

Kurzbericht

an den Bayerischen Landtag

Der genetische Zustand der Gams im bayerischen Alpenraum

BAYERISCHE 
FORSTVERWALTUNG



Foto: J. Warger

Herausgeber

Bayerische Landesanstalt
für Wald und Forstwirtschaft
Hans-Carl-von-Carlowitz-Platz 1
85354 Freising

Förderung

Bayerisches Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft, Forsten und Tourismus

Freising, April 2025

Inhalt

1 Hintergrund und Zielsetzung	4
2 Methoden	5
2.1 Probennahme und Laboranalyse	5
2.2 Abgrenzung von genetisch differenzierten Populationen	5
2.3 Genetische Unterschiede und genetischer Austausch zwischen Populationen	6
2.4 Genetische Vielfalt innerhalb der Populationen.....	6
2.5 Erfassung von Kondition und Konstitution	6
3 Ergebnisse und Diskussion	7
3.1 Probennahme und Laboranalyse	7
3.2 Abgrenzung von genetisch differenzierten Populationen	8
3.3 Genetische Unterschiede und genetischer Austausch zwischen Populationen	9
3.4 Genetische Vielfalt innerhalb der Populationen.....	9
3.5 Erfassung von Kondition und Konstitution	11
4 Zusammenfassung und Fazit	12
5 Danksagung.....	13
6 Literatur	14
7 Glossar	15

1 Hintergrund und Zielsetzung

Die Gams (*Rupicapra rupicapra*) ist im bayerischen Alpenraum weit verbreitet und besiedelt eine Vielzahl an Habitaten von alpinen Felsbereichen bis hinunter in den montanen Waldgürtel (BÖGEL ET AL., 2001). In den vergangenen Jahren wurde über das richtige Management des Gamswildes sehr intensiv und oft sehr emotional diskutiert. Dabei fehlten bislang jedoch häufig belastbare Daten und Fakten über die Gamswildbestände in Bayern. Aus diesem Grund befasst sich die Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (LWF) intensiv mit dieser charakteristischen Gebirgsbewohnerin. Seit 2016 wurden mehrere Forschungsprojekte durchgeführt und die Ergebnisse dem Bayerischen Landtag berichtet.

Dieser Bericht beschäftigt sich mit dem genetischen Zustand der bayerischen Gamsbestände. Eine innovative Möglichkeit, umfangreiche und objektive Daten zu Wildtierpopulationen zu erheben, bietet die Populationsgenetik, die im Forschungsprojekt „Räumliche Differenzierung, Konnektivität und genetischer Zustand der lokalen Gamsvorkommen im Bayerischen Alpenraum“ zur Anwendung kam. Das zu Beginn des Jahres 2021 von Staatsministerin Michaela Kaniber in Auftrag gegebene Forschungsprojekt untersuchte den genetischen Zustand der bayerischen Gamsvorkommen in einem bisher für den Alpenraum einmaligem Umfang. Durch die flächendeckende Beprobung des gesamten bayerischen Alpenbogens konnte erstmals eine umfassende und detailreiche Datenbasis zur **Erfassung der Populationsstruktur** und der **genetischen Vielfalt** der Gams in Bayern geschaffen werden.

Die Abgrenzung von genetisch differenzierbaren Populationen ist von Bedeutung für die Beurteilung des (genetischen) Zustands von Vorkommen, aber auch für das Monitoring und Management (DEYOUNG & HONEYCUTT, 2005). Genetische Populationsstrukturen entstehen durch eingeschränkten (genetischen) Austausch zwischen einzelnen Vorkommen, was langfristig zu einer Aufteilung in verschiedene Populationen führen kann. Ein verringerter Austausch kann beispielsweise durch natürliche Barrieren wie Flüsse oder durch menschengemachte Hindernisse wie Straßen oder Siedlungsbereiche verursacht werden. Aber auch Gebiete mit für eine Art ungeeigneten Lebensräumen können den genetischen Austausch zwischen Populationen verringern.

Die abgegrenzten Populationen oder Einheiten bilden die Grundlage für weitere populations- und landschaftsgenetische Untersuchungen. Beispielsweise kann auf dieser Basis untersucht werden, wie sich die genetische Vielfalt zwischen den verschiedenen Populationen unterscheidet. Ob die genetischen Strukturen von der Landschaftszusammensetzung abhängen und welche Landschaftsstrukturen (z.B. die Landnutzung, die Höhenlage, der Waldanteil) die genetische Struktur, den Austausch und die genetische Diversität beeinflussen, kann über landschaftsgenetische Analysen erfolgen (BALKENHOL ET AL., 2015).

Das **Ziel** der hier vorgestellten populationsgenetischen Untersuchungen war die umfassende und fundierte Darstellung und Evaluierung des genetischen Zustands der Gamsvorkommen in Bayern. Im ersten Projektschritt erfolgte anhand räumlich verorteter Gendaten die **Abgrenzung genetischer Einheiten** (Populationen oder Subpopulationen). Dann wurden für diese Einheiten genetische Kennwerte zur **Differenzierung und Konnektivität** (Ebene zwischen den Populationen) und zur **genetischen Diversität** (Ebene innerhalb der Populationen) berechnet und **Einflüsse der Landschaftsstruktur** auf diese Parameter untersucht. Abschließend wurden auch **Konditions- und Konstitutionsparameter** für die Einheiten verglichen und ihr Zusammenhang mit der genetischen Diversität analysiert.

2 Methoden

2.1 Probennahme und Laboranalyse

Die **Gewinnung von Proben** für die populationsgenetische Untersuchung erfolgte im gesamten Verbreitungsgebiet der Gams im bayerischen Alpenbogen. Hierbei wurden vornehmlich Gewebeproben von erlegten Tieren, vereinzelt auch von Fallwild, durch die Jagd ausübenden gewonnen. Große Teile der Gamsvorkommen in Bayern befinden sich auf Flächen der Bayerischen Staatsforsten AÖR (BaySF), daher stammten von diesen Flächen die meisten Proben. Darüber hinaus wurden auch Flächen privater Waldbesitzer beprobt, insbesondere in Bereichen ohne größeren Staatswaldflächenanteil (z.B. im Allgäu). Im Nationalpark (NP) Berchtesgaden wurde die Probennahme darüber hinaus um eine Losungsbeprobung in den Kernbereichen erweitert. Folglich lagen auch genetische Proben aus den nicht bejagten Zonen des Nationalparks vor. Für weitergehende Untersuchungen wurden bei den erlegten Stücken zusätzlich Daten zum Körpergewicht, zum Geschlecht, zur Jährlingsschlauchlänge (bei über 2-jährigen Stücken) und zum Erlegungsort erhoben.

Über den bayerischen Alpenbogen hinaus wurden in geringerem Umfang auch angrenzende Gamsvorkommen in Österreich sowie aus dem Altmühltal in die Untersuchung einbezogen. Von dem Gamsvorkommen im Altmühltal wurden sowohl Proben aus der Jagdstrecke als auch aus einer Losungsbeprobung verwendet. Zum Vergleich mit den bayerischen Vorkommen wurden Proben aus einer nicht bejagten Population aus dem Schweizerischen Nationalpark – also aus dem Zentrum des Verbreitungsgebiets der Gams – ausgewertet. Diese Proben stammten von Individuen, die dort im Rahmen einer Studie gefangen und besendert wurden.

Die von den Jagd ausübenden gewonnenen Gewebeproben wurden an der LWF gesammelt und registriert. Zur Analyse wurden die Proben dann an den Kooperationspartner, das Labor Seq-IT GmbH & Co. KG, versandt.

Für die **genetische Analyse** wurde ein Markersset aus 16 Mikrosatelliten verwendet. Mikrosatelliten sind kurze, sich wiederholende Abschnitte der DNA, die deutlich mehr Variabilität zwischen Individuen aufweisen als die meisten anderen Abschnitte des Erbguts. Aufgrund dieser hohen Variabilität kann mit dem eingesetzten Markersset für jedes Tier ein individuelles genetisches Profil bestimmt werden. Dieses genetische Profil kann im Anschluss für umfangreiche populationsgenetische Auswertungen genutzt werden.

2.2 Abgrenzung von genetisch differenzierten Populationen

Ein erster wichtiger Schritt populationsgenetischer Untersuchungen ist die **Abgrenzung von genetisch differenzierbaren Populationen**. Die Abgrenzung von Populationsstrukturen aus genetischen Daten erfolgte über Zuweisungstests. Diese Tests ermitteln mit statistischen Methoden, in wie viele Gruppen sich die untersuchten Individuen aufteilen lassen und ordnen die Individuen jeweils einer der Gruppen zu. Dabei werden hinsichtlich ihrer Genetik möglichst einheitliche Gruppen gebildet, die sich von den anderen Gruppen unterscheiden. Zur räumlichen Darstellung der Populationsstrukturen können die ermittelten Gruppen nach ihrer geographischen Herkunft auf einer Karte dargestellt werden. Für die bayerischen Gamsvorkommen wurden die

beiden methodisch etwas unterschiedlichen Ansätze in *STRUCTURE* und *Geneland* verwendet (PRITCHARD ET AL., 2000; GUILLOT ET AL., 2005). Zusätzlich wurde geprüft, wie stark sich die genetischen Unterschiede bereits durch die räumliche (geografische) Distanz zwischen Gamsvorkommen erklären lassen. Die Ergebnisse der verschiedenen Ansätze wurden verglichen und zusammengefasst, um Populationseinheiten für die bayerischen Gamsvorkommen abzugrenzen.

2.3 Genetische Unterschiede und genetischer Austausch zwischen Populationen

Die genetisch abgegrenzten Populationseinheiten bildeten die Grundlage für weitere populations- und landschaftsgenetische Untersuchungen. Im nächsten Schritt wurden für diese Einheiten verschiedene Kennwerte für den genetischen Zustand berechnet. Einerseits wurde ermittelt, wie groß die Differenzierung der Populationen ist, also wie stark sich die Populationen genetisch unterscheiden. Andererseits wurde aber auch geprüft, wie viel genetischen Austausch es zwischen den Populationen gibt. Mit landschaftsgenetischen Methoden wurde schließlich untersucht, welche Landschaftsstrukturen die Differenzierung und den Austausch beeinflussen.

2.4 Genetische Vielfalt innerhalb der Populationen

Darüber hinaus wurde als Weiser für den Zustand die genetische Diversität, also die **Vielfalt innerhalb der Populationen**, bestimmt. Hierfür wurden in der Populationsgenetik gebräuchliche Parameter – die Heterozygotie und die allelische Vielfalt – ermittelt. Diese Kennwerte wurden einerseits für die abgegrenzten Populationen, andererseits mit einem detaillierteren, individualbasierten Ansatz bestimmt. Auch für die genetische Diversität wurde untersucht, ob die ermittelten Kennwerte mit der Landschaftsstruktur zusammenhängen. Hierbei wurde analysiert, ob beispielsweise der Waldanteil, die Höhenlage oder das Relief die Diversität innerhalb von Gebirgsstöcken beeinflussen. Da in der Literatur vielfach beschrieben ist, dass Vorkommen am Rand des Verbreitungsgebiets einer Art geringere genetische Vielfalt aufweisen (ECKERT ET AL., 2008), fand auch die Distanz des jeweiligen Gebirgsstocks zum Rand des bayerischen Alpenbogens bei der Auswertung Berücksichtigung.

2.5 Erfassung von Kondition und Konstitution

Als zusätzlicher Projektbaustein wurden Gewicht und Jährlings Schlauchlänge als Weiser für **Kondition und Konstitution** der jeweiligen Gämsen erfasst und ihr Zusammenhang mit der genetischen Diversität analysiert. Auch hierbei wurden Einflüsse der Landschaftsstruktur berücksichtigt.

3 Ergebnisse und Diskussion

3.1 Probennahme und Laboranalyse

Insgesamt konnten 2.873 Proben aus dem bayerischen Alpenraum und angrenzenden österreichischen Gebieten mit vollständigem Datensatz in die genetische Untersuchung einbezogen werden. In Tabelle 1 ist die Probenherkunft der verwendeten Proben aus dem bayerischen Alpenbogen aufgelistet. Mit dieser räumlich gut verteilten und umfangreichen Stichprobe stand eine umfassende, repräsentative Datenbasis für die genetischen Analysen zur Verfügung. Das Projekt im bayerischen Alpenraum ist hinsichtlich der Probenanzahl und der Beprobungsdichte die bisher umfangreichste Studie zum genetischen Zustand der Gams in ihrem Verbreitungsgebiet in den Alpen.

Tabelle 1: Herkunft der für die populationsgenetischen Analysen verwendeten Proben aus dem bayerischen Alpenraum und angrenzenden österreichischen Gebieten

Kategorie	Forstbetrieb/Landkreis	Anzahl Proben
Bayerische Staatsforsten AÖR	Bad Tölz	555
	Berchtesgaden	239
	Oberammergau	515
	Ruhpolding	283
	Schliersee	432
	Sonthofen	111
	St. Martin (inkl. Pachtflächen)	129
Nationalpark Berchtesgaden	-	252
Private Jägerschaft Bayern	LK Oberallgäu	144
	LK Ostallgäu	7
	LK Garmisch-Partenkirchen	28
	LK Bad Tölz	15
	LK Rosenheim	38
	LK Berchtesgaden	7
Private Jägerschaft Tirol	-	118
Summe		2.873

Für Vergleichszwecke wurden zusätzlich 37 Proben aus dem Schweizerischen Nationalpark sowie 13 Proben aus der außeralpinen Population im Altmühltal ausgewertet.

3.2 Abgrenzung von genetisch differenzierten Populationen

Mit den Untersuchungen zur **genetischen Populationsstruktur** konnten erstmalig evidenzbasiert genetisch differenzierte Populationen abgegrenzt werden: **Die Gamsvorkommen in Bayern teilen sich im Wesentlichen in eine Population westlich und eine Population östlich des Inntals auf** (Abbildung 1). Die ermittelte Populationsstruktur ergänzt dabei auch die Ergebnisse anderer, teils großräumigerer Studien (LEUGGER ET AL., 2022), die überregional eine Trennung etwa entlang einer Achse Etschtal-Inntal feststellten.

Diese populationsgenetische Trennung konnte zudem mit **landschaftsgenetischen** Methoden bestätigt werden. Auch hier zeigt sich, dass das Inntal eine deutliche Barriere für den Austausch zwischen den Gamsvorkommen im bayerischen Alpenraum darstellt.

Innerhalb der beiden festgestellten Populationen war die Untergliederung in populationsgenetische Substrukturen dagegen weniger deutlich ausgeprägt. In dem zusammenfassenden Ergebnis mehrerer statistischer Herangehensweisen der Populationsgenetik wurden für die westliche Population drei, für die östliche Population zwei Subpopulationen ermittelt (Abbildung 1). Diese Abgrenzungen von Subpopulationen korrespondieren dabei sehr gut mit den naturräumlichen Einheiten. Daher wurden zur vereinfachten Darstellung der Subpopulationen die jeweils übereinstimmenden naturräumlichen Abgrenzungen verwendet.

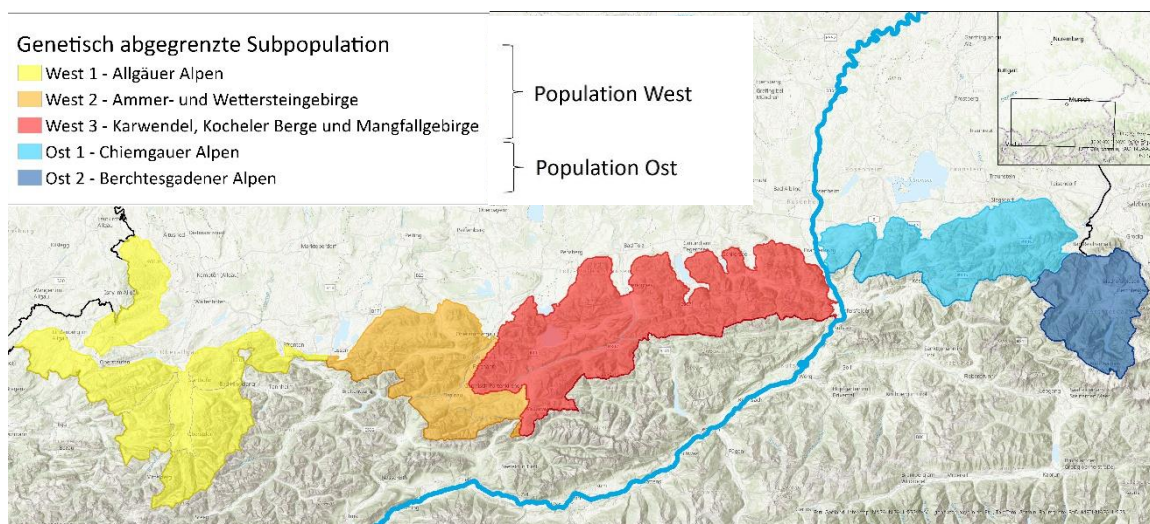


Abbildung 1: Räumliche Darstellung der auf Basis genetischer Daten mittels *STRUCTURE* und *Geneland* abgegrenzten Populationseinheiten (Populationen und Subpopulationen). In Blautönen im die östliche Population und in Rot/Gelbtönen die westliche Population. Das trennende Inntal ist schematisch als blaue Linie dargestellt.

Im Rahmen des Projekts konnten **evidenzbasiert Populationen** abgegrenzt werden: Die bayerischen Gämsen teilen sich in zwei Populationen (östlich und westlich des Inns) auf, die jeweils noch in zwei (östlich) und drei (westlich) weitere Subpopulationen aufgeteilt werden können.

3.3 Genetische Unterschiede und genetischer Austausch zwischen Populationen

Zwischen den jeweiligen Subpopulationen innerhalb der östlichen und westlichen Population wurde nur eine geringe **Differenzierung** festgestellt. Das heißt, dass sich die Subpopulationen genetisch sehr ähnlich sind. Zudem konnte ein regelmäßiger **genetischer Austausch** zwischen den Subpopulationen nachgewiesen werden, die Gamsvorkommen sind also gut vernetzt.

Auch auf dieser Ebene (also der Ebene der Subpopulationen) wurden die populationsgenetischen Auswertungen wiederum durch die landschaftsgenetischen Untersuchungen bestätigt. So zeigte für das Gamswild die Landschaftsgenetik für große Teile des bayerischen Alpenraums geeignete Habitatstrukturen und nur geringe Landschaftswiderstände auf. Taleinschnitte verringern den genetischen Austausch; dieser Effekt ist umso ausgeprägter, je breiter die Talräume sind und je stärker diese durch Menschen beeinflusst sind. Als deutliche Barriere wurde das Innental identifiziert; doch sogar für diese erhebliche Barriere liegen Hinweise auf vereinzelt genetischen Austausch vor. Beispielsweise wurden mehrere, genetisch der Population westlich des Inns zugeordnete männliche Individuen in Bereichen östlich des Inns nachgewiesen.

Insgesamt weisen alle Ergebnisse dieser Studie auf eine gute Vernetzung der bayerischen Gamsvorkommen hin. Dies gilt sowohl für den bayerischen Alpenraum als auch für die angrenzenden österreichischen Vorkommen.

Die **Konnektivität** und der damit verbundene genetische Austausch im bayerischen Alpenraum ist hoch. Bayerische Gamsvorkommen sind gut vernetzt – mit Ausnahme des Innentals, wobei selbst dieses Tal keine vollständige Barriere darstellt.

3.4 Genetische Vielfalt innerhalb der Populationen

Hinsichtlich der **genetischen Diversität** wurden zwei in der Populationsgenetik übliche Messwerte, die Heterozygotie und Vielfalt an unterschiedlichen Allelen herangezogen. Dabei konnten geringfügige Unterschiede zwischen den abgegrenzten bayerischen Subpopulationen festgestellt werden (Abbildung 2). Die Unterschiede waren jedoch weder hinsichtlich der allelischen Vielfalt noch hinsichtlich der Heterozygotie statistisch signifikant.

Mit räumlich höher auflösenden, individuenbasierten Methoden konnten in den Bereichen des Wetterstein- und Karwendelgebirges sehr hohe, in den Berchtesgadener Alpen sowie in größeren Teilen der Allgäuer Alpen und des Mangfallgebirges hohe Werte für die genetische Diversität ermittelt werden. Dagegen war die genetische Diversität im Bereich unmittelbar östlich des Innentals bis zum Chiemgau sowie in der Kürnach geringer. Diese Unterschiede waren sowohl beim Messwert der Heterozygotie als auch der allelischen Vielfalt sichtbar.

Die Kennwerte für die Diversität waren in allen Subpopulationen des bayerischen Alpenraums niedriger als in der Vergleichspopulation im Schweizerischen Nationalpark. Die höhere Diversität des Schweizer Vorkommens im Zentrum des Verbreitungsraumes der Gams überrascht jedoch nicht, denn grundsätzlich ist für Populationen am Verbreitungsrand einer Art - wie dem bayerischen Vorkommen - von geringerer genetischer Diversität auszugehen. Gleichzeitig war

die Diversität der Gams im bayerischen Alpenraum aber deutlich höher als die im isolierten Vorkommen im Altmühltal. Insgesamt waren die Werte für die Gamsvorkommen im bayerischen Alpenraum jedoch auf einem ähnlichen Niveau wie für in anderen Studien untersuchte Vorkommen in Italien und Österreich (SOGLIA ET AL., 2010; MARKOV ET AL., 2016).

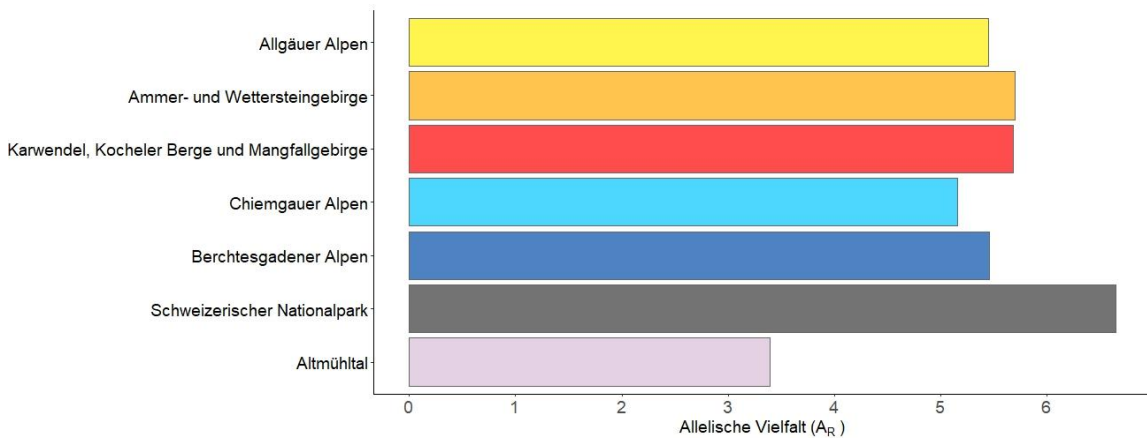


Abbildung 2: Allelische Vielfalt als Messwert für genetische Diversität der abgegrenzten fünf Gamsvorkommen im bayerischen Alpenbogen. Im Vergleich dazu ist die allelische Vielfalt im Schweizerischen Nationalpark und im isolierten Vorkommen im Altmühltal dargestellt.

Die **genetische Diversität** innerhalb der identifizierten Subpopulationen variiert leicht, ist aber insgesamt im Vergleich zu anderen Studien aus dem Alpenraum im mittleren bis höheren Bereich.

Landschaftsgenetische Untersuchungen zeigten, dass auch lokale Unterschiede in der genetischen Diversität vor allem durch die Lage innerhalb des bayerischen Alpenraums erklärt werden können – je näher ein Gebirgsstock an der Verbreitungsgrenze nach Norden liegt, desto geringer ist die genetische Diversität (Abbildung 3).

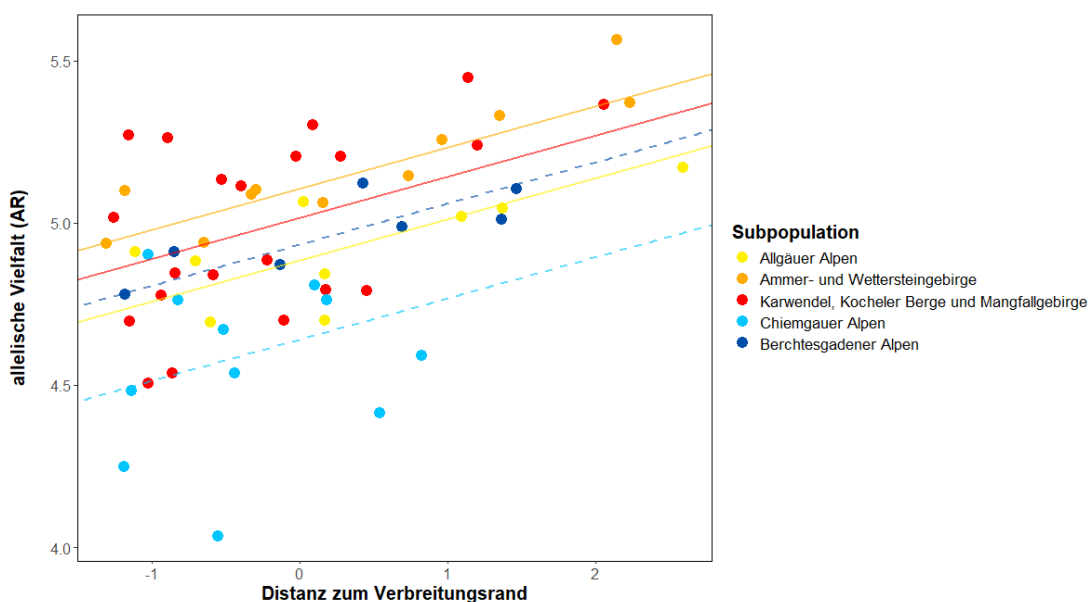


Abbildung 3: Effekt der standardisierten Distanz zum Verbreitungsrand (nördlicher Rand des Alpenraums) auf die allelische Vielfalt (A_R), ein Maß für die genetische Diversität, innerhalb von Gebirgsstöcken in Bayern. Die Ergebnisse basieren auf einem gemischten linearen Modell.

Zusätzlich spielt der Anteil des verfügbaren Gamslebensraums eine Rolle für die genetische Vielfalt. Dies deutet auf einen Zusammenhang zwischen der lokalen Populationsgröße bzw. -dichte und der genetischen Diversität hin. Bei vielen Arten weisen kleinere Vorkommen oder solche mit geringer Dichte eine geringere genetische Diversität auf (FRANKHAM, 1996).

Die landschaftsgenetischen Auswertungen zeigten, dass die Lage zum Verbreitungsrand und in Teilen auch die Größe und Besiedlungsdichte des verfügbaren Lebensraums die genetische Diversität beeinflussen.

3.5 Erfassung von Kondition und Konstitution

In einem weiteren Schritt wurden die Gamsgewichte und die Jährlingsschlauchlängen als Weiser für **Kondition und Konstitution** der genetischen Diversität gegenübergestellt. Dabei wurden deutliche Unterschiede zwischen den Populationen und Subpopulationen ermittelt. Allerdings konnten keine signifikanten Einflüsse der individuellen genetischen Diversität auf die Kondition und Konstitution nachgewiesen werden.

Es ist davon auszugehen, dass die Kondition und Konstitution überwiegend durch die jeweilige Lebensraumausstattung oder durch lokale Unterschiede der Populationsdichte beeinflusst werden. Da die genetische Diversität insgesamt hoch war und sich nur wenig zwischen den Individuen unterschied, waren nachweisbare Effekte in der Kondition und Konstitution durch eine genetische Verarmung aber auch nicht anzunehmen.

Konditions- und Konstitutionsparameter unterschieden sich zwischen den verschiedenen Subpopulationen; ein Zusammenhang mit der genetischen Diversität konnte jedoch nicht festgestellt werden.

4 Zusammenfassung und Fazit

Die vorliegende populations- und landschaftsgenetische Studie schafft eine umfassende und objektive Datenbasis zur Beurteilung des genetischen Zustands, der Diversität und Konnektivität der Gamsvorkommen im bayerischen Alpenraum. Sie ist hinsichtlich der Untersuchungstiefe (= Anzahl der Proben) und Untersuchungsbreite (= flächendeckende Beprobung) einzigartig im Alpenraum.

Erstmals konnten mit diesen Daten evidenzbasierte Populationseinheiten für die Gamsvorkommen im bayerischen Alpenraum abgegrenzt werden. Die Erfassung der genetischen Diversität ergänzt die bisherigen Monitoringdaten und kann als wichtige Grundlage für ein zukünftiges fundiertes und robustes Gamsmonitoring und Gamsmanagement dienen.

Insgesamt konnte für den überwiegenden Teil der bayerischen Gamsvorkommen ein guter bis sehr guter genetischer Zustand mit hoher genetischer Diversität und ausgeprägter Konnektivität zwischen verschiedenen Gebirgsregionen nachgewiesen werden.

Für die genetische Vernetzung stellen nur größere Flusstäler, hierunter besonders das Inntal, ein Hindernis dar; in den übrigen Bereichen sind die Gamsvorkommen durch regelmäßigen Austausch gut miteinander verbunden. Die ermittelten Subpopulationen eignen sich als Einheiten für das Monitoring und Management der Gams in Bayern.

Als Haupteinflussfaktor auf die kleinräumige genetische Diversität wurde die räumliche Verortung der Gamsvorkommen identifiziert – Vorkommen, die näher am nördlichen Alpenrand liegen, wiesen im Mittel eine geringere Diversität auf. In Bereichen mit geringerer Diversität könnten Managementmaßnahmen, welche den lokalen genetischen Austausch fördern, zielführend sein. In diesen wenigen Gebieten und in den umgebenden Regionen kann beispielsweise durch eine teilweise Schonung junger oder mittelalter Gamsböcke der Genfluss erhöht werden. Wie auch Daten aus der aktuellen Studie zeigen, sind diese vorrangig für Abwanderung – und somit möglichen Genfluss – verantwortlich.

5 Danksagung

Wir bedanken uns bei allen beteiligten Akteuren für ihre Unterstützung.

Besonderer Dank gebührt dabei den Mitarbeitenden der Bayerischen Staatsforsten AÖR, des Nationalparks Berchtesgaden und den Unteren Jagdbehörden, welche die Probensammlung mit hohem Engagement unterstützt haben. Wir danken dem Bayerischen Jagdverband e.V. für die Unterstützung beim Gewinnen von Probenmaterial durch seine Mitglieder. Unser herzlicher Dank gilt allen an der Beprobung beteiligten bayerischen Jägerinnen und Jägern, der Tiroler Jägerschaft, dem Schweizerischen Nationalpark und der Deutschen Wildtierstiftung für das freundliche Zurverfügungstellen von vorhandenem Probenmaterial.

Dieses Projekt wurde vom Bayerischen Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft, Forsten und Tourismus finanziert. Wir bedanken uns herzlich bei dem Fördermittelgeber für das entgegengebrachte Vertrauen und die Unterstützung.

6 Literatur

- ALLENDORF, F. W.; FUNK, W. C.; AITKEN, S. N.; BYRNE, M.; LUIKART, G. & ANTUNES, A. (2022): Conservation and the Genomics of Populations.
- BALKENHOL, N.; CUSHMAN, S. A.; STORFER, A. & WAITS, L. P. (eds.) (2015): Landscape Genetics. Concepts, Methods, Applications.
- BÖGEL, R.; LOTZ, A. & HÄRER, G. (2001): Lebensraumansprüche der Gemse in Wechselwirkung zu Waldentwicklung und Tourismus im Nationalpark Berchtesgaden untersucht mit telemetrischen Methoden. Abschlussbericht zum E+E-Vorhaben "Einsatz automatischer Telemetrie-systeme zur Untersuchung der Raum-zeitlichen Nutzungsmuster der Gams im Nationalpark Berchtesgaden" des Bundesamtes für Naturschutz. Angewandte Landschaftsökologie 35. Bonn-Bad Godesberg.
- DEYOUNG, R. W. & HONEYCUTT, R. L. (2005): The molecular toolbox. Genetic Techniques in Wildlife Ecology and Management. The Journal of Wildlife Management 69: 1362–1384.
- ECKERT, C. G.; SAMIS, K. E. & LOUGHEED, S. C. (2008): Genetic variation across species' geographical ranges. The central-marginal hypothesis and beyond. Molecular ecology 17: 1170–1188.
- FRANKHAM, R. (1996): Relationship of Genetic Variation to Population Size in Wildlife. Conservation Biology 10: 1500–1508.
- GUILLOT, G.; MORTIER, F. & ESTOUP, A. (2005): Geneland. A computer package for landscape genetics. Molecular Ecology Notes 5: 712–715.
- HOLDEREGGER, R. & SEGELBACHER, G. (eds.) (2016): Naturschutzgenetik. Ein Handbuch für die Praxis. Bern.
- LEUGGER, F.; BROQUET, T.; KARGER, D. N.; RIOUX, D.; BUŽAN, E.; CORLATTI, L.; CRESTANELLO, B.; CURT-GRAND-GAUDIN, N.; HAUFFE, H. C.; ROLEČKOVÁ, B.; ŠPREM, N.; TISSOT, N.; TISSOT, S.; VALTEROVÁ, R.; YANNIC, G. & PELLISSIER, L. (2022): Dispersal and habitat dynamics shape the genetic structure of the Northern chamois in the Alps. Journal of Biogeography 19: 1655.
- MARKOV, G.; ZHELEV, P.; BEN SLIMEN, H. & SUCHENTRUNK, F. (2016): Population genetic data pertinent to the conservation of Bulgarian chamois (*Rupicapra rupicapra balcanica*). Conservation Genetics 17: 155–164.
- PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M. & DONNELLY, P. (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945–959.
- SOGLIA, D.; ROSSI, L.; CAUVIN, E.; CITTERIO, C. V.; FERROGLIO, E.; MAIONE, S.; MENEGUZ, P. G.; SPALENZA, V.; RASERO, R. & SACCHI, P. (2010): Population genetic structure of Alpine chamois (*Rupicapra r. rupicapra*) in the Italian Alps. European Journal of Wildlife Research 56: 845–854.
- TAYLOR, P. D.; FAHRIG, L.; HENEIN, K. & MERRIAM, G. (1993): Connectivity Is a Vital Element of Landscape Structure. Oikos 68: 571.

7 Glossar

Allelische Vielfalt: Maß für die genetische Vielfalt, die sich aus der mittleren Anzahl an Allelen (verschiedenen Ausprägungen) an einem untersuchten Genort errechnet (HOLDEREGGER & SEGELBACHER, 2016). Dieser Messwert muss für die Probenanzahl korrigiert werden und ist daher in der Regel nur innerhalb einer Studie vergleichbar.

Geneland: In der Populationsgenetik häufig verwendetes Computerprogramm, das ähnlich wie STRUCTURE (s.u.) Individuen statistisch in verschiedene Gruppen einteilt. Anders als STRUCTURE verwendet Geneland als zusätzliche Information aber auch die geographische Herkunft der Individuen (GUILLOT ET AL., 2005).

Genetische Differenzierung: Maß dafür, wie stark sich Populationen voneinander unterscheiden (HOLDEREGGER & SEGELBACHER, 2016). Je geringer der genetische Austausch (Genfluss) zwischen Populationen, desto höher die genetische Differenzierung.

Genetische Struktur: Geographisches Muster in der genetischen Vielfalt von Populationen oder Gruppen von Populationen (HOLDEREGGER & SEGELBACHER, 2016).

Genetische Vielfalt: Als genetische Vielfalt bezeichnet man die Variationsbreite an unterschiedlichen genetischen Ausprägungen, die in verschiedenen Individuen einer Population oder Art vorliegen. Die genetische Vielfalt kann als Zeiger für den Zustand von Populationen dienen. Darüber hinaus stellt sie einen bedeutenden Bestandteil für das langfristige Überleben von Arten und Populationen dar, da eine hohe genetische Vielfalt beispielsweise wichtig für eine Anpassung an sich verändernde Umweltbedingungen ist (HOLDEREGGER & SEGELBACHER, 2016).

Genfluss: Austausch von Erbgut zwischen Populationen, z.B. durch wandernde Individuen, die sich in einer anderen Population mit den dort ansässigen Individuen verpaaren (DEYOUNG & HONEYCUTT, 2005).

Heterozygotie: Messwert für die genetische Vielfalt, der sich aus dem Anteil heterozygoter Individuen einer Population errechnen lässt. Heterozygot sind Individuen, die an einem untersuchten Genort zwei verschiedene Ausprägungen aufweisen (HOLDEREGGER & SEGELBACHER, 2016).

Konnektivität: Die Konnektivität einer Landschaft definiert sich dadurch, wie stark Landschaftsstrukturen die Bewegung zwischen Habitaten einer Art fördert oder behindert (TAYLOR ET AL., 1993). Bei einer hohen Konnektivität der Landschaft können sich Individuen einer Art leicht zwischen verschiedenen Habitaten bewegen, bei geringer Konnektivität sind die Habitate stärker isoliert.

Mikrosatelliten-Marker: Genabschnitt mit kurzem, sich wiederholenden DNA-Sequenzmuster. Mikrosatelliten sind i.d.R. sehr variabel zwischen Individuen und haben daher einen hohen Informationsgehalt für populationsgenetische Untersuchungen (DEYOUNG & HONEYCUTT, 2005).

Population: Gruppe einer Art, die sich untereinander fortpflanzen und i.d.R. in einem räumlich abgegrenzten Gebiet vorkommen (HOLDEREGGER & SEGELBACHER, 2016). Im Naturschutz wird der Begriff Population häufig aber auch synonym mit dem Vorkommen einer Art in einem bestimmten Gebiet verwendet, ohne dass die biologischen Kriterien einer Population erfüllt sind.

STRUCTURE: Häufig verwendetes Computerprogramm, welches eine Clustering-Methode durchführt, also Individuen statistisch genetischen Gruppen zuweist (HOLDEREGGER & SEGELBACHER, 2016). Hierbei wird auch die optimale Anzahl an Gruppen ermittelt, in die sich die Individuen einteilen lassen.

Subpopulationen: Genetische Einheiten innerhalb einer Population, die nur teilweise isoliert und durch (regelmäßigen) Genfluss verbunden sind (ALLENDORF ET AL., 2022).

Vorkommen: Das Vorkommen einer Art bezieht sich grundsätzlich auf die Präsenz oder die Häufigkeit einer bestimmten Art in einem bestimmten geografischen Gebiet oder Lebensraum. In der vorliegenden Studie wurde der Begriff „Vorkommen“ gewählt, um Individuen in einer geographisch definierten Einheit zusammenzufassen, ohne auf genetische Populationsstrukturen abzustellen, z.B. „Gamsvorkommen im bayerischen Alpenraum“ (= alle Gämsen in den bayerischen Alpen) oder „Gamsvorkommen im Karwendel“ (= alle Gämsen in der Naturraumeinheit Karwendelgebirge).

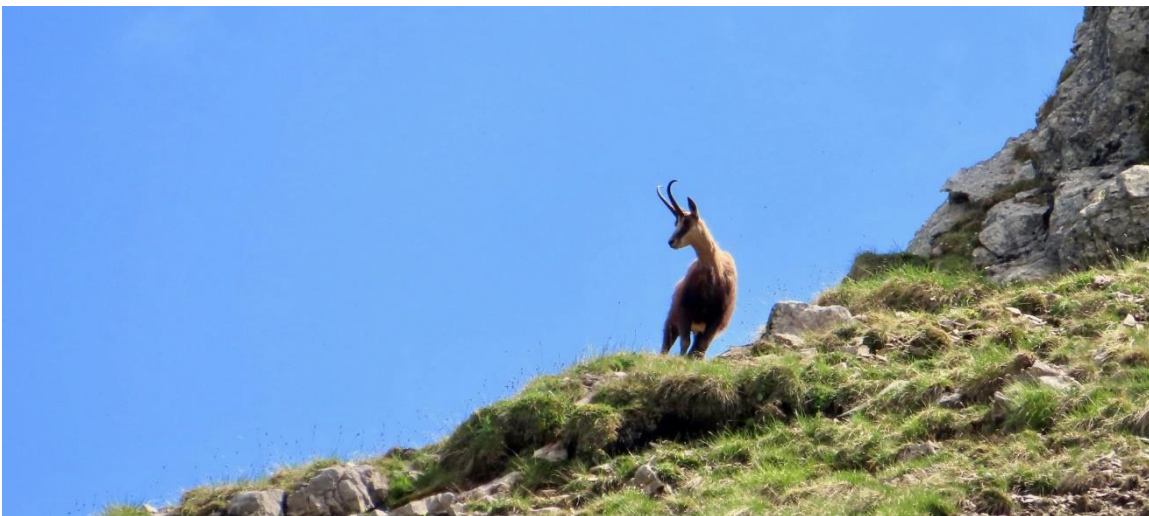


Foto:LWF