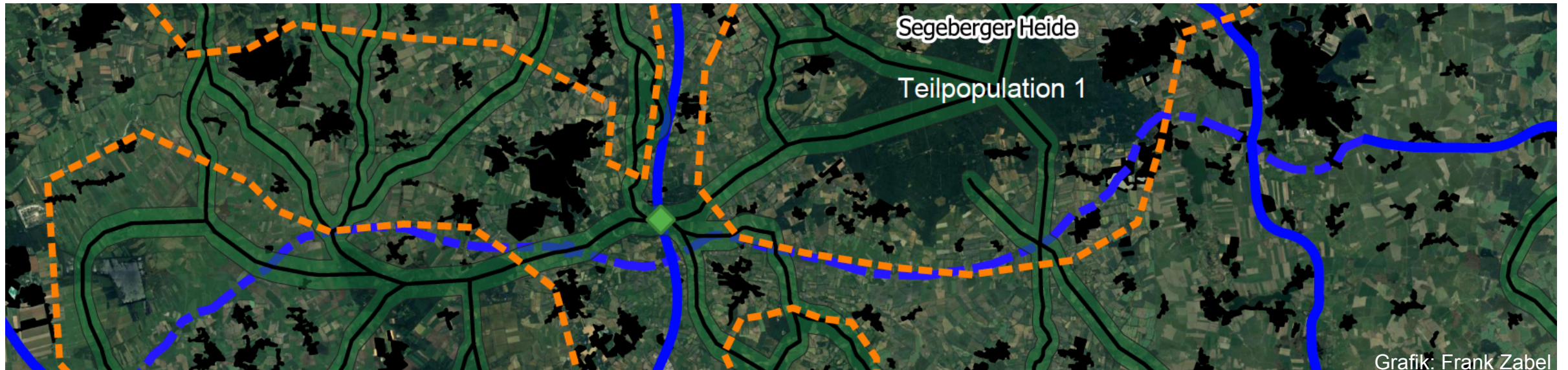


Arbeitskreis Wildbiologie an der Justus-Liebig-Universität Gießen e. V.

GEN-Projekt Segeberger Heide

"Genetische Differenzierung von möglichen Subpopulationen beim Rothirsch (*Cervus elaphus*) in der Segeberger Heide und zu benachbarten Rotwildvorkommen in Schleswig Holstein und Hamburg."



Grafik: Frank Zabel

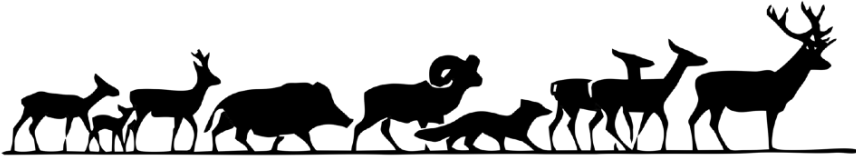
GEN-Projekt Segeberger Heide

Das Rotwild steht in Schleswig-Holstein auf der Vorwarnstufe der Roten Liste.

Durch die Fragmentierung und Zerschneidung der Lebensräume fehlen Möglichkeiten sich mit Nachbarteilpopulationen genetisch zu durchmischen.



Foto: Ralf Sierck



Arbeitskreis Wildbiologie an der Justus-Liebig-Universität Gießen e. V.



Das Ziel der Arbeit ist es, auf Basis des Rotwildvorkommen in der Segeberger Heide zu überprüfen, inwieweit die Familienverbände in den Randbereichen noch mit der zu einer anderen vorkommenden Subpopulationen im Außenbereich einen genetischen Austausch haben, sowie den Rotwildbestand in der Segeberger Heide in sich, auf mögliche genetische Diversitäten in einzelnen räumlich getrennten Rudeln bzw. Familienverbände in Form von Subpopulationen zu überprüfen.

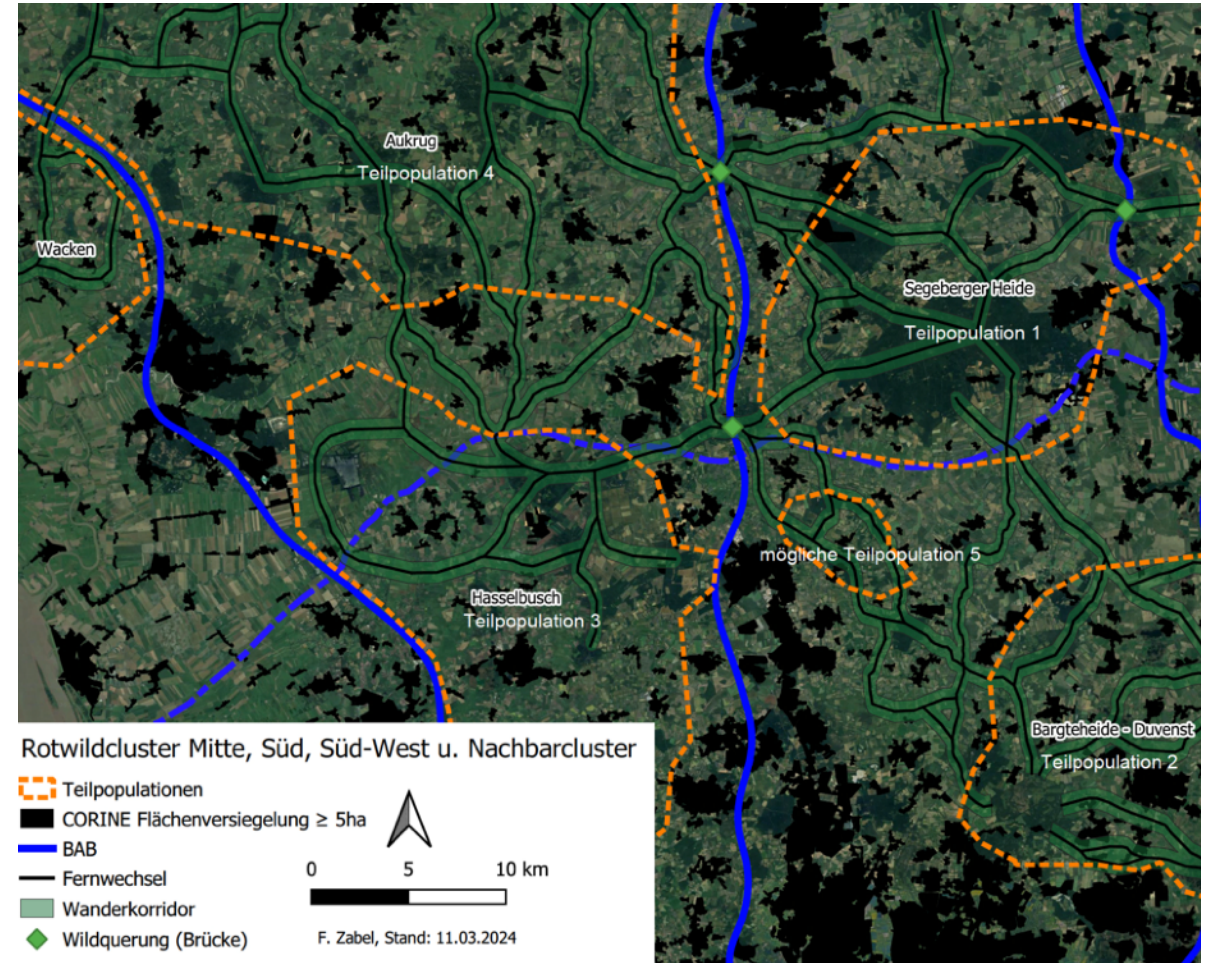
Es soll eine Verwandtschaftsanalyse in den standorttreuen Rotwildvorkommen zwischen den Hegeringen durchgeführt werden.

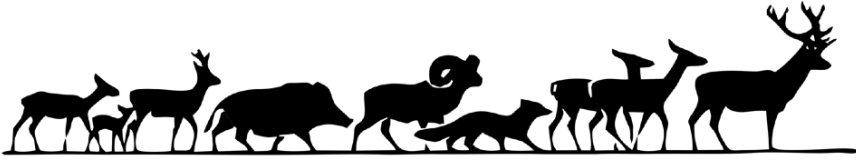
(Anm.: Möglicherweise lässt sich bereits ein Rescue-Effect (bei Großsäugern) nachweisen? SCHMIDT, N. et al. 2020)

Diese Arbeit untersucht vorrangig mögliche Subpopulationen und ihren genetischen Austausch mit benachbarten Vorkommen in den Grenzbereichen, sodass von einer Metapopulation im Cluster Mitte, Süd und Süd-West (Rotwildmanagementplan 2022-2025 S.24) ausgegangen werden kann.

Umsetzung

- Sammeln von 150 - 200 Proben (40-60 je Teilpopulation) vom erlegtem Rotwild zwischen 1.5.2024 und 31.1.2025 durch die Erleger in den Revieren
- mind. 1 cm³ Gewebe aus Milz, Leber, Zunge oder sonstigem Gewebe in beschriftetem Frischhaltebeutel tiefgefroren
- Abholung der Proben durch Walter Mahnert
- Aufarbeitung, Vorbereitung, Sequenzierung und PCR-Analyse durch Walter Mahnert unter Anleitung und Unterstützung der Mitarbeiter der AG Reiner (Prof. Dr. Dr. habil. Gerald Reiner - Justus-Liebig-Universität Gießen)
- Genotypisierung und Auswertung durch Mitarbeiter der AG Reiner im Zuge bereits bestehender Projekte (Sachsen-Anhalt, Rheinland-Pfalz, Hessen, ...)
- Gewonnene Daten fließen in die Abschlussarbeit unter der Betreuung von MSc. Dr. nat. Florian Kunz (Universität für Bodenkultur Wien - BOKU) ein.





Arbeitskreis Wildbiologie an der Justus-Liebig-Universität Gießen e. V.



Im Spätsommer 2025 soll durch dieses Projekt die genetische Diversität zur Teilpopulationsdifferenzierung innerhalb des Rotwildvorkommen in der Segeberger Heide bestimmt werden können, um diese mit den Nachbarhegegemeinschaften abzugleichen und in den Überschneidungsbereichen mögliche Quellen für bereits genetisch diverse Rotwildteilpopulationen zu identifizieren.



Arbeitskreis Wildbiologie an der Justus-Liebig-Universität Gießen e. V.



Vielen Dank für Ihre Unterstützung

Walter Mahnert
Eekholt 1
24623 Großenaspe

Tel.: +49 (0) 152 5153 3560

Mail: mahnert@students.boku.ac.at

Dieses Projekt wird unterstützt vom



Landesjagdverband
Schleswig-Holstein

und



Gemeinnützige GmbH
im Wildpark Eekholt

Detaillierte Anweisung und Absprache
zum Sammeln der Proben werden im
direkten Austausch mit den
Hegeringleiter und Revierförster
abgestimmt.