölf junge bis mittelalte Damhirsche. Ältere Tiere leben meist als Einzelgänger und kommen nur zur Brunftzeit zusammen (HEINTGES, 2008).

In großen Populationen leben die Hirsche für den Großteil des Jahres getrennt von den weiblichen Tieren und den Jungtieren in losen Junggesellenherden mit Tieren verschiedenen Alters (LANGBEIN und CHAPMAN, 2003).

Zur Paarungszeit von Oktober bis November kommt das Damwild an den Brunftplätzen zusammen (CARNE, 2000; LANGBEIN und CHAPMAN, 2003; HEINTGES, 2008). Die Hirsche legen sogenannte Brunftkuhlen an und verteidigen diese gegen Konkurrenten (NOWAK, 1991; RUE, 2004; HEINTGES, 2008).

Nach einer Tragezeit von 33 Wochen wird in der Setzzeit im Frühsommer im Schnitt ein Kalb geboren (CARNE, 2000; LANGBEIN und CHAPMAN, 2003; HEINTGES, 2008). Das Kalb verbleibt die ersten Wochen an einem sicheren Ort und wird dort von der Mutter gesäugt (LANGBEIN und CHAPMAN, 2003; RUE, 2004).

2.1.3 Geschichte und Verbreitung

Die Geschichte des Damwilds reicht mehrere Millionen Jahre zurück. Die häufigsten Funde bestehen aus Knochenfragmenten, Zähnen und Teilen der Geweihe. Diese Funde sind zumeist nicht vollständig und erschweren eine genaue historische Rekonstruktion. Zudem werden in Fachkreisen oft unterschiedliche Namen für dieselben (Sub-)Spezies genutzt, da sie an unterschiedlichen Orten oder durch verschiedene Personen entdeckt wurden. Ebenfalls werden dieselben Funde unterschiedlichen (Sub-)Spezies zugeordnet, da verschiedene Autoren diese Funde heterogen interpretieren.

Mit fortschreitenden wissenschaftlichen Methoden werden bestehende Funde immer wieder neu bewertet und eingeordnet.

Bei der Zuordnung historischer Funde ist zu beachten, dass sich dieselbe Spezies über eine große geografische Breite verteilt haben kann. So entstehen Variationen derselben Spezies, die besonders in den Individuen am äußersten Rand der Extreme zum Ausdruck kommen (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

Wie PUTMAN (1989) sagt, gibt es auch bei den heute lebenden Spezies deutliche Unterschiede, wenn sie in verschiedenen Umgebungen vorkommen, nicht nur zwischen den Arten, sondern auch zwischen Populationen derselben Art.

Werden nur Funde dieser Individuen verglichen, scheint es, als ob es sich um verschiedene Spezies handeln würde. Dabei betrachtet man lediglich die genetische Anpassung derselben Spezies an verschiedene Umweltbedingungen (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

Erste Beschreibungen fossiler Damhirsche stammen aus Veröffentlichungen des 18. Jahrhunderts (KNOWLTON, 1746; BARKER, 1785). Die damaligen Beschreibungen der Funde sind nicht präzise, stellen jedoch die wissenschaftliche Grundlage bei CUVIER (1812) für systematische Untersuchungen dar. Während der damaligen systematischen Klassifikation der Tiere wurden alle Cerviden der Gattung *Cervus* (LINNÉ, 1758) untergeordnet. Bei nachfolgenden Entdeckungen von Gattungen und Spezies mit einer bislang nicht näher definierten Taxonomie wurde die Gattung *Cervus* weiterhin als eine Art temporärer taxonomischer Platzhalter verwendet. Die Anwendung dieser Methodik ist vor allem durch die Art der Funde und deren Zustand begründet. Paläontologische Funde sind häufig unvollständig oder fragmentiert und müssen zunächst einmal eingehend beschrieben, untersucht und klassifiziert werden (CROITOR, 2018).

Sowohl HALTENORTH (1959) als auch UECKERMANN und HANSEN (1983) schließen sich der Meinung von AZZAROLI (1953) an, nach der die Familie der Hirsche bereits zu Beginn der Glazialzeit, im Pleistozän, in Gattungen aufgespalten war. Demzufolge nehmen sie das erste Auftreten echter Damhirsche in der davor liegenden Epoche, dem Pliozän, an. Auch THENIUS (1948) stützt die Aussage der Aufspaltung in einzelne Gattungen mit seiner Beschreibung diverser Cerviden-Funde bereits aus dem Miozän.

Die folgenden Kapitel widmen sich der Entwicklung der Spezies *Dama* innerhalb des zeitlichen Kontextes vom Miozän bis in die heutige Zeit anhand wissenschaftlicher Funde. Sie bieten einen Überblick sowohl über die zeitliche als auch die geografische Verbreitung. Zum besseren Verständnis der einzelnen Zeitepochen, deren Dauer und Benennung in den verschiedenen Gebieten Europas ist mit Tab. A 1 in Anhang 9.1 eine Zeittafel beigelegt.

2.1.3.1 Miozän, Pliozän und Pleistozän

Das geweihlose *Dremotherium* aus dem frühen Miozän in Europa ist vermutlich der früheste Vertreter der Cerviden (HECKEBERG, 2020). Die ersten Fossilien eines geweihabwerfenden Hirsches in Eurasien werden ebenfalls aus dieser Zeitperiode beschrieben (KAUP, 1839; DEPÉRET, 1893; KORNUBER, 1899; ABEL, 1922; EHRENBERG, 1938; THENIUS, 1948; PUTMAN, 1989; CHAPMAN, 1991; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997). CHAPMAN (1991) beschreibt hierbei ein *Dicroceros*, ein kleines Tier mit simplem Geweih, das vor 21 bis 3 Millionen Jahren lebte. AZANZA et al. (2011) verwenden den Begriff Proto-Geweih für die Anhängsel des *Dicroceros elegans*. Sie besitzen Eigenschaften echter Geweihe, welche einem jährlichen Abwurfzyklus unterliegen, weisen jedoch histologische Unterschiede auf. Geweihfunde des *Dicroceros*-Typs sind abseits von Europa noch in Zentral- und Ostasien aus den unterpliozänen Schichten bekannt (THENIUS, 1948).

Laut HECKEBERG (2020) sind die für das Miozän typischen Cerviden, wie *Procerulus*, *Ligeromeryx* und *Acteocemas*, sowie die jüngeren *Stephanocemas*, *Heteroprox*, *Lagomeryx* und *Dicrocerus* vor dem späten Miozän ausgestorben.

Im Pliozän konnten Vertreter der Cerviden über die Beringstraße, die in der damaligen Zeit noch eine Landbrücke darstellte, aus Sibirien nach Amerika einwandern (HECKEBERG, 2020). Die entstehende Landbrücke zwischen Nord- und Südamerika ermöglichte den Vorfahren der heutigen Hirschespezies die Immigration und Verbreitung auf beiden Kontinenten (CHAPMAN, 1991; HECKEBERG, 2020).

AZZAROLI (1953) teilt die Hirsche des frühen Pliozäns in die europäischen Vertreter des *Damacerus* mit zwei Spezies, dem *D. bessarabiae* und dem *D. variabilis*, und die zentralasiatischen dreisprossigen Hirsche ein.

Aus der pliozänen Fundstelle Bad Deutsch-Altenburg 26 (Österreich) stammen diverse Vorkommen, welche eindeutig Cerviden zugeordnet wurden. Darunter befinden sich auch Funde von *Dama pardinensis* (PFEIFFER-DEML, 2016).

CROIZET und JOBERT (1828) beschreiben *Cervus* (= *Dama*) *pardinensis* aus spätpliozänen Fundorten in Etouaires und Perrier Pardines (Frankreich). *Cervus* (= *Dama*) *philisi* wurde von SCHAUB (1941, 1943) aus frühpleistozänen Vorkommen in Senèze (Frankreich) beschrieben.

In der folgenden Ära des Quartärs, im Pleistozän vor ca. 3 Mio. Jahren, etablierten sich die meisten der heute lebenden Säugetierarten (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; LISTER, 2004). Dazu gehört auch die Aufspaltung und das damit verbundene Auftreten der meisten der heute lebenden Hirscharten (LISTER, 1984).

In diese Zeitspanne fallen verschiedene Eiszeiten, die ungefähr 32 % der heutigen Landmassen mit Eis bedeckten. Zur Hochzeit der Mindeleiszeit erstreckte sich das Eis von Nordeuropa bis nach Südeuropa, das zu dieser Zeit noch mit dem europäischen Festland verbunden war (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

Die europäischen Funde des *Dama nestii* aus dem italienischen Valdarno und Olivola sowie aus Oltenia in Rumänien (PFEIFFER, 1995; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; PFEIFFER, 1999; AZZAROLI, 2001; BREDI und LISTER, 2013; PETRONIO et al., 2013) werden als die des ersten Damwilds angesehen (CROITOR, 2006, 2014). AZZAROLI (1953) ordnet *Cervus philisi* (gefunden in Frankreich und Spanien), *Cervus punjabensis* (gefunden in den Siwalik-Hügeln in Indien), *Cervus perolensis* (gefunden in Frankreich) und *Cervus rhenanus* (gefunden in den Niederlanden) in enger Verwandtschaft zu *D. nestii* ein. Jedoch fehlt bei allen der genannten Spezies, inklusive des *D. nestii*, die heute charakteristische Geweihform des Damwilds (PFEIFFER, 1995; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

BAYGUSHEVA und TITOV (2013) führen *Pseudodama nestii* als Vertreter des mittleren bis späten Villafranchium¹ in Osteuropa auf. *Pseudodama*, welches von einigen Autoren als paraphyletische Stammgruppe betrachtet wird (BREDI und LISTER, 2013; CROITOR, 2014, 2018), bezeichnet dabei Damwildfunde aus dem frühen Pleistozän (BREDI und LISTER, 2013). AZZAROLI (1992) fasst unter *Pseudodama* diverse Hirschfunde mittlerer Größe, sogenannte „kleine Hirsche“, aus dem europäischen Pliozän und frühen Pleistozän zusammen. Dazu gehören neben *Dama nestii* auch *Cervus pardinensis*, *Cervus rhenanus*, *Cervus philisi*, *Cervus perolensis*, *Pseudodama lyra* und *Pseudodama farnetensis*. Die Spezies *C. philisi* (SPAAN, 1992; PFEIFFER-DEML, 2016), *C. perolensis* (SPAAN, 1992) und *Pseudodama lyra* (VOS et al., 1995) werden dabei von einigen Autoren identisch zur Spezies *C. rhenanus* gesehen.

¹ Das Villafranchium umfasst den ältesten Teil des Pleistozän (HELLER, 1967).

Mit dem heutigen Damwild teilt *Pseudodama* Geweiheigenschaften wie einen schräg ausgerichteten basalen Teil der Geweihstange, eine einzelne basale Sprosse, welche schräg zur Hauptstange ausgerichtet ist, und das Fehlen der Perlung von Stange und Sprossen (LISTER, 1996). Allerdings weisen die Geweihe eine unterschiedliche Anzahl an Enden auf: So besitzen *pardinensis* bzw. *rhenanus* drei und *nestii* sowie *farnetensis* vier Enden (PFEIFFER, 2002; ROOK et al., 2013). Deshalb ordnen Vos et al. (1995) *pardinensis* und *rhenanus* der Gattung *Cervus* und *nestii* und *farnetensis* der Gattung *Pseudodama* zu.

Vergleichbare Funde aus der Le Vallonnet-Höhle (Frankreich) (DE LUMLEY et al., 1988; MOULLÉ, 1990), Untermaßfeld (Thüringen, Deutschland) (KAHLKE, 1995, 2001), Pirro Nord (Süditalien) (CROITOR, 2014), Cueva Victoria (Spanien) (VAN DER MADE, 2015) und Gran Dolina (Spanien) (VAN DER MADE, 2013) werden als "*Cervus*" s.l. *nestii vallonnetensis* (DE LUMLEY et al., 1988; MOULLÉ, 1990), *Cervus* s.l. *nestii vallonnetensis* (KAHLKE, 1995, 2001), *Pseudodama nestii vallonnetensis* (MOULLÉ et al., 2006), "*Pseudodama*" *vallonnetensis* (BREDÁ und LISTER, 2013), *Dama vallonnetensis* (CROITOR, 2014) oder *Pseudodama vallonnetensis* (BREDÁ et al., 2020) bezeichnet.

Damwildspezies aus dem frühen Mittelpleistozän, die zwischen *Pseudodama* und dem folgenden *D. clactoniana* vorkamen, sind weitestgehend unerforscht (BREDÁ und LISTER, 2013).

Das *Dama roberti* aus dieser Zeit, gefunden in Pakefield (England), Soleilhac (Frankreich) und Valdemino (Italien), weist im Gegensatz zu *Pseudodama* ein weit distal zu einer schmalen klingenartigen Schaufel verbreitetes Geweih auf (BREDÁ und LISTER, 2013; BREDÁ, 2015). Die gefundenen Individuen aus Pakefield und Soleilhac zeigen allerdings deutliche Hinweise auf ein junges Alter. Es besteht also die Möglichkeit, dass es sich bei *Dama roberti* lediglich um ein frühes ontogenetisches Entwicklungsstadium von *Dama clactoniana* handelt (CROITOR, 2006, 2014). Unterstützt wird diese Hypothese durch die Beschreibung des Geweihs eines jungen Damhirsches aus Swanscombe (England) von LEONARDI und PETRONIO (1976), zugeordnet zu *D. clactoniana*. Dieses weist ebenfalls eine schmale, klingenartige Verbreiterung auf.

Das in Europa gefundene *Praedama savini* wird ebenso in diese Zeitepoche eingeordnet. Über die Gattung *Praedama* PORTIS (1920) ist bislang wenig bekannt (AZZAROLI, 1953; LISTER, 1987, 1994; VAN DER MADE und TONG, 2008; CROITOR, 2014).

Wohl am bekanntesten ist das fossile Damwild *Dama clactoniana*, zuvor auch *Cervus clactonianus* oder *Cervus browni*, welches in Clacton-on-Sea (England) gefunden wurde (BOYD DAWKINS, 1868; FALCONER, 1868; OAKLEY und LEAKEY, 1937; UECKERMANN und HANSEN, 1983; CHAPMAN, 1991; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997). Dieser Fund stammt aus dem späten Mittelpleistozän, dem Hoxnian, und zeigt große Ähnlichkeiten zum heutigen Damwild (CHAPMAN, 1991; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; CARNE, 2000). Einige Autoren, wie zum Beispiel LEONARDI und PETRONIO (1976), LISTER (1984; 1986) und PFEIFFER (2000), benennen den Fund als eine Subspezies mit dem Namen *D. dama clactoniana*.²

Das Geweih aus Clacton-on-Sea besitzt eine dritte Sprosse am distalen Teil der vorderen Kante. Primär auf dieses Merkmal gestützt wurde eine neue, eigenständige Spezies benannt und die Funde nicht *Dama dama* zugeordnet (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997). Hierbei ist zu berücksichtigen, dass auch das heutige Damwild gelegentlich eine dritte vordere Sprosse besitzen kann (BROOKE, 1875).

In England scheint das *D. clactoniana* vorwiegend südöstlich verbreitet gewesen zu sein (BATE, 1937; OAKLEY und LEAKEY, 1937; SUTCLIFFE, 1964; SICKENBERG, 1965; LEONARDI und PETRONIO, 1976; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997). Die Funde deuten bei einem Vergleich mit dem heutigen Damwild auf ein Fünftel bis ein Drittel größere Tiere hin (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; STEFANELLI und MECOZZI, 2020). Zu beachten ist allerdings die methodische Ungenauigkeit, die zwangsläufig bei einem reinen Knochenvergleich entsteht, da das Geschlecht der Funde nicht bekannt ist (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

Auch auf dem Festland sind Funde von *D. clactoniana* beschrieben. Beispielsweise in Italien aus Riano (LEONARDI und PETRONIO, 1974), in der Campagna Romana³ (CALOI und PALOMBO, 1994; GLIOZZI et al., 1997; CALOI et al., 1998; SARDELLA et al., 2006), bei

² Der Übersicht halber werden beide Bezeichnungen in dieser Arbeit als Synonyme gesehen und spiegeln die Ansichten der jeweils genannten Autoren wider.

³ Als Campagna Romana wird die hügeligen Umgebung Roms zwischen dem Tyrrhenischen Meer und dem Apennin bezeichnet (GRAPOW und FANELLI, 1993).

Ausgrabungen an der Via Aurelia (CALOI et al., 1998), nahe der Milvischen Brücke (Ponte Milvio) in Rom (CAPASSO BARBATO et al., 1998; MECOZZI et al., 2021) und in Melpignano (PFEIFFER, 1999). Auch in Torralba (Spanien) wurden Funde entdeckt, die dem *D. clactoniana* zugeordnet wurden (LEONARDI und PETRONIO, 1976; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997). BREDA und LISTER (2013) zählen Fundstellen aus Frankreich, Italien, Großbritannien und Spanien aus dem späten Mittelpleistozän auf.

Aus Edesheim bei Hannover stammt ein deutscher Fund (SICKENBERG, 1965). PFEIFFER-DEML (2018) widerspricht jedoch der Zuordnung der Funde aus Norddeutschland zu *D. clactoniana*. Die Autorin sieht aufgrund der Geweihstruktur eine Zuordnung zu Vorläufern des mesopotamischen Damwildes als wahrscheinlicher an. PFEIFFER-DEML (2018) zufolge lässt sich der Fund aus Edesheim auf ein Interglazial vor dem des Fundes aus Swanscombe datieren, also in das Rhume-Interglazial⁴, und wäre damit älter als die englischen Funde aus dem Hoxnian. Getrennt werden die beiden Warmzeiten durch die Elstervereisung, während derer laut PFEIFFER-DEML (2018) *Dama* nördlich der Alpen ausstarb. Aufgrund dessen nimmt die Autorin eine erneute Immigration während des Hoxnian- bzw. Holstein-Interglazials an.

Weitere Funde gibt es aus der Nähe von Berlin (NEHRING, 1883; KEILHACK, 1888; UECKERMANN und HANSEN, 1983), aus der Komplexfundstelle Bilzingsleben (Thüringen, Deutschland) (KAHLKE, 1995; VAN DER MADE, 1998) und Weimar-Ehringsdorf (Thüringen, Deutschland) (KAHLKE, 1995), sowie aus dem Travertin in Bad Cannstatt (Baden-Württemberg, Deutschland) (PFEIFFER, 1999).

Die Subspezies *D. dama tiberina* wird als Entwicklungsstufe zwischen dem *D. clactoniana* und dem heutigen *D. dama* angesehen (Abb. 3) (DI STEFANO und PETRONIO, 1997). Funde wurden aus Rom (Italien) (DI STEFANO und PETRONIO, 1997), aus dem Flussbett des Tibers (Italien) und aus Vitinia (England) (PETRONIO et al., 2014) berichtet.

⁴ Das Rhume-Interglazial ist die jüngste Warmzeit des Cromeriums (LITT et al., 2007).



Abb. 3: Geweihformen von (a) *D. clactoniana*, (b) *D. dama tiberina* und (c) heutigem *D. dama* (DI STEFANO und PETRONIO, 1997)

Aus dem späten Mittelpleistozän wird ebenfalls die Subspezies *D. dama geiselana*, beispielsweise aus der Fundstelle Neumark-Nord (Sachsen-Anhalt, Deutschland) beschrieben (PFEIFFER, 1998; DI STEFANO und PETRONIO, 2002; KINDLER et al., 2020). *D. dama geiselana* wurde einige Jahre später auf Spezieslevel angehoben und als *D. geiselana* bezeichnet (PFEIFFER-DEML, 2018, 2020).

Funde mit einer Zwischengröße zwischen dem heutigen Damwild und *D. clactoniana* aus dem Spätpleistozän wurden in England in einer Höhle nahe Brassington (Derbyshire), in der Joint Mitnor Höhle in Buckfastleigh, am Trafalgar Square (London), in Barrington und Swanton Morley sowie in der Grafschaft Somerset entdeckt (STUART, 1976; SUTCLIFFE und KOWALSKI, 1976; COXON et al., 1980; BISHOP, 1982; PFEIFFER, 1995; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997). CURRANT und JACOBI (2001) führen die Funde aus der Joint Mitnor Höhle als *Dama dama* auf. Solche Funde aus der letzten Zwischeneiszeit wurden nicht nur in England, sondern in ganz Europa gefunden. Die folgenden Absätze führen Fundorte in Dänemark, Deutschland, Kroatien, Slowenien, Ungarn, Spanien, Gibraltar, Italien, Griechenland und Frankreich auf.

Der nördlichste Verbreitungspunkt liegt dabei in Dänemark (PFEIFFER, 1995; EGELAND et al., 2014). Einige der bekanntesten Funde stammen aus Hollerup (Jütland) (MØHL-HANSEN, 1955; RIEDE et al., 2011-2012; EGELAND et al., 2014). Daneben wurden aber auch südlichere Funde aus Ejstrup, Egtved, Seest und Raagelund beschrieben (MØHL-HANSEN, 1955).

Aus Deutschland stammen Funde aus dem letzten Interglazial aus der nördlichen Oberrheinebene (KOENIGSWALD, 1988, 1991; KOENIGSWALD und MENGER, 1997; PFEIFFER,

1997), aus Otterstadt (Rheinland-Pfalz), aus Brühl (Baden-Württemberg), aus Groß-Rohrheim (Hessen), Bensheim (Hessen), Eich (Rheinland-Pfalz), Hessenau bei Oppenheim (Rheinland-Pfalz) und Steinwörth (Rheinland-Pfalz) (PFEIFFER, 1997).

Funde des *Dama dama* aus dem Neuwieder Becken (Rheinland-Pfalz) (TURNER, 1991), aus den Fundstellen in Lehringen und in Deutsch-Evern (Niedersachsen) (HOUBEN, 2003), aus Taubach (Thüringen) (KAHLKE, 1995) und aus dem Stadtgebiet Weimars sowie aus Burgtonna I (Thüringen) (PFEIFFER, 1997) sind ebenfalls beschrieben.

Aus dem ehemaligen Jugoslawien sind ebenfalls Funde aus dem Spätpleistozän bekannt, so zum Beispiel aus der Caprina Höhle (Kroatien) oder der Lukenjska Jama Höhle (Slowenien) (KARASTOYANOVA et al., 2020).

Aus der Esterházy-Höhle und Süttö (Ungarn) werden Funde von *Dama* spp. genannt. Die Maße eines vollständig intakten Metatarsus der *Dama* sp. aus Süttö verbindet diese Funde mit den Funden aus der Joint Mitnor Höhle (England), aus Taubach und Weimar (Deutschland) sowie aus der Höhle von Fontéchevade (Frankreich) (JANOSSY, 1969a, 1969b).

Gleichermaßen wurden in den Genista- und Poco Roco-Höhlen in Gibraltar sowie in Valencia (Spanien) (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997) und in der Camino-Höhle in der Nähe der Stadt Madrid (Spanien) (ÁLVAREZ-LAO et al., 2013) Damwildfunde aus der letzten Zwischeneiszeit entdeckt.

Aus der Romanelli-Höhle in der Nähe von Otranto und aus Höhlen bei Cirello und Scalea (Italien) (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997), aus Montemerano (Zentralitalien) (PETRONIO et al., 2014), aus den Fundstellen nahe der Milvischen Brücke (CAPASSO BARBATO et al., 1998) sowie aus der Campagna Romana (CALOI und PALOMBO, 1994; CALOI et al., 1998) stammen diverse italienische Damwildfunde.

Griechische Damwildfunde wurden in Mussakla am Fuße des Peloponnes (MELENTIS, 1966) und in der Petralona-Höhle bei Saloniki (SICKENBERG, 1965) entdeckt.

Aus den unteren Schichten der Höhle von Fontéchevade (Frankreich) werden ebenfalls Damwildfunde aus dem letzten Interglazial beschrieben (SICKENBERG, 1965; JÁNOSSY, 1969a).

Wie PFEIFFER (1997) schreibt, erreichte *Dama dama* „sein größtes natürliches Verbreitungsgebiet unter optimalen warmzeitlichen Klimabedingungen.“

2.1.3.2 Dezimierung während der letzten Eiszeit und Fortbestand im Holozän

Die beschriebenen Funde in Europa deuten darauf hin, dass noch vor 100.000 Jahren Damwild weit über den europäischen Kontinent verbreitet war. Dieses Damwild war geringfügig größer als das heute lebende. Auch wenn in der letzten Eiszeit Nord- und Zentraleuropa nicht vollständig von Eis bedeckt waren, herrschten dort arktische Temperaturen. Die skandinavischen und britischen Eisplatten wurden von ausgedehnten Tundragürteln mit teilweise gefrorenem, baumlosem Boden gesäumt.

In Südeuropa bildeten die Eiskappen der Pyrenäen und Alpen, zusammen mit anderen Berggletschern, vor allem in Nordspanien, Zentralitalien und Griechenland die Grundlage für ein kaltes Klima (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

Aus England gibt es im Gegensatz zu diversen Rot- und Rehwildfunden keine bestätigten Damwildfunde aus dem Mesolithikum oder Neolithikum (CARRANT, 1989), welches auf ein Aussterben des Damwilds während der letzten Eiszeit hindeutet (CHAPMAN, 1991; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997). Auch aus Italien, als beispielhaftes Land der südlichen Ausbreitungen, sind keine Funde aus der Zeit direkt nach der letzten Eiszeit bestätigt (PETRONIO et al., 2014).

In der vorzufindenden Fachliteratur sind heterogene Ansichten vertreten, wo das Damwild die letzte Eiszeit überlebt hat.

CHAPMAN und CHAPMAN (1997) geben hierfür zwei mögliche Gebiete an. Zum einen Gebiete in Südeuropa, entlang der nördlichen Küste des Mittelmeers, zum anderen östliche Gebiete, wie die Türkei und Anatolien, oder noch weiter südlich entlang der östlichen Mittelmeerküste.

PUTMAN (1989) vertritt die Ansicht, dass Damwild die letzte Eiszeit als kleine Kolonie im Süden Europas überlebte. Hinweis auf ihr Überleben in Südeuropa könnten die dortigen

Funde aus dem späten Pleistozän geben. Allerdings können diese Funde allein nicht als Beweis für das Überleben der letzten Eiszeit angesehen werden (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

Aus vorrömischen holozänen Fundstellen existieren bisher keine bestätigten Funde entlang der iberischen Halbinsel. Ein ähnliches Bild zeigt sich in Italien. Einige wenige isolierte, neolithische Funde sind bekannt, beispielsweise aus Megara Hyblaea (Sizilien) und Masseria Valente (Puglia). Allerdings gilt keiner dieser Funde als uneingeschränkt beweiskräftig, da es sich bei ihnen lediglich um wenige Fragmente handelt. Damwild scheint während der Bronzezeit nicht in Italien verbreitet gewesen zu sein und die wenigen Funde aus der Eisen- und Römerzeit sind taxonomisch nicht endgültig bestätigt (DAVIS und MACKINNON, 2009).

Die Präsenz des Damwilds in Rendina wird von MASSETI und VERNESI (2014) auf das fünfte bis sechste Jahrhundert v. Chr. datiert und könnten Überreste einer einheimischen, isolierten, spätpleistozänen Population darstellen, die bis in das Neolithikum überlebte. In den Ausgrabungsdokumentationen einer neolithischen Siedlung in Vinča, in der Nähe von Belgrad (Serbien), sind Damwildfunde in der Liste der Wildtiere aufgeführt (FILIPOVIĆ et al., 2019). Diese Funde stammen allerdings ausschließlich von Geweihen, sodass ungeklärt bleibt, ob Damwild dort tatsächlich heimisch war oder es sich dabei lediglich um gehandelte Ware handelt (DIMITRIJEVIC, 2006). Neolithische Damwildfunde aus Serbien sind nach DIMITRIJEVIC (2006) eine Seltenheit.

KARASTOYANOVA et al. (2020) hingegen erwähnen einige Funde beispielweise aus der nördlichen Dobrudscha (Rumänien) und Bulgarien. Auch der Ausgrabungsort in Ezero (Bulgarien) enthält diverse Damwildfunde aus dem späten Neolithikum und dem frühen Bronzezeitalter (HUBBARD, 1995). Funde aus Mihalich (Bulgarien) (BÖKÖNYI, 1986; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997) und Drama-Gerena (Bulgarien) (BENECKE, 2020) sind ebenfalls bekannt.

KARASTOYANOVA et al. (2020) nennen insgesamt vierundzwanzig Fundstellen, verteilt über Bulgarien, Griechenland und die westliche Türkei.

Damwildfunde aus Kirklareli (Türkei), die im mittleren Neolithikum den Großteil der Funde ausmachen, nehmen in ihrer Häufigkeit bis ins Bronzezeitalter ab und Rotwild erscheint als die dominante Spezies. Vermutlich wurde diese Verschiebung der

türkischen Fauna durch klimatische und vegetative Veränderungen ausgelöst, sowie durch die intensive Jagd auf Damwild im mittleren Neolithikum (BENECKE, 1998).

Griechenland steht in der Diskussion um die Überlebensgebiete des Damwils während der letzten Eiszeit zwischen den beiden genannten Hypothesen. Es sind diverse Funde aus der Zeit nach der letzten Eiszeit vertreten, allerdings ist Griechenland geografisch gesehen ein direkter Nachbar Anatoliens und bildet damit die Grenze der beiden hypothetischen Überlebensgebiete.

Damwildfunde werden aus Saliagos auf den Kykladen aus dem mittleren Neolithikum beschrieben (BÖKÖNYI, 1986; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; TRANTALIDOU, 2002). Von Inseln wie Lemnos, Lesbos (TRANTALIDOU, 2002) sowie Chios (HUBBARD, 1995) aus dem späten Neolithikum bzw. frühem Bronzealter und von Kythira (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997) werden ebenfalls Damwildfunde berichtet. Auf Zypern wurden verschiedene Damwildfunde beschrieben, deren genaue Zuordnung zu *D. dama* oder *D. mesopotamica* jedoch teilweise ungeklärt ist (ZEUNER, 1958; DAVIS, 1984; HUBBARD, 1995; KASSAPIS et al., 2005; VIGNE et al., 2016). Es existieren verschiedene Hypothesen, wann und unter welchen Umständen Damwild nach Rhodos kam (NIETHAMMER, 1963; UECKERMANN und HANSEN, 1983; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; MASSETI et al., 2006). Osteologische Funde aus Kalythies lassen sich jedoch ins Neolithikum datieren (HALSTEAD, 1987; MASSETI et al., 2006; MATTILA und HADJIGEORGIOU, 2015). Das Damwild stellt bis heute das Wappentier von Rhodos dar (UECKERMANN und HANSEN, 1983) und ist außerdem auf diversen historischen Münzen (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997) sowie auf Keramiken aus der Archaik (TRANTALIDOU, 2002) abgebildet. Auch auf Kreta sind Damwildfunde aus der minoischen und byzantinischen Zeit vertreten (WILKENS, 1996; TRANTALIDOU, 2002). TRANTALIDOU (2002) vertritt dabei die Annahme, dass Damwild zum Zweck der Jagd auf die griechischen Inseln importiert wurde.

Von weiteren Funden auf dem Festland wird aus Sitagroi (Ostmazedonien) aus dem Neolithikum bis ins Bronzezeitalter (BÖKÖNYI, 1971; HUBBARD, 1995), aus Kastanas nahe Thessaloniki (HUBBARD, 1995) sowie aus der Aghios Georgios-Höhle nördlich von Thessaloniki (TRANTALIDOU, 2002) berichtet. Damwildvorkommen scheinen auf die östlichen Gebiete von Griechenlands Festland beschränkt gewesen zu sein (YANNOULI und

TRANTALIDOU, 1998; TRANTALIDOU, 2002), möglicherweise aufgrund der natürlichen Hindernisse durch verschiedene Gebirge (TRANTALIDOU, 2002).

UECKERMANN und HANSEN (1983) gehen von einem Überleben des Damwils in Kleinasien bzw. in Anatolien aus. In der Antike war Zentralanatolien von den Hethitern besiedelt. Viele Funde aus dieser Kultur sind erhalten und zeigen Wild mit einem an der Spitze verbreiterten Geweih (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997). Ebenfalls wird einer ihrer Götter⁵ regelmäßig auf einem Hirsch mit schaufelartigem Geweih stehend abgebildet (ZEUNER, 1958; REINKEN, 1980). Die Schwierigkeit bei diesen Funden liegt darin, zu identifizieren, was der Künstler darstellen wollte. Es ist möglich, dass es sich bei vielen Darstellungen, welche als Damhirsche interpretiert wurden, tatsächlich um Rothirsche handelt. Eine kritische Herangehensweise ist daher angebracht, wenn man zur Artbestimmung künstlerische Darstellungen heranzieht (COLLINS, 2003).

Da es keine bestätigten Funde aus der vorrömischen Zeit von der iberischen Halbinsel gibt und Funde aus Mallorca erst aus der Zeit des römischen Reiches stammen, scheint das Verbreitungsgebiet des Damwils nach der letzten Eiszeit auf das Mittelmeer bzw. Kleinasien beschränkt gewesen zu sein (DAVIS und MACKINNON, 2009). KARASTOYANOVA et al. (2020) schließen in ihrer Studie darauf, dass isolierte Damwildpopulationen die letzte Eiszeit in südlichen Refugien, wie der Balkanhalbinsel, überlebten. Charakteristiken des vorzeitlichen Damwils des Balkans lassen auf eine autochthone Population einer Subspezies schließen, welche schließlich durch sich ändernde Umweltbedingungen oder eine Überjagung in dieser Region ausstarb. Dieser Hypothese stimmen auch SINDIČIĆ et al. (2019) zu und sagen, dass die anatolische Population die heute einzig verbleibende einheimische Damwildpopulation ist.

2.1.3.3 Repopulation des europäischen Kontinents

Für den Import des Damwils nach Mittel- und Nordeuropa kommen unter anderem die Phönizier, die Gallier, die Römer oder die Normannen in Frage (CHAPMAN und CHAPMAN,

⁵ Bei dem Gott auf dem Hirsch handelt es sich um Runta (verschiedene Schreibweisen sind möglich) (COLLINS, 2003).

1997). Dabei werden häufig die Römer und die Normannen als Hauptverantwortliche angesehen (DAVIS und MACKINNON, 2009).

Die Phönizier lebten an der östlichen Küste des Mittelmeers, einem Gebiet, das dem heutigen Libanon und Teilen Syriens sowie Israels entspricht (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997). Damwild wurde dort zu Ehren des Gottes Baal-Hammon gehalten (HALTENORTH, 1959; THUN, 1968) und wahrscheinlich bereits um 1350 bis 1000 v. Chr. als Opfertier in den westlichen Mittelmeerraum gebracht (UECKERMANN und HANSEN, 1983).

Die Phönizier besaßen Kolonien und Handelsrouten über das ganze Mittelmeer, über die sie aus Nachbarländern importiertes europäisches Damwild verbreitet haben könnten. Es ist jedoch zu hinterfragen, warum die damaligen Siedler Englands Damwild importiert haben sollten, obwohl dort Rot- und Rehwild ansässig waren (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

Die wenigen Funde aus der vorrömischen Zeit in England, deren Zuordnung zu Damwild allerdings teils in Frage gestellt wird (OSBORNE, 2013), lassen keinen Rückschluss auf die Anwesenheit von lebendem Damwild zu (SYKES, 2004).

In der vorzufindenden Fachliteratur existiert wiederkehrend die Annahme, dass die Völker der Bronzezeit aller Wahrscheinlichkeit nach Damwild auf Kreta und in die Balkanstaaten einführten. Auf Rhodos wurde es vermutlich bereits früher eingeführt (HALSTEAD, 1987; DAVIS und MACKINNON, 2009; MASSETI und VERNESI, 2014).

Eine Studie von MASSETI et al. (2008) stellt eine genetische Trennung des türkischen und rhodischen Damwilds bereits vor circa 200.000 Jahren fest.

Aus der römischen Epoche gibt es diverse Hinweise auf Hirsche in Form von Schriften und Kunstgegenständen. Die Unterscheidung zwischen Rot- und Damwild ist dabei sowohl in der Kunst als auch in der Terminologie der Schriften jedoch nicht immer eindeutig zu klären. Hinzu kommt, dass die beiden häufig nicht als getrennte Spezies angesehen wurden (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; YANNOULI und TRANTALIDOU, 1998; DAVIS und MACKINNON, 2009).

Darstellungen von Damwild sind auf Wandgemälden in Pompeji (REINKEN, 1997) zu sehen und schmücken Münzen aus der Kaiserzeit (DAVIS und MACKINNON, 2009). In Bad Kreuznach (Rheinland-Pfalz) ist Damwild in einem Mosaik aus dem dritten Jahrhundert

dargestellt (REINKEN, 1999; SYKES und CARDEN, 2011). Die Römer übertrugen dabei die religiöse Bedeutung des Damwilds von der griechischen Göttin Artemis auf ihre eigene Göttin Diana. Dies trug ebenfalls zur weiteren Verbreitung des Damwilds in ganz Europa bei (REINKEN, 1997). Im römischen Imperium gab es mehrere Parks mit Wildschweinen, Reh-, Rot- und Damwild, welche gezielt für die Jagd angelegt wurden (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; BEGLANE et al., 2018).

Bei Ausgrabungen in Alentejo (Portugal) wurden Damwildknochen gefunden, welche für einen Import durch die Römer sprechen (DAVIS und MACKINNON, 2009). Auf der balearischen Insel Mallorca sind ebenfalls Damwildfunde aufgetreten (VALENZUELA et al., 2016). Die römischen Einführungen des Damwildes nach England scheinen insgesamt eher in geringem Umfang erfolgt zu sein; vorwiegend sind Beweise dafür in Südengland zu finden (PIGIÈRE et al., 2020). Funde traten beispielweise in Monkton auf der Insel von Thanet (Kent) und in Fishbourne (Sussex) auf (MADGWICK et al., 2013). Die Funde aus Fishbourne werden von SYKES et al. (2006) auf das erste Jahrhundert datiert. Während diese Funde die Hypothese einer Einfuhr des Damwilds nach England durch die Römer unterstützen, lässt die Seltenheit der Funde im Vergleich zur Gesamtanzahl römischer Ausgrabungsstätten eine bestehende Zuchtpopulation jedoch unwahrscheinlich erscheinen. Es wäre allerdings möglich, dass einzelne Individuen als exotische Tiere zu Schauzwecken eingeführt wurden (SYKES, 2004). Eine Ausnahme bilden dabei die Funde aus Fishbourne, dort ergab eine Strontiumisotopenanalyse einer gefundenen Mandibel die Geburt und Aufzucht dieses Individuums in Fishbourne (OSBORNE, 2017). Eine Analyse der Überreste des entdeckten Damwilds aus Monkton ergab eine engere Verwandtschaft mit dem heutigen italienischen Damwild als mit dem damaligen aus Anatolien. Dies spricht eher für eine Abstammung von umgesiedelten Populationen als für einen direkten Import aus Anatolien oder Griechenland (SYKES et al., 2011; MADGWICK et al., 2013). Aus den weiteren Fundstellen lassen sich keine Rückschlüsse auf eine bestehende Zuchtpopulation in England ziehen (OSBORNE, 2013).

Die Untersuchungen zum Ursprung und Vorkommen von sämtlichen Knochen- und Geweihfunden sind aus wissenschaftlicher Sicht immer mit einem gewissen Vorbehalt zu betrachten, da in der Antike reger Handel mit diesen getrieben wurde und deren Vorkommen nicht mit einer bestehenden Population gleichzusetzen ist (SYKES et al., 2011; MADGWICK et al., 2013; PIGIÈRE et al., 2020). Aus Herstal (Belgien) (PIGIÈRE et al., 2020) und

Trier (Rheinland-Pfalz, Deutschland) (HILZHEIMER, 1927) stammen Damwildfunde aus der römischen Epoche. In der Schweiz existiert der nachgewiesene Fund von Damwildknochen aus der Ausgrabung der Römerstadt Augusta Raurica aus dem ersten Jahrhundert (UECKERMANN und HANSEN, 1983; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; SYKES, 2004). Insgesamt sind die Funde in Europa jedoch selten und bestehen zudem meist nur aus wenigen Fragmenten (SYKES, 2004; SYKES et al., 2006). Es ist davon auszugehen, dass Damwild, selbst wenn es bereits in der Römerzeit in Europa wieder eingeführt wurde, nur in geringer Stückzahl und nur in Gehegen vorkam (UECKERMANN und HANSEN, 1983).

In England finden sich Damwildüberreste aus der sächsisch-normannischen Zeit über das ganze Land verteilt in Burgen und Herrenhäusern. Vom Festland Europas, beispielsweise aus Frankreich, sind nur wenige Damwildfunde aus dem 13. Jahrhundert bekannt (SYKES, 2004). Das Herrschaftsgebiet des normannischen Königs William und seines Sohnes William Rufus, welche als leidenschaftliche Jäger beschrieben werden, erstreckte sich über das südliche Italien bis nach Sizilien. Da sie zusätzlich eine Provinz im nördlichen Frankreich besaßen, ist in der vorzufindenden Fachliteratur die Annahme vertreten, dass sie über die dort seit der römischen Zeit bestehenden Parks mit Damwild in Kontakt gekommen sein könnten (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

Eine zweite Hypothese der Herkunft des englischen Damwilds wird im von den Normannen ab Mitte des 11. Jahrhunderts besetzten Sizilien gesehen (SYKES, 2004).

Es wird davon ausgegangen, dass die erste Einführung des Damwilds nach England durch die Römer nicht von Dauer war. Erst mit der Wiedereinführung durch die Normannen fasste das Damwild dort Fuß (SYKES, 2004).

Zusammengefasst ergeben sich in der vorzufindenden Fachliteratur bezüglich der Immigration des Damwilds in Europa folgende Erkenntnisse:

Im frühen Neolithikum begann die Verbreitung des Damwilds innerhalb Griechenlands und den Balkanstaaten und stieg im Bronzezeitalter mit Translokationen in westliche mediterrane Gebiete weiter an (YANNOULI und TRANTALIDOU, 1998; SYKES, 2004; SINDIĆIĆ et al., 2019).

Die erste Expansionswelle des Damwilds fand durch das römische Reich statt (SYKES et al., 2011; MADGWICK et al., 2013). Viele der initial umgesiedelten und neu etablierten Populationen starben allerdings innerhalb der nächsten Jahrhunderte wieder aus, so zum

Beispiel die Populationen in England (SYKES et al., 2016) und auf Mallorca (VALENZUELA et al., 2016).

Eine zweite Expansionswelle fand mit der Entstehung des Byzantinischen und des Normannischen Reiches statt (SYKES et al., 2016; BEGLANE et al., 2018).

Mit der Kolonialmacht des Britischen Reiches verteilte sich das Damwild schließlich weltweit (PERDIKARIS et al., 2018).

Alle Zeiträume der Verbreitungsmaxima des Damwilds in Europa sind dabei begleitet von einer Periode des Imperialismus, welche mit der Existenz von elitären Jagdkulturen einhergehen (CANAVAL, 2014; SYKES und PUTMAN, 2014).

2.1.3.4 Mittelalter

Aus Frankreich sind diverse Fundstellen von Knochen- und Geweihfragmenten bekannt. Sie stammen aus einem Zeitraum des ersten bis fünften Jahrhunderts (SYKES, 2004).

Im Mittelalter erfreute sich Damwild als Jagdtrophäe und als Quelle der Unterhaltung bei den europäischen Adelshäusern großer Beliebtheit. Eine Attraktion waren sogenannte „Damwildrennen“, welche unter Einsatz von Hunden durchgeführt wurden (MASSETI und VERNESI, 2014).

In Leicester (England) wurden Geweihfragmente entdeckt, die in mittelalterlichen Schichten über einer römischen Fundstelle lagerten (KENYON, 1948; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997). Ein Damwildgeweih aus dem zwölften bis vierzehnten Jahrhundert wurde ebenfalls bei Ellington (England) gefunden (CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

Auch in historischen Schriften gibt es diverse Hinweise auf Damwild in England während des Mittelalters. In „Aelfrics Colloquy“, einem Buch des späten zehnten bzw. frühen elften Jahrhunderts, welches häufig als Quelle für den ersten Nachweis von Damwild in England dient (UECKERMANN und HANSEN, 1983; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997), werden verschiedene lateinische Konversationen beschrieben (LENDINARA, 1999). Es handelt sich dabei jedoch nicht um eine direkte Referenz, vielmehr beantwortet ein Jäger in einem Dialog die Frage, welche wilden Tiere er jagen würde. In der lateinischen Version ist hier unter anderem von *dammas* die Rede, jedoch wurde es als *rann* (= Rehbock) ins Altenglische übersetzt (LENDINARA, 1999; SYKES und CARDEN, 2011).

Aus dem zwölften Jahrhundert wird von *damarum*, ansässig im Wald nördlich der Stadt London (FITZ-STEPHEN, 1772), berichtet und aus dem dreizehnten Jahrhundert wird von Jagdhunden (*canes damericos currentes*; im Gegensatz zu *canes cerviciis currentes* im Zusammenhang mit Rotwild) erzählt (WHITEHEAD, 1964; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; YALDEN, 1999).

Im Mittelalter prägten Parks die englische Landschaft; um 1300 hatten sich bereits über 3.000 Parks etabliert. Aufgrund der Altersverteilung des Damwilds im King's Park auf der Isle of Wright und in Faccombe Netherton aus dem elften und zwölften Jahrhundert lässt sich schließen, dass diese Tiere über viele Jahre versorgt wurden. Vermutlich wurden sie als exotische Tiere zur Schau gestellt. Mit der Entstehung neuer Parks und der Verbreitung über das ganze Land änderte sich die Rolle des Damwilds und es wurde zunehmend zur Produktion von Wildfleisch gehalten. Im späten Mittelalter bzw. in der nachmittelalterlichen Zeit gewann das Damwild dann als Zierde für die Parkästhetik an Bedeutung (SYKES et al., 2016).

Es ist anzunehmen, dass Damwild zusammen mit dem Konzept der Parks durch die Elite der Anglonormannen aus England nach Irland eingeführt wurde. Seit dieser Zeit gehört Damwild zur Fauna Irlands, sowohl freilebend als auch in Parks. Im Jahr 1213 gelangte der Erzbischof von Dublin, Henry de Loundres, in den Besitz von dreißig Stück Damwild, welche wahrscheinlich mitsamt seines Haushaltes nach Irland importiert wurden. Die früheste Aufzeichnung von Damwild, deren Import nach Irland bestätigt ist, stammt aus dem Jahr 1225. Ausgrabungen des irischen Maynooth Castle förderten diverse Damwildfunde aus dem frühen fünfzehnten Jahrhundert zu Tage. Diese bilden eine Ausnahme in der sonstigen Quantität der Damwildfunde in Irland, die sonst ihren Höhepunkt zwischen dem dreizehnten und vierzehnten Jahrhundert hat. Nach dem vierzehnten Jahrhundert treten Damwildfunde lediglich vereinzelt auf. Eine Studie aus dem Jahr 2018 beschäftigt sich mit der Herkunft des irischen Damwilds. Die Ergebnisse deuten auf eine wahrscheinliche Herkunft aus Süd- und Westengland hin (BEGLANE et al., 2018).

Aus England wurde Damwild vermutlich im elften und zwölften Jahrhundert auch nach Dänemark eingeführt (MØHL-HANSEN, 1955; UECKERMANN und HANSEN, 1983; HILF und RÖHRIG, 2003). So wurden mittelalterliche Damwildknochen bei der Ausgrabung einer

dänischen Burg aus dem Zeitraum von 1240 bis 1340 entdeckt (MØHL, 1961; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997).

Der Weg des Damwilds zurück nach Deutschland führte vorwiegend über den Import aus England und Dänemark (UECKERMANN und HANSEN, 1983). Obwohl davon ausgegangen wird, dass der Import nach Deutschland im Mittelalter stattfand, ist es möglich, dass dies nicht der erste Kontakt zu Damwild gewesen war. Bereits in einem Glossar aus dem achten Jahrhundert soll ein Wort für Damwild existieren (NIETHAMMER, 1963; CHAPMAN und CHAPMAN, 1997; REINKEN, 1997). Des Weiteren wird in einem Lobgedicht auf den Kaiser Ludwig im Jahr 826 neben Rehen auch Damwild zum Zwecke der Jagd erwähnt (REINKEN, 1997). Um das Jahr 1.000 wird Damwild als Fleischlieferant in einer Beschreibung des Mönchs und Magister Scholarum des Klosters St. Gallen Ekkehardt IV. in der Schweiz ebenfalls aufgeführt (NIETHAMMER, 1963).

Bis zur oben genannten Beschreibung von Erzbischof Aelfric sind aus dem dazwischenliegenden Zeitraum keine Hinweise auf Damwildvorkommen aus dem südlichen und westlichen Mitteleuropa zu finden (NIETHAMMER, 1963).

Die Einbürgerung des Damwildes nach Deutschland setzte gewisse monetäre Mittel voraus, welche im Zeitalter des Absolutismus vermutlich nur die Landesherren aufbringen konnten. Evidenzen dieser Hypothese sind die Damwildvorkommen in vielen deutschen Landesteilen, die sehr lange auf Gatterreviere beschränkt waren und es teilweise bis heute noch sind. Das geringere Vorkommen in Süd- und Mitteldeutschland ist auf das dort in großer Stückzahl vorkommende Rotwild zurückzuführen, aufgrund dessen kein Anlass bestand, Damwild dort zu etablieren. In späterer Zeit waren diese Landstriche meist kleinbäuerlich geprägt, womit Träger und Förderer weiterer Einbürgerungen fehlten (UECKERMANN und HANSEN, 1983).

In Schleswig-Holstein begünstigte die waldarme Umgebung die Ansiedlung des Damwilds als Ersatztierart, da Rotwild hier nur in wenigen Revieren gute Lebensbedingungen vorfand. Zudem war zumindest der Landstrich in Ostholstein von Großgrundbesitz geprägt und in Nachbarschaft zu Dänemark gelegen, womit eine Importgelegenheit gegeben war (UECKERMANN und HANSEN, 1983).

Begriffe wie „Thenhirsch, Dehn, Dannenwild, Dähnenwild“ (HILF und RÖHRIG, 2003) zeigen die Herkunft deutschen Damwilds aus dänischen Beständen auf. Die noch heute

gebräuchlichen Forstortbezeichnungen wie „Wildkoppel“ sind Referenzen an die Zeit, in der das Damwild in Schleswig-Holstein als Gatterwild gehalten wurde (UECKERMANN und HANSEN, 1983).

In Niedersachsen wurde beispielsweise erst kurz vor dem zweiten Weltkrieg Damwild in größerem Umfang angesiedelt. Die Träger dieses Vorhabens waren allerdings nicht mehr Großgrundbesitzer, sondern Jagdverbände bzw. einzelne vermögende Revierinhaber.

In Hessen fand man eher kleinbäuerliche Besitzverhältnisse vor, die einer großräumigen Damwildeinbürgerung entgegenstanden (UECKERMANN und HANSEN, 1983).

Diverse Nachweise, beispielsweise aus Schriften wie Jagdstreckenberichten, geben einen Hinweis auf die Entwicklung der Verbreitung von freilebendem Damwild in Deutschland. Im Schießbuch von Johann Kasimir von Dessau werden im Jahr 1626 zum ersten Mal Damhirsche aufgeführt, welche sich in den folgenden Jahren in Sachsen erfolgreich vermehrten (HILF und RÖHRIG, 2003). In der Grafschaft Katzenelnbogen am Mittelrhein (Rheinland-Pfalz) wird Damwild für das Jahr 1629 genannt (SCHÄFF, 1907).

Unter der Regierung des Großen Kurfürsten Friedrich Wilhelm begann in Preußen die Einbürgerung des Damwildes bereits im Jahr 1681. Anfang des achtzehnten Jahrhunderts, zur Zeit seines Sohnes, des Königs Friedrich I., verbreitet es sich in Ostpreußen und kam Mitte des achtzehnten Jahrhunderts in Pommern an. Noch in den Jahren 1856 und 1857 gab es umfangreiche Einbürgerungen von Damwild in Vorpommern. In Ostpreußen verbreitete sich das Wild seit dem Jahr 1860 beiderseits der Pregel und wurde im Jahr 1880 in Rominten eingeführt (UECKERMANN und HANSEN, 1983).

In Schleswig-Holstein kamen zur selben Zeit bereits stattliche Bestände in freier Wildbahn vor (SCHÄFF, 1907; UECKERMANN und HANSEN, 1983).

Folgt man den Jagdstreckenberichten aus Ostfriesland, kam Damwild in den Jahren 1722 bis 1726 in freier Wildbahn vor (UECKERMANN und HANSEN, 1983). Die Damwildverbreitung dort dürfte jedoch zu Beginn des achtzehnten Jahrhunderts gering gewesen sein. FLEMING schreibt 1719: „Dieses Thier ist allhier zu Lande nicht so häufig, als in der Schweiz, da sie gar viel und oft in Wäldern anzutreffen, sondern sie werden nur entweder in Stadt-Gräben oder großer Herren Thier-Gärthen eingesperret gehalten, zur Rarität aufgehoben, und vor den Wölffen daselbst beschützt (...)“.

Der Bestand im Kottenforst bei Bonn (Nordrhein-Westfalen) wurde im Jahr 1883 mit Tieren aus dem Fürstenbergschen Wildpark in Muffendorf gegründet. Ähnlich entstand das Vorkommen bei Düsseldorf-Benrath (Nordrhein-Westfalen) im Jahr 1931. Hier wurden Tiere aus dem Wildpark Grafenberg angesiedelt (NIETHAMMER, 1963).

Es wurden sowohl diverse Parks in ganz Deutschland neu gegründet und mit Damwild bestückt als auch in bereits bestehenden Parks Damwild eingeführt.

Der König von Dänemark beispielsweise sandte dem Landgrafen von Hessen im Jahr 1570 Damwild als Geschenk, welche im Wildpark Sababurg bei Kassel untergebracht wurden (SCHÄFF, 1907; UECKERMANN und HANSEN, 1983). Auch die Höfe in Bayern und Württemberg erwarben um diese Zeit eigenes Damwild (NIETHAMMER, 1963; HILF und RÖHRIG, 2003).

In Ludwigsburg (Baden-Württemberg) errichtete der württembergische Herzog Eberhard Ludwig im Jahr 1707 den Favoritepark, in den im Jahr 1797 Damwild Einzug fand (NIETHAMMER, 1963).

Der Saupark Springe (Niedersachsen) wurde von König Ernst-August von Hannover durch die in den Jahren 1836 bis 1838 durchgeführte Umzäunung eines Waldstückes gegründet. Im Jahr 1954 wurde das Gebiet unter Naturschutz gestellt (NIETHAMMER, 1963). Heutzutage ist in dem vom restlichen Park abgegrenzten Schutzgehege neben Wisenten und Wölfen auch das mesopotamische Damwild vertreten (WISENTGEHEGE SPRINGE, 2022).

2.1.3.5 Neuzeit

In der Neuzeit fand eine Einbürgerung des Damwils in weiteren europäischen Ländern statt. So zum Beispiel auf Sardinien, in Italien, Spanien, Portugal, Frankreich, Irland, Norwegen, Schweden, Holland, Belgien, Luxemburg, der Schweiz, Polen, Lettland, der Westukraine, der (ehemaligen) Tschechoslowakei, Ungarn, Rumänien und Bulgarien (UECKERMANN und HANSEN, 1983). Außerdem existieren Damwildfarmen in Schweden, den Beneluxstaaten, in der Slowakei und in Österreich (FLETCHER, 2010).

Auch in außereuropäischen Ländern, wie den USA, Kanada, Westindien, Argentinien, Chile, Peru, Neuseeland und Australien finden sich Damwildbestände (FLETCHER, 2013).

Die folgenden Unterkapitel beschäftigen sich mit der Verbreitung des Damwils bis in die aktuellere Zeitgeschichte innerhalb und außerhalb Europas.

2.1.3.5.1 Innerhalb Europas

Innerhalb ihres ursprünglichen Verbreitungsgebietes ist das Damwild bis heute in der Türkei vertreten. Nachdem die Anzahl der Tiere in den mediterranen Regionen in den 1950er Jahren rapide abnahm, gründete die türkische Regierung 1960 ein Zucht- und Konservierungsprogramm im Düzlerçami Wildreservat (Termessos Nationalpark, Antalya) (ARSLANGÜNDOĞDU et al., 2010).

Im Frühjahr 1975 wurde der Bestand im Reservat Düzlerçami noch auf circa 60 bis 80 Tiere geschätzt (KUMERLOEVE, 1975; HEIDEMANN, 1976a, 1976b). Einst gegründet mit weniger als zehn Tieren, wuchs die letzte verbleibende einheimische Damwildherde der Türkei bis Mitte der 1980er Jahre auf über 500 Tiere an (ARSLANGÜNDOĞDU et al., 2010). Aufgrund verschiedener Einflussfaktoren, darunter Waldbrände, steigende Urbanisierung und Wilderei, sanken die Zahlen jedoch in den letzten Jahrzehnten (ARSLANGÜNDOĞDU et al., 2010). ÜNAL und ÇULHACI (2018) zählten in ihrer Studie in den Jahren 2014 und 2015 im Mittel noch 105 adulte Individuen.

Mit Tieren der Herde aus dem Düzlerçami Wildreservat wurden Versuche unternommen, das Damwild auch an anderen Orten innerhalb der Türkei wieder anzusiedeln. Diese Populationen hatten jedoch keinen Bestand und waren bis Anfang der 2000er Jahre wieder verschwunden (MASSETI et al., 2008; ARSLANGÜNDOĞDU et al., 2010).

Auf der griechischen Dodekanes-Insel Rhodos weist die vorzufindende Damwildpopulation eine genetische Besonderheit auf: Eine Studie mittels Analyse mitochondrialer DNA (mtDNA) identifizierte eine einzigartige mtDNA-Insertion der rhodischen Damwildpopulation (MASSETI et al., 2006)⁶. Diese Population weist infolgedessen ein enges Cluster auf und unterscheidet sich damit von allen anderen untersuchten Damwildpopulationen (MASSETI et al., 2006; MASSETI et al., 2008). Die Pflege und Erhaltung der Damwildpopulation auf Rhodos hat deshalb eine hohe Priorität (MASSETI et al., 2006). Die Studie deckt außerdem die große genetische Distanz von rhodischem und türkischem Damwild auf.

⁶ Weitere Details zu der hier angesprochenen Studie werden in Kapitel 2.3.2 der vorliegenden Dissertation beschrieben.

Aus der rhodischen Population wurden diverse Tochterpopulationen gegründet, so zum Beispiel in den 1970ern Jahren auf Lemnos. Die dortige Population wuchs an und betrug im Jahr 2006 70 Tiere. In der im Jahr 2015 durchgeführten Studie von MATTILA und HADJIGEORGIOU wurden nur noch 47 Tiere innerhalb des untersuchten Geländes gezählt. Aufgrund dessen wurden Schritte zum Schutz der dortigen Population unternommen (MATTILA und HADJIGEORGIOU, 2015).

Vermutlich wurde Damwild das erste Mal im Jahr 1904 nach Bulgarien importiert. Es wurde erfolgreich östlich von Plowdiw in einem Jagdreservat angesiedelt. Aus den dortigen Beständen wurden über das gesamte Land verteilt diverse Populationen gegründet. Im Jahr 1937 betrug die Gesamtanzahl des Damwilds dort ungefähr 1.000 Stück (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

Im Jahr 2015 wurden 30 Stück Damwild aus dem Studen Kladenets Reservat, in dem um die 1.500 Tiere in der freien Natur leben, in den Rhodopen angesiedelt. Diese Tiere ergänzen die bereits im Jahr 2014 dort ausgewilderten 70 Stück Damwild. Wie Vasil Vasilev, Generalsekretär des Nationalen Verbandes der Jäger und Angler in Bulgarien, zitiert wird, wurden in den letzten Jahren 82 Stück Damwild in verschiedenen Arealen Bulgariens angesiedelt (REWILDING EUROPE, 2015).

In den Jahren 2016, 2020 und 2022 ergänzte weiteres ausgewildertes Damwild die bestehende Population in den Rhodopen (REWILDING EUROPE, 2016, 2021b, 2022). Es wurden bereits drei stabile, überlebensfähige Populationen Damwild erfolgreich angesiedelt und damit ein entscheidender Beitrag zur Steigerung der Biodiversität geleistet (REWILDING EUROPE, 2021a).

In Rumänien haben sich in verschiedenen Gebieten freilebende Damwildherden etabliert (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980). Folgt man den Zahlen der Jagdstatistiken, ist Damwild vorwiegend in Westrumänien verbreitet. Sowohl Rotwild als auch Damwild erfreuen sich in Rumänien als Jagdtrophäe großer Beliebtheit (ILIE und ENESCU, 2018).

In den Brijuni Nationalpark in Kroatien wurde Damwild um das Jahr 1900 eingeführt. Sie leben dort vornehmlich auf der Insel Veliki Brijun. Die Studie von SINDIČIĆ et al. (2019) lässt aufgrund der gefundenen Haplotypen auf einen türkischen Ursprung dieser Population schließen.

Für die Damwildpopulation im zentraleuropäischen Binnenland Ungarn ist anzunehmen, dass sie ursprünglich aus Anatolien stammt. Die genauen Umstände und Zeitrahmen der Einführung sind allerdings nicht bekannt. Die erste schriftliche Erwähnung einer größeren Population Damwild in der Gegend von Gyulaj stammt aus dem siebzehnten Jahrhundert. Im frühen neunzehnten Jahrhundert war Damwild im Nordosten Ungarns, in Tiszadob, beheimatet (KUSZA et al., 2018).

Auch in Zentralungarn, östlich von Budapest, wurde Damwild in einem Jagdgebiet angesiedelt (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

In Polen wurde Damwild im siebzehnten Jahrhundert eingeführt und hat sich in vielen Gebieten als freilebende Population etabliert. Für das Jahr 1972 betrug die geschätzte Anzahl des Damwilds 2.600 Stück (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

In den letzten Jahrzehnten hat sich die Anzahl von Damwild in Polen erhöht. Dies geschah einerseits durch gewollten Import, andererseits durch aus Gehegen entkommene Tiere oder durch die Einwanderung aus Nachbarländern wie Deutschland oder Tschechien. Eine Schätzung der Anzahl des freilebenden Damwilds liegt zwischen 30.000 und 70.000 Tieren. Auch wenn die genauen Zahlen nicht bekannt sind, ist doch eine Steigerung der Vorkommen in den Jagdgebieten zu sehen (GRYZ et al., 2022). Vor allem in westlichen Teilen Polens ist Damwild stark vertreten (SOLARZ, 2022). Eine ebensolche Steigerung kann in den Nationalparks ebenfalls beobachtet werden. Dort war Damwild im Jahr 2006 in vieren beheimatet, im Jahr 2021 bereits in sieben (GRYZ et al., 2022).

Damwild wurde in Österreich im fünfzehnten und sechzehnten Jahrhundert eingeführt (REIMOSER und REIMOSER, 2010). Der Lainzer Tiergarten bei Wien beherbergte im Jahr 1910 neben Rot- und Schwarzwild auch eine große Anzahl Damwild (NIETHAMMER, 1963). In der Zwischenkriegszeit wurde der Tiergarten aufgelöst und diente als Golfplatz und Kleingartensiedlung. Ab dem Jahr 1941 galt das Gebiet als Reichsnaturschutzgebiet und war für die öffentliche Bevölkerung gesperrt. Unter Verwaltung der Sowjetunion verkam der ehemalige Tierpark durch Rodung großer Waldteile und der Tierbestand wurde größtenteils ausgerottet. Erst im Jahr 1955 wurde er wieder eröffnet und beheimatet heutzutage auch wieder Damwild (LAINZER TIERGARTEN, 2022).

Neben der rezenten Population auf Rhodos war die Population auf der Insel Sardinien die einzig bekannte anthropochorische Damwildpopulation, welche seit der Antike auf einer Mittelmeerinsel bestand. Ihren Anfang nahm sie vermutlich im sechsten bis achten Jahrhundert. Ab dem 14. Jahrhundert wuchs der Bestand auf Sardinien rasch an, bis dieser gegen Ende der 1960er Jahre letztlich ausgerottet wurde. Eine mtDNA-Analyse von fünf mittelalterlichen Proben ergab zwei Haplotypen, welche sich mit Haplotypen aus Italien, Ungarn und Kontinentalgriechenland gruppieren lassen (MASSETI und VERNESI, 2014).

Weitere italienische Populationen mit einem Ursprung aus dem elften und vierzehnten Jahrhundert sind die beiden Populationen in Castel Porziano und San Rossore⁷. In den 1980er Jahren wurde mit Tieren vornehmlich aus der San Rossore-Population Damwild erneut auf Sizilien eingeführt. Freilebende Populationen finden sich in den nördlichen und zentralen Gebieten des Appenin. Insgesamt ist die Anzahl in Italien vom Stand von 1980 mit 6.430 Tieren auf 20.996 Tiere im Jahr 2005 angestiegen (APOLLONIO et al., 2010).

In Frankreich sind die Damwildvorkommen vorwiegend auf den Norden des Landes konzentriert. Die Gesamtanzahl der freilebenden Populationen ist gering, im Jahr 1974 betrug sie nur 700 Stück (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

Das größte Vorkommen einer freilebenden Damwildpopulation findet sich im Nordosten Frankreichs, im Illwald (Elsass). Die dortige Population besteht seit dem Jahr 1854 aus ursprünglich mehr als 1.000 Tieren. Die meisten der anderen freien Populationen entstanden durch aus Gehegen entkommene Tiere. Deren Anzahl nahm vor allem zu, nachdem im Dezember des Jahres 1999 ein Wirbelsturm Frankreich traf. In den Jahren 2000 bis 2003 war Damwild in 55 französischen Départements vertreten (MAILLARD et al., 2010).

In Spanien kommt Damwild vor allem in den Nationalparks vor (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980), so zum Beispiel im Doñana National Park in Südspanien (BRAZA und ÁLVAREZ, 1987). Damwild ist laut einer Quelle des Jahres 1938 im selben Jahr noch nicht in Spanien verzeichnet, wogegen es im Jahr 1956 eine Reihe an Vorkommen gibt (NIETHAMMER, 1963).

⁷ Studien, die sich eingehender mit der genetischen Situation dieser beiden Populationen auseinandersetzen, sind in Kapitel 2.3.2 aufgeführt.

Auf Mallorca lassen sich Funde in Pollentia, im Norden der Insel, auf das dritte und vierte Jahrhundert und in Sa Mesquida, im Westen, auf das vierte bis sechste Jahrhundert zurückdatieren. Während Damwild in Pollentia nur etwa drei Prozent der Funde ausmacht, sind es in Sa Mesquida um die zwanzig Prozent. Im sechsten und siebten Jahrhundert nahmen die Zahlen der Damwildindividuen rasch ab, wie die Funde aus Illot des Frares und Puig de S'Escolà belegen. Dort macht Damwild nur unter zwei Prozent der Funde aus und in der frühchristlichen Fundstätte Son Peretó tritt es gar nicht auf. Die Analyse der Haplotypen der Funde aus Pollentia und Sa Mesquida lässt den Schluss zu, dass beide Populationen aus derselben Stammpopulation entstanden sind. Auch wenn sie keine Haplotypen teilen, ist das historische mallorquinische Damwild dem mesopotamischen Damwild ähnlicher als dem europäischen (VALENZUELA et al., 2016).

In Portugal ist freilebendes Damwild nicht weit verbreitet. Es existieren einige Gehege und Parks, in denen sie unter menschlicher Aufsicht gehalten werden. Vereinzelt wandert einzelnes Damwild aus Spanien nach Portugal ab (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

Eine Studie, die sich mit der Verbreitung der Hirscharten in Irland beschäftigt, stellte über den Zeitraum von 30 Jahren (1978 bis 2008) fest, dass Rotwild, gefolgt von Sika- und schließlich Damwild, sein gesamtes Verbreitungsgebiet um den größten Prozentsatz erweiterte. Damwild ist heutzutage in den meisten der Grafschaften Irlands vertreten (CARDEN et al., 2011).

Alle vier der konstituierten Teile des Vereinigten Königreiches beheimaten Damwild, jedoch ist es nur in England großflächig verteilt (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980; NOBLE et al., 2012). Die meisten dieser Vorkommen treten dabei weiterhin in den Wäldern auf, in denen schon in früheren Zeiten Hirschpopulationen vertreten waren, und um die Parks herum, aus denen die ersten Gründertiere entkamen (HARRIS et al., 1995). Die Anzahl von Damwild in England im Jahr 1995 wird auf circa 95.000 Tiere geschätzt, in Schottland auf um die 4.000 Tiere und in Wales auf weniger als 1.000 Tiere. Dazu kommen 17.000 Tiere in Parks und um die 10.000 Tiere in Damwildfarmen (HARRIS et al., 1995).

Im Jahr 2005 wurde von 95.000 Tieren in England, um die 8.000 Tieren in Schottland und von circa 5.000 Tieren in Wales berichtet (BATTERSBY, 2005). Zu Nordirland sind auch in dieser Publikation keine Daten aufgeführt. PUTMAN und WARD (2010) schätzen die

Damwildanzahl in England basierend auf der lokalen Dichte nach ihrer Zählung auf 195.533 Tiere. Im Jahr 2018 wird die britische Damwildpopulation auf 264.000 Tiere geschätzt (MATHEWS et al., 2018). Die Autoren gehen davon aus, dass sich sowohl die Populationsgröße als auch das Verbreitungsgebiet weiter erhöhen werden.

Das genaue Datum der Einführung von Damwild in die Niederlande ist nicht bekannt. Es besteht die Möglichkeit, dass es bereits in Parks vertreten war, als Anfang des siebzehnten Jahrhunderts Prinz Maurits 100 Stück aus England importierte. Diese freilebende Population wurde aufgrund der von ihr verursachten Schäden an der Vegetation zwanzig Jahre später wieder eliminiert. Weitere Importe folgten, jedoch konnten sich keine bestehenden freilebenden Herden etablieren. Die meisten Vorkommen befinden sich im zentralen Teil des Landes und dort vor allem in abgeäuzten Wäldern (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

Damwild ist in Dänemark auf der Jütland-Halbinsel, auf vier der großen Inseln, Langeland, Lolland, Fünen und Seeland, sowie auf einigen der kleineren Inseln verbreitet. Wie in Kapitel 2.1.3.4 dargestellt, fand die Wiedereinführung nach der letzten Eiszeit vermutlich im Mittelalter statt. Im Jahr 1970 wurden an die 4.000 Stück Damwild in Dänemark gezählt, von denen etwas über 2.000 Stück in menschlicher Obhut lebten. Auch wenn freilebendes Damwild durchaus verbreitet ist, übersteigt die Anzahl des in Gehegen und Parks lebenden Damwilds diese (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

Die freilebende Herde auf der Insel Hankö in Norwegen entstand aus sieben Tieren, welche in den Jahren 1901 und 1902 aus Dänemark eingeführt wurden. Im Jahr 1936 war die Population auf 300 Tiere angewachsen. Der zweite Weltkrieg reduzierte die Anzahl des Damwilds und im Jahr 1968 betrug sie noch ungefähr 100 Tiere. Durch die Bejagung wurde ihre Anzahl auf circa 40 Tiere im Jahr 1972 weiter verringert. Der Versuch, aus dieser Herde eine stabile freilebende Population auf dem Festland zu etablieren, schlug fehl (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

In Schweden wurde Damwild um das Jahr 1570 eingeführt (BERGSTRÖM und DANELL, 2009; KJELLANDER et al., 2012; WALANDER, 2012) und vermutlich für die Jagd der adligen Bevölkerungsschicht und in Parks rund um deren Burgen und Landsitze genutzt

(MENICHETTI et al., 2019). In den Jahren 1955 bis 2005 erhöhte sich die geschätzte Anzahl der Abschüsse von 1.000 auf knapp 17.000 Tiere (BERGSTRÖM und DANELL, 2009). MENICHETTI et al. (2019) nennen für das Jahr 2017 sogar über 40.000 Tiere. Heutzutage ist das Damwild in Form von verstreuten Vorkommen weit über das südliche Drittel von Schweden verteilt (MENICHETTI et al., 2019).

Der Bericht der *Internationalen Vereinigung zur Erhaltung der Natur* (englisch: *International Union for Conservation of Nature (IUCN)*) stellt das Verbreitungsgebiet des Damwilds zum Jahr 2008 dar (Abb. 4). Die orangenen Bereiche stellen dabei die Gebiete dar, in denen Damwild zurzeit existiert und dort auch früher schon beheimatet war. In den lila Bereichen ist das rezente Damwild ebenfalls vertreten. Es handelt sich dabei um Gebiete, in denen es nach einem zwischenzeitlichen Aussterben wieder eingeführt wurde.



Abb. 4: Verbreitungsgebiet des Damwilds aus dem IUCN-Bericht von MASSETI und MERTZANIDOU (2008)
 Orange: Vorhandene und bereits früher ansässige Damwildvorkommen;
 Lila: Wiedereingeführte Damwildvorkommen

2.1.3.5.2 Außerhalb Europas

Abseits der in Abb. 4 genannten Gebiete wurde Damwild ebenfalls in weiteren Ländern außerhalb Europas eingeführt, so zum Beispiel in Südafrika, Australien, Neuseeland, in den Vereinigten Staaten von Amerika, Kanada, Argentinien, Chile, Peru, Uruguay sowie auf den Fidschi Inseln und den Kleinen Antillen (CANAVAL, 2014; PERDIKARIS et al., 2018). Die erfolgreiche globale Ausbreitung und Adaption des Damwilds ist hauptsächlich das Resultat menschlicher Einflüsse und umweltlicher Begebenheiten (MASSETI et al., 2008; CANAVAL, 2014). Die meisten dieser Populationen leben in Gattern oder Zoos und Parks unter menschlicher Obhut (CHAKANYA et al., 2016).

Bis in die Karibik hat sich das Damwild verbreitet. Die Inseln Antigua und Barbuda führen das europäische Damwild als ihr Nationaltier in ihrem Wappen. Die beiden vorhandenen Farbschläge, dunkel und wildfarben, lassen sich bis ins achtzehnte Jahrhundert zurückdatieren, als Charles Darwin bei seinem Besuch der Insel Felle jeder Farbe erwarb und konservierte (PERDIKARIS et al., 2018).

Die genauen Umstände der Einführung auf diese und andere karibische Inseln, wie zum Beispiel Jamaica, sind nicht endgültig geklärt. Anzunehmen ist eine Einführung durch die Briten im Zeitraum zwischen dem siebzehnten und achtzehnten Jahrhundert (CANAVAL, 2014; PERDIKARIS et al., 2018).

BAKER et al. (2015) vermuten einen früheren Import, wahrscheinlich durch die britische Familie Codrington, welche im späten sechszehnten Jahrhundert ein Anwesen mit Park in England und einen Wohnsitz auf Barbuda besaßen. Diese Familie könnte das Damwild als Statussymbol zur Jagd mit auf die Insel gebracht haben. Im Jahr 1740 betrug die Anzahl des Damwildes circa 1.000 Tiere, welche auf circa 3.000 Tiere im Jahr 1784 anstieg. Berichte aus den Jahren 1761 bis 1790 zeugen von Beschwerden der Familie Codrington bezüglich der Wilderei ihres Damwildes (BAKER et al., 2015).

Die Weiterführung einer von BAKER et al. (2015) durchgeführten Studie mit mtDNA bekräftigt eine Verbindung des karibischen Damwilds zu Populationen aus England (PERDIKARIS et al., 2018).

Das durch die Briten im neunzehnten Jahrhundert eingeführte Damwild in Australien wuchs bis ins Jahr 2007 auf geschätzte 30.000 bis 40.000 wildlebende Tiere an (HALL et al., 2012; THE STATE OF QUEENSLAND, DEPARTMENT OF AGRICULTURE AND FISHERIES, 2019).

Es gilt unter dem Biosecurity Act 2014 dort als teilweise invasive Tierart und darf nicht ohne Genehmigung bewegt, gefüttert, verschenkt, verkauft oder in die Umwelt freigelassen werden. Freilebend kommt es vor allem in Queensland in der Gegend von Warwick und Brisbane vor (THE STATE OF QUEENSLAND, DEPARTMENT OF AGRICULTURE AND FISHERIES, 2019).

Im Jahr 2020 lag Damwild mit 11.372 Stück auf dem zweiten Platz in den Jagdstatistiken des australischen Bundesstaates Victoria, hinter dem Sambarhirsch mit 50.635 Stück. Die meisten dieser Tiere wurden auf privatem Land geschossen (MOLONEY und FLESCHE, 2021).

Eine Studie von WEBLEY et al. (2007)⁸ beschäftigt sich mit der genetischen Struktur des in Tasmanien beheimateten Damwilds. Wie CANAVAL (2014) beschreibt, wuchsen die bereits im Jahr 1836 nach Tasmanien importierten Damwildbestände rasch an und dienten als Grundlage diverser australischer und neuseeländischer Bestände.

Ebenfalls im neunzehnten Jahrhundert wurde Damwild zusammen mit anderen Hirscharten in Neuseeland angesiedelt (FORSYTH et al., 2011; BYKOWSKA, 2018). Die ersten Tiere stammten aus dem Richmond Park bei London und wurden im Jahr 1864 auf der Südinself ausgesetzt (CANAVAL, 2014). Weiteren Importen aus England, Tasmanien und aus bereits etablierten neuseeländischen Herden folgend, war Damwild bis ins Jahr 1910 in mindestens acht Lokationen auf der Nordinsel und elf Lokationen auf der Südinself etabliert (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980). Da es außer dem Menschen hier keine natürlichen Feinde hat, wuchs die neuseeländische Population rasch an. Das Damwild ist dort, neben Rotwild, als ein wichtiges Jagd- und Farmwild vertreten (FORSYTH et al., 2011; BYKOWSKA, 2018).

Das mit nur 50 bis 60 Tieren nach Neuseeland importierte Damwild zählt heutzutage zu den größten Beständen der Welt. Allein die Anzahl des in Gehegen lebenden Damwilds betrug im Jahr 2000 circa 24.000 Stück (CANAVAL, 2014).

Neuseeland gehört dabei zu den größten Fleischlieferanten in Bezug auf Hirschfarmen (WIKLUND et al., 2004; HOFFMAN und CAWTHORN, 2013; BYKOWSKA, 2018).

Auf Wakaya, einer Insel der Fidschi-Gruppe, wurde Damwild um das Jahr 1880 eingeführt. Im Jahr 1977 soll der Bestand ungefähr 400 Tiere umfasst haben (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

Das Vorkommen von Damwild in einigen afrikanischen Ländern, wie beispielsweise Südafrika, lässt sich ebenfalls zurück ins neunzehnte Jahrhundert datieren, als einige Tiere bei der Einführung entkamen und den Anfang von wildlebenden Herden bildeten (CURRY et al., 2012; CAWTHORN et al., 2020). Die Briten brachten Damwild vornehmlich zu Jagdzwecken mit in ihre afrikanischen Kolonien (CURRY et al., 2012; CAWTHORN et al., 2020), es wurde aber auch bereits in der damaligen Zeit als Farmwild gehalten (CHAPMAN

⁸ Eine ausführliche Beschreibung der Studie folgt in Kapitel 2.3.2.

und CHAPMAN, 1980). Damwild ist im Jahr 1970 in 32 der 113 Distrikte der Kapprovinz vertreten (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980). Das Damwild hat sich den Umweltbedingungen Südafrikas so gut angepasst, dass es durch seine steigenden Zahlen als Landwirtschaftsschädling eingestuft wurde (CAWTHORN et al., 2020).

Im Jahr 1932 wurde Damwild aus der damaligen Tschechoslowakei auf den Inselstaat Madagaskar verbracht. Sie wurden dort auf einem bewaldeten Hochplateau angesiedelt. Berichte aus den Jahren 1974 und 1976 lassen allerdings darauf schließen, dass das Damwild auf Madagaskar zu diesen Zeitpunkten schon nicht mehr existierte (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

In Asien ist das europäische Damwild nur selten vertreten. CHAPMAN und CHAPMAN (1980) beschreiben einige Vorkommen in Zoologischen Gärten in Japan. Die meisten Damwildvorkommen auf dem Festland, zum Beispiel im Iran, bestehen aus Vertretern des mesopotamischen Damwilds.

Die kanadische Provinz British-Kolumbien ist der einzige Teil Kanadas, in den Damwild importiert wurde. Es gibt verschiedene Berichte, nach denen entweder im Jahr 1895 oder im Jahr 1907 Damwild importiert wurde. Sie verbreiteten sich auf verschiedenen Inseln und begründeten freilebende Populationen (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980). Die in der Untersuchung von BAKER et al. (2017) verwendeten kanadischen Proben stammen aus der Provinz British-Kolumbien und von Sidney Island (siehe Kapitel 2.3.1.1).

Die früheste bekannte Einführung von Damwild in die Vereinigten Staaten von Amerika fand im Jahr 1878 aus England statt. Mittlerweile ist Damwild in vielen Staaten zu finden, sowohl in Parks und Gehegen als auch freilebend in der Natur (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

Die argentinische Damwildpopulation im Gebiet von Buenos Aires entstammt einem Import aus Spanien und Polen durch Ernesto Tornquist im Jahr 1905. Einige Jahre später wurden diese Tiere ausgewildert, wo sie gute Überlebensbedingungen vorfanden und sich vermehrten. Aus dem Jahr 1972 sind Zahlen von ungefähr 5.600 Stück Damwild in dieser Gegend bekannt (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

Ähnlich wie in Argentinien hat die Damwildpopulation in Chile ihren Ursprung in Europa, vermutlich in Spanien. Im Jahr 1887 wurden Tiere in den Nationalpark in Zentralchile importiert. Diese Population wurde mehrfach umgesiedelt und starb vermutlich letztendlich aus. Ein weiterer Import aus dem Jahr 1925 stammt aus dem Hamburger Zoo. Die meisten Damwildpopulationen in Chile existieren in menschlicher Obhut, auch wenn es einige wenige freilebende Herden gibt (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

In Peru wurde Damwild im Jahr 1948 eingeführt und anschließend ausgewildert. Aufgrund von Wilderei betrug die Populationsgröße im Jahr 1974 nur noch 25 Tiere (CHAPMAN und CHAPMAN, 1980).

2.1.4 Heutiges Vorkommen in Deutschland und Hessen

Das Wildtier-Informationssystem der Länder Deutschlands (WILD) befasst sich mit dem bundesweiten Monitoring verschiedener Wildtierarten. Seit dem Jahr 2001 erfassen der Deutsche Jagdverband e.V. und die Landesjagdverbände Daten zum Vorkommen, der Häufigkeit (Bestandsdichte) und der Bestandsentwicklung.

Die Statistiken zu den Jagdstrecken von Rot- und Damwild der letzten Jahre, sowohl für das Bundesland Hessen als auch gesamt für die Bundesrepublik Deutschland, sind der WILD-Homepage⁹ vom Stand 20.11.2023 entnommen und in Anhang 9.2 der vorliegenden Dissertation beigelegt.

In Deutschland liegt in Bezug auf die Verteilung des Damwilds in den Jagdrevieren der Bundesländer ein Nord-Süd-Gefälle vor (Abb. A 1, Anhang 9.2). Die deutschlandweiten Verbreitungsschwerpunkte von Damwild befinden sich in Schleswig-Holstein, Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg (Abb. A 5, Anhang 9.2).

Wie die WILD-Statistiken zeigen, gehört Damwild zu den am wenigsten bejagten Vertretern der Familie der Hirsche in Deutschland (Abb. A 2 und Abb. A 3, Anhang 9.2). Seit Anfang der 2000er Jahre ist jedoch ein Aufwärtstrend festzustellen. Im Jagdjahr 2020/21 wurde Damwild aus 38 % der an WILD beteiligten Jagdbezirke gemeldet (GREISER et al., 2023). In den aktuellsten Zahlen aus dem Jagdjahr 2021/22 beträgt die

⁹ <https://wild-monitoring.de/cadenza/pages/home/welcome.xhtml>

bundesweite Jagdstrecke des Damwilds mit 68.269 Individuen 2,59 % mehr als im Vorjahr mit 66.547 Stück (DEUTSCHER JAGDVERBAND E.V., 2023).

In Hessen selbst bleiben die Zahlen des erlegten Damwilds trotz eines Aufwärtstrends deutlich hinter denen des Rotwildes zurück (Abb. A 4 Anhang 9.2).

In Hessen gibt es diverse Tierparks und Zoos, die Damwild halten. Freilebend kommt es vor allem in Südhessen vor, beispielsweise im Damwildgebiet im Büdinger Wald (CONSTANTIA FORST, 2022), im Damwildgebiet „Bulau“ bei Hanau (HANAUER JAGDKLUB, 2022), im Damwildgebiet „Römerkastell“ im Rheingau-Taunus-Kreis (HEGEGEMEINSCHAFT HESSEN, 2021) und im Damwildgebiet „Mönchbruch“ südlich von Frankfurt am Main (KREISJÄGERVEREIN GROß-GERAU, 2022).

Folgend werden die vier Tierparks bzw. Wildgatter vorgestellt, die sich bereiterklärt haben, diese Arbeit mit Proben ihrer Damwildherden zu unterstützen.

Im Tierpark Sababurg leben verschiedene Damwildherden unter menschlicher Obhut. Der weitläufige Park wurde im Jahr 1571 vom Landgrafen Wilhelm IV. am Fuß seines Jagdschlusses errichtet und gilt damit als einer der ältesten Tierparks in ganz Europa. Ende des achtzehnten Jahrhunderts wurde das Jagdschloss nicht mehr genutzt und verfiel. Der angrenzende Tierpark wurde zur Pferdeweide umfunktioniert. Unter Wilhelm II. wurde ein kurfürstliches Gestüt eingerichtet und ab dem Jahr 1878 zu einem der fünf preußischen Hauptgestüte erweitert. Nach der Auflösung des Gestüts mit Ende des 1. Weltkriegs fand der Tierpark als Weideland für Schafe, Schweine und Rinder der Domäne Beberbeck eine Nutzung. Im Jahr 1973 wurde der Tierpark Sababurg unter Leitung des Landkreises Kassel schließlich neu eröffnet und beherbergt mittlerweile über 80 Tierarten. Dazu gehören auch drei Damwildherden, von denen eine im rein weißen Farbschlag gezüchtet wird (TIERPARK SABABURG, 2022).

Der WildtierPark Edersee wurde im Jahr 1970 eröffnet. Zunächst beherbergte er lediglich Wildschweine, Damwild und Muffelwild. Die Anzahl der dort gehaltenen Tierarten wurde stets erweitert und im Jahr 1997 wurde die Greifenwarte Wildpark Edersee in den Wildpark integriert. Im Jahr 2004 wurde der Wildpark Teil des Nationalparks Kellerwald-Edersee und trägt seitdem den Namen WildtierPark Edersee. Heute werden auf der circa

80 Hektar großen Fläche verschiedenste Tiere, wie Dam-, Rot-, Muffel- und Schwarzwild, Waschbären, Wildkatzen, Wölfe und Wisente gehalten. In der dort lebenden Damwildherde sind die verschiedenen Farbschläge zu beobachten (HESSEN-FORST, NATIONALPARKAMT KELLERWALD-EDERSEE, 2012; WILDTIERPARK KELLERWALD-EDERSEE, 2022).

Das Jagdschloss Eulbach wurde von Graf Franz I. zu Erbach-Erbach im Jahr 1771 erbaut und im Jahr 1800 zur Sommerresidenz erweitert. Der Englische Garten zu Eulbach umfasst circa 400 Hektar Fläche und ist gegenüber dem Jagdschloss gelegen. Da Graf Franz I. römische Architekturen in den Landschaftsgarten integrieren ließ, gilt der Eulbacher Park heute als ältester archäologischer Park Deutschlands. Heute leben auf der Fläche Wisente, Schwarz-, Muffel-, Rot- und Damwild (GRÄFLICHE RENTKAMMER ERBACH, 2022; TOURISTIK-INFORMATION ERBACH, 2022).

Das nebenliegende 120 Hektar große Wildgatter beherbergt neben Dam- auch Sikawild, welche dort im umzäunten Bereich weitestgehend frei von menschlichem Einfluss leben (pers. Korrespondenz mit dem Oberförster Herrn Kasper).¹⁰

Die vierte hessische Population wird anonymisiert behandelt. Sie besteht aus einer Damwildpopulation mit einem Frühjahrsbestand aus circa 100 Stück im Jahr 2022 und circa 120 Stück im Jahr 2023. Diese Population besteht seit dem Jahr 1945 weitestgehend isoliert. Im Zeitraum zwischen 1945 und 1970 wurden ein bis drei Hirsche eingebracht, ab dem Jahr 1970 fand kein bewusster Austausch mehr statt. Im Jahr 2016 wurden Löcher in der Umzäunung aufgefunden, durch die möglicherweise Tiere ein- bzw. ausgewandert sein könnten. Eine Einwanderung ist dabei aufgrund der nicht vorhandenen Damwildpopulationen in unmittelbarer Nähe unwahrscheinlich.

¹⁰ Die Proben, die für diese Dissertation verwendet wurden, stammen aus dem Wildgatter.

2.2 Populationsgenetik

Die Populationsgenetik befasst sich als Teilgebiet der Genetik mit dem Verständnis evolutionärer Prozesse (GRAW, 2010). Zu Beginn des 20. Jahrhunderts wurde mithilfe von theoretischen Modellen versucht, die genetischen Populationsstrukturen und Evolutionsvorgänge zu analysieren (TOMIUK und LOESCHCKE, 2017).

Es entwickelte sich neben der klassischen Populationsgenetik auch die genetische Epidemiologie, die die Beiträge bestimmter Allele zur Entstehung von Krankheiten untersucht (GRAW, 2010).

Als Genpool werden alle Gene und Allele innerhalb einer Population bezeichnet. Eine Population wird dabei als die Gesamtheit aller Individuen einer Gruppe definiert, die sich fortpflanzen und eine neue Generation bilden können (SCHMIDT, 2017).

Genetische Faktoren, wie Mutationen und Rekombinationen, sowie evolutionäre Faktoren, wie Selektion, Migration und Isolation, nehmen Einfluss auf den Genpool einer Population (ebd.).

Sir Godfrey Harold Hardy und Dr. Wilhelm Weinberg formulierten im Jahr 1908 unabhängig voneinander das sogenannte Hardy-Weinberg-Gesetz, mit dessen Hilfe sich Abweichungen von zufälliger Paarung erkennen, die Auswirkungen von Inzucht und Selektion bestimmen und eine Schätzung der Allelhäufigkeiten berechnen lassen (FRANKHAM et al., 2012b; TOMIUK und LOESCHCKE, 2017).

In der Praxis unterliegt dieses Gesetz allerdings Restriktionen in der Anwendbarkeit, denn es geht von folgenden idealisierten Bedingungen aus (TOMIUK und LOESCHCKE, 2017):

- Alle Individuen sind diploid.
- Alle Individuen der Population pflanzen sich sexuell fort.
- Die Häufigkeit von männlichen und weiblichen Individuen ist gleich.
- Die Genhäufigkeiten sind in beiden Geschlechtern gleich.
Gene auf den Geschlechtschromosomen und Mitochondrien sind ausgeschlossen, die geschlechtsabhängige Vererbung wird also nicht beachtet.
- Die Paarungen erfolgen zufällig.
- Es erfolgt keine Migration zwischen den Populationen.
- Die Generationen sind voneinander getrennt.

- Alle Individuen haben denselben Reproduktionserfolg.
- Es gibt keine Selektion.
- Es gibt keine Mutation.
- Die Population ist sehr groß.¹¹

Obwohl eine solche Population nur in der Theorie Bestand haben kann, wird das Modell aufgrund seiner Einfachheit dennoch in verschiedenen genetischen Disziplinen als die statistisch überprüfbare Nullhypothese genutzt (TOMIUK und LOESCHCKE, 2017).

Das Hardy-Weinberg-Gesetz bietet die Rahmenbedingungen einer idealen, theoretischen Population für den rechnerischen Vergleich mit der zu untersuchenden realen Population. Es wird dabei festgestellt, ob sich die vorliegende Population im sogenannten Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (HWG) befindet (GRAW, 2010). Abweichungen vom HWG treten auf, wenn die zugrunde liegenden Voraussetzungen nicht erfüllt werden, also wenn beispielweise Immigration, Selektion oder nicht zufällige Paarungen auftreten (FRANKHAM et al., 2012b).

Basierend auf der Kenntnis der Häufigkeitsverteilung von Allelen an einem Locus können mithilfe der ersten binomischen Formel die Häufigkeiten der Genotypen in einer idealen Population berechnet werden (TOMIUK und LOESCHCKE, 2017). Je größer die Populationsgröße in der Berechnung ist, desto vernachlässigbarer sind die entstehenden Fehler (KUCKARTZ et al., 2013). Weitere Erklärungen zum Hardy-Weinberg-Gleichgewicht folgen in Kapitel 2.2.3.13.

Der Verlust der genetischen Vielfalt verringert die Anpassungsfähigkeit von Populationen an sich ändernde Umweltbedingungen. Hierfür verantwortlich können das Aussterben einer Population oder einer ganzen Spezies sein, das Verschwinden eines Allels aufgrund der Probenahme in einer kleinen Population, eine durch Inzucht reduzierte Heterozygotie

¹¹ Eine Population gilt als sehr oder auch unendlich groß, wenn kleinere Veränderungen der Populationsgröße praktisch keinen Einfluss auf die Häufigkeiten der Allele haben (BICKEBÖLLER und FISCHER, 2007).

oder Selektion, welche durch Favorisierung eines Allels zu dessen Fixierung führt (FRANKHAM et al., 2012c).

Die größte Gefahr für den Verlust der genetischen Diversität geht dabei von der genetischen Drift aus (FRANKHAM et al., 2012c), welche die zufällige Änderung der Allelhäufigkeiten in einer Population mit endlich vielen Individuen bezeichnet (TOMIUK und LOESCHCKE, 2017).

Je kleiner die Population, desto größer ist dabei die resultierende Wirkung der genetischen Drift. Dieser Umstand ist dadurch begründet, dass bei jedem Individuum maximal zwei Allele pro Genort vorhanden sind (MENDEL, 1865). Entsprechend fällt die genetische Vielfalt in kleineren Populationen geringer aus und der Effekt der genetischen Drift ist in Relation folglich größer. Ausgelöst durch Neumutationen, welche die allelische Struktur der Population in jeder Generation verändern können, treten immer wieder neue Genotypen auf und bislang vorhandene Allele gehen verloren. Auch der Verlust eines Individuums durch Abwanderung oder Versterben beeinflusst den Genpool der Population (TOMIUK und LOESCHCKE, 2017).

Eine Variante des Gendrifts ist der Flaschenhalseffekt. Hierbei wird die Populationsgröße durch ein zufälliges Ereignis stark verringert, wodurch die genetische Variabilität abnimmt. Häufig ist ein solches Ereignis eine Naturkatastrophe, nach der die überlebenden Individuen nicht mehr repräsentativ für die Ausgangspopulation sind (GRAW, 2010).

Eine weitere Form des Gendrifts ist der Gründereffekt. Er beschreibt die genetische Abweichung einer isolierten Population, der Gründerpopulation, von der Ausgangspopulation. Diese neue Population wird durch einige wenige Individuen gegründet, dementsprechend ist die genetische Variabilität innerhalb der Gründerpopulation geringer (GRAW, 2010).

Bei dem Wahlund-Effekt handelt es sich um eine Reduzierung der Heterozygotie innerhalb einer Population, bedingt durch eine Strukturierung in Subpopulationen. Eine solche Aufteilung kann durch geografische oder auch soziale Barrieren entstehen. Tritt in solchen Subpopulationen nun genetische Drift ein, entsteht der Wahlund-Effekt. Selbst

wenn sich die Subpopulationen im HWG befinden, ist die Gesamtheterozygotie reduziert, insbesondere wenn die Subpopulationen unterschiedliche Allelfrequenzen aufweisen (WAHLUND, 1928).

Wiederhergestellt werden kann die genetische Vielfalt beispielsweise durch Mutationen, welche verlorengegangene Allele reproduzieren, insbesondere aber durch Migration, welche auch die Auswirkungen von Inzuchtdepression abfangen kann (FRANKHAM et al., 2012d).

2.2.1 Mikrosatelliten

Populationsgenetische Untersuchungen finden häufig unter Verwendung von Mikrosatelliten statt (GRAW, 2010; VIEIRA et al., 2016). Mikrosatelliten bezeichnen eine Serie verschiedener repetitiver Elemente von Nukleotiden (GRAW, 2010; SCHMIDT, 2017).

In der Regel liegen diese hochrepetitiven Nukleotidsequenzen, oder auch Satelliten-DNA, tandemartig vor. Sie werden nach der Länge des Wiederholungselementes differenziert, wobei die Angaben zur Einteilung nach Länge und Anzahl der Wiederholungen in der Fachliteratur nicht einheitlich sind (GRAW, 2010; SCHMIDT, 2017).

Die folgende Aufzählung bietet einen Überblick über die Einteilung und Benennung dieser hochrepetitiven Nukleotidsequenzen.

1. Mikrosatelliten

Auch: STR (short tandem repeats) (WEBER und WONG, 1993)

SSR (simple/single sequence repeats) (VIEIRA et al., 2016)

SSLP (short/simple sequence length polymorphisms) (TAUTZ, 1989;
VIEIRA et al., 2016)

VNTR (variable number of tandem repeats) (NAKAMURA et al., 1987)

Mikrosatelliten sind ein bis wenige Basenpaare (bp) lang und die Sequenzen werden bis zu 100-mal wiederholt. Mikrosatelliten sind über das ganze Genom verteilt. Durch ihren Längenpolymorphismus eignen sie sich gut für den Nachweis von Verwandtschaftsbeziehungen und den genetischen Fingerabdruck von Individuen (SCHMIDT, 2017).

2. Minisatelliten

Auch: STR (short tandem repeats) (WEBER und WONG, 1993)

VNTR (variable number of tandem repeats) (NAKAMURA et al., 1987)

Minisatelliten sind in etwa 10 - 100 Basenpaare lang, welche sich 5- bis 50-mal wiederholen. Sie werden aufgrund ihrer individuellen Wiederholungslänge ebenfalls für den genetischen Fingerabdruck genutzt (SCHMIDT, 2017).

3. Makrosatelliten

Auch: alphan DNA

Alpha-Sequenzwiederholungen

Makrosatelliten liegen in den Zentromeren und sind mehrere Hundert oder Tausend Basenpaare lang. Diese können bis zu einer Million Wiederholungen aufweisen (SCHMIDT, 2017).

Makrosatelliten wurden aufgrund ihrer Länge für die Verwendung in dieser Arbeit ausgeschlossen. Die Verwendung von Mikrosatelliten im Gegensatz zur Verwendung von Minisatelliten begründet sich aus der avisierten Vergleichbarkeit mit den ausgewählten wissenschaftlichen Arbeiten, welche sich ebenfalls auf Mikrosatelliten stützen.

Die weitere Beschreibung beschränkt sich deshalb auf die Gruppe der Mikrosatelliten.

Charakteristisch für Mikrosatelliten ist neben der Länge ihres jeweiligen repetitiven Elements auch die Lage auf dem Chromosom (GRAW, 2010). Sie treten genomweit auf, sowohl in den codierenden Bereichen, den Exons, als auch in den nicht codierenden, den Introns (SCHMIDT, 2017). Flankiert sind die repetitiven Basenfolgen von spezifischen Sequenzen, die eine eindeutige Zuordnung erlauben. Anhand dieser werden komplementäre DNA-Stücke hergestellt, sogenannte Primer, an denen während der Polymerasen-Kettenreaktion (englisch: polymerase chain reaction (PCR)) die DNA-Polymerasen ansetzen (GRAW, 2010).

In Abhängigkeit der an der repetitiven Sequenz beteiligten Anzahl an Basen wird die Benennung der Nukleotidwiederholungen terminologisch voneinander abgegrenzt. So werden zum Beispiel Di-, Tri-, und Tetranukleotidwiederholungen unterschieden. Am häufigsten tritt dabei die Dinukleotidwiederholung auf (ELLEGREN, 2004; SCHMIDT, 2017).

Diese Wiederholungen können in reiner beziehungsweise perfekter Form ohne Unterbrechungen vorliegen, zum Beispiel als $(GT)_n$ (WEBER und WONG, 1993; GOLDSTEIN und SCHLÖTTERER, 1999; BUSCHIAZZO und GEMMELL, 2006).

Von einem unterbrochenen oder imperfekten Mikrosatelliten wird gesprochen, wenn das Wiederholungsmuster durch ein kurzes Nukleotidmotiv, bestehend aus einer (= imperfekter Mikrosatellit) oder mehreren Basen (= unterbrochener Mikrosatellit), unterbrochen wird (GOLDSTEIN und SCHLÖTTERER, 1999; TOMIUK und LOESCHCKE, 2017). Ein Beispiel dafür wäre die Abfolge $(GT)_nA(GT)_m$. Es gibt theoretische Überlegungen und experimentelle Untersuchungen, die nahelegen, dass ein solcher Mikrosatellit nicht die gleiche Mutationsdynamik wie ein reiner Mikrosatellit aufweist, sondern sich die einzelnen Teilabschnitte vielmehr selbstständig voneinander weiterentwickeln (TOMIUK und LOESCHCKE, 2017).

Ein zusammengesetzter Mikrosatellit zeigt eine Wiederholungsfolge ähnlich wie folgt: $(GT)_n(CG)_m(GT)_o$ (GOLDSTEIN und SCHLÖTTERER, 1999; TOMIUK und LOESCHCKE, 2017). Die vorliegende Evolutionsdynamik ergibt sich aus der selbstständigen Entwicklung der einzelnen Abschnitte (TOMIUK und LOESCHCKE, 2017).

Weiterführend gibt es die komplexen Mikrosatelliten, welche sowohl aus zusammengesetzten als auch aus unterbrochenen Mikrosatelliten bestehen (BUSCHIAZZO und GEMMELL, 2006; TOMIUK und LOESCHCKE, 2017).

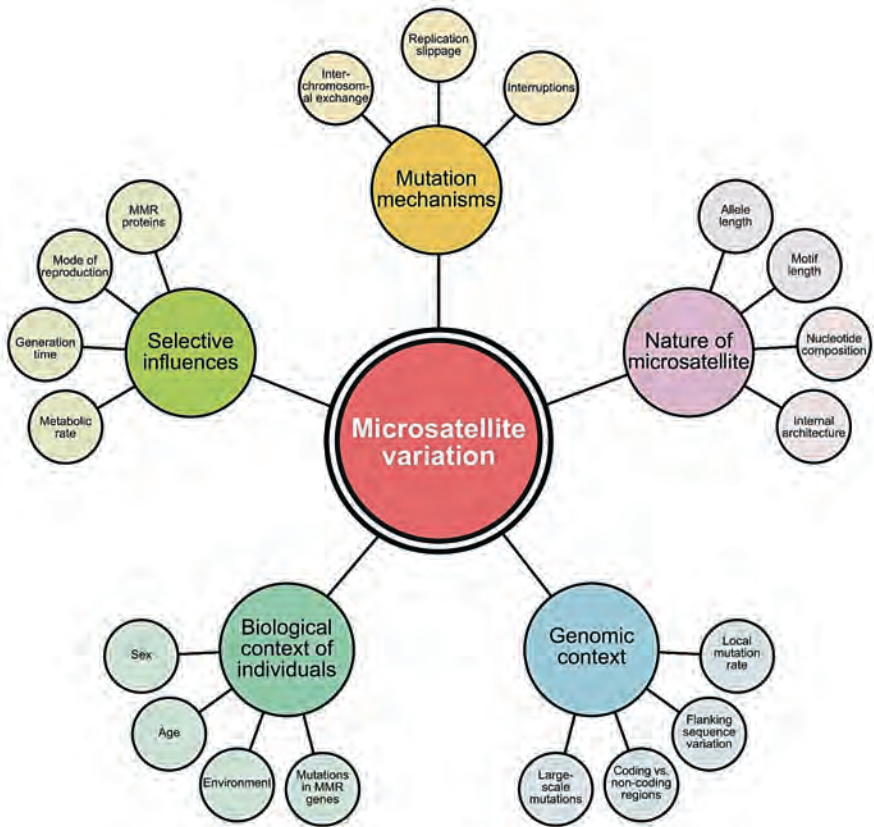


Abb. 5: Faktoren, die einen Einfluss auf die vorkommenden Variationen eines Mikrosatelliten haben können (BUSCHIAZZO und GEMMELL, 2006)

Insgesamt existiert eine Vielzahl an verschiedenen Faktoren, die sich auf die Variationen eines Mikrosatelliten auswirken. Abb. 5 zeigt eine Übersicht dieser Faktoren. Sie besitzen unterschiedliche Einflussgrade und können sich auch gegenseitig beeinflussen.

Auch wenn die komplexe Evolutionsdynamik der Mikrosatelliten nicht vollständig erforscht ist (SCHLÖTTERER, 2004), hat die Mikrosatellitenstruktur einen Einfluss auf den Polymorphiegrad der Mikrosatelliten (EVDOTCHENKO, 2001).

So hängt der Polymorphiegrad eines Mikrosatelliten unter anderem von der Struktur der Wiederholungseinheit, wie Basenzahl, Basenzusammensetzung oder GC-Gehalt, und der Wiederholungsanzahl ab (BULL et al., 1999).

Wie CHAKRABORTY et al. (1997) in ihrer Studie feststellen, weisen Dinukleotidwiederholungen 1,5- bis 2-fach höhere Mutationsraten auf als Tetranukleotidsequenzen. Nicht mit Krankheiten assoziierte Trinukleotide liegen mit ihrer Mutationsrate zwischen diesen beiden. Trinukleotidwiederholungen, die mit Krankheiten in Verbindung stehen, weisen dagegen 3,9- bis 6,9-fach höhere Mutationsraten als die der Tetranukleotide auf.

BUSCHIAZZO und GEMMELL (2006) schreiben dagegen, dass die Mutationsrate mit der Anzahl der perfekten Wiederholungen steigt. VIEIRA et al. (2016) zeigen auf, dass Mikrosatelliten mit einer Länge von mindestens 20 Nukleotiden hoch polymorph sind.

Je länger der Mikrosatellit ist, desto höher ist die Wahrscheinlichkeit des Auftretens einer Punktmutation innerhalb des Mikrosatelliten. Diese können lange Sequenzen unterbrechen oder kürzere Sequenzen ganz verschwinden lassen. Ebenso kann dadurch aber auch die Basis für die Entstehung neuer Mikrosatelliten gelegt werden (ELLEGREN, 2004).

HANCOCK (1999) beschreibt in seinem Beitrag in „Microsatellites – Evolution and Applications“ eine Mutationsrate von Punktmutationen im Genom von 10^{-9} bis 10^{-10} . Er führt die folgenden geschätzten in vivo Mutationsraten von Mikrosatelliten auf:

E. coli 10^{-2} , Hefen 10^{-4} bis 10^{-5} , Maus 10^{-3} bis 10^{-4} und *Drosophila* 6×10^{-6} .

Auch die Position des Mikrosatelliten innerhalb des Genoms hat einen Einfluss auf die Mutationsprozesse (BUSCHIAZZO und GEMMELL, 2006).

BUSCHIAZZO und GEMMELL (2006) erwähnen einen möglichen Zusammenhang mit lokalen Variationen in der Effizienz des Fehlpaarungsreparatursystems. Schlussendlich spielt auch der biologische Kontext des Individuums, wie das Alter, Geschlecht und die Umweltbegebenheiten, eine Rolle (ebd.).

Viele der klassischen genetischen Populationstheorien basieren auf dem Unendliche-Allele-Modell (englisch: infinite allele model (IAM)), ursprünglich für Allozyme entwickelt. Dieses theoretische Modell geht davon aus, dass jede Mutation in einem neuen, einzigartigen Allel resultiert und eine Mutation niemals zweimal an einem Locus auftritt (TAJIMA, 1996).

Jede neue Mutation ist folglich von allen anderen allelischen Formen unterscheidbar (TOMIUK und LOESCHKE, 2017).

Dem gegenüber steht das Schrittweise-Mutationsmodell (englisch: stepwise mutation model (SMM)). Dieses postuliert mit jeder Mutation einen Gewinn oder Verlust einer einzigen Wiederholungseinheit (SLATKIN, 1995).

Entsprechend ihrer Namensgebung, führen Rückwärtsmutationen durch den Verlust einer Wiederholungseinheit die Mikrosatelliten zurück in vormals existierende Sequenzen, wohingegen bei der Vorwärtsmutation durch den Gewinn einer Wiederholungseinheit eine neue Wiederholungslänge entsteht. Dies führt dazu, dass in einigen Fällen eine solche Neumutation nicht von einer ursprünglichen Struktur zu unterscheiden ist. Abb. 6 stellt dieses Modell am Beispiel der Entstehung einer Mikrosatellitenvariation dar. Die Kästchen entsprechen dabei jeweils einer Wiederholungseinheit. Den Anfang bilden 5 Allele mit 3, 6, 7, 9 und 10 Wiederholungseinheiten. Durch eine Vorwärtsmutation entsteht aus dem Allel mit 3 Wiederholungseinheiten ein neues Allel mit 4 Wiederholungseinheiten. Durch eine Rückwärtsmutation dieses Allels entsteht wiederum ein neues Allel mit erneut 3 Wiederholungseinheiten. Dieses neue Allel ist nicht zu unterscheiden von dem ursprünglichen Allel mit 3 Wiederholungseinheiten (TOMIUK und LOESCHKE, 2017). Die Individuen sind dann zwar genetisch identisch, allerdings nicht durch Abstammung (PUTMAN und CARBONE, 2014).

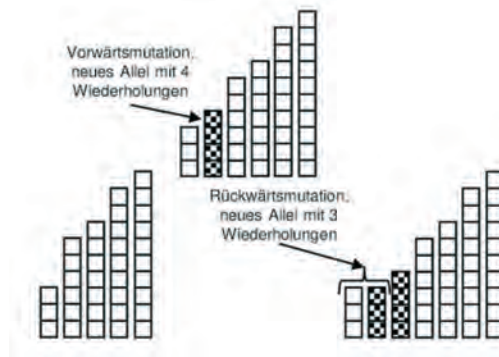


Abb. 6: Schrittweise-Mutationsmodell am Beispiel einer Mikrosatellitenvariation, entnommen aus TOMIUK und LOESCHKE (2017)

In Folge kann diese Mikrosatellitenvariabilität einen genetischen Vergleich von Individuen oder Populationen über größere Evolutionszeiträume hinweg erschweren

(TOMIUK und LOESCHKE, 2017). Bei Verwendung zu weniger Mikrosatelliten in Studien zur genetischen Diversität kann diese Homoplasie zu falschen Interferenzen führen, wie GERMAIN-AUBREY et al. (2016) schreiben.

In der Theorie zeigt das SMM eine größere Annäherung an das Mutationsverhalten der Mikrosatelliten (PUTMAN und CARBONE, 2014). In der Praxis wird jedoch das Mutationsverhalten der Mikrosatelliten wohl am treffendsten durch eine Mischung der beiden Modelle beschrieben (PIRY et al., 1999). TOMIUK und LOESCHKE (2017) lehnen das IAM mit Blick auf die Variabilität der DNA-Sequenzen ab. Sie führen das Beispiel der Mikrosatelliten oder eines Basenaustausches an, bei denen eine Mutation lediglich zu einer begrenzten Anzahl an Variationen führen kann. Ein Mikrosatellit ist nur in der Anzahl der Wiederholungseinheiten variabel und eine DNA-Base kann nur durch eine von drei Varianten ersetzt werden.

BUSCHIAZZO und GEMMELL (2006) beschreiben zwei Hypothesen, wie es zur Entstehung von Mikrosatelliten kommen könnte. Die eine Hypothese stützt sich darauf, dass Vorläufer von Mikrosatelliten spontan durch Mutationen entstehen. Bei diesen Vorläufern, oder Proto-Mikrosatelliten, handelt es sich um kurze, drei bis vier Nukleotide umfassende Einheiten, die kurze Wiederholungseinheiten ohne ein klares Tandemmuster beinhalten. Diese Proto-Mikrosatelliten können zum einen durch eine Punktmutation über einen Basenaustausch entstehen, beispielsweise wird aus *GACGCACG* → *GACACACG*. Zum anderen können Proto-Mikrosatelliten durch Insertionen entstehen. Dafür spricht die Beobachtung, dass Insertionen dazu tendieren, benachbarte Basen zu kopieren. So entsteht beispielsweise aus der Sequenz *GCAT* → *GCACAT*. BUSCHIAZZO und GEMMELL führen an, dass Punktmutationen hauptverantwortlich für die Entstehung von Tandemwiederholungen sind, während aus Insertionen vorwiegend neue Tetra- oder Pentanukleotidwiederholungen hervorgehen. Die Autoren weisen allerdings daraufhin, dass diese Ergebnisse der Studie nicht auf das gesamte Genom übertragbar sind.

Die andere Hypothese geht davon aus, dass Mikrosatelliten aus anderen genomischen Regionen mittels Transposons¹² übernommen werden. Im Fokus stehen dabei SINEs

¹² Hierbei handelt es sich um eine Gruppe von DNA-Sequenzen, die mittels unterschiedlicher molekularer Methoden ihre Position im Genom verändern können (GRAW, 2010).

(engl.: short interspersed nuclear elements) und LINES (engl.: long interspersed nuclear elements)¹³ als potenzielle Quelle von Proto-Mikrosatelliten. BUSCHIAZZO und GEMMELL führen an, dass im Genom der Säugetiere ein Zusammenhang zwischen Mikrosatelliten und Alu- sowie L1-Elementen, den häufigsten SINEs und LINES des Säugetiergenoms, besteht. Das 3'-Ende der SINEs und LINES beinhaltet Sequenzen, welche für Transkriptionsfehler anfällig sind und so für die Entstehung von Proto-Mikrosatelliten und deren Verlängerung verantwortlich sein könnten.

Der sowohl für das ursprüngliche Entstehen von Mikrosatelliten als auch für das Entstehen ihrer Längenvarianten von den meisten Autoren am wahrscheinlichsten angesehene Prozess ist die DNA-Slippage, ein Verrutschen des Replisoms während der DNA-Synthese (LITT und LUTY, 1989; TAUTZ, 1989; SCHLÖTTERER und TAUTZ, 1992; CHAMBERS und MACAVOY, 2000; SCHLÖTTERER, 2004; SCHMIDT, 2017).

Diese Hypothese basiert auf der Annahme von LEVINSON und GUTMAN (1987), dass Mikrosatelliten zufällig aus kurzen repetitiven DNA-Sequenzen entstehen. Sie stützen sich dabei auf das Schrittweise-Mutationsmodell. Die derartige Entstehung neuer Mikrosatelliten ist allerdings im Vergleich zur Längenvariabilität ein sehr seltenes Ereignis (PUPKO und GRAUR, 1999; ELLEGREN, 2004).

Der eigentliche Mechanismus der DNA-Slippage geschieht in dem Moment der Replikation, in dem sich die DNA-Polymerase löst und sich der Template- und der neu entstandene Strang teilen. Einzelsträngige DNA ist sehr instabil und so kann es dazu kommen, dass sich aufgrund der Wiederholungen der Basenpaare die DNA an einer falschen Stelle der repetitiven Sequenz wieder zusammensetzt. Eine neue DNA-Polymerase setzt dann an dieser Stelle an und führt die Replikation fort. Dies führt entweder, bei einem DNA-Loop des Leitstranges, zu einer Verkürzung der Wiederholungsrate (= Deletion), oder, bei einem DNA-Loop des Folgestranges, zu einer Verlängerung der wiederholten Sequenz (= Insertion) (SCHLÖTTERER und TAUTZ, 1992; OLIVEIRA et al., 2006). Abb. 7 stellt diesen Vorgang bildlich dar.

¹³ SINEs und LINES gehören zur Klasse der mittelrepetitiven Sequenzen und haben eine Länge von 200 bis 400bp (SINEs) oder mehreren Kilobasen (LINES) (GRAW, 2010).

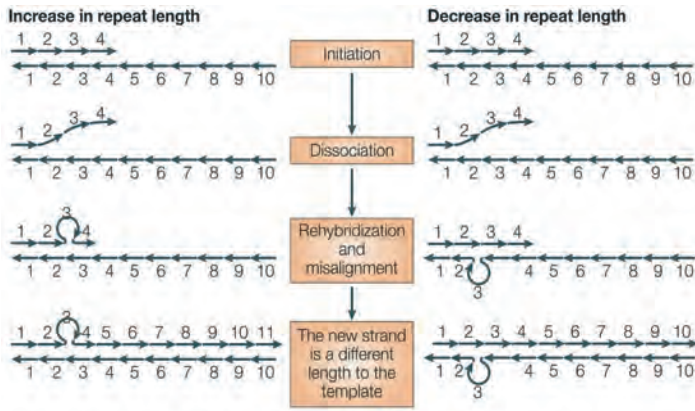


Abb. 7: Darstellung der Insertion bzw. Deletion, verursacht durch DNA-Slippage während der Replikation (ELLEGREN, 2004)

Die Studie von ROSE und FALUSH (1998) beschäftigt sich mit der Entwicklung eines Schwellenwertmodells, bei dem ab einer Anzahl von acht Nukleotiden in der wiederholten Sequenz der Slippage-Mechanismus auftritt. Die Autoren stellen die Hypothese auf, dass dieser Schwellenwert durch die Anzahl der Nukleotide in der Sequenz und nicht durch die Anzahl der Wiederholungen bestimmt wird. Auch PUPKO und GRAUR (1999) kommen zu dem Ergebnis, dass die Mutationsrate der Mikrosatelliten weniger von der Länge der repetitiven Einheit oder der Wiederholungsanzahl abhängig ist, sondern vielmehr von der Gesamtlänge des Mikrosatelliten. Folglich wäre die Abweichung von der erwarteten Frequenz eines Mikrosatelliten mit fünf Wiederholungen einer Dinukleotidsequenz die gleiche wie die eines Mikrosatelliten mit zwei Wiederholungen einer Pentanukleotidsequenz. PUPKO und GRAUR geben allerdings an, bei ihrer Datenerhebung keinen Hinweis auf einen Schwellenwert gefunden zu haben, ab dem mit einer Abweichung von der erwarteten Mikrosatellitenfrequenz und damit der Entstehung eines Mikrosatelliten durch die DNA-Slippage zu rechnen ist. Die Abweichung steigt jedoch kontinuierlich mit zunehmender Länge des Mikrosatelliten an.

Weitere Möglichkeiten der Entstehung von Mikrosatellitenvariationen bestehen durch eine Rekombination oder durch ungleiches Crossing-over. Diese finden aber erst ab einer gewissen Länge der Wiederholungen statt (SMITH, 1976; BUSCHIAZZO und GEMMELL, 2006;

OLIVEIRA et al., 2006). Der maßgebliche Einfluss auf die Mutation eines Mikrosatelliten durch diesen Mechanismus wird allerdings in Frage gestellt (BUSCHIAZZO und GEMMELL, 2006; LÓPEZ-GIRÁLDEZ et al., 2007).

BUSCHIAZZO und GEMMELL (2006) beschreiben ein Lebenszyklusmodell, welches, über einen langen Zeitraum hinweg betrachtet, das zyklische Entstehen und Verschwinden von Mikrosatelliten, postuliert. Nach Entstehen eines Mikrosatelliten wächst durch Mutationen die Anzahl seiner Wiederholungseinheiten. Mit steigender Länge nimmt die Wahrscheinlichkeit verkürzender Mutationen, wie beispielsweise Punktmutationen, zu. In der Mitte des Zyklus erreicht der Mikrosatellit eine Maximallänge, bei der verlängernde und verkürzende Mutationen im Gleichgewicht vorliegen. Nach Überschreiten dieser Schwelle nehmen die repetitive Sequenz verkürzenden Mutationen zu und die Länge des Mikrosatelliten sowie die Reinheit der Wiederholungen nimmt ab. Mit abnehmender Länge und zunehmender Anzahl der Unterbrechungen der repetitiven Sequenz verschwindet der Mikrosatellit schließlich. Die Rate des Verschwindens eines Mikrosatelliten ist dabei sehr viel geringer als die Rate, mit der ein neuer Mikrosatellit entsteht.

Je größer die Wiederholungsrate der repetitiven Basenfolge, das heißt, je länger der Mikrosatellit ist, desto größer ist die mögliche Allelzahl (SCHLÖTTERER, 2000; TOMIUK und LOESCHCKE, 2017). Zusammen mit ihrem hohen Polymorphiegrad macht ihre kodominante Vererbung die Mikrosatelliten zu häufig genutzten molekulargenetischen Markern (ENGEL et al., 1996; SCHLÖTTERER, 2004; TOMIUK und LOESCHCKE, 2017).

Mikrosatelliten eignen sich insbesondere, um genetische Veränderungen festzustellen, da ihre Mutationsrate mit 10^{-2} bis 10^{-6} (SCHLÖTTERER, 2000; FRANKHAM et al., 2012d; PUTMAN und CARBONE, 2014) höher ist als die des Restgenoms mit 10^{-5} bis 10^{-11} (GRAW, 2010; FRANKHAM et al., 2012d). Die hohe Mutationsrate führt dazu, dass Mikrosatelliten einen hohen Informationsgehalt beinhalten, der im Rahmen wissenschaftlicher Forschungen untersucht und ausgewertet werden kann.

Mikrosatelliten werden nicht nur in der Populationsgenetik genutzt, sondern auch für Abstammungskontrollen bzw. Vaterschaftsnachweise, zur Erstellung genetischer Karten, zur Identifizierung von Quantitative Trait Loci (QTLs), für Diversitätsstudien und sie

finden in der Forensik Anwendung (GLOWATZKI-MULLIS et al., 1995; KAPPES et al., 1997; KÜHN et al., 2003; IHARA et al., 2004; SCHLÖTTERER, 2004; IBEAGHA-AWEMU und ERHARDT, 2005; PETER, 2005; FREEMAN et al., 2006).

Das nicht vollständig analysierte Mutationsverhalten und die Schwierigkeit, die Untersuchungsprozesse zu automatisieren, sind jedoch Nachteile, die bei der Auswahl von Mikrosatelliten zur Verwendung in wissenschaftlichen Untersuchungen zu bedenken sind (SCHLÖTTERER, 2004). Auch kann es dazu kommen, dass Primer, welche ursprünglich für eine andere Spezies entwickelt wurden, eine geringere Variationsvielfalt aufdecken, wenn die Spezies nicht eng verwandt sind (FRANKHAM et al., 2012f). Hinzu kommt bei der Verwendung von Mikrosatelliten das Auftreten von Stotterbanden und Nullallelen.

Stotterbanden sind durch die während der PCR verwendeten DNA-Polymerasen bedingt. Sie entstehen durch ein Verrutschen des DNA-Stranges bei der PCR-Replikation. Dabei entstehen Amplifikationsprodukte, die meist kürzer sind als der eigentliche Mikrosatellit (SCHLÖTTERER, 2004).

Alternativ ist es ebenfalls möglich, dass einige DNA-Polymerasen in vitro das 3'-Ende der DNA um eine Adeninbase verlängern. So entstehen Amplifikationsprodukte, welche länger sind als der eigentliche Mikrosatellit (HU, 1993; GINOT et al., 1996).

Eine beispielhafte Darstellung von Stotterbanden, entnommen aus der Untersuchung mit dem Peak Scanner mit Daten dieser Publikation, ist der Abb. 8 zu entnehmen. Zu sehen sind Peaks von insgesamt drei Mikrosatelliten. Die ersten beiden stellen jeweils heterozygote Mikrosatelliten dar und bestehen deshalb aus je zwei Peaks (a,a und b,b). Der dritte Mikrosatellit präsentiert sich homozygot. Er besteht nur aus einem Peak (c). Die Stotterbanden stellen sich als die aufsteigenden Peaks vor dem eigentlichen Mikrosatelliten-Peak dar.

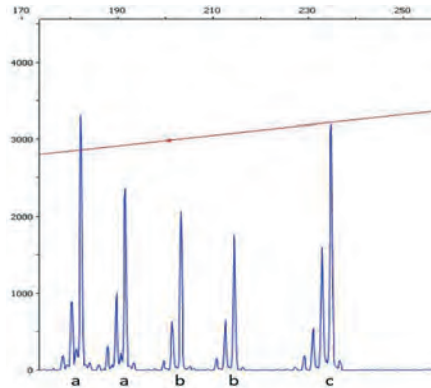


Abb. 8: Beispielhafte Darstellung von Stotterbanden, entnommen aus der Arbeit mit dem Peak Scanner mit Daten dieser Publikation

Als Nullallele eines Mikrosatelliten werden alle Allele bezeichnet, die keine in der PCR detektierbaren Amplifikationsprodukte produzieren (DAKIN und AVISE, 2004). Nullallele können durch Mutationen in der Primerregion entstehen. Die spezifischen Primer können infolgedessen nicht mehr binden und es entstehen verminderte oder gar keine Amplifikationsprodukte (ENGEL et al., 1996; CHAMBERS und MACAVOY, 2000; CHAPUIS und ESTOUP, 2007). Durch den gegebenen Ablauf einer PCR amplifizieren sich zudem kurze DNA-Stücke häufig effizienter als längere, weshalb es passieren kann, dass nur das kürzere DNA-Stück eines heterozygoten Individuums entdeckt wird. So entstandene Nullallele können durch den erhöhten Einsatz von Probenmaterial oder durch das Anpassen des Kontrastes sichtbar gemacht werden (DAKIN und AVISE, 2004). Auch durch technische Probleme, wie eine DNA-Slippage während der PCR, können Nullallele entstehen (CHAPUIS und ESTOUP, 2007).

Treten Nullallele in homozygoten Mikrosatelliten auf, so erscheinen diese als fehlende Daten (CARLSSON, 2008). Ist nur ein Allel eines Mikrosatelliten davon betroffen, kann sich ein eigentlich heterozygoter Mikrosatellit homozygot präsentieren. So kann die Anzahl der Heterozygoten fälschlicherweise verringert erscheinen (KALINOWSKI und TAPER, 2006; CHAPUIS und ESTOUP, 2007). Durch die scheinbar gesenkte genetische Variabilität können sich die Berechnungen genetischer Differenzierungen irrtümlich erhöht darstellen und Populationsanalysen, welche auf dem HWG basieren, verzerrt werden (CARLSSON, 2008).

2.2.2 Inzucht und deren Auswirkungen

In jeder Population existiert ein Gleichgewicht zwischen schädlichen Mutationen und Selektion, welches zu einem immer existenten Pool an seltenen schädlichen Mutationen, der sogenannten Mutationslast, führt. Inzucht kann diese Mutationen freilegen und so das Extinktionsrisiko einer Population steigern (FRANKHAM et al., 2012d, 2012g).

Die Inzuchtbelastung einer Population stellt die Belastung durch schädliche Mutationen dar, welche in den Heterozygoten verborgen liegen (CABALLERO et al., 2017).

Der Begriff Inzucht ist dabei definiert als die Verpaarung verwandter Individuen. Deren Nachkommen zeigen im Vergleich zu Nachkommen nicht verwandter Elternteile häufig eine reduzierte Fitness (ROLDAN et al., 2006; CHARLESWORTH und WILLIS, 2009; BIEBACH und KELLER, 2017; TROIANOU et al., 2018).

Die reproduktive Fitness stellt die Anzahl des fertilen Nachwuchses eines Individuums dar, welcher das reproduktive Alter erreicht. Eine Reduzierung der Fitness durch Inzucht wird auch als Inzuchtdepression bezeichnet (FRANKHAM et al., 2012a).

Eine Inzucht kann in Tier-, Pflanzen- und Humanpopulationen gleichermaßen auftreten (ROLDAN et al., 2006; CHARLESWORTH und WILLIS, 2009; BIEBACH und KELLER, 2017; TROIANOU et al., 2018). Vor allem in kleinen Populationen, in denen mit der Zeit alle Individuen miteinander verwandt sein werden, ist Inzucht unvermeidlich (FRANKHAM et al., 2012g).

Insbesondere für von Menschen betreute Populationen sind die Auswirkungen von Inzucht von Bedeutung. Jede Population, welche der freien Wildbahn entnommen und in Zoos oder Wildparks in menschlicher Obhut weitergezüchtet wird, erfährt eine logische Einschränkung ihrer genetischen Vielfalt durch die ursprüngliche Eingrenzung der ausgewählten Individuen (BARRETT und CHARLESWORTH, 1991).

Die Auswirkungen der Inzuchtdepression sind dabei in stressigen Umgebungen, wie der freien Wildbahn, größer als in menschlicher Obhut (FRANKHAM, 1998; CRNOKRAK und ROFF, 1999; FRANKHAM et al., 2012h; FRANKHAM et al., 2014b).

Man unterscheidet zwischen der eigentlichen (genetischen) Fitness und deren Komponenten, wie (Über-)Lebensfähigkeit, weiblicher Fruchtbarkeit oder männlichem Paarungserfolg (CHARLESWORTH und CHARLESWORTH, 1999). Neben den

Fruchtbarkeitsmerkmalen werden häufig auch Wachstumsmerkmale, wie das Körpergewicht (ISSA und SEELAND, 2001) oder nicht direkt phänotypisch sichtbare Merkmale der Robustheit, wie zum Beispiel die erhöhte Anfälligkeit gegenüber einer Parasitenbelastung (ROLDAN et al., 2006), zur Verwendung zu analytischen Zwecken herangezogen, da sie einfacher zu beobachten und nachzuweisen sind als genetische Analysen (CHARLESWORTH und CHARLESWORTH, 1999).

Fruchtbarkeitsmerkmale werden dabei durch diverse additiv vererbte Gene mit verschiedenen Heritabilitäten definiert (REINER, 2006; BONOW, 2016), weisen im Durchschnitt aber niedrige Heritabilitäten auf (STEPHAN und HÖRGER, 2019).

„(...)Fruchtbarkeitsmerkmale [sind] auf Grund der niedrigen Heritabilität (...) im Allgemeinen (...) stärker durch Inzuchtdepression gefährdet“, so ISSA und SEELAND (2001). Dies bedeutet, dass mit steigender Wahrscheinlichkeit mindestens eines der beteiligten Gene in homozygoter Form als potenziell letales Defektgen vorliegt, je mehr Gene an einem Merkmal beteiligt sind. Gleichzeitig nimmt die Heritabilität bei steigender Anzahl involvierter Gene ab.

Eine Inzuchtdepression wird in den verschiedenen Spezies und Populationen immer in unterschiedlichen Komponenten der Fitness zur Ausprägung kommen (FRANKHAM et al., 2012h).

In den Überlegungen zum Ausmaß des Problems einer Inzucht(-depression) stellt die minimale effektive Populationsgröße N_e einen der wichtigsten Parameter dar. Sie repräsentiert den Schwellenwert der Populationsgröße, bei der die entsprechende Population die Auswirkungen der Inzucht noch bewältigen kann, wenngleich unter Umständen auf Kosten der Überlebens- und Reproduktionsraten (FRANKLIN, 1980).

Um kurzfristig die ernsthaften Folgen einer Inzucht und den Verlust der genetischen Variabilität zu verhindern, wird heute eine effektive Populationsgröße N_e von mindestens 100 Tieren als notwendig erachtet. Eine solche Populationsgröße ist für einen kurzfristigen Zeitraum von fünf Generationen in der Lage, den maximalen Rückgang der Fitness auf 10 % zu begrenzen. Entsprechendes gilt für 1000 Tiere in Bezug auf eine langfristige, evolutive Entwicklung (FRANKHAM et al., 2014a, 2014b).

Allerdings muss die Interpretation immer im Zusammenhang mit der betrachteten Spezies und Population gesehen werden. Kurzlebige und sich schnell fortpflanzende Spezies benötigen unter Umständen ein schnelleres Eingreifen (FRANKLIN et al., 2014).

Neben der minimalen effektiven Populationsgröße besteht ebenfalls der Wert der minimalen überlebensfähigen Populationsgröße. Dieser bezieht sich auf die Mindestanzahl der Individuen, welche für ein mit hoher Wahrscheinlichkeit eintretendes, langfristiges Überleben der Population vonnöten ist (SHAFFER, 1981; CABALLERO et al., 2017).

Die Definitionen der Überlebenswahrscheinlichkeit einer Population über bestimmte Zeiträume sind dabei sehr heterogen, beispielsweise 99 % über einen Zeitraum von 1000 Jahren (SHAFFER, 1981), 95 % über mehrere Jahrtausende (SOULÉ, 2010) oder auch 99 % über 40 Generationen (TRAILL et al., 2007; FRANKHAM et al., 2014b).

Ein Ansatz mit der Zeiteinheit in Generationen statt in Jahren ist für eine Vergleichbarkeit dabei immer vorzuziehen (O'GRADY et al., 2008; FRANKHAM et al., 2012k).

Es gibt verschiedene wissenschaftliche Hypothesen zur Frage, wie ein erhöhter Homozygotiegrad die Fitness verringern kann. Eine dieser Hypothesen stellt Inzuchtdepression als die Auswirkung einer Reduzierung von Loci dar, an denen heterozygote Vorteile bestanden (englisch: overdominance hypothesis). Heterozygote Individuen besitzen dort eine höhere Fitness und sind homozygoten damit überlegen, weil sie mit zwei Genvarianten zwei mögliche Antworten auf eine Anforderung der Umwelt zur Verfügung haben; bei einer Reduzierung der heterozygoten Loci gehen diese Vorteile verloren. Unter der Annahme, dass eine Inzuchtdepression durch rezessive oder partiell rezessive schädliche Allele verursacht wird, kommen diese wiederum bei homozygoten Loci stärker zum Ausdruck, da deren Ausprägung nicht durch ein dominantes Allel verhindert wird (englisch: partial dominance hypothesis) (BARRETT und CHARLESWORTH, 1991; CHARLESWORTH und CHARLESWORTH, 1999; WRIGHT et al., 2008; CHARLESWORTH und WILLIS, 2009; CABALLERO et al., 2017).

Die Überwindung der Inzuchtdepression durch die natürliche Selektion rezessiver schädlicher Mutationen, welche durch Inzucht zum Tragen kommen, wird als Purging bezeichnet (FRANKHAM et al., 2012g; CABALLERO et al., 2017). Dieser Vorgang ist erfolgreicher, aber auch langsamer bei einer langsamen bzw. kleinen Inzuchtrate, d.h. es

wird eine große Anzahl an Generationen benötigt, bis der positive Effekt des Purgings zum Tragen kommt. Die meisten Studien, welche sich mit diesem Vorgang beschäftigen, erforschen deshalb Tierarten mit einer hohen Reproduktionsrate und großer Fruchtbarkeit, wie beispielsweise Fruchtfliegen oder Mäuse (BARRETT und CHARLESWORTH, 1991; LÓPEZ-CORTEGANO et al., 2021). Es kommt also auf den Grad der Auslöschung der schädlichen Allele an, denn eine beschleunigte Inzuchtrate kann eine Population trotzdem potenziell zum Aussterben führen (CRNOKRAK und ROFF, 1999).

Die Auswirkungen der Inzucht auf die Überlebensfähigkeit einer Population sind sehr komplex. Eine Inzuchtdepression führt dabei nicht zwangsläufig direkt zu einem Rückgang der Populationsgröße, jedoch werden die Auswirkungen auf lange Sicht immer schädlich sein (FRANKHAM et al., 2012h).

Die allgemein angenommenen schädlichen Auswirkungen von Inzucht sind mit einer gewissen Skepsis zu betrachten. Häufig wird der Davidshirsch hierfür als Beispiel herangezogen. Die Weltpopulation dieser Hirschart hat ihren Ursprung in einer kleinen Population bestehend, aus nur achtzehn Tieren in einem Park in Woburn, und zeigte über die Jahre nur wenig Veränderungen hinsichtlich negativer Auswirkungen einer Inzucht. WHITEHEAD rechnet mit keinen schädlichen Effekten von Inzucht, solange die betreffenden Populationen und ihre Umwelt gut betreut werden und nicht überfüllt sind (WHITEHEAD, 1978; RALLS et al., 1979; BALLOU und RALLS, 1982). Höchstwahrscheinlich fand hier während der jahrhundertelangen Obhut durch die sehr langsam vorstattgehende Inzucht und menschliche Selektion ein Purgung statt, durch welches schädliche Gene bereits verloren gingen (FRANKEL und SOULÈ, 1981).

Die Studie von ISSA und SEELAND (2001) beschäftigte sich mit den Effekten der Inzucht und Selektion auf die Fruchtbarkeit und das Wachstum von Mäusen. Bei der durchgeführten Halbgeschwisterpaarung wurde trotz des rapiden Anstiegs des Inzuchtgrades kein solch extremer Anstieg der Inzuchtdepression beobachtet. Dies gilt sowohl für die Fruchtbarkeits- als auch für die Wachstumsmerkmale.

Eine aktuellere Studie von TROIANOU et al. (2018) beschäftigte sich ebenfalls mit der Thematik des sogenannten Inzucht-Paradoxons. Die Autoren führten dabei selbst diverse Studien an, die entweder Inzuchtstrategien in natürlichen Populationen aufdecken oder

aber zumindest keine Inzuchtvermeidung, selbst in Populationen mit hohem Inzuchtgrad, beobachten.

Die Skepsis hinsichtlich schädlicher Auswirkungen von Inzucht bei Huftieren stammt einerseits aus den wenigen erfolgreich aus kleinen Gründergruppen gezüchteten Arten, wie dem Davidshirsch, andererseits aus der fehlenden Berücksichtigung der schwerwiegenden Probleme mit erhöhter Juvenilsterblichkeit und verminderter Fruchtbarkeit bei der Entwicklung moderner Inzuchtstämme von Labortieren und Nutztierassen. Ebenso tragen die selten registrierten Fälle von Inzuchtdepressionen bei exotischen Arten in Gefangenschaft dazu bei (RALLS et al., 1979).

Auch in Populationen mit N_e von nur knapp über 10 Individuen wurde der Effekt des Purgings nachgewiesen. Selbst wenn die erste Population nach einem genetischen Flaschenhals kein Purging zeigt, ist dies kein Anzeichen dafür, dass es in späteren Generationen nicht zu einer substanziellen Fitnesswiedergewinnung führen kann (LÓPEZ-CORTEGANO et al., 2021). Auf der anderen Seite wurde auch bei Populationen von Labortieren mit N_e von über 50 Individuen von Auswirkungen einer Inzuchtdepression berichtet (FRANKHAM et al., 2014b).

Sowohl die Folgen einer Inzucht als auch Purging bestimmen die Mindestgröße einer Population, die sie braucht, um im Laufe der Zeit überlebensfähig zu sein. Anders ausgedrückt ist das genetische Aussterben von Populationen abhängig von der Inzuchtbelastung, also der Anzahl und Bedeutung schädlicher Alle, und der Effizienz des Purgings (CABALLERO et al., 2017).

Phänotypisch kann sich eine Inzuchtdepression beispielweise durch eine Brachygnathie, wie in einer Studie über Rotwild in Schleswig-Holstein, äußern (ZACHOS et al., 2007; CHAPMAN, 2010).

CHAPMAN und HARRIS (1992) berichteten über den Fund eines Damwildkalbes im King's Forest in Suffolk (England) mit einer Schädeldeformation sowie über den Fund eines Kalbes mit Maxilladefekt im Richmond Park in Surrey (England). Den Autoren zufolge blieben Fälle von Brachygnathia superior sowohl in der Natur als auch in menschlicher Obhut in den meisten Fällen unentdeckt. Sie gingen allerdings von einer niedrigen Auftretensrate aus, da der Fall aus dem Richmond Park in den elf Jahren der Überwachung der dortigen Kälber der Einzige blieb. Ebenso traten in der Wildpopulation von Essex

(England) bei den vierzig überprüften Damwildkälbern in den Jahren von 1966 bis 1978 keine Auffälligkeiten auf. Da alle untersuchten Populationen aus kleinen Gründergruppen hervorgingen, schlossen CHAPMAN und HARRIS den Einfluss von Inzucht auf die Entstehung der Defekte jedoch nicht grundsätzlich aus.

BAKER et al. (1979) untersuchten vier Fälle von Chondrodystrophie bei Damwildkälbern. Sie traten in einer Damwildherde auf, welche schon zuvor Anzeichen von Inzucht, wie schlechte Wachstumsraten oder Brachygnathia inferior, zeigte. Die Autoren vermuteten, dass auch die aufgetretenen Fälle der Chondrodystrophie auf Inzucht zurückzuführen sind.

WHITEHEAD (1985) beschrieb Sikawild in Nordengland bei dem wiederholt Fälle von Brachygnathia inferior auftraten. Die in freier Wildbahn lebende Herde entstand aus wenigen Gründertieren nach dem zweiten Weltkrieg. WHITEHEAD berichtete dabei von keinen Beeinträchtigungen der adulten Tiere durch diese Fehlstellung.

Die Studie von SMITH (1979) beschäftigte sich gezielt mit der Inzuchtdepression bei Damwild. SMITH führte an, dass gerade das natürliche Brunftverhalten des Damwildes eine Inzucht ermöglicht. Dieses Verhalten beinhaltet unter anderem einen ranghohen Hirsch, welcher möglichst viele Weibchen deckt und die Tatsache, dass Kälber ihrer Mutter auch noch nach ihrer Geschlechtsreife folgen. Damit folgt der weibliche Nachwuchs dem Muttertier möglicherweise in das Brunftgebiet des Vaters. Dieses Verhalten ist allerdings nicht exklusiv auf Damwild beschränkt, sondern zeigt sich ebenfalls bei anderen Hirscharten. SAY et al. (2005) wendeten dagegen ein, dass es durch den altersabhängigen Paarungserfolg eines Damhirsches als unwahrscheinlich zu sehen ist, dass eine Vater-Tochter- oder Mutter-Sohn-Verpaarung einen signifikanten Einfluss hat. Mit einer höheren Wahrscheinlichkeit könnte es zu Bruder-Schwester-Verpaarungen kommen. Inzuchtanzeichen sind bei Damwild laut SMITH allerdings selten zu sehen.

PEMBERTON und SMITH (1985), die in ihrer Studie den fehlenden enzymatischen Polymorphismus in englischem Damwild thematisierten, stimmten der Aussage von SMITH (1979) zu, dass Damwild nur geringe morphologische Anzeichen von Inzuchtdepression aufweist.

Eine Studie von HARTL et al. (1986) zu einer Population deutschen Damwilds in der Bayerischen Landesanstalt für Tierzucht in Grub beobachtete über den Zeitraum der

zehnjährigen Untersuchung keine morphologischen Auffälligkeiten, die auf eine Inzuchtdepression schließen ließen. Auch REISMANN (2017) beschrieb keine bisher bekannten Probleme der Inzuchtdepression bei Damwild.

In Populationen, die der freien Wildbahn entnommen wurden, ist durch die ursprüngliche Selektion der Individuen immer ein Verlust an Allelen anzunehmen. Dies kommt vor allem zum Tragen, wenn keine neuen Individuen der Population hinzugefügt werden. Meist sind Herden unter menschlicher Führung kleiner als in freier Wildbahn, weshalb genetische Drift größere Auswirkungen hat. Populationen können einige wenige sehr variable genetische Loci beinhalten, gepaart mit geringen anderen allelischen Variationen. Entgegen der Annahme kann so die durchschnittliche Heterozygotie relativ hoch sein, die meisten allelischen Varianten wären hier jedoch bereits verloren gegangen. Die allelische Variation geht schneller verloren als die genetische Variation (= Heterozygotie) und sie kann erst durch Mutationen wieder hergestellt werden. Deshalb sollte in Erhaltungsprogrammen die Entscheidung sorgfältig abgewogen werden, Allele zugunsten der Heterozygotie nicht zu berücksichtigen (FUERST und MARUYAMA, 1986).

Individualbasierte Simulationen zeigen, dass Heterozygotiemarker und Inzucht nur unter einer Reihe strenger Bedingungen korrelieren. Diese Bedingungen erfordern häufige und schwerwiegende Inzuchtereignisse, wie kleine Populationsgrößen, eine starke Teilung der Population in Subpopulationen oder einen hohen Polygyniegrad (ROLDAN et al., 2006).

Zusammenfassend stellt die genetische Ausgangslage der betrachteten Population den größten Einflussfaktor auf die potenziell schädlichen Auswirkungen von Inzucht dar. Populationen, welche sehr wenige oder keine schädlichen Allele in ihrem Genpool tragen, sind kaum von Inzuchtdepression bedroht. Sie stellen aber auch eher seltene Ausnahmen dar. Die Anzahl der Fälle erfolgreicher Inzuchtherden aus kleinen Gründergruppen ist erheblich kleiner als die Anzahl der aus solchen Gruppen entstehenden Herden, die ausgestorben sind (BALLOU und RALLS, 1982).

2.2.3 Kennzahlen der Populationsgenetik

Die für die vorliegende Dissertation verwendeten populationsgenetischen Parameter wurden unter Nutzung frei zugänglicher Programme wie *GenA1EX*® (PEAKALL und SMOUSE, 2006, 2012), der *R Software* (R CORE TEAM, 2017), dem *NeEstimator 2.1* (DO et al., 2014) sowie *Structure 2.3.4* (PRITCHARD et al., 2000; FALUSH et al., 2003, 2007; HUBISZ et al., 2009) berechnet (siehe Kapitel 3.1.3.).

Nachfolgend sind die verwendeten populationsgenetischen Parameter und Analysemethoden, ihre Definitionen und Formeln beschrieben.

2.2.3.1 Allelfrequenz

Die Allelfrequenz stellt die relative Häufigkeit dar, mit der ein Allel in einer Population auftritt.

$$F_x = \frac{2N_{xx} + N_{xy}}{2N}$$

mit: F_x = Frequenz des Allels x

N_{xx} = Anzahl der Homozygoten mit Genotyp xx

N_{xy} = Anzahl der Heterozygoten mit Genotyp xy

N = Anzahl der Individuen

$2N$ = Anzahl der Allele im Genpool

(PEAKALL und SMOUSE, 2015)

Die Allelfrequenz der Allele A und a (oder x und y) kann auch mit den Buchstaben p und q beschrieben werden. Dabei gilt:

p = Frequenz des Allels A ($0 \leq p \leq 1$)

q = Frequenz des Allels a ($0 \leq q \leq 1$)

Dies ergibt folgende Gleichung: $p + q = 1$

(HIRSCH-KAUFFMANN et al., 2009)

2.2.3.2 Genotypfrequenz

Der Genotyp stellt die Kombination der Allele an einem Locus oder an mehreren Loci dar. Im Falle der Betrachtung von lediglich einem Locus mit zwei Allelen treten drei Genotypen mit den folgenden Frequenzen auf (Tab. 1):

Tab. 1: Genotypen und Genotypfrequenzen eines Locus mit zwei Allelen

Genotyp	AA	Aa	aa
Genotypfrequenz	p^2	$2pq$	q^2

$$P_{(AA)} + P_{(Aa)} + P_{(aa)} = 1$$

In Verbindung mit der Allelfrequenz ergibt sich daraus:

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1$$

Die Genotypfrequenz ist ein wesentlicher Bestandteil hinsichtlich der Berechnung, ob eine Population im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht vorliegt (siehe Kapitel 2.2.3.13) (BICKEBÖLLER und FISCHER, 2007; STEPHAN und HÖRGER, 2019; SPIELMANN, 2020).

2.2.3.3 Allelzahl und Genotypenanzahl

Die Allelzahl N_A wird durch direkte Zählung ermittelt (PEAKALL und SMOUSE, 2015). Mittels der Allelzahl kann nach BICKEBÖLLER und FISCHER (2007) die Gesamtanzahl der möglichen Genotypen wie folgt berechnet werden:

$$\text{Gesamtanzahl alle Genotypen} = N_A \left(\frac{N_A + 1}{2} \right)$$

mit: $N_A =$ Anzahl der Allele

Die Anzahl der heterozygoten Genotypen wird ebenfalls auf Grundlage der Allelzahl N_A berechnet (BICKEBÖLLER und FISCHER, 2007):

$$\text{Gesamtanzahl der heterozygoten Genotypen} = N_A \left(\frac{N_A - 1}{2} \right)$$

2.2.3.4 Allelreichtum

Die Kennzahl des Allelreichtums A_r ist ein Indikator für das langfristige Anpassungs- und Persistenzpotenzial einer Population. A_r reagiert sensitiver auf den Verlust genetischer Variation durch eine kleine Populationsgröße als die Heterozygotie, aufgrund der aufwendigeren mathematischen Berechnung wird sie allerdings seltener eingesetzt.

Der Allelreichtum A_r stellt die durchschnittliche Anzahl an Allelen pro Locus in Bezug auf die Stichprobengröße dar und sorgt damit für eine bessere Vergleichbarkeit zwischen unterschiedlichen Stichprobengrößen einer Studie (ALLENDORF, 2012; GREENBAUM et al., 2014; LANG, 2019). Da die kleinste Stichprobengröße dabei den Standard darstellt, zu dem die anderen Stichproben in Bezug gestellt werden (FOULLEY und OLLIVIER, 2006), wird die Vergleichbarkeit zwischen verschiedenen Studien unabhängig von der Übereinstimmung der verwendeten Genmarker allerdings limitiert.

$$A_r = \sum_{i=0}^n \left(1 - \frac{\binom{2N - N_i}{2n}}{\binom{2N}{2n}} \right)$$

mit: A_r = Allelreichtum

N = Gesamtanzahl der Allele

N_i = Anzahl des Allels i

n = kleinste Anzahl an analysierten Individuen an einem Locus

2.2.3.5 Erwartete Heterozygotie

Die erwartete Heterozygotie H_E beschreibt bei Annahme des Hardy-Weinberg-Gleichgewichtes die erwartete Frequenz an heterozygoten Allelloci. Berechnet wird sie basierend auf der Frequenz aller Allele innerhalb einer Population (LANG, 2019).

$$H_E = 1 - \sum_{i=1}^l p_i^2$$

mit: H_E = Erwartete Heterozygotie

p_i = Allelfrequenz des Allels i

$l =$ Allelzahl am Locus

(PEAKALL und SMOUSE, 2015; HARRIS und DEGIORGIO, 2017)

Die mittlere erwartete Heterozygotie stellt den Durchschnitt der erwarteten Heterozygotie innerhalb der Populationen über alle Populationen hinweg dar (PEAKALL und SMOUSE, 2015).

$$\bar{H}_E = \frac{\sum H_{ES}}{k}$$

mit: $\bar{H}_E =$ Mittlere erwartete Heterozygotie

$H_{ES} =$ Erwartete Heterozygotie in der s -ten Population

$k =$ Anzahl der Populationen

(PEAKALL und SMOUSE, 2015)

2.2.3.6 Beobachtete Heterozygotie

Die beobachtete Heterozygotie H_o beschreibt die tatsächlich in der Population vorhandene Frequenz heterozygoter Allelloci. Ein Mangel an Heterozygoten zeigt einen erhöhten Inzuchtgrad oder Nachteile für heterozygote Merkmalsträger an (LANG, 2019). Mögliche Ursachen hierfür sind der Wahlund-Effekt oder das Auftreten von Nullallelen (GROSSE und MEYER, 2008).

$$H_o = \frac{\text{No. of Hets}}{N}$$

mit: $H_o =$ Beobachtete Heterozygotie

$\text{No. of Hets} =$ Anzahl der heterozygoten Allelloci

$N =$ Anzahl der Proben

(PEAKALL und SMOUSE, 2015)

2.2.3.7 F-Statistik

Nach WRIGHT (1950) werden in den F-Statistiken drei verschiedene F -Werte, F_{IT} , F_{ST} und F_{IS} , unterschieden. I steht dabei für das Individuum, S für die Subpopulationen und T für die Gesamtpopulation. Ursprünglich entwickelte WRIGHT diese Formeln für die Darstellung der wechselseitigen Beziehungen von Genen. Heute beschreiben die Werte

die Heterozygotie einer Teilmenge in Relation zur erwarteten Heterozygotie einer übergeordneten Gesamtmenge (SCHMELLER et al., 1996). F_{ST} nimmt dabei immer positive Werte an, F_{IS} und F_{IT} können hingegen auch negative Werte darstellen (WRIGHT, 1950). Je nach Quelle werden F_{IS} und F_{IT} auch als Fixationsindex (NEI, 1977) oder F_{ST} als Fixierungsindex, F_{IS} als Inzuchtkoeffizient und F_{IT} als Gesamtinzuchtkoeffizient bezeichnet (LANG, 2019).

2.2.3.7.1 F_{IT} -Wert

F_{IT} , oder auch nur F , stellt die Korrelation des Individuums relativ zur Gesamtpopulation im Sinne einer Zu- oder Abnahme der Heterozygotie dar (WRIGHT, 1965; PEAKALL und SMOUSE, 2015). Der F_{IT} -Wert kann Werte von -1 bis +1 annehmen. Mit Werten um Null wird bei Annahme zufälliger Paarung in einer Population gerechnet. Positive Werte können auf Inzucht oder eine scheinbar erhöhte Homozygotie durch Nullallele hinweisen. Bei negativen Werten wird ein Übermaß an Heterozygoten angezeigt, das entweder durch Selektion auf Heterozygotie oder durch disassortative Paarung entstanden ist (PEAKALL und SMOUSE, 2015).

$$F_{IT} = \frac{H_E - H_O}{H_E}$$

mit: F_{IT} = Inzuchtkoeffizient von Individuen in Relation zur Gesamtpopulation

H_E = Erwartete Heterozygotie

H_O = Beobachtete Heterozygotie

(PEAKALL und SMOUSE, 2015)

2.2.3.7.2 F_{IS} -Wert

F_{IS} stellt die über alle Subpopulationen durchschnittliche Korrelation der Individuen in Bezug auf ihre jeweilige Subpopulation dar (WRIGHT, 1965). Der Wert gibt die Reduktion der Heterozygotie aufgrund nicht zufälliger Paarung innerhalb jeder Subpopulation an. Er nimmt dabei Werte von -1 bis +1 an (PEAKALL und SMOUSE, 2015). Ein negativer F_{IS} -Wert zeigt dabei einen Überschuss an Heterozygoten an, während ein positiver Wert ein Heterozygotendefizit wiedergibt. Weiter stellt er die Wahrscheinlichkeit dar, mit der zwei Allele von einem gemeinsamen Vorfahren abstammen, also identischen Ursprunges sind (LANG, 2019).

$$F_{IS} = 1 - \frac{H_O}{H_S}$$

mit: F_{IS} = Inzuchtkoeffizient von Individuen relativ zu ihrer Subpopulation

H_O = Beobachtete Heterozygotie

H_S = Mittlere erwartete Heterozygotie

$$H_S = \bar{H}_E$$

(PEAKALL und SMOUSE, 2015)

2.2.3.7.3 F_{ST} -Wert

Der F_{ST} -Wert stellt die Korrelation zwischen zufälligen Individuen innerhalb einer Subpopulation relativ zu Individuen der Gesamtpopulation dar (WRIGHT, 1965). Er bildet damit den Verwandtschaftsgrad von Allelen innerhalb einer Subpopulation in Relation zur Gesamtpopulation ab (WEIR und HILL, 2002). F_{ST} kann als die Wahrscheinlichkeit gesehen werden, dass zwei zufällig ausgewählte Allele einer Subpopulation, ob von verschiedenen Individuen oder von demselben Individuum, identisch in ihrer Abstammung sind (FRANKHAM et al., 2012j). Nähert sich F_{ST} Null, haben alle Subpopulationen die gleiche Allelfrequenzen und es findet ein reger Genaustausch statt (SCHMELLER et al., 1996; HARTL und CLARK, 1997). Nähert sich F_{ST} Eins, so sind entweder alle Subpopulationen auf verschiedene Allele (HERZOG, 1988; HARTL und CLARK, 1997) oder, mit Ausnahme Einer, alle Subpopulation auf das gleiche Allel fixiert (HERZOG, 1988). F_{ST} kann also als Maß der genetischen Fixierung dienen, aber nicht als Maß für den Anteil der Differenzierung zwischen Subpopulationen an der Gesamtdifferenzierung (HERZOG, 1988).

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

mit: F_{ST} = Inzuchtkoeffizient der Subpopulationen in Relation zur Gesamtpopulation

H_T = Insgesamt erwartete Heterozygotie¹⁴

$$H_T = 1 - \sum_{i=1}^h \bar{p}_i^2$$

¹⁴ Entspricht der erwarteten Heterozygotie, wenn alle Populationen gepoolt werden, also keine Subpopulationen vorliegen (PEAKALL und SMOUSE, 2015).

H_S = Mittlere erwartete Heterozygotie

$$H_S = \bar{H}_E$$

(PEAKALL und SMOUSE, 2015)

$$F_{ST} = \frac{(F_{IT} - F_{IS})}{1 - F_{IS}}$$

(WRIGHT, 1950)

Folgende Einteilung zur Bewertung des F_{ST} -Wertes findet in der Fachliteratur Verwendung (HARTL und CLARK, 1997; JONES, 1997) (Tab. 2):

Tab. 2: Einteilung des F_{ST} -Wertes

F_{ST}	Differenzierungsgrad
0,00 - 0,05	Niedrig
0,05 - 0,15	Mittel
0,15 - 0,25	Hoch
> 0,25	Sehr hoch

Ab Werten von 0,25 findet aufgrund der hohen Differenzierung kein genetischer Austausch mehr statt (LANG, 2019).

Es existieren noch weitere Methoden zur Berechnung von F_{ST} , wie zum Beispiel das Maß *Theta* (θ), der G_{ST} - Wert, G'_{ST} -Wert und *Jost's D* bzw. D_{est} .

Die Maße θ und G_{ST} haben gemeinsam, dass ihre Werte vom Ausmaß der genetischen Varianz innerhalb der Population abhängig sind, was eine Vergleichbarkeit bei genetischen Markern mit unterschiedlichen Mutationsraten, wie etwa Mikrosatelliten, erschweren kann (MEIRMANS, 2006). Es wird empfohlen solche Berechnungen beispielweise mit dem G'_{ST} -Wert oder der Analyse der molekularen Varianz (englisch: analysis of molecular variance (AMOVA)) (Kapitel 2.2.3.12.4) durchzuführen (HEDRICK, 2005; MEIRMANS, 2006).

2.2.3.8 *Theta* (θ)-Wert nach WEIR und COCKERHAM (1984)

Theta wird aus unterschiedlichen Komponenten genetischer Varianz, wie Varianz zwischen Populationen, zwischen Individuen und zwischen Allelen des einzelnen

Individuums, berechnet (SCHMELLER et al., 1996). WEIR und COCKERHAM (1984) empfehlen die Verwendung von *Theta* für Genorte mit mehr als zwei Allelen.

$$\hat{\theta} = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_I^2 + \hat{\sigma}_G^2}$$

mit: $\hat{\theta}$ = Theta

$\hat{\sigma}_p^2$ = Summe der Varianzkomponenten der Populationen

$\hat{\sigma}_I^2$ = Summe der Varianzkomponenten für Individuen innerhalb von Populationen

$\hat{\sigma}_G^2$ = Summe der Varianzkomponenten für Allele innerhalb von Individuen

(KEENAN, 2017)

2.2.3.9 G_{ST} -Wert nach NEI (1973) und NEI und CHESSEY (1983)

Die Berechnung des G_{ST} -Wert verwendet dieselbe Formel wie zur Berechnung des F_{ST} -Wertes. H_S und H_T werden allerdings für kleine Populationsgrößen und Inzucht nach NEI und CHESSEY sowie NEI korrigiert (= cH_T und cH_S) (PEAKALL und SMOUSE, 2015; KEENAN, 2017).

$$G_{ST} = \frac{cH_T - cH_S}{cH_T}$$

mit: G_{ST} = Alternative zu F_{ST}

cH_T = korrigierter H_T

cH_S = korrigierter H_S

(PEAKALL und SMOUSE, 2015)

Der G_{ST} -Wert stellt kein Maß der Differenzierung dar. Geeigneter dafür ist der standardisierte G_{ST} -Wert nach HEDRICK (2005), der sich D bei einer hohen Diversität annähert (JOST, 2008).

2.2.3.10 G'_{ST} -Wert nach HEDRICK (2005)

$$G'_{ST} = \frac{G_{ST}}{G_{ST(\max)}}$$

$$G_{ST(\max)} = \frac{H_{T(\max)} - H_S}{H_{T(\max)}}$$

$$H_{T(\max)} = \frac{(k - 1 + H_S)}{k}$$

- mit: G'_{ST} = Alternative zu F_{ST}
 G_{ST} = siehe Kapitel 2.2.3.9
 $G_{ST(\max)}$ = Der maximal mögliche G_{ST} -Wert
 $H_{T(\max)}$ = Der maximal mögliche H_T -Wert angesichts der innerhalb der Stichprobe beobachteten Heterozygotie
 H_S = \bar{H}_E
 k = Anzahl der Populationen
 (KEENAN, 2017)

2.2.3.11 D_{est} oder Jost's D nach JOST (2008)

Mit der Berechnung von Jost's D lässt sich die genetische Diversität innerhalb einer Population darstellen. Die Heterozygotie skaliert jedoch nicht linear mit einem Anstieg der Diversität, weshalb die Heterozygotie von JOST als ungeeignet angesehen wird für eine statistische Berechnung der Diversität. Er basiert seine Formel deshalb auf der effektiven Allelzahl. Ein Nachteil dabei ist, dass die effektive Allelzahl mit der Stichprobengröße zusammenhängt und so eine direkte Vergleichbarkeit schwierig ist (JOST, 2008; MEIRMANS und HEDRICK, 2011).

$$D_{est} = \left(\frac{k}{k - 1} \right) \left(\frac{cH_T - cH_S}{1 - cH_S} \right)$$

- mit: D_{est} = Jost's Differenzierungsschätzung
 k = Anzahl der Subpopulationen
 cH_T = korrigierter H_T
 cH_S = korrigierter H_S
 (PEAKALL und SMOUSE, 2015)

Je ähnlicher sich die Populationen präsentieren, desto mehr nähert sich *Jost's D* Null an. Im Gegensatz dazu nähert sich der Wert Eins an, je unterschiedlicher die Populationen sind (WHITLOCK, 2011).

2.2.3.12 Berechnungen genetischer Distanzen

Genetische Distanzen werden häufig unter Zuhilfenahme von F_{ST} berechnet (MEIRMANS, 2006). Dabei werden in sogenannten Clusteranalysen Subgruppen (= Cluster) gebildet, welche in den gesuchten Daten, beispielsweise den Genotypen, Ähnlichkeiten aufweisen (BLASHFIELD und ALDENDERFER, 1978; FRALEY und RAFTERY, 1998).

2.2.3.12.1 Dendrogramm

Ein Dendrogramm, auch Baumdiagramm genannt, ist eine grafische Darstellung einer Clusteranalyse. Angefangen bei einer Ähnlichkeit von Null im finalen Cluster, verzweigen sich die Cluster mit steigender Ähnlichkeit der untersuchten Daten in immer kleinere Gruppen (FORINA et al., 2002).

2.2.3.12.2 DAPC

Mit der Diskriminanzanalyse der Hauptkomponenten (englisch: discriminant analysis of principal components (DAPC)) werden Cluster genetisch verwandter Individuen identifiziert. Hierbei können komplexe Populationsstrukturen großer Datenmengen dargestellt werden (JOMBART et al., 2010). Dieser Ansatz basiert auf der Aufteilung der Varianz der Stichprobe in eine Komponente zwischen den Populationen und eine Komponente innerhalb der Populationen. So wird die Unterscheidung der Populationen maximiert. Zuerst wird hierfür eine Hauptkomponentenanalyse (englisch: principal component analysis (PCA)) mit den Daten durchgeführt und anschließend werden mithilfe einer Diskriminanzanalyse (englisch: discriminant analysis (DA)) Cluster identifiziert (GRÜN WALD et al., 2021).

2.2.3.12.3 Structure

Mit dem Programm *Structure 2.3.4*, welches von PRITCHARD et al. (2000) vorgestellt und von FALUSH et al. (2003, 2007) sowie HUBISZ et al. (2009) weiterentwickelt wurde, können durch eine modellbasierte Clusteranalyse Populationsstrukturen aufgedeckt sowie Individuen einzelnen Populationen zugeordnet werden. Die Analyse findet Verwendung

für die viele der wissenschaftlich verwendeten genetischen Marker, wie Mikrosatelliten oder SNPs. Hierbei ist entscheidend, dass kein Kopplungsungleichgewicht der genetischen Marker vorliegt. Ebenso wird angenommen, dass die Loci innerhalb der Populationen im HWG vorliegen. Weiterführend wird die Anzahl von K Clustern angenommen, welche durch bestimmte Allelfrequenzen an jedem Locus charakterisiert wird. Mithilfe der Bayesischen Clustermethode werden die Daten unter Zuhilfenahme der Markow-Kette und der Monte-Carlo-Methode (Markov Chain Monte Carlo (MCMC)) in die Cluster unterteilt und jedes Individuum mit einer bestimmten Wahrscheinlichkeit einem oder mehreren Clustern zugeordnet.

2.2.3.12.4 AMOVA

Mit der Analyse der molekularen Varianz wird das Vorkommen einer hierarchischen Populationsstruktur getestet (MEIRMANS, 2012). Sie zeigt auf, wie viel Prozent der Differenzierung auf Unterschiede zwischen den Populationen, zwischen den Individuen innerhalb der Populationen und zwischen den Individuen in der Gesamtheit zurückzuführen sind (EXCOFFIER et al., 1992).

2.2.3.13 Hardy-Weinberg-Gleichgewicht

Wie in Kapitel 2.2 dargelegt, stellt das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (HWG) einen theoretischen und modellhaften Idealzustand einer Population dar. Unter diesen theoretischen Voraussetzungen stellt sich bei einem biallelischen Locus mit den Allelen A und a und den Allelhäufigkeiten p und q bereits nach einer Generation ein Gleichgewicht der möglichen Genotypen AA , Aa (bzw. aA) und aa ein (BICKEBÖLLER und FISCHER, 2007; GRAW, 2010).

Abweichungen der getesteten Populationen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht können aufgrund von Datenfehlern auftreten, durch selektive Paarung oder durch die Existenz von Subpopulationen (BICKEBÖLLER und FISCHER, 2007; CHEN et al., 2017).

Für die Berechnung werden zunächst die Allelhäufigkeiten p und q benötigt. Die Anzahl der beobachteten Allele A und a wird hierbei durch die Gesamtanzahl der Allele $2N$ geteilt, wobei N die Größe der Stichprobe darstellt. Anschließend wird berechnet, welche Genotyphäufigkeiten unter dem Hardy-Weinberg-Gleichgewicht zu erwarten wären (Abb. 9) (BICKEBÖLLER und FISCHER, 2007).

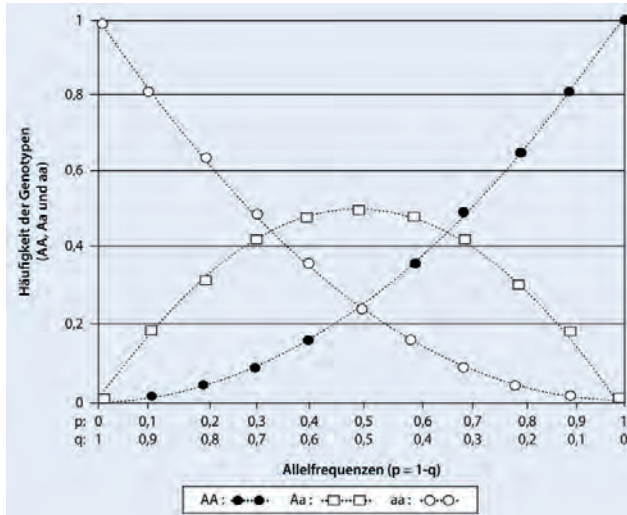


Abb. 9: Das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht für zwei Allele (AICHINGER und GRIMM, 2008)
Die horizontale Achse stellt die Allelfrequenzen p und q dar. Die vertikale Achse zeigt die Häufigkeiten der Genotypen.

Die erwarteten Genotyphäufigkeiten unter dem Hardy-Weinberg-Gleichgewicht werden anschließend mit den tatsächlich beobachteten Genotyphäufigkeiten mittels des Chi-Quadrat-Tests verglichen (BICKEBÖLLER und FISCHER, 2007). Bei Verwendung mehrerer Mikrosatelliten werden multiple abhängige Vergleiche angewandt. Die berechnete Signifikanz wird dafür nach Bonferroni korrigiert (RICE, 1989).

Es kann zu falschen Annahmen oder Ablehnungen des HWG kommen, wenn es sich um zum Beispiel um kleine Probengrößen handelt. In einem solchen Fall sollte ein exakter Test durchgeführt werden, beispielweise mithilfe einer Markow-Kette oder der Monte-Carlo-Methode, wie die Autoren GUO und THOMPSON (1992) vorschlagen.

2.2.3.14 Chi-Quadrat-Test (χ^2 -Test)

Mithilfe des Chi-Quadrat-Tests kann festgestellt werden, ob die Differenz zwischen der beobachteten Anzahl einer Kenngröße und deren erwarteter Anzahl geringfügig und deshalb vernachlässigbar ist oder ob diese eine statistische Signifikanz aufweist (FRANKHAM et al., 2012b; SCHMIDT, 2017). Entsprechend wird mit dem Chi-Quadrat-Test die Nullhypothese H_0 (H_0 = keine Korrelation zwischen zwei Merkmalen) angenommen oder abgelehnt (SCHMIDT, 2017).

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^k \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i}$$

mit: χ^2 = Chi-Quadrat-Wert

O_i = beobachtete Anzahl der Individuen des i -ten Genotyps

E_i = erwartete Anzahl der Individuen des i -ten Genotyps

(PEAKALL und SMOUSE, 2015)

Im Falle der thematischen Fokussierung dieser Arbeit stellt die Nullhypothese H_0 im Rahmen der Berechnungen zum HWG die Annahme einer zufälligen Fortpflanzung dar; also die Annahme, dass die Anzahl der beobachteten Heterozygoten mit der nach dem HWG erwarteten Anzahl der Heterozygoten übereinstimmt.

Entscheidend ist das präventiv festgelegte Signifikanzniveau α des Tests. Das Signifikanzniveau α ist die akzeptierte Wahrscheinlichkeit, mit der die Nullhypothese fälschlicherweise abgelehnt wird. Etablierte Werte für das Signifikanzniveau einer Testentscheidung sind $\alpha = 5\%$ („signifikant“), $\alpha = 1\%$ („hochsignifikant“) und $\alpha = 0,1\%$. Welches Signifikanzniveau gewählt wird, hängt einerseits von der Stichprobengröße und andererseits von den Konsequenzen einer fälschlichen Ablehnung der Nullhypothese H_0 ab (KUCKARTZ et al., 2013). In der Praxis wird üblicherweise ein Signifikanzniveau von $\alpha = 5\%$ akzeptiert (SCHMIDT, 2017). Der P -Wert beschreibt die Wahrscheinlichkeit mit der, unter Annahme der Nullhypothese, der beobachtete Wert der Teststatistik in der Stichprobengröße auftritt. Er stellt das minimale Signifikanzniveau dar, bei der die Nullhypothese noch abgelehnt werden kann. Ist also $P \leq \alpha$, so wird H_0 abgelehnt zum gewählten Signifikanzniveau α (HASSLER, 2012).

In den zugehörigen Tabellen zur Einordnung des Chi-Quadrat-Werts findet man deren Zuordnung zu den tabellarischen Vergleichswerten, den Freiheitsgraden DF (englisch: degrees of freedom) (SCHMIDT, 2017). TOMIUK und LOESCHCKE (2017) definieren die Berechnung von DF wie folgt:

$DF = \text{Anzahl der erwarteten Klassen} - \text{Anzahl der zur Berechnung der Erwartungswerte notwendigen Parameter} - 1$.

Im Falle der thematischen Fokussierung dieser Arbeit berechnen sich die Freiheitsgrade aus der Anzahl der Genotypen minus der Anzahl der Allele minus 1. Die Anzahl der Genotypen wird mittels der Formel aus Kapitel 2.2.3.3 berechnet; es werden $n-1$ Allelhäufigkeiten geschätzt:

$$DF = \frac{N_a(N_a + 1)}{2} - 1 - (N_a - 1)$$

(BICKEBÖLLER und FISCHER, 2007)

$$DF = \frac{N_a(N_a - 1)}{2}$$

(PEAKALL und SMOUSE, 2015)

Das allgemeine Prinzip beruht darauf, dass für jeden Parameter, der aus den Daten geschätzt werden muss, ein Freiheitsgrad verloren geht (EISENHAUER, 2008; TOMIUK und LOESCHCKE, 2017).

Die beobachteten Abweichungen werden als statistisch signifikant bewertet und die Nullhypothese folglich abgelehnt, sofern der ermittelte Chi-Quadrat-Wert χ^2 größer ist, als die Chi-Quadrat-Verteilung mit DF Freiheitsgraden (TOMIUK und LOESCHCKE, 2017).

$$X^2_{\text{tabelliert}} \leq X^2_{\text{berechnet}}$$

Die Nullhypothese wird abgelehnt

$$X^2_{\text{tabelliert}} > X^2_{\text{berechnet}}$$

Die Nullhypothese wird angenommen

Je höher der Freiheitsgrad, desto größer darf der Chi-Quadrat-Wert sein, da eine größere Anzahl an Phänotypen auch eine erhöhte Anzahl an Schwankungen mit sich bringt. Bei

einem Signifikanzniveau von $\alpha = 5\%$ und lediglich einem Freiheitsgrad ($DF = 1$) darf zum Beispiel der Chi-Quadrat-Wert χ^2 nicht größer sein als 3,841, um die ursprüngliche Nullhypothese zu bestätigen (SCHMIDT, 2017).

2.2.3.15 Effektive Populationsgröße

Nicht alle Individuen tragen in gleichem Umfang zum Fortbestehen der Population bei. Alter, Geschlecht und sozialer Status spielen hierbei eine entscheidende Rolle.

Die effektive Populationsgröße N_e zieht einen Vergleich zu einer idealisierten Population, die ihre genetische Diversität mit der gleichen Rate wie die reale Population verliert. N_e der realen Population ist dabei kleiner als die eigentliche Populationsgröße (FRANKHAM et al., 2012e).

Mithilfe des *NeEstimators 2.1* (Do et al., 2014) wurde die effektive Populationsgröße anhand der folgenden Formel berechnet:

$$N_e = \frac{p_i(1 - p_i)}{2\text{var}p_i}$$

Mit: N_e = Effektive Populationsgröße

p_i = Frequenz des i-ten Allels

2var = 2-fache Varianz der Änderung der Allelfrequenz

Um die Auswirkungen verschiedener Allelfrequenzschwellenwerte abschätzen zu können, wurde N_e für Thresholds von 0,05, 0,02 und 0,01, sowie unter Berücksichtigung aller Allele berechnet. Um einmalig vorkommende Allele auszuschließen wurde der Threshold der Allelfrequenz für Populationen unter 50 beprobte Individuen auf 0,02 und für über 50 beprobte Individuen auf 0,01 gesetzt (WAPLES und Do, 2008).

Im Durchschnitt beträgt die langfristige effektive Populationsgröße nur etwa ein Zehntel der realen Populationsgröße. Eine Fluktuation der Populationsgröße ist, gefolgt von Variationen der Familiengröße und Variationen der Geschlechterverhältnisse, der größte reduzierende Einflussfaktor auf das Verhältnis zwischen effektiver und realer Populationsgröße (FRANKHAM et al., 2012i).

Schwankungen in der Populationsgröße bestehen aufgrund von Umweltbedingungen, wie der Zugänglichkeit zu Futter und Wasser, Krankheiten und klimatischen Bedingungen. Die langfristige effektive Populationsgröße einer in der Populationsgröße fluktuierenden Population liegt in ihrem Wert nahe dem Wert der Einzelgeneration mit dem kleinsten N_e -Wert. Über Generationen hinweg nimmt bei schwankenden Populationsgrößen die effektive Populationsgröße bis auf einen Wert unterhalb der durchschnittlichen Anzahl adulter Individuen ab. Als größter Einflussfaktor auf den N_e -Wert reduziert eine fluktuierende Populationsgröße die effektive Populationsgröße im Durchschnitt um 65 % (FRANKHAM et al., 2012i).

Inzucht reduziert ebenfalls die effektive Populationsgröße. Wenn F einer Population gleich Eins ist, also vollständige Inzucht vorliegt, dann beträgt die effektive Populationsgröße die Hälfte der realen Populationsgröße und beinhaltet verschiedene homozygote Genotypen (FRANKHAM et al., 2012i).

$$N_e = \frac{N}{(1 + F)}$$

mit: N_e = Effektive Populationsgröße
 N = Reale Populationsgröße
 F = Inzuchtkoeffizient¹⁵

Die Variationen der Familiengröße in wilden Populationen liegt teilweise darin begründet, dass einige Individuen keinen Beitrag zur nächsten Generation leisten. Ähnliche Effekte werden bei sehr großen oder sehr kleinen Familienverbänden beobachtet. Je höher sich die Variation der Familiengröße zeigt, desto niedriger ist die effektive Populationsgröße. Eine Anpassung der Familiengrößen ist vor allem bei Spezies in menschlicher Obhut eine bewährte Methode zur Reduzierung der Inzucht. Sie führt zu einer annähernden Verdopplung der effektiven Populationsgröße (FRANKHAM et al., 2012i).

¹⁵ F wird hier als Inzuchtkoeffizient F_{IS} definiert, welcher über alle Individuen aus allen Subpopulationen gemittelt wird (FRANKHAM et al., 2012j).

2.2.3.15.1 Demografische effektive Populationsgröße

Die Formel der demografischen effektiven Populationsgröße berücksichtigt ein ungleiches Geschlechterverhältnis, wie es beispielweise bei Damwild mit seiner Haremsstruktur der Fall ist.

$$N_e = \frac{4N_m N_f}{2N_m + N_f}$$

mit: N_e = Effektive demografische Populationsgröße

N_m = Effektive Anzahl reproduktiver Männchen

N_f = Effektive Anzahl reproduktiver Weibchen

(WANG et al., 2016)

2.2.3.16 Jährliche Inzuchtzunahme

Der Prozentsatz der jährlichen Zunahme der Inzucht dF kann mit folgender Formel basierend auf der effektiven Populationsgröße N_e ermittelt werden:

$$dF = \frac{1}{2N_e}$$

mit: dF = Prozentsatz der jährlichen Zunahme der Inzucht

N_e = Effektive Populationsgröße

(REINER et al., 2021)

2.3 Genetische Diversität von Damwildpopulationen

2.3.1 Mikrosatelliten-basiert

Im Folgenden werden die vier wissenschaftlichen Studien vorgestellt, welche mittels Mikrosatelliten die genetische Situation verschiedener Damwildherden untersuchen. Die populationsgenetischen Parameter der hier referenzierten Studien für die einzelnen Populationen sowie die Allelzahlen und beobachtete Heterozygotien der Mikrosatelliten sind in Tab. A 23 und Tab. A 24 in Anhang 9.4 aufgeführt. Diese werden weiterführend in Kapitel 4.4 behandelt und mit den Ergebnissen der eigenen Untersuchungen verglichen.

2.3.1.1 BAKER et al. (2017)

Die Studie von BAKER et al. (2017) beschäftigte sich mit den Beiträgen anthropogener und natürlicher Prozesse auf das Vorkommen und die genetische Vielfalt des europäischen Damwilds. Es wurden 364 Gewebe-, Knochen und Blutproben aus zehn europäischen Ländern und Kanada gesammelt, die mithilfe von zehn Mikrosatelliten und der hypervariablen Region in der mitochondrialen DNA HVR1 verglichen wurden. Damit deckt diese Studie einen Großteil des natürlichen Verbreitungsgebietes von Damwild ab. Verwendet wurden dabei die folgenden Mikrosatelliten, die sich in vorherigen Studien bereits polymorph präsentiert haben: OarFCB48, BM4505, ETH2, MAF70, ILST30, HAUT27, CSSM014, NVHRT21, RT30 und TGLA127.

Da BAKER et al. ein Kopplungsungleichgewicht zwischen HAUT27 und BM4505 feststellten, wurden die Berechnungen sowohl inklusive als auch exklusive dieser zwei Mikrosatelliten durchgeführt. Beide Berechnungen wiesen jedoch nur vernachlässigbare Unterschiede auf, weshalb alle weiteren Statistiken inklusive aller zehn Mikrosatelliten berechnet wurden. Es wurden dabei sowohl freilebende als auch in Parks beheimatete Populationen getestet. Lokalisationen mit unter zehn Stichproben wurden bei der Analyse von BAKER et al. ausgeschlossen.

Die Allelzahl N_A trat hier im Bereich von drei (ILSTS30) bis sieben (ETH2) Allelen auf. Die beobachtete Heterozygotie H_o zeigte sich mit Werten von 0,09 (NVHRT21) bis 0,48 (MAF70).

BAKER et al. fanden bei den Stichproben aus südeuropäischen Gebieten keine signifikanten Abweichungen vom HWG. Die größten Abweichungen zeigten sich in England. Dies könnte durch den Wahlund-Effekt bedingt sein, allerdings wurde eine solche Abweichung weder in Italien noch in den Populationen der iberischen Halbinsel (Spanien und Portugal) festgestellt.

Die höchsten Datenwerte traten in Italien auf. Es ist dabei nicht von einer Verfälschung durch den Wahlund-Effekt auszugehen, da der F_{IS} -Wert nur einen marginal positiven Wert annahm und die Heterozygotie nicht signifikant niedriger war als das HWG. Dabei ist festzuhalten, dass die Werte für Damwild aus Italien im Vergleich zu anderen Spezies, wie Rotwild oder Rehwild, gering ausfielen.

BAKER et al. stellten fest, dass die beiden auffälligsten Merkmale der genetischen Vielfalt des Damwilds in ihrem europäischen Verbreitungsgebiet die sehr geringe Diversität innerhalb der regionalen Populationen und der hohe Grad der Differenzierung zwischen ihnen waren. Die F_{ST} -Werte lagen dabei über denen, die bei artverwandten Populationen gefunden werden. Die untersuchten Funde stimmten mit denen von Populationen überein, die aus einer geringen Anzahl an Gründertieren hervorgingen und stark durch genetische Drift beeinflusst wurden.

2.3.1.2 REIßMANN et al. (2010)

In den Jahren 2005 bis 2008 beprobten REIßMANN et al. (2010) eine Damwildherde in Sachsen, Deutschland. Es wurden insgesamt Gewebeproben von vier Hirschen und dreiundachtzig Kälbern genommen und sowohl eine Vaterschaftsanalyse als auch eine Analyse der Entwicklung des Gewichts basierend auf den Daten der Vaterschaften durchgeführt.

Zwölf der sechsundzwanzig getesteten Mikrosatelliten präsentierten sich informativ, wenn auch mit geringer Allelzahl. Diese Mikrosatelliten sind: AF5, BM6438, BTJAB1, CDU92064, DAM17a, ILSTS030, McM58, NVHRT22, RT6, RT27, RT30 und VH110. Mit Ausnahme des Mikrosatelliten NVHRT22 wurden die weiteren Mikrosatelliten in dieser Dissertation ebenfalls verwendet.

Die folgenden Mikrosatelliten, die sich in der Studie von REIßMANN et al. als monomorph darstellten, wurden in der vorliegenden Arbeit verwendet: HAUT27, NVHRT21, NVHRT73 und RT9.

Bei dem in dieser Dissertation verwendeten Mikrosatelliten MAF70 schlug eine Amplifikation in der Studie von REIßMANN et al. fehl.

Die Allelzahl N_A reichte dabei von zwei (BM6438, CDU92064, DAM17a, ILSTS030, NVHRT22, RT6 und RT30) bis sieben (BTJAB1) Allelen mit einer beobachteten Heterozygotie H_o von 0,05 (DAM17a) bis 0,65 (AF5).

Die hier ausgewählten Mikrosatelliten wurden bereits durch BERGFELD et al. (2016) bei einer Untersuchung zur Identifizierung und Wachstumsentwicklung von Damwild in einem Versuchsgatter zum Einsatz gebracht. Sie wurden hierbei zur Abstammungsüberprüfung genutzt.

2.3.1.3 POETSCH et al. (2001)

Eine weitere Studie aus Deutschland wurde von POETSCH et al. (2001) durchgeführt.

Dort wurden dreißig Stück Rotwild, dreißig Stück Rehwild und zweiundzwanzig Stück Damwild aus der Jagdsaison 1998 bis 1999 aus dem Nordosten Deutschlands (Vorpommern) getestet.

Von den zwölf untersuchten Mikrosatelliten präsentierten sich sieben polymorph in Damwild: RT6, RT9, RT23, RT27, RT30, NVHRT21 und NVHRT73. Diese sieben Mikrosatelliten wurden auch in vorliegender Dissertation verwendet.

Damwild stellte sich hier ebenfalls als Tierart mit dem geringsten Grad der genetischen Variabilität dar.

Die Allelzahl N_A lag zwischen zwei (RT9, RT23, RT27, NVHRT21, NVHRT73) und drei (RT6, RT30) Allelen und die beobachtete Heterozygotie H_o zwischen 0,09 (NVHRT73) und 0,64 (RT30).

POETSCH et al. empfehlen die Nutzung der Mikrosatelliten RT6, RT9, RT27 und RT30 bei Studien über Damwild.

2.3.1.4 SCANDURA (2004)

Die Studie von SCANDURA (2004) beschäftigte sich mit einer Herde Damwild in San Rossore (Italien), in der Nähe von Pisa. Insgesamt wurden 113 Blut- und Gewebeproben im Zeitraum von 1999 bis 2003 gesammelt.

Sechszwanzig Mikrosatelliten wurden hierbei getestet, zwölf davon zeigten sich in der Studie polymorph in Damwild: BM6444, CSSM014, ETH2, ILSTS028, NVHRT21, NVHRT30, OarCP26, OarFCB48, oMHC1, SPS113, SR-CRSP-1 und TGLA110.

Die drei Mikrosatelliten ILSTS028, SPS113 und TGLA110 wurden aufgrund der geringen Anzahl an Allelen, der engen Nähe der Fragmentlängen und der von ihnen erzeugten uneindeutigen Peaks von SCANDURA ausgeschlossen. Neun polymorphe Mikrosatelliten wurden für die Auswertung ausgewählt und bei 111 Proben getestet. Exklusive der beiden Mikrosatelliten ILSTS028 und SPS113 wurden die restlichen polymorphen Mikrosatelliten für die vorliegende Dissertation verwendet.

Die Allelzahl N_A bewegte sich zwischen einem Minimum von zwei Allelen (NVHRT30) und einem Maximum von fünf Allelen (CSSM14, ETH2). Die beobachtete Heterozygotie reichte von 0,063 (NVHRT30) bis 0,676 (OarCP26).

Die Individuen wurden nach ihrem Geschlecht und Alter in Gruppen unterteilt und auf das HWG getestet. Dabei stellt SCANDURA fest, dass die aufgeteilten Gruppen der Population nicht im HWG vorlagen. Insbesondere der männliche Anteil wies signifikant weniger Heterozygote auf als beim HWG erwartet würden. Dieses Defizit wurde in allen Altersklassen beobachtet. Der weibliche Anteil wies dagegen keinen solchen Mangel auf. SCANDURA benennt die Mikrosatelliten BM6444 und CSSM14 als hauptverantwortlich für den Heterozygotenmangel. Ein Kopplungsungleichgewicht wurde für keinen der Mikrosatelliten gefunden.

2.3.2 Weitere genetische Studien zu Damwild

MAUGHAN und WILLIAMS (1967) untersuchten Blutproben von verschiedenen Hirscharten, unter anderem Rot-, Sika- und Damwild, mittels Stärkegelelektrophorese auf Hämoglobinvarianten. Insgesamt wurden dabei 62 Damwildindividuen getestet. Bei keiner der Hirscharten wurden Hämoglobinvarianten gefunden.

McDOUGALL und LOWE (1968) beprobten Blutproben von 317 Stück Rotwild, 10 Stück Sikawild und 65 Stück Damwild aus Großbritannien mittels Stärkegel- und Papierelektrophorese auf Variationen des Transferrins. Alle Damwildproben traten mit einem einheitlichen Muster der Banden auf, welches zusätzlich zu zwei weiteren Variationen auch in den Rotwildproben vertreten war. Die Autoren führen diese Einzelbande bei Damwild auf eine Homozygotie zurück. Dieser Phänotyp trat in der Studie auch in den Sikawildprobe auf. Die Autoren treffen keine Aussage, ob es sich hierbei um ein Charakteristikum der untersuchten Populationen oder der Spezies handelt.

BUTCHER und HAWKEY (1977) testeten in ihrer vergleichenden Studie zu Hämoglobin in *Artiodactyla* 81 Blutproben von Tieren aus 30 Spezies der Kollektion der Zoologischen Gesellschaft Londons, darunter auch drei Stück Damwild. Die Stichprobengrößen der einzelnen Tierarten bestand allerdings lediglich aus einem bis neun Tieren, weshalb keine allgemein gültige Aussage zu treffen war. Viele der Spezies zeigten nur eine Hämoglobinvariante. Die drei verschiedenen Individuen des Damwilds wiesen unterschiedliche Haupthämoglobinvarianten auf.

PEMBERTON und SMITH (1985) verwendeten in ihrer Studie Blut und Gewebe von Damwild aus England und Wales. Insgesamt wurden 749 Proben aus 37 Gebieten gesammelt und bei 30 Proteinen nach Variationen gesucht. Es wurde eine Stichprobengröße von mindestens 88 Proben pro Protein verwendet. Alle Proteine wiesen lediglich ein bis maximal zwei Loci auf. Die Autoren halten es für möglich, dass eine größere Probenanzahl oder eine andere zufällige Auswahl der Individuen eventuell Polymorphismen hätte aufdecken können. Allerdings war die Stichprobengröße auch in Vergleich zu anderen durchgeführten Arbeiten, welche mit derselben Methodik arbeiten, ausreichend gewählt. PEMBERTON und SMITH stellten damit fest, dass englisches Damwild ein sehr niedriges Niveau an genetischer Variation aufweist. Sie führten die Hypothese an, dass es einen genetischen Flaschenhals während der Wiedereinführung des Damwilds nach England gegeben haben könnte.

HARTL et al. (1986) beprobten 81 Blutproben von Damwild aus einer Population der Bayerischen Landesanstalt für Tierzucht in Grub auf Polymorphismen in Enzymen und

Serumproteinen. Von den zwölf getesteten Enzymen und Serumproteinen zeigte lediglich die Katalase eine Variation. Die Population lag allerdings nicht im HWG vor, ein Umstand, der von den Autoren durch die Zuchtstruktur der Herde erklärt wurde, denn nur zwei männliche Tiere wurden abwechselnd zur Zucht eingesetzt. Abgesehen von dem möglichen Polymorphismus in Hämoglobin von BUTCHER und HAWKEY (1977) war die hier gefundene Variation die erste ihrer Art bei Damwild.

RANDI und APOLLONIO (1988) testeten Damwild aus der Population in San Rossore (Pisa) in Italien. Es wurden sowohl 60 Blut- als auch 180 Gewebeproben an 51 möglichen Loci beprobt. Die Autoren bestätigten den Fund eines Polymorphismus in der Katalase bei Damwild. Die aufgetretene Variation in der Peroxidase war dagegen genetisch nicht eindeutig zu interpretieren. Die Heterozygotiewerte zeigten sich in dieser Studie auf einem vergleichbar niedrigen Niveau wie bei PEMBERTON und SMITH (1985). Als mögliche Hypothesen für die Ergebnisse ihrer Studie führten RANDI und APOLLONIO ebenso einen Flaschenhalseffekt bzw. die Domestizierung durch den Menschen an.

HERZOG (1988, 1989, 1990) untersuchte neben Blutproben von 56 Stück irischem Rot- und Sikawild sowie deren Hybriden auch 146 Proben von deutschem Rotwild aus Hessen, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen und Schleswig-Holstein und 32 Blutproben von deutschem Damwild aus Niedersachsen und Bayern. Es wurden dabei 13 Enzymsysteme und zwei nichtkatalytische Proteinsysteme verwendet. Die Ergebnisse bezüglich der Hämoglobinvarianten decken sich größtenteils mit den Ergebnissen von MAUGHAN und WILLIAMS (1967). Lediglich bei Damwild beschrieben MAUGHAN und WILLIAMS eine Einzelbande, im Gegensatz zu der bei HERZOG beobachteten Doppelbande. HERZOG hält es für wahrscheinlich, dass diese Differenz durch die in seiner Arbeit verbesserten und mit höherer Auflösung arbeitenden Methoden zustande kommt. Insgesamt ist zu bemerken, dass Damwild mit Ausnahme des Transferrins in keinem der getesteten Systeme eine Variation aufwies. Der Genlocus des Transferrins präsentierte sich in der Studie von HERZOG bei allen beprobten Tierarten mit zwei bzw. drei Allelen als polymorph. Das dritte Allel trat dabei lediglich in einer sehr kleinen Stichprobe von Rotwild aus Nordrhein-Westfalen auf. In den Arbeiten von MCDUGALL und LOWE (1968), PEMBERTON und SMITH (1985) und HARTL et al. (1986) konnte keine Variation im Transferrinsystem beobachtet

werden. Der mittlere Heterozygotiewert lag bei den Damwildpopulationen aus Niedersachsen und Bayern zusammengenommen bei 0,017.

WEHNER et al. (1991) führten eine Studie mit Damwild in Nordrhein-Westfalen (Deutschland) durch. Sie testeten 56 Gewebeprobe aus den Jagdjahren 1988 und 1989 auf Isoenzym polymorphismen. Bei der Laktat-Dehydrogenase 1, der Diaphorase 1-2 und dem antidiuretischen Hormon konnten hier Polymorphismen nachgewiesen werden. In Bezug auf die erwartete Heterozygotie stimmten die Werte mit dem von HARTL et al. (1986) ermittelten Wert überein. Die durchschnittliche Allelzahl pro Genort wich jedoch voneinander ab. WEHNER et al. erklärten dies damit, dass HARTL et al. (1986) in ihrer Studie Gatterwild untersuchten, welches wahrscheinlich einen höheren Verwandtschaftsgrad aufwies. Abschließend stellten WEHNER et al. fest, dass ihr Auswahlkriterium einer hohen Anzahl an verschiedenen Fellfarben innerhalb der untersuchten Population alleine nicht geeignet ist, um eine Aussage über die genetische Diversität zu treffen. Die hier ermittelten Daten belegten erneut die niedrige genetische Varianz des Damwildes.

SCHREIBER und FAKLER (1996) verwendeten 110 Blutproben von Damwild aus dem Coto de Doñana-Nationalpark in Spanien für eine elektrophoretische Studie an knapp 30 Allozymloci. Die NADH-Dehydrogenase trat dabei mit drei Genotypen, entstehend aus zwei Allelen, auf. Die Ergebnisse in dieser Studie lagen im HWG vor. Die NADH-Dehydrogenase wurde bereits in vorherigen Studien verwendet, allerdings trat sie dort nur in Rotwild polymorph auf (TATE und MCEWAN, 1992). HERZOG (1988) fand keine Variation in seinen getesteten Damwildproben zur NADH-Dehydrogenase. Die vorherigen Studien von PEMBERTON und SMITH (1985), HARTL et al. (1986), RANDI und APOLLONIO (1988) und WEHNER et al. (1991) bezogen dieses Enzym nicht in ihre Untersuchungen ein.

MASSETI et al. (1996) überprüften neun Haarproben von rhodischem Damwild mittels RAPD-Analyse. Vier von ihnen stammten aus einem Gehege auf Kreta und fünf aus Gehegen auf Rhodos. Als Kontrollgruppe dienten sechs Haarproben von italienischem Damwild, sowohl freilebend als auch aus Gehegen. Italien wurde aufgrund der in vorherigen Studien bestätigten niedrigen genetischen Variabilität des dortigen Damwilds (RANDI und APOLLONIO, 1988) ausgewählt, welche sich mit den Ergebnissen aus Studien in

Westeuropa, wie England (PEMBERTON und SMITH, 1985) oder Deutschland (HARTL et al., 1986), deckt. Das konstruierte Dendrogramm zeigt die Präsenz von polymorphen Individuen innerhalb der rhodischen Population, welche in der italienischen Kontrollgruppe nicht auftreten. MASSETI et al. vermuteten, dass die rhodische Population in der jüngeren Vergangenheit durch neues Genmaterial eventuell aus der Türkei, wo das Damwild als vermutlich letzte natürliche Population auftritt, aufgefrischt wurde. Die Autoren wiesen darauf hin, dass weitere Nachforschungen notwendig seien, um die Frage zu klären, welche Verbindungen historischer oder rezenter Art zwischen der rhodischen und türkischen Population bestehen.

MASSETI et al. (1997) beprobten die beiden am längsten in Italien etablierten Damwildpopulationen in Castel Porziano (Rom) und San Rossore (Pisa). Hiervon stammen neun Proben aus Castel Porziano und 26 Proben wurden unter dem Gebiet San Rosso zusammengefasst, da diese Individuen in den letzten zwanzig Jahren zum Zeitpunkt der Studie aus dem Damwildbestand von San Rossore entstanden waren. Zehn Individuen von der Cascina Laura-Farm (Alessandria, Piemont) dienten dabei als Kontrollgruppe. Sie wurden in den 1960er Jahren aus Ungarn eingeführt. Mittels RAPD-Analyse wurde dabei sowohl in der ungarischen als auch in der San Rossore-Gruppe eine sehr geringe bis gar keine genetische Variabilität festgestellt. Es ist zu beachten, dass die San Rossore-Gruppe aus Individuen verschiedener Herkunft besteht. Die Population in Castel Porziano wies eine höhere genetische Variabilität auf, obwohl beide italienischen Populationen in der Vergangenheit eine ähnliche Geschichte durchliefen. Eventuell kam dieser Unterschied durch Einführung neuen Damwilds in die bestehende Population zustande, so die Autoren.

SCANDURA et al. (1998) testeten 25 Blut- und Gewebeproben von Damwild aus dem Regionalpark Maremma in Italien mittels RAPD-Analyse. Zusätzlich wurde eine Probe eines deutschen Damwilds aus Schleswig-Holstein zu Vergleichszwecken verwendet. Die Damwildpopulation des Regionalparks Maremma entstammt aus Tieren der San Rossore-Population, welche in der ersten Hälfte des 20. Jahrhunderts dort angesiedelt wurden. 25 von 33 in dieser Studie verwendeten Primern liefern auswertbare Ergebnisse, von denen sich wiederum 13 polymorph präsentierten. Die Autoren gaben eine Prozentzahl von 19,4 % polymorpher Loci in der Gesamtheit aller Proben an und

17,5 % alleine für die italienische Population. Die Studie bestätigte erneut die geringe Ausprägung der genetischen Variabilität bei europäischem Damwild.

SAY et al. (2003) fanden bei ihrer Untersuchung zu Einflüssen auf den Fortpflanzungserfolg von Damhirschen in einem Park in Irland nach Ausschluss monomorpher Varianten zwanzig Mikrosatelliten, die zwischen zwei und sieben Allelen aufwiesen. Vergleicht man diese Allelanzahlen mit denen anderer Schalenwildarten, so fällt erneut das niedrige Niveau der genetischen Variabilität bei Damwild auf. Die in ihrer vorherigen Arbeit gesammelten 110 Proben aus dem Jahr 2001 und 152 Proben aus dem Jahr 2002 verwendeten SAY et al. (2005) für eine Untersuchung des Zusammenhangs zwischen Heterozygotie und Fitnessmerkmalen in dieser Damwildpopulation. Die zwanzig Mikrosatelliten zeigten hier eine Allelanzahl von zwei bis sieben bei den Tieren aus dem Jahr 2001 und zwei bis acht bei den Tieren aus dem Jahr 2002. Die beobachtete Heterozygotie erreichte für das Jahr 2001 Werte von 0,15 bis 0,81 und für das Jahr 2002 Werte von 0,21 bis 0,89. Die Autoren konnten keine Verbindung zwischen einer Heterozygotie und den zwei hier gewählten Fitnessmerkmalen (Geburtsgewicht und Winterüberleben der Kälber) herstellen. SAY et al. stellten fest, dass die Abwesenheit eines heterozygoten Vorteils in dieser Population das Auftreten eines echten Fehlens einer Inzuchtdepression sein könnte. Ebenso ist ein Mangel an ausreichender statistischer Aussagekraft möglich oder die Tatsache, dass Multilokus-Heterozygotie kein geeigneter Indikator für den Inzuchtkoeffizienten ist.

MASSETI et al. (2006) deckten in ihrer Studie einer mtDNA-Analyse von Haarproben eine einzigartige mtDNA-Insertion der rhodischen Damwildpopulation auf. Getestet wurde die Sequenz von HVR-I von 13 rhodischen Individuen, die anschließend mit 31 Proben aus verschiedenen europäischen und anatolischen Populationen, inklusive der Population aus Düzlerçami und Gököva in der Türkei, verglichen wurde. Von 44 Sequenzen wurden 23 Haplotypen gefunden. Bis auf ein Individuum wiesen alle rhodischen beprobten Tiere eine 80bp-Insertion auf. Diese Population wies infolgedessen ein enges Cluster auf und unterschied sich genetisch von allen anderen untersuchten Damwildpopulationen. Im Vergleich zu den Populationen aus der Türkei und Italien zeigte die Population aus Rhodos eine geringere genetische Diversität, was auf einen Gründereffekt hindeutet.

WEBLEY et al. (2007) testeten insgesamt 37 Mikrosatelliten in verschiedenen Damwildpopulationen in Tasmanien (Australien). Nur zehn der Mikrosatelliten erwiesen sich dabei als polymorph, mit einer Allelzahl von zwei bis fünf Allelen. Die beobachtete Heterozygotie reichte von 0,06 bis 0,81. Die Autoren reihten diese niedrigen Ergebnisse der genetischen Variabilität in die ermittelten Daten der Autoren POETSCH et al. (2001) und SAY et al. (2003) ein. Bei der Analyse der Populationsstrukturen ließen sich Cluster östlich und westlich des Midland Highways feststellen. Die betreffenden Populationen zeigten korrelierende morphologische Eigenschaften, wie eine mehrheitlich wildfarbene Färbung östlich der Straße und eine größtenteils dunkle Färbung westlich dieser.

MASSETI et al. (2008) verwendeten für ihre Studie mit mtDNA Haarproben von insgesamt 29 *D. dama dama* aus Düzlerçami (Türkei), Rhodos (Griechenland), San Rossore (Italien), Alessandria (Italien, ungarischen Ursprungs) und Apeldoorn (Niederlande, griechischen Ursprungs) sowie sieben in menschlicher Obhut lebender, nicht verwandter *D. dama mesopotamica* aus dem Stuttgarter und Kronberger Zoo. Zusätzlich wurden Muskelfleischproben von acht *D. dama dama* aus dem italienischen Reservat von Castel Porziano getestet. Bei den insgesamt 44 gefundenen Sequenzen wurden 23 verschiedene Haplotypen festgestellt. Alle rhodischen Tiere, mit Ausnahme zweier Individuen, zeigten, wie schon in der Studie von MASSETI et al. (2006), eine 80-bp Insertion, die keinerlei Varianz unter diesen Tieren der Stichprobe aufwies. Diese Tiere wiesen ebenso wie die Individuen aus der Türkei ein enges Cluster auf. Interessant ist die Zeit, ab der sich die türkischen und rhodischen Populationen getrennt voneinander weiterentwickelt haben sollen. MASSETI et al. setzten diese vor 200.000 Jahren an bzw., setzt man die rhodischen Individuen mit und ohne die 80-bp Insertion in Zusammenhang, vor 110.000 Jahren. Zu keinem der beiden Zeiträume gibt es archäologische Daten, die die Anwesenheit von Damwild auf Rhodos belegen würden. Alle hier analysierten Populationen zeigten einen hohen Grad an genetischer Diversität und waren untereinander stark differenziert. Bei der Population aus Düzlerçami kann es als indirekte Bestätigung ihres Status gesehen werden, nach dem sie nach archäozoologischen und biogeografischen Erkenntnissen als angestammt gelten. Die Diversität des Europa-Clusters muss unter dem Gesichtspunkt betrachtet werden, dass es sich dabei nicht um eine Population im eigentlichen Sinne handelt, sondern die Tiere verschiedenen geografischen Ursprüngen entstammen.

LUDWIG et al. (2012) verwendeten in ihrer von BAKER et al. (2017) erwähnten Studie mtDNA, um Ursprünge und Muster der genetischen Diversität bei deutschem Damwild aufzudecken. Insgesamt wurden 365 Gewebeproben aus den Jahren 2002 bis 2005 und 2008 bis 2009 in den Bundesländern Brandenburg, Sachsen, Hessen, Niedersachsen, Mecklenburg-Vorpommern, Rheinland-Pfalz, Nordrhein-Westfalen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein gesammelt. Für eine vergleichende Analyse der Ursprünge des deutschen Damwils wurden des Weiteren noch Proben aus mediterranen Regionen, inklusive Proben aus der Türkei und Ungarn, sowie Proben von mesopotamischem Damwild hinzugefügt. LUDWIG et al. fanden zehn mitochondriale Haplotypen in dem Datenset.

D. mesopotamica nahm dabei eine Schwesterguppenposition zu *D. dama* ein, welches dessen Abspaltung von *D. dama* unterstützt. Von den zehn gefundenen Haplotypen trat Haplotyp B am häufigsten auf. Er stimmte mit dem Haplotyp 16 aus MASSETI et al. (2008) überein, der dort zwar in Ungarn und Italien auftrat, insgesamt aber selten vorkam. Innerhalb der Daten von *D. dama* wurden fünf Kladen gefunden. Fast alle deutschen Damwildproben fielen dabei in die fünfte Klade, zusammen mit je einem Haplotypen aus Italien, Griechenland und Ungarn. Insgesamt konnten innerhalb Deutschlands drei Gruppen in Bezug auf ihre maximale genetische Differenzierung festgestellt werden:

- 1) Schleswig-Holstein,
- 2) Brandenburg, Hessen, Rheinland-Pfalz sowie
- 3) Sachsen, Niedersachsen, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen und Sachsen-Anhalt.

Als Resultat erschien ein Genfluss von mtDNA zwischen diesen drei Gruppen sehr unwahrscheinlich. Daraus schlussfolgerten die Autoren, dass diese Gruppen seit ihrer Gründung, höchstwahrscheinlich in historischen Zeiten, zumindest in Bezug auf die mütterlichen DNA-Linien im Wesentlichen isoliert geblieben waren. Dafür spricht auch die geringe genetische Variation innerhalb jeder Gruppe. LUDWIG et al. empfahlen die Verwendung von Mikrosatelliten oder SNPs, um auch den Genfluss der männlichen Tiere beurteilen zu können, die durch ihre Abwanderung im adulten Alter neue Gebiete und Populationen erkunden und gründen.

KUSZA et al. (2018) führten eine Studie an 41 Stück Damwild aus drei Populationen aus dem Nordosten Ungarns mittels 450-bp mtDNA-Untersuchung von Haarproben durch. Drei Haplotypen wurden dabei entdeckt, wobei zwei davon hier das erste Mal aufgegriffen wurden und ein Haplotyp bereits in der Studie von BAKER et al. (2017) in Südungarn Erwähnung fand. Fast die Hälfte der hier untersuchten Individuen trug den bereits von BAKER et al. erwähnten Haplotypen. Etwas über die Hälfte wies einen der beiden neu entdeckten Haplotypen auf und ein einzelnes Individuum trug den anderen neu entdeckten Haplotypen. Auch KUSZA et al. erwähnten die niedrige genetische Variabilität des ungarischen Damwilds, trotz der zwei hier neu entdeckten genetischen Varianten. Die Autoren brachten ihre eigenen Proben mit weiteren 39 bereits in der genetischen Datenbank des Nationalen Zentrums für biotechnologische Informationen (englisch: National Center for Biotechnology Information (NCBI)) hinterlegten Sequenzen zusammen und führten eine erneute Analyse durch. Diesmal wurden insgesamt 33 Haplotypen entdeckt. Sie ordneten die Individuen in fünf Cluster ein:

- 1) Haplotypen aus Italien und Deutschland,
- 2) Haplotypen der iberischen Halbinsel (Spanien und Portugal),
- 3) Haplotypen aus Rhodos und einige Individuen aus Italien,
- 4) Haplotypen aus Anatolien (Türkei) und
- 5) Haplotypen einer weiter verstreuten Gruppe, bestehend aus Kanada, Afrika, dem Mittleren Osten und Europa.

Die Individuen aus der Türkei zeigten dabei eine geringere mitochondriale Diversität als die anderen Gruppen. Die Autoren dieser Studie stellten eine enge Beziehung zwischen einigen der italienischen und rhodischen Haplotypen fest, welche durch eine Wiedereinführung des Damwilds nach Rhodos unter italienischer Besetzung entstanden sein könnte. Auch KUSZA et al. (2018) fanden, genau wie LUDWIG et al. (2012) und BAKER et al. (2017), Hinweise auf einen türkischen Ursprung der deutschen Gründerpopulation.

3 Material und Methoden

Für die vorliegende Dissertation wurde DNA aus Knochenbohrproben von Abwurfstangen und aus Gewebeprobe isoliert. Diese wurde anschließend mittels PCR amplifiziert und mithilfe der Kapillarsequenzierung ausgewertet. Die populationsgenetischen Kennzahlen wurden mit frei zugänglichen Softwareprogrammen zur statistischen Datenauswertung berechnet.

Alle Arbeiten wurden im molekulargenetischen Labor der Klinik für Schweine der Justus-Liebig-Universität Gießen durchgeführt.

3.1 Materialien

3.1.1 Geräte und Zubehör

Für die Isolierung, Amplifikation und genetische Untersuchung der DNA wurden folgende Geräte und Zubehör eingesetzt:

- Skalpell: Chirurgische Einmal-Skalpelle; BIBRAUN, B. Braun Melsungen AG, Melsungen
- Petrischalen: 90 mm x 14,2 mm PS ohne Belüftungsnocken; VWR International GmbH, Darmstadt
- Reaktionsgefäße: 1,5 ml; Receiver Tubes, Elution Tubes; INSTANT Virus RNA Kit; Analytik Jena AG, Jena
- Reaktionsgefäße: 2 ml, 1,5 ml; nerbe plus GmbH, Winsen/Luhe
- Reaktionsgefäße: 0,5 ml; Brand GmbH & Co. KG, Wertheim
- Reaktionsgefäße: 0,2 ml; Sarstedt AG & Co. KG, Nümbrecht
- Pipetten: Biohit Deutschland GmbH, Rosbach
- Pipettenspitzen: VWR International GmbH, Darmstadt und nerbe plus GmbH, Wertheim
- qPCR-Platten & ABSolute qPCR-Plattendichtungen; Applied Biosystems, Foster City, Kalifornien, USA
- Qubit™ Flex Assay Reservoir; Fisher Scientific GmbH, Schwerte

- Laborwaage: Ohaus Scout II; Ohaus Corp. Pine Brook, N. J., USA
- Zentrifuge: Heraeus™ Labofuge™ 400 Tischzentrifuge; Fisher Scientific GmbH, Schwerte
- Zentrifuge: Thermo Scientific™ Heraeus™ Biofuge Fresco; Fisher Scientific GmbH, Schwerte
- Vortexer: Genie 2; Fisher Scientific GmbH, Schwerte
- Kugelmühle: MM300; Retsch GmbH, Haan
- Photometer: Ultrospec 1100 pro; UV/visible spectrophotometer, Amersham Biosciences GmbH, Freiburg
- Spektralphotometer: NanoDrop™ 2000; Peqlab Biotechnologie GmbH, Erlangen
- Fluorometer: Qubit™ Flex Fluorometer; Fisher Scientific GmbH, Schwerte
- Real-Time PCR-Cycler: 7300 Real-Time PCR System; Applied Biosystems, Foster City, Kalifornien, USA
- PCR-Thermocycler: T-Personal und Tgradient; Analytik Jena GmbH, Jena
- Wasserbad: WB14; Firma Memmert GmbH, Schwarbach
- Thermoblock: Biometra TB2 Thermoblock; Analytik Jena GmbH, Jena
- Kapillarsequenzierer: ABI Prism 310 Genetic Analyzer; Applied Biosystems, Foster City, Kalifornien, USA

3.1.2 Chemikalien und Puffer

Für die Isolierung, Amplifikation und genetische Untersuchung der DNA wurden folgende Chemikalien und Puffer eingesetzt:

- INSTANT Virus RNA Kit; Analytik Jena AG, Jena
- Proteinase K; Carl Roth GmbH & Co. KG, Karlsruhe
- ABsolute Blue QPCR Rox Mix; Thermo Fisher Scientific GmbH, Dreieich
- Reinstwasser; Rotisolv HPLC Gradient Grade; Carl Roth GmbH & Co. KG, Karlsruhe
- Qubit™ dsDNA BR Reagent; Fisher Scientific GmbH, Schwerte
- Qubit™ dsDNA BR Puffer; Fisher Scientific GmbH, Schwerte
- 1x TE-Puffer pH 8,0; TrisHCL 10 mM und EDTA 1 mM; Carl Roth GmbH & Co. KG, Karlsruhe

- 10x TBE-Puffer: 3730 Buffer (10x) mit EDTA; Thermo Fisher Scientific GmbH, Dreieich
- 2 x Qiagen Multiplex PCR Master Mix; Qiagen GmbH, Hilden
- Primer; biomers.net GmbH, Ulm
- Midori Green Advance; Biozym Scientific GmbH, Hessisch Oldendorf
- DNA Size Standard 500 Orange; Nimagen, Nijmegen, Niederlande
- Agarose; Biozym Scientific GmbH, Hessisch Oldendorf
- HiDi-Formamid; Thermofisher Scientific GmbH, Dreieich
- Gel POP7 Polymer; Advanced Biolab Service, München

3.1.3 PC-Programme

Für die genetische Untersuchung der DNA und die anschließenden Berechnungen wurden folgende PC-Programme eingesetzt:

3.1.3.1 Mikrosatelliten-Vorbereitung und -Auswertung

- Primer-BLAST (YE et al., 2012)
 - Primer3 (<https://www.primer3plus.com>)
 - BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)
- GenePop on the Web (RAYMOND und ROUSSET, 1995; ROUSSET, 2008) (<https://genepop.curtin.edu.au>)
- Multiple Primer Analyzer (<https://www.thermofisher.com/de/de/home/brands/thermo-scientific/molecular-biology/molecular-biology-learning-center/molecular-biology-resource-library/thermo-scientific-web-tools/multiple-primer-analyzer.html>)
- Peak Scanner™ Software v1.0 (Applied Biosystems)
- Microsoft® Excel® 2019 AddIn: MS Datenaufbereitung (Laborintern; Prof. Dr. Hermann Willems)

3.1.3.2 Populationsgenetische Parameter

- GenAlEX® Version 6.5 (PEAKALL und SMOUSE, 2006, 2012)

- R Software (R CORE TEAM, 2017) mit den Paketen:
 - PopGenReport v3.0.4 (ADAMACK und GRUBER, 2014)
 - pegas v0.12 (PARADIS, 2010)
 - diveRsity v.1.9.90 (KEENAN et al., 2013)
 - adegenet v2.0.1 (JOMBART, 2008)
 - pophelper 2.3.1 (FRANCIS, 2017)
 - poppr v2.8.3 (KAMVAR et al., 2014)
- NeEstimator 2.1 (Do et al., 2014)
- Structure 2.3.4 (PRITCHARD et al., 2000; FALUSH et al., 2003, 2007; HUBISZ et al., 2009)

3.1.3.3 Grafische Darstellungen

- Microsoft® Excel® 2019
- Microsoft® PowerPoint® 2019
- Microsoft® Word® 2019
- R Software (R CORE TEAM, 2017)
- Inkscape 1.2.2

3.1.4 Probenmaterial

Als Probenmaterial dienten Abwurfstangen und Gewebeproben der Damhirsche aus dem WildtierPark Edersee (Ed), dem Wildtiergatter in Eulbach (Eu), dem Tierpark Sababurg (Sb) und einer anonymisierten Population (An).

Alle Proben stammen aus den Jahren 2018 bis 2022. Die Gewebeproben wurden aus Lunge, Milz oder Muskelgewebe geschlachteter Tiere gewonnen. An den Abwurfstangen erfolgte die Probenahme aus dem Petschaft. Es wurden keine lebenden Tiere beprobt und es wurde kein Tier im Rahmen des vorliegenden Versuchs getötet. Deshalb handelte es sich bei der vorliegenden Studie nicht um einen Tierversuch.

Aus dem WildtierPark Edersee stammten drei Stangenbohrproben und 49 Gewebeproben. Aus dem Wildgatter in Eulbach wurden 26 Gewebe- und 45 Stangenbohrproben gesammelt. Aus dem Tierpark Sababurg wurden 79 Gewebeproben untersucht und die anonymisierte Population ist mit 48 Gewebeproben vertreten.

Eine Übersicht über alle gewonnenen Proben aus den Populationen Edersee, Eulbach, Sababurg sowie aus der anonymisierten Population mit Angaben zu sowohl der Art der Probe als auch dem Erlegungsdatum bei Gewebeproben, bzw. dem Fundjahr bei Stangenproben ist in Tab. A 2 bis Tab. A 5 in Anhang 9.3 gegeben.

3.2 Methoden

3.2.1 Probenahme

Die Probenahme der Stangenbohrproben wurde mithilfe eines Akkuschraubers und eines 5 mm Holzbohrers durchgeführt. Der Angabe von WELTE (2014) folgend wurden die Proben vornehmlich am Übergang des Petschafts zur Rose entnommen, da dort die höchste DNA-Konzentration zu erwarten ist.

Zuerst wurde die Probenahmestelle einige Millimeter tief vorgebohrt. Die entstandenen Späne wurden aufgrund eventueller Verunreinigungen verworfen. Im Anschluss wurde mit dem gereinigten Bohrer die eigentliche Probenahme durchgeführt. Die Bohrspäne wurden auf einem Stück Aluminiumfolie aufgefangen und in ein Probenröhrchen überführt. Nach der Beschriftung des Röhrchens wurde dieses bis zur weiteren Verarbeitung bei Raumtemperatur gelagert. Die Alufolie wurde verworfen. Der Bohrer wurde mit einer Drahtbürste gesäubert.

Die Probenahme der Gewebeproben erfolgte mithilfe eines Skalpells. Hierfür wurde ein Stück Gewebe (circa 2 cm x 2 cm x 2 cm groß) abgeschnitten und in ein 2 ml Reaktionsgefäß überführt. Das beschriftete Probenröhrchen wurde bis zur weiteren Verarbeitung tiefgekühlt (bei -20 °C) gelagert. Anschließend wurde das Messer oder Skalpell mit Wasser und einer Bürste gereinigt und abgetrocknet.

3.2.2 DNA-Isolation

Um DNA aus dem Zellkern zu isolieren und für die weitere Nutzung aufzureinigen, müssen zuerst die Zell- und die Kernmembran zerstört werden. In dieser Arbeit wurde dies mittels eines schwachen alkalischen Puffers erreicht. Durch das vorsichtige Homogenisieren und den Zusatz ionischer Detergenzien wurden dabei die Zellmembranen aufgeschlossen. Ein wichtiger Bestandteil ist ein Komplexbildner, wie

zum Beispiel Ethylendiamintetraacetat (EDTA), für zweiwertige Kationen wie Magnesium (Mg^{2+}) und Mangan (Mn^{2+}), die nukleolytische Enzyme aktivieren können. Durch die Zugabe eines proteolytischen Enzyms, wie zum Beispiel Proteinase K, werden Proteine abgebaut. Proteinase K ist unter den gegebenen Reaktionsbedingungen aktiv und baut sich selbst ab, sobald keine anderen Substrate mehr vorhanden sind. Durch Zentrifugation werden größere Zelltrümmer von der DNA getrennt (GRAW, 2010).

Bei der Extraktion mit Anionenaustauschersäulen haftet die DNA aufgrund ihrer negativen Ladung an den positiv geladenen Gruppen der Säulenmatrix. Durch die Veränderung der Ionenstärke des Wasch- und Elutionspuffers löst sich in mehreren Schritten schließlich die DNA von der Matrix ab (eluiert) (SCHMIDT, 2017).

Für die DNA-Extraktion wurde das bereits im diagnostischen Labor erprobte Protokoll des *Instant Virus RNA Kit* der Firma Analytik Jena verwendet. Die Probenaufarbeitung erfolgte bei Raumtemperatur.

Ein 2 ml Reaktionsgefäß wurde mit 400 μ l Lysis-Solution RL befüllt und ein circa stecknadelkopfgroßes Stück der Gewebeprobe in dieses überführt. Eine Stahlkugel wurde zugefügt und die Probe zwei Minuten bei 25 Hertz in der Kugelmühle zerkleinert. Die Kugel wurde anschließend mithilfe eines Stabmagneten wieder entfernt.

Anschließend wurde die Probe bei Raumtemperatur 30 Minuten inkubiert und daraufhin eine Minute bei 13.000 Runden pro Minute (englisch: rounds per minute (rpm)) zentrifugiert.

Ein 2 ml Reaktionsgefäß wurde mit 300 μ l Binding-Solution RBS befüllt und 300 μ l des Überstands der zentrifugierten Probenlösung hinzugefügt. Anschließend wurde der Inhalt gründlich durchmischt. 600 μ l der Mischung wurden aus dem Reaktionsgefäß entnommen und in ein 1,5 ml Receiver Tube mit eingesetztem Spin Filter überführt. Dieses wurde eine Minute bei 13.000 rpm zentrifugiert. Der Spin Filter wurde in ein neues Receiver Tube eingesetzt, während das gebrauchte Receiver Tube verworfen wurde. Auf den Spin Filter wurden 500 μ l Washing-Solution HS pipettiert und das Receiver Tube eine Minute bei 13.000 rpm zentrifugiert. Erneut wurde der Spin Filter in ein neues Receiver Tube umgesetzt und das gebrauchte Receiver Tube verworfen. Anschließend wurden auf den Spin Filter 500 μ l Washing-Solution LS pipettiert und das Receiver Tube drei Minuten bei 13.000 rpm zentrifugiert. War der Spin Filter nach der Zentrifugation

außen noch feucht, wurde er in ein neues Receiver Tube umgesetzt und vor dem nächsten Schritt erneut eine Minute bei 13.000 rpm zentrifugiert.

Zum Schluss wurden 1,5 ml Elution Tubes mit der Probennummer beschriftet und der trockene Spin Filter eingesetzt. Im letzten Schritt wurden 60 µl RNase freies Wasser auf den Spin Filter pipettiert und die Elution Tubes eine Minute bei 8.000 rpm zentrifugiert. Der Spin Filter wurde verworfen und die so gewonnene DNA-Probe bei -20° C gelagert.

Bei den Bohrproben wurde ähnlich verfahren.

Zur Vorbereitung der Probe wurde ein 2 ml Reaktionsgefäß zu einem Drittel mit Bohrspänen gefüllt, eine Stahlkugel zugefügt und das Ganze 2 Minuten bei 25 Hertz in der Kugelmühle gemahlen. Die Kugel wurde wie bei der Gewebeprobe mit einem Stabmagneten entfernt. Zur gemahlene Probensubstanz wurden 500 µl Lysis-Solution RL gegeben und die Probe anschließend bei Raumtemperatur 30 Minuten inkubiert. Befanden sich nach der Inkubation noch sichtbar feste Bestandteile in den Röhrchen, wurde Proteinase K zugesetzt und das Ganze noch einmal inkubiert. Ab hier entspricht das Verfahren dem der Gewebeproben.

Anschließend wurde die Konzentration der DNA in den Proben bestimmt. Dazu wurden verschiedene Methoden gewählt. Die ersten Messungen wurden aufgrund der großen Probenanzahl mittels Real-Time PCR durchgeführt. Da die anschließenden Probenmengen pro Bearbeitungszyklus geringer ausfielen, wurden die Messungen jeweils mithilfe des Spektralphotometers ausgeführt. Die Messmethode durch das Fluorometer wurde gegen Ende der Arbeiten an dieser Dissertation im Labor etabliert.

Zur Vorbereitung der Messung mittels einer Real-Time PCR wurde ein Mastermix mit Hirsch-DNA hergestellt. Die Volumina der Bestandteile des Primermix Cervus und der Cervus Sondenlösung wurden auf Basis der Konzentrationen der einzelnen Komponenten für die gewünschten Zielkonzentrationen berechnet.

Bei dem Primermix Cervus wurde eine Zielkonzentration von 20 µM angestrebt. Er setzte sich aus den Primern Cervus F, Cervus R und 1 x TE-Puffer zusammen. Die Cervus Sondenlösung wurde für eine Konzentration von 10 µM angesetzt und bestand aus den Komponenten Cervus S und 1 x TE-Puffer. Die Sequenzen der Primer und der Sonde sind in Tab. 3 nachzulesen.

Cervus-Mastermix: 0,5 µl Primermix Cervus (20 µM)
 1,0 µl Cervus S (10 µM)
 8,5 µl Reinstwasser
 12,5 µl 2 x ABsolute Blue QPCR Rox Mix

Tab. 3: Primer und Sonde für die Real-Time PCR

Bezeichnung	Sequenz 5'-3'
CervusF	CATCAAAGGTTACAAAAGCAAAGC
CervusR	CATCACCTGAGAGATTATTTTGAACAG
CervusS	TCTTTTGGCACTGCCTCGATCAGTCA

Zu 22,5 µl des Cervus-Mastermix wurden 2,5 µl der Proben-DNA pipettiert. Die Platten für die Real-Time Quantitative PCR (qPCR) wurden mit einer qPCR-Plattendichtung luftdicht verschlossen. Bei der Bearbeitung der Proben wurde die Lichtempfindlichkeit der Sonde beachtet. Das *7300 Real-Time PCR System* maß anschließend die DNA-Konzentration der Proben, die im Anschluss auf den Probenröhrchen notiert wurden.

Die für diese Arbeit ermittelte optimale DNA-Konzentration der Standardprobe lag bei 1 ng/µl und einem C_t -Wert von 24. Die DNA-Konzentration einer Probe wurde aus deren C_t -Wert und dem der Standardprobe unter Verwendung folgender Formel bestimmt:

$$C_p = C_s * 2^{(C_{t_{standard}} - C_{t_{probe}})}$$

mit: C_p = DNA-Konzentration der Probe
 C_s = DNA-Konzentration der Standardprobe; hier 1 ng/µl
 C_t = cycle treshold (deutsch: Schwellenwertzyklus) der Standardprobe und der getesteten Probe

Ist der $C_{t_{probe}} = 18$, so ergibt sich eine DNA-Konzentration der Probe von

$$C_p = 1 \text{ ng}/\mu\text{l} * 2^{(24-18)} = 1 \text{ ng}/\mu\text{l} * 2^6 = 64 \text{ ng}/\mu\text{l}.$$

Das *NanoDrop™ Spektralphotometer* maß die DNA-Konzentration photometrisch. Der Messarm des Spektralphotometers wurde geöffnet und eine 1,5 µl große Probe der DNA-Lösung vorsichtig auf die untere Messungsoberfläche des Gerätes pipettiert.

Anschließend wurde der Messarm geschlossen und mit der *NanoDrop™ 2000/2000c Software* des angeschlossenen Computers eine Spektralmessung eingeleitet. Die Flüssigkeitssäule zwischen oberem und unterem Probenteller wurde automatisch erzeugt. Nach dem Ende der Messung wurde der Messarm wieder geöffnet und sowohl der untere als auch der obere Messplatz gereinigt.

Die Anweisungen können in der Kurzanleitung des *NanoDrop™ 2000/2000c Spektralphotometers* von THERMO SCIENTIFIC nachgelesen werden.

Die in der Software angezeigte DNA-Konzentration wurde auf den Probenröhrchen notiert.

Für die photometrische Messung von DNA mit dem *Qubit™ Flex Fluorometer* wurden für diese Arbeit die Maßeinheit ng/µl und ein Messbereich von 1-500 ng/µl eingestellt sowie das Feld mit dsDNA Broad Range (BR) ausgewählt. Das Fluorometer berechnete die benötigte Menge des Farbstoffes *Qubit™ dsDNA BR Reagent* und des Puffers *Qubit™ dsDNA BR Puffer*, welche anschließend mit 2 µl der Proben-DNA-Lösung in das *Qubit™ Flex Assay Reservoir* pipettiert wurden.

Weitere Anweisungen sind dem Handbuch zum *Qubit™ Flex Fluorometer* von THERMOFISHER SCIENTIFIC zu entnehmen.

Die DNA-Konzentrationen wurden zum Schluss auf den Probenröhrchen notiert.

Die DNA-Proben wurden nach der Konzentrationsmessung für die Bearbeitung durch den Kapillarsequenzierer auf 1 ng/µl verdünnt und bis zur weiteren Verwendung bei -20 °C gelagert.

3.2.3 Etablierung der Mikrosatelliten Multiplex-PCRs

Für die genetische Auswertung des Probenmaterials wurden 26 Primerpaare getestet. Tab. A 24 in Anhang 9.4 bietet einen Überblick, aus welchen Quellen die jeweiligen Mikrosatelliten und ihre zugehörigen Primer ausgewählt wurden.

Die DNA-Sequenzeinträge der Mikrosatelliten wurden aus der Datenbank des NCBI entnommen. Anhand dieser Sequenzeinträge wurden anschließend mithilfe von *Primer3* PCR-Primer für jeden einzelnen Mikrosatelliten entworfen. Die Spezifität der Primer wurde dann mit dem Online-Tool *Primer-BLAST* (englisch: basic local alignment search

tool) durch Vergleich mit sämtlichen Einträgen in der NCBI-Datenbank getestet. Diese wurden danach mit den aus der Literatur entnommenen Primersequenzen verglichen. Die Sequenzen der Vorwärts- und Rückwärtsprimer des Mikrosatelliten DAM17a stammen aus einer persönlichen Korrespondenz mit Frau Dr. agr. Reißmann (Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät).

Die Primer jedes Mikrosatelliten in dieser Arbeit wurden in einem Vorversuch mittels Gelelektrophorese auf das Vorhandensein von Banden getestet. Der Mikrosatellit oMHC1 wurde aus der Auswertung genommen, da die Amplifikation trotz Modifikation der Primer in den Vorversuchen fehlschlug.

Für die Identifizierung einer Annealingtemperatur, die für alle 25 eingesetzten Primer verwendet werden konnte, wurden anschließend Versuche bei Temperaturen zwischen 56 °C und 60 °C durchgeführt. Eine Annealingtemperatur von 59 °C wurde dabei als Zielwert identifiziert, da bei dieser Temperatur PCR-Produkte in ausreichender Menge und Qualität generiert wurden.

Die Primer wurden daraufhin bei Bedarf neugestaltet, um der ermittelten Annealingtemperatur zu entsprechen. Eine Übersicht der schlussendlich verwendeten Primersequenzen findet sich in Tab. 4.

Tab. 4: Vorwärts- und Rückwärtssequenzen der Primer der verwendeten Mikrosatelliten

Mikrosatellit	Sequenz Vorwärtsprimer	Sequenz Rückwärtsprimer
AF5	AAGCAATGGAGGCAAAGTGT	CTGGAGGTCCAGTGCGCTAGA
BM4505	CGAGGTGAATTCATCTTCA	CTTCTGGGTGCCTTTGATTT
BM6438	TTGTGCATGGTTTAGGCTCA	TCTGCTGCTTCTCCTGCTT
BM6444	CTGCCGCACCCTATTAGTCT	CCTTAGCAATGGGAATACCG
BTJAB1	GGAGGAGGCTTACAGCAGAA	ACAGGGGCTCAGTGTGAAAT
CDU92064	TGTTGACGTTTGTAAGCATTGA	CCACAGAGGTAAGCAGGGTTT
CSSM014	GAGCCGTTGAAAATGGATAA	CTGAGGGGTCAGGTGCATC
ETH2	AAAAGCAGGGGTTGCAGATT	GGGACCTGTGATCTCTTCCA
HAUT27	CAACTTTTCAGGTGATTTTGACC	TCTGATAACTGCTGAAATCTCCA
ILSTS30	GACAACAGGGGTTGGACTG	GCAGCTCTGCATATGTGGATT
MAF70	CTTTGCAGACAGACCACTGC	CTGAGAAGGAAATGGCAAC
McM58	TTAACCCTTCCCCAGAAGT	AGAGGAGCAGTCCCAGACT
NVHRT21	TGAGGAAATCCAATTGAAACG	GAGCGGGGAAATCATTACAT
NVHRT73	ATTGGCTTGTGGACCATCAC	TACCGAAATGCAGAATGGTG
OarCP26	ATATTGACGGCTGGGTTCC	TGCCAAAGCAAAAGTAGAGA
OarFCB48	TCACAAAGAACCAGACGTGACT	TTGGTGTCTCATAGTTCCTGA

Mikrosatellit	Sequenz Vorwärtsprimer	Sequenz Rückwärtsprimer
RT23	CCTTAACATCACCCAGTG	ATGCAGAAACCTGCCAAAGT
RT27	ACTAACCAGCCAACCCACAG	AACCAAAGACCAGCAGATG
RT30	AACATGCTCCACTTGGCTTT	TCCCATGAGCAGAAGATGTG
RT6	CACTGGTGCAACAAGACTG	C'TTGCTGGGAGAGTGATTTC
RT9	CACTTTCATCCACATGCAC	GCTCAGGGATCAGACTCAGG
SR-CRSP-1	AGAAGTTTTTCCCGAGCCTAA	CCCGGTTTCACAAAAGGTAG
TGLA127	TGACTTTTTCCAGTCCTGTGG	TATTGCAAAGGACCCCAAT
VH110	TTCTTCTCCTCATCCTCCAG	GGCAGGCTACTGTTTCAGAGG
DAM17a	CAAGAACGAAGGAAAAGCAG	CAAGTTGGTTAGTACATTCTATG

Es wurde die optimale Zyklenzahl für eine DNA-Konzentration von 1 ng/µl gefunden und verschiedene Primerkombinationen getestet. Die Verwendung von Multiplexansätzen reduzierte dabei die Anzahl der notwendigen PCR-Reaktionen und den Materialaufwand. Im Rahmen der Gruppenauswahl wurde dabei auf die in der Literatur angegebenen Allellängen (102 bis 264 bp, Tab. 5) und etwaige Primer-Dimere geachtet. Mit dem Online-Tool *Multiple Primer Analyzer* wurden hierfür die Gruppen auf Primer-Dimere getestet und die verschiedenen Multiplexansätze erstellt.

Synthetisiert wurden alle Primer von der Firma biomers. Dabei wurden die Forward-Primer am 5'-Ende mit den Fluoreszenzfarbstoffen 6-FAM, HEX oder Atto550 markiert.

Die Primer wurden als Lösung geliefert und bei -20 °C gelagert.

Tab. 5: Erwartete Allellängen der Mikrosatelliten auf Grundlage der Literaturquellen

Mikrosatellit	Allellänge (bp)	Literaturquelle
AF5	Keine Angaben	REISMANN et al. (2010)
BM4505	252-264	BAKER et al. (2017)
BM6438	Keine Angaben	REISMANN et al. (2010)
BM6444	116-120	SCANDURA (2004)
BTJAB1	Keine Angaben	REISMANN et al. (2010)
CDU92064	Keine Angaben	REISMANN et al. (2010)
CSSM014	136-152	SCANDURA (2004)
	142-154	BAKER et al. (2017)
DAM17a	Keine Angaben	REISMANN et al. (2010)
ETH2	184-198	SCANDURA (2004)
	175-199	BAKER et al. (2017)
HAUT27	136-146	BAKER et al. (2017)
ILSTS30	143-149	BAKER et al. (2017)
MAF70	110-126	BAKER et al. (2017)

Mikrosatellit	Allellänge (bp)	Literaturquelle
McM58	Keine Angaben	REISMANN et al. (2010)
NVHRT21	171-173	POETSCH et al. (2001)
	173-179	SCANDURA (2004)
	170-180	BAKER et al. (2017)
NVHRT73	170-172	POETSCH et al. (2001)
OarCP26	138-146	SCANDURA (2004)
OarFCB48	152-167	SCANDURA (2004)
	153-169	BAKER et al. (2017)
RT23	147-153	POETSCH et al. (2001)
RT27	140-146	POETSCH et al. (2001)
RT30	197-201	POETSCH et al. (2001)
	196-200	SCANDURA (2004)
	143-205	BAKER et al. (2017)
RT6	107-115	POETSCH et al. (2001)
RT9	102-116	POETSCH et al. (2001)
SR-CRSP-1	136-140	SCANDURA (2004)
TGLA127	160-176	BAKER et al. (2017)
VH110	Keine Angaben	REISMANN et al. (2010)

Die tiefgefrorenen Primer wurden aufgetaut und je 5 µl dieser in 2 ml Reaktionsgefäße pipettiert. Die Primertubes wurden während der Vorbereitung und Messung kühl gelagert.

Die Konzentrationsmessung wurde mit dem Photometer *Ultrospec 1100 pro* durchgeführt.

Hier wurde zunächst der Leerwert ermittelt, indem 400 µl 1x TE-Puffer in die Küvette mit der Schichtdicke 10 mm pipettiert wurden. Nach erfolgter Leerwertmessung wurde die Küvette geleert und mit Reinstwasser gespült. Es wurden 395 µl 1x TE zu den 5 µl Primerlösung pipettiert. Die Flüssigkeiten wurden gut gemischt und anschließend 400 µl in die Messküvette pipettiert. Die Messergebnisse wurden notiert.

Die Küvette wurde nach jeder Messung mit Reinstwasser gespült.

Anschließend wurde mithilfe des Lambert-Beerschen Gesetzes die Primerkonzentration berechnet.

$$E = e * c * d$$

Aufgelöst nach der Primerkonzentration c :

$$c = \frac{E}{e * d}$$

Unter Berücksichtigung des Verdünnungsfaktors VF :

$$c = \frac{E}{e * d} * VF$$

mit: E = Extinktion bei 260 nm
 e = Extinktionskoeffizient
 c = Primerkonzentration
 d = Schichtdicke
 VF = Verdünnungsfaktor

Die Schichtdicke d der Küvette betrug 1 cm und der Verdünnungsfaktor VF 80 (5 μ l Primerlösung auf 400 μ l 1x TE).

Der Extinktionskoeffizient e von Oligonukleotiden ist abhängig von der Basenzusammensetzung und errechnet sich nach folgender Formel:

$$e = (15200 * \#A) + (7050 * \#C) + (12010 * \#G) + (8400 * \#T)$$

mit: e = Extinktionskoeffizient
 $\#A$ = Anzahl der Adenin-Basen
 $\#C$ = Anzahl der Cytosin-Basen
 $\#G$ = Anzahl der Guanin-Basen
 $\#T$ = Anzahl der Thymin-Basen

Die errechnete DNA-Konzentration wurde in μ M auf den Primertubes notiert.

Für die Herstellung von 100 μ l Primerlösung (20 μ M) wurden in 0,5 ml Reaktionsgefäße 1x TE-Puffer sowie Vorwärts- und Rückwärtsprimer pipettiert. Alle Primer-Lösungen wurden bei -20 °C aufbewahrt.

Die 25 verwendeten Primer wurden in vier Multiplexansätzen zusammengefasst.

Die Markierungen der Primer mit den Farbstoffen sowie die genauen Volumina der Zusammensetzung zur Herstellung von je 800 µl Multiplex-Primerlösung (0,4 µM) sind in Tab. 6 aufgeführt.

Tab. 6: Farbmarkierungen der Primer und Herstellung von 800 µl Multiplex-Primerlösung Endkonzentration pro Primerlösung: 0,4 µM

Multiplex-Ansatz	Mikrosatellit	Farbstoff	Volumen Primerlösung (20 µM) in µl	Volumen H ₂ O in µl
1	ETH2	6-FAM	40	480
	RT27	6-FAM	40	
	McM58	6-FAM	40	
	CDU92064	6-FAM	40	
	NVHRT73	HEX	40	
	CSSM014	HEX	40	
	RT9	Atto550	40	
RT30	Atto550	40	480	
2	BM6444	6-FAM		40
	RT6	6-FAM		40
	BM6438	6-FAM		40
	ILSTS30	HEX		40
	AF5	HEX		40
	BM4505	HEX		40
	OarFCB48	Atto550	40	
HAUT27	Atto550	40	560	
3	TGLA127	6-FAM		40
	VH110	6-FAM		40
	BTJAB1	6-FAM		40
	NVHRT21	6-FAM		40
	DAM17a	HEX		40
	OarCP26	HEX	40	680
4	RT23	6-FAM	40	
	SR-CRSP-1	HEX	40	
	MAF70	HEX	40	

Für die PCRs wurde das Multiplex Mastermix Kit verwendet. Der PCR-Ansatz setzte sich für ein Gesamtvolumen von 10 µl wie folgt zusammen:

- 5,0 µl 2 x Qiagen Multiplex PCR Master Mix
- 4,0 µl Multiplex-Primerlösung (je 0,4 µM pro Primerlösung)
- 1,0 µl Proben-DNA-Lösung (1 ng/µl)

Der sogenannte Mastermix beinhaltet dabei die hitzestabile DNA-Polymerase, alle vier Desoxynukleotidtriphosphate, den Reaktionspuffer und Magnesiumchlorid.

Um Kreuzkontaminationen zu vermeiden, wurden zuerst der Mastermix und die Primerlösung in ein 0,2 ml Reaktionsgefäß pipettiert. Anschließend wurde unter einer Werkbank die Proben-DNA-Lösung hinzugefügt.

Das Reaktionsgefäß wurde verschlossen und die Lösungen durch Schütteln gemischt.

Die Temperaturen und die Dauer der einzelnen Phasen der PCR sind Tab. 7 zu entnehmen.

Tab. 7: Programm der Proben-PCR

Phase	Temperatur	Dauer
Initiale Denaturierung und Polymerase Aktivierung	95 °C	15 min
Denaturierung*	95 °C	30 s
Annealing*	59 °C	90 s
Extension*	72 °C	60 s
Finale Extension	72 °C	30 min
Kühlung	4 °C	

*Diese Schritte werden 25mal wiederholt.

Nach erfolgter PCR wurden die Reaktionsgefäße bis zur weiteren Verwendung bei -20 °C gelagert.

3.2.4 Kapillarsequenzierung

Der Vorgang der Kapillarsequenzierung basiert auf dem Prinzip der Elektrophorese. Dabei werden elektrisch geladene Moleküle wie DNA oder Proteine mithilfe eines angelegten elektrischen Feldes getrennt.

Die Wanderungsgeschwindigkeit hängt im Wesentlichen davon ab, wie viel Ladung ein Molekül trägt: Je größer die Ladung, desto höher ist die Wanderungsgeschwindigkeit. Auch die Wahl des Trägermaterials spielt eine Rolle: Je stärker das Molekül mit dem Trägermaterial interagiert, desto langsamer ist die Wanderungsgeschwindigkeit.

DNA ist aufgrund der Phosphatgruppen negativ geladen und die Ladung ist dabei proportional zur Länge des Moleküls. Durch diesen Mechanismus werden die DNA-Moleküle bei der Elektrophorese der Länge nach aufgetrennt (SCHMIDT, 2017).

Bei der Kapillarelektrophorese findet diese Sequenzierung in einem dünnen Kapillarrohr statt. Die mit einer Elektrolytlösung und einem Fertigpolymer (POP® = Performance Optimised Polymer) gefüllte Kapillare befindet sich an beiden Enden in ebenfalls mit der Elektrolytlösung gefüllten Gefäßen. Über diese Kapillare wird die notwendige Hochspannung von 15.000 Volt angelegt. Die mit Fluoreszenzfarbstoff markierten Fragmente (hier: die Primer) wandern in dem Fertigpolymer innerhalb der Kapillare und werden durch die Anregung der Farbstoffe mittels eines fokussierten Argon-Lasers detektiert. Die Auswertung der Emission nach spektraler Aufspaltung über einem Beugungsgitter erfolgt mithilfe einer hochauflösenden CCD-Kamera. Dabei ist die Detektion und Unterscheidung von bis zu fünf verschiedenen Fluoreszenzfarbstoffen möglich.

Durch die Kapillarsequenzierung wurden die DNA-Fragmente nach der Anzahl ihrer Basenpaare, also ihrer Länge nach, aufgeschlüsselt.

Zur Vorbereitung der Kapillarsequenzierung wurde 1 µl des PCR-Produktes in ein 0,5 ml Reaktionsgefäß mit 12 µl Formamid und 0,375 µl Orange DNA Size Standard pipettiert. Anschließend wurde alles im Wasserbad bei 94 °C für drei Minuten erhitzt. Sofort danach wurden die Proben für vier Minuten in einem Eisbad abgekühlt, um eine Renaturierung der beiden DNA-Stränge zu verhindern.

Die Reaktionsgefäße wurden anschließend in den *Kapillarsequenzierer ABI Prism 310 Genetic Analyzer* eingesetzt und die zugehörige Software *310 Data collection* gestartet. Die Daten wurden anschließend für die weitere Auswertung gespeichert.

3.2.5 Auswertungen und Berechnungen

Die Auswertung der Gelbilder aus dem Kapillarsequenzierer erfolgte mithilfe der *Peak Scanner™ Software v1.0*.

Mit dem Excel-AddIn *MS Datenaufbereitung* wurde vor den weiteren Berechnungen ein Allelbinning durchgeführt.

Die Allelanzahlen der einzelnen Proben in den untersuchten Populationen sowie das Vorkommen und die Frequenz von seltenen Allelen wurde mithilfe des Excel-Add-Ins *GenAlEx* analysiert.

Die Open Source Software *R* besteht aus diversen Paketen und Funktionen, welche bei statistischen Berechnungen und der Erstellung von Grafiken Verwendung finden.

Mit dem Paket *PopGenReport v3.0.4* und der Funktion *null.all* wurde das Vorkommen bzw. die Häufigkeit von Nullallelen ermittelt. Auf Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht wurde mittels des Pakets *pegas v0.12* und der Funktion *hw.test* getestet.

Private Allele, eine Distanz zur Erstellung eines Stammbaums sowie die AMOVA wurden mit dem Paket *poppr v2.8.3* bestimmt.

Die Berechnung der populationsgenetischen Parameter wie die mittlere Allelzahl, die beobachtete und die erwartete Heterozygotie, der Inzuchtkoeffizient sowie die Parameter der Populationsdifferenzierung, wurden mithilfe der im Paket *diveRsity v.1.9.90* implementierten Funktion *divBasic* berechnet.

Für die Erstellung einer DAPC wurde das Paket *adegenet v2.0.1* verwendet.

Mithilfe der Evanno-Methode (EVANNO et al., 2005), angewendet im Paket *pophelper 2.3.1* der *R*-Software, wurde die optimale Anzahl der Cluster *K* bestimmt.

Für jedes Cluster *K* wurden zehn individuelle Durchläufe mit 100.000 burnin und 200.000 MCMC-Wiederholungen mit der Software *Structure 2.3.4* für die weitere Clusteranalyse durchgeführt.

Berechnungen zur effektiven Populationsgröße und der jährlichen Inzuchtzunahme wurden mit dem Programm *NeEstimator 2.1* angestellt.

Die grafischen Darstellungen wurden mithilfe der Microsoft Office Programme *Excel*, *PowerPoint* und *Word*, der Software *R* sowie des Programms *Inkscape 1.2.2* erstellt und gegebenenfalls modifiziert.

4 Ergebnisse

4.1 Qualität der Proben

Die Proben Ed-032, Ed-033, Eu-054 und Sb-037 wurden von der weiteren Bewertung ausgeschlossen. Sie erzeugten trotz ausreichend guter DNA-Qualität auch bei erneuter PCR mit einer DNA-Konzentration von 5 ng/μl in allen vier Multiplex-Ansätzen keine auswertbaren Peaks. Mit den verbleibenden 246 Proben wurden die weiteren Berechnungen durchgeführt.

In der Population Eulbach traten identische Multilokus-Genotypen (MLGs) auf.

Zu den identischen Multilokus-Genotypen gehören:

- Eu-006, Eu-018, Eu-057 und Eu-060,
- Eu-022, Eu-023, Eu-059 und Eu-065,
- Eu-014, Eu-020 und Eu-062,
- Eu-021, Eu-058 und Eu-068,
- Eu-011 und Eu-012,
- Eu-015 und Eu-019,
- Eu-017 und Eu-030,
- Eu-016 und Eu-061,
- Eu-024 und Eu-067,
- Eu-052 und Eu-063 sowie
- Eu-055 und Eu-070.

Um distinkte MLGs zu erhalten, entfielen mit Eu-012, Eu-018, Eu-019, Eu-020, Eu-023, Eu-030, Eu-057, Eu-058, Eu-059, Eu-060, Eu-061, Eu-062, Eu-063, Eu-065, Eu-067, Eu-068 und Eu-070 insgesamt 17 Proben aus den weiteren Berechnungen.

Es wurden damit 50 Proben aus der Quelle Edersee, 53 Proben aus dem Englischen Garten Eulbach, 78 Proben aus dem Tierpark Sababurg und 48 Proben aus der anonymisierten Population bearbeitet.

Letztlich wurden die folgenden Berechnungen mit 229 Proben durchgeführt.

4.2 Qualität der Mikrosatelliten

Der Mikrosatellit RT23 wurde aufgrund nicht auswertbarer Peaks aus der Auswertung mit dem Peak Scanner ausgeschlossen.

246 Proben (229 Proben nach Ausschluss der MLGs) wurden mit insgesamt 24 Mikrosatelliten getestet und ausgewertet.

Nach der ersten Auswertung wurde der Mikrosatelliten RT9 von den weiteren Berechnungen ausgenommen, da er über alle Populationen hinweg monomorph und damit nicht informativ war.

Folgende Mikrosatelliten traten in den jeweiligen Populationen monomorph auf:

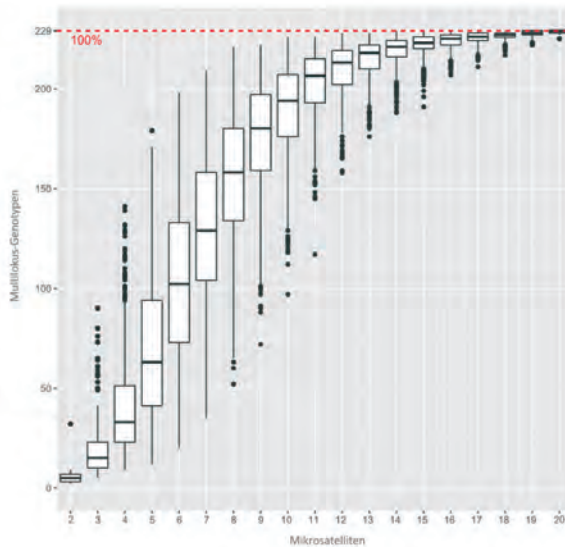
- In der Population Edersee die Mikrosatelliten CDU92064, BM6444, OarFCB48, BTJAB1, DAM17a und OarCP26,
- in der Population Eulbach die Mikrosatelliten BM6444 und OarFCB48,
- in der Population Sababurg die Mikrosatelliten CDU92064, NVHRT73, OarFCB48 BTJAB1 und OarCP26 sowie
- in der anonymisierten Population die Mikrosatelliten RT27, BM6444, RT6, HAUT27, BTJAB1, SR-CRSP-1 und MAF70.

Es wurden dabei alle Mikrosatelliten ausgeschlossen, die in mindestens drei der vier Populationen monomorph auftraten. Nach dem Ausschluss der Mikrosatelliten BM6444, OarFCB48 und BTJAB1 verblieben noch insgesamt 20 Marker, mit denen die weiteren Berechnungen durchgeführt wurden.

Der Test auf das Vorliegen einer Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht wurde bei einem Signifikanzniveau $\alpha = 0,05$ durchgeführt. Bei der Durchführung mit allen Proben in einer theoretischen Gesamtpopulation zeigten sich die Mikrosatelliten RT27, CSSM014, BM6438, AF5, TGLA127, SR-CRSP-1 und MAF70 mit statistisch signifikanten Werten (Tab. A 6, Anhang 9.4). In der Population Sababurg wurden bei den Mikrosatelliten RT27, RT30, TGLA127, NVHRT21 und MAF70 statistisch signifikante Werte festgestellt (Tab. A 9, Anhang 9.4). In den restlichen Populationen wurden keine Abweichungen vom HWG entdeckt (Tab. A 7, Tab. A 8 und Tab. A 10, Anhang 9.4). Da die Abweichungen vom HWG über alle Populationen gering ausfielen, wurde kein zusätzlicher Mikrosatellit von den weiteren Analysen ausgeschlossen.

Da der Anteil fehlender Allele bei unter 5 % (0,0437) lag, wurden die Nullallelfrequenzen nach BROOKFIELD (1996) berechnet. Wenn das 95 % Konfidenzintervall (KI) den Zahlenwert Null enthält, weicht die Nullallelfrequenz an diesem Locus nicht signifikant von Null ab. Die Populationen Edersee, Eulbach sowie die anonymisierte Population enthielten keine Nullallele (Tab. A 11, Tab. A 12 und Tab. A 14, Anhang 9.4). In der Population Sababurg wurden im Rahmen der Berechnungen bei fünf Mikrosatelliten Nullallele festgestellt (Tab. A 13, Anhang 9.4): RT27 mit einer Frequenz von 0,28, RT30 mit einer Frequenz von 0,135, TGLA127 mit einer Frequenz von 0,147, NVHRT21 mit einer Frequenz von 0,074 und MAF70 mit einer Frequenz von 0,149. Da drei der vier Populationen keine Mikrosatelliten mit erhöhten Nullallelfrequenzen aufzeigten, wurden alle Mikrosatelliten in die weiteren Analysen einbezogen.

Die Genotyp-Akkumulationskurve zeigte, dass 19-20 Mikrosatelliten nötig waren, um > 99 % der Multilokus-Genotypen zu unterscheiden (Abb. 10).



*Abb. 10: Genotyp-Akkumulationskurve
Die rote Linie repräsentiert 100 % der beobachteten Multilokus-Genotypen.*

4.3 Populationsgenetische Ergebnisse der untersuchten Populationen

4.3.1 Private Allele

Im Rahmen der Überprüfung auf private Allele wies die Population Edersee fünf private Allele in vier Mikrosatelliten auf, die Population Eulbach sieben private Allele in ebenfalls vier Mikrosatelliten und die Population Sababurg drei private Allele in zwei Mikrosatelliten. In der anonymisierten Population trat lediglich ein privates Allel in einem Mikrosatelliten auf. Eine Übersicht über die privaten Allele pro Locus und Population ist der Tab. 8 zu entnehmen.

Tab. 8: Private Allele pro Locus und Population der untersuchten hessischen Populationen

Population	Mikrosatellit	Allellänge (bp)
Edersee	NVHRT21	204
		206
	NVHRT73	205
	RT27	215
	RT30	244
Eulbach	NVHRT21	194
		216
		220
	ETH2	190
		201
	RT27	208
BM6438	268	
Sababurg	NVHRT21	202
		226
	TGLA127	98
Anonym	McM58	232

4.3.2 Populationsgenetische Parameter

Als der Mikrosatellit mit der höchsten Allelanzahl stellt sich NVHRT21 mit neun Allelen in der Population Eulbach dar. In der Population Edersee und in der Population Sababurg trat er mit acht Allelen auf sowie in der anonymisierten Population mit einer Allelanzahl von sechs. Die zweithöchste Allelanzahl von vier Allelen erreichten die Mikrosatelliten AF5, CSSM014, ETH2, McM58, RT27 und TGLA127.

Tab. 9 zeigt die Anzahl der Allele, die sich daraus maximal ergebenden möglichen Kombinationen der Genotypen und die Anzahl der gefundenen Genotypen zusammengefasst über alle untersuchten Populationen hinweg. Der Mikrosatellit NVHRT21 lag dabei mit einer Allelanzahl von 14 weit über dem Durchschnitt von 3,55. Es wurden bei diesem Mikrosatelliten mit nur 32 Genotypen, also rund 31 %, die geringste Anzahl der möglichen Genotypen gefunden.

Tab. 9: Anzahl der Allele, die sich daraus maximal ergebenden möglichen Kombinationen der Genotypen und die Anzahl der gefundenen Genotypen zusammengefasst über alle untersuchten Populationen hinweg

Mikrosatellit	Allelanzahl	Anzahl Genotypen	
		Maximal möglich	Gefunden (%)
AF5	4	10	9 (90 %)
BM4505	3	6	5 (83 %)
BM6438	3	6	6 (100 %)
CDU92064	2	3	3 (100 %)
CSSM014	4	10	8 (80 %)
DAM17a	2	3	2 (67 %)
ETH2	4	10	5 (50 %)
HAUT27	2	3	3 (100 %)
ILSTS30	2	3	3 (100 %)
MAF70	3	6	5 (83 %)
McM58	4	10	7 (70 %)
NVHRT21	14	105	32 (31 %)
NVHRT73	3	6	4 (67 %)
OarCP26	2	3	3 (100 %)
RT27	4	10	8 (80 %)
RT30	3	6	5 (83 %)
RT6	3	6	4 (67 %)
SR-CRSP-1	2	3	3 (100 %)
TGLA127	4	10	7 (70 %)
VH110	3	6	6 (100 %)

Die Population Edersee erreichte eine Probenanzahl N von 50, die Population Eulbach von 53, die Population Sababurg von 78 und die anonymisierte Population von 48. Zu beachten ist, dass der Mikrosatellit BM6438 in der Population Eulbach lediglich in 52 Proben auftrat. Ebenso verhielt es sich mit dem Mikrosatelliten BM4505 in der Population Sababurg, welcher in 77 der 78 Proben vorkam.

Insgesamt erreichte die Population Edersee eine Allelzahl N_A von 51 Allelen, ebenso wie die Population Sababurg. In der Population Eulbach wurden 60 Allele gefunden und in der anonymisierten Population 46 Allele.

Die durchschnittliche Allelzahl pro Mikrosatellit N_a der Population Edersee lag bei 2,5 ($\pm 1,5$), die der Population Edersee bei 3 ($\pm 1,56$), in der Population Sababurg lag sie bei 2,5 ($\pm 1,5$) und in der anonymisierten Population bei 2,3 ($\pm 1,3$).

Die Population Edersee wies dabei nach den monomorphen Mikrosatelliten CDU92064, DAM17a und OarCP26 zwischen zwei und acht Allelen pro Mikrosatellit auf.

In der Population Eulbach lag die Allelzahl im Bereich von zwei bis neun Allelen pro Mikrosatellit.

Die Population Sababurg trat mit Ausnahme der monomorphen Mikrosatelliten CDU92064, NVHRT73 und OarCP26 mit einer Allelzahl von zwei bis acht Allelen pro Mikrosatellit.

In der anonymisierten Population variierte die Allelzahl, exklusive der monomorphen Mikrosatelliten RT27, RT6, HAUT27, SR-CRSP-1 und MAF70, von zwei bis sechs Allelen pro Mikrosatellit. Allen untersuchten Populationen gemein war der Mikrosatellit NVHRT21 mit der jeweils höchsten Allelzahl.

Der durchschnittliche Allelreichtum A_r kam in der Population Edersee mit einem Wert von 2,51 ($\pm 1,43$), in der Population Eulbach mit 2,81 ($\pm 1,33$), in der Population Sababurg mit 2,38 ($\pm 1,18$) und in der anonymisierten Population mit 2,21 ($\pm 1,17$) vor.

Die beobachtete Heterozygotie H_o erreichte mittlere Werte von 0,34 ($\pm 0,24$) in der Population Edersee, 0,38 ($\pm 0,24$) in der Population Eulbach, 0,22 ($\pm 0,18$) in der Population Sababurg und 0,24 ($\pm 0,23$) in der anonymisierten Population.

Der Durchschnitt der Werte der erwarteten Heterozygotie H_E lag in der Population Edersee bei 0,34 ($\pm 0,22$), in der Population Eulbach bei 0,36 ($\pm 0,22$), in der Population Sababurg bei 0,28 ($\pm 0,22$) und in der anonymisierten Population bei 0,23 ($\pm 0,22$).

Der Inzuchtkoeffizient F_{IS} der Population Edersee variierte von -0,175 bis 0,184. Die F_{IS} -Werte der Mikrosatelliten NVHRT73, CSSM014 und BM4505 waren signifikant (s) von Null verschieden.

In der Population Eulbach reichten die Werte von -0,262 bis 0,206. Hier waren die F_{IS} -Werte der Mikrosatelliten ETH2, RT27, CDU92064, NVHRT73, RT30, DAM17a, OarCP26 und MAF70 signifikant von Null verschieden.

Die F_{IS} -Werte der Population Sababurg lagen in einem Bereich von -0,101 bis 0,712. In dieser stellten sich die F_{IS} -Werte der Mikrosatelliten ETH2, RT27, RT30, TGLA127, NVHRT21, DAM17a und MAF70 als signifikant von Null verschieden dar.

In der anonymisierten Population reichten die F_{IS} -Werte von -0,179 bis 0,316. Die F_{IS} -Werte der Mikrosatelliten ETH2, McM58, TGLA127, VH110 und DAM17a waren in dieser Population signifikant von Null verschieden.

Der F_{IS} -Wert der Population Edersee lag bei -0,01 und war nicht signifikant (ns) von Null verschieden. Die Population Eulbach zeigte einen F_{IS} -Wert von -0,06, welcher signifikant von Null verschieden war. Der F_{IS} -Wert der Population Sababurg lag bei 0,23 und war ebenfalls signifikant von Null verschieden. Der F_{IS} -Wert der anonymisierten Population trat mit -0,02 auf und war nicht signifikant von Null verschieden.

Die Tab. 10 zeigt eine Übersicht der populationsgenetischen Parameter der vier Populationen. Die genauen Werte, aufgeschlüsselt nach Population und Mikrosatelliten, sind Tab. A 15 bis Tab. A 18 in Anhang 9.4 zu entnehmen.

Tab. 10: Zusammenfassung der populationsgenetischen Parameter der vier untersuchten Populationen

N: Probenanzahl; N_A : Allelanzahl; N_a : durchschnittliche Allelanzahl pro Mikrosatellit; A_r : Allelreichtum; H_o : beobachtete Heterozygotie; H_E : erwartete Heterozygotie; F_{IS} : Fixationsindex; Sign. F_{IS} : Signifikanz von F_{IS} ; ns: nicht signifikant; s: signifikant

Population	N	N_A	N_a	A_r	H_o	H_E	F_{IS}	Sign. F_{IS}
Edersee	50	51	2,5	2,51	0,34	0,34	-0,01	ns
Eulbach	53	60	3	2,81	0,38	0,36	-0,06	s
Sababurg	78	51	2,5	2,38	0,22	0,28	0,23	s
Anonym	48	46	2,3	2,21	0,24	0,23	-0,02	ns
Mittelwert	57,25	52	2,58	2,48	0,30	0,30	0,04	

Die effektive Populationsgröße N_e wurde mittels des *NeEstimator 2.1* berechnet. Hierfür wurden Schätzungen von N_e mit der Kopplungsungleichgewichtsmethode mit dem Paarungssystem der zufälligen Paarung ermittelt. Die unterstrichenen N_e -Werte wurden für die Berechnung von dF verwendet. Die Ergebnisse sind in Tab. 11 dargestellt.

Tab. 11: Effektive Populationsgröße N_e (mit einem 95 % KI) mit verschiedenen Allelfrequenzthresholds berechnet mittels des NeEstimators

Die unterstrichenen Werte wurden für die Kalkulation von dF verwendet.

N : Probenanzahl; N_e : Effektive Populationsgröße; dF : Prozentsatz der jährlichen Zunahme der Inzucht

Population	N	N_e (95 % KI) mit verschiedenen Allelfrequenzthresholds				dF
		0,05	0,02	0,01	0+	
Edersee	50	25 (17-41)	25 (17-39)	<u>32 (21-53)</u>	32 (21-53)	1,56
Eulbach	70	10 (7-13)	11 (8-14)	<u>12 (10-15)</u>	14 (12-18)	4,13
Sababurg	78	3 (3-4)	4 (3-6)	<u>6 (4-8)</u>	8 (5-10)	8,93
Anonym	48	69 (30-740)	<u>49 (27-135)</u>	29 (18-51)	29 (18-51)	1,01

Darüber hinaus wurde N_e zu Vergleichszwecken anhand der demografischen Daten ermittelt, die von den Parks bereitgestellt wurden. Die demografische effektive Populationsgröße wurde dabei mittels der Formel aus Kapitel 2.2.3.15.1 für ein Harems-Paarungssystem berechnet. Um mögliche Fehler in den mitgeteilten Daten auszugleichen, wurden N_e -Werte mit einer angenommenen Fehlerrate der mitgeteilten Geschlechterverhältnisse von $\pm 30\%$ berechnet. Da aus dem Wildgatter in Eulbach lediglich Streckenlisten vorlagen, konnte hier kein Vergleich angestellt werden.

Tab. 12 zeigt die berechneten Ergebnisse.

Der Prozentsatz des jährlichen Anstiegs der Inzucht dF wurde für beide Tabellen gemäß der Formel aus Kapitel 2.2.3.16 berechnet.

Tab. 12: Die effektive Populationsgröße abgeleitet von demografischen Daten

Für jede Damwildpopulation ist der N_e -Wert auf Grundlage der durch die Parks angegebenen Geschlechterverhältnisse berechnet worden. Zusätzlich wurden verschiedene N_e -Werte mit einer angenommenen Fehlerrate der mitgeteilten Geschlechterverhältnisse von $\pm 30\%$ ermittelt.

N : Probenanzahl; N_m : Effektive Anzahl reproduktiver Männchen; N_f : Effektive Anzahl reproduktiver Weibchen; N_e : Effektive Populationsgröße; dF : Prozentsatz der jährlichen Zunahme der Inzucht

Population	Jahr	N	N_m	N_f	N_m/N_f	N_e	dF	N_e für $x * N_m/N_f$					
								x = 0,7 bis 1,3 in 0,1er Schritten					
								0,7	0,8	0,9	1,1	1,2	1,3
Edersee	2018	60	6	34	0,18	18	2,82	13	15	16	19	20	21
	2019	55	5	50	0,10	17	3,00	12	14	15	18	19	21
Sababurg	2018	51	6	34	0,18	18	2,82	13	15	16	19	20	21
	2019	48	6	24	0,25	16	3,13	12	14	15	17	18	19
	2020	48	6	24	0,25	16	3,13	12	14	15	17	18	19
Anonym	2021/22	90	14	50	0,28	36	1,39	28	31	34	38	40	42

Mit nur 46 gefundenen Allelen war die Anzahl der Allele N_A der anonymisierten Population am geringsten. In den beiden Populationen Edersee und Sababurg lag dieser Wert bei 51 und in der Population Eulbach wurden 60 Allele gefunden. Dadurch, dass pro Genort maximal zwei Allele möglich sind, ergibt sich bei 20 Mikrosatelliten ein Maximum der Allelzahl pro Tier von 40 Allelen. Die höchste Allelzahl mit 31 Allelen erreichten die beiden Proben Eu-048 und Eu-064, während die Proben Sb-039 und Sb-071 die niedrigste Allelzahl mit 19 Allelen aufwiesen. In den einzelnen Populationen traten Allelzahlen von 22 bis 29 (Population Edersee), 23 bis 31 (Population Eulbach), 19 bis 26 (Population Sababurg) und 20 bis 27 (anonymisierte Population) auf (Tab. A 19, Anhang 9.4). Im Durchschnitt wies die Population Edersee damit 25 Allele pro Tier auf. Der Homozygotiegrad der Population Edersee betrug somit ca. 37,5 % $([40 \text{ Allele} - 25 \text{ Allele}] / 40 \text{ Allele} * 100)$. In der Population Eulbach stellte sich der Homozygotiegrad mit ca. 35 % dar und in der Population Sababurg mit ca. 42,5 %, ebenso wie in der anonymisierten Population. Der Durchschnitt lag dabei in den Populationen bei 26 und 23 Allelen pro Tier.

Seltene Allele, also solche mit einer Allelfrequenz von $< 0,05$, traten bei allen Mikrosatelliten bis auf CDU92064, RT30, BM6438, ILSTS30, HAUT27 und MAF70 auf. Auf die Populationen bezogen zeigten sich 6 (12 %) seltene Allele in der Population Edersee,

14 (23 %) in der Population Eulbach, 12 (24 %) in der Population Sababurg und 8 (17 %) in der anonymisierten Population (Tab. A 20, Anhang 9.4).

4.3.3 Populationsdifferenzierung

Ausgenommen *Jost's D* zeigten sich die Populationsvergleiche in den restlichen Werten in derselben aufsteigenden Reihenfolge, beginnend mit den kleinsten Werten im Vergleich der Populationen Edersee und Eulbach. Bei F_{ST} war dies der Wert 0,14, bei G_{ST} 0,08, bei G'_{ST} 0,16 und bei *Theta* der Wert 0,22. Darauf folgten die Vergleiche der Populationen Eulbach und Sababurg, Edersee und Anonym, Eulbach und Anonym, Edersee und Sababurg und schließlich Sababurg und Anonym mit den höchsten Werten. Die höchsten Werte stellten sich hier wie folgt dar: $F_{ST} = 0,34$, $G_{ST} = 0,21$, $G'_{ST} = 0,35$ und *Theta* = 0,46.

Bei der Berechnung von *Jost's D* erreichte der Vergleich der Populationen Edersee und Eulbach mit 0,03 den geringsten Wert. Anschließend daran zeigten sich die Populationen Eulbach und Sababurg, Sababurg und Anonym sowie Edersee und Sababurg mit steigenden Werten. Den höchsten Wert von 0,07 erreichten die Differenzierungen zwischen den Populationen Edersee und Anonym sowie Eulbach und Anonym.

Allen Berechnungsmethoden gemein ist, dass die Werte statistisch signifikant waren.

Die genauen Werte der Berechnungen sind in Tab. 13 nachzulesen.

Tab. 13: Populationsdifferenzierungen anhand der F_{ST} -Werte (WEIR und COCKERHAM, 1984), der G_{ST} -Werte (NEI und CHESSEY, 1983), der G'_{ST} -Werte (HEDRICK, 2005), der *Theta*-Werte (WEIR und COCKERHAM, 1984) und *Jost's D* (JOST, 2008)

Populationen	F_{ST}	G_{ST}	G'_{ST}	<i>Theta</i>	<i>Jost's D</i>
Edersee vs. Eulbach	0,14	0,08	0,16	0,22	0,03
Edersee vs. Sababurg	0,26	0,15	0,28	0,37	0,06
Edersee vs. Anonym	0,23	0,13	0,24	0,33	0,07
Eulbach vs. Sababurg	0,21	0,12	0,22	0,31	0,04
Eulbach vs. Anonym	0,24	0,14	0,26	0,35	0,07
Sababurg vs. Anonym	0,34	0,21	0,35	0,46	0,05

4.3.4 Populationsstruktur

4.3.4.1 Dendrogramm

Für die Clusteranalyse wurden fünf genetische Distanzen und der kophenetische Korrelationskoeffizient zwischen Distanzmatrix und der Länge der Äste im

Dendrogramm berechnet. Den höchsten kophenetischen Korrelationskoeffizienten ($r^2 = 0,83$) zwischen Distanzmatrix und Länge der Äste im Dendrogramm ergab sich für die Distanzberechnung nach ROGERS (1972) (Abb. 11). Es ist eine Nähe zwischen den beiden Populationen Edersee und Eulbach dargestellt sowie deren Verbindung zur Population Sababurg. Die anonymisierte Population zeigte sich am weitesten entfernt von den Populationen Eulbach und Edersee.

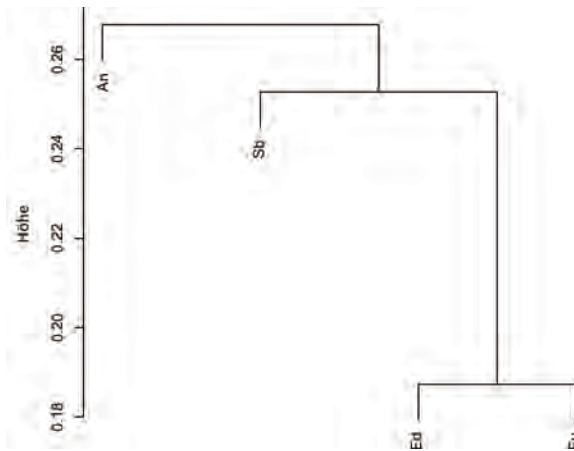


Abb. 11: Dendrogramm der vier untersuchten Populationen nach ROGERS (1972)

4.3.4.2 Diskriminanzanalyse der Hauptkomponenten

In der Diskriminanzanalyse der Hauptkomponenten sind die Gruppierungen der Populationen dargestellt. Sie wurde mit 25 Prinzipalkomponenten und einer erklärten Varianz von 95,3 % durchgeführt. Jeder Punkt in der Abb. 12 entspricht dabei einem Individuum des jeweiligen farbkodierten Clusters. Das Cluster Edersee in Grün besteht dabei aus 49 (98 %) der Individuen der Population Edersee. Das Cluster Eulbach in Hellblau setzt sich aus 52 (98,11 %) der Individuen der Population Eulbach sowie aus zwei Individuen (2,56 %) aus der Population Sababurg und einem Individuum (2 %) der Population Edersee zusammen. Das Cluster Sababurg in Dunkelblau tritt mit 76 (97,44 %) der Individuen der Population Sababurg auf, zudem ist noch ein Individuum (1,89 %) der Population Eulbach vertreten. Das Cluster der anonymisierten Population in Rot beinhaltet 48 (100 %) der Individuen der anonymisierten Population.

Die aufgetretenen Überschneidungen von ein bis zwei Tieren bzw. von bis zu 3 %, sind nicht als signifikant anzusehen.

In Abb. 13 ist die Verteilung der einzelnen Cluster innerhalb der vier untersuchten Populationen bildlich dargestellt. In Tab. A 21 in Anhang 9.4 finden sich die zugehörigen Datensätze.

Aus der Population Edersee handelt es sich um das Individuum Ed-011, welches einen Anteil von 87,8 % am Cluster der Population Eulbach zeigt. Das Individuum Eu-007 wird zu 86,8 % dem Cluster Sababurg zugeordnet und aus der Population Sababurg sind es die beiden Individuen Sb-019 und Sb-054, welche zu 98,6 % und 100 % dem Cluster der Population Eulbach zugewiesen werden.

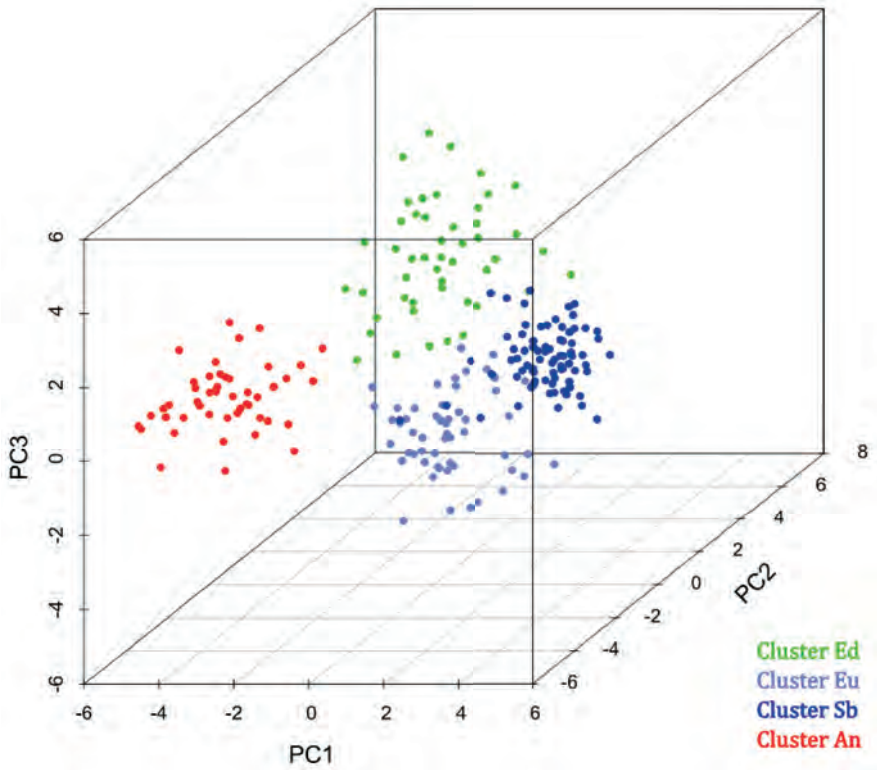


Abb. 12: DAPC der vier untersuchten Populationen
Jeder Punkt entspricht einem Individuum.

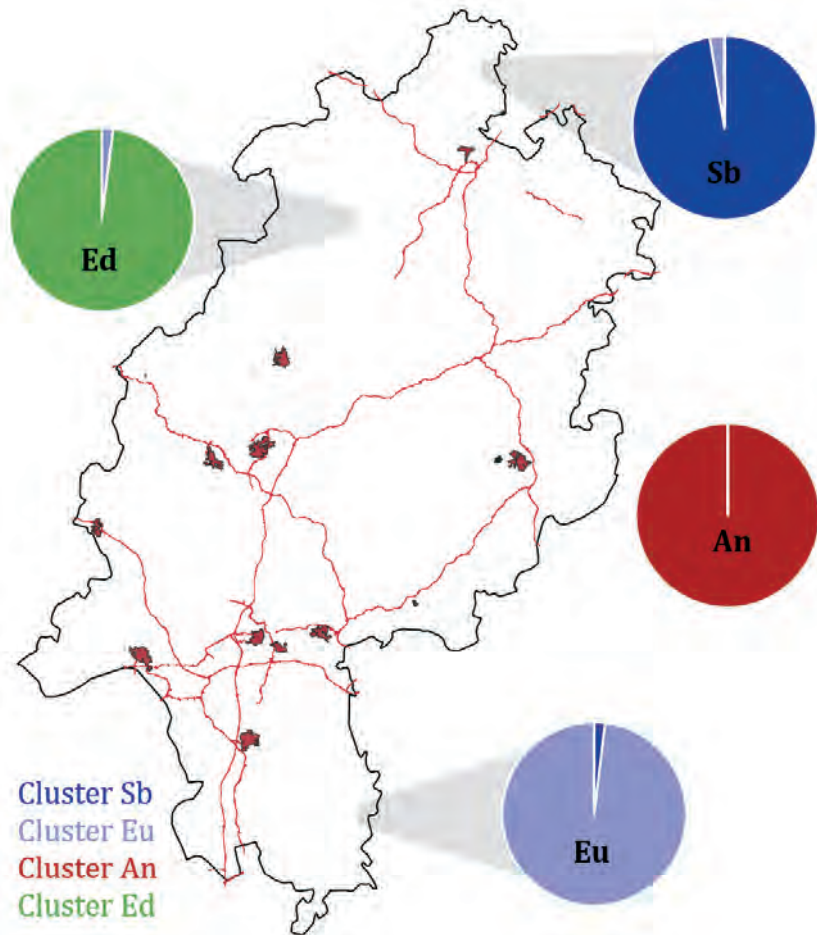


Abb. 13: Verteilung der Cluster in den vier untersuchten Populationen nach Berechnung mittels DAPC

Die Tortendiagramme stellen die Anteile der Cluster an den vier untersuchten Populationen dar.

4.3.4.3 Structure

Mittels der *Structure*-Analyse wurde die Damwild-Gesamtpopulation in vier Cluster eingeteilt, die überwiegend den vier beprobten hessischen Populationen entsprechen. Cluster 1 steht für die Population Sababurg (Dunkelblau), Cluster 2 für die Population

Eulbach (Hellblau), Cluster 3 für die anonymisierte Population (Rot) und Cluster 4 für die Population Edersee (Grün).

Abb. 14 zeigt die Zuordnungswahrscheinlichkeiten der einzelnen Individuen innerhalb der vier untersuchten Populationen, während in Abb. 15 die Anteile der Cluster an den jeweiligen Populationen bildlich dargestellt werden. Die zugehörigen Datensätze finden sich in Tab. A 22 in Anhang 9.4.

Das Cluster 1 besteht aus 76 Individuen (97,44 %) der Population Sababurg und zwei Individuen (3,77 %) der Population Eulbach. Das Cluster 2 setzt sich aus 51 Individuen (96,23 %) der Population Eulbach, vier Individuen (8 %) der Population Edersee, zwei Individuen (2,56 %) der Population Sababurg und einem Individuum (2,08 %) der anonymisierten Population zusammen. Im Cluster 3 sind 47 Individuen (97,92 %) der anonymisierten Population enthalten. Das Cluster 4 zeigt sich mit 46 Individuen (92 %) der Population Edersee. Die Überschneidungen von ein bis drei Individuen, bzw. von bis zu 4 % sind auch hier nicht statistisch signifikant.

Aus der Population Edersee wurden vier Individuen anderen Clustern zugeordnet. Das Individuum Ed-001 wurde mit 80,7 % in das Cluster 2 und mit 15,5 % in das Cluster 4 eingegliedert. Auch Ed-005 zeigte eine Zugehörigkeit von 70,2 % am Cluster 2 und daneben genetische Anteile von 17,6 % am Cluster 3 und von 11,5 % am Cluster 4. Ed-011 wurde mit 56,9 % dem Cluster 2, mit 25,0 % dem Cluster 1 und 11,0 % dem Cluster 4 zugeordnet. Ed-012 zeigte genetische Anteile von 52,0 % am Cluster 2 sowie 39,9 % am Cluster 4.

Auch in der Population Eulbach treten zwei Individuen hervor. So besitzt Eu-032 genetische Anteile von 48,3 % des Clusters 1 und 45,0 % des Clusters 2. Eu-044 wurde mit 45,4 % dem Cluster 1, mit 15,9 % dem Cluster 4 sowie mit 31,7 % dem Cluster 2 zugeordnet.

Aus der Population Sababurg sind zwei Individuen zu erwähnen. Sowohl Sb-019, als auch Sb-054 traten mit fast hundertprozentiger genetischer Übereinstimmung (93,5 % und 98,6 %) mit dem Cluster 2 auf.

In der anonymisierten Population traten in dieser Analyse das Individuum An-002 hervor. Es zeigte eine genetische Übereinstimmung von 58,2 % mit dem Cluster 2 und von 37,2 % mit dem Cluster 3.

Ergebnisse

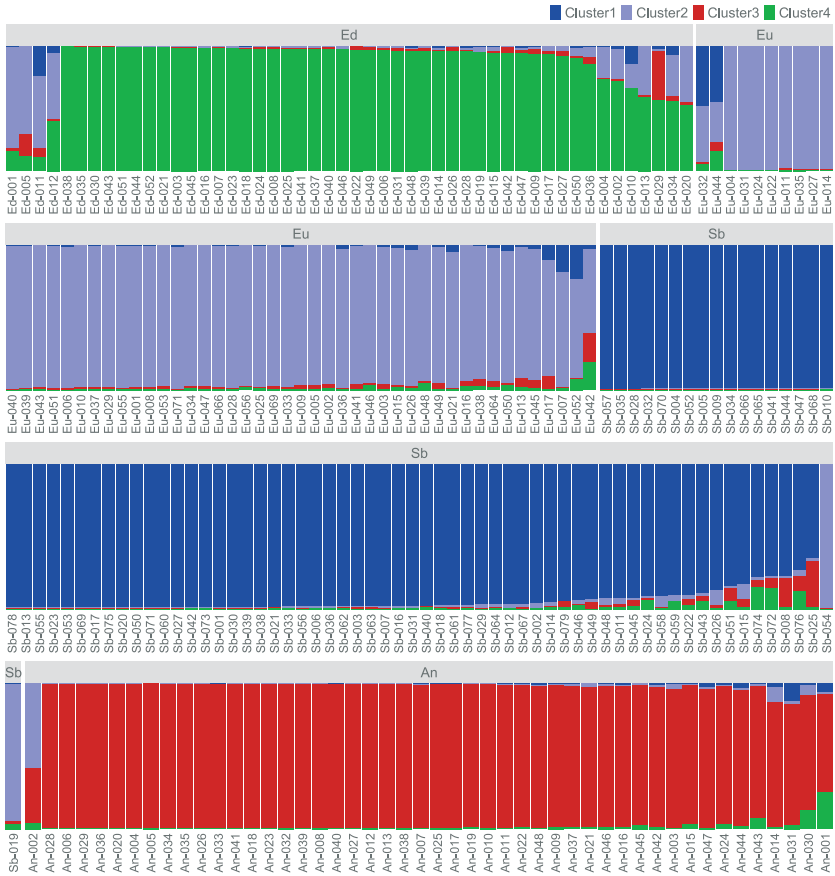


Abb. 14: Structure-Analyse der einzelnen Individuen der vier untersuchten Populationen

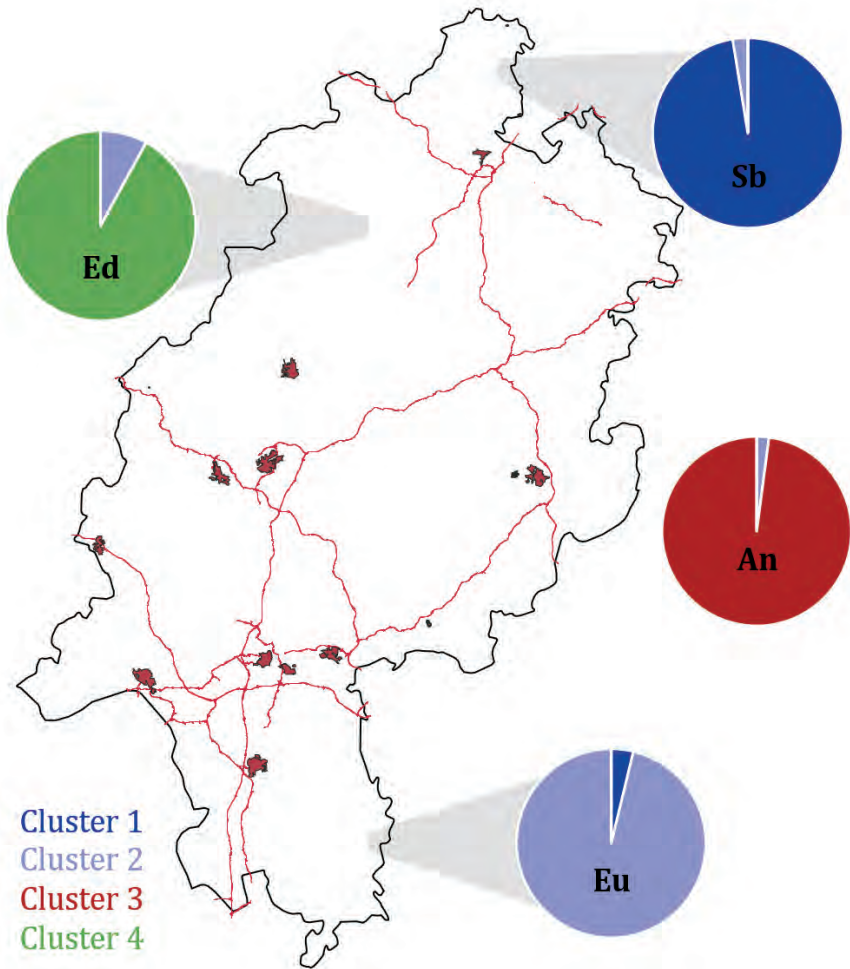


Abb. 15: Verteilung der Cluster in den vier untersuchten Populationen nach Berechnung mittels Structure-Analyse
Die Tortendiagramme stellen die Anteile der Cluster an den vier untersuchten Populationen dar.

4.3.4.4 Analyse der molekularen Varianz

Die Analyse der molekularen Varianz zeigt auf, wie viel Prozent der Differenzierung auf Unterschiede zwischen den Populationen, zwischen den Individuen innerhalb der Populationen und zwischen den Individuen in der Gesamtheit zurückzuführen sind. In

dieser Arbeit lassen sich 24,1 % der aufgetretenen Variationen durch Unterschiede zwischen den Populationen und 4,5 % durch Unterschiede der Individuen innerhalb einer Population erklären. Die verbleibenden 71,5 % der Unterschiede werden durch Variationen innerhalb der Individuen, nicht in Populationen unterteilt, verursacht. Diese Werte sind auch in Tab. 14 nachzulesen.

Tab. 14: AMOVA der vier untersuchten Populationen

	Prozent (%)
Variationen zwischen den Populationen	24,1
Variationen zwischen Individuen innerhalb der Populationen	4,5
Variationen zwischen Individuen	71,5

4.4 Daten der vier hessischen Populationen für den Vergleich mit anderen untersuchten Damwildpopulationen

Um die Vergleichbarkeit der untersuchten Populationen mit denen der literarischen Quellen zu gewährleisten, wurden die Berechnungen der beprobten Populationen erneut nur mit den Mikrosatelliten durchgeführt, welche in den jeweiligen Quellen ebenfalls Verwendung fanden.

Mikrosatelliten, die sich dabei in allen untersuchten Populationen der vorliegenden Arbeit monomorph darstellten, fanden keine Verwendung in den Gegenüberstellungen.

4.4.1 Daten der untersuchten Populationen für den Vergleich mit BAKER et al. (2017)

Für den Vergleich mit den untersuchten Populationen aus BAKER et al. (2017) wurden die Berechnungen der hessischen Populationen mit den zehn Mikrosatelliten ETH2, CSSM014, RT30, ILSTS30, BM4505, OarFCB48, HAUT27, TGLA127, NVHRT21 und MAF70 durchgeführt. Der Mikrosatellit OarFCB48 präsentierte sich in den Populationen Edersee, Eulbach und Sababurg zwar monomorph, wurde aber der Vergleichbarkeit wegen in den Berechnungen dennoch beibehalten. Des Weiteren traten die Mikrosatelliten HAUT27 und MAF70 in der anonymisierten Population monomorph auf. Auch diese wurden in den folgenden Berechnungen miteinbezogen.

30 der MLGs wurden von den weiteren Berechnungen ausgenommen. In der Population Sababurg trat der Mikrosatellit BM4505 nur in 70 der 71 Proben auf. Alle ermittelten Daten sind der Tab. 15 und der Tab. 16 zu entnehmen.

Die vier untersuchten Populationen traten mit einer Probenanzahl N von 44 bis 70,9 auf und es wurden 25 bis 33 Allele pro Population gefunden.

Die durchschnittliche Allelzahl pro Mikrosatellit N_a lag in der Population Edersee bei 2,9 ($\pm 1,91$), in der Population Eulbach bei 3,3 ($\pm 2,21$), in der Population Sababurg bei 2,9 ($\pm 1,97$) und in der anonymisierten Population bei 2,5 ($\pm 1,51$).

In den Populationen Edersee und Sababurg variierten die in den zehn verwendeten Mikrosatelliten gefundenen Allelzahlen zwischen einem (OarFCB48) und acht (NVHRT21) Allelen. In der Population Eulbach traten ein (OarFCB48) bis neun (NVHRT21) Allele auf und in der anonymisierten Population ein (HAUT27) bis sechs (NVHRT21).

Hinsichtlich des Allelreichtums zeigte sich die Population Edersee mit einem Wert von 2,85 ($\pm 1,76$), die Population Eulbach mit einem Wert von 2,98 ($\pm 1,83$), die Population Sababurg mit einem Wert von 2,67 ($\pm 1,45$) und die anonymisierte Population mit einem Wert von 2,41 ($\pm 1,33$).

Der Wert der durchschnittlichen beobachteten Heterozygotie H_o lag in der Population Edersee bei 0,35 ($\pm 0,21$), in der Population Eulbach bei 0,42 ($\pm 0,25$), in der Population Sababurg bei 0,29 ($\pm 0,18$) sowie in der anonymisierten Population bei 0,28 ($\pm 0,25$).

Die Mikrosatelliten in der Population Edersee traten dabei mit Werten von 0,14 bis 0,76 auf. In der Population Eulbach lagen sie zwischen 0,1 und 0,86, in der Population Sababurg zwischen 0,08 und 0,52 sowie in der anonymisierten Population zwischen 0,07 und 0,61.

Der Mittelwert der erwarteten Heterozygotie H_E zeigte sich in der Population Edersee mit 0,33 ($\pm 0,19$), in der Population Eulbach mit 0,39 ($\pm 0,22$), in der Population Sababurg mit 0,36 ($\pm 0,22$) und in der anonymisierten Population mit 0,28 ($\pm 0,25$).

Der Inzuchtkoeffizient F_{IS} trat hier nur in der Population Sababurg mit einem statistisch signifikanten Wert (s) von 0,195 auf, für alle anderen Populationen präsentierte sich F_{IS} nicht signifikant (ns).

Tab. 15: Populationsgenetische Daten der vier untersuchten Populationen mit den in Baker et al. (2017) verwendeten Mikrosatelliten

N: Probenanzahl; *N_A*: Allelanzahl; *N_a*: durchschnittliche Allelanzahl pro Mikrosatellit; *A_r*: Allelreichtum; *H_o*: beobachtete Heterozygotie; *H_e*: erwartete Heterozygotie; *F_{IS}*: Fixationsindex; *Sign. F_{IS}*: Signifikanz von *F_{IS}*; ns: nicht signifikant; s: signifikant

Population	N	N _A	N _a	A _r	H _o	H _e	F _{IS}	Sign. F _{IS}
Edersee	50	29	2,9	2,85	0,35	0,33	-0,05	ns
Eulbach	51	33	3,3	2,98	0,42	0,39	-0,062	ns
Sababurg	70,9	29	2,9	2,67	0,29	0,36	0,195	s
Anonym	44	25	2,5	2,41	0,28	0,28	-0,025	ns

Tab. 16: Allelanzahl *N_A* und beobachtete Heterozygotie *H_o* der vier untersuchten Populationen für die in BAKER et al. (2017) verwendeten Mikrosatelliten

N_A: Allelanzahl; *H_o*: beobachtete Heterozygotie

Mikrosatellit		Population			
		Edersee N = 50	Eulbach N = 51	Sababurg N = 71	Anonym N = 44
ETH2	N _A	2	4	2	2
	H _o	0,32	0,1	0,08	0,18
CSSM014	N _A	3	4	3	4
	H _o	0,36	0,31	0,42	0,61
RT30	N _A	3	2	2	2
	H _o	0,5	0,43	0,34	0,43
ILSTS30	N _A	2	2	2	2
	H _o	0,52	0,53	0,49	0,23
BM4505	N _A	2	3	3	3
	H _o	0,14	0,33	0,36	0,57
OarFCB48	N _A	1	1	1	2
	H _o	0	0	0	0,14
HAUT27	N _A	2	2	2	1
	H _o	0,28	0,55	0,11	0
TGLA127	N _A	3	3	4	2
	H _o	0,24	0,59	0,37	0,07
NVHRT21	N _A	8	9	8	6
	H _o	0,76	0,86	0,52	0,61
MAF70	N _A	3	3	2	1
	H _o	0,36	0,45	0,17	0

4.4.2 Daten der untersuchten Populationen für den Vergleich mit REIßMANN et al. (2010)

Für den Vergleich mit der wissenschaftlichen Arbeit von REIßMANN et al. (2010) wurden die Berechnungen der hessischen Populationen mit den 15 Mikrosatelliten RT9, RT27, McM58, CDU92064, NVHRT73, RT30, RT6, BM6438, ILSTS30, AF5, HAUT27, VH110, BTJAB1, NVHRT21 und DAM17a durchgeführt. Der Mikrosatellit RT9 zeigte sich in allen hessischen Populationen monomorph und wurde von den weiteren Berechnungen ausgeschlossen.

Die Mikrosatelliten CDU92064, BTJAB1 und DAM17a in der Population Edersee, die Mikrosatelliten CDU92064, NVHRT73 und BTJAB1 in der Population Sababurg und die Mikrosatelliten RT27, RT6, HAUT27 und BTJAB1 in der anonymisierten Population traten ebenfalls monomorph auf. Diese wurden in den weiteren Berechnungen beibehalten.

Vor den folgenden Berechnungen wurden 22 der MLGs gelöscht. Der Mikrosatellit BM6438 trat in der Population Eulbach nur in 52 der 53 Proben auf. Tab. 17 und Tab. 18 bieten einen Überblick über die durch die Berechnung ermittelten Daten der vier untersuchten Populationen.

Die Probenanzahl N belief sich in den untersuchten Populationen auf eine Anzahl von 46 bis 75 Proben, während die Allelanzahl N_A zwischen 32 und 41 Allelen lag.

Die durchschnittliche Allelanzahl pro Mikrosatellit N_a erreichte in der Population Edersee einen Wert von 2,6 ($\pm 1,79$), in der Population Eulbach einen Wert von 2,9 ($\pm 1,82$), in der Population Sababurg einen Wert von 2,5 ($\pm 1,74$) und in der anonymisierten Population einen Wert von 2,3 ($\pm 1,44$).

Die vierzehn getesteten Mikrosatelliten lagen in der Population Edersee mit Allelanzahlen zwischen Eins (CDU92064, BTJAB1, DAM17a) und Acht (NVHRT21) vor. In der Population Eulbach traten sie mit Allelanzahlen zwischen Zwei (CDU92064, NVHRT73, RT30, ILSTS30, HAUT27, BTJAB1, DAM17a) und Neun (NVHRT21) auf, während sie in der Population Sababurg zwischen Eins (CDU92064, NVHRT73, BTJAB1) und Acht (NVHRT21) lagen. In der anonymisierten Population variierten sie zwischen Eins (RT27, RT6, HAUT27, BTJAB1) und Sechs (NVHRT21).

Der Mittelwert der beobachteten Heterozygotie H_o erreichte in der Population Edersee einen Wert von 0,37 ($\pm 0,28$), in der Population Eulbach von 0,39 ($\pm 0,28$), in der Population Sababurg von 0,21 ($\pm 0,2$) und in der anonymisierten Population von 0,22 ($\pm 0,22$).

Die beobachtete Heterozygotie der einzelnen Mikrosatelliten variierte in der Population Edersee von 0,02 bis 0,76. In der Population Eulbach lag sie zwischen 0,02 und 0,87. In der Population Sababurg erreichten sie Werte von 0,01 und 0,56 und in der anonymisierten Population von 0,07 bis 0,61.

Die durchschnittliche erwartete Heterozygotie lag in der Population Edersee bei 0,36 ($\pm 0,26$), in der Population Eulbach ebenfalls bei 0,36 ($\pm 0,24$), in der Population Sababurg bei 0,27 ($\pm 0,24$) und in der anonymisierten Population bei 0,23 ($\pm 0,22$).

Der Inzuchtkoeffizient F_{IS} war in den beiden Populationen Eulbach und Sababurg mit statistisch signifikanten Werten vertreten. Diese lagen in der Population Eulbach bei -0,072 und in der Population Sababurg bei 0,206.

Tab. 17: Populationsgenetische Daten der vier untersuchten Populationen mit den in REIßMANN et al. (2010) verwendeten Mikrosatelliten

N : Probenanzahl; N_A : Allelanzahl; N_a : durchschnittliche Allelanzahl pro Mikrosatellit; H_o : beobachtete Heterozygotie; H_E : erwartete Heterozygotie; F_{IS} : Fixationsindex; $Sign. F_{IS}$: Signifikanz von F_{IS} ; ns: nicht signifikant; s: signifikant

Population	N	N_A	N_a	H_o	H_E	F_{IS}	Sign. F_{IS}
Edersee	50	36	2,6	0,37	0,36	-0,02	ns
Eulbach	52,93	41	2,9	0,39	0,36	-0,072	s
Sababurg	75	35	2,5	0,21	0,27	0,206	s
Anonym	46	32	2,3	0,22	0,23	0,024	ns

Tab. 18: Allelanzahl N_A und beobachtete Heterozygotie H_o der vier untersuchten Populationen für die in REIßMANN et al. (2010) verwendeten Mikrosatelliten

N_A : Allelanzahl; H_o : beobachtete Heterozygotie

Mikrosatellit		Population			
		Edersee N = 50	Eulbach N = 53	Sababurg N = 75	Anonym N = 46
RT27	N_A	2	3	2	1
	H_o	0,46	0,23	0,13	0
McM58	N_A	3	3	3	4
	H_o	0,66	0,66	0,16	0,41

Mikrosatellit		Population			
		Edersee N = 50	Eulbach N = 53	Sababurg N = 75	Anonym N = 46
CDU92064	N _A	1	2	1	2
	H ₀	0	0,11	0	0,35
NVHRT73	N _A	2	2	1	2
	H ₀	0,02	0,02	0	0
RT30	N _A	3	2	2	2
	H ₀	0,5	0,42	0,33	0,46
RT6	N _A	2	3	3	1
	H ₀	0,36	0,58	0,13	0
BM6438	N _A	2	3	2	2
	H ₀	0,42	0,19	0,4	0,52
ILSTS30	N _A	2	2	2	2
	H ₀	0,52	0,55	0,48	0,22
AF5	N _A	4	3	3	4
	H ₀	0,76	0,51	0,17	0,39
HAUT27	N _A	2	2	2	1
	H ₀	0,28	0,53	0,11	0
VH110	N _A	3	3	3	2
	H ₀	0,44	0,68	0,48	0,07
BTJAB1	N _A	1	2	1	1
	H ₀	0	0	0	0
NVHRT21	N _A	8	9	8	6
	H ₀	0,76	0,87	0,56	0,61
DAM17a	N _A	1	2	2	2
	H ₀	0	0,09	0,01	0,11

4.4.3 Daten der untersuchten Populationen für den Vergleich mit POETSCH et al. (2001)

Die vier hessischen Populationen wurden für den Vergleich mit der in POETSCH et al. (2001) behandelten Population mit den sechs Mikrosatelliten RT9, RT27, NVHRT73, RT30, RT6 und NVHRT21 getestet. Der Mikrosatellit RT9 stellte sich dabei in allen Populationen monomorph dar und wurde von den weiteren Berechnungen ausgeschlossen. Des Weiteren traten der Mikrosatellit NVHRT73 in der Population Sababurg und die Mikrosatelliten RT27 und RT6 in der anonymisierten Population monomorph auf. Die weiteren Berechnungen wurden inklusive dieser drei Mikrosatelliten durchgeführt.

Vor der weiteren Bearbeitung der untersuchten Populationsdaten wurden 120 der MLGs gelöscht. Die zugehörigen Daten sind in Tab. 19 und Tab. 20 abgebildet.

Die verwendete Probenanzahl N lag für diese Berechnungen zwischen 9 und 40 Proben und einer Allelzahl N_A von 12 bis 19 Allelen. Die durchschnittliche Allelzahl pro Mikrosatellit N_a erreichte in der Population Edersee 3,4 ($\pm 2,61$), in der Population Eulbach 3,8 ($\pm 2,95$), in der Population Sababurg 3,2 ($\pm 2,77$) sowie in der anonymisierten Population 2,4 ($\pm 2,07$).

Die fünf verwendeten Mikrosatelliten wiesen Allelzahlen von Zwei bis Acht in der Population Edersee, von Zwei bis Neun in der Population Eulbach, von Eins bis Acht in der Population Sababurg sowie von Eins bis Sechs in der anonymisierten Population auf. In der Population Edersee zeigte die beobachtete Heterozygotie H_o einen Mittelwert von 0,44 ($\pm 0,29$). In der Population Eulbach lag er bei 0,45 ($\pm 0,32$), in der Population Sababurg bei 0,26 ($\pm 0,19$) und die anonymisierte Population erreichte einen Mittelwert von 0,22 ($\pm 0,39$).

Die einzelnen Mikrosatelliten traten in der Population Edersee mit H_o -Werten zwischen 0,02 und 0,8 auf. In der Population Eulbach lag H_o zwischen 0,03 und 0,88 und in der Population Sababurg zwischen 0,22 und 0,53. In der anonymisierten Population zeigten sich die Mikrosatelliten mit H_o -Werte von Null bis 0,89. Hier zeigte auch der nicht monomorphe Mikrosatellit NVHRT73 eine beobachtete Heterozygotie von Null.

Die Population Edersee trat in der erwarteten Heterozygotie H_E mit durchschnittlichen Werten von 0,44 ($\pm 0,26$) auf. In der Population Eulbach lag der Wert bei 0,4 ($\pm 0,3$). In der Population Sababurg erreichte er 0,39 ($\pm 0,27$) und in der anonymisierten Population 0,27 ($\pm 0,32$).

Der Inzuchtkoeffizient F_{IS} lag in diesem Vergleich mit statistisch signifikanten Werten in den Populationen Eulbach (-0,123) und Sababurg (0,33) vor.

Tab. 19: Populationsgenetische Daten der vier untersuchten Populationen mit den in POETSCH et al. (2001) verwendeten Mikrosatelliten

N: Probenanzahl; N_A : Allelanzahl; N_a : durchschnittliche Allelanzahl pro Mikrosatellit; H_o : beobachtete Heterozygotie; H_E : erwartete Heterozygotie; F_{IS} : Fixationsindex; Sign. F_{IS} : Signifikanz von F_{IS} ; ns: nicht signifikant; s: signifikant

Population	N	N_A	N_a	H_o	H_E	F_{IS}	Sign. F_{IS}
Edersee	41	17	3,4	0,44	0,44	0,012	ns
Eulbach	40	19	3,8	0,45	0,4	-0,123	s
Sababurg	36	16	3,2	0,26	0,39	0,33	s
Anonym	9	12	2,4	0,22	0,27	0,163	ns

Tab. 20: Allelanzahl N_A und beobachtete Heterozygotie H_o der vier untersuchten Populationen für die in POETSCH et al. (2001) verwendeten Mikrosatelliten

N_A : Allelanzahl; H_o : beobachtete Heterozygotie

Mikrosatellit		Population			
		Edersee N = 41	Eulbach N = 40	Sababurg N = 36	Anonym N = 9
RT27	N_A	2	3	2	1
	H_o	0,49	0,3	0,22	0
NVHRT73	N_A	2	2	1	2
	H_o	0,02	0,03	0	0
RT30	N_A	3	2	2	2
	H_o	0,54	0,4	0,33	0,22
RT6	N_A	2	3	3	1
	H_o	0,34	0,62	0,22	0
NVHRT21	N_A	8	9	8	6
	H_o	0,8	0,88	0,53	0,89

4.4.4 Daten der untersuchten Populationen für den Vergleich mit SCANDURA (2004)

Für den Vergleich mit der Population aus SCANDURA (2004) wurden die Berechnungen der vier hessischen Populationen mit den acht Mikrosatelliten ETH2, CSSM014, RT30, BM6444, OarFCB48, NVHRT21, OarCP26 und SR-CRSP-1 durchgeführt. Folgende Mikrosatelliten präsentierten sich monomorph: In der Population Edersee die Mikrosatelliten BM6444, OarFCB48 und OarCP26, in der Population Eulbach die Mikrosatelliten BM6444 und OarFCB48, in der Population Sababurg die Mikrosatelliten

OarFCB48 und OarCP26 sowie in der anonymisierten Population die Mikrosatelliten BM6444 und SR-CPSP-1. Für die Berechnungen wurden alle Mikrosatelliten beibehalten. Vor den weiteren Berechnungen wurden 74 der MLGs gelöscht. Die genauen Daten sind in Tab. 21 und Tab. 22 nachzulesen.

In diesen Berechnungen lag die Probenanzahl N zwischen 36 und 50 Proben mit einer gefundenen Allelzahl N_A von 20 bis 25 über die untersuchten Populationen hinweg. Die durchschnittliche Allelzahl pro Mikrosatellit N_a trat in der Population Edersee mit $2,6 (\pm 2,33)$, in der Population Eulbach mit $3,1 (\pm 2,64)$, in der Population Sababurg mit $2,6 (\pm 2,26)$ und in der anonymisierten Population mit $2,5 (\pm 1,69)$ Allelen auf.

Bei den acht verwendeten Mikrosatelliten lag die erreichte Allelzahl N_A in der Populationen Edersee zwischen einem (BM6444, OarFCB48, OarCP26) und acht (NVHRT21) Allelen. Die Population Eulbach trat mit Werten von einem (BM6444, OarFCB48) bis neun (NVHRT21) Allelen auf, während sich in der Population Sababurg ein (OarFCB48, OarCP26) bis acht (NVHRT21) Allele zeigten. In der anonymisierten Population wurden ein (BM6444, SR-CPSP-1) bis sechs (NVHRT21) Allele gefunden.

In der Population Edersee zeigte sich die beobachtete Heterozygotie H_o mit einem Mittelwert von $0,3 (\pm 0,3)$. In der Population Eulbach lag er bei $0,27 (\pm 0,3)$, während die Population Sababurg einen Mittelwert von $0,21 (\pm 0,23)$ aufwies. Die anonymisierte Population trat mit einem durchschnittlichen H_o -Wert von ebenfalls $0,27 (\pm 0,24)$ auf.

Die Mikrosatelliten erreichten in der Population Edersee Werte der beobachteten Heterozygotie H_o von $0,26$ bis $0,83$. In der Population Eulbach bewegten sich die Werte zwischen $0,02$ und $0,84$, während die Population Sababurg beobachtete Heterozygotien von $0,08$ bis $0,58$ aufwies. In der anonymisierten Population wurden Werte von $0,17$ bis $0,64$ erreicht.

In der Population Edersee lag die durchschnittliche erwartete Heterozygotie H_E bei $0,28 (\pm 0,27)$, in der Population Eulbach bei $0,25 (\pm 0,28)$, in der Population Sababurg bei $0,24 (\pm 0,27)$ und in der anonymisierten Population bei $0,27 (\pm 0,24)$.

Der Inzuchtkoeffizient F_{IS} trat lediglich in der Population Sababurg mit einem statistisch signifikanten Wert von $0,119$ auf.

Tab. 21: Populationsgenetische Daten der vier untersuchten Populationen mit den in SCANDURA (2004) verwendeten Mikrosatelliten

N: Probenanzahl; *N_A*: Allelanzahl; *N_a*: durchschnittliche Allelanzahl pro Mikrosatellit; *H_o*: beobachtete Heterozygotie; *H_E*: erwartete Heterozygotie; *F_{IS}*: Fixationsindex; *Sign. F_{IS}*: Signifikanz von *F_{IS}*; ns: nicht signifikant; s: signifikant

Population	N	N _A	N _a	H _o	H _E	F _{IS}	Sign. F _{IS}
Edersee	42	21	2,6	0,3	0,28	-0,048	ns
Eulbach	44	25	3,1	0,27	0,25	-0,06	ns
Sababurg	50	21	2,6	0,21	0,24	0,119	s
Anonym	36	20	2,5	0,27	0,27	-0,001	ns

Tab. 22: Allelanzahl *N_A* und beobachtete Heterozygotie *H_o* der vier untersuchten Populationen für die in SCANDURA (2004) verwendeten Mikrosatelliten

N_A: Allelanzahl; *H_o*: beobachtete Heterozygotie

Mikrosatellit		Population			
		Edersee N = 42	Eulbach N = 44	Sababurg N = 50	Anonym N = 36
ETH2	N _A	2	4	2	2
	H _o	0,33	0,11	0,1	0,19
CSSM014	N _A	3	4	3	4
	H _o	0,43	0,3	0,46	0,56
RT30	N _A	3	2	2	2
	H _o	0,52	0,45	0,38	0,42
BM6444	N _A	1	1	2	1
	H _o	0	0	0,08	0
OarFCB48	N _A	1	1	1	2
	H _o	0	0	0	0,17
NVHRT21	N _A	8	9	8	6
	H _o	0,83	0,84	0,58	0,64
OarCP26	N _A	1	2	1	2
	H _o	0	0,02	0	0,17
SR-CRSP-1	N _A	2	2	2	1
	H _o	0,26	0,41	0,08	0

5 Diskussion

5.1 Interpretation der Ergebnisse und Ableitung von Hypothesen

5.1.1 Mikrosatelliten

Werden alle Proben in einer theoretischen Gesamtpopulation gepoolt, treten diverse Mikrosatelliten mit statistisch signifikanten Werten in Bezug auf das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht auf (Tab. A 6, Anhang 9.4). Dies kann größtenteils durch das Auftreten der Subpopulationen Edersee, Eulbach, Sababurg und der anonymisierten Population erklärt werden. Da keine der Populationen konsistent über die Loci hinweg nicht im HWG auftritt, lässt sich daraus schließen, dass keine rezente Flaschenhalsereignisse oder Gründereffekte zum Tragen kommen. Ebenso tritt kein Locus konsistent über die Populationen hinweg mit statistisch signifikanten Werten auf (Tab. A 7 bis Tab. A 10, Anhang 9.4). Daraus lässt sich ableiten, dass die Loci mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht von Selektion betroffen sind.

Biologische Faktoren wie der Wahlundeffekt oder Inzucht können für ein signifikantes Heterozygotendefizit ursächlich sein, welches vom HWG abweicht. Diese Faktoren sind vom Auftreten von Nullallelen abzugrenzen. Biologische Faktoren sind dabei relativ konsistent über die Loci hinweg zu beobachten, während Nullallele Locus-spezifisch auftreten (DAKIN und AVISE, 2004).

Bei den Mikrosatelliten RT27, RT30, TGLA127, NVHRT21 und MAF70 wurden in der Population Sababurg Nullallele festgestellt. Die Abweichung dieser Mikrosatelliten vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht kann durch diese Nullallele hervorgerufen worden sein.

Die Präsenz von Nullallelen kann die tatsächliche Heterozygotie fälschlicherweise verringern. Da sie in der vorliegenden Arbeit lediglich in der Population Sababurg auftraten und lediglich fünf der zwanzig verwendeten Mikrosatelliten davon betroffen waren, sind die Auswirkungen allerdings als vernachlässigbar zu bewerten.

Die Anzahl der Allele der einzelnen Mikrosatelliten ist ein simpler Parameter, welcher einen Hinweis auf die genetische Variabilität einer Population liefern kann. Er ist

allerdings ausgesprochen abhängig vom verwendeten genetischen Marker sowie von der Stichprobengröße.

In der vorliegenden Arbeit erreichte der Mikrosatellit NVHRT21 mit lediglich neun Allelen in der Population Eulbach das Maximum aller verwendeten Mikrosatelliten. In den Populationen Edersee und Sababurg trat er noch mit acht Allelen auf. Obwohl er in der anonymisierten Population mit sechs Allelen einen geringeren Wert erreichte, liegt NVHRT21 deutlich vor den anderen verwendeten Mikrosatelliten. Diese wiesen Allelanzahlen von zwei bis vier Allelen auf (Tab. A 15 bis Tab. A 18 Anhang 9.4). Im Vergleich erreichten die Mikrosatelliten der Rotwildstudie von LANG (2019) im Durchschnitt zehn Allele. Auch in der wissenschaftlichen Arbeit von WILLEMS et al. (2016), welche sich ebenfalls mit Rotwild beschäftigte, zeigten sich in den untersuchten Zeiträumen durchschnittliche Allelanzahlen von sieben und acht Allelen pro Mikrosatellit. Dies bestätigt die geringe durchschnittliche Allelanzahl der untersuchten Damwildpopulationen.

Auch im Vergleich der einzelnen Mikrosatelliten mit den vier ausgewählten wissenschaftlichen Studien wiederholen sich die geringen populationsgenetischen Werte des Damwildes.

Als Beispiel hierfür dient ebenfalls der Mikrosatellit NVHRT21, dessen identifizierte Allelanzahlen über alle Vergleiche mit den wissenschaftlichen Studien in den untersuchten hessischen Populationen konsistent sind. In den Populationen von BAKER et al. (2017), POETSCH et al. (2001) und SCANDURA (2004) dagegen erreichte NVHRT21 nur geringe Allelanzahlen und Werte der beobachteten Heterozygotie. In sechs der von BAKER et al. beprobten Populationen zeigte er sich sogar monomorph, ebenso wie in der von REIßMANN et al. (2010) untersuchten Population in Sachsen.

Mit nur vier Allelen wurde in den Mikrosatelliten AF5, CSSM014, ETH2, McM58, RT27 und TGLA127 bereits die nächsthöhere Allelanzahl der untersuchten hessischen Populationen erreicht.

Die höchste Allelanzahl der Populationen aus den wissenschaftlichen Veröffentlichungen zeigte die Population Sachsen von REIßMANN et al. mit sieben Allelen bei dem Mikrosatelliten BTJAB1, während dieser in drei der hessischen Populationen nur monomorph vorlag.

Darauf folgten die Mikrosatelliten CSSM014 und ETH2 in der Population Italien von SCANDURA mit jeweils fünf Allelen.

Die gefundenen Allelanzahlen unterstützen die Hypothese einer geringen genetischen Diversität der untersuchten Damwildpopulationen, die durch weitere populationsgenetische Parameter zu bestätigen ist.

Die beobachteten Heterozygotien der einzelnen Mikrosatelliten sind nicht ohne Weiteres über alle Populationen hinweg zu vergleichen. Dieser Parameter hängt vom Stichprobenumfang ab, welcher wiederum durch die Anzahl der verglichenen Mikrosatelliten und der darauf basierenden Löschung der MLGs der Populationen bestimmt wird.

In der Population Eulbach wurden im Vergleich mit REIßMANN et al. bei dem Mikrosatelliten BTJAB1 bei zwei gefundenen Allelen nur homozygote Individuen beprobt. So wies dieser Mikrosatellit hier eine beobachtete Heterozygotie von Null auf. Im Vergleich hierzu trat auch bei dem Mikrosatelliten NVHRT73 in der anonymisierten Population eine Allelzahl von Zwei mit einer beobachteten Heterozygotie von Null auf. Den höchsten individuellen H_o -Wert erreichte die Population Türkei von BAKER et al. bei dem Mikrosatelliten CSSM014 mit einem Wert von Eins. Hier wurden in der Stichprobe nur heterozygote Tiere beprobt. Dies ist vor dem Hintergrund bemerkenswert, dass der Mikrosatellit CSSM014 in dieser Population lediglich zwei Allele aufwies.

Über alle Vergleiche hinweg erreichten die Mikrosatelliten ETH2, ILSTS30, OarFCB48, TGLA127, NVHRT21, NVHRT73, VH110, DAM17a, BM6444, OarCP26 und SR-CRSP-1 in insgesamt 26 Populationen Werte der beobachteten Heterozygotie H_o von $\leq 0,1$.

Der Mikrosatellit ETH2 in der Population Spanien von BAKER et al. und der Mikrosatellit DAM17a in der Population Sababurg wiesen sogar einen H_o -Wert von nur jeweils 0,01 auf, sowohl im hessischen Vergleich als auch in der Gegenüberstellung mit REIßMANN et al.. Dieser H_o -Wert stellt, neben den beobachteten Heterozygotien von Null, den niedrigsten erreichten Wert der vorliegenden Arbeit und der referenzierten Vergleichsstudien dar.

Nur knapp darüber liegt der H_0 -Wert 0,02 für die folgenden Mikrosatelliten:

- OarFCB48 und NVHRT21 in der Population England von BAKER et al.,
- NVHRT73 in den Populationen Edersee und Eulbach im Vergleich mit REISSMANN et al.,
- NVHRT73 in der Population Edersee im Vergleich mit POETSCH et al.,
- NVHRT73 in der Population Eulbach im hessischen Vergleich und
- OarCP26 in der Population Eulbach sowohl im hessischen Vergleich als auch in der Gegenüberstellung mit SCANDURA.

5.1.2 Populationsgenetische Parameter

Die Untersuchung und Interpretation der ermittelten populationsgenetischen Parameter, sowohl für die vier hessischen Populationen isoliert betrachtet als auch im direkten Vergleich mit den referenzierten Literaturstudien, lassen folgende drei Hypothesen hinsichtlich der genetischen Vielfalt des heutigen europäischen Damwilds zu, die im Folgenden näher beschrieben werden.

5.1.2.1 Geringe genetische Diversität

Die durchgeführten Berechnungen der vorliegenden Dissertation, die referenzierten populationsgenetischen Studien zu Damwildpopulationen sowie die historische Aufbereitung der Funde und Geschichte der Spezies führen zu der Hypothese, dass das heutige europäische Damwild in seiner Gesamtheit eine geringe genetische Diversität aufweist. Für die untersuchten hessischen Populationen Edersee, Eulbach, Sababurg und die anonymisierte Population wurden daher entsprechende populationsgenetische Parameter erwartet.

Diese Hypothese wird durch die ermittelten Ergebnisse der hier durchgeführten genetischen Berechnungen bestätigt. Der Mittelwert der Allelzahl N_a über alle vier untersuchten Populationen hinweg betrug lediglich knapp drei Allele. Auch der mittlere H_0 -, H_E - und F_{IS} -Wert wies jeweils auf eine geringe genetische Diversität des Damwildes hin. Alle vier untersuchten Populationen hatten sehr geringe effektive Populationsgrößen und hohe bis sehr hohe Raten der jährlichen Inzuchtzunahme.

In der anonymisierten Population lagen im Vergleich zu den anderen drei untersuchten Populationen, sowohl in der Gesamtberechnung als auch im individuellen Vergleich mit den einzelnen Populationen der Literaturquellen, die geringsten Werte der Allelanzahl sowie der durchschnittlichen Allelanzahl pro Mikrosatellit vor. Sie zeigte eine geringe beobachtete Heterozygotie und, neben der Population Sababurg, den höchsten Homozygotiegrad. Mit acht seltenen Allelen besteht die Gefahr eines weiteren Verlustes von 17 % der Allele in den kommenden Generationen der anonymisierten Population.

Bei der effektiven Populationsgröße erreichte sie dagegen die höchsten Werte unter den vier hessischen Populationen sowie die geringste jährliche Inzuchtzunahme von 1,01 %. Auch die Berechnungen dieser Parameter auf Grundlage der demografischen Daten variierten in dieser Population kaum von den beschriebenen Ergebnissen.

In der Population Sababurg lag die Anzahl der gefundenen Allele in den Berechnungen nur knapp unter dem Mittelwert der untersuchten hessischen Populationen, ebenso wie die durchschnittliche Allelanzahl pro Mikrosatellit. In den Vergleichen mit den Populationen aus den Literaturquellen zeigte sich ein ähnliches Bild.

Für eine bessere Einordnung der populationsgenetischen Parameter der Damwildpopulationen ist dabei zu bemerken, dass es sich im Vergleich zu anderen Spezies um grundsätzlich geringe mittlere Werte handelt. Im Mittel wurden in den hessischen Populationen 52 Allele pro Population und durchschnittlich 2,58 Allele pro Mikrosatellit entdeckt, während beispielsweise in der Rotwildstudie von LANG (2019) 166 Allele in der Population und durchschnittlich 10 Allele pro Genort beschrieben wurden.

Die Population Sababurg wies mit einem statistisch signifikanten positiven F_{IS} -Wert, sowohl in der isolierten Betrachtung als auch im Vergleich mit den Literaturstudien, ein Heterozygotendefizit auf. Insgesamt traten 12 seltene Allele auf, dies entspricht 24 % der Allele in dieser Population und stellt den höchsten der ermittelten Werte dar. Hier besteht die Gefahr, dass 24 % der Allele in dieser Population in den kommenden Generationen durch genetische Drift verloren gehen. Weiterführend zeigten sich der hohe prognostizierte jährliche Anstieg der Inzucht von knapp 9 % sowie die geringen Werte der beobachteten Heterozygotien kongruent. Die Ergebnisse mit dem *NeEstimator* wurden unter der Voraussetzung eines zufälligen Paarungssystems berechnet. Damwild hingegen ist polygyn und zeigt ein Harems-Paarungssystem. In der Konsequenz neigen

die Werte der effektiven Populationsgrößen, die mittels des *NeEstimators* berechnet werden, dazu, mit erhöhten Werten aufzutreten (WANG et al., 2016). Die Berechnung der effektiven Populationsgröße auf Grundlage der demografischen Daten resultierte in der Population Sababurg jedoch in einem deutlich geringeren Wert der jährlichen Inzuchtrate von circa 3 %, da die ermittelte effektive Populationsgröße hier über dem durch die Software berechneten Wert lag. Der höhere Wert der demografischen effektiven Populationsgröße im Vergleich zur genetischen kann als ein Hinweis auf einen geringen Gesamtgenpool der Population gewertet werden.

Sowohl in den Gesamtwerten als auch in den einzelnen Vergleichen mit den Populationen aus den Literaturquellen trat die Population Eulbach mit den meisten gefundenen Allelen, der höchsten Allelzahl pro Mikrosatellit und hohen Werten der beobachteten Heterozygotie auf. Stimmig dazu ist, dass die Population Eulbach auch in den Vergleichen mit den Populationen von REIßMANN et al. (2010) und POETSCH et al. (2001) einen statistisch signifikanten negativen Inzuchtkoeffizienten aufwies. Der vorliegende *F_{IS}*-Wert implizierte somit einen Heterozygotenüberschuss, wenn auch mit lediglich geringen Werten. Mit 14 seltenen Allelen in dieser Population besteht ein hohes Risiko, dass in den folgenden Generationen 23 % der Allele schwinden. Die berechnete jährliche Inzuchtzunahme lag in dieser Population bei knapp 4 %, was durch die geringe effektive Populationsgröße begründet ist.

Auch die Population Edersee trat mit vergleichsweise hohen Werten der Allelzahl, der durchschnittlichen Allelzahl pro Mikrosatellit und einem hohen *H_O*-Wert auf, sowohl in der Gesamtübersicht als auch in den Einzelvergleichen mit den Populationen aus den Literaturquellen. Die sechs seltenen Allele dieser Population, welche in der vorliegenden Arbeit den geringsten ermittelten Wert darstellen, entsprechen einem möglichen Verlust in den kommenden Generationen von 12 % der Allele.

Der Inzuchtkoeffizient erreichte zwar keine statistische Signifikanz, jedoch lag der jährliche Inzuchtzuwachs bei nur 1,56 %. Dieser erhöhte sich jedoch mit 3 % auf fast das Doppelte, sofern die effektive Populationsgröße nicht durch den *NeEstimator* berechnet, sondern auf Grundlage der demografischen Daten bestimmt wurde.

Auch wenn der Stichprobenumfang sehr unterschiedlich ist, zeigte sich in der durchschnittlichen Allelzahl pro Mikrosatellit N_a eine deutlich geringere Varianz zwischen den vier untersuchten hessischen Populationen und denen von BAKER et al. (2017) (Tab. 15 sowie Tab. A 23, Anhang 9.4). Insgesamt erreichten die vier hessischen untersuchten Populationen im direkten Vergleich mit den Populationen von BAKER et al. höhere Werte (Ed = 2,9; Eu = 3,3; Sb = 2,9; An = 2,5). Die italienische Population Siena mit einer durchschnittlichen Allelzahl von 2,6 und die Population Rhodos mit einer durchschnittlichen Allelzahl von 2,7 lagen hier auch bei den höheren erreichten Werten.

Aufgrund der unterschiedlichen Stichprobengrößen sind die Werte des Allelreichtums A_r hierbei interessant. Eine Vergleichbarkeit zwischen verschiedenen Studien ist aufgrund des Bezugs dieses Parameters auf die kleinste Stichprobengröße der jeweiligen Studie nicht uneingeschränkt möglich. Innerhalb derselben Studie verhilft er jedoch zu einer besseren Vergleichbarkeit.

So zeigten die vier getesteten hessischen Populationen mit einem Mittelwert von 2,7 ($\pm 0,25$) gegenüber den Populationen aus BAKER et al. mit 1,86 ($\pm 0,26$) ein größeres Allelreichtum, während sich die Standardabweichung in beiden Studien weitestgehend ähnlich darstellte.

In den Populationen aus BAKER et al. lagen die Werte der beobachteten Heterozygotie zwischen 0,45 in der italienischen Population Siena und 0,15 in der Population Kanada sowie in der spanischen Population Asturias. Damit erreichten sie einen Mittelwert von 0,28 ($\pm 0,09$). Die beobachteten Heterozygotien der untersuchten hessischen Populationen traten hier mit Werten zwischen 0,42 (Ed) und 0,28 (An), und damit mit einem Mittelwert von 0,3 ($\pm 0,08$), auf. Insgesamt lagen elf der vierundzwanzig Populationen aus BAKER et al. noch unterhalb des niedrigsten hessischen H_o -Wertes der anonymisierten Population.

Die Mittelwerte der erwarteten Heterozygotie der Populationen von BAKER et al. ähneln mit 0,29 ($\pm 0,09$) den mittleren Werten der beobachteten Heterozygotie. Ebenso verhält es sich in den untersuchten hessischen Populationen mit einem Mittelwert von H_E von 0,3 ($\pm 0,06$). In der Population Sababurg zeigte sich hier als einzige der untersuchten hessischen Populationen der H_E -Wert größer als der H_o -Wert. Dies impliziert das Vorliegen eines Heterozygotendefizits, welches durch den einzigen statistisch

signifikanten F_{IS} -Wert der vier untersuchten hessischen Populationen weiter bestätigt wurde.

Im Kontext des Inzuchtkoeffizienten F_{IS} ist zu erwähnen, dass für die Populationen aus BAKER et al. keine Daten zur statistischen Signifikanz der F_{IS} -Werte vorliegen.

Bei den Überlegungen ist zu beachten, dass die ermittelten Werte der von BAKER et al. untersuchten Populationen aufgrund ihres geringen Stichprobenumfangs gegebenenfalls nicht repräsentativ für die Gesamtpopulation sind.

Da es sich, wie bei den vier hessischen Populationen, bei der Studie von REISSMANN et al. (2010) ebenfalls um eine im Gatter lebende deutsche Herde handelte, ist dieser Vergleich mit den untersuchten hessischen Populationen von besonderem Interesse.

Den Daten aus Tab. 17 sowie aus Tab. A 23 im Anhang 9.4 ist zu entnehmen, dass die Gesamttalleanzahl N_A sowie die durchschnittliche Allelzahl pro Mikrosatellit N_a der verglichenen fünf deutschen Gatterwildpopulationen weitestgehend homogen sind.

Die Population Sachsen lag hier mit einem H_o -Wert von 0,32 noch vor der Population Sababurg und der anonymisierten Population. Interessanterweise wies die Population Sababurg, aus welcher die meisten Individuen beprobt wurden, mit 0,21 den geringsten Wert der beobachteten Heterozygotie auf. Auch hier traten alle fünf der beprobten deutschen Populationen mit einer geringen Streuung in diesen Werten auf.

Die Werte des Inzuchtkoeffizienten F_{IS} sowie dessen Signifikanz sind nur für die hessischen Populationen bekannt. In der Population Sababurg zeichnete der Inzuchtkoeffizient mit seinem statistisch signifikanten Wert von 0,206 ein Heterozygotendefizit ab, welches weiterführend durch den niedrigen H_o -Wert und den im Vergleich dazu höheren H_E -Wert bestätigt wurde.

In der Population Eulbach zeigte der negative statistisch signifikante F_{IS} -Wert hingegen einen Heterozygotenüberschuss an, welcher im Einklang mit dem höchsten erreichten H_o -Wert steht.

Im Vergleich mit den vier hessischen Populationen reihte sich die Population Sachsen an dritter Stelle nach den Daten der Populationen Edersee und Eulbach sowie vor der Population Sababurg und der anonymisierten Population ein.

Trotz der signifikanten Differenz hinsichtlich der Populationsgrößen erreichten die anonymisierte Population aus Hessen und die Population Vorpommern von POETSCH et al.

(2001) eine Gesamtallelanzahl von jeweils Zwölf sowie eine durchschnittliche Allelzahl von 2,4 (Tab. 19 und Tab. A 23, Anhang 9.4). Damit wiesen diese Populationen die geringsten Werte auf. Die Population Eulbach trat hier mit einer Allelzahl von nur 19 und einem N_A -Wert von 3,8 mit den höchsten gemessenen Werten auf.

In der beobachteten Heterozygotie unterschieden sich die anonymisierte und die von POETSCH et al. getestete Population voneinander. Hier erreichte die anonymisierte Population mit 0,22 den geringsten Wert, während die Population Vorpommern mit 0,38 den zweithöchsten Wert zeigte. Die Population Edersee trat mit dem höchsten H_o -Wert von 0,44 auf.

Aus der Population Vorpommern ist der Wert der erwarteten Heterozygotie und des Inzuchtkoeffizienten F_{IS} nicht angegeben.

Wie im Vergleich mit der Quelle REIßMANN et al. (2010) zeigten sich die beiden Populationen Eulbach und Sababurg mit statistisch signifikanten Werten. Hier präsentierte sich die Population Eulbach wiederholt mit einem negativen F_{IS} -Wert und folglich mit einem Heterozygotenüberschuss, der durch den höchsten erreichten H_o -Wert weiter bestätigt wurde. Die Population Sababurg trat ebenfalls, wie im Vergleich mit BAKER et al. und REIßMANN et al., mit einem positiven F_{IS} -Wert und folglich einem Heterozygotendefizit auf.

In der italienischen Population von SCANDURA (2004) wurde trotz der im Vergleich zu den untersuchten hessischen Populationen doppelt so großen getesteten Populationsgröße nicht eine ebenso große Differenz in den Allelzahlen festgestellt (Tab. 21 sowie Tab. A 23, Anhang 9.4). Hier zeigte die Population von SCANDURA mit 28 gefundenen Allelen und einer durchschnittlichen Allelzahl pro Mikrosatellit N_a von 3,5 zwar die höchsten Werte, jedoch lag die Population Eulbach mit 25 Allelen und einem N_a -Wert von 3,1 bei einer Stichprobengröße von 44 Tieren nur knapp dahinter.

Auch bei der beobachteten Heterozygotie H_o wies die italienische Population von SCANDURA mit 0,35 den höchsten Wert auf. Den geringsten Wert erreichte die Population Sababurg mit 0,21.

Die Werte des Inzuchtkoeffizienten F_{IS} sind für die Population Italien nicht gegeben, jedoch lag die beobachtete Heterozygotie H_o geringfügig unter dem Wert der erwarteten Heterozygotie H_E , was auf ein Heterozygotendefizit hindeutet.

Erneut passen die Werte der beobachteten gegenüber der erwarteten Heterozygotie zu dem einzigen statistisch signifikanten F_{IS} -Wert von 0,119 der Population Sababurg. In dieser Population lag, wie auch schon in den Vergleichen mit den Populationen von BAKER et al. (2017), REIßMANN et al. (2010) und POETSCH et al. (2001), ein Heterozygotendefizit vor.

Im Vergleich mit der italienischen Population zeigten sich die vier hessischen Populationen in den berechneten populationsgenetischen Parametern mit etwas geringeren Werten. Es ist jedoch erneut anzumerken, dass es sich in der isolierten Betrachtung dabei weiterhin um keine hohen Werte handelt.

Neben den Vergleichsstudien von BAKER et al. (2017), REIßMANN et al. (2010), POETSCH et al. (2001) und SCANDURA (2004) bestätigen auch die verschiedenen in Kapitel 2.3.2 aufgeführten Studien eine grundsätzlich geringe genetische Diversität des heutigen Damwilds, die sich mit den populationsgenetischen Ergebnissen der vier hessischen Damwildpopulationen dieser Dissertation deckt.

Alle sechs der deutschen beprobten Populationen, bestehend aus den vier hessischen und den beiden Populationen von REIßMANN et al. sowie POETSCH et al., traten dabei mit für Damwild überdurchschnittlichen Werten der durchschnittlichen Allelzahl pro Mikrosatellit und der beobachteten Heterozygotie auf, sowohl im europäischen als auch im internationalen Vergleich. Die vergleichsweise überdurchschnittlichen Werte sind allerdings auch hier aufgrund des geringen Grundniveaus der populationsgenetischen Parameter bei Damwild zu relativieren.

Es zeigten sich hier keine signifikanten Unterschiede zwischen der von POETSCH et al. beprobten freilebenden Population und den vier hessischen Gatterwildpopulationen.

Für den weiteren Vergleich kann die Damwildpopulation San Rossore aus Italien herangezogen werden, welche zwar in menschlicher Obhut, jedoch in einem größeren Habit weitestgehend autark existiert. Die Population San Rossore wurde sowohl von BAKER et al. als auch von SCANDURA untersucht. Sie wies in beiden wissenschaftlichen Studien Werte der beobachteten und erwarteten Heterozygotie entsprechend denen der untersuchten hessischen Populationen auf.

Die von BAKER et al. beprobten Parkwildpopulationen aus England wichen ebenfalls nicht signifikant von den Werten der in derselben Studie untersuchten freilebenden

Populationen ab. Hier sind allerdings Limitationen, wie ein geringer und unterschiedlicher Stichprobenumfang der einzelnen Populationen, zu berücksichtigen.

5.1.2.2 Keine signifikanten Auswirkungen von Inzuchtdepression

Den referenzierten Literaturstudien zu den populationsgenetischen Parametern gegenüber stehen verhältnismäßig wenig Studien zu Untersuchungen der Auswirkungen von Inzuchtdepression in Damwildpopulationen (BAKER et al., 1979; CHAPMAN und HARRIS, 1992). SMITH (1979), UECKERMANN und HANSEN (1983), PEMBERTON und SMITH (1985), HARTL et al. (1986) sowie REIßMANN (2017) beobachten in ihren Untersuchungen keine oder nur sehr geringe morphologische Anzeichen von Inzuchtdepression in Damwildpopulationen.

Um eine signifikante Aussage über den Stand der Inzuchtdepression und ihre Ausprägungen in den rezenten Damwildpopulationen treffen zu können, sind zunächst weitere breitgefächerte und tieferegehende Studien erforderlich. Das als gering beschriebene Auftreten von Inzuchtdepression in Damwildherden kann eine Auswirkung der natürlichen Selektion rezessiver schädlicher Mutationen darstellen (FRANKEL und SOULÈ, 1981; FRANKHAM et al., 2012g; CABALLERO et al., 2017). Der Vorgang der Purgings wird bei vielen der aus kleinen Gründerpopulationen entstandenen Populationen sowie bei isolierten Populationen mit einer geringen Populationsgröße als Ursache für deren Fortbestehen angesehen. Hierzu gehören beispielweise Studien des Davidshirsches (HEDRICK, 1992; ZHU et al., 2018), des Insel-Graufuchses (ROBINSON et al., 2018; VAN DER VALK et al., 2021), des Königstigers (KHAN et al., 2021), des Wisents (OLECH, 2023) oder auch der Tana-Flusspappel (CHEN et al., 2020).

Eine organisierte Betreuung unter menschlicher Führung und der ursprüngliche genetische Pool, wie beispielsweise der enthaltene Anteil schädlicher Mutationen, sind hier ausschlaggebend (WHITEHEAD, 1978; RALLS et al., 1979; BALLOU und RALLS, 1982).

Von den vier untersuchten hessischen Populationen kam nur die anonymisierte Population mit einer vom *NeEstimator* berechneten effektiven Populationsgröße von 49 an den von FRANKLIN angesetzten Wert der 50/500-Regel heran. Die ermittelten Werte der verbleibenden drei hessischen Populationen lagen hingegen weit vom angestrebten Schwellenwert von $N_e = 100$, bei dem ein Rückgang der Fitness kurzzeitig noch

ausgeglichen werden kann (FRANKHAM et al., 2014b), sowie von der von FRANKLIN (1980) aufgestellten 50/500-Regel entfernt. Es ist unwahrscheinlich, dass die meisten Spezies in ihrer natürlichen Umgebung eine solche Populationsgröße erreichen können (CHAPMAN, 2010), weshalb diese Grenzwerte nicht grundsätzlich für alle Populationen uneingeschränkt vorausgesetzt werden können.

In Bezug auf die effektiven Populationsgrößen von 500 oder 1000 Tieren, welche benötigt würden, um das evolutionäre Potential auf Dauer zu erhalten, waren alle vier untersuchten hessischen Populationen von diesen Größen weit entfernt.

Trotz der relativ geringen Steigerung der Inzucht in der anonymisierten Population von knapp 1 % ist nach FRANKHAM et al. (2014b) bei einer Inzuchtrate über Null grundsätzlich mit einer abnehmenden Fitness zu rechnen. Zum Zeitpunkt der Probenahme der vorliegenden Arbeit stellt sich die anonymisierte Population im Hinblick auf die genetische Diversität vergleichsweise stabil dar. Die geringe beobachtete Heterozygotie beispielsweise gibt jedoch einen Hinweis auf eine zukünftig mögliche Inzuchtproblematik.

In der Population Sababurg zeigt sich anhand der ermittelten populationsgenetischen Parameter, wie den signifikanten positiven F_{IS} -Wert oder den hohen prognostizierten jährlichen Anstieg der Inzucht, mit einer bereits existierende und tendenziell weiter steigenden Inzuchtrate.

Für das Management der Population Eulbach sollte, trotz des signifikanten negativen F_{IS} -Wertes und der hohen Werte der beobachteten Heterozygotien, die Erhaltung der genetischen Vielfalt besondere Beachtung finden, da auch hier ein hoher jährlicher Inzuchtzuwachs ermittelt wurde.

In der Population Edersee deuteten die populationsgenetischen Parameter, wie die hohe beobachtete Heterozygotie zum Zeitpunkt der Probenahme, auf eine stabile genetische Diversität hin, welche in den kommenden Jahren erhalten werden sollte. Ein Augenmerk sollte hier ebenfalls auf den jährlichen Inzuchtzuwachs gelegt werden, da dieser geringfügig über der Inzuchtrate der anonymisierten Population liegt.

Trotz der geringen populationsgenetischen Parameter der untersuchten hessischen Populationen wurden keine physischen Auswirkungen einer Inzuchtdepression bei den beprobten Individuen gemeldet. Es ist jedoch anzumerken, dass eine gezielte Abfrage

dieser Information weder auf individueller noch auf Populationsebene durchgeführt wurde.

5.1.2.3 Heterogene Gencluster

In den vier untersuchten hessischen Populationen wurde trotz der geringen Werte der genetischen Vielfalt für jede Population ein signifikant differenzierbares Gencluster festgestellt.

Im Dendrogramm zeigte sich die anonymisierte Population isoliert von den anderen untersuchten Populationen. Auch die Werte von *Jost's D* ergaben, dass die größte genetische Differenzierung zwischen der anonymisierten Population und jeweils den Populationen Eulbach und Edersee auftrat. Dabei ist anzumerken, dass der ermittelte Wert von *Jost's D* über 0,07 einen in der Gesamtheit immer noch sehr geringen Wert darstellt. In den weiteren Parametern der Populationsdifferenzierung stellten sich hingegen die Population Sababurg und die anonymisierte Population als die genetisch differenziertesten dar. Folgt man der von JONES (1997) verwendeten Einteilung von F_{ST} , so zeigte der Vergleich der anonymisierten Population mit der Population Sababurg einen sehr hohen Differenzierungsgrad, während in den Vergleichen mit den anderen beiden untersuchten Populationen ein hoher Differenzierungsgrad vorlag. Zwischen Populationen mit einem sehr hohen Differenzierungsgrad findet kein genetischer Austausch mehr statt (LANG, 2019).

Das Dendrogramm ließ auf eine engere Verbindung der Population Sababurg zur anonymisierten Population schließen als zu den Populationen Eulbach und Edersee. Zu letzteren bestand die jeweils gleiche genetische Distanz. In der Berechnung von *Jost's D* lagen die Werte des Vergleiches der Population Sababurg mit der anonymisierten Population allerdings zwischen denen mit den Populationen Eulbach und Edersee.

Die Population Eulbach trat hierbei als weniger differenziert von der Population Sababurg auf als die Population Edersee. In den anderen Parametern der Populationsdifferenzierung zeigte sich die zweitgrößte genetische Distanz der Population Sababurg zur Population Edersee. Die Populationen Sababurg und Eulbach erschienen wie bei *Jost's D* auch hier als wenig differenziert. Nach der Einteilung von JONES (1997) für F_{ST} liegt neben dem sehr hohen Differenzierungsgrad zwischen der Population Sababurg

und der anonymisierten Population ein ebensolcher zwischen den Populationen Sababurg und Edersee vor. Für den Vergleich der Populationen Sababurg und Eulbach wurde ein hoher Differenzierungsgrad erreicht.

Aus dem Dendrogramm ließ sich eine enge genetische Beziehung der Populationen Eulbach und Edersee ableiten. Diese Annahme wird durch jeden der berechneten Parameter der Populationsdifferenzierung unterstützt, welche durchgehend die geringsten Werte angenommen haben. Der Vergleich dieser beiden Populationen erreichte als einziger in der Einteilung von JONES (1997) einen mittleren Differenzierungsgrad.

Bei der Beurteilung der ermittelten Werten der Populationsdifferenzierung ist zu beachten, dass sowohl F_{ST} als auch $Jost's D$ für biallelische Marker, wie SNPs, entwickelt wurden. Während die Parameter für biallelische Marker Zahlenwerte zwischen Null und Eins erreichen, gelten für multiallelische Marker, wie Mikrosatelliten, bereits Grenzwerte von 0,3 bis 0,5 als eine hochgradige Differenzierung (MEIRMANS und HEDRICK, 2011; KLEIN, 2023).

Die Anmerkung von JOST (2008), dass G'_{ST} sich bei einer hohen Diversität $Jost's D$ annähert, konnte nicht verifiziert werden. In der vorliegenden Arbeit stimmten die Parameter von G'_{ST} mit G_{ST} insofern überein, dass beide Werte die Populationsvergleiche in der gleichen Reihenfolge der Differenzierung bewerten. $Jost's D$ dagegen war die einzige Kennzahl, bei der eine andere Reihenfolge der Populationsvergleiche auftritt. WHITLOCK (2011) merkte an, dass $Jost's D$ ohne die genaue Kenntnis der Mutationsraten keine geeigneten Rückschlüsse auf die Population als Ganzes zulässt. Dies stellt in der vorliegenden Arbeit eine Limitation der erlangten Ergebnisse dar, da diese so nicht als uneingeschränkt gültig zu sehen sind.

Private Allele erhöhen die Allelanzahl und täuschen beim Vergleich der einzelnen Populationen eine erhöhte Allelanzahl vor. Das Auftreten hoher Anzahlen privater Allele in einer Population kann in einem geringen Genfluss begründet und Zeichen einer laufenden Isolation sein (ALLENDORF, 2012). In der vorliegenden Arbeit erreichte die Population Eulbach mit sieben privaten Allelen bei vier Mikrosatelliten die größte Anzahl. Insbesondere im Vergleich zu durchgeführten Rotwildstudien (WELTE, 2014; WILLEMS et

al., 2016; LANG, 2019; REINER et al., 2021) handelt es sich dabei jedoch um eine geringe Anzahl, weshalb im Falle dieser Arbeit die Anzahl der privaten Allele keine Bestätigung einer laufenden Isolation liefern kann. Durch einen größeren Stichprobenumfang oder eine differenziertere Auswahl an Individuen könnte die Anzahl der entdeckten privaten Allele gesteigert werden.

Bei der AMOVA zeigte sich der Erwartungshaltung entsprechend eine höhere Prozentzahl (24,1 %) der Unterschiede zwischen den Populationen als zwischen den Individuen innerhalb einer Population (4,5 %). Der Unterschied lässt sich durch die präventive Strukturierung in die vier Subpopulationen Edersee, Eulbach, Sababurg und in die anonymisierte Population erklären. Gleichzeitig zeigte sich, dass die einzelnen Populationen nur einen geringen Prozentsatz zur Differenzierung beitrugen. Die Populationen grenzten sich voneinander ab, während die genetische Diversität zwischen den Individuen der jeweiligen Population gering war.

JOMBART et al. (2010) sprechen sich aufgrund der sensibleren Darstellung komplexer genetischer Modelle, im Vergleich zur Analyse mittels der Bayesischen Clustermethode von *Structure*, für die Verwendung einer DAPC aus. Durch die Maximierung der Variation zwischen den Gruppen und der Minimierung der Variationen innerhalb dieser lassen sich Gruppenunterschiede präziser darstellen.

In der vorliegenden Arbeit entsprachen die Ergebnisse der DAPC im Allgemeinen den Ergebnissen der *Structure*-Analyse.

Aus der Population Edersee stammten die meisten Individuen, bei denen eine genetische Verbindung zu den verbleibenden Populationen gefunden wurde. Jedoch handelte es sich nicht um einen signifikanten Anteil des Stichprobenumfangs. Vor allem zur Population Eulbach scheint eine frühere Beziehung bestanden zu haben, da ein Individuum in der DAPC (Ed-011) bzw. vier Individuen in der *Structure*-Analyse (Ed-001, Ed-005, Ed-011 und Ed-012) mit dem genetischen Hauptanteil dem Cluster der Population Eulbach zugeordnet wurden. Im Fall von Ed-005 zeigte sich zudem eine knapp 18%ige Verbindung zur anonymisierten Population und bei Ed-011 eine Überschneidung von 25 % mit dem Cluster der Population Sababurg. Bis auf Ed-011, welches bereits zwei Jahre alt war, handelte es sich hierbei um einjähriges Damwild, was eine frühere Translokation der

Vorfahren wahrscheinlicher macht (Tab. A 2, Anhang 9.3). Insbesondere das Alter der in der Population Edersee geborenen Jungtiere und die unterschiedlichen Anteile der genannten Individuen am Genpool der Population Edersee sprechen für eine vorangegangene Verbindung zwischen den Populationen Edersee und Eulbach.

Das Dendrogramm deutete eine genetische Nähe der Populationen Edersee und Eulbach an, welche sich in den Berechnungen der Populationsstrukturen nicht darstellte. Die Population Eulbach zeigte sich in der DAPC sowie in der *Structure*-Analyse ohne signifikante Überschneidungen in andere Cluster und damit vollständig isoliert. Lediglich ein Individuum in der DAPC (Eu-007 mit 86,8 %) bzw. zwei Individuen in der *Structure*-Analyse (Eu-032 mit 48,3 %, Eu-044 mit 45,4 %) wurden dem Cluster der Population Sababurg zugeordnet. Aufgrund des Alters von sechs und sieben Monaten handelt es sich bei den Individuen Eu-032 und Eu-044 wahrscheinlich um eine frühere Verbindung zwischen diesen Populationen (Tab. A 3, Anhang 9.3). Des Weiteren wies Eu-044 einen genetischen Anteil von knapp 16 % am Cluster der Population Edersee auf, was für einen durchgeführten Austausch in der familiären Vergangenheit dieses Individuums spricht. Bei Eu-007 handelt es sich um eine Stangenprobe, was auf einen Damhirsch schließen lässt. Das genaue Alter ist jedoch nicht bekannt, wodurch weitere Rückschlüsse nicht zugelassen werden können.

Die Population Sababurg erschien in den durchgeführten Analysen ebenfalls isoliert. Anzumerken sind hierbei die beiden Individuen Sb-019 und Sb-054, die sowohl in der DAPC als auch in der *Structure*-Analyse eine nahezu 100%ige genetische Übereinstimmung in das Cluster der Population Eulbach aufwiesen. Dies spricht für eine vorangegangene Translokation dieser beiden Tiere von der Population Eulbach in die Population Sababurg.

Der Tierpark Sababurg besitzt verschiedene Herden Damwild, darunter auch eine bestehend ausschließlich aus weißen Tieren. Die beiden einzigen Tiere, bei denen eine weiße Fellfarbe notiert wurde, sind die beiden oben erwähnten Proben Sb-019 und Sb-054. Es ist also möglich, dass ein Austausch dieser Tiere aufgrund ihrer Fellfarbe stattfand. Auch das Alter von vier bis fünf Jahren der Probe Sb-019 bzw. sieben Jahren der Probe Sb-054 spricht für die Hypothese einer Translokation (Tab. A 4, Anhang 9.3).

Die anonymisierte Population erschien in den Berechnungen der Populationsstrukturen wiederholt vollkommen isoliert. Lediglich das Individuum An-002 wies in der *Structure*-Analyse mit 58,3 % eine Verbindung zur Population Eulbach auf. Da es sich dabei um ein in der anonymisierten Population geborenes Kalb handelte (Tab. A 5, Anhang 9.3), spricht dies für eine Verbindung einer vorangegangenen Generation dieser beiden Populationen. Die Ergebnisse der populationsgenetischen Untersuchungen stehen im Einklang mit der mitgeteilten Information der Verantwortlichen dieser Population, dass seit dem Jahr 1970 kein genetischer Austausch mehr durchgeführt wurde.

Die anfangs formulierte Hypothese einer isolierten Entwicklung der vier untersuchten Populationen wird somit durch die vorliegenden Berechnungen und Parameter verifiziert. Diese distinkte Unterscheidung der genetischen Cluster kam mit hoher Wahrscheinlichkeit durch die seit Jahrzehnten bestehende und unter menschlicher Führung weitestgehend isolierte Haltung zustande.

Trotz der vordergründigen Isolation der untersuchten Populationen ergaben die ermittelten Daten der vorliegenden Arbeit auch Hinweise auf genetische Verbindungen untereinander. Durch die geografische Nähe ist die Möglichkeit eines genetischen Austausches zwischen den einzelnen Populationen, vermutlich unter menschlicher Aufsicht, gegeben.

5.2 Bewertung der Methoden

5.2.1 Probenmaterial und -Umfang

In den unter Kapitel 2.3.1 erwähnten Veröffentlichungen wurde die DNA aus Gewebe-, Knochen- und Blutproben gewonnen.

In der vorliegenden Untersuchung erfolgte die DNA-Isolierung sowohl aus Abwurfstangen als auch aus Gewebeproben. Dabei bietet die Gewinnung der Proben aus Abwurfstangen den Vorteil, dass kein Damwild hierfür erlegt werden muss. So besteht die Möglichkeit, ein Tier mit seltenen Allelen, welche zur genetischen Vielfalt beitragen, zu identifizieren und zu schonen. Ein Nachteil dieser Methode ist die Notwendigkeit, Bohrproben aller gesammelten Abwurfstangen zu nehmen. Da in den meisten Fällen die Stangen nicht eindeutig als Paare zugeordnet werden können, lässt sich so verhindern,

dass ein Individuum nicht beprobt wird. In der Konsequenz ergeben sich hierbei Duplikate, welche bei der späteren Auswertung aussortiert werden müssen.

Ein weiterer Aspekt ist die nicht vollständig durch die Verfasserin dieser Arbeit durchgeführte Probenahme. Lediglich die Bohrproben der Abwurfstangen wurden selbstständig durchgeführt. Die Entnahme der Gewebeproben hingegen wurde von den Mitarbeitern der einzelnen Parks ausgeführt. Eine fehlerhafte Entnahme beziehungsweise Dokumentation der Probenahme ist daher nicht vollständig auszuschließen. Dieses Risiko konnte jedoch durch eine Standardisierung der Entnahme auf Grundlage der methodisch wissenschaftlichen Anleitung in Kapitel 3.2.1 mitigiert werden.

REINER et al. (2019) stellten bei einer an Rotwild durchgeführten Studie fest, dass eine Stichprobengröße von mindestens 60 Tieren notwendig ist, um eine repräsentative Aussage über die genetische Situation der beprobten Population treffen zu können. Nach dem Aussortieren unregelmäßiger Peaks und aufgetretener Duplikate blieb die Stichprobengröße in drei der getesteten Populationen unter diesem Wert. Der Median über alle Populationen lag bei knapp 57 Proben. Die einzelnen Stichprobengrößen lagen jedoch deutlich über dem Minimalwert von 30 Tieren, bei dem von REINER et al. ein signifikanter Einfluss auf die populationsgenetischen Parameter festgestellt wurde.

Dennoch ergibt eine größere Stichprobenanzahl als die hier resultierende eine größere statistische Signifikanz und damit eine verbesserte Aussagekraft über die tatsächliche Situation der beprobten Population.

5.2.2 Mikrosatelliten

Die verwendeten Mikrosatelliten wurden so gewählt, dass ein Vergleich mit den Ergebnissen der in Kapitel 2.3.1 aufgeführten Veröffentlichungen möglich war.

Es wurden die Mikrosatelliten bevorzugt, welche in mehreren wissenschaftlichen Arbeiten verwendet wurden. Bei einer Gegenüberstellung mit anderen Studien ist auf die Verwendung der gleichen Mikrosatelliten zu achten, um eine Vergleichbarkeit zu gewährleisten.

Einige Mikrosatelliten mussten ausgeschlossen werden, da sie keine oder ungenügende Amplifikationsprodukte hervorbrachten (Nullallele). Bei künftigen Untersuchungen könnte es durch eine neue Auswahl an Mikrosatelliten möglich sein, die Aussagekraft der Ergebnisse weiter zu steigern.

Des Weiteren ist zu beachten, dass speziesfremde Primer bei Verwendung in Untersuchungen nicht eng verwandter Spezies weniger Variationen aufdecken können. Die Auswahl der in der vorliegenden Arbeit verwendeten Mikrosatelliten wurde durch die ausgewählten Literaturquellen bestimmt. Jedoch handelt es sich dabei zumeist um nah mit dem Damwild verwandte Spezies, wie Rotwild, Rentier oder das Hausrind.

Wie die Genotyp-Akkumulationskurve zeigt, war die Anzahl der getesteten Mikrosatelliten angemessen gewählt. Laut REINER et al. (2019) tritt bei der Verwendung von mindestens 16 Mikrosatelliten die geringste Fluktuation in den populationsgenetischen Parametern auf.

Durch die Auswahl der anfangs 26 Mikrosatelliten wurde die Aussortierung von Mikrosatelliten während der Datenerhebung kompensiert. Es waren dadurch weiterhin ausreichend Mikrosatelliten vorhanden, um distinkte MLGs zu erhalten und aussagekräftige Berechnungen durchzuführen.

Der Mikrosatellit RT23 musste aufgrund unregelmäßiger Peaks von den Berechnungen ausgeschlossen werden, ebenso wie die Mikrosatelliten RT9, OarFCB48, BM6444 und BJAB1, welche sich in mindestens drei der untersuchten Populationen als monomorph präsentierten. Diese Mikrosatelliten sollten bei weiteren wissenschaftlichen Arbeiten trotzdem in Erwägung gezogen werden, da andere Populationen sowie Stichprobenmengen und -größen dennoch verwertbare Ergebnisse liefern könnten.

5.2.3 Labormethoden und Berechnungen

Eine mögliche Fehlerquelle findet sich in den drei verschiedenen Methoden, welche bei der DNA-Messung Verwendung fanden. Die jeweilige Auswahl der Methode richtete sich dabei nach der zu diesem Zeitpunkt zu testenden Probenanzahl. Für die Bearbeitung der letzten Proben wurde die neu im Labor etablierte Methode der Messung mittels Fluorometer eingesetzt. Letztlich wurden alle Proben jedoch auf die gleiche

Konzentration von 1 ng/ μ l verdünnt, sodass die ursprüngliche Messmethode eine vernachlässigbare Fehlerquelle darstellt. Menschliche Fehler in der Berechnung der Verdünnungsansätze, sowohl bei der Proben-DNA-Konzentration als auch bei den Primerlösungen, sind jedoch nicht vollständig auszuschließen.

Die Methode der Kapillarsequenzierung selbst kann ebenfalls eine Fehlerquelle darstellen. Mit einer geringfügigen Verschiebung der Peaks durch die Beschaffenheit des Gels und der äußeren Umstände ist während der Messung bei jedem Lauf zu rechnen.

Um eine Vergleichbarkeit der Ergebnisse zu gewährleisten, wurde jedem Lauf im Kapillarsequenzierer die Probe Sb-003 als Standardprobe zur Kontrolle hinzugefügt und die Ergebnisse vor den weiteren Berechnungen daran gemittelt.

5.3 Implikationen und Empfehlungen

Mit Abschluss der vorliegenden Arbeit werden folgende Empfehlungen hinsichtlich der Probenahme, der Auswahl der Mikrosatelliten und der Stichprobengröße ausgesprochen sowie folgende populationsgenetische Implikationen hinsichtlich der genetischen Diversität der untersuchten hessischen Damwildpopulationen abgeleitet:

Die Probenahme aus Geweihen ist generell vorzuziehen, da sie mit einem geringeren Stress für die Tiere verbunden ist. Zusätzlich können auf diese Weise sich als genetisch wertvoll präsentierende Tiere geschützt werden.

Um einen möglichst großen Stichprobenumfang zu gewährleisten, empfiehlt sich aufgrund der limitierten Anzahl an Geweihabwürfen pro Saison, die Probenahme mit einer entsprechend langen Vorlaufzeit zu planen. Daten zu freilebenden Populationen sollten dabei grundsätzlich immer im Anschluss jeder erfolgreichen Jagd gesammelt werden. Bei Gatterwild oder Populationen in Zoos und Tierparks ist es unter Umständen möglich, Blut- und Gewebeproben der lebenden Tiere zu sammeln. Auch hier sollte eine Probenahme an aus der Population entnommenen Tieren durchgeführt werden. Hierbei sind Ort und Zeitpunkt der Beprobung exakt festzuhalten, weil über die Zeit erhebliche Drift zu erwarten ist.

Um sich der Meinung von GERMAIN-AUBREY et al. (2016) anzuschließen:

In jeder Studie, bei der Mikrosatelliten eingesetzt werden, sollten ein oder zwei Individuen je Population vollständig sequenziert werden. Dies ermöglicht ein genaueres Design der Primer, welches wiederum das Entstehen von Nullallelen reduziert. Dies ist dahingehend hilfreich, dass der Großteil der verwendeten Mikrosatelliten bei Damwild speziesübergreifend eingesetzt wird.

Für weitere Untersuchungen von Damwild bietet sich insbesondere der Mikrosatellit NVHRT21 an, da er in dieser Arbeit mit Abstand die höchste Allelzahl aufgewiesen hat. Weiterhin bieten sich die Mikrosatelliten BTJAB1, CSSM014 und ETH2 an, die in den wissenschaftlichen Arbeiten der Literaturquellen ebenfalls für Damwild verhältnismäßig hohe Allelzahlen erreichten.

POETSCH et al. empfehlen die Verwendung der Mikrosatelliten RT6, RT9, RT27 und RT30 bei Studien über Damwild. Der Mikrosatellit RT9 stellte sich allerdings in dieser Arbeit in den hessischen Populationen als monomorph dar. Die Mikrosatelliten RT9, RT27 und RT30 erreichten mit zwei bzw. drei Allelen für diese Studie durchschnittliche Allelzahlen.

Der damwildspezifische Mikrosatellit DAM17a sollte trotz seiner geringen populationsgenetischen Werte in Betracht gezogen werden. Dieser Mikrosatellit wurde noch nicht ausreichend in wissenschaftlichen Untersuchungen eingesetzt, um ihn kategorisch ausschließen zu können.

Der Ausschluss monomorpher Mikrosatelliten führt zwangsläufig zu veränderten Ergebnissen der durchgeführten Analysen. Wie sich gezeigt hat, sollten monomorphe Mikrosatelliten anderer Studien bei wissenschaftlichen Arbeiten zu Damwild in Betracht gezogen werden. Da hier grundsätzlich mit geringen Allelzahlen gerechnet werden muss, würden sonst vorschnell Mikrosatelliten ausgeschlossen. Dies gilt ebenso für die in dieser Arbeit monomorphen Mikrosatelliten, wie der oben genannte RT9.

Es ist bei allen Ergebnissen zu bedenken, dass diese maßgeblich durch die Stichprobengröße, die gewählten Mikrosatelliten und deren Anzahl beeinflusst werden. Es besteht ein enger logarithmischer Zusammenhang zwischen der Stichprobengröße, der absoluten Allelzahl und dem *F*-Wert, vor allem bei einem Stichprobenumfang von

unter 30 Individuen. Die anderen populationsgenetischen Parameter hingegen werden weniger von der Stichprobengröße beeinflusst (LANG, 2019).

Mit gesteigerter Anzahl der Mikrosatelliten und einer größeren Stichprobe wird die Wahrscheinlichkeit der Entdeckung seltener oder gar privater Allele erhöht und damit die beobachtete Heterozygotie gesteigert, während die F_{IS} -Werte gleichzeitig gesenkt werden.

Auch die in dieser Arbeit aufgeführten privaten Allele der Mikrosatelliten müssen immer unter dem Gesichtspunkt der Stichprobengröße betrachtet werden. Eine höhere oder schlichtweg andere Zusammensetzung des Stichprobenumfangs sowie die Einbeziehung zusätzlicher Populationen würde unter Umständen neue private Allele aufdecken oder einige aus dieser Kategorie entfernen, da sie auch in anderen Populationen entdeckt würden.

Bei einer Stichprobengröße von über 100 Individuen wurde eine deutlich höhere genetische Variabilität beobachtet (KINSER und HERZOG, 2008), weshalb ein größerer Stichprobenumfang grundsätzlich erstrebenswert ist. Bei Gatter- oder Parkwild, wie in dieser Arbeit, ist eine solche Stichprobengröße jedoch nur über einen entsprechend langen Zeitraum zu realisieren. Für eine vergleichende Analyse ist jedoch eine zumindest ungefähr gleiche Stichprobengröße von Vorteil, um die Limitationen im Vergleich der populationsgenetischen Parameter zu minimieren. Die von REINER et al. (2019) vorgeschlagene Stichprobengröße von mindestens 60 Tieren wurde in den getesteten hessischen Populationen größtenteils nicht erreicht. Auch in den Vergleichsstudien wiesen nur die Studien von REIßMANN et al. (2010) und SCANDURA (2004) einen ausreichend großen Stichprobenumfang auf. Vor allem die geringen Stichprobengrößen der Populationen aus der Studie von BAKER et al. (2017) sind im Hinblick auf die Aussagekraft der populationsgenetischen Parameter kritisch zu betrachten.

Zudem sollte bei einem Vergleich zwischen unterschiedlichen Studien unbedingt auf die Verwendung derselben Mikrosatelliten geachtet werden, wie REINER et al. (2019) in ihrer Studie betonen. Dies wurde in dieser Dissertation durch die gezielte Auswahl der Mikrosatelliten und eine individuelle Berechnung für jede der herangezogenen Literaturquellen umgesetzt. Kritisch anzumerken ist die in allen der zum Vergleich herangezogenen Studien zu geringe Anzahl der verwendeten Mikrosatelliten. Eine Anzahl

von mindestens sechszehn Mikrosatelliten ist anzustreben, um die Schwankungen der populationsgenetischen Parameter so gering wie möglich zu halten. Die zum Vergleich herangezogenen Studien verwendeten allerdings lediglich sieben bis zwölf polymorphe Mikrosatelliten (siehe Kapitel 2.3.1).

Vor dem Hintergrund der geringen Stichprobengrößen und geringen Anzahl der Mikrosatelliten ist die Aussagekraft der Ergebnisse der vorliegenden Arbeit in den Vergleichen mit den Populationen der Literaturquellen als nicht uneingeschränkt zu bewerten.

Die Aussagekraft des Vergleichs der vier untersuchten Populationen innerhalb Hessens ist davon in einem geringeren Ausmaß betroffen, da hier eine ausreichende Anzahl an Mikrosatelliten und eine größere Stichprobenmenge verwendet wurden.

Werden freilebende Populationen untersucht, sollten etwaige natürliche oder menschengemachte Hindernisse in Bezug auf mögliche Migrationswege in die Betrachtung miteinbezogen werden. WEBLEY et al. (2007) stellten beispielsweise Gencluster in australischen Damwildpopulationen fest, welche mit der Barriere einer Straße und Siedlungen einhergingen.

Die vier untersuchten Populationen präsentierten sich in der vorliegenden Arbeit trotz der geringen populationsgenetischen Werte und der deutlichen Isolation als relativ stabile Kleinpopulationen. Eine Auffrischung der genetischen Diversität kann unter Risikogesichtspunkten daher nicht uneingeschränkt als Empfehlung ausgesprochen werden und wäre nur mit entsprechender Sorgfalt zu erwägen und zu planen. Da ein genetischer Austausch mit anderen Damwildpopulationen die Gefahr eines Eintrages schädlicher Genvarianten in die ansonsten stabile Population birgt, müssten vor einer solchen Unternehmung weitere Untersuchungen zur Fruchtbarkeit und Vitalität getätigt werden. Dadurch könnte eine signifikante Aussage zu einer eventuell vorliegenden Inzuchtdepression sowohl der Empfänger- als auch der Spenderpopulation getroffen werden, um einen populationsgenetischen Mehrwert abwägen zu können. Ein Austausch sollte prinzipiell nur zwischen zwei stabilen Populationen ohne Vorliegen einer Inzuchtdepression erfolgen.

Des Weiteren sollte auf möglichst hohe Werte der Heterozygotie geachtet werden. So kann der Heterosis- und Überdominanzeffekt für die Maximierung der Fitness verwendet werden (BARRETT und CHARLESWORTH, 1991; CHARLESWORTH und CHARLESWORTH, 1999; WRIGHT et al., 2008; CHARLESWORTH und WILLIS, 2009; CABALLERO et al., 2017).

Eine Genotypisierung der fraglichen Individuen sowie die Erstellung von Dendrogrammen zur Vermeidung ungünstiger Verpaarungen kann als Entscheidungshilfe bei der Zuchtauswahl dienlich sein. Eine solche auf Mikrosatelliten gestützte Auswahl findet bereits in vielen Zuchtlinien, sowohl bei Tier- als auch bei Pflanzenspezies, ihre Anwendung (WRIGHT und BENTZEN, 1994; AYRES et al., 1997; WEISING et al., 1998; LI et al., 2001; SUWATTANA et al., 2010; KUMAR et al., 2015; MA et al., 2020; CHEN et al., 2021; YAMAMOTO, 2021; GUO et al., 2022; COLEMAN et al., 2023; GOGOI et al., 2023; KUMAR et al., 2023; FANDADE et al., 2024). Ihr genomweites Auftreten und ihr hoher Informationsgehalt rechtfertigen ihren wissenschaftlichen Einsatz (WEISING et al., 1998; SCHLÖTTERER, 2004). Hierbei sind jedoch auch Limitationen hinsichtlich ihrer Anwendung, wie die entstehenden Kosten und ihre Verfügbarkeit, zu nennen.

Es empfiehlt sich, für weitere wissenschaftliche Arbeiten Auffälligkeiten hinsichtlich der genetischen Fitness zum Zeitpunkt der Probennahme zu dokumentieren, um die ermittelten populationsgenetischen Ergebnisse ihren tatsächlichen Auswirkungen gegenüberstellen zu können.

Zusammenfassend ist auf Grundlage der ermittelten Daten der populationsgenetischen Parameter sowie der Populationsdifferenzierungen und -strukturen eine getrennte Entwicklung und laufende Isolierung der einzelnen hessischen Populationen, trotz der vereinzelt genetischen Austausch, als wahrscheinlich anzusehen.

Die noch bestehende genetische Diversität sollte erhalten und gefördert werden, um auch langfristig gesunde Damwildherden in Hessen gewährleisten zu können.

6 Zusammenfassung

Damwild war während seiner Entwicklungsgeschichte auf dem ganzen europäischen Kontinent vertreten. Nach seinem Aussterben während der letzten Eiszeit im Großteil dieser Gebiete bevölkerte es schrittweise unter menschlichem Einfluss seine ehemaligen Verbreitungsgebiete erneut. Heutzutage sind Damwildpopulationen wieder weltweit anzutreffen.

Die vorliegende Dissertation beschäftigte sich mit dem heutigen Stand der genetischen Variationen in vier hessischen Damwildpopulationen und verglich die Ergebnisse dabei sowohl untereinander als auch mit den Ergebnissen anderer Literaturstudien zu Damwild.

In dieser Studie wurden hierfür sowohl Stangen- als auch Gewebeproben aus vier hessischen Populationen gewonnen und deren populationsgenetische Kennzahlen sowie die Kennzahlen der einzelnen verwendeten Mikrosatelliten ermittelt.

Die Populationen aus dem WildtierPark Edersee, dem Englischen Garten zu Eulbach, dem Tierpark Sababurg und einer anonymisierten Population wurden mit 25 Mikrosatelliten getestet. Nach Ausschluss der Multilokus-Genotypen aus den Datensätzen und der in mindestens drei der vier Populationen vorgekommenen monomorphen Mikrosatelliten wurden die verbleibenden 229 Proben mit 20 Mikrosatelliten untersucht und die populationsgenetischen Parameter ermittelt. Hierbei wurde auf das Vorliegen einer Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht getestet sowie Nullallelfrequenzen und private Allele der untersuchten Populationen bestimmt. Des Weiteren wurden populationsgenetische Parameter, wie die Allelzahl, der Allelreichtum, die beobachtete und erwartete Heterozygotie sowie der F_{IS} -Wert, berechnet. Die effektive Populationsgröße wurde dabei sowohl mittels des *NeEstimators* als auch auf Grundlage der demografischen Daten bestimmt. Hinsichtlich der Populationsdifferenzierung wurde mit den Werten F_{ST} , G_{ST} , G'_{ST} , θ und *Jost's D* gearbeitet. Zusätzlich wurden ein Dendrogramm, eine Diskriminanzanalyse der Hauptkomponenten, eine *Structure*-Analyse sowie eine Analyse der molekularen Varianz durchgeführt.

Die Ergebnisse wurden mit Daten aus vier fachliterarischen Arbeiten zur genetischen Diversität bei Damwild, welche sich ebenfalls auf Mikrosatelliten stützen, verglichen.

Deren Daten stammten dabei sowohl aus Deutschland als auch aus anderen europäischen Ländern und Kanada.

Durch die populationsgenetische Untersuchung der Damwildproben konnten folgende Erkenntnisse hinsichtlich der Mikrosatelliten und populationsgenetischen Parameter gewonnen werden:

Die vier untersuchten hessischen Damwildpopulationen zeichneten sich durch eine geringe genetische Vielfalt aus. Mit lediglich neun, acht und sechs Allelen in den vier untersuchten Populationen zeigte der Mikrosatellit NVHRT21 dabei die höchsten Allelzahlen. Im Durchschnitt lagen pro Mikrosatellit lediglich 2,6 Allele in den vier Populationen vor.

Im deutschlandweiten Vergleich zeigte sich in den sechs verglichenen deutschen Populationen ein weitestgehend homogenes Bild mit für die vorliegende Arbeit höheren Werten der verglichenen populationsgenetischen Parameter. Im europäischen und internationalen Vergleich traten die vier untersuchten hessischen Populationen in der genetischen Diversität ebenfalls mit vergleichbaren Werten einer geringen Ausprägung auf. Die Population Sababurg und die anonymisierte Population nahmen dabei zumeist die geringsten Werte an.

In der Population Eulbach zeigte der hohe jährliche Inzuchtzuwachs trotz der hohen beobachteten Heterozygotie eine mögliche Inzuchtproblematik in den kommenden Generationen auf. In der anonymisierten Population sowie in der Population Edersee wiesen die vergleichsweise niedrigen Raten des jährlichen Inzuchtzuwachses auf eine zum Zeitpunkt der Probenentnahme stabile Population hin. Jedoch gab die in der anonymisierten Population geringe beobachtete Heterozygotie einen Anhaltspunkt für zukünftig mögliche Inzuchtproblematiken. Die Population Sababurg zeigte eine zum Zeitpunkt der Erstellung dieser Arbeit bestehende und zukünftig wahrscheinlich noch ansteigende Inzuchtrate, obgleich über alle untersuchten Populationen hinweg keine negativen Auswirkungen einer Inzuchtdepression identifiziert werden konnten.

Trotz der vorherrschenden geringen genetischen Diversität konnte für jede der vier untersuchten hessischen Populationen ein signifikant abgrenzbares Gencluster ermittelt

werden. Bei vereinzelt Individuen wurden genetische Anteile anderer Gencluster identifiziert, die aufgrund des jungen Alters der Tiere mit einem früheren genetischen Austausch zwischen den untersuchten Populationen erklärt werden kann.

Untersuchungen zu den Auswirkungen einer Inzuchtdepression bei Damwild sind in der Fachliteratur nur unzureichend dokumentiert. Die identifizierten Auswirkungen werden dabei oftmals als entweder nicht existent oder vernachlässigbar beschrieben. Die Erhaltung möglichst vieler verschiedener Allelvarianten ist für das Management gesunder Herden dennoch als essentiell zu bewerten. Eine Auffrischung der genetischen Diversität sollte in den vier untersuchten hessischen Populationen aufgrund der Gefahr eines Eintrages schädlicher Genvarianten nur mit großer Sorgfalt erfolgen.

Vor dem Hintergrund der durchgeführten Untersuchungen der vorliegenden Arbeit und der Fachliteratur wird die Empfehlung einer ausreichend großen Anzahl von mindestens 16 verwendeten Mikrosatelliten und eines möglichst großen Stichprobenumfangs von mindestens 60 Individuen ausgesprochen, um die statistische Signifikanz der ermittelten Ergebnisse erhöhen und genauere Rückschlüsse über die Population ableiten zu können. Sollen Vergleiche zwischen verschiedenen Studien gezogen werden, muss sich die Auswahl der Mikrosatelliten an den bereits in diesen Studien verwendeten Markern orientieren.

Obwohl sich die vorliegende Arbeit hinsichtlich der populationsgenetischen Parameter damit weitestgehend in die Ergebnisse der bestehenden Studien einreicht, kann sie dazu beitragen, einen Überblick über den aktuellen Stand der genetischen Diversität des Damwilds zu erlangen und eine Hilfestellung zur Erhaltung der bestehenden genetischen Diversität zu geben. Zusätzlich können für die Durchführung weiterer populationsgenetischer Untersuchungen Empfehlungen hinsichtlich der Methodik, des Probenmaterials und des -Umfangs ausgesprochen werden.

7 Summary

Fallow deer have been present throughout the European continent during its evolutionary history. After its extinction during the last ice age in most of these areas, it gradually repopulated its former ranges under human influence. Nowadays, fallow deer populations can be found worldwide again.

The present dissertation dealt with the current state of genetic variation in four Hessian fallow deer populations and compared the results both with each other and with the results of other literature studies on fallow deer.

In this study, both rod and tissue samples were obtained from four Hessian populations and their population genetic indicators as well as the key figures of the individual microsatellites used were determined.

The populations from the WildtierPark Edersee, the English Garden in Eulbach, the Sababurg Zoo and an anonymised population were tested with 25 microsatellites. After excluding the multilocus genotypes from the datasets and the monomorphic microsatellites present in at least three of the four populations, the remaining 229 samples were examined with 20 microsatellites and the population genetic parameters were determined. The presence of a deviation from the Hardy-Weinberg-Equilibrium was tested and null allele frequencies and private alleles of the investigated populations were evaluated. Furthermore, population genetic parameters, such as the number of alleles, the allele richness, the observed and expected heterozygosity as well as the F_{IS} -value, were calculated. The effective population size was determined using the *NeEstimator* as well as demographic data. With regard to population differentiation, the values F_{ST} , G_{ST} , G'_{ST} , θ and *Jost's D* were used. In addition, a dendrogram, a discriminant analysis of the main components, a *Structure*-analysis and an analysis of molecular variance were performed.

The results were compared with data from four literature papers on genetic diversity in fallow deer, which also rely on microsatellites. Their data came from Germany as well as from other European countries and Canada.

Through the population genetic analysis of the fallow deer samples, the following findings were gained with regard to the microsatellites and population genetic parameters:

The four Hessian fallow deer populations that were examined were characterized by low genetic diversity. With only nine, eight and six alleles in the four populations studied, the microsatellite NVHRT21 showed the highest number of alleles. On average, only 2.6 alleles were present per microsatellite in the four populations.

In a nationwide comparison, the six German populations compared showed a largely homogeneous picture with higher values of the population genetic parameters compared for the present study. In a European and international comparison, the four Hessian populations examined also had comparable values of low expression in terms of genetic diversity. The Sababurg population and the anonymized population mostly assumed the lowest values.

In the Eulbach population, the high annual inbreeding growth despite the high heterozygosity observed showed a possible inbreeding problem in the coming generations. In the anonymized population as well as in the Edersee population, the comparatively low rates of annual inbreeding growth indicated a stable population at the time of sampling. However, the low level of heterozygosity observed in the anonymized population provided an indication of possible inbreeding problems in the future. The population of Sababurg showed an inbreeding rate that existed at the time of writing this study and is likely to increase in the future, although no negative effects of inbreeding depression could be identified across all populations examined.

Despite the prevailing low genetic diversity, a significantly definable gene cluster could be identified for each of the four Hessian populations studied. In isolated individuals, genetic components of other gene clusters have been identified, which can be explained by an earlier genetic exchange between the studied populations due to the young age of the animals.

Studies on the effects of inbreeding depression in fallow deer are insufficiently documented in the specialist literature. The identified impacts are often described as either non-existent or negligible. Nevertheless, the preservation of as many different

allele variants as possible is essential for the management of healthy herds. A refreshment of genetic diversity in the four Hessian populations examined should only be carried out with great care due to the risk of the introduction of harmful gene variants.

Against the background of the investigations carried out in the present work and scientific literature, the recommendation is made of at least 16 microsatellites used and a sample size of at least 60 individuals in order to increase the statistical significance of the results obtained and to be able to draw more precise conclusions about the population. If comparisons are to be made between different studies, the selection of microsatellites must be based on the markers already used in these studies.

Although the present study is largely in line with the results of the existing studies with regard to population genetic parameters, it can contribute to gaining an overview of the current state of genetic diversity in fallow deer and to providing assistance for the preservation of existing genetic diversity. In addition, recommendations regarding the methodology, sample material and sample size can be made for further population genetic investigations.

8 Literaturverzeichnis

- ABEL, O. (1922):** Lebensbilder aus der Tierwelt der Vorzeit. Gustav Fischer, Jena.
- ADAMACK, A. T. und GRUBER, B. (2014):** PopGenReport: simplifying basic population genetic analyses in R. *Methods Ecol Evol*, 5 (4): 384–387. 10.1111/2041-210X.12158.
- AICHINGER, E. und GRIMM, T. (2008):** 100 Jahre Hardy-Weinberg-Gleichgewicht. *Medizinische Genetik*, 20 (3): 276–281. 10.1007/s11825-008-0114-y/medgenetik.de/de/2008/2008_3_276_Aichinger.pdf.
- ALLENDORF, F. W. (2012):** Conservation and the Genetics of Populations. John Wiley & Sons, Incorporated, Newark, UNITED STATES.
- ÁLVAREZ-LAO, D. J., et al. (2013):** Last Interglacial (MIS 5) ungulate assemblage from the Central Iberian Peninsula: The Camino Cave (Pinilla del Valle, Madrid, Spain). *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 374: 327–337. 10.1016/j.palaeo.2013.01.025.
- APOLLONIO, M., et al. (2010):** Ungulates and their management in Italy. In: APOLLONIO M., ANDERSEN R., PUTMAN R. (Hrsg.), *European ungulates and their management in the 21st century*. Cambridge University Press, Cambridge UK, New York, 475–506.
- ARSLANGÜNDOĞDU, Z., et al. (2010):** Development of the population of the European Fallow Deer, *Dama dama dama* (Linnaeus, 1758), in Turkey. *Zoology in the Middle East*, 49 (1): 3–12. 10.1080/09397140.2010.10638383.
- AYRES, N., et al. (1997):** Microsatellites and a single-nucleotide polymorphism differentiate apparent amylose classes in an extended pedigree of US rice germ plasm. *Theor Appl Genet*, 94: 773–781. 10.1007/s001220050477.
- AZANZA, B., DEMIGUEL, D., ANDRÉS, M. (2011):** The antler-like appendages of the primitive deer *Dicrocerus elegans*: morphology, growth cycle, ontogeny, and sexual dimorphism. *Los apéndices tipo asta del ciervo primitivo Dicrocerus elegans: morfología, ciclo de crecimiento, ontogenia y dimorfismo sexual*. *Estudios Geológicos*, 67 (2): 579–602. 10.3989/egeol.40559.207core.ac.uk/reader/154765109.

AZZAROLI, A. (1953): The Deer of the Weybourn Crag and Forest Bed of Norfolk. Bulletin of the British Museum (Natural History) Geology, 2 (1): 3–96. ia800203.us.archive.org/32/items/biostor-118794/biostor-118794.pdf.

AZZAROLI, A. (1992): The cervid genus *Pseudodama* n.g. in the Villafranchian of Tuscany. *Palaeontographica Italica* (79): 1–41.

AZZAROLI, A. (2001): On fossil deer from the Valdarno, Tuscany, Italy - (Comments on a paper by Di Stefano & Petronio). *Neues Jahrbuch für Geologie und Paläontologie Monatshefte*, 3: 168–174. [10.1127/njgpm/2001/2001/168](https://doi.org/10.1127/njgpm/2001/2001/168).

BAKER, et al. (2015): From Icon of Empire to National Emblem: The Fallow Deer of Barbuda, 25th Congress of the International Association of Caribbean Archaeology, 2013, San Juan de Puerto Rico, 336–348.

BAKER, J. R., et al. (1979): Four cases of chondrodystrophy in fallow deer. *The Veterinary Record*, 104 (20): 450–453. [10.1136/vr.104.20.450](https://doi.org/10.1136/vr.104.20.450).

BAKER, K. H., et al. (2017): Strong population structure in a species manipulated by humans since the Neolithic: the European fallow deer (*Dama dama dama*). *Heredity*, 119 (1): 16–26. [10.1038/hdy.2017.11](https://doi.org/10.1038/hdy.2017.11).

BALLOU, J. D. und RALLS, K. (1982): Inbreeding and juvenile mortality in small populations of ungulates: A detailed analysis. *Biological Conservation*, 24 (4): 239–272. [10.1016/0006-3207\(82\)90014-3](https://doi.org/10.1016/0006-3207(82)90014-3)
www.sciencedirect.com/science/article/pii/0006320782900143.

BARKER, R. (1785): An Account of a Stag's Head and Horns, Found at Alport, in the Parish of Youlgreave, in the County of Derby. In a Letter from the Rev. Robert Barker, BD to John Jebb, MDRS. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*, 75: 353–355. ia802900.us.archive.org/6/items/jstor-106762/106762.pdf.

BARRETT, S. und CHARLESWORTH, D. (1991): Effects of a change in the level of inbreeding on the genetic load. *Nature* (352): 522–524. [10.1038/352522a0](https://doi.org/10.1038/352522a0).

BATE, D. M. A. (1937): Note on recent finds of *Dama clactoniana* (*Cervus browni* auctt.) in London and Swanscombe. *Proc. Prehist. Soc.*, 3 (1-2): 460–463. 10.1017/S0079497X00021460.

BATTERSBY, J. (HRSG.). Tracking Mammals Partnership (2005): UK Mammals: Species Status and Population Trends. First Report by the Tracking Mammals Partnership. JNCC/Tracking Mammals Partnership, Peterborough.

BAYGUSHEVA, V. S. und TITOV, V. V. (2013): Large deer from the Villafranchian of Eastern Europe (Sea of Azov Region): Evolution and paleoecology. *Quaternary International*, 284: 110–122. 10.1016/j.quaint.2012.04.001.

BEGLANE, F., et al. (2018): Ireland's fallow deer: their historical, archaeological and biomolecular records. *Proceedings of the Royal Irish Academy: Archaeology, Culture, History, Literature*, 118C: 141–165. 10.3318/priac.2018.118.01core.ac.uk/reader/210584648.

BENECKE, N. (1998): Animal Remains from the Neolithic and Bronze Age Settlements at Kırklareli (Turkish Thrace), *Archaeozoology of the Near East III. Proceedings of the Third International Symposium on the Archaeozoology of Southwestern Asia and Adjacent Areas*, 172–179.

BENECKE, N. (2020): *Wirtschaft und Umwelt früher Bauern in Thrakien. Archäozoologische Studien an Fundmaterialien aus Drama (Bulgarien) und Kırklareli-Aşağı Pınar (Türkei).* Reichert Verlag, Wiesbaden.

BERGFELD, U., et al. (2016): Untersuchungen zur Identifizierung und Wachstumsentwicklung von Damwild in einem Versuchsgatter. Basis für eine züchterische Bearbeitung?

BERGSTRÖM, R. und DANELL, K. (2009): Trenden tydlig. Mer vilt idag än för 50 år sen. *Vilt Och Fisk Fakta* (4): 1–12. www.yumpu.com/sv/document/read/20433314/aktuell-forskning-om-vilt-fisk-och-forvaltning-nr-4-2009-sveaskog.

BICKEBÖLLER, H. und FISCHER, C. (2007): *Einführung in die genetische Epidemiologie. Mit 66 Tabellen.* Springer, Berlin, Heidelberg.

- BIEBACH, I. und KELLER, L. (2017):** Inzucht und ihre Bedeutung für den Naturschutz. In: CSENCICS D., GUGERLI F. (Hrsg.), Forum für Wissen 2017. Naturschutzgenetik. WSL Ber. 60: 82 S., 15–22.
- BISHOP, M. J. (1982):** The Mammal Fauna of the Early Middle Pleistocene Cavern Infill Site of Westbury-Sub-Mendip, Somerset. Spec. Pap. Palaeontology, 28: 1–108. www.palass.org/sites/default/files/media/publications/special_papers_in_palaeontology/number_28/spp28_pp1-108.pdf.
- BLASHFIELD, R. K. und ALDENDERFER, M. S. (1978):** The Literature On Cluster Analysis. Multivariate behavioral research, 13 (3): 271–295. [10.1207/s15327906mbr1303_2](https://doi.org/10.1207/s15327906mbr1303_2).
- BÖKÖNYI, S. (1971):** Angaben zum frühholozänen Vorkommen des Damhirsches, *Cervus (Dama) dama* (Linné, 1758), in Europa. Säugetierkundliche Mitteilungen (19): 206–217.
- BÖKÖNYI, S. (1986):** Faunal Remains. In: RENFREW C., GIMBUTAS M., ELSTER E. S. (Hrsg.), Excavations at Sitagroi. A prehistoric village in northeast Greece, Volume I. Institute of Archaeology University of California Los Angeles, Los Angeles Calif., 63–132.
- BONOW, J. (2016):** Fruchtbarkeitsanalyse verschiedener Schweinegenotypen, Ludwig-Maximilians-Universität München, Dissertation.
- BOYD DAWKINS, W. (1868):** On a New Species of Fossil Deer from Clacton. Quarterly Journal of the Geological Society, 24: 511–516.
- BRAZA, F. und ÁLVAREZ, F. (1987):** Habitat use by Red Deer and Fallow Deer in Doñana National Park. Misc. Zool., 11: 363–367.
- BREDA, M. (2015):** The early Middle Pleistocene fallow deer *Dama roberti* : new insight on species morphology from a complete postcranial skeleton from Valdemino (northwestern Italy). Geol. J., 50 (3): 257–270. [10.1002/gj.2624](https://doi.org/10.1002/gj.2624).
- BREDA, M., KAHLKE, R.-D., LISTER, A. M. (2020):** New results on cervids from the Early Pleistocene site of Untermassfeld. In: KAHLKE R.-D. (Hrsg.), Das Pleistozän von Untermassfeld bei Meiningen (Thüringen). Verlag des Römisch-Germanischen Zentralmuseums, Mainz, 1197–1250.

- BREDA, M. und LISTER, A. M. (2013):** *Dama roberti*, a new species of deer from the early Middle Pleistocene of Europe, and the origins of modern fallow deer. *Quaternary Science Reviews*, 69: 155–167. [10.1016/j.quascirev.2013.01.029](https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2013.01.029).
- BROOKE, V. (1875):** On the existence of the fallow deer in England during pleistocene times. *Nature*, 11: 210–211. www.nature.com/articles/011210a0.pdf.
- BROOKE, V. (1878):** On the Classification of the Cervidae, with a Synopsis of the existing Species, *Proc. Zool. Soc. Lond.* 1878: 883–928. www.biodiversitylibrary.org/pdf4/1330443i00090451.pdf.
- BROOKES, J. (1828):** A catalogue of the Anatomical and Zoological Museum of Joshua Brookes Esq., F. R. S. F. L. S. & C. Part 1, George Robins: 1–76. ia802902.us.archive.org/20/items/lebensbilderausd00abel/lebensbilderausd00abel.pdf.
- BROOKFIELD, J. F. (1996):** A simple new method for estimating null allele frequency from heterozygote deficiency. *Molecular Ecology*, 5 (3): 453–455. [10.1111/j.1365-294x.1996.tb00336.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.1996.tb00336.x).
- BULL, L. N., PABÓN-PEÑA, C. R., FREIMER, N. B. (1999):** Compound microsatellite repeats: practical and theoretical features. *Genome Research*, 9 (9): 830–838. [10.1101/gr.9.9.830](https://doi.org/10.1101/gr.9.9.830) www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC310808/pdf/x11.pdf.
- BUSCHIAZZO, E. und GEMMELL, N. J. (2006):** The rise, fall and renaissance of microsatellites in eukaryotic genomes. *BioEssays : news and reviews in molecular, cellular and developmental biology*, 28 (10): 1040–1050. [10.1002/bies.20470](https://doi.org/10.1002/bies.20470).
- BUTCHER, P. D. und HAWKEY, C. M. (1977):** A comparative study of haemoglobins from the artiodactyla by isoelectric focusing. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Comparative Biochemistry*, 56 (3): 335–339. [10.1016/0305-0491\(77\)90025-6](https://doi.org/10.1016/0305-0491(77)90025-6).
- BYKOWSKA, M. (2018):** Influence of selected factors on meat quality from farm-raised and wild fallow deer (*Dama dama*): a review. *Can. J. Anim. Sci.*, 98 (3): 405–415. [10.1139/cjas-2017-0146](https://doi.org/10.1139/cjas-2017-0146) cdns.ciencepub.com/doi/pdf/10.1139/cjas-2017-0146.

- CABALLERO, A., BRAVO, I., WANG, J. (2017):** Inbreeding load and purging: implications for the short-term survival and the conservation management of small populations. *Heredity*, 118 (2): 177–185. 10.1038/hdy.2016.80.
- CALOI, L. und PALOMBO, M. R. (1994):** Biocronologia e paleoecologia delle mammalofaune del pleistocene medio dell'italia centrale. *Studi Geologici Camerti volume speciale*: 503–514.
193.204.8.201/jspui/bitstream/1336/488/1/Vol.%20Speciale%201994%20B%20Capi tolo%207.pdf.
- CALOI, L., PALOMBO, M. R., ZARLENGA, F. (1998):** Late-middle pleistocene mammal faunas of latium (central Italy): stratigraphy and environment. *Quaternary International*, 47-48: 77–86. 10.1016/S1040-6182(97)00073-6.
- CANAVAL, S. F. (2014):** Globalisierung der Naturnutzung am Beispiel einer Jagdwildart (Dama dama), Universität Wien, Diplomarbeit.
- CAPASSO BARBATO, L., et al. (1998):** Pleistocene mammal faunas from Ponte Molle (Rome). *Quaternary International*, 47-48: 73–75. 10.1016/S1040-6182(97)00072-4.
- CARDEN, R. F., et al. (2011):** Distribution and range expansion of deer in Ireland. *Mammal Review*, 41 (4): 313–325. 10.1111/j.1365-2907.2010.00170.xciteseerx.ist.psu.edu/viewdoc/download?doi=10.1.1.472.1052&rep=rep1&type=pdf.
- CARLSSON, J. (2008):** Effects of microsatellite null alleles on assignment testing. *The Journal of Heredity*, 99 (6): 616–623. 10.1093/jhered/esn048.
- CARNE, P. (2000):** Deer of Britain and Ireland. Their origins and distribution. Swan Hill Press, Shrewsbury.
- CAWTHORN, D.-M., et al. (2020):** Chemical Composition of Wild Fallow Deer (Dama Dama) Meat from South Africa: A Preliminary Evaluation. *Foods (Basel, Switzerland)*, 9 (5). 10.3390/foods9050598.
- CHAKANYA, C., et al. (2016):** The fallow deer (Dama spp.); endangered or not? Damhirsche (Dama spp.), bedroht oder unbedroht? *Der Zoologische Garten*, 85 (3-4): 160–172. 10.1016/j.zoolgart.2015.11.002.

- CHAKRABORTY, R.**, et al. (1997): Relative mutation rates at di-, tri-, and tetranucleotide microsatellite loci. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 94 (3): 1041–1046. 10.1073/pnas.94.3.1041 www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC19636/pdf/pq001041.pdf.
- CHAMBERS, G. K.** und **MACAVOY, E. S.** (2000): Microsatellites: consensus and controversy. Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Biochemistry and Molecular Biology, 126 (4): 455–476. 10.1016/S0305-0491(00)00233-9.
- CHAPMAN, D.** und **CHAPMAN, N.** (1997): Fallow deer. Their history, distribution and biology. Coch-y-bonddu Books, Machynlleth.
- CHAPMAN, N.** (1991): Deer. Whittet Books, London.
- CHAPMAN, N.** (2010): The possible role of enclosures in the conservation of threatened deer. In: CHAPMAN N., HECKER K. (Hrsg.), Enclosures: A Dead-End? Influence on Game Biology, Conservation and Hunting. CIC - International Council for Game and Wildlife Conservation, 28–37.
- CHAPMAN, N.** und **CHAPMAN, D.** (1980): The distribution of fallow deer: a worldwide review. Mammal Review, 10 (2/3).
- CHAPMAN, N.** und **HARRIS, S.** (1992): Brachygnathia in fallow deer (*Dama dama*). Journal of Zoology, 227 (2): 323–326. 10.1111/j.1469-7998.1992.tb04827.x.
- CHAPUIS, M.-P.** und **ESTOUP, A.** (2007): Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. Mol Biol Evol, 24 (3): 621–631. 10.1093/molbev/msl191.
- CHARLESWORTH, B.** und **CHARLESWORTH, D.** (1999): The genetic basis of inbreeding depression. Genetical research, 74 (3): 329–340. 10.1017/s0016672399004152.
- CHARLESWORTH, D.** und **WILLIS, J. H.** (2009): The genetics of inbreeding depression. Nature reviews. Genetics, 10 (11): 783–796. 10.1038/nrg2664.
- CHEN, B.**, **COLE, J. W.**, **GROND-GINSBACH, C.** (2017): Departure from Hardy Weinberg Equilibrium and Genotyping Error. Frontiers in genetics, 8: 167. 10.3389/fgene.2017.00167.

- CHEN, C.-C.**, et al. (2021): Development of Disease-Resistance-Associated Microsatellite DNA Markers for Selective Breeding of Tilapia (*Oreochromis* spp.) Farmed in Taiwan. *Genes*, 13 (1). 10.3390/genes13010099.
- CHEN, Z.**, et al. (2020): Survival in the Tropics despite isolation, inbreeding and asexual reproduction: insights from the genome of the world's southernmost poplar (*Populus ilicifolia*). *The Plant journal : for cell and molecular biology*, 103 (1): 430–442. 10.1111/tpj.14744.
- COLEMAN, J. L.**, et al. (2023): Development of genetic markers for reproductive management of toucans. *Zoo biology*, 42 (6): 825–833. 10.1002/zoo.21792.
- COLLINS, B. J.** (2003): On the Trail of the Deer: Hittite kūrāla-. In: BECKMAN G., BEAL R. H., MCMAHON G. (Hrsg.), *Hittite Studies in Honor of Harry A. Hoffner Jr. on the Occasion of His 65th Birthday: On the Occasion of His 65th Birthday*. Penn State University Press, University Park, PANAMA, 73–92.
- CONSTANTIA FORST** (2022): Jagd. constantia-forst.de/#jagd (18.06.2022).
- COXON, P.**, et al. (1980): New evidence on the vertebrate fauna, stratigraphy and palaeobotany of the interglacial deposits at Swanton Morley, Norfolk. *Geol. Mag.*, 117 (6): 525–546. 10.1017/S0016756800028880.
- CRNOKRAK, P.** und **ROFF, D.** (1999): Inbreeding depression in the wild. *Heredity* (83): 260–270. 10.1038/sj.hdy.6885530www.nature.com/articles/6885530.pdf.
- CROITOR, R.** (2006): Early Pleistocene small-sized deer of Europe. *Hellenic Journal of Geosciences*, 41: 89–117.
- CROITOR, R.** (2014): Deer from Late Miocene to Pleistocene of Western Palearctic: matching fossil record and molecular phylogeny data. *Zitteliana*, B 32: 115–153.
- CROITOR, R.** (2018): Plio-Pleistocene Deer of Western Palearctic. *Taxonomy, Systematics, Phylogeny*. Institute of Zoology of the Academy of Sciences of Moldova, Chişinău.
- CROIZET, J. B.** und **JOBERT, A.** (1828): *Recherches sur les ossements fossiles du département du Puy-de-Dôme*, Paris.

- CURRENT, A. (1989):** The Quaternary origins of the modern British mammal fauna. *Biological Journal of the Linnean Society*, 38 (1): 23–30. 10.1111/j.1095-8312.1989.tb01559.x.
- CURRENT, A. und JACOBI, R. (2001):** A formal mammalian biostratigraphy for the Late Pleistocene of Britain. *Quaternary Science Reviews* (20): 1707–1716. core.ac.uk/download/pdf/20663382.pdf.
- CURRY, J. W., et al. (2012):** High oxidative capacity and type IIx fibre content in springbok and fallow deer skeletal muscle suggest fast sprinters with a resistance to fatigue. *The Journal of Experimental Biology*, 215 (Pt 22): 3997–4005. 10.1242/jeb.073684.
- CUVIER, G. (1812):** Recherches sur les ossements fossiles de quadrupèdes, Paris.
- DAKIN, E. E. und AVISE, J. C. (2004):** Microsatellite null alleles in parentage analysis. *Heredity*, 93 (5): 504–509. 10.1038/sj.hdy.6800545 www.nature.com/articles/6800545.pdf.
- DAVIS, S. und MACKINNON, M. (2009):** Did the Romans bring fallow deer to Portugal? *Environmental Archaeology*, 14 (1): 15–26. 10.1179/174963109X400646.
- DAVIS, S. J. M. (1984):** Khirokitia and its mammal remains. A Neolithic Noah's Ark. In: LE BRUN A., CAUVIN M.-C. (Hrsg.), *Fouilles récentes à Khirokitia (Chypre), 1977-1981*. Editions Recherche sur les civilisations, Paris, Tome 1, 147–179.
- DE LUMLEY, H., et al. (1988):** Les faunes de grands mammifères de la Grotte du Vallonet Roqubrun-Cap-Martin. *Alpes-Maritimes. L'Anthropologie*, 92 (2): 465–496.
- DEPÉRET, C. (1893):** Sur la classification et le parallélisme du Système miocène. *Bull. Soc. géol. France*, 21 (3). play.google.com/books/reader?id=OaSTtieTPXkC&pg=GBS.PA168&hl=de.
- DEUTSCHER JAGDVERBAND E.V. (2023):** Jagdstatistiken. www.jagdverband.de/jagd-und-wildunfallstatistik (20.11.2023).
- DI STEFANO, G. und PETRONIO, C. (1997):** Origin and evolution of the European fallow deer (*Dama*, Pleistocene). *Neues Jahrbuch für Geologie und Paläontologie - Abhandlungen*, 203 (1): 57–75. 10.1127/njgpa/203/1997/57.

DI STEFANO, G. und PETRONIO, C. (2002): Systematics and Evolution of the Eurasian Plio-Pleistocene Tribe Cervini (Artiodactyla, Mammalia). *Geologica Romana* (36): 311–334. www.dst.uniroma1.it/Volumi/VOL%2036/GR_36_311_334_DI%20Stefano%20et%20al.pdf.

DIMITRIJEVIC, V. (2006): Vertebrate fauna of Vinca - Belo Brdo: Excavation campaigns 1998-2003. *Starinar* (56): 245–269. 10.2298/STA0656245Dwww.doiserbia.nb.rs/img/doi/0350-0241/2006/0350-02410656245D.pdf.

Do, C., et al. (2014): NeEstimator v2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Molecular ecology resources*, 14 (1): 209–214. [10.1111/1755-0998.12157](https://doi.org/10.1111/1755-0998.12157).

EGELAND, C. P., et al. (2014): The taphonomy of fallow deer (*Dama dama*) skeletons from Denmark and its bearing on the pre-Weichselian occupation of northern Europe by humans. *Archaeol Anthropol Sci*, 6: 31–61. [10.1007/s12520-013-0117-8](https://doi.org/10.1007/s12520-013-0117-8) score.ac.uk/reader/388587972.

EHRENBERG, K. (1938): *Austriacopithecus*, ein neuer menschenaffenartiger Primate aus dem Miozän von Klein-Hadersdorf bei Poysdorf in Niederösterreich (Nieder-Donau). *Sitz.-Ber. Akad. Wiss., math.- natwiss. Kl, Abt. I*, 147 (3-4): 71-121. ia801905.us.archive.org/22/items/sbaww_147_0071-0110/sbaww_147_0071-0110.pdf.

EISENHAEUER, J. G. (2008): Degrees of Freedom. *Teaching Statistics*, 30 (3): 75–78.

ELLEGREN, H. (2004): Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature reviews. Genetics*, 5 (6): 435–445. 10.1038/nrg1348citeserx.ist.psu.edu/viewdoc/download?doi=10.1.1.1038.9522&rep=rep1&type=pdf.

ENGEL, S. R., et al. (1996): Conservation of microsatellite loci across species of artiodactyls: Implications for population studies. *Journal of Mammalogy*, 77 (2): 504–518.

- EVANNO, G., REGNAUT, S., GOUDET, J. (2005):** Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol Ecol* (14): 2611–2620. 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x
- EVDOTCHENKO, D. (2001):** Untersuchung der Informativität neuer Mikrosatellitenloci beim Kamel, Universität Hohenheim, Institut für Tierhaltung und Tierzucht, Dissertation.
- EXCOFFIER, L., SMOUSE, P. E., QUATTRO, J. M. (1992):** Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131 (2): 479–491. 10.1093/genetics/131.2.479
- FALCONER, H. (1868):** Palaeontological memoirs and notes of H. Falconer, with a biographical sketch of the author. Vol. I, II, London.
- FALUSH, D., STEPHENS, M., PRITCHARD, J. K. (2003):** Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 164 (4): 1567–1587.
- FALUSH, D., STEPHENS, M., PRITCHARD, J. K. (2007):** Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Molecular ecology notes*, 7 (4): 574–578. 10.1111/j.1471-8286.2007.01758.x.
- FANDEDE, V., et al. (2024):** Genome-wide identification of microsatellites for mapping, genetic diversity and cross-transferability in wheat (*Triticum spp.*). *Gene*, 896: 148039. 10.1016/j.gene.2023.148039.
- FILIPOVIĆ, D., et al. (2019):** Natural environment and resources, and the long life of the Neolithic settlement at Vinča, southeast Europe. *Archaeol Anthropol Sci*, 11 (5): 1939–1960. 10.1007/s12520-018-0643-5
- FITZ-STEPHEN, W. (1772):** Fitz-Stephen's Description of the City of London. Newly Translated from the Latin Original; with a Necessary Commentary. B. White, London.
- FLEMING, H. F. VON (1719):** Der Vollkommene Teutsche Jäger, Leipzig.

- FLETCHER, J. (2010):** Management systems for enclosed deer within Europe in 2008. In: CHAPMAN N., HECKER K. (Hrsg.), Enclosures: A Dead-End? Influence on Game Biology, Conservation and Hunting. CIC - International Council for Game and Wildlife Conservation, 4–13.
- FLETCHER, J. (2013):** Deer. Reaktion Books, Limited. ProQuest Ebook Central.
- FORINA, M., ARMANINO, C., RAGGIO, V. (2002):** Clustering with dendrograms on interpretation variables. *Analytica Chimica Acta*, 454 (1): 13–19. 10.1016/S0003-2670(01)01517-3.
- FORSYTH, D. M., et al. (2011):** Long-term changes in the relative abundances of introduced deer in New Zealand estimated from faecal pellet frequencies. *New Zealand Journal of Zoology*, 38 (3): 237–249. 10.1080/03014223.2011.592200.
- FOULLEY, J.-L. und OLLIVIER, L. (2006):** Estimating allelic richness and its diversity. *Livestock Science*, 101 (1-3): 150–158. 10.1016/j.livprodsci.2005.10.021.
- FRALEY, C. und RAFTERY, A. E. (1998):** How Many Clusters? Which Clustering Method? Answers Via Model-Based Cluster Analysis. *The Computer Journal*, 41 (8): 578–588. 10.1093/comjnl/41.8.578.
- FRANCIS, R. M. (2017):** pophelper: an R package and web app to analyse and visualize population structure. *Molecular ecology resources*, 17 (1): 27–32. 10.1111/1755-0998.12509onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/1755-0998.12509.
- FRANKEL, O. H. und SOULÈ, M. E. (1981):** Conservation and evolution. Cambridge University Press, Cambridge.
- FRANKHAM, R. (1998):** Inbreeding and Extinction: Island Populations. *Conservation biology* : the journal of the Society for Conservation Biology, 12 (3): 665–675. www.jstor.org/stable/2387248.
- FRANKHAM, R., BALLOU, J. D., BRISCOE, D. A. (2012a):** Characterizing genetic diversity: quantitative variation. In: FRANKHAM R., BALLOU J. D., BRISCOE D. A., MCINNES K. H. (Hrsg.), *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, 96–125.

FRANKHAM, R., BALLOU, J. D., BRISCOE, D. A. (2012b): Characterizing genetic diversity: single loci. In: FRANKHAM R., BALLOU J. D., BRISCOE D. A., MCINNES K. H. (Hrsg.), Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, 72–95.

FRANKHAM, R., BALLOU, J. D., BRISCOE, D. A. (2012c): Effects of population size reduction. In: FRANKHAM R., BALLOU J. D., BRISCOE D. A., MCINNES K. H. (Hrsg.), Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, 225–226.

FRANKHAM, R., BALLOU, J. D., BRISCOE, D. A. (2012d): Evolution in large populations. II. Mutation, migration and their interactions with selection. In: FRANKHAM R., BALLOU J. D., BRISCOE D. A., MCINNES K. H. (Hrsg.), Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, 154–174.

FRANKHAM, R., BALLOU, J. D., BRISCOE, D. A. (2012e): Evolution in small populations. In: FRANKHAM R., BALLOU J. D., BRISCOE D. A., MCINNES K. H. (Hrsg.), Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, 175–196.

FRANKHAM, R., BALLOU, J. D., BRISCOE, D. A. (2012f): Genetic diversity. In: FRANKHAM R., BALLOU J. D., BRISCOE D. A., MCINNES K. H. (Hrsg.), Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, 45–71.

FRANKHAM, R., BALLOU, J. D., BRISCOE, D. A. (2012g): Inbreeding. In: FRANKHAM R., BALLOU J. D., BRISCOE D. A., MCINNES K. H. (Hrsg.), Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, 254–279.

FRANKHAM, R., BALLOU, J. D., BRISCOE, D. A. (2012h): Inbreeding depression. In: FRANKHAM R., BALLOU J. D., BRISCOE D. A., MCINNES K. H. (Hrsg.), Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, 280–308.

FRANKHAM, R., BALLOU, J. D., BRISCOE, D. A. (2012i): Loss of genetic diversity in small populations. In: FRANKHAM R., BALLOU J. D., BRISCOE D. A., MCINNES K. H. (Hrsg.), Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, 227–253.

FRANKHAM, R., BALLOU, J. D., BRISCOE, D. A. (2012j): Population fragmentation. In: FRANKHAM R., BALLOU J. D., BRISCOE D. A., MCINNES K. H. (Hrsg.), Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, 309–335.

FRANKHAM, R., BALLOU, J. D., BRISCOE, D. A. (2012k): The broader context: population viability analysis (PVA). In: FRANKHAM R., BALLOU J. D., BRISCOE D. A., MCINNES K. H. (Hrsg.), *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, 502–528.

FRANKHAM, R., BRADSHAW, C. J., BROOK, B. W. (2014a): 50/500 rules need upward revision to 100/1000 – Response to Franklin et al. *Biological Conservation*, 176: 286. 10.1016/j.biocon.2014.05.006coreybradshaw.files.wordpress.com/2016/06/frankham-et-al-2014b-biol-conserv_online.pdf.

FRANKHAM, R., BRADSHAW, C. J., BROOK, B. W. (2014b): Genetics in conservation management: Revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biological Conservation*, 170: 56–63. 10.1016/j.biocon.2013.12.036.

FRANKLIN, I. (1980): Evolutionary changes in small populations. In: SOULÉ M. E., WILCOX B. A. (Hrsg.), *Conservation biology: An evolutionary-ecological perspective*. Sinauer Associates, Sunderland, 135–149.

FRANKLIN, I. R., ALLENDORF, F. W., JAMIESON, I. G. (2014): The 50/500 rule is still valid – Reply to Frankham et al. *Biological Conservation*, 176: 284–285. 10.1016/j.biocon.2014.05.004.

FREEMAN, A. R., et al. (2006): Combination of multiple microsatellite data sets to investigate genetic diversity and admixture of domestic cattle. *Animal Genetics*, 37 (1): 1–9. 10.1111/j.1365-2052.2005.01363.x.

FRISCH, J. L. (1775): *Das Natur-System der vierfüßigen Thiere*, in Tabellen, darinnen alle Ordnungen, Geschlechter und Arten, nicht nur mit bestimmenden Benennungen, sondern beygesetzten unterscheidenden Kennzeichen angezeigt werden, zum Nutzen der erwachsenen Schuljugend. Günther Verlag, Glogau.

FUERST, P. A. und MARUYAMA, T. (1986): Considerations on the conservation of alleles and of genic heterozygosity in small managed populations. *Zoo Biol.*, 5 (2): 171–179. 10.1002/zoo.1430050211.

GERMAIN-AUBREY, C. C., et al. (2016): Are microsatellite fragment lengths useful for population-level studies? The case of *Polygala lewtonii* (Polygalaceae). Applications in

plant sciences, 4 (2).
10.3732/apps.1500115www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4760751/pdf/apps.1500115.pdf.

GINOT, F., et al. (1996): Correction of some genotyping errors in automated fluorescent microsatellite analysis by enzymatic removal of one base overhangs. *Nucleic Acids Research*, 24 (3): 540-541.
www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC145644/pdf/240540.pdf.

GLIOZZI, E., et al. (1997): Biochronology of selected mammals, molluscs and ostracods from the middle Pliocene to the late Pleistocene in Italy. The state of the art. *Rivista Italiana di Paleontologia e Stratigrafia*, 103 (3): 369-388. core.ac.uk/reader/296281602.

GLOWATZKI-MULLIS, M. L., et al. (1995): Microsatellite-based parentage control in cattle. *Animal Genetics*, 26 (1): 7-12. 10.1111/j.1365-2052.1995.tb02612.x.

GOGOI, A., et al. (2023): Molecular genetic divergence analysis amongst high curcumin lines of Golden Crop (*Curcuma longa* L.) using SSR marker and use in trait-specific breeding. *Scientific reports*, 13 (1): 19690. 10.1038/s41598-023-46779-5.

GOLDFUß, A. (1820): *Handbuch der Zoologie*. Schrag.

GOLDSTEIN, D. B. und SCHLÖTTERER, C. (HRSG.) (1999): *Microsatellites. Evolution and Applications*. Oxford University Press.

GRÄFLICHE RENTKAMMER ERBACH (2022): Englischer Garten Eulbach - Wildpark und Top-Ausflugsziel. www.rentkammer-erbach.de/englischer-garten.php (07.06.2022).

GRAPOW, L. C. und FANELLI, G. (1993): The vanishing landscape of the Campagna Romana. *Landscape and Urban Planning*, 24 (1-4): 69-76. 10.1016/0169-2046(93)90085-R.

GRAW, J. (2010): *Genetik*. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg.

GREENBAUM, G., et al. (2014): Allelic richness following population founding events--a stochastic modeling framework incorporating gene flow and genetic drift. *PLoS ONE*, 9 (12): e115203.
10.1371/journal.pone.0115203www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4272294/pdf/pone.0115203.pdf.

GREISER, G., et al. (2023): Status und Entwicklung ausgewählter Wildtierarten in Deutschland. Jahresbericht 2021. Wildtier-Informationssystem der Länder Deutschlands (WILD), Berlin.

GROSSE, W. R. und MEYER, S. (2008): Untersuchung zu Ausbreitungspotenzial, Konnektivität und Verbreitung des Kammmolchs (*Trturus cristatus* Laurenti, 1768) in Sachsen-Anhalt. *Hercynia* N.F. (41): 121–134. www.zobodat.at/pdf/Hercynia_41_0121-0134.pdf.

GRÜNWARD, N. J., KAMVAR, Z. N., EVERHART, S. E. (2021): Discriminant analysis of principal components (DAPC). grunwaldlab.github.io/Population_Genetics_in_R/DAPC.html (18.05.2023).

GRYZ, J., KRAUZE-GRYZ, D., KLICH, D. (2022): Alien or Native? How to Distinguish Feces of Fallow and Roe Deer Using Central Poland as a Case Study. *Animals* : an open access journal from MDPI, 12 (3). 10.3390/ani12030290.

GUO, S. W. und THOMPSON, E. A. (1992): Performing the Exact Test of Hardy-Weinberg Proportion for Multiple Alleles. *Biometrics*, 48 (2): 361. 10.2307/2532296.

GUO, X.-Z., et al. (2022): Population genetic structure of the yellow catfish (*Pelteobagrus fulvidraco*) in China inferred from microsatellite analyses: implications for fisheries management and breeding. *J World Aquaculture Soc*, 53 (1): 174–191. 10.1111/jwas.12844 onlinelibrary-wiley-com.ezproxy.uni-giessen.de/doi/pdfdirect/10.1111/jwas.12844.

HALL, G. P., et al. (2012): Is tooth wear a reliable means of aging wild European fallow deer in Tasmania, Australia? *Wildlife Society Bulletin*, 36 (1): 124–129. 10.1002/wsb.89.

HALSTEAD, P. (1987): Man and Other Animals in Later Greek Prehistory. *Annu. Br. Sch. Athens*, 82: 71–83. 10.1017/S0068245400020323.

HALTENORTH, T. A. (1959): Beitrag zur Kenntnis des Mesopotamischen Damhirsches *Cervus (Dama) mesopotamicus* Brooke, 1875 und zur Stammes- und Verbreitungsgeschichte der Damhirsche allgemein. *Säugetierkundliche Mitteilungen* (Band 7).

HANAUER JAGDKLUB (2022): Hegegemeinschaft. www.hanauer-jagdklub.de/hegegemeinschaft (18.06.2022).

HANCOCK, J. M. (1999): Microsatellites and other simple sequences: genomic context and mutational mechanisms. In: GOLDSTEIN D. B., SCHLÖTTERER C. (Hrsg.), *Microsatellites. Evolution and Applications*. Oxford University Press, 1–6.

HARRIS, A. M. und DEGIORGIO, M. (2017): An Unbiased Estimator of Gene Diversity with Improved Variance for Samples Containing Related and Inbred Individuals of any Ploidy. *G3* (Bethesda, Md.), 7 (2): 671–691. 10.1534/g3.116.037168 www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5295611/pdf/671.pdf.

HARRIS, S., et al. (1995): A review of British mammals: population estimates and conservation status of British mammals other than cetaceans. Joint Nature Conservation Committee.

HARTL, D. L. und CLARK, A. G. (1997): *Principles of Population Genetics*. Sinauer Associates, 3. ed.

HARTL, G. B., SCHLEGER, A., SLOWAK, M. (1986): Genetic variability in fallow deer, *Dama dama* L. *Animal Genetics*, 17 (2): 335–341. 10.1111/j.1365-2052.1986.tb00726.x.

HASSLER, U. (2012): *Statistik im Bachelor-Studium. Eine Einführung für Wirtschaftswissenschaftler*.

HECKEBERG, N. S. (2020): The systematics of the Cervidae: a total evidence approach. *PeerJ*, 8: 1-76 e8114. 10.7717/peerj.8114.

HEDRICK, P. W. (1992): Genetic conservation in captive populations and endangered species. In: JAIN K. S., BOTSFORD W. L. (Hrsg.), *Applied Population Biology*. Kluwer Academic Publishers, 45–68.

HEDRICK, P. W. (2005): A STANDARDIZED GENETIC DIFFERENTIATION MEASURE. *Evol*, 59 (8): 1633. 10.1554/05-076.1.

HEGEGEMEINSCHAFT HESSEN (2021): Damwildring Römerkastell. www.dhg-roemerkastell-hessen.de/grundlagen.html (18.06.2022).

HEIDEMANN, G. (1976a): Bedrohte Damhirsche in Kleinasien. Wild und Hund, 79 (13): 306–308.

HEIDEMANN, G. (1976b): Damwild, *Cervus dama* (Linné, 1758), in Kleinasien. Bestand und Schutz. Säugetierkundliche Mitteilungen (24): 124–132.

HEINTGES, F. (2008): Sicher durch die Jägerprüfung. Theorie und Praxis leichter lernen, schneller verstehen, effektiver umsetzen. Heintges Lehr- und Lernsystem, 30. Aufl., Marktredwitz.

HELLER, F. (1967): Die Altersstellung des Villafranchium und seiner Fauna. Quartär. Internationales Jahrbuch zur Eiszeitalter- und Steinzeitforschung (Band 18). 10.7485/qu.1967.18.81801.

HERZOG, S. (1988): Cytogenetische und biochemisch-genetische Untersuchungen an Hirschen der Gattung *Cervus* (Cervidae, Artiodactyla, Mammalia). Göttingen Res. Notes Forest Genet., 10. www.researchgate.net/profile/Sven-Herzog-2/publication/321462596_Cytogenetische_und_biochemisch-genetische_Untersuchungen_an_Hirschen_der_Gattung_Cervus_Cervidae_Artiodactyla_Mammalia/links/5a26760f4585155dd4219701/Cytogenetische-und-biochemisch-genetische-Untersuchungen-an-Hirschen-der-Gattung-Cervus-Cervidae-Artiodactyla-Mammalia.pdf.

HERZOG, S. (1989): Genetic polymorphism of transferrin in fallow deer, *Cervus dama* L. Animal Genetics, 20: 421–426. 10.1111/j.1365-2052.1989.tb00898.x.

HERZOG, S. (1990): Genetic analysis of erythrocyte superoxide dismutase polymorphism in the genus *Cervus*. Animal Genetics, 21 (4): 391–400. 10.1111/j.1365-2052.1990.tb01983.x.

HESSEN-FORST, NATIONALPARKAMT KELLERWALD-EDERSEE (2012): Wilde Tiere - zum Anfassen nah, 9. Aufl.

HILF, R. B. und RÖHRIG, F. (2003): Wald und Weidwerk in Geschichte und Gegenwart: Das Weidwerk / von Fritz Röhrig. Humanitas Buchverl.

HILZHEIMER, M. (1927): Unser Wissen von der Entwicklung der Haustierwelt Mitteleuropas. Ber. RGK, 16: 47–85.

HIRSCH-KAUFFMANN, M., SCHWEIGER, M., SCHWEIGER, M.-R. (2009): Biologie und molekulare Medizin für Mediziner und Naturwissenschaftler. 74 Tabellen. Thieme, 7. Aufl., Stuttgart.

HOFFMAN, L. C. und CAWTHORN, D. (2013): Exotic protein sources to meet all needs. *Meat science*, 95 (4): 764–771. 10.1016/j.meatsci.2013.04.027.

HOUBEN, C. (2003): Die Wirbeltierfauna aus dem letzten Interglazial von Lehringen (Niedersachsen, Deutschland). *E&G Quaternary Sci. J.*, 52 (1): 25–39. 10.3285/eg.52.1.04.

HU, G. (1993): DNA Polymerase-Catalyzed Addition of Nontemplated Extra Nucleotides to the 3' of a DNA Fragment. *DNA Cell Biol.*, 12 (8): 763–770. 10.1089/dna.1993.12.763.

HUBBARD, R. (1995): Fallow deer in prehistoric Greece, and the analogy between faunal spectra and pollen analyses. *Antiquity*, 69: 527–538.

HUBISZ, M. J., et al. (2009): Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Molecular ecology resources*, 9 (5): 1322–1332. 10.1111/j.1755-0998.2009.02591.x web.stanford.edu/group/pritchardlab/publications/pdfs/HubiszEtAl09.pdf.

IBEAGHA-AWEMU, E. M. und ERHARDT, G. (2005): Genetic structure and differentiation of 12 African *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle breeds, inferred from protein and microsatellite polymorphisms. *J Anim Breed Genet*, 122 (1): 12–20. 10.1111/j.1439-0388.2004.00478.x.

IHARA, N., et al. (2004): A comprehensive genetic map of the cattle genome based on 3802 microsatellites. *Genome Research* (14): 1987–1998.

ILIE, A. und ENESCU, C. M. (2018): Hunting of red deer and fallow deer in Romania. *Research Journal of Agricultural Science*, 50 (4). : <https://www.researchgate.net/publication/329963148>.

INTEGRATED TAXONOMIC INFORMATION SYSTEM (ITIS) (2020): Standard Report Page: *Dama dama*. 10.5066/F7KH0KBK www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSN&search_value=552472#null (21.02.2022).

ISSA, B. S. und SEELAND, G. (2001): Einfluss von Inzucht und Selektion auf die Fruchtbarkeit und das Wachstum der Maus. *Arch. Tierz. Dummerstorf*, 44 (6): 671–676. aab.copernicus.org/articles/44/671/2001/aab-44-671-2001.pdf.

JÁNOSSY, D. (1969a): Stratigraphische Auswertung der europäischen mittelpleistozänen Wirbeltierfauna. Teil I. *Berichte der Deutschen Gesellschaft für Geologische Wissenschaften, Reihe A Geologie und Paläontologie*, 14 (4): 367–438.

JÁNOSSY, D. (1969b): Stratigraphische Auswertung der europäischen mittelpleistozänen Wirbeltierfauna. Teil II. *Berichte der Deutschen Gesellschaft für Geologische Wissenschaften, Reihe A Geologie und Paläontologie*, 14 (5): 573–643.

JOMBART, T. (2008): adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 24 (11): 1403–1405. [10.1093/bioinformatics/btn129](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn129).

JOMBART, T., DEVILLARD, S., BALLOUX, F. (2010): Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC genetics*, 11 (94). [10.1186/1471-2156-11-94](https://doi.org/10.1186/1471-2156-11-94).

JONES, D. T. (1997): A study of Hardy-Weinberg equilibrium, linkage equilibrium, and population structure in Hispanics using seven genetic markers. San Bernardino, California State University, Master of Science in Biology.

JOST, L. (2008): G(ST) and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology*, 17 (18): 4015–4026. [10.1111/j.1365-294x.2008.03887.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2008.03887.x).

KAHLKE, R.-D. (1995): Die Abfolge plio-/pleistozäner Säugetierfaunen in Thüringen (Mitteldeutschland). *Cranium*, 12 (1): 5–18. [10.1515/9783112353622-012](https://doi.org/10.1515/9783112353622-012).

KAHLKE, R.-D. (2001): Die unterpleistozäne Komplexfundstelle Untermassfeld - Zusammenfassung des Kenntnisstandes sowie synthetische Betrachtungen zu Genesemodell, Paläoökologie und Stratigraphie. In: KAHLKE R.-D. (Hrsg.), *Das Pleistozän von Untermassfeld bei Meiningen (Thüringen)*. Dr. Rudolph Habelt GmbH, Bonn, 931–1009.

- KALINOWSKI, S. T. und TAPER, M. L. (2006):** Maximum likelihood estimation of the frequency of null alleles at microsatellite loci. *Conserv Genet*, 7 (6): 991–995. [10.1007/s10592-006-9134-9](https://doi.org/10.1007/s10592-006-9134-9)/doi.org/10.1007/s10592-006-9134-9.
- KAMVAR, Z. N., TABIMA, J. F., GRÜNWARD, N. J. (2014):** Poppr: an R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. *PeerJ*, 2: e281. [10.7717/peerj.281](https://doi.org/10.7717/peerj.281).
- KAPPES, et al. (1997):** A Second-Generation Linkage Map of the Bovine Genome. *Genome Research* (7): 235–249.
- KARASTOYANOVA, N., GORCZYK, J., SPASSOV, N. (2020):** The natural history of the fallow deer, *Dama dama* (Linnaeus, 1758) in Bulgaria in prehistory and new evidence for the existence of an autochthonous Holocene population in the Balkans. *Int. J. Osteoarchaeol.*, 30 (5): 616–628. [10.1002/oa.2886](https://doi.org/10.1002/oa.2886).
- KASSAPIS, H., CLERIDES, N., HADJISTERKOTIS, E. (2005):** A new fallow deer fossil site in Cyprus: preliminary results. *Proceedings of the XXVth International Congress of the International Union of Game Biologists – IUGB and the IXth International Symposium Perdix*, Vol. 2: 29–49.
- KAUP, J. J. (1839):** Eine zweite fossile Art der Hirsch-Gattung aus dem Rheine, *Cervus priscus*. *Neues Jahrbuch für Mineralogie, Geologie und Paläontologie*: 297–300. www.zobodat.at/pdf/Neues-Jb-Min-Geol-Palae_1839_0297-0300.pdf.
- KEENAN, K., et al. (2013):** diveRsity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. *Methods Ecol Evol*, 4 (8): 782–788. [10.1111/2041-210X.12067](https://doi.org/10.1111/2041-210X.12067).
- KEENAN, K. (2017):** `diveRsity` v1.9.90 Help Manual. cran.r-project.org/web/packages/diveRsity/vignettes/diveRsity.pdf.
- KEILHACK, K. (1888):** Über einen Damhirsch aus dem Dt. Diluvium. *Jahrbuch der Königl. Preuß. geolog. Landesanstalt und Bergakademie*: 283–290.
- KENYON, K. M. (1948):** Excavations at the Jewry Wall Site, Leicester. *Reports of the Research Committee of the Society of Antiquaries of London* (No. 15). [10.26530/OAPEN_1004997](https://doi.org/10.26530/OAPEN_1004997)library.oapen.org/handle/20.500.12657/25097.

KHAN, A., et al. (2021): Genomic evidence for inbreeding depression and purging of deleterious genetic variation in Indian tigers. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 118 (49). 10.1073/pnas.2023018118.

KINDLER, L., et al. (2020): The last interglacial (Eemian) lakeland of Neumark-Nord (Saxony-Anhalt, Germany). Sequencing Neanderthal occupations, assessing subsistence opportunities and prey selection based on estimations of ungulate carrying capacities, biomass production and energy. In: GARCÍA-MORENO A., HUTSON J. M., SMITH G. M., KINDLER L., TURNER E., VILLALUENGA A., GAUDZINSKI-WINDHEUSER S. (Hrsg.), *Human behavioural adaptations to interglacial lakeshore environments*. Heidelberg: Propylaeum.

KINSER, A. und HERZOG, S. (2008): Genetisches Monitoring von Rotwild in Niedersachsen–Ergebnisse einer Langzeitstudie. *Deutsche Wildtierstiftung*: 1–27. www.rothirsch.org/wp-content/uploads/2014/04/DeWiSt_Genetikbericht.pdf.

KJELLANDER, P., et al. (2012): Habitat use, bed-site selection and mortality rate in neonate fallow deer *Dama dama*. *Wildlife Biology*, 18 (3): 280–291. 10.2981/10-093.

KLEIN, C. (2023): Konnektivität und genetische Diversität beim Rotwild in Hessen, Justus-Liebig-Universität Gießen, Klinik für Wiederkäuer und Schweine der JLU Gießen / Arbeitskreis Wildbiologie, Professur für Schweinekrankheiten (Innere Medizin und Chirurgie), Dissertation.

KNOWLTON, T. (1746): An Account of Two Extraordinary Deers Horns, Found Under-Ground in Different Parts of Yorkshire. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*, 44 (478-484): 124–127. 10.1098/rstl.1746.0026ia802801.us.archive.org/2/items/philtrans04493878/04493878.pdf.

KOENIGSWALD, W. VON (1988): Paläoklimatische Aussage letztinglazialer Säugetiere aus der nördlichen Oberrheinebene. In: KOENIGSWALD W. von (Hrsg.), *Zur Paläoklimatologie des letzten Interglazials im Nordteil der Oberrheinebene*. Fischer, Stuttgart, 205–314.

KOENIGSWALD, W. VON (1991): Exoten in der Großsäuger-Fauna des letzten Interglazials von Mitteleuropa. *E&G Quaternary Sci. J.*, 41: 70–84. 10.3285/eg.41.1.06.egqsj.copernicus.org/articles/41/70/1991/egqsj-41-70-1991.pdf.

KOENIGSWALD, W. VON und MENGER, G. (1997): Mögliches Auftreten von *Trogontherium cuvieri* und *Alces latifrons* im letzten Interglazial der nördlichen Oberrheinebene. *Cranium*, 14 (1): 2–10.

KORNHUBER, A. (1899): Über das Geweih eines fossilen Hirsches in einem Leithakalk-Quader des Domes zu Presburg. *Verhandl. Ver. f. Natur- u. Heilkunde*, NF_10: 106–114. ia802902.us.archive.org/20/items/lebensbilderausd00abel/lebensbilderausd00abel.pdf

KREISJÄGERVEREIN GROß-GERAU (2022): Damwild-Hegegemeinschaft Mönchbruch. www.kreisjaegerverein.de/de/aus-den-revieren/hegegemeinschaften/damwild-hegegemeinschaft-moenchbruch (18.06.2022).

KUCKARTZ, U., et al. (2013): *Statistik. Eine verständliche Einführung.* Springer VS, 2., überarbeitete Auflage, Wiesbaden.

KÜHN, C., et al. (2003): Quantitative Trait Loci Mapping of Functional Traits in the German Holstein Cattle Population. *Journal of Dairy Science* (86): 360–368.

KUMAR, A., et al. (2023): Microsatellite markers' based molecular divergence among the breeding lines of aromatic marigold (*Tagetes minuta* L.). *Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants*, 37: 100514. [10.1016/j.jarmap.2023.100514](https://doi.org/10.1016/j.jarmap.2023.100514).

KUMAR, M., et al. (2015): Molecular breeding in Brassica for salt tolerance: importance of microsatellite (SSR) markers for molecular breeding in Brassica. *Frontiers in plant science*, 6: 688. [10.3389/fpls.2015.00688](https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00688).

KUMERLOEVE, H. (1975): Die Säugetiere (Mammalia) der Türkei; Die Säugetiere (Mammalia) Syriens und des Libanon. *Veröffentlichungen der Zoologischen Staatssammlung München* (18): 69–225. www.zobodat.at/pdf/VeroeffZSM_018_0069-0225.pdf.

KUSZA, S., et al. (2018): Maternal genetic variation in the northeastern Hungarian fallow deer (*Dama dama*) population. *Mamm Biol*, 93: 21–28. [10.1016/j.mambio.2018.08.005](https://doi.org/10.1016/j.mambio.2018.08.005).

LAINZER TIERGARTEN (2022): Die Geschichte des Lainzer Tiergartens. www.lainzer-tiergarten.at/geschichte.html (20.05.2022).

LANG, M. (2019): Sicherung der genetischen Diversität in kleinen hessischen Rotwild-Populationen, Justus-Liebig-Universität Gießen, Klinik für Wiederkäuer und Schweine der JLU Gießen und der Arbeitskreis Wildbiologie, Dissertation.

LANGBEIN, J. und CHAPMAN, N. (2003): Fallow deer. Mammal Society, London.

LENDINARA, P. (1999): The Colloquy of Ælfric and the Colloquy of Ælfric Bata. In: LENDINARA P. (Hrsg.), Anglo-Saxon Glosses and Glossaries, Variorum, 207–288.

LEONARDI, G. und PETRONIO, C. (1974): I Cervi pleistocenici del bacino diatomitico di Riano (Roma). - Pleistocenic deer from the Riano (Rome, Italy) diatomitic Basin. Atti della Accademia Nazionale dei Lincei, Classe di Scienze Fisiche, Matematiche e Naturali, S.VIII, 12: 101-208.

LEONARDI, G. und PETRONIO, C. (1976): The fallow deer of European Pleistocene. Geologica Romana: 1–67.

LEVINSON, G. und GUTMAN, G. A. (1987): Slipped-Strand Mismatching: A Major Mechanism for DNA Sequence Evolution. Mol Biol Evol, 4 (3): 203–221.

LI, C.-D., et al. (2001): Determining Genetic Similarities and Relationships among Cowpea Breeding Lines and Cultivars by Microsatellite Markers. Crop Science, 41 (1): 189–197. 10.2135/cropsci2001.411189x.

LINNÉ, C. VON (1758): Systema naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. Laurentii Salvii, Holmiae [= Stockholm]. Impensis Direct. Laurentii Salvii, Laurentii Salvii, Holmiae [= Stockholm].

LISTER, A. M. (1984): Evolutionary and ecological origins of British deer. Proc., Sect. B Biol. sci., 82 (04): 205–229. 10.1017/S0269727000003754.

LISTER, A. M. (1986): New results on deer from swanscombe, and the stratigraphical significance of deer in the middle and upper pleistocene of Europe. Journal of Archaeological Science, 13 (4): 319–338. 10.1016/0305-4403(86)90052-X.

LISTER, A. M. (1987): Diversity and evolution of antler form in Quaternary deer. In: WEMMER C. M. (Hrsg.), Biology and Management of the Cervidae. Smithsonian, Washington D.C., 81–98.

- LISTER, A. M. (1994):** The evolution of the giant deer, *Megaloceros giganteus* (Blumenbach). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 112 (1-2): 65–100. 10.1111/j.1096-3642.1994.tb00312.x.
- LISTER, A. M. (1996):** The morphological distinction between bones and teeth of fallow deer (*Dama dama*) and red deer (*Cervus elaphus*). *Int. J. Osteoarchaeol.*, 6 (2): 119–143. 10.1002/(SICI)1099-1212(199603)6:2<119:AID-OA265>3.0.CO;2-8.
- LISTER, A. M. (2004):** The impact of Quaternary Ice Ages on mammalian evolution. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*, 359 (1442): 221–241. 10.1098/rstb.2003.1436.
- LITT, M. und LUTY, J. A. (1989):** A Hypervariable Microsatellite Revealed by In Vitro Amplification of a Dinucleotide Repeat within the Cardiac Muscle Actin Gene. *Am. J. Hum. Genet.*, 44 (3): 397–401.
- LITT, T., et al. (2007):** Stratigraphische Begriffe für das Quartär des norddeutschen Vereisungsgebietes. *E&G Quaternary Sci. J.*, 56 (1/2): 7–65. 10.3285/eg.56.1-2.02e-docs.geo-leo.de/bitstream/handle/11858/00-1735-0000-0001-B9EB-9/original_vol56_no1-2_a03.pdf?sequence=1.
- LÓPEZ-CORTEGANO, E., MORENO, E., GARCÍA-DORADO, A. (2021):** Genetic purging in captive endangered ungulates with extremely low effective population sizes. *Heredity*, 127 (5): 433–442. 10.1038/s41437-021-00473-2.
- LÓPEZ-GIRÁLDEZ, F., MARMI, J., DOMINGO-ROURA, X. (2007):** High incidence of nonslippage mechanisms generating variability and complexity in eurasian badger microsatellites. *The Journal of Heredity*, 98 (6): 620–628. 10.1093/jhered/esm068.
- LUDWIG, A., et al. (2012):** Origin and patterns of genetic diversity of German fallow deer as inferred from mitochondrial DNA. *Eur J Wildl Res*, 58 (2): 495–501. 10.1007/s10344-011-0571-5.
- MA, J., et al. (2020):** Genome-wide development of polymorphic microsatellite markers and their application in peanut breeding program. *Electronic Journal of Biotechnology*, 44: 25–32. 10.1016/j.ejbt.2020.01.004.

VAN DER MADE, J. (1998): A preliminary note on the cervids from Bilzingsleben. *Praehistoria Thuringica*, 2: 108–122.

VAN DER MADE, J. (2013): First description of the large mammals from the locality of Penal, and updated faunal lists for the Atapuerca ungulates – *Equus altidens*, *Bison* and human dispersal into Western Europe. *Quaternary International*, 295: 36–47. 10.1016/j.quaint.2012.03.001.

VAN DER MADE, J. (2015): The latest Early Pleistocene giant deer *Megaloceros novocarthaginiensis* n. sp. and the fallow deer *Dama* cf. *vallonnetensis* from Cueva Victoria (Murcia, Spain). *Geología y Paleontología de Cueva Victoria. Mastia*: 269–323.

VAN DER MADE, J. und TONG, H. W. (2008): Phylogeny of the giant deer with palmate brow tines *Megaloceros* from west and *Sinomegaceros* from east Eurasia. *Quaternary International*, 179 (1): 135–162. 10.1016/j.quaint.2007.08.017.

MADGWICK, R., et al. (2013): Fallow deer (*Dama dama dama*) management in Roman South-East Britain. *Archaeol Anthropol Sci*, 5 (2): 111–122. 10.1007/s12520-013-0120-0.

MAILLARD, D., et al. (2010): Ungulates-and-their-management-in-France. In: APOLLONIO M., ANDERSEN R., PUTMAN R. (Hrsg.), *European ungulates and their management in the 21st century*. Cambridge University Press, Cambridge UK, New York, 441–474.

MASSETI, M., et al. (1996): RAPD Fingerprinting: Use in the Analysis of Mediterranean Populations of European Fallow Deer, *Dama dama* Linnaeus, 1758 (Mammalia, Artiodactyla). *Hystrix*, 8 (1-2): 113–119.

MASSETI, M., et al. (1997): RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) fingerprinting analysis of some Italian populations of fallow deer *Dama dama*. *Italian Journal of Zoology*, 64 (3): 235–238. 10.1080/11250009709356202www.tandfonline.com/doi/pdf/10.1080/11250009709356202?needAccess=true.

MASSETI, M., et al. (2006): Artificial Occurrence of the Fallow Deer, *Dama dama dama* (L., 1758), on the Island of Rhodes (Greece): Insight from mtDNA Analysis. *Human Evolution*, 21 (2): 167–175. 10.1007/s11598-006-9014-9.

MASSETI, M. und MERTZANIDOU, D. (2008): Dama dama. The IUCN Red List of Threatened Species 2008. 10.2305/IUCN.UK.2008.RLTS.T42188A10656554.en (08.02.2022).

MASSETI, M., PECCHIOLI, E., VERNESI, C. (2008): Phylogeography of the last surviving populations of Rhodian and Anatolian fallow deer (*Dama dama* L., 1758). *Biological Journal of the Linnean Society*, 93 (4): 835–844. 10.1111/j.1095-8312.2007.00951.x.

MASSETI, M. und VERNESI, C. (2014): Historic Zoology of the European Fallow Deer, *Dama dama*: Evidence from biogeography, archaeology and genetics. In: SYKES N., BAKER K. H., CARDEN R., MADGWICK R. (Hrsg.), *Deer and People*. Windgather Press, 14–22.

MATHEWS, F., et al. (2018): A Review of the Population and Conservation Status of British Mammals: Technical Summary. A report by the Mammal Society under contract to Natural England, Natural Resources Wales and Scottish Natural Heritage.

MATTILA, M. und HADJIGEORGIOU, I. (2015): Conservation and management of fallow deer (*Dama dama* L.) on Lemnos Island, Greece. *Turk J Vet Anim Sci*, 39: 560–567. 10.3906/vet-1501-28.

MAUGHAN, E. und WILLIAMS, J. R. B. (1967): Haemoglobin Types in Deer. *Nature*, 215: 404–405. 10.1038/215404a0.

MCDUGALL, E. I. und LOWE, V. P. W. (1968): Transferrin polymorphism and serum proteins of some British deer. *Journal of Zoology*, 155 (1): 131–140. 10.1111/j.1469-7998.1968.tb03033.x.

MECOZZI, B., et al. (2021): Redefining Ponte Molle (Rome, Central Italy): An important locality for Middle Pleistocene mammal assemblages of Europe. *Alpine and Mediterranean Quaternary*, 34 (1): 1–24. 10.26382/AMQ.2021.09.

MEIRMANS, P. G. (2006): USING THE AMOVA FRAMEWORK TO ESTIMATE A STANDARDIZED GENETIC DIFFERENTIATION MEASURE. *Evolution*, 60 (11): 2399–2402. 10.1111/j.0014-3820.2006.tb01874.x.

MEIRMANS, P. G. (2012): AMOVA-Based Clustering of Population Genetic Data. *Journal of Heredity*, 103 (5): 744–750. 10.1093/jhered/ess047.

MEIRMANS, P. G. und HEDRICK, P. W. (2011): Assessing population structure: F(ST) and related measures. *Molecular ecology resources*, 11 (1): 5–18. [10.1111/j.1755-0998.2010.02927.x](https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02927.x).

MELENTIS, J. K. (1966): Die pleistozänen Cerviden des Beckens von Megalopolis im Peleponnes (Griechenland). *Annales géologiques des pays Helléniques* (16): 1–92.

MENDEL, G. (1865): Versuche über Pflanzenhybriden. Zwei Abhandlungen. Verlag von Wilhelm Engelmann, Leipzig.

MENICETTI, L., et al. (2019): Interactions between a population of fallow deer (*Dama dama*), humans and crops in a managed composite temperate landscape in southern Sweden: Conflict or opportunity? *PLoS ONE*, 14 (4): e0215594. [10.1371/journal.pone.0215594](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0215594)journals.plos.org/plosone/article/file?id=10.1371/journal.pone.0215594&type=printable.

MØHL, U. (1961): Oversigt over dyreknogler fra Naesholm. In: COUR V. L. (Hrsg.), *Naesholm*. Nationalmuseum, Kopenhagen, 364–429.

MØHL-HANSEN, U. (1955): Første sikre spor af mennesker fra interglacialtid i Danmark. Marvspaltede knogler fra diatoméjorden ved Hollerup. In: *Kongelige nordiske Oldskriftselskab (Hrsg.), Aarbøger for nordisk Oldkyndighed og Historie 1954*, Kopenhagen, 101–126.

MOLONEY, P. D. und FLESCHE, J. (2021): Estimates of the 2020 deer harvest in Victoria: results from surveys of Victorian Game Licence holders in 2020, Unpublished Client Report for the Game Management Authority. Arthur Rylah Institute for Environmental Research, Department of Environment, Land, Water and Planning, Heidelberg, Victoria.

MOULLÉ, P. E. (1990): Les cervidés de la grotte du Vallonet (Roquebrune-Cap-Martin Alpes-Maritimes). *Quaternaire*, 1 (3-4): 193–196. [10.3406/quate.1990.1936](https://doi.org/10.3406/quate.1990.1936).

MOULLÉ, P.-E., LACOMBAT, F., ECHASSOUX, A. (2006): Apport des grands mammifères de la grotte du Vallonet (Roquebrune-Cap-Martin, Alpes-Maritimes, France) à la connaissance du cadre biochronologique de la seconde moitié du Pléistocène inférieur d'Europe. Contribution of the large mammals of Vallonet cave (Roquebrune-Cap-Martin, Alpes-

Maritimes, France) to the knowledge of biochronological frame of the second half of the Lower Pleistocene in Europe. *L'Anthropologie*, 110: 837–849.

NAKAMURA, Y., et al. (1987): Variable Number of Tandem Repeat (VNTR) Markers for Human Gene Mapping. *Science* (Vol. 235): 1616–1622.

NEHRING (1883): Über das fossile Vorkommen von *Cervus dama*, *Cyprinus carpio* und *Dreissena polymorpha* in Norddeutschland. *Sitzungsberichte der Gesellschaft Naturforschender Freunde zu Berlin*: 68–71.

NEI, M. (1973): Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 70 (12): 3321–3323.

NEI, M. (1977): F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Annals of Human Genetics*, 41 (2): 225–233. 10.1111/j.1469-1809.1977.tb01918.x.

NEI, M. und CHESSER, R. K. (1983): Estimation of fixation indices and gene diversities. *Annals of Human Genetics*, 47 (3): 253–259. 10.1111/j.1469-1809.1983.tb00993.x.

NIETHAMMER, G. (1963): Die Einbürgerung von Säugetieren und Vögeln in Europa: Ergebnisse und Aussichten. Parey, Hamburg.

NOBLE, D. G., et al. (2012): A comparison of trends and geographical variation in mammal abundance in the Breeding Bird Survey and the National Gamebag Census. JNCC Report, No. 468. data.jncc.gov.uk/data/fb98ddde-e7b7-4264-bce6-a328782625ef/JNCC-Report-468-FINAL-WEB.pdf.

NOLDE, M. (2020): Damwild - Das Jagdskript. jagdschein-vorbereitung.de/pruefungswissen-online/wildbiologie/haarwild/schalenwild/damwild/ (02.11.2021).

NOWAK, R. M. (1991): Walker's mammals of the world. Johns Hopkins University Press, 5. ed., Baltimore.

OAKLEY, K. P. und LEAKEY, M. (1937): Report on Excavations at Jaywick Sands, Essex (1934), with some observations on the Clactonian Industry, and on the Fauna and Geological significance of the Clacton Channel. *Proc. Prehist. Soc.*, 3 (1-2): 217–260. 10.1017/S0079497X00021435.

O'GRADY, J. J., et al. (2008): Extinction risk scales better to generations than to years. *Animal Conservation*, 11: 442–451. 10.1111/j.1469-1795.2008.00201.x.

OLECH, W. (2023): The Relationship between Inbreeding and Fitness Is Different between Two Genetic Lines of European Bison. *Diversity*, 15 (3): 368. 10.3390/d15030368.

OLIVEIRA, E. J., et al. (2006): Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. *Genet. Mol. Biol.*, 29 (2): 294–307. 10.1590/S1415-47572006000200018www.scielo.br/j/gmb/a/cGqCDX7KXytxqp865mGXSZF/?lang=en &format=pdf.

OSBORNE, D. (2017): Imports and Isotopes: A Modern Baseline Study for Interpreting Iron Age and Roman Trade in Fallow Deer Antlers. *Papers from the Institute of Archaeology*, 27 (1): Art. 10, 1–15. 10.5334/pia-482.

OSBORNE, D. A. (2013): Fallow Deer in Iron Age and Roman Britain, A study of fallow deer antlers using stable isotopes, University of Nottingham, department of archaeology, Dissertation for MSc in Archaeological Research.

OWEN, R. (1848): Description of Teeth and portions of Jaws of two extinct Anthracotheroid Quadrupeds (*Hyopotamus vectianus* and *Hyopbovinus*) discovered by the Marchioness of Hastings in the Eocene Deposits on the N. W. coast of the Isle of Wight: with an attempt to develop Cuvier's idea of the Classification of Pachyderms by the Number of their Toes. *Quarterly Journal of the Geological Society* (4): 103–141. ia600504.us.archive.org/17/items/quarterlyjournal41848geol/quarterlyjournal41848geol.pdf.

PARADIS, E. (2010): pegas: an R package for population genetics with an integrated-modular approach. *Bioinformatics* (Oxford, England), 26 (3): 419–420. 10.1093/bioinformatics/btp696.

PEAKALL, R. und SMOUSE, P. (2015): Appendix 1 – Methods and Statistics in GenAEx 6.5, V. 6.

PEAKALL, R. und SMOUSE, P. E. (2006): GenAEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol Ecol Notes*, 6 (1): 288–295. 10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x.

- PEAKALL, R. und SMOUSE, P. E. (2012):** GenA1Ex 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research--an update. *Bioinformatics* (Oxford, England), 28 (19): 2537–2539. [10.1093/bioinformatics/bts460](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460)www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3463245/pdf/bts460.pdf.
- PEMBERTON, J. M. und SMITH, R. H. (1985):** Lack of biochemical polymorphism in British fallow deer. *Heredity*, 55 (2): 199–207. [10.1038/hdy.1985.92](https://doi.org/10.1038/hdy.1985.92).
- PERDIKARIS, S., et al. (2018):** From Icon of Empire to National Emblem: New Evidence for the Fallow Deer of Barbuda. *Environmental Archaeology*, 23 (1): 47–55. [10.1080/14614103.2017.1349027](https://doi.org/10.1080/14614103.2017.1349027)www.tandfonline.com/doi/pdf/10.1080/14614103.2017.1349027?needAccess=true.
- PETER, C. (2005):** Molekulargenetische Charakterisierung von Schafrassen Europas und des Nahen Ostens auf der Basis von Mikrosatelliten, Justus-Liebig-Universität Gießen, Institut für Tierzucht und Haustiergenetik, Dissertation.
- PETRONIO, C., et al. (2014):** The Late Pleistocene mammal fauna from Montemerano - Manciano (Grosseto, central Italy). *Bollettino del Museo Civico di Storia Naturale di Verona, Geologia Paleontologia Preistoria* (38): 103–116. www.rhinosourcecenter.com/pdf_files/144/1447935870.pdf.
- PETRONIO, C., BELLUCCI, L., DI STEFANO, G. (2013):** *Axis eurygonos* from Pirro Nord (Apricena, Southern Italy). *Palaeontographica. Abt. B: Palaeozoology - Stratigraphy*, 298 (1-6): 169–181. [10.1127/pala/298/2013/169](https://doi.org/10.1127/pala/298/2013/169).
- PFEIFFER, T. (1995):** Das Vorkommen von *Dama dama* in Mitteleuropa im Pleistozän unter besonderer Berücksichtigung der Funde von Neumark-Nord (Sachsen Anhalt). *Zeitschrift für Jagdwissenschaft*, 41: 157–170. [10.1515/9783110924992-003](https://doi.org/10.1515/9783110924992-003).
- PFEIFFER, T. (1997):** Die fossilen Damhirsche der Oberrheinebene im Vergleich zu *Dama dama* aus Neumark-Nord (Sachsen-Anhalt), Lehringen (Niedersachsen) und dem rezenten europäischen Damhirsch. *Zeitschrift für Jagdwissenschaft*, 43 (4): 221–239. [10.1007/BF02239889](https://doi.org/10.1007/BF02239889).

PFEIFFER, T. (1998): Die fossilen Damhirsche von Neumark-Nord (Sachsen-Anhalt) - *Dama geiselana* n. ssp. E&G Quaternary Sci. J., 48 (1): 72–86. 10.3285/eg.48.1.08.

PFEIFFER, T. (1999): Die Stellung von *Dama* (Cervidae, Mammalia) im System plesiometacarpaler Hirsche des Pleistozäns. Phylogenetische Rekonstruktion, metrische Analyse. Zugl.: Bonn, Univ., Diss., 1998. Senckenbergische Naturforschende Ges, Frankfurt am Main.

PFEIFFER, T. (2000): Die Cerviden der altpleistozänen Fundstelle Bad Deutsch- Altenburg 4B (Niederösterreich). Beitr. Paläont., 25: 95–103, 3 Abb., 1 Tab., 1 Taf. 10.1515/9783110924992-003www.zobodat.at/pdf/Beitr-Palaeontologie_25_0095-0103.pdf.

PFEIFFER, T. (2002): The first complete skeleton of *Megaloceros verticornis* (Dawkins, 1868) Cervidae, Mammalia, from Bilshausen (Lower Saxony, Germany): Description and phylogenetic implications. Fossil Record, 5 (1): 289–308. 10.1002/mmng.20020050118.

PFEIFFER-DEML, T. (2016): Deer from the Pliocene site of Bad Deutsch-Altenburg 26 (Lower Austria, Leithagebirge): Conclusions based on skeletal morphology. Ann. Naturhist. Mus.: 133–173. content.ebscohost.com/ContentServer.asp?EbscoContent=dGJyMNLr40Seprc4yOvsOLCmsEiep65Ss6i4SrGWxWXS&ContentCustomer=dGJyMPHq84bz5Ll94unfiOex43zx1%2B6B&T=P&P=AN&S=R&D=asn&K=112351804.

PFEIFFER-DEML, T. (2018): The fossil fallow deer *Dama geiselana* (Cervidae, Mammalia, upgrade to species level) in the context of migration and local extinctions of fallow deer in the Late and Middle Pleistocene in Europe. PalZ, 92 (4): 681–713. 10.1007/s12542-018-0417-5.

PFEIFFER-DEML, T. (2020): What Does the Mass Accumulation of 100 Late Pleistocene Fallow Deer Skeletons (*Dama geiselana*) and Red Deer Skeletons (*Cervus elaphus*) from Neumark-Nord Reveal about the Cause of Death? In: TURCANU-CARUTIU D. (Hrsg.), Heritage. IntechOpen.

FIGIÈRE, F., et al. (2020): The introduction of the European fallow deer to the northern provinces of the Roman Empire: a multi-proxy approach to the Herstal skeleton (Belgium). Antiquity, 94 (378): 1501–1519. 10.15184/aqy.2020.207.

- PIRY, S., LUIKART, G., CORNUET, J.-M. (1999):** BOTTLENECK: a computer program for detecting recent reductions in the effective size using allele frequency data. *The Journal of Heredity*, 90 (4): 502–503. 10.1093/jhered/90.4.502.
- POCOCK, R. I. (1923):** The Classification of the Scinridæ. *Proceedings of the Zoological Society of London* (93): 209–246. 10.1111/j.1096-3642.1923.tb02184.x.
- POETSCH, M., SEEFELDT, S., MASCHKE, MARINA, LIGNITZ, EBERHARD (2001):** Analysis of microsatellite polymorphism in red deer, roe deer, and fallow deer - possible employment in forensic applications. *Forensic Science International* (116): 1–8.
- PORTIS, A. (1920):** Elenco delle specie di Cervicorni fossili in Roma e attorno a Roma. *Bollettino della Societa Geologica Italiana*, 39: 132–139.
- PRITCHARD, J. K., STEPHENS, M., DONNELLY, P. (2000):** Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* (155): 945–959. web.stanford.edu/group/pritchardlab/publications/pdfs/PritchardEtAl00.pdf.
- PUPKO, T. und GRAUR, D. (1999):** Evolution of microsatellites in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*: role of length and number of repeated units. *Journal of molecular evolution*, 48 (3): 313–316. 10.1007/pl00006474.
- PUTMAN, A. I. und CARBONE, I. (2014):** Challenges in analysis and interpretation of microsatellite data for population genetic studies. *Ecology and evolution*, 4 (22): 4399–4428. 10.1002/ece3.1305.
- PUTMAN, R. (1989):** The natural history of deer. Christopher Helm; Comstock Pub. Associates, London, Ithaca, N.Y.
- PUTMAN, R. und WARD, A. (2010):** Predicting abundance and distribution of wild deer in England: supporting a vision for Natural England. *Deer Initiative Research Report*, 10/2. bds.org.uk/wp-content/uploads/2021/02/DI.Predicting-abundance-distribution-of-wild-deer-in-England-DI-NE-report-2010.pdf.
- R CORE TEAM (2017):** R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical, Computing, Vienna, Austria.
- RALLS, K., BRUGGER, K., BALLOU, J. D. (1979):** Inbreeding and juvenile mortality in small populations of ungulates. *Science*, 206 (4422): 1101–1103. 10.1126/science.493997.

- RANDI, E. und APOLLONIO, M. (1988):** Low biochemical variability in European fallow deer (*dama dama* L.): natural bottlenecks and the effects of domestication. *Heredity* (61): 405–410.
- RAYMOND, M. und ROUSSET, F. (1995):** GENEPOP (Version 1.2): Population Genetics Software for Exact Tests and Ecumenicism. *Journal of Heredity*, 86 (3): 248–249.
- REIMOSER, F. und REIMOSER, S. (2010):** Ungulates and their management in Austria. In: APOLLONIO M., ANDERSEN R., PUTMAN R. (Hrsg.), *European ungulates and their management in the 21st century*. Cambridge University Press, Cambridge UK, New York, 338–356.
- REINER, G. (2006):** Genetische Aspekte der Fruchtbarkeit beim Schwein. *Tierärztl Prax Ausg G*, 34 (03): 171–178. 10.1055/s-0037-1621066.
- REINER, G., et al. (2021):** Human-driven genetic differentiation in a managed red deer population. *Eur J Wildl Res*, 67 (2). 10.1007/s10344-021-01472-8.
- REINER, G., LANG, M., WILLEMS, H. (2019):** Impact of different panels of microsatellite loci, different numbers of loci, sample sizes, and gender ratios on population genetic results in red deer. *Eur J Wildl Res*, 65 (2). 10.1007/s10344-019-1262-x.
- REINKEN, G. (1980):** Damtierhaltung auf Grün- und Brachland. Ulmer, Stuttgart.
- REINKEN, G. (1997):** Wieder-Verbreitung, Verwendung und Namensgebung des Damhirsches *Cervus dama* L. in Europa. *Zeitschrift für Jagdwissenschaft*, 43 (3): 197–206. 10.1007/BF02241329.
- REINKEN, G. (1999):** Wieder-Verbreitung, Verwendung und Namensgebung des Damhirsches *Cervus dama* L. in Europa — Ergänzende Mitteilung. *Zeitschrift für Jagdwissenschaft*, 45 (4): 266–269. 10.1007/BF02241542.
- REIßMANN, M., et al. (2010):** Paternity Determination And Body Weight Analysis In Fallow Deer (*Dama dama*).
- REIßMANN, M. (2017):** Möglichkeiten und Grenzen molekulargenetischer Analysen bei der landw. Wildhaltung, *Landwirtschaftliche Wildhaltung in Forschung und Praxis*. BLW-Fachtagung, 41–52.

REWILDING EUROPE (2015): 30 fallow deer released in the Rhodope Mountains rewilding area. rewildingeuropa.com/news/30-fallow-deer-released-in-the-rhodope-mountains-rewilding-area/ (13.06.2022).

REWILDING EUROPE (2016): More fallow deer to roam free in Rhodope Mountains. rewildingeuropa.com/news/more-fallow-deer-to-roam-free-in-rhodope-mountains/ (13.06.2022).

REWILDING EUROPE (2021a): Fallow deer population reinforced in the Rhodope Mountains. rewildingeuropa.com/news/fallow-deer-population-reinforced-in-the-rhodope-mountains/ (13.06.2022).

REWILDING EUROPE (2021b): New fallow deer releases in Rhodope Mountains advance natural process recovery. rewildingeuropa.com/news/new-fallow-deer-releases-in-rhodope-mountains-advance-natural-process-recovery/ (17.05.2022).

REWILDING EUROPE (2022): Winter fallow deer releases advance nature recovery in Rhodope Mountains | Rewilding Europe. rewildingeuropa.com/news/winter-fallow-deer-releases-advance-nature-recovery-in-rhodope-mountains/ (13.06.2022).

RICE, W. R. (1989): Analyzing tables of statistical tests. *Evol* (43): 223–225.

RIEDE, F., et al. (2011-2012): Dådyrknoglerne fra Hollerup – sikre spor af mennesker fra interglacialtid i Danmark? *Aarbøger for Nordisk oldkyndighed og historie*: 7–32.

ROBINSON, J. A., et al. (2018): Purging of Strongly Deleterious Mutations Explains Long-Term Persistence and Absence of Inbreeding Depression in Island Foxes. *Current biology* : CB, 28 (21): 3487-3494.e4. 10.1016/j.cub.2018.08.066.

ROGERS, J. S. (1972): Measures of Genetic Similarity and Genetic Distance. *Studies in Genetics VII*: 145–153.

ROLDAN, E. R. S., et al. (2006): Inbreeding and reproduction in endangered ungulates: preservation of genetic variation through the Organization of Genetic Resource Banks. *Reproduction in domestic animals = Zuchthygiene*, 41 Suppl 2: 82–92. 10.1111/j.1439-0531.2006.00772.x.

ROOK, L., et al. (2013): The Upper Valdarno Plio-Pleistocene vertebrate record: an historical overview, with notes on palaeobiology and stratigraphic significance of some

important taxa. *Italian Journal of Geosciences* (Vol. 132, N. 1): 104–125. 10.3301/IJG.2012.16.

ROSE, O. und FALUSH, D. (1998): A Threshold Size for Microsatellite Expansion. *Mol Biol Evol*, 15 (5): 613–615. 10.31436/ijes.v4i2.129.g78.

ROUSSET, F. (2008): genepop'007: a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular ecology resources*, 8 (1): 103–106. 10.1111/j.1471-8286.2007.01931.x.

RUE, L. L. (2004): The encyclopedia of deer. Your guide to the world's deer species, including whitetails, mule deer, caribou, elk, moose and more. Voyager Press, Vancouver.

SARDELLA, R., et al. (2006): The early Middle Pleistocene large mammal faunas of Italy: An overview. *Quaternary International*, 149 (1): 104–109. 10.1016/j.quaint.2005.11.023.

SAY, L., et al. (2005): Absence of heterozygote advantage in a population of fallow deer *Dama dama* L. *Biological Letters*, 42 (1): 3–12.

SAY, L., NAULTY, F., HAYDEN, T. J. (2003): Genetic and behavioural estimates of reproductive skew in male fallow deer. *Mol Ecol*, 12 (10): 2793–2800. 10.1046/j.1365-294X.2003.01945.x.

SCANDURA, M., et al. (1998): Genetic variation in an isolated Italian population of fallow deer *Dama dama* as revealed by RAPD-PCR. [In: *Ecological genetics in mammals III*. G. B. Hartl and J. Markowski, eds]. *Acta Theriol., Suppl.* 5: 163–169. 10.4098/AT.arch.98-41.

SCANDURA, M. (2004): The use of microsatellites in the study of social structure in large mammals. Italian wolf and fallow deer as case studies. Bielefeld, University of Bielefeld, Faculty of Biology, PhD Thesis.

SCHÄFF, E. (1907): Jagdtierkunde. Naturgeschichte der in Deutschland heimischen Wildarten. Parey, P, Berlin.

SCHAUB, S. (1941): Die kleine Hirschart aus dem Oberpliozän von Senèze (Haute-Loire). *Eclogae geologicae Helveticae*, 34 (2): 264–286. 10.5169/seals-160146www.e-periodica.ch/cntnmg?pid=egh-001%3A1941%3A34%3A%3A422.

- SCHAUB, S. (1943):** Die oberpliocäne Säugetierfauna von Senèze (Haute-Loire) und ihre verbreitungsgeschichtliche Stellung. *Eclogae geologicae Helveticae*, 36 (2): 270–289. 10.5169/seals-160394.
- SCHLÖTTERER, C. (2000):** Evolutionary dynamics of microsatellite DNA. *Chromosoma*, 109 (6): 365–371. 10.1007/s004120000089.
- SCHLÖTTERER, C. (2004):** The evolution of molecular markers--just a matter of fashion? *Nature reviews. Genetics*, 5 (1): 63–69. 10.1038/nrg1249.
- SCHLÖTTERER, C. und TAUTZ, D. (1992):** Slippage synthesis of simple sequence DNA. *Nucleic Acids Research*, 20 (2): 211–215. 10.1093/nar/20.2.211.
- SCHMELLER, D., VEITH, M., SEITZ, A. (1996):** Genflußschätzungen und deren Aussagekraft, dargestellt am Beispiel der Westlichen Beißschrecke *Platycleis albopunctata* (Goeze, 1778). *Articulata*, 11: 1–10. www.dirk.die-schmellers.de/Publications/grasshoppers/Articulata.pdf.
- SCHMIDT, O. (2017):** *Genetik und Molekularbiologie*. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg.
- SCHOCH, C. L., et al. (2020):** NCBI Taxonomy: a comprehensive update on curation, resources and tools. 10.1093/database/baaa062 (02.11.2021).
- SCHREIBER, A. und FAKLER, P. (1996):** NADH diaphorase polymorphism in European fallow deer. *Biochemical genetics*, 34 (1-2): 61–65. 10.1007/BF02396240.
- SCOPOLI, G. A. (1777):** *Introductio ad historiam naturalem sistens genera lapidum, plantarum et animalium: hactenus detecta, caracteribus essentialibus donata, in tribus divisa, subinde ad leges naturae*. Apud Wolfgangum Gerle.
- SHAFFER, M. K. (1981):** Minimum viable populations size for species conservation. *BioScience*, 31 (2): 131–134.
- SICKENBERG, O. (1965):** *Dama clactoniana* (Falc.) in der Mittelterrasse der Rhume-Leine bei Edesheim (Landkreis Northeim). *Geologisches Jahrbuch*, 83: 353–396.
- SINDIČIĆ, M., et al. (2019):** Diversity of mitochondrial DNA in fallow deer (*Dama dama*) from Brijuni National park, Croatia - short communication. *Vet. arhiv*, 89 (6): 895–902. 10.24099/vet.arhiv.0537.

- SLATKIN, M. (1995):** A Measure of Population Subdivision Based on Microsatellite Allele Frequencies. *Genetics* (139): 457–462. www.genetics.org/content/genetics/139/1/457.full.pdf.
- SMITH, G. P. (1976):** Evolution of repeated DNA sequences by unequal crossover. *Science* (New York, N.Y.), 191 (4227): 528–535. [10.1126/science.1251186](https://doi.org/10.1126/science.1251186).
- SMITH, R. H. (1979):** On selection for inbreeding in polygynous animals. *Heredity*, 43 (2): 205–211. [10.1038/hdy.1979.75](https://doi.org/10.1038/hdy.1979.75).
- SOLARZ, W. (2022):** Fallow Deer. Atlas of Polish Mammals. www.iop.krakow.pl/Ssaki/gatunek/124 (19.06.2022).
- SOULÉ, M. E. (2010):** Where do we go from here? In: SOULÉ M. E. (Hrsg.), *Viable Populations for Conservation*. Cambridge University Press, 175–184.
- SPAAN, A. N. (1992):** A revision of the deer from Tegelen (province of Limburg, The Netherlands). *Scripta Geologica*, 98: 1–85.
- SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT VERLAGSGESELLSCHAFT (2014a):** Mindel-Kaltzeit. www.spektrum.de/lexikon/geowissenschaften/mindel-kaltzeit/10466 (27.04.2022).
- SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT VERLAGSGESELLSCHAFT (2014b):** Quartär. www.spektrum.de/lexikon/geowissenschaften/quartaer/12976 (27.04.2022).
- SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT VERLAGSGESELLSCHAFT (2018):** Pleistozän. www.spektrum.de/lexikon/biologie/pleistozaen/52380 (02.05.2022).
- SPIELMANN, R. (2020):** Biomathematik. Deterministische Modelle aus Evolutionsbiologie, Populationsgenetik und Epidemiologie. De Gruyter Oldenbourg, München, Wien.
- STEFANELLI, D. und MECOZZI, B. (2020):** Body-mass estimation from Middle Pleistocene fallow deer of Europe. In: Bartolini Lucenti, Cirilli, Pandolfi (Hrsg.), *Fossilia, Reports in Palaeontology*. Volume 2020. Earth Science Dept., University of Florence, 47–51.
- STEPHAN, W. und HÖRGER, A. C. (2019):** *Molekulare Populationsgenetik. Theoretische Konzepte und empirische Evidenz*. Springer Spektrum, Berlin, Heidelberg.

- STUART, A. J. (1976):** The history of the mammal fauna during the Ipswichian/last interglacial in England. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B*, 276 (945): 221–250. 10.1098/rstb.1976.0112.
- SUTCLIFFE, A. J. (1964):** The Mammalian Fauna. In: OVEY C. D. (Hrsg.), *The Swanscombe Skull. A Survey of Research on a Pleistocene Site*. *Roy. Anthr. Inst. Occ. Pap.*, 20, London, 85–111.
- SUTCLIFFE, A. J. und KOWALSKI, K. (1976):** Pleistocene Rodents of the British Isles. *Bulletin of the British Museum (Natural History) Geology*, Vol. 27 (No. 2): 31–147. www.rhinosourcecenter.com/pdf_files/137/1376158853.pdf.
- SUWATTANA, D., et al. (2010):** Tetranucleotide Microsatellite Markers for Molecular Testing in Thai Domestic Elephants (*Elephas maximus indicus*). *The Thai Journal of Veterinary Medicine*, 40 (4): 405–409. 10.56808/2985-1130.2258digital.car.chula.ac.th/cgi/viewcontent.cgi?article=2258&context=tjvm.
- SYKES, N. (2004):** The Introduction of Fallow Deer to Britain: A Zooarchaeological Perspective. *Environmental Archaeology*, 9 (1): 75–83. 10.1179/env.2004.9.1.75.
- SYKES, N., et al. (2016):** Wild to domestic and back again: the dynamics of fallow deer management in medieval England (c. 11th -16th century AD). *STAR*, 2 (1): 113–126. 10.1080/20548923.2016.1208027.
- SYKES, N. und CARDEN, R. F. (2011):** Were Fallow Deer Spotted (OE *pohha /*pocca) in Anglo-Saxon England? Reviewing the Evidence for *Dama dama* in Early Medieval Europe. *Medieval Archaeology*, 55 (1): 139–162. 10.1179/174581711X13103897378483.
- SYKES, N. und PUTMAN, R. (2014):** Management of Ungulates in the 21st Century: How Far Have We Come? In: PUTMAN R., APOLLONIO M. (Hrsg.), *Behaviour and management of european ungulates*. Whittles, Caithness, 267–289.
- SYKES, N. J., et al. (2006):** Tracking animals using strontium isotopes in teeth: the role of fallow deer (*Dama dama*) in Roman Britain. *Antiquity*, 80 (310): 948–959. 10.1017/S0003598X00094539.

SYKES, N. J., et al. (2011): New evidence for the establishment and management of the European fallow deer (*Dama dama dama*) in Roman Britain. *Journal of Archaeological Science*, 38 (1): 156–165. 10.1016/j.jas.2010.08.024.

TAJIMA, F. (1996): Infinite-allele model and infinite-site model in population genetics. *J. Genet.*, 75 (1): 27–31. 10.1007/BF02931749.

TATE, M. L. und MCEWAN, K. M. (1992): Genetic polymorphism of erythrocyte diaphorase in red deer, *Cervus elaphus* L. *Animal Genetics*, 23 (5): 449–452. 10.1111/j.1365-2052.1992.tb02165.x.

TAUTZ, D. (1989): Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research* (Vol. 17, No. 16): 6463–6471. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC318341/pdf/nar00133-0040.pdf.

THE STATE OF QUEENSLAND, DEPARTMENT OF AGRICULTURE AND FISHERIES (2019): Fact Sheet: Feral Fallow Deer.

THENIUS, E. (1948): Zur Kenntnis der fossilen Hirsche des Wiener Beckens, unter besonderer Berücksichtigung ihrer stratigraphischen Bedeutung. *Annalen des Naturhistorischen Museums in Wien*, 56: 262–308. www.jstor.org/stable/41768489.

THERMO SCIENTIFIC: NanoDrop 2000/2000c Spektralphotometer. V1.0 Kurzanleitung. de.vwr.com/assetsvc/asset/de_DE/id/17035178/contents/nanodrop-2000_2000c-kurzanleitung_de_0314.pdf.

THERMOFISHER SCIENTIFIC (2020): Qubit™ Flex Fluorometer. User Guide. assets.thermofisher.com/TFS-Assets/LSG/manuals/MAN0018186_Qubit_Flex_Fluorometer_UG.pdf.

THUN, N. (1968): Germanic words for deer. *Studia Neophilologica*, 40 (1): 94–113. 10.1080/00393276808587398.

TIERPARK SABABURG (2022): Geschichte des Tierparks. www.tierpark-sababurg.de/ueber-uns/geschichte/ (07.06.2022).

TOMIUK, J. und LOESCHKE, V. (2017): Grundlagen der Evolutionsbiologie und Formalen Genetik. Springer Spektrum, Berlin, Heidelberg.

TOURISTIK-INFORMATION ERBACH (2022): Erbach - Eulbacher Park. www.erbach.de/index.php?id=126 (07.06.2022).

TRAILL, L. W., BRADSHAW, C. J., BROOK, B. W. (2007): Minimum viable population size: A meta-analysis of 30 years of published estimates. *Biological Conservation*, 139 (1-2): 159–166. 10.1016/j.biocon.2007.06.011.

TRANTALIDOU, K. (2002): The Rhodian fallow deer: game and trophy since prehistoric times. Natural history of the fallow deer of Rhodos and of the vertebrates of the Dodecanese (Greece). In: MASSETI M. (Hrsg.), *Island of deer. Natural history of the fallow deer of Rhodos and of the vertebrates of the Dodecanese (Greece)*. City of Rhodes-Environment Organization, 159–224.

TROIANOU, E., et al. (2018): Estimating selection on the act of inbreeding in a population with strong inbreeding depression. *Journal of evolutionary biology*, 31 (12): 1815–1827. 10.1111/jeb.13376.

TURNER, E. (1991): Pleistocene Stratigraphy and Vertebrate Faunas from the Neuwied Basin region of Western Germany. *Cranium*, 8 (1): 21–34.

UECKERMANN, E. und HANSEN, P. (1983): *Das Damwild*. Naturgeschichte, Hege u. Jagd. Parey, 2. Aufl., Hamburg, Berlin.

ÜNAL, Y. und ÇULHACI, H. (2018): Investigation of fallow deer (*Cervus dama* L.) population densities by camera trap method in Antalya Düzlerçamı Eşenadası Breeding Station. *Turkish Journal of Forestry | Türkiye Ormançılık Dergisi*: 57–62. 10.18182/tjf.339042.

VALENZUELA, A., et al. (2016): Both introduced and extinct: The fallow deer of Roman Mallorca. *Journal of Archaeological Science: Reports*, 9: 168–177. 10.1016/j.jasrep.2016.06.038.

VAN DER VALK, T., et al. (2021): Estimates of genetic load suggest frequent purging of deleterious alleles in small populations. Cold Spring Harbor Laboratory.

VIEIRA, M. L. C., et al. (2016): Microsatellite markers: what they mean and why they are so useful. *Genetics and Molecular Biology*, 39 (3): 312–328. 10.1590/1678-4685-GMB-2016-0027.

- VIGNE, J.-D., DAUJAT, J., MONCHOT, H. (2016):** First Introduction and Early Exploitation of the Persian Fallow Deer on Cyprus (8000-6000 cal. bc). *Int. J. Osteoarchaeol.*, 26 (5): 853–866. 10.1002/oa.2488.
- VOS, J. DE, MOL, D., REUMER, J. W. F. (1995):** Early Pleistocene Cervidae (Mammalia, Artiodactyla) from the Oosterschelde (the Netherlands), with a revision of the cervid genus *Eucladoceros* Falconer, 1868. *Deinsea*, 2 (1): 95–121.
- WAHLUND, S. (1928):** Zusammensetzung von Population und Korrelationserscheinung vom Standpunkt der Vererbungslehre aus betrachtet. *Heredity*, 11 (1): 65–106. onlinelibrary.wiley.com/doi/pdfdirect/10.1111/j.1601-5223.1928.tb02483.x?download=true.
- WALANDER, P. (2012):** Six years of estimating roe and fallow deer density with distance sampling at the Koberg estate, Swedish University of Agricultural Sciences, Faculty of Natural Resources and Agricultural Sciences.
- WANG, J., SANTIAGO, E., CABALLERO, A. (2016):** Prediction and estimation of effective population size. *Heredity*, 117 (4): 193–206. 10.1038/hdy.2016.43.
- WAPLES, R. S. und DO, C. (2008):** ldne: a program for estimating effective population size from data on linkage disequilibrium. *Molecular ecology resources*, 8 (4): 753–756. 10.1111/j.1755-0998.2007.02061.x.
- WEBER, J. L. und WONG, C. (1993):** Mutation of human short tandem repeats. *Human Molecular Genetics* (Vol. 2; No. 8): 1123–1128.
- WEBLEY, L. S., et al. (2007):** Genetic structure of introduced European fallow deer (*Dama dama dama*) in Tasmania, Australia. *Eur J Wildl Res*, 53 (1): 40–46. 10.1007/s10344-006-0069-8.
- WEHNER, J., MÜLLER, H. P., ORTHWEIN, L. (1991):** Untersuchungen zur genetischen Situation des Damwildes in Nordrhein-Westfalen. *Zeitschrift für Jagdwissenschaft*, 37 (2): 69–77. 10.1007/BF02241671.
- WEIR, B. S. und COCKERHAM, C. C. (1984):** Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evol*, 38 (6): 1358. 10.2307/2408641.

WEIR, B. S. und HILL, W. G. (2002): Estimating F-Statistics. *Annu. Rev. Genet.*, 36: 721–750. 10.1146/annurev.genet.36.

WEISING, K., et al. (1998): Microsatellite markers for molecular breeding. *J. Crop Prod.*, 1: 113–143. 10.1300/J144v01n01_06.

WELTE, J. (2014): Untersuchungen zur genetischen Diversität beim Rotwild (*Cervus elaphus*, L.) mit Hilfe von Knochen-DNA-Analysen. Gießen, Arbeitskreis Wildbiologie e.V. (An- Institut) und dem Institut für Pharmakologie und Toxikologie sowie der Klinik für Wiederkäuer und Schweine, Professur für Schweinekrankheiten (Innere Medizin und Chirurgie), Dissertation.

WHITEHEAD, G. (1978): Captive breeding as a practical aid to preventing extinction, and providing animals for re-introduction, Threatened Deer. IUCN threatened deer programme. - Dossier on the planning of restoration programmes for threatened mammals with special reference to deer. Alden Press Oxford London and Northampton, Morges, Switzerl., 353–363.

WHITEHEAD, G. K. (1964): The Deer of Great Britain and Ireland. An Account of Their History, Status and Distribution. Routledge & K. Paul.

WHITEHEAD, G. K. (1985): Verkürzter Unterkiefer bei Sikawild. *Zeitschrift für Jagdwissenschaft*, 31 (4): 247–248. 10.1007/BF02241306.

WHITLOCK, M. C. (2011): G'ST and D do not replace FST. *Molecular Ecology*, 20 (6): 1083–1091. 10.1111/j.1365-294X.2010.04996.x.

WIKLUND, E., MANLEY, T. R., LITTLEJOHN, R. P. (2004): Glycolytic potential and ultimate muscle pH values in red deer (*Cervus elaphus*) and fallow deer (*Dama dama*). *Ran*, 24 (2): 87–94. 10.7557/2.24.2.305.

WILDTIER-INFORMATIONSSYSTEM DER LÄNDER DEUTSCHLANDS (WILD): Jahresstrecken in Deutschland (Individuen). Rot- und Damwild. wild-monitoring.de/cadenza/api/processingChain?repositoryItemGlobalId=ROOT.Wildtier-Informationssystem.Bundesweite+Jagdstreckenstatistik.wild%3Ajahresstrecken_in_deutschland.cwf&conditionValuesSetHash=2ff856c&selector=ROOT.Wildtier-

Informationssystem.Bundesweite+Jagdstreckenstatistik.wild%3Aasel_js_alle_arten.sel&processings=wild%3Aall%2Fjahresstrecken_alle_arten.cht (20.11.2023).

WILDTIER-INFORMATIONSSYSTEM DER LÄNDER DEUTSCHLANDS (WILD): Jahresstrecken in Deutschland (Individuen). Rot-, Dam- und Rehwild. wild-monitoring.de/cadenza/api/processingChain?repositoryItemId=ROOT.Wildtier-Informationssystem.Bundesweite+Jagdstreckenstatistik.wild%3Ajahresstrecken_in_deutschland.cwf&conditionValuesSetHash=3d5c76c&selector=ROOT.Wildtier-Informationssystem.Bundesweite+Jagdstreckenstatistik.wild%3Aasel_js_alle_arten.sel&processings=wild%3Aall%2Fjahresstrecken_alle_arten.cht (20.11.2023).

WILDTIER-INFORMATIONSSYSTEM DER LÄNDER DEUTSCHLANDS (WILD): Jahresstrecken in Hessen (Individuen). Rot- und Damwild. wild-monitoring.de/cadenza/api/processingChain?repositoryItemId=ROOT.Wildtier-Informationssystem.Bundesweite+Jagdstreckenstatistik.wild%3Ajahresstrecken_in_deutschland.cwf&conditionValuesSetHash=65d4091&selector=ROOT.Wildtier-Informationssystem.Bundesweite+Jagdstreckenstatistik.wild%3Aasel_js_alle_arten.sel&processings=wild%3Aall%2Fjahresstrecken_alle_arten.cht (20.11.2023).

WILDTIER-INFORMATIONSSYSTEM DER LÄNDER DEUTSCHLANDS (WILD): Streckenvergleiche des Damwildes in den Bundesländern. wild-monitoring.de/cadenza/api/processingChain?repositoryItemId=ROOT.Wildtier-Informationssystem.Bundesweite%20Jagdstreckenstatistik.Schalenwild.Damwild.wild%3Astreckenvergleiche_damwild.cwf&conditionValuesSetHash=09f5ffe&selector=ROOT.Wildtier-Informationssystem.Bundesweite%20Jagdstreckenstatistik.Schalenwild.Damwild.wild%3Aasel_js_vgl_damwild.sel&processings=wild%3Aschalenwild%2Fstreckenvergleiche_damwild.cht (20.11.2023).

WILDTIERPARK KELLERWALD-EDERSEE (2022): Geschichte des WildtierParks Edersee. www.wildtierpark-edersee.eu/wp/de/geschichte/ (07.06.2022).

WILKENS, B. (1996): Faunal Remains from Italian Excavations on Crete. In: REESE D. S. (Hrsg.), Pleistocene and Holocene fauna of Crete and its first settlers. Prehistory Press, Madison, Wis., 241–261.

- WILLEMS, H.**, et al. (2016): Temporal variation of the genetic diversity of a German red deer population between 1960 and 2012. *Eur J Wildl Res*, 62 (3): 277–284. 10.1007/s10344-016-0999-8.
- WISENTGEHEGE SPRINGE (2022):** Wisentgehege Springe. www.wisentgehege-springe.de/gehegeplan/ (20.05.2022).
- WRIGHT, J. M. und BENTZEN, P. (1994):** Microsatellites: genetic markers for the future. *Rev Fish Biol Fisheries*, 4: 384–388. 10.1007/BF00042912.
- WRIGHT, L. I., TREGENZA, T., HOSKEN, D. J. (2008):** Inbreeding, inbreeding depression and extinction. *Conserv Genet*, 9 (4): 833–843. 10.1007/s10592-007-9405-0.
- WRIGHT, S. (1950):** The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics*, 15 (1): 323–354. 10.1111/j.1469-1809.1949.tb02451.x.
- WRIGHT, S. (1965):** The Interpretation of Population Structure by F-Statistics with Special Regard to Systems of Mating. *Evolution*, 19 (3): 395–420. www.jstor.org/stable/2406450.
- YALDEN, D. W. (1999):** The history of British mammals. T & A D Poyser, London.
- YAMAMOTO, T. (2021):** DNA Markers and Molecular Breeding in Pear and Other Rosaceae Fruit Trees. *Hort. J.*, 90 (1): 1–13. 10.2503/hortj.UTD-R014www.jstage.jst.go.jp/article/hortj/90/1/90_UTD-R014/_pdf/-char/en.
- YANNOULI, E. und TRANTALIDOU, K. (1998):** The fallow deer (*Dama dama* Linnaeus, 1758): Archaeological presence and representation in Greece. In: BENECKE N. (Hrsg.), *The Holocene History of the European Vertebrate Fauna. Modern Aspects of Research*, Berlin. Verlag Marie Leidorf GmbH, Rahden/Westf., 247–281.
- YE, J.**, et al. (2012): Primer-BLAST: A tool to design target-specific primers for polymerase chain reaction. *BMC Bioinformatics*, 13. 10.1186/1471-2105-13-134.
- ZACHOS, F. E.**, et al. (2007): Genetic analysis of an isolated red deer (*Cervus elaphus*) population showing signs of inbreeding depression. *Eur J Wildl Res*, 53 (1): 61–67. 10.1007/s10344-006-0065-z.

ZEUNER, F. E. (1958): Animal remains from a late bronze age sanctuary on Cyprus, and the problem of the domestication of fallow deer. *Journal of the Palaeontological Society of India*, 3: 131–135.

ZHU, L., et al. (2018): Endangered Père David's deer genome provides insights into population recovering. *Evolutionary Applications*, 11 (10): 2040–2053. 10.1111/eva.12705.

9 Anhang

9.1 Zeittafel

Tab. A 1: Zeittafel, angelehnt an CHAPMAN und CHAPMAN (1997), LISTER (1984) und Einträgen in den Lexika der SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT VERLAGSGESELLSCHAFT

Periode	Globale Stratigraphische Skala			Kulturstufen		Regionale Stratigraphische Skala		
	Epoche	Mio. J. v. u. Z.	Dauer in Mio. J.			Britische Inseln	Nordeuropa	Alpen
Quartär	Holozän (Alluvium) = Nacheiszeit (Postglazial)	0		Neuzeit	Flandrian	Holozän		Postglazial
		0,0005	0,001	Mittelalter				
		0,0015	0,005	Römisches Eisenzeitalter				
		0,002	0,0006	Vorröm. Eisenzeitalter				
		0,0026	0,0012	Bronzezeitalter				
		0,0038	0,0012	Neolithikum				
		0,005	0,0067	Mesolithikum				
		0,0117		Jung-Paläolithikum	Devensian-Kaltzeit	Weichsel-Kaltzeit	Würm-Eiszeit	
		0,115	0,114		Ipswichian-Interglazial	Eem-Interglazial	Riß-Würm-Interglazial	
		0,126			Wolstonian-Kaltzeit	Saale-Kaltzeit	Riß-Eiszeit	
		0,3	0,65	Mittel-Paläolithikum	Hoxnian-Interglazial	Holstein-Interglazial	Mindel-Riß-Interglazial	
		0,32			Anglian-Kaltzeit	Elster-Kaltzeit	Mindel-Eiszeit	
		0,78	1,82	Alt-Paläolithikum	Cromer-Komplex	Cromer-Komplex	Günz-Mindel-Interglazial	
Tertiär	Pliozän	2,6	2,7		Beestonian-Kaltzeit	Menap-(Weybourne-) Kaltzeit	Günz-Eiszeit	
	Miozän	5,3	17,7		verschiedene Kalt- und Warmzeiten			

9.2 Jagdstrecken Damwild

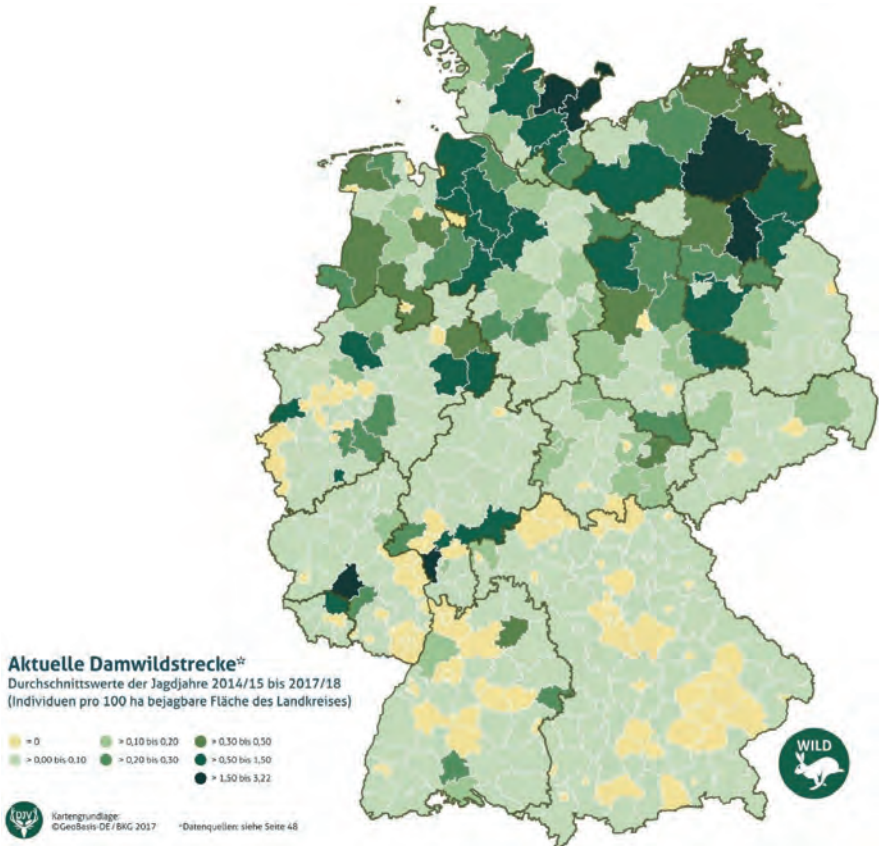


Abb. A 1: Damwildstrecke in Deutschland - Durchschnittswerte der Jagdjahre 2014/15 bis 2017/18 (GREISER et al., 2020)

Anhang

Jahresstrecken in Deutschland (Individuen)

INLE: Ökonomie, Jagdwirtschaft & Jägermanagement, Deutschland. The world until 2020 is again normal.

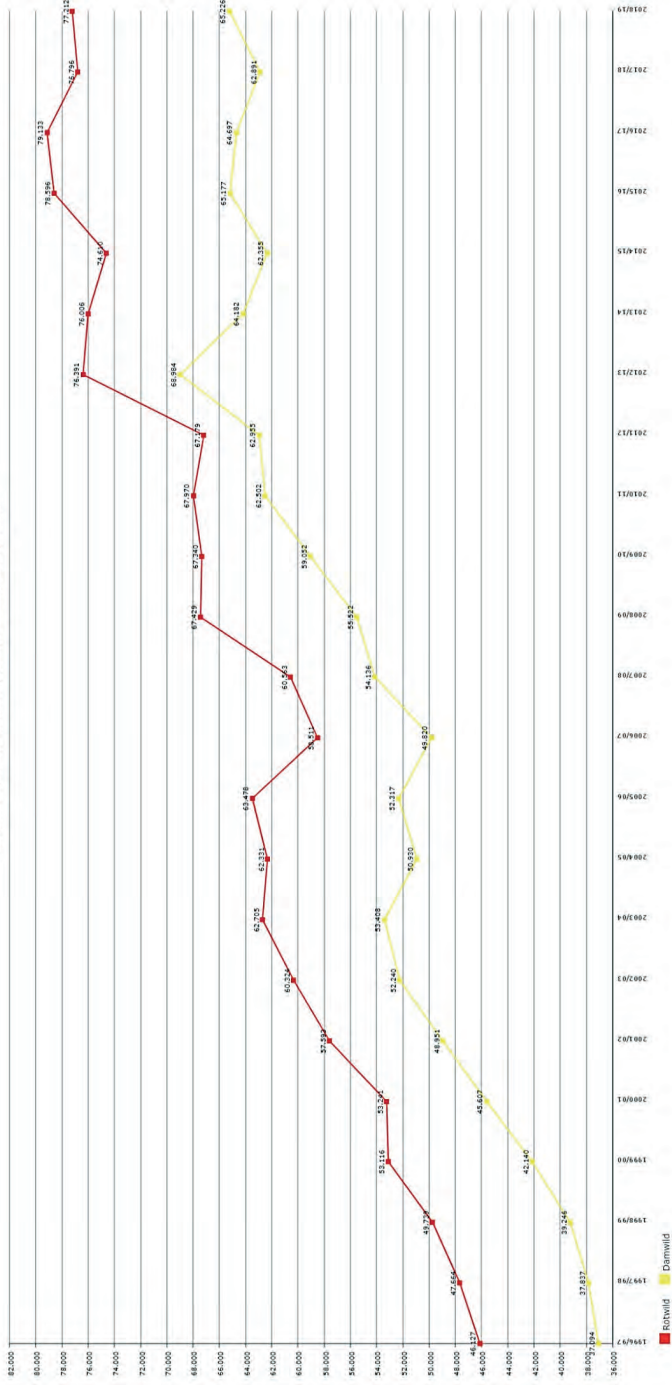


Abb. A 3: Jahresstrecken von Rot- und Damwild in Deutschland aus den Jagdjahren 1996/97 bis 2018/19 (WILDTIER-INFORMATIONSSYSTEM DER LÄNDER DEUTSCHLANDS (WILD))

Jahresstrecken in Hessen (Individuen)

HILF: Erhebungsart: Jagdstrecke & Wildmanagement; Datenbank: Wildtier-Politik; 2022-01-01 bis heute; national

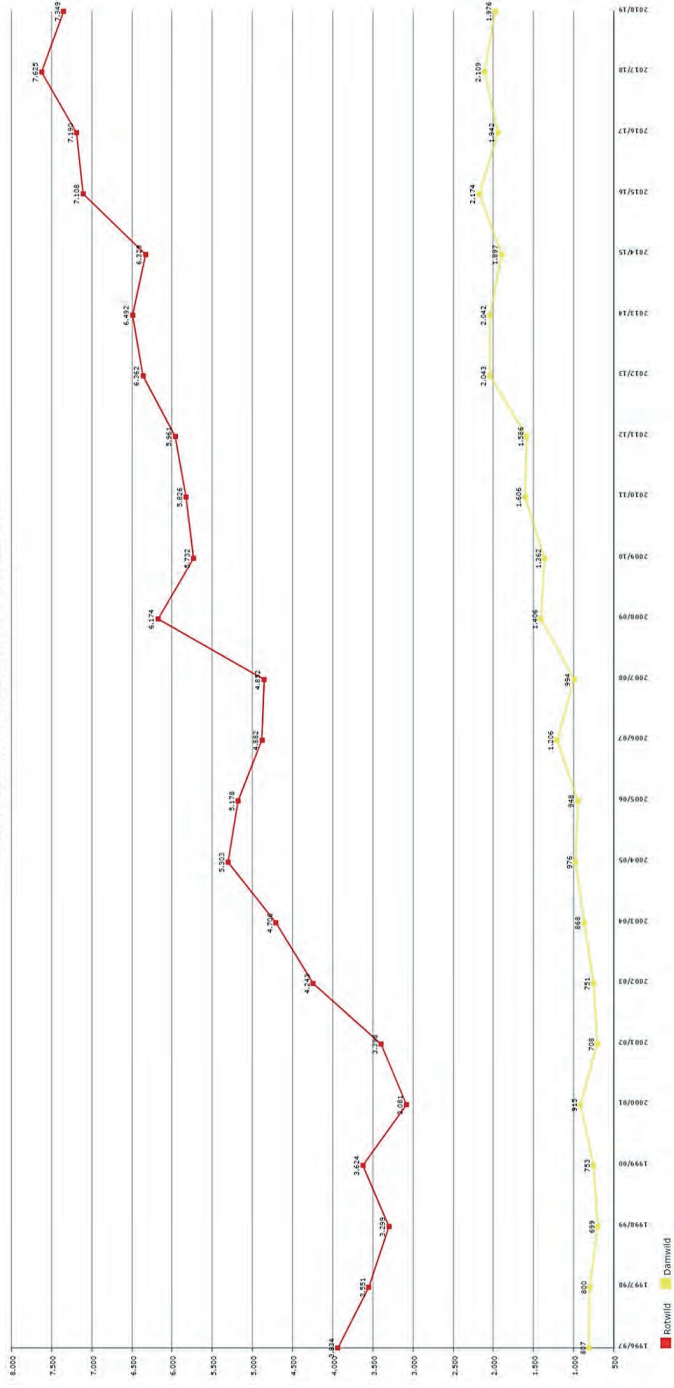


Abb. A 4: Jahresstrecken von Rot- und Damwild in Hessen aus den Jagdjahren 1996/97 bis 2018/19 (WILDTIER-INFORMATIONSSYSTEM DER LÄNDER DEUTSCHLANDS (WILD))

Streckenvergleiche des Damwildes in den Bundesländern

Quelle: Statistische Informationen zu Jagdwildarten, Jagdwildarten, Jagdwildarten 2017/18, 2017/18, 2017/18

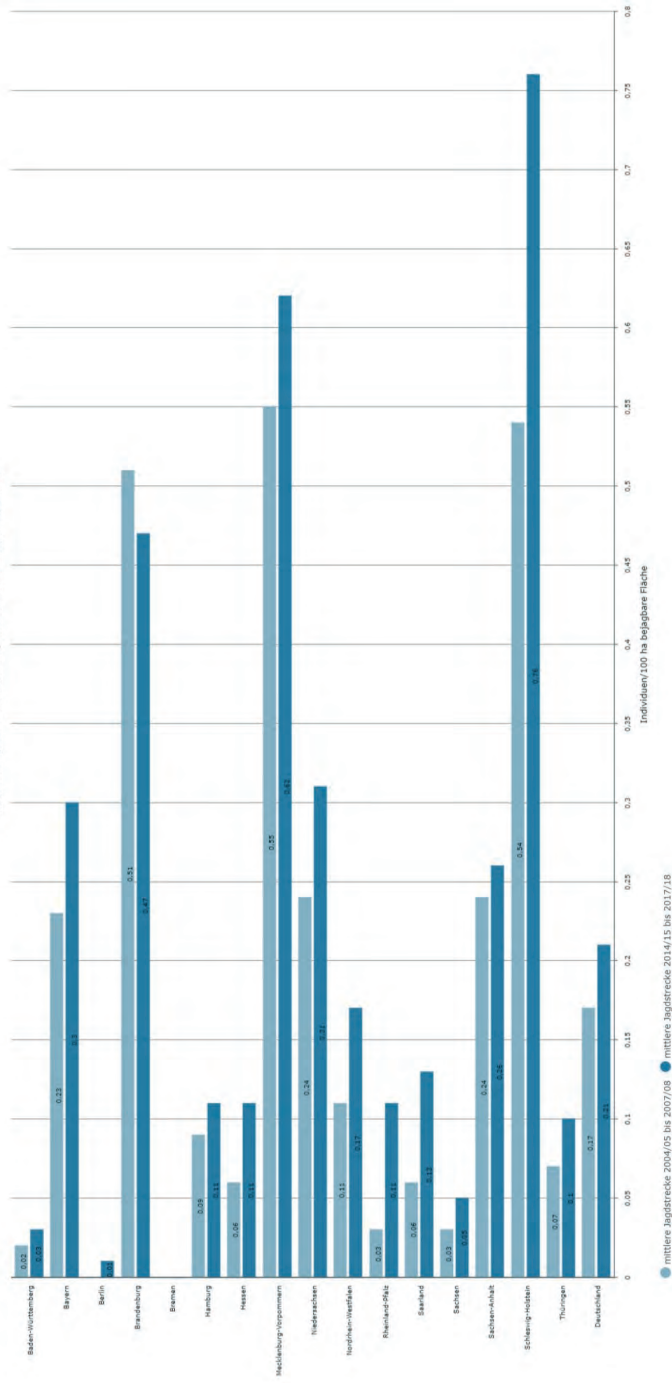


Abb. A 5: Streckenvergleiche des Damwildes in den deutschen Bundesländern aus den Jagdjahren 2004/05 bis 2007/08 und 2014/15 bis 2017/18 (WILDTIER-INFORMATIONSSYSTEM DER LÄNDER DEUTSCHLANDS (WILD))

9.3 Probenahmeprotokolle

Tab. A 2: Probenahmeprotokoll Population Edersee
 G: Gewebeprobe; S: Stangeprobe; w: weiblich; m: männlich

Interne Nummer	Probenart	Geschlecht	Alter (in Monaten oder Jahren / Geburtsmonat & -jahr)	Erlegungsdatum / Fundjahr	
Edersee (Ed-)	001	G	w	6/2017	2018
	002	G	m	6/2017	2018
	003	G	w	6/2017	2018
	004	G	w	6/2017	2018
	005	G	m	6/2017	2018
	006	G	w	6/2017	2018
	007	G	w	6/2017	2018
	008	G	m	5 J	2018
	009	G	w	12 Mo	2018
	010	G	w	-	2018
	011	G	w	< 2 J	2018
	012	G	w	1 J	2018
	013	G	m	6/2017	2018
	014	G	m	6/2017	2018
	015	S	m	3 J	2018
	016	G	m	14 Mo	2018
	017	G	m	14 Mo	2018
	018	G	w	6,5 Mo	2018
	019	G	m	9 Mo	2018
	020	G	w	21 Mo	2018
	021	G	m	9 Mo	2018
	022	G	m	9 Mo	2018
	023	G	w	8 J	2018
	024	G	m	12 Mo	2018
	025	G	m	13 Mo	2018
	026	G	w	13 Mo	2018
	027	G	m	13 Mo	2018
	028	G	w	14 Mo	2018
	029	G	w	14 Mo	2018
	030	G	m	14 Mo	2018
	031	G	w	14 Mo	2018
	032	S	m	Ca. 4 J	2019
	033	S	m	6-7 J	2019
	034	G	w	9 J	2019
	035	G	w	4 Mo	2019

Interne Nummer	Probenart	Geschlecht	Alter (in Monaten oder Jahren / Geburtsmonat & -jahr)	Erlegungsdatum / Fundjahr
036	G	m	5 Mo	2019
037	G	w	5 Mo	2019
038	G	w	16 Mo	2019
039	G	m	4 Mo	2019
040	G	m	4 Mo	2019
041	G	w	4 Mo	2019
042	G	m	6 Mo	2019
043	G	w	6 Mo	2019
044	G	m	6 Mo	2019
045	G	m	6 Mo	2019
046	G	m	6 Mo	2019
047	G	w	7 Mo	2019
048	G	w	7 Mo	2019
049	G	m	12 Mo	2019
050	G	w	12 Mo	2019
051	G	w	14 Mo	2019
052	G	w	14 Mo	2019

Tab. A 3: Probenahmeprotokoll Population Eulbach
G: Gewebeprobe; S: Stangeprobe; w: weiblich; m: männlich

Interne Nummer	Probenart	Geschlecht	Alter (in Monaten oder Jahren / Geburtsmonat & -jahr)	Erlegungsdatum / Fundjahr
001	S	m	-	2018
002	S	m	-	2018
003	S	m	-	2018
004	S	m	-	2018
005	S	m	-	2018
006	S	m	-	2018
007	S	m	-	2018
008	S	m	-	2018
009	S	m	-	2018
010	S	m	-	2018
011	S	m	-	2018
012	S	m	-	2018
013	S	m	-	2018
014	S	m	-	2018
015	S	m	-	2018
016	S	m	-	2018
017	S	m	-	2018

Anhang

Interne Nummer	Probenart	Geschlecht	Alter (in Monaten oder Jahren / Geburtsmonat & -jahr)	Erlegungsdatum / Fundjahr
018	S	m	-	2018
019	S	m	-	2018
020	S	m	-	2018
021	S	m	-	2018
022	S	m	-	2018
023	S	m	-	2018
024	S	m	-	2018
025	G	m	1 J	05.09.2018
026	G	m	2 J	06.09.2018
027	G	w	8-9 J	14.09.2018
028	G	m	-	14.09.2018
029	G	m	1 J	29.09.2018
030	G	m	6-7 J	16.10.2018
031	G	m	5 Mo	23.10.2018
032	G	w	6 Mo	17.11.2018
033	G	w	6 Mo	20.11.2018
034	G	w	6 Mo	05.12.2018
035	G	m	6 Mo	05.12.2018
036	G	w	1 J	05.12.2018
037	G	w	4 J	05.12.2018
038	G	w	7 Mo	27.12.2018
039	G	w	1 J	27.12.2018
040	G	w	7 Mo	27.12.2018
041	G	w	7-8 J	27.12.2018
042	G	w	5 J	27.12.2018
043	G	w	7 Mo	27.12.2018
044	G	w	7 Mo	27.12.2018
045	G	w	7 Mo	27.12.2018
046	G	w	6 Mo	27.12.2018
047	G	m	1 J	27.12.2018
048	G	w	6 J	27.12.2018
049	G	w	5 J	27.12.2018
050	G	m	7 Mo	27.12.2018
051	S	m	-	2019
052	S	m	-	2019
053	S	m	-	2019
054	S	m	-	2019
055	S	m	-	2019
056	S	m	-	2019
057	S	m	-	2019
058	S	m	-	2019

Interne Nummer	Probenart	Geschlecht	Alter (in Monaten oder Jahren / Geburtsmonat & -jahr)	Erlegungsdatum / Fundjahr	
	059	S	m	-	2019
	060	S	m	-	2019
	061	S	m	-	2019
	062	S	m	-	2019
	063	S	m	-	2019
	064	S	m	-	2019
	065	S	m	-	2019
	066	S	m	-	2019
	067	S	m	-	2019
	068	S	m	-	2019
	069	S	m	-	2019
	070	S	m	-	2019
	071	S	m	-	2019

Tab. A 4: Probenahmeprotokoll Population Sababurg
G: Gewebeprobe; S: Stangeprobe; w: weiblich; m: männlich

Interne Nummer	Probenart	Geschlecht	Alter (in Monaten oder Jahren / Geburtsmonat & -jahr)	Erlegungsdatum / Fundjahr	
Sababurg (Sb-)	001	G	m	1,5 J	2018
	002	G	w	05/2017	2018
	003	G	w	8 J	2018
	004	G	m	05/2017	2018
	005	G	m	05/2017	2018
	006	G	w	05/2017	2018
	007	G	m	1,5 J	2018
	008	G	m	1,5 J	2018
	009	G	w	ca. 3 J	2018
	010	G	w	ca. 3 J	2018
	011	G	m	05/2017	2018
	012	G	w	4 J	2018
	013	G	m	05/2017	2018
	014	G	m	05/2017	2018
	015	G	m	06/2017	2018
	016	G	w	06/2017	2018
	017	G	m	05/2017	2018
	018	G	m	05/2017	2018
	019	G	w	ca. 4-5 J	2018
	020	G	m	2 J	2018
	021	G	m	05/2016	2018

Anhang

Interne Nummer	Probenart	Geschlecht	Alter (in Monaten oder Jahren / Geburtsmonat & -jahr)	Erlegungsdatum / Fundjahr
022	G	w	3-4 J	2018
023	G	w	06/2017	2018
024	G	w	05/2017	2018
025	G	w	06/2017	2018
026	G	w	7 J	2018
027	G	m	2,5 J	2019
028	G	m	1,5 J	2019
029	G	w	0,5 J	2019
030	G	w	mind. 8 J	2019
031	G	m	1,5 J	2019
032	G	w	1,5 J	2019
033	G	w	0,5 J	2019
034	G	w	0,5 J	2019
035	G	w	1 J	2019
036	G	m	1 J	2019
037	G	m	-	2019
038	G	m	1 J	2019
039	G	w	1 J	2019
040	G	w	2-3 J	2019
041	G	w	3-4 J	2019
042	G	m	3 J	2019
043	G	m	1 J	2019
044	G	m	1 J	2019
045	G	w	1 J	2019
046	G	w	1 J	2019
047	G	-	2 J	2019
048	G	-	3 J	2019
049	G	m	1 J	2019
050	G	m	2 J	2019
051	G	w	1 J	2019
052	G	w	1 J	2019
053	G	w	1 J	2019
054	G	m	mind. 7 J	14.01.2020
055	G	m	1,5 J	15.01.2020
056	G	m	0,5 J	15.01.2020
057	G	w	0,5 J	17.01.2020
058	G	m	0,5 J	22.01.2020
059	G	w	1,5 J	22.01.2020
060	G	w	0,5 J	24.01.2020
061	G	m	0,5 J	24.01.2020
062	G	m	0,5 J	27.01.2020

Interne Nummer	Probenart	Geschlecht	Alter (in Monaten oder Jahren / Geburtsmonat & -jahr)	Erlegungsdatum / Fundjahr
063	G	m	0,5 J	27.01.2020
064	G	m	0,5 J	29.01.2020
065	G	m	0,5 J	29.01.2020
066	G	m	1,5 J	05.02.2020
067	G	m	1,5 J	05.02.2020
068	G	-	0,5 J	05.02.2020
069	G	-	0,5 J	05.02.2020
070	G	m	1,5 J	03.02.2020
071	G	m	1,5 J	05.02.2020
072	G	w	0,5 J	11.02.2020
073	G	m	0,5 J	11.02.2020
074	G	w	ca. 5-6 J	11.02.2020
075	G	-	1,5 J	12.02.2020
076	G	w	0,5 J	12.02.2020
077	G	m	0,5 J	17.02.2020
078	G	w	1,5 J	17.02.2020
079	G	w	ca. 3 J	17.02.2020

Tab. A 5: Probenahmeprotokoll anonymisierte Population
G: Gewebeprobe; S: Stangeprobe; w: weiblich; m: männlich

Interne Nummer	Probenart	Geschlecht	Alter	Erlegungsjahr	
Anonym (An-)	001	G	w	Alttier	2021/2022
	002	G	m	Kalb	2021/2022
	003	G	w	Kalb	2021/2022
	004	G	w	Schmaltier	2021/2022
	005	G	w	Kalb	2021/2022
	006	G	w	Schmaltier	2021/2022
	007	G	w	Alttier	2021/2022
	008	G	m	Kalb	2021/2022
	009	G	w	Kalb	2021/2022
	010	G	w	Alttier	2021/2022
	011	G	w	Alttier	2021/2022
	012	G	w	Alttier	2021/2022
	013	G	w	Alttier	2021/2022
	014	G	w	Alttier	2021/2022
	015	G	w	Schmaltier	2021/2022
	016	G	w	Alttier	2021/2022
	017	G	m	Kalb	2021/2022

Anhang

Interne Nummer	Probenart	Geschlecht	Alter	Erlegungsjahr
018	G	w	Kalb	2021/2022
019	G	w	Kalb	2021/2022
020	G	w	Alttier	2021/2022
021	G	w	Kalb	2021/2022
022	G	w	Alttier	2021/2022
023	G	w	Kalb	2021/2022
024	G	w	Alttier	2021/2022
025	G	m	Kalb	2021/2022
026	G	w	Schmaltier	2021/2022
027	G	w	Schmaltier	2021/2022
028	G	m	Kalb	2021/2022
029	G	w	Schmaltier	2021/2022
030	G	w	Schmaltier	2021/2022
031	G	m	Kalb	2021/2022
032	G	w	Kalb	2021/2022
033	G	w	Schmaltier	2021/2022
034	G	m	Spießfer	2021/2022
035	G	m	Spießfer	2021/2022
036	G	m	Kalb	2021/2022
037	G	m	Spießfer	2021/2022
038	G	m	Kalb	2021/2022
039	G	m	Kalb	2021/2022
040	G	w	Kalb	2021/2022
041	G	m	Spießfer	2021/2022
042	G	m	Spießfer	2021/2022
043	G	m	Hirsch	2021/2022
044	G	m	Spießfer	2021/2022
045	G	m	Hirsch	2021/2022
046	G	m	Hirsch	2021/2022
047	G	m	Kalb	2021/2022
048	G	w	Kalb	2021/2022

9.4 Auswertungsdaten

Tab. A 6: Test auf Abweichung vom HWG für die theoretische Gesamtpopulation
Berechnet mit einem Signifikanzniveau α von 0,05.

X^2 : Chi-Quadrat; DF: Freiheitsgrade; Pr_{exact} : exakter P-Wert; $Pr(X^2 >)$: Wahrscheinlichkeit unter Annahme der Nullhypothese einen Chi-Quadrat-Wert zu erhalten, der größer ist als der gezeigte Wert; HWG_Bonf: Signifikanz nach Bonferronikorrektur; ns: nicht signifikant; s: signifikant

Mikrosatelliten	X^2	DF	$Pr(X^2 >)$	Pr_{exact}	HWG_Bonf
ETH2	0,38	6	1	1	ns
RT27	112,30	6	0	0	s
McM58	18,31	6	0,01	0,01	ns
CDU92064	12,92	1	0	0	ns
NVHRT73	101,11	3	0	0,01	ns
CSSM014	122,72	6	0	0	s
RT30	10,77	3	0,01	0,01	ns
RT6	10,12	3	0,02	0,03	ns
BM6438	25,71	3	0	0	s
ILSTS30	0,58	1	0,45	0,48	ns
AF5	86,09	6	0	0	s
BM4505	16,62	3	0	0,01	ns
HAUT27	3,02	1	0,08	0,08	ns
TGLA127	302,30	6	0	0	s
VH110	13,47	3	0	0,01	ns
NVHRT21	204,41	91	0	0,01	ns
DAM17a	0,14	1	0,71	1	ns
OarCP26	7,60	1	0,01	0,11	ns
SR-CRSP-1	99,52	1	0	0	s
MAF70	22,41	3	0	0	s

Tab. A 7: Test auf Abweichung vom HWG für die Population Edersee
Berechnet mit einem Signifikanzniveau α von 0,05.

X^2 : Chi-Quadrat; DF: Freiheitsgrade; Pr_{exact} : exakter P-Wert; $Pr(X^2 >)$: Wahrscheinlichkeit unter Annahme der Nullhypothese einen Chi-Quadrat-Wert zu erhalten, der größer ist als der gezeigte Wert

Mikrosatelliten	X^2	DF	$Pr(X^2 >)$	Pr_{exact}
ETH2	0,35	1	0,55	1
RT27	0,01	1	0,93	1
McM58	1,08	3	0,78	0,75
CDU92064	0	0	1	1
NVHRT73	0,01	1	0,94	1
CSSM014	2,41	3	0,49	0,79
RT30	0,29	3	0,96	1

Mikrosatelliten	χ^2	DF	$\Pr(\chi^2 >)$	P_{exact}
RT6	1,49	1	0,22	0,20
BM6438	0,69	1	0,41	0,38
ILSTS30	0,54	1	0,46	0,55
AF5	6,54	6	0,37	0,53
BM4505	0,28	1	0,59	1
HAUT27	0,09	1	0,77	1
TGLA127	1,31	3	0,73	0,32
VH110	0,89	3	0,83	1
NVHRT21	10,76	28	1	0,99
DAM17a	0	0	1	1
OarCP26	0	0	1	1
SR-CRSP-1	1,70	1	0,19	0,21
MAF70	4,90	3	0,18	0,16

Tab. A 8: Test auf Abweichung vom HWG für die Population Eulbach

Berechnet mit einem Signifikanzniveau α von 0,05.

χ^2 : Chi-Quadrat; DF: Freiheitsgrade; P_{exact} : exakter P-Wert; $\Pr(\chi^2 >)$: Wahrscheinlichkeit unter Annahme der Nullhypothese einen Chi-Quadrat-Wert zu erhalten, der größer ist als der gezeigte Wert

Mikrosatelliten	χ^2	DF	$\Pr(\chi^2 >)$	P_{exact}
ETH2	0,13	6	1	1
RT27	3,95	3	0,27	0,27
McM58	1,19	3	0,75	0,86
CDU92064	0,19	1	0,66	1
NVHRT73	0	1	0,94	1
CSSM014	54,61	6	0	0,02
RT30	3,64	1	0,06	0,09
RT6	5,49	3	0,14	0,16
BM6438	9,51	3	0,02	0,03
ILSTS30	0,96	1	0,33	0,39
AF5	8,04	3	0,05	0,07
BM4505	2,04	3	0,56	0,44
HAUT27	0,82	1	0,37	0,55
TGLA127	1,96	3	0,58	0,65
VH110	6,15	3	0,10	0,10
NVHRT21	71,43	36	0	0,47
DAM17a	0,13	1	0,72	1
OarCP26	0	1	0,94	1
SR-CRSP-1	0,87	1	0,35	0,67
MAF70	2,22	3	0,53	0,78

Tab. A 9: Test auf Abweichung vom HWG für die Population Sababurg

Berechnet mit einem Signifikanzniveau α von 0,05.

χ^2 : Chi-Quadrat; DF: Freiheitsgrade; Pr_{exact} : exakter P-Wert; $Pr(\chi^2 >)$: Wahrscheinlichkeit unter Annahme der Nullhypothese einen Chi-Quadrat-Wert zu erhalten, der größer ist als der gezeigte Wert

Mikrosatelliten	χ^2	DF	$Pr(\chi^2 >)$	Pr_{exact}
ETH2	0,12	1	0,72	1
RT27	39,49	1	0	0
McM58	5,21	3	0,16	0,07
CDU92064	0	0	1	1
NVHRT73	0	0	1	1
CSSM014	5,85	3	0,12	0,07
RT30	10	1	0	0
RT6	1,25	3	0,74	0,40
BM6438	0,73	1	0,39	0,45
ILSTS30	0,79	1	0,37	0,44
AF5	15,14	3	0	0,01
BM4505	6,87	3	0,08	0,05
HAUT27	1,64	1	0,20	0,25
TGLA127	99,08	6	0	0
VH110	6,82	3	0,08	0,07
NVHRT21	54,27	28	0	0
DAM17a	0	1	0,95	1
OarCP26	0	0	1	1
SR-CRSP-1	4,96	1	0,03	0,14
MAF70	21,76	1	0	0

Tab. A 10: Test auf Abweichung vom HWG für die anonymisierte Population

Berechnet mit einem Signifikanzniveau α von 0,05.

χ^2 : Chi-Quadrat; DF: Freiheitsgrade; Pr_{exact} : exakter P-Wert; $Pr(\chi^2 >)$: Wahrscheinlichkeit unter Annahme der Nullhypothese einen Chi-Quadrat-Wert zu erhalten, der größer ist als der gezeigte Wert

Mikrosatelliten	χ^2	DF	$Pr(\chi^2 >)$	Pr_{exact}
ETH2	0,40	1	0,53	1
RT27	0	0	1	1
McM58	8,29	6	0,22	0,25
CDU92064	0,41	1	0,52	0,49
NVHRT73	48	1	0	0,01
CSSM014	13,35	6	0,04	0,26
RT30	0,88	1	0,35	0,47
RT6	0	0	1	1
BM6438	0,35	1	0,55	0,78
ILSTS30	4,80	1	0,03	0,04

Anhang

Mikrosatelliten	χ^2	DF	Pr($\chi^2 >$)	Pr _{exact}
AF5	9,36	6	0,15	0,18
BM4505	3,27	3	0,35	0,25
HAUT27	0	0	1	1
TGLA127	0,05	1	0,82	1
VH110	0,05	1	0,82	1
NVHRT21	15,10	15	0,44	0,50
DAM17a	0,14	1	0,70	1,00
OarCP26	0,96	1	0,33	0,35
SR-CRSP-1	0	0	1	1
MAF70	0	0	1	1

Tab. A 11: Nullallelfrequenzen nach BROOKFIELD (1996) für die Population Edersee
2,5tes bzw. 97,5tes Perzentil: niedriges (2,5 %) bzw. oberes (97,5 %) Konfidenzintervall

Mikrosatelliten	Beob. Freq.	Mittlere Freq.	2,5tes Perzentil	97,5tes Perzentil
ETH2	-0,019	-0,024	-0,067	0,045
RT27	0,004	0	-0,079	0,098
McM58	-0,009	-0,013	-0,086	0,074
CDU92064	0	0	0	0
NVHRT73	0	0	-0,002	0
CSSM014	-0,039	-0,039	-0,068	-0,019
RT30	-0,004	-0,007	-0,078	0,07
RT6	0,055	0,051	-0,033	0,157
BM6438	0,039	0,033	-0,057	0,141
ILSTS30	-0,032	-0,033	-0,109	0,051
AF5	-0,031	-0,036	-0,086	0,024
BM4505	-0,009	-0,009	-0,023	-0,002
HAUT27	-0,009	-0,014	-0,052	0,051
TGLA127	0,019	0,015	-0,024	0,087
VH110	-0,026	-0,029	-0,073	0,029
NVHRT21	-0,037	-0,041	-0,085	0,015
DAM17a	0	0	0	0
OarCP26	0	0	0	0
SR-CRSP-1	0,049	0,049	-0,033	0,148
MAF70	0,022	0,018	-0,047	0,105

Tab. A 12: Nullallelfrequenzen nach BROOKFIELD (1996) für die Population Eulbach
2,5tes bzw. 97,5tes Perzentil: niedriges (2,5 %) bzw. oberes (97,5 %) Konfidenzintervall

Mikrosatelliten	Beob. Freq.	Mittlere Freq.	2,5tes Perzentil	97,5tes Perzentil
ETH2	-0,003	-0,003	-0,01	0
RT27	-0,006	-0,008	-0,033	0,02
McM58	-0,039	-0,044	-0,103	0,028
CDU92064	-0,006	-0,006	-0,018	-0,001

Anhang

Mikrosatelliten	Beob. Freq.	Mittlere Freq.	2,5tes Perzentil	97,5tes Perzentil
NVHRT73	0	0	-0,002	0
CSSM014	0,044	0,04	-0,033	0,141
RT30	-0,061	-0,061	-0,097	-0,028
RT6	-0,048	-0,05	-0,105	0,021
BM6438	0,042	0,035	-0,009	0,106
ILSTS30	-0,042	-0,045	-0,115	0,044
AF5	0,017	0,013	-0,052	0,094
BM4505	0,048	0,045	-0,029	0,146
HAUT27	-0,038	-0,038	-0,111	0,042
TGLA127	-0,017	-0,019	-0,093	0,061
VH110	-0,045	-0,051	-0,112	0,029
NVHRT21	-0,038	-0,043	-0,085	0,004
DAM17a	-0,004	-0,004	-0,012	0
OarCP26	0	0	-0,002	0
SR-CRSP-1	-0,03	-0,032	-0,076	0,023
MAF70	-0,037	-0,04	-0,073	-0,002

Tab. A 13: Nullallelfrequenzen nach BROOKFIELD (1996) für die Population Sababurg
2,5tes bzw. 97,5tes Perzentil: niedriges (2,5 %) bzw. oberes (97,5 %) Konfidenzintervall

Mikrosatelliten	Beob. Freq.	Mittlere Freq.	2,5tes Perzentil	97,5tes Perzentil
ETH2	-0,003	-0,003	-0,009	0
RT27	0,28	0,28	0,186	0,368
McM58	0,019	0,015	-0,013	0,074
CDU92064	0	0	0	0
NVHRT73	0	0	0	0
CSSM014	0,034	0,031	-0,03	0,107
RT30	0,135	0,135	0,053	0,226
RT6	0,012	0,008	-0,015	0,055
BM6438	0,031	0,028	-0,04	0,108
ILSTS30	-0,029	-0,03	-0,086	0,031
AF5	0,035	0,03	-0,006	0,082
BM4505	0,034	0,03	-0,027	0,102
HAUT27	0,016	0,016	-0,01	0,065
TGLA127	0,147	0,146	0,068	0,23
VH110	0,06	0,058	-0,009	0,13
NVHRT21	0,074	0,071	0,01	0,136
DAM17a	0	0	-0,001	0
OarCP26	0	0	0	0
SR-CRSP-1	0,02	0,019	-0,005	0,068
MAF70	0,149	0,148	0,06	0,25

Tab. A 14: Nullallelfrequenzen nach BROOKFIELD (1996) für die anonymisierte Population 2,5tes bzw. 97,5tes Perzentil: niedriges (2,5 %) bzw. oberes (97,5 %) Konfidenzintervall

Mikrosatelliten	Beob. Freq.	Mittlere Freq.	2,5tes Perzentil	97,5tes Perzentil
ETH2	-0,012	-0,012	-0,029	-0,002
RT27	0	0	0	0
McM58	-0,038	-0,039	-0,074	-0,005
CDU92064	0,028	0,024	-0,063	0,119
NVHRT73	0,041	0,041	0	0,117
CSSM014	-0,018	-0,021	-0,084	0,059
RT30	-0,036	-0,039	-0,095	0,04
RT6	0	0	0	0
BM6438	-0,028	-0,029	-0,112	0,067
ILSTS30	0,08	0,072	-0,006	0,183
AF5	0,029	0,022	-0,031	0,111
BM4505	-0,057	-0,06	-0,128	0,022
HAUT27	0	0	0	0
TGLA127	-0,002	-0,002	-0,009	0
VH110	-0,002	-0,002	-0,009	0
NVHRT21	-0,01	-0,017	-0,066	0,043
DAM17a	-0,005	-0,005	-0,015	0
OarCP26	0,021	0,017	-0,021	0,095
SR-CRSP-1	0	0	0	0
MAF70	0	0	0	0

Tab. A 15: Populationsgenetische Parameter der Population Edersee

N: Probenanzahl; N_A : Allelanzahl; A_r : Allelreichtum; H_0 : beobachtete Heterozygotie; H_E : erwartete Heterozygotie; F_{IS} : Fixationsindex; $Sign. F_{IS}$: Signifikanz von F_{IS} ; ns: nicht signifikant; s: signifikant

Mikrosatellit	N	N_A	A_r	H_0	H_E	F_{IS}	Sign. F_{IS}
ETH2	50	2	2	0,32	0,3	-0,08	ns
RT27	50	2	2	0,46	0,47	0,01	ns
McM58	50	3	3	0,66	0,65	-0,02	ns
CDU92064	50	1	1	0	0	-	-
NVHRT73	50	2	1,62	0,02	0,02	-0,01	s
CSSM014	50	3	2,98	0,36	0,31	-0,18	s
RT30	50	3	3	0,5	0,49	-0,01	ns
RT6	50	2	2	0,36	0,44	0,17	ns
BM6438	50	2	2	0,42	0,48	0,12	ns
ILSTS30	50	2	2	0,52	0,47	-0,10	ns
AF5	50	4	4	0,76	0,71	-0,08	ns
BM4505	50	2	2	0,14	0,13	-0,08	s
HAUT27	50	2	2	0,28	0,27	-0,04	ns
TGLA127	50	3	2,99	0,24	0,26	0,09	ns

Mikrosatellit	N	N _A	A _r	H _o	H _E	F _{IS}	Sign. F _{IS}
VH110	50	3	3	0,44	0,4	-0,09	ns
NVHRT21	50	8	7,54	0,76	0,69	-0,09	ns
DAM17a	50	1	1	0	0	-	-
OarCP26	50	1	1	0	0	-	-
SR-CRSP-1	50	2	2	0,28	0,34	0,18	ns
MAF70	50	3	3	0,36	0,39	0,08	ns

Tab. A 16: Populationsgenetische Parameter der Population Eulbach

N: Probenanzahl; N_A: Allelanzahl; A_r: Allelreichtum; H_o: beobachtete Heterozygotie; H_E: erwartete Heterozygotie; F_{IS}: Fixationsindex; Sign. F_{IS}: Signifikanz von F_{IS}; ns: nicht signifikant; s: signifikant

Mikrosatellit	N	N _A	A _r	H _o	H _E	F _{IS}	Sign. F _{IS}
ETH2	53	4	3,15	0,09	0,09	-0,04	s
RT27	53	3	2,84	0,23	0,22	-0,03	ns
McM58	53	3	3	0,66	0,6	-0,11	ns
CDU92064	53	2	2	0,11	0,11	-0,06	s
NVHRT73	53	2	1,63	0,02	0,02	-0,01	s
CSSM014	53	4	3,57	0,32	0,38	0,15	ns
RT30	53	2	2	0,42	0,33	-0,26	s
RT6	53	3	3	0,58	0,51	-0,15	ns
BM6438	52	3	3	0,19	0,24	0,21	ns
ILSTS30	53	2	2	0,55	0,48	-0,14	ns
AF5	53	3	3	0,51	0,54	0,05	ns
BM4505	53	3	2,6	0,32	0,38	0,17	ns
HAUT27	53	2	2	0,53	0,47	-0,12	ns
TGLA127	53	3	3	0,58	0,56	-0,05	ns
VH110	53	3	3	0,68	0,6	-0,13	ns
NVHRT21	53	9	7,89	0,87	0,8	-0,09	ns
DAM17a	53	2	1,99	0,09	0,09	-0,05	s
OarCP26	53	2	1,59	0,02	0,02	-0,01	s
SR-CRSP-1	53	2	2	0,36	0,32	-0,13	ns
MAF70	53	3	3	0,45	0,4	-0,14	s

Tab. A 17: Populationsgenetische Parameter der Population Sababurg

N: Probenanzahl; N_A: Allelanzahl; A_r: Allelreichtum; H_o: beobachtete Heterozygotie; H_E: erwartete Heterozygotie; F_{IS}: Fixationsindex; Sign. F_{IS}: Signifikanz von F_{IS}; ns: nicht signifikant; s: signifikant

Mikrosatellit	N	N _A	A _r	H _o	H _E	F _{IS}	Sign. F _{IS}
ETH2	78	2	1,98	0,08	0,07	-0,04	s
RT27	78	2	2	0,13	0,44	0,71	s
McM58	78	3	2,7	0,15	0,18	0,13	ns
CDU92064	78	1	1	0	0	-	-

Mikrosatellit	N	N _A	A _r	H _o	H _E	F _{IS}	Sign. F _{IS}
NVHRT73	78	1	1	0	0	-	-
CSSM014	78	3	3	0,42	0,47	0,10	ns
RT30	78	2	2	0,32	0,5	0,36	s
RT6	78	3	2,71	0,14	0,15	0,09	ns
BM6438	78	2	2	0,4	0,44	0,10	ns
ILSTS30	78	2	2	0,47	0,43	-0,10	ns
AF5	78	3	2,98	0,18	0,22	0,19	ns
BM4505	77	3	3	0,34	0,38	0,12	ns
HAUT27	78	2	2	0,1	0,12	0,15	ns
TGLA127	78	4	3,48	0,33	0,53	0,37	s
VH110	78	3	3	0,5	0,59	0,15	ns
NVHRT21	78	8	6,33	0,55	0,67	0,17	s
DAM17a	78	2	1,44	0,01	0,01	-0,01	s
OarCP26	78	1	1	0	0	-	-
SR-CRSP-1	78	2	1,98	0,06	0,09	0,25	ns
MAF70	78	2	2	0,15	0,33	0,53	s

Tab. A 18: Populationsgenetische Parameter der anonymisierten Population
 N: Probenanzahl; N_A: Allelanzahl; A_r: Allelreichtum; H_o: beobachtete Heterozygotie;
 H_E: erwartete Heterozygotie; F_{IS}: Fixationsindex; Sign. F_{IS}: Signifikanz von F_{IS}; ns: nicht
 signifikant; s: signifikant

Mikrosatellit	N	N _A	A _r	H _o	H _E	F _{IS}	Sign. F _{IS}
ETH2	48	2	2	0,17	0,15	-0,09	s
RT27	48	1	1	0	0	-	-
McM58	48	4	3,64	0,42	0,36	-0,15	s
CDU92064	48	2	2	0,38	0,41	0,09	ns
NVHRT73	48	2	1,65	0	0,04	1	s
CSSM014	48	4	3,95	0,62	0,6	-0,05	ns
RT30	48	2	2	0,44	0,39	-0,14	ns
RT6	48	1	1	0	0	-	-
BM6438	48	2	2	0,54	0,5	-0,09	ns
ILSTS30	48	2	2	0,21	0,3	0,32	ns
AF5	48	4	3,98	0,38	0,42	0,10	ns
BM4505	48	3	2,86	0,6	0,51	-0,18	ns
HAUT27	48	1	1	0	0	-	-
TGLA127	48	2	1,95	0,06	0,06	-0,03	s
VH110	48	2	1,95	0,06	0,06	-0,03	s
NVHRT21	48	6	5,25	0,6	0,59	-0,09	ns
DAM17a	48	2	2	0,1	0,1	-0,06	s
OarCP26	48	2	2	0,15	0,17	0,14	ns
SR-CRSP-1	48	1	1	0	0	-	-
MAF70	48	1	1	0	0	-	-

Tab. A 19: Allelzahlen der individuellen Proben der vier untersuchten Populationen
 Int. Nr.: Interne Nummer; N_A: Allelzahl

Edersee		Eulbach		Sababurg		Anonym	
Int. Nr.	N _A	Int. Nr.	N _A	Int. Nr.	N _A	Int. Nr.	N _A
Ed-001	26	Eu-001	27	Sb-001	22	An-001	23
Ed-002	26	Eu-002	26	Sb-002	23	An-002	23
Ed-003	24	Eu-003	26	Sb-003	23	An-003	23
Ed-004	25	Eu-004	25	Sb-004	23	An-004	24
Ed-005	24	Eu-005	26	Sb-005	23	An-005	24
Ed-006	25	Eu-006	26	Sb-006	21	An-006	21
Ed-007	25	Eu-007	28	Sb-007	23	An-007	21
Ed-008	29	Eu-008	29	Sb-008	22	An-008	22
Ed-009	26	Eu-009	25	Sb-009	22	An-009	24
Ed-010	23	Eu-010	26	Sb-010	22	An-010	24
Ed-011	23	Eu-011	27	Sb-011	25	An-011	20
Ed-012	25	Eu-013	23	Sb-012	26	An-012	23
Ed-013	25	Eu-014	25	Sb-013	20	An-013	24
Ed-014	27	Eu-015	27	Sb-014	23	An-014	22
Ed-015	23	Eu-016	24	Sb-015	25	An-015	22
Ed-016	22	Eu-017	25	Sb-016	24	An-016	24
Ed-017	25	Eu-021	24	Sb-017	21	An-017	22
Ed-018	23	Eu-022	23	Sb-018	22	An-018	21
Ed-019	24	Eu-024	25	Sb-019	24	An-019	26
Ed-020	23	Eu-025	29	Sb-020	23	An-020	24
Ed-021	22	Eu-026	25	Sb-021	20	An-021	24
Ed-022	27	Eu-027	24	Sb-022	23	An-022	21
Ed-023	24	Eu-028	24	Sb-023	23	An-023	23
Ed-024	26	Eu-029	26	Sb-024	23	An-024	24
Ed-025	25	Eu-031	26	Sb-025	24	An-025	23
Ed-026	28	Eu-032	24	Sb-026	22	An-026	23
Ed-027	26	Eu-033	25	Sb-027	21	An-027	23
Ed-028	24	Eu-034	26	Sb-028	24	An-028	22
Ed-029	24	Eu-035	26	Sb-029	24	An-029	21
Ed-030	25	Eu-036	26	Sb-030	24	An-030	25
Ed-031	27	Eu-037	29	Sb-031	24	An-031	23
Ed-034	26	Eu-038	23	Sb-032	23	An-032	22
Ed-035	24	Eu-039	24	Sb-033	22	An-033	22
Ed-036	25	Eu-040	25	Sb-034	24	An-034	22
Ed-037	25	Eu-041	25	Sb-035	22	An-035	22
Ed-038	26	Eu-042	25	Sb-036	24	An-036	21
Ed-039	24	Eu-043	26	Sb-038	23	An-037	23
Ed-040	25	Eu-044	23	Sb-039	19	An-038	22
Ed-041	26	Eu-045	27	Sb-040	22	An-039	20

Anhang

Edersee		Eulbach		Sababurg		Anonym	
Int. Nr.	N _A	Int. Nr.	N _A	Int. Nr.	N _A	Int. Nr.	N _A
Ed-042	24	Eu-046	24	Sb-041	20	An-040	22
Ed-043	26	Eu-047	25	Sb-042	20	An-041	23
Ed-044	26	Eu-048	31	Sb-043	22	An-042	23
Ed-045	26	Eu-049	25	Sb-044	23	An-043	27
Ed-046	25	Eu-050	26	Sb-045	24	An-044	22
Ed-047	29	Eu-051	27	Sb-046	24	An-045	25
Ed-048	25	Eu-052	29	Sb-047	20	An-046	24
Ed-049	25	Eu-053	26	Sb-048	26	An-047	26
Ed-050	28	Eu-055	26	Sb-049	22	An-048	24
Ed-051	24	Eu-056	24	Sb-050	21		
Ed-052	24	Eu-064	31	Sb-051	23		
		Eu-066	24	Sb-052	22		
		Eu-069	26	Sb-053	21		
		Eu-071	26	Sb-054	22		
				Sb-055	22		
				Sb-056	22		
				Sb-057	22		
				Sb-058	22		
				Sb-059	26		
				Sb-060	23		
				Sb-061	20		
				Sb-062	22		
				Sb-063	25		
				Sb-064	24		
				Sb-065	23		
				Sb-066	22		
				Sb-067	23		
				Sb-068	21		
				Sb-069	22		
				Sb-070	20		
				Sb-071	19		
				Sb-072	24		
				Sb-073	22		
				Sb-074	23		
				Sb-075	22		
				Sb-076	23		
				Sb-077	23		
				Sb-078	20		
				Sb-079	22		

Tab. A 20: Allelfrequenzen der Mikrosatelliten der vier untersuchten Populationen

Mikrosatellit	Allele	Population			
		Edersee	Eulbach	Sababurg	Anonym
ETH2	190	0,000	0,009	0,000	0,000
	193	0,820	0,953	0,962	0,917
	196	0,180	0,009	0,038	0,083
	201	0,000	0,028	0,000	0,000
RT27	197	0,000	0,104	0,333	0,000
	205	0,630	0,877	0,667	1,000
	208	0,000	0,019	0,000	0,000
	215	0,370	0,000	0,000	0,000
McM58	228	0,290	0,528	0,083	0,052
	230	0,260	0,151	0,013	0,156
	232	0,000	0,000	0,000	0,010
	236	0,450	0,321	0,904	0,781
CDU92064	286	1,000	0,943	1,000	0,708
	288	0,000	0,057	0,000	0,292
NVHRT73	205	0,010	0,000	0,000	0,000
	207	0,990	0,991	1,000	0,979
	209	0,000	0,009	0,000	0,021
CSSM014	266	0,040	0,028	0,058	0,198
	275	0,820	0,189	0,269	0,188
	277	0,140	0,764	0,673	0,573
	279	0,000	0,019	0,000	0,042
RT30	242	0,650	0,792	0,519	0,260
	244	0,070	0,000	0,000	0,000
	247	0,280	0,208	0,481	0,740
RT6	204	0,000	0,075	0,013	0,000
	210	0,680	0,632	0,917	1,000
	218	0,320	0,292	0,071	0,000
BM6438	264	0,390	0,865	0,673	0,521
	268	0,000	0,067	0,000	0,000
	271	0,610	0,067	0,327	0,479
ILSTS30	135	0,620	0,406	0,314	0,188
	138	0,380	0,594	0,686	0,813
AF5	195	0,410	0,604	0,083	0,104
	197	0,170	0,094	0,038	0,750
	208	0,280	0,302	0,878	0,052
	214	0,140	0,000	0,000	0,094
BM4505	252	0,070	0,245	0,149	0,427
	254	0,000	0,009	0,084	0,021
	264	0,930	0,745	0,766	0,552
HAUT27	204	0,160	0,377	0,064	0,000
	206	0,840	0,623	0,936	1,000

Mikrosatellit	Allele	Population			
		Edersee	Eulbach	Sababurg	Anonym
TGLA127	94	0,040	0,396	0,641	0,031
	98	0,000	0,000	0,013	0,000
	105	0,110	0,075	0,186	0,000
	110	0,850	0,528	0,160	0,969
VH110	152	0,750	0,528	0,526	0,969
	155	0,170	0,179	0,340	0,031
	159	0,080	0,292	0,135	0,000
NVHRT21	194	0,000	0,019	0,000	0,000
	198	0,240	0,226	0,423	0,604
	202	0,000	0,000	0,013	0,000
	204	0,010	0,000	0,000	0,000
	206	0,060	0,000	0,000	0,000
	208	0,480	0,274	0,365	0,115
	210	0,030	0,208	0,026	0,135
	212	0,030	0,009	0,006	0,010
	214	0,060	0,170	0,006	0,125
	216	0,000	0,066	0,000	0,000
	218	0,090	0,000	0,000	0,010
	220	0,000	0,009	0,000	0,000
	224	0,000	0,019	0,019	0,000
	226	0,000	0,000	0,141	0,000
DAM17a	112	0,000	0,047	0,006	0,052
	115	1,000	0,953	0,994	0,948
OarCP26	172	1,000	0,991	1,000	0,906
	177	0,000	0,009	0,000	0,094
SR-CRSP-1	132	0,220	0,198	0,955	0,000
	136	0,780	0,802	0,045	1,000
MAF70	182	0,080	0,094	0,000	0,000
	192	0,160	0,151	0,205	0,000
	198	0,760	0,755	0,795	1,000

Tab. A 21: Zuordnung der Individuen (in Prozent) in die vier Cluster der DAPC

Population	Cluster Sb	Cluster Eu	Cluster An	Cluster Ed
Edersee	0 (0 %)	1 (2 %)	0 (0 %)	49 (98 %)
Eulbach	1 (1,89 %)	52 (98,11 %)	0 (0 %)	0 (0 %)
Sababurg	76 (97,44 %)	2 (2,56 %)	0 (0 %)	0 (0 %)
Anonym	0 (0 %)	0 (0 %)	48 (100 %)	0 (0 %)

Tab. A 22: Zuordnung der Individuen (in Prozent) in die vier Cluster der Structure-Analyse

Population	Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4
Edersee	0 (0 %)	4 (8 %)	0 (0 %)	46 (92 %)
Eulbach	2 (3,77 %)	51 (96,23 %)	0 (0 %)	0 (0 %)
Sababurg	76 (97,44 %)	2 (2,56 %)	0 (0 %)	0 (0 %)
Anonym	0 (0 %)	1 (2,08 %)	47 (97,92 %)	0 (0 %)

Tab. A 23: Populationsgenetische Parameter der in der Literatur beprobten Populationen
 BAKER et al. (2017): 1: Nordmadrid, Toledo, 2: Cadiz Huelva, Jaen, 3: Aiguamolis, Riapl, 4: Asturias, 5: Grosetto, 6: Siena, 7: San Rossore, 8: Essex, 9: Oxfordshire (Parkwild), 10: Cambridge, Bedfordshire, 11: Shropshire (Parkwild), Cheshire (Parkwild), 12: Lincolnshire (Parkwild), 13: Norfolk (Parkwild), 14: Roscommon, Galway, Clare, 15: Wicklow, 16: Waterford, Kilkenny, Tipperary, 17: Gyula, 18: Labod
 REISMANN et al. (2010): Sachsen
 POETSCH et al. (2001): Vorpommern
 SCANDURA (2004): Italien
 N: Probenanzahl; N_A: Allelanzahl; N_s: durchschnittliche Allelanzahl pro Mikrosatellit; A_r: Allelreichtum; H_o: beobachtete Heterozygotie; H_E: erwartete Heterozygotie; F_{IS}: Fixationsindex

Population	N	N _A	N _s	A _r	H _o	H _E	F _{IS}
Spanien	1	-	1,7	1,51	0,16	0,2	0,21
	2	25	-	1,75	0,2	0,23	0,13
	3	15	-	1,47	0,21	0,18	-0,21
	4	15	-	1,6	0,15	0,17	0,15
Portugal	13	-	1,7	1,61	0,19	0,23	0,15
Italien	5	15	-	2,3	0,42	0,43	0,04
	6	14	-	2,42	0,45	0,48	0,08
	7	14	-	2,2	0,37	0,41	0,11
	8	15	-	2	0,34	0,33	-0,03
	9	9	-	2,2	0,25	0,33	0,28
	10	15	-	2	0,35	0,34	-0,04
	11	9	-	2,2	0,29	0,26	-0,12
	12	15	-	2,1	0,3	0,31	0,01
England	13	24	-	2,2	0,35	0,38	0,08
	14	13	-	2,1	0,25	0,31	0,19
	15	13	-	1,8	0,16	0,22	0,29
	16	10	-	2	0,26	0,36	0,29

Anhang

Population	N	N _A	N _a	A _r	H ₀	H _E	F _{is}
Schweden	15	-	2,1	1,97	0,35	0,34	-0,03
	17	-	2,2	2,1	0,34	0,3	-0,14
Ungarn	18	-	2,1	2,07	0,39	0,37	-0,06
Türkei	24	-	1,7	1,53	0,22	0,18	-0,22
Rhodos	24	-	2,7	2,12	0,26	0,34	0,23
Bulgarien	14	-	1,7	1,62	0,19	0,21	0,1
Kanada	24	-	1,6	1,46	0,15	0,14	-0,09
Sachsen	87	34	2,4	-	0,32	-	-
Vorpommern	22	12	2,4	-	0,38	-	-
Italien	111	28	3,5	-	0,35	0,4	-

Tab. A 24: Allelanzahl N_A und beobachtete Heterozygotie H_o der verwendeten Mikrosatelliten aus den einzelnen Literaturquellen
 BAKER et al. (2017): Bu: Bulgarien, $N = 14$; En: England, $N = 87$; Ir: Irland, $N = 36$; It: Italien, $N = 42$; Ka: Kanada, $N = 24$; Po: Portugal, $N = 13$;
 Rh: Rhodos, $N = 2$; Schw: Schweden, $N = 15$; Sp: Spanien, $N = 70$; T: Türkei, $N = 24$; Un: Ungarn, $N = 14$
 REIGSMANN et al. (2010): Sa: Sachsen, $N = 87$
 POETSCH et al. (2001): VP: Vorpommern, $N = 22$
 SCANDURA (2004): It.2: Italien, $N = 111$
 N: Probenanzahl; N_A : Allelanzahl, H_o : beobachtete Heterozygotie

Mikrosatellit	Populationen													
	Bu	En	Ir	It	Ka	Po	Rh	Schw	Sp	T	Un	Sa	VP	It.2
AF5	N_A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	H_o	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BM4505	N_A	2	4	3	3	2	1	3	3	1	3	-	-	-
	H_o	0,29	0,53	0,36	0,51	0,25	0	0,4	0,11	0	0,79	-	-	-
BM6438	N_A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-
	H_o	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,22	-	-
BM6444	N_A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
	H_o	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,22
BTJAB1	N_A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	7	-	-
	H_o	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,71	-	-
CDU92064	N_A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-
	H_o	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,17	-	-
CSSM014	N_A	3	4	3	2	3	1	2	3	1	2	3	-	5
	H_o	0,42	0,36	0,35	0,28	0,54	0	0,12	0,29	0	1	0,38	-	0,38
DAM17a	N_A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-
	H_o	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,05	-	-
ETH2	N_A	1	3	2	3	1	2	3	3	2	2	4	-	5
	H_o	0	0,34	0,31	0,36	0	0,17	0,39	0,67	0,01	0,08	0,5	-	0,37

Mikrosatellit	Populationen													
	Bu	En	Ir	It	Ka	Po	Rh	Schw	Sp	T	Un	Sa	VP	It_2
HAUT27	Na	1	3	3	3	2	2	2	3	1	2	1	-	-
	Ho	0	0,44	0,13	0,46	0,08	0,44	0,27	0,41	0	0,29	0	-	-
ILSTS30	Na	2	2	2	3	2	1	2	3	1	2	2	-	-
	Ho	0,14	0,29	0,14	0,33	0,25	0	0,5	0,04	0	0,07	0,48	-	-
MAF70	Na	2	2	2	3	2	2	2	2	1	2	-	-	-
	Ho	0,43	0,76	0,33	0,76	0,38	0,33	0,4	0,28	0	0,71	-	-	-
McM58	Na	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-
	Ho	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,51	-	-
NVHRT21	Na	1	2	1	3	1	1	1	1	3	2	1	2	4
	Ho	0	0,02	0	0,41	0	0	0,08	0	0,29	0,21	0	0,18	0,31
NVHRT73	Na	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-
	Ho	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,09	-
OarCP26	Na	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
	Ho	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,68
OarFCB48	Na	2	3	1	3	1	2	4	3	1	4	-	-	3
	Ho	0,29	0,02	0	0,5	0	0,08	0,17	0	0,09	0	0,57	-	0,43
RT23	Na	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	2	-
	Ho	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	0,23	-
RT27	Na	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	2	-
	Ho	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,45	0,45	-
RT30	Na	2	2	2	2	1	2	3	2	3	1	2	3	2
	Ho	0,36	0,19	0,36	0,15	0	0,46	0,62	0,53	0,38	0,54	0	0,41	0,64
RT6	Na	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	3	-
	Ho	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,25	0,55	-
RT9	Na	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	2	-
	Ho	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	0,41	-

Mikrosatellit		Populationen														
		Bu	En	Ir	It	Ka	Po	Rh	Schw	Sp	T	Un	Sa	VP	It_2	
SR-CRSP-1	N _A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
	H ₀	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,38
TGLA127	N _A	1	3	3	2	1	3	4	2	4	2	2	-	-	-	-
	H ₀	0	0,29	0,19	0,33	0	0,46	0,22	0,47	0,49	0,29	0,07	-	-	-	-
VH110	N _A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-
	H ₀	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,64	-	-

Eidesstattliche Erklärung

Ich erkläre: Ich habe die vorgelegte Dissertation selbstständig und ohne unerlaubte fremde Hilfe und nur mit den Hilfen angefertigt, die ich in der Dissertation angegeben habe. Alle Textstellen, die wörtlich oder sinngemäß aus veröffentlichten oder nicht veröffentlichten Schriften entnommen sind, und alle Angaben, die auf mündlichen Auskünften beruhen, sind als solche kenntlich gemacht. Bei den von mir durchgeführten und in der Dissertation erwähnten Untersuchungen habe ich die Grundsätze guter wissenschaftlicher Praxis, wie sie in der „Satzung der Justus-Liebig-Universität Gießen zur Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis“ niedergelegt sind, eingehalten.

Nora Theresia Dörr

Danksagung

Mein besonderer Dank gilt Herrn Prof. Dr. Dr. habil Gerald Reiner für die Möglichkeit, diese Dissertation unter seiner Anleitung durchzuführen und für die fachliche Unterstützung während dieser Zeit. Vielen Dank für das konstruktive Hinterfragen und das Antreiben, die bestmögliche Version dieser Arbeit hervorzubringen.

Ebenso danke ich Herrn Prof. Dr. Hermann Willems für die interessanten fachlichen Diskussionen und das geduldige Beantworten der sich immer neu auftuenden Fragen, selbst nach Eintritt in den Ruhestand.

Ein besonderes Dankeschön geht auch an die Mitarbeiterinnen des Labors, Frau Bettina Hopf, Frau Ute Stoll und Frau Sylvia Willems. Ihr standet mir immer mit Rat und Tat bei Problemen und Fragen zu Seite. Dank Euch war die Laborarbeit stets eine Freude.

Danke auch an die anderen Doktoranden, die zur gleichen Zeit im Labor gearbeitet haben, allen voran Frau Dr. Corinna Klein, die mich geduldig in die Mysterien der Pflege des Kapillarsequenzierers eingeführt hat.

Selbstverständlich gilt mein ganz herzlicher Dank auch den Mitarbeitern der verschiedenen Parks, ohne deren freundliche Unterstützung und das zur Verfügung stellen der Damwildproben diese Arbeit nicht möglich gewesen wäre. Stellvertretend möchte ich dafür Herrn Kasper aus dem Englischen Garten zu Eulbach, Frau Walgenbach aus dem Tierpark Sababurg und Herrn Rönitz aus dem WildtierPark Edersee nennen. Vielen Dank!

Des Weiteren muss ein riesiges Dankeschön an meine Familie und Freunde gehen, die mich während dieser Zeit auf alle möglichen Weisen unterstützt haben.

Matze, mein Partner und bester Freund, ohne dich hätte ich das ganz sicherlich niemals geschafft! Danke für das Zuhören, das Abnehmen aller anderen Dinge, damit ich mich auf diese Arbeit konzentrieren konnte und nicht zuletzt das mehrfache Korrekturlesen der bestimmt zwanzig Versionen dieser Arbeit!

Danksagung

Ein herzliches Dankeschön geht auch an meinen Vater Gerhard und meine beste Freundin Nadine, die ebenfalls das Vergnügen hatten, diese Arbeit vorab zu lesen und meine Kommasetzung zu kritisieren.

Vielen Dank! Ohne Euch wäre diese Arbeit so nicht möglich gewesen.



édition scientifique
VVB LAUFERSWEILER VERLAG



VVB LAUFERSWEILER VERLAG
STAUFENBERGRING 15
D-35396 GIESSEN

ISBN: 978 3 8359 7224 7

Tel: 0641-5599888 Fax: -5599890
redaktion@doktorverlag.de
www.doktorverlag.de



Photo cover: © Alan Currie @ iStockPhoto.com