

Feldhamstererfassung mit klassischer und genetischer Methode

Ein Methodenvergleich

Leonard Adler*, Klaus Albrecht*

*ANUVA Stadt- und Umweltplanung GmbH
Nordostpark 89
90411 Nürnberg
Deutschland

Zusammenfassung

Als besonders gefährdete und nach § 44 BNatSchG geschützte Art muss der Feldhamster bei Eingriffen in Natur und Landschaft besonders betrachtet werden. Dabei hat sich das klassische Verfahren der Erfassung der Hamsterbaue nach Albrecht et al. (2015) bereits etabliert, um die Anzahl der Feldhamster auf einer Fläche zu schätzen. Darüber hinaus bieten genetische Erfassungsmethoden Informationen über den genetischen Zustand einer Population, wofür Haare über Klebefallen in den Baueingängen der Feldhamster gesammelt werden. Über die Haare bestimmt ein Labor den genetischen Fingerabdruck jedes beprobten Hamsters. Damit können Individuen eindeutig zugeordnet werden. Zusätzlich können die GutachterInnen mithilfe der Daten Aussagen über die genetische Diversität und den Isolationsgrad der Population treffen, und damit auf den Erhaltungszustand und den Erfolg von Maßnahmen im Zuge der Eingriffsplanung schließen.

1. Einleitung

Im Jahr 2020 stufte die IUCN den Feldhamster (*Cricetus cricetus* L.) auf „Critically Endangered“ herauf (Banaszek et al. 2020) und seit 2009 führt die rote Liste der Arten Deutschlands ihn als „vom Aussterben bedroht“ (Meinig et al. 2020). Aus diesem Grund muss der Feldhamster im Zuge von Eingriffsvorhaben in besonderer Tiefe betrachtet werden. Die klassische Kartierung der Hamsterbaue nach Albrecht et al. (2015) hat sich hierfür als Standard etabliert. Daneben können GutachterInnen auch genetische Verfahren nutzen, die zusätzliche planungsrelevante Informationen über den Erhaltungszustand einer Population bieten.

1. Klassische Erfassung von Feldhamsterbauen

Betrifft ein Vorhaben potenziell ein Feldhamsterhabitat, werden standardmäßig die Baue dieser Tiere kartiert (Albrecht et al. 2015). Die KartiererInnen laufen dafür die betroffenen Flächen auf engmaschigen Transekten ab und verorten gefundene Baue des Feldhamsters. Sie schätzen dabei vor Ort ein, ob es sich tatsächlich um einen Feldhamsterbau handelt und ob ein Feldhamster diesen aktuell nutzt.

Um belastbare Informationen über die Habitatnutzung zu erhalten, begehen die KartiererInnen die Flächen jeweils einmal im Frühling und im Sommer nach Ernte der Feldfrüchte. Im Frühling müssen die ExpertInnen unter Berücksichtigung von Witterungsverlauf, Lokalklima und zunehmender Vegetationsdeckung den jeweils günstigsten Begehungstermin bestimmen. Nach einer Studie in Unterfranken (Adler 2020) zu schließen, ist der Zeitraum ab Ende April dafür am besten geeignet, da zu der Zeit bereits die meisten Tiere ihren Bau nach dem Winterschlaf verlassen haben. Nur verhältnismäßig sehr wenige Individuen verlassen später erstmalig ihren Bau (Adler 2020).

Mithilfe der Baukartierung zählen die KartiererInnen die Baue der Feldhamster und schätzen anhand dessen ein, wie viele Hamster aktuell auf der Fläche aktiv sind.

2. Nicht-invasive genetische Erfassung

Reiners et al. (2011b) haben eine einfache Haarfalle entwickelt, mit dem die KartiererInnen nicht-invasiv genetisches Material sammeln können. Sie setzen die Fallen jeweils für eine Nacht in den Eingang der Hamsterbaus (Abb. 1A). Beim Betreten oder Verlassen des Baus durchquert der Hamster die Haarfalle und hinterlässt einige Haare an dem doppelseitigen Klebeband (Abb. 1B).

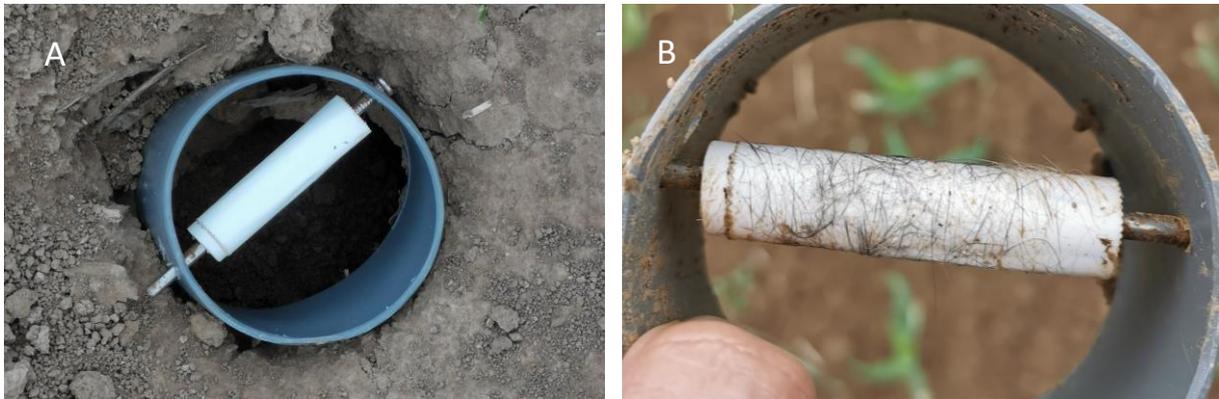


Abbildung 1: Haarfallen als nicht-invasive Methode der genetischen Beprobung. **A** Haarfalle im Eingang eines Feldhamsterbaus, **B** Haarfalle mit Probenmaterial. Die Haarfallen wurden von Reiners et al. 2011b entwickelt.

Im Labor wird die DNA aus den Haarwurzeln extrahiert und der genetische Fingerabdruck (Genotyp) der einzelnen Proben bestimmt. Eine Methode dafür sind Mikrosatelliten: Dabei vermehrt die PCR (Polymerase-Ketten-Reaktion) selektiv bestimmte repetitive Stellen (Mikrosatelliten) im Erbgut, die eine sehr variable Länge besitzen. Das Labor bestimmt anschließend die Längen, zum Beispiel durch Kapillarelektrophorese. Die Kombination der Längen mehrerer Mikrosatelliten im Erbgut eines Individuums ist charakteristisch: die Kombination von bereits 11 Mikrosatelliten reicht, um auch bei ingezüchteten Populationen die Individuen eindeutig zu unterscheiden (Adler 2020). Dabei ist es wichtig, dass das Labor ein erprobtes Set an Mikrosatelliten verwendet, um die Objektivität und Vergleichbarkeit zu gewährleisten. Geschlechtsspezifische Mikrosatelliten zeigen das Geschlecht der einzelnen Tiere. Unterschiedliche Varianten der Mikrosatelliten kommen unterschiedlich häufig vor, und nicht alle Varianten findet man in jeder Population. Damit kann man die Allelfrequenzen (Häufigkeit der Ausprägung bestimmter Varianten) einer Population bestimmen. Daraus wiederum kann man die genetische Diversität der Population ableiten, sowie die genetische Distanz (Grad der genetischen Unterscheidung) zwischen zwei Populationen (Schleicher et al. in Druck). Es können aber noch weitere Prozesse mithilfe von Mikrosatelliten untersucht werden, wie genetischer Drift, Flaschenhals- bzw. Gründereffekte, Inzucht und geographische Strukturen von Populationen (Segelbacher und Holderegger 2016).

Mithilfe der genetischen Erfassung können also die GutachterInnen die Mindestanzahl der Feldhamster auf einer betroffenen Fläche angeben, sowie Aussagen über effektive Populationsgröße (geschätzte Anzahl von Individuen, die zur Reproduktion beitragen), Geschlechterverteilung, genetische Diversität und Isolierungsgrad von Populationen treffen. Damit können sie auch beurteilen, ob zwei benachbarte Populationen sich noch austauschen oder nicht. Da es bereits genetische Daten zu anderen Feldhamsterpopulationen in Deutschland und Nachbarländern gibt, können sie die Daten zudem im Vergleich bewerten (Adler 2020, Schleenbecker 2014, Reiners et al. 2011a, Reiners et al. 2014, Smulders et al. 2002).

3. Methoden im Vergleich

3.1. Gemeinsamkeiten und Unterschiede

Sowohl mit der klassischen Baukartierung als auch mit der genetischen Methode können ExpertInnen die Individuenzahl auf der betrachteten Fläche abschätzen. Dabei gibt die klassische Methode eine ungefähre Schätzung ab, deren Genauigkeit unter anderem von der Anzahl der genutzten Baue pro Tier abhängt (da Feldhamster häufig mehrere Baue nutzen, siehe Weinhold und Kayser 2006), aber auch davon, ob bereits alle Tiere aus dem Winterschlaf erwacht sind. Die genetische Methode gibt eine Mindestschätzung ab, die nach unten hin genau ist, aber nach oben hin ungenau sein kann, falls nicht von allen Tieren (geeignete) Proben gewonnen werden konnten.

Durch die unterschiedlichen Voraussetzungen kann sich die Schätzung durch klassische Kartierung und genetische Erfassung auf der gleichen Fläche um das 1,5 bis 1,9-fache unterscheiden (Tab. 1).

Tabelle 1: Vergleich der Schätzung durch Baukartierung und genetische Erfassung in zwei Studien

Studie	Schätzung Baukartierung	Schätzung genetische Erfassung	Verhältnis
Schleenbecker (2014)	62	33	1,9
Adler (2020)	34	22	1,5

Wie unter Punkt 3 detaillierter beschrieben, kann die genetische Erfassung weitere Informationen über eine Feldhamsterpopulation bieten als nur die Anzahl der Individuen: sie gibt Auskunft über die genetische Diversität und Isolation einer Population. Diesem Vorteil gegenüber stehen die Kosten von 150–200 €¹ pro Probe, wenn das Labor die Proben bis zum Individuenniveau genotypisiert, zusätzlich zu den Kosten für Anfahrt und Begehung.

3.2. Die Methoden im Kontext der Eingriffsvorhaben

Wenn Eingriffe geplant werden, können weitere Informationen über eine Population notwendig werden, um mehr über den Erhaltungszustand zu erfahren. So führt das Zerschneiden und Isolieren von Populationen langfristig zu genetischer Verarmung (Smulders et al. 2002) und damit zu Inzuchtdepression, die die Fitness der Population vermindert (Hedrick und Kalinowski, 2000). Darum sollten LandschaftsplanerInnen bei der Planung von Eingriffsvorhaben nicht nur die Größe, sondern auch die Genetik einer Population miteinbeziehen. Bei Wildkatzen beispielsweise ist die genetische Erfassung im Zuge von Eingriffsmaßnahmen bereits etabliert (Albrecht et al. 2015).

Bei der Erfassung der Feldhamster ist es dabei sinnvoll, die klassische und die genetische Methode zu kombinieren: Die KartiererInnen können während der klassischen Baukartierung die Haarfallen für die genetische Beprobung platzieren. Damit können sie die Daten aus der klassischen Baukartierung um die Daten aus der genetischen Beprobung ergänzen. Die tendenzielle Überschätzung der Populationsgröße durch die klassischen Baukartierung (s.o.) wirkt zunächst wie ein worst-case-Ansatz. Allerdings kann dadurch auch die Vulnerabilität eines Bestandes unterschätzt werden. Ist die Population sehr klein, wiegen Beeinträchtigungen unter Umständen schwerer. Die genauere Zählung der Individuen durch die genetische Methode kann deshalb helfen, CEF bzw. FCS Maßnahmen präziser zu dimensionieren. Darüber hinaus können die GutachterInnen aus den Informationen über

¹ Preisliste des Senckenberg Instituts

genetische Diversität und Isolation einerseits einschätzen, wie empfindlich eine Population auf Eingriffe reagieren wird. Damit könnte beispielsweise ein schlechter genetischer Erhaltungszustand einer Feldhamsterpopulation ein Ausschlusskriterium in einem Raumordnungsverfahren darstellen, da eine Zerschneidung des Habitats den genetischen Erhaltungszustand weiter verschlechtern würde (Smulders et al. 2002). Andererseits könnten die GutachterInnen mithilfe von genetischem Monitoring nach einem Eingriff einschätzen, wie erfolgreich eine vergränte oder umgesiedelte Population überlebt und sich weiter fortpflanzt (Laikre et al. 2008).

4. Fazit

Die genetische Erfassung stellt eine sinnvolle Ergänzung zur klassischen Methode dar, da sie objektiv eine Mindestschätzung einer Population erlaubt, wenn ein erprobtes Markersset verwendet wird. Außerdem bietet sie den GutachterInnen genetische Informationen über die betrachtete Population, aus der sie weitere Erkenntnisse zum Erhaltungszustand einer Population ableiten können. Diese Informationen sind für GutachterInnen hilfreich, um den Schaden von Eingriffen abzuschätzen und den Erfolg von Maßnahmen besser zu beurteilen. Aufgrund des deutlichen und vor allem planungsrelevanten Erkenntnisgewinns dürften die zusätzlichen Kosten durch die genetischen Beprobungen sicher bei den meisten Vorhaben als verhältnismäßig eingestuft werden.

5. Literaturverzeichnis

Adler, L. (2020). *Korrektisierung eines geeigneten Zeitraumes für die Kartierungen von Feldhamsterbauen (Cricetus cricetus)*. Bachelorarbeit – unveröffentlicht. Technische Hochschule Bingen.

Albrecht, K.; Hör, T.; Henning, F. W.; Töpfer-Hofmann, G.; Grünfelder, C. (2015). *Leistungsbeschreibungen für faunistische Untersuchungen - FE 02.0332/2011/LRB*. (Bundesministerium für Verkehr und digitale Infrastruktur (BMVI), Hrsg.) *Forschung Straßenbau und Straßenverkehrstechnik*. Bremen: Fachverlag NW im Carl Schünemannverlag.

Banaszek, A.; Bogomolov, P.; Feoktistova, N.; La Haye, M.; Monecke, S.; Reiners, T. E.; Rusin, M.; Surov, A.M.; Weinhold, U.; Ziomek, J. 2020. *Cricetus cricetus*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2020: e.T5529A111875852. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2020-2.RLTS.T5529A111875852.en>. Downloaded on 15 February 2021

Hedrick, P.W.; Kalinowski, S.T.; 2000. *Inbreeding Depression in Conservation Biology*. *Annual Review of Ecology and Systematics* 31, 139–162.

Laikre, L.; Larsson, L.C.; Palmé, A.; Charlier, J.; Josefsson, M.; Ryman, N. (2008). *Potentials for monitoring gene level biodiversity: using Sweden as an example*. *Biodivers Conserv* 17: 893–910.

Meinig, H.; Boye, P.; Dähne, M.; Hutterer, R.; Lang, J. (2020): *Rote Liste und Gesamtartenliste der Säugetiere (Mammalia) Deutschlands*. – *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 170 (2): 73 S.

Reiners, T.; Bornmann, N.; Wolters, V.; Encarnação, J. (2011a). *Genetic diversity of Common hamster populations (Cricetus cricetus) revealed by non-invasive genetics*. *Säugetierkundliche Informationen*. 8. 99-105.

Reiners, T.; Eidenschenk, J.; Neumann, K.; Nowak, C. (2014). *Preservation of genetic diversity in a wild and captive population of a rapidly declining mammal, the Common hamster of the French Alsace region*. *Mammalian Biology* 79. 240–246

Reiners, T.; Encarnação, J.; Wolters, V. (2011b). *A non-invasive, cost-efficient method for genetic analyses of Common hamster populations (Cricetus cricetus)*. *Säugetierkundliche Informationen*. 8. 93-98.

Schleenbecker, M. (2014). *Verbesserung von Methoden zur Bestimmung von Populationsgrößen und Bestandsentwicklungen bei Feldhamstern*. Masterarbeit – unveröffentlicht. Justus-Liebig-Universität Gießen.

Schleicher, A., Bosert, S., Jocher, P., Engler, J. O. & K. Albrecht (im Druck): *Minderung der indirekten Fallenwirkung für Tiere in Straßenseitenräumen*. Forschungs- und Entwicklungsvorhaben FE 02.0372/2014/LRB im Auftrag des Bundesministeriums für Verkehr und digitale Infrastruktur. Schlussbericht 2020. Smulder, M.J.M.; Snoek, L.B., Booy, G.; Vosman, B. (2002) *Complete loss of MHC genetic diversity in the Common Hamster (Cricetus cricetus) population in The Netherlands. Consequences for conservation strategies*. *Conservation Genetics*. 4. 441–451

Segelbacher, G.; Holderegger, R. (2016) *Genetische Vielfalt*. In Holderegger, R.; Segelbacher, G. (Hrsg.), *Naturschutzgenetik – Ein Handbuch für die Praxis* (1. Aufl., S. 25–42). Bern, Schweiz: Hauptverlag

Weinhold, U.; Kayser, A. (2006). *Der Feldhamster*. Die Neue Brehm-Bücherei, Westarp Wissenschaften, Bd. 625, Hohenwarsleben.