

Das Edelwild

Das Magazin von und für Edelwildenthusiasten

**Schildbürgerstreich 2.0
im Saarland**

**Rotwild - Zwischen
Trophäenkult und Bioindikator**

Weiterleiten

Bitte leiten Sie nur den Downloadlink an Freunde und Bekannte weiter und senden ihnen nicht die PDF-Datei. Nur so erhalten wir einen Eindruck davon, wie oft „Das Edelwild“ gelesen wird und ob sich die viele Arbeit lohnt.

Darstellung

Digitale Ansicht:

Dieses Dokument ist für die doppelseitige Darstellung als PDF optimiert.



Druck:

Insofern Sie die Ausgabe ausdrucken wollen, so empfehlen wir den Druck im A4 Hochformat und mit 2 Seiten pro Blatt (Getestet mit HP OfficeJet 5200).

Verpassen Sie keine Ausgabe

Wenn Sie sichergehen wollen, dass Sie keine Ausgabe von „Das Edelwild“ verpassen, dann lassen Sie sich ganz einfach in unseren E-Mail-Verteiler aufnehmen. Eine E-Mail mit dem Betreff „Abo“ an Redaktion@DasEdelwild.de reicht hierzu schon aus. Ihnen entstehen hierdurch keine Kosten und wir belästigen Sie natürlich auch nicht mit Werbung.



Foto: Henning Neuhoff

Das **Edelwild**
Das Magazin von und für Edelwildenthusiasten



Hinweise zur einfachen
Teilnahme auf S. 43



Liebe Leserin, lieber Leser,

vor einem Jahr war es nur eine Idee – getragen von Idealismus und der Leidenschaft für unsere Wildtiere. Heute ist daraus eine kleine Bewegung geworden. Die Initiative „Für den Lebensraumverbund – gegen die Lebensraumzerschneidung“ hat in zwölf Monaten über 37.000 Menschen hinter sich versammelt.

Was mit der Petition auf change.org begann, hat sich zu einer vielstimmigen Plattform entwickelt. Jägerinnen und Jäger, Biologen, Wissenschaftler und politische Akteure engagieren sich gemeinsam. Sie fordern nicht weniger als ein Umdenken in der Raumplanung – weg von der Zerschneidung, hin zu einem funktionierenden Lebensraumverbund, der Wanderbewegungen ermöglicht und genetischen Austausch sichert.

Ein starkes Symbol dieser Bewegung ist der #Wanderhirsch, ins Leben gerufen durch den LJV Baden-Württemberg, der dem Thema die Internetseite www.wanderhirsch.de und seinen gesamten Messeauftritt in Grünau gewidmet hat. Ein großartiges Zeichen, dass auch von den Besuchern aus der Politik nicht unbeachtet blieb.

Erste politische Impulse kamen jedoch vom anderen Ende der Republik. In Schleswig-Holstein beauftragte der Landtag die Landesregierung sich aktiv für den Schutz von Wildquerungshilfen und Wanderkorridoren starkzumachen und auf Bundesebene für eine Änderung des Erneuerbare-Energien-Gesetzes (EEG) einzusetzen. Die Privilegierung der erneuerbaren Energien entlang von Autobahnen, Bundesstraßen und zweigleisigen Bahnstrecken begünstigt nämlich bisher, dass dort Querungshilfen und Wanderkorridore mit Solarparks zugebaut werden. Der Minister für Energiewende, Klimaschutz, Umwelt und Natur des Landes Schleswig-Holstein, Tobias Goldschmidt (Bündnis 90 / Die Grünen) bezeichnete es als Treppenwitz oder Schildbürgerstreich, dass dies möglich sei und betonte in der Landtagsdebatte, dass es wichtig und richtig sei, dass sich die Landesregierung für eine entsprechende Änderung des EEG einsetzt.

Es bewegt sich etwas! Dennoch bleibt der Weg steinig. Der erste Anlauf zur offiziellen Bundestagspetition wurde vom Petitionsausschuss mit Verweis auf die Zuständigkeit der Länder abgewiesen. Paradox. Doch statt Resignation folgt nun die strategische Nachbesserung. Die Vision bleibt unerschütterlich: eine bundesweite Bewusstseinsveränderung und eine Wiedervernetzung unserer Landschaften; als Basis für ein langfristiges Miteinander von Mensch und Tier in Deutschland.

Das einjährige Jubiläum der Bewegung ist ein Meilenstein – kein Endpunkt. Denn in Zeiten massiver Infrastrukturprojekte und riesiger Investitionen in Verkehr, Energie und Siedlungsbau gilt es, die Bedürfnisse der Wildtiere von Anfang an zu berücksichtigen. 37.000 Stimmen sind ein sehr guter Anfang. Jetzt ist es jedoch an uns den Weg weiterzugehen und unsere Stimme deutlich hörbar für die Wildtiere zu erheben.

Frank Zabel, Herausgeber



JAGDcast, der Podcast für Jäger und andere Naturliebhaber

JAGDcast ist der zuhörerstärkste und älteste Podcast zu jagdlichen und wildbiologischen Themen im deutschsprachigen Raum. Die erste Sendung wurde im Dezember 2017 veröffentlicht. Sie finden JAGDcast auf allen gängigen Podcastportalen u.a. auf Amazon Music, Apple Podcast, [Spotify](#), [Audible](#) und vielen mehr.

In den u.g. Episoden geht es bei JAGDcast insbesondere um Rotwild oder andere Vertreter der Gattung Cervus:

JAGDcast #162: Aufzucht von Kitz und Kalb

JAGDcast #151: Wildökologische Raumplanung (WÖRP)

JAGDcast #147: Chronische Auszehrungskrankheit (CWD)

JAGDcast #136: Rotwildgenetik mit Prof. Reiner

JAGDcast #128: Evolutionsbiologie

JAGDcast #127: Starke Hirsche, Wilddiebe, Krieg und Frieden

JAGDcast #123: Alttier-Kalb-Beziehung, Kälberwaisen

JAGDcast #118: Müssen wir die Lehrbücher umschreiben?

JAGDcast #102: Husarenstreich mit Hubschrauber & Weltkulturerbe - ein Leben für die Jagd

JAGDcast #99: Archäozoologie, Teil 2

JAGDcast #98: Archäozoologie, Teil 1

JAGDcast #78: Lebensraumzerschneidung und Inzucht bei Wildtieren

JAGDcast #53: Chronic Wasting Disease

JAGDcast #27: Altersbestimmung beim Rotwild

JAGDcast #22: Hirschrufjagd



Auf Instagram gibt es auch regelmäßig interessante Infos zum Thema. Einfach den QR-Code abfotografieren.

Inhaltsverzeichnis

| | Seite |
|---|-------|
| Rotwild—Zwischen Trophäenkult und Bioindikator | 7 |
| Der genetische Einfluss einheimischer Hirsche auf die CWD-Empfänglichkeit | 15 |
| Schildbürgerstreich 2.0 im Saarland | 29 |
| Steinzeithirsch mit Zahnweh | 35 |
| RotWildes Mecklenburg-Vorpommern | 37 |
| Neues vom Gruber Seekoog-Hirsch | 39 |
| Neuigkeiten & Veranstaltungen | 41 |
| Hinweise zur Teilnahme an der Petition | 43 |
| Einreichen von Beiträgen & Fotos | 44 |
| Schreiben Sie uns | 44 |
| Wie kann ich „Das Edewild“ unterstützen? | 44 |
| Verpassen Sie keine Ausgabe | 45 |
| Impressum & Kontakt | 45 |





Rotwild
Zwischen Trophäen-
kult und Bioindikator

Dr. Julian Laumeier

Rotwild

Zwischen Trophäenkult und Bioindikator

Nach dem letzten eiszeitlichen Maximum vor über 18.000 Jahren konnte das Rotwild eigenständig nahezu komplett Europa als Lebensraum erschließen (Doan *et al.*, 2022). So tat es anschließend auch der Mensch, sodass eine bis heute andauernde Co-Existenz entstand.

Dass wir uns als Spezies Mensch durch intellektuelle, kulturelle und handwerkliche Geschicke zum Superprädatoren entwickeln konnten ist unbestritten. Dies wird durch die raumgreifende, weltweite Verbreitung des Homo sapiens unterstrichen. Doch auch als planetarer Superplayer sind wir auf die Ökosystemleistungen anderer Arten angewiesen (Daw *et al.*, 2016). Das präsenteste Beispiel liefert die Bestäuberkapazität von Insekten, ohne welche ein entscheidender Teil der Landwirtschaft nahezu unmöglich wäre (Mallinger *et al.*, 2021).

Die Ambivalenz dieser Interaktionen wird beispielsweise klar, wenn einerseits Insekten zur Bestäubung benötigt werden, aber andererseits Pestizide zur Ertragssteigerung eingesetzt werden, welche wiederum ein Insektensterben fördern, so wie es in jüngster Vergangenheit für Glyphosat nachgewiesen wurde (*Glyphosat-Herbizid kann Insekten direkt schädigen* | BFN, no date).

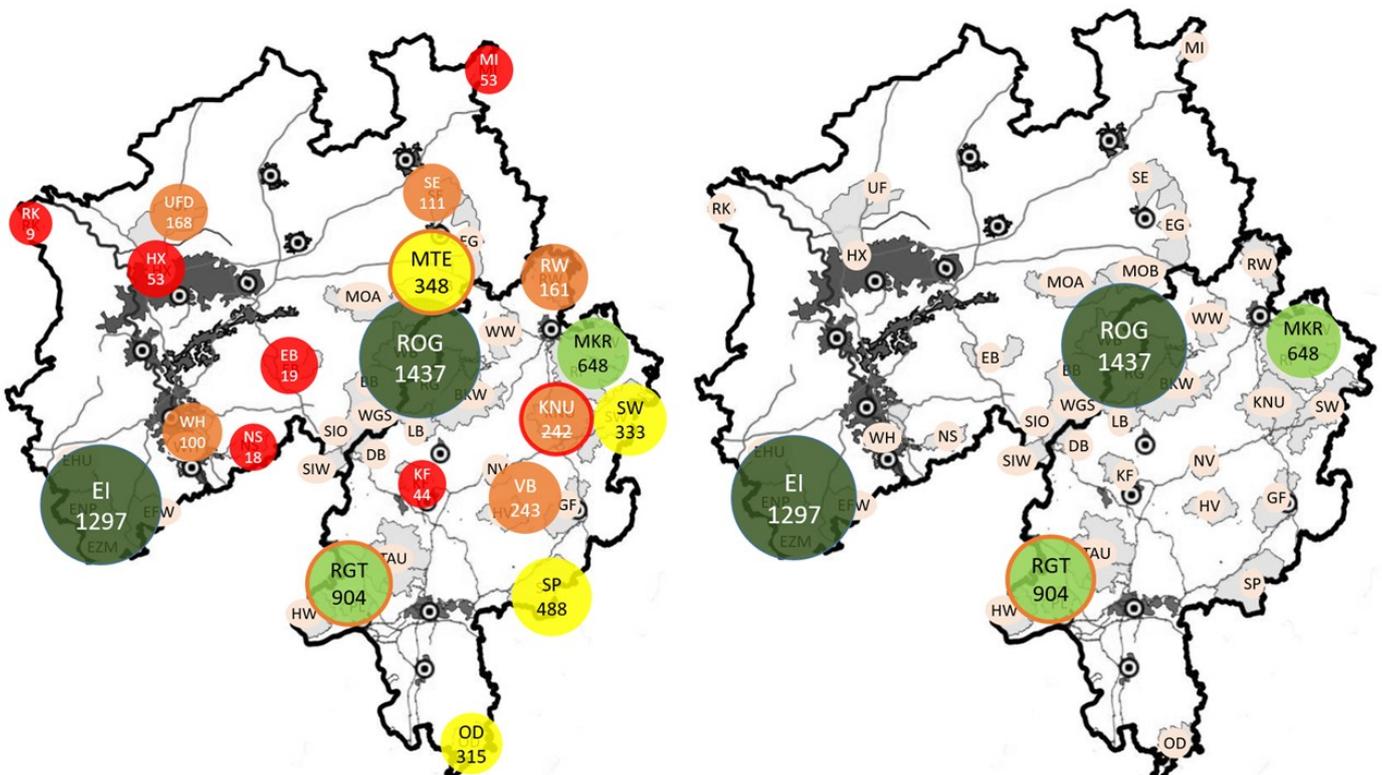
Diese konträren Interaktionen von zunächst produktionssteigernden Maßnahmen, welche aber anderen Arten, und im Rückschluss auch dem Menschen, schaden, werden oftmals erst erkannt, wenn der Schaden an menschlichen Gütern bemerkt und humanitäres „Leiden“ – häufig ein rein monetärer

Ausfall - verursacht wurde. Um auf das Beispiel zurückzugreifen, sind in diesem Fall die Insekten bereits tot. Diese Erkenntnis sollte erden! Egal ob Superprädatoren oder nicht, langfristiges Überleben funktioniert nur in zukunftsträchtigen gesunden Ökosystemen mit eingespielten speziesübergreifenden Interaktionen (COP15: Nations Adopt Four Goals, 23 Targets for 2030 In Landmark UN Biodiversity Agreement | Convention on Biological Diversity, 2022).

Die Betrachtung des „Menschen über Allem“ ist somit in jeglicher Form unangebracht. Das eigene Handeln ist jederzeit rücksichtsvoll auf die Interaktion mit Mitgeschöpfen zu überdenken, auch wenn uns deren ökologische Leistung im Hier und Jetzt noch nicht bekannt ist. Genau dieses Unwissen birgt die immense Gefahr, sich selbst zu überschätzen, da die Vorteile einer intakten Umwelt noch nicht bekannt sind und die wenigsten Tierarten in ihren Ökosystemleistungen abschließend bewertet wurden. Vielmehr berufen wir uns lediglich auf eine Einteilung in anthropogene subjektive Skalen von zu viel, dem Menschen entstehen Schäden, oder eben zu wenig, die Spezies ist vom Aussterben bedroht.

Doch wenn man sich die Insekten im Beispiel noch einmal vorhält, wären diese in der Kategorie „zu wenig“, also vom Aussterben bedroht, bereits tot und damit der Zeitstrahl, um natürliche Gegenmaßnahmen einzuleiten, bereits unwider-

Abbildung 1: Effektive Populationsgröße der hessischen und nordrhein-westfälischen Rotwildpopulationen. Unter einer effektiven Populationsgröße von 100 sind aktive Inzuchtdepressionen zu erwarten. Erst ab einer effektiven Populationsgröße von über 500 - 1000 genetisch diversen Individuen ist ein langfristiger Erhalt der Population gesichert. Links: Ist-Zustand. Rechts: Wie es in Zukunft ohne jetzt angegangene Lebensraumvernetzungen aussehen könnte. Spätestens dann ist der Lebensraumverlust klar erkennbar und man wird sich fragen: Woran hat es gelegen?



ruflich überschritten.

Um hier auf das Rotwild zurückzukommen, sehen wir im Status Präsens, dass mit ca. 250.000 Tieren in Deutschland und einer Verbreitung in nahezu allen Bundesländern, das Rotwild zahlreich und augenscheinlich recht flächendeckend verbreitet ist (Deutsche Wildtierstiftung, no date; Kinser, Koop and Münchhausen, 2010).

Doch auch hier gibt es ein Glyphosat, welches sich Flächenfraß nennt. Täglich wird für den anthropogenen Nutzen eine Fläche von über 50 Hektar für Infrastruktur und Siedlung von bestehenden Ökosystemen abgebissen (*Flächenversiegelung in Deutschland: Weniger wäre mehr*, no date). Dabei ist es nicht nur die Versiegelung des Bodens an sich, welche Flächen für die meisten nichtmenschlichen Organismen unbrauchbar macht, sondern auch die Anlageform dieser Flächen.

Betrachtet man Schienen-, Schifffahrts- und Verkehrsnetz, so sieht man die Lebensadern der menschlichen Vernetzung. Welch Ironie, dass unsere Lebensadern die natürlichen Lebensräume aller anderen Spezies unpassierbar zerschneiden, also die Lebensadern der Natur zerstören (Westekemper *et al.*, 2021). Selbst Deutschlands größte noch freilebende Wildtierspezies, das Rotwild, welches auch der letzte flächendeckend verbliebene Großwiederkäuer ist, kann diese Barrieren nicht überwinden.

Die aktuelle Studienlage zeigt klar, dass durch die Zerschneidung der Landschaft die genetische Verknüpfung der Rotwildpopulationen unterbunden wird (Westekemper, 2022; Lau-meier, 2025). Na und?! Es gibt doch viel Rotwild und fast überall!? Doch zum Glück wächst nicht nur der Flächenfraß an, sondern ebenso der menschliche Wissensfundus. Es ist eben nicht genug, bzw. teilweise ein Trugschluss, viele Tiere mit gesunden Populationen zu verwechseln. Die Natur befindet sich im stetigen Wandel und so auch alle ihre Bewohner.

So wie sich beispielsweise durch den Klimawandel Pflanzengesellschaften verändern, so müssen sich auch die daran angepassten Pflanzenfresser mitanpassen, um ihren Erhalt bzw. den ihrer Nahrungsgrundlage zu sichern. Die Genetik als zu Grunde liegender Bauplan des Lebens muss somit weit gefächert sein, um für möglichst viele zukünftige Pflanzenszenarios eine Verdauungsmöglichkeit parat zu haben. Und dies ist nur ein Aspekt des Lebens, während das Erbgut alle abdecken muss (Hoban *et al.*, 2020, 2021, 2023; Frankham, 2022). Weitere Beispiele für zukünftig notwendige Anpassungen sind das Auftreten von Krankheiten bzw. die Verträglichkeit und Empfänglichkeit gegenüber diesen oder auch die Thermoregulation des Körpers gegenüber sich verändernden Temperaturen.

Mit einer breiten Streuung an genetischer Vielfalt steigt die Wahrscheinlichkeit, dass zukunftsfähige Tiere in der Population vorhanden sind, beträchtlich. Somit wird auch der zu-

künftige Arterhalt wahrscheinlicher.

Ein gut aufs Rotwild übertragbares Beispiel ist das Automobil. Als Antriebsmittel kommen erdölbasierte Kraftstoffe wie Diesel und Benzin ebenso in Frage, wie Elektroantriebe. Diese wiederum werden durch Wind-, Solar- oder Wasserstoffenergie gespeist und ergänzen damit das Portfolio an Antriebsmöglichkeiten. Als Automobilnation sind wir in Deutschland führend darin Verbrenner-Motoren herzustellen und zu nutzen. Im Jahr 2024 waren von ca 60 Mio. Kraftfahrzeugen ungefähr 90% mit Verbrennermotoren betrieben (~60% Benzin; ~30% Diesel) (*Entwicklung der Pkw im Bestand nach Kraftstoffart* | Umweltbundesamt, no date).

Die Kraftfahrzeugflotte ist also dahingehend ingezüchtet, dass ein immens hoher Anteil, 50 Mio. und mehr, auf eine Antriebsart setzt, welche einerseits durch planetare Grenzen in der Kraftstoffgewinnung und andererseits durch den Emissionsausstoß als nicht zukunftssträftig eingeschätzt wird und darüber hinaus die Ziele zur Erhaltung funktionierender Ökosysteme konterkariert (Lim *et al.*, 2007; Boroujerdi *et al.*, 2025; Qin *et al.*, 2025). Obwohl also eine riesige Anzahl an zu diesem Zeitpunkt gesunden Individuen, hier funktionsfähigen Autos mit Verbrennermotor, auf Deutschlands Straßen rollt, sind sie auf Grund ihrer einheitlichen Ausstattung, dem Inzuchtmerkmal „Verbrennungsmotor“, in eine Sackgasse mit Ablaufdatum der Population „Verbrenner“ manövriert.

Um das übergeordnete Ziel der Mobilität, also das eigene Auto, erhalten zu können, muss auf andere Formen des Autos zurückgegriffen werden, wobei unbedingt die lokalen Gegebenheiten beachtet werden müssen. Diese jedoch selbst zu erfinden, also entstehen zu lassen, kostet Zeit. Zeit die mit potenziellen Fahrverboten (partiell Mobilitätsverlust als Inzuchtdepression) für Kraftfahrzeuge einhergehen kann und eine insgesamt fragliche zeitliche Prognose bis zur Erschließung neuer Möglichkeiten besitzt, bzw. dieses Ziel ggf. auch nie erreicht werden kann (Aussterben der Art).

Als Lösung, um Lebensqualität zu erhalten, bleibt somit nur der Import von bereits bestehenden Produkten mit anderer Genetik, bzw. anderer Antriebsart ohne dabei bestehende Märkte (Populationen) zum Zusammenfall zu bringen. Dabei muss es Zielsetzung sein, sich Bewährtes zu erhalten, also die bestehende Angepasstheit der Populationen vor Ort zu wahren. Um die Mobilität mit dem Auto beizubehalten, muss und musste auf Importe aus skandinavischen oder auch asiatischen Ländern zurückgegriffen werden, welche bereits früher alternative Antriebssysteme (genetisch diverse Systeme) etablieren konnten.

Die hier angesprochenen globalen Märkte sollen keinesfalls dazu anregen Rotwild künstlich und übergreifend zu verbringen. Eine etablierte deutsche Luxuslimousine mit einem neu entwickelten importierten Kleinwagen zu kombinieren, nur

weil der Kleinwagen einen Elektroantrieb besitzt, kann nicht überzeugen bzw. wird im Zweifel gar nicht funktionieren oder wird nicht akzeptiert. So können auch Rothirsche nicht willkürlich verfrachtet werden, da ihnen z. B. die nötige Anpassung an auftretende Krankheitserreger in der Zielpopulation fehlt (Walsh *et al.*, 2024).

Durch regionale Integration und damit verbundene Innovation werden berechtigterweise auch zukünftig Autos mit diversen Antrieben, inkl. Verbrennermotor, auf deutschen Straßen rollen. Das Ziel ist es nicht, Autos zu verbieten, sondern mit dem besten Wissen aus bestehenden Systemen weiterzuarbeiten und dieses Wissen durch neue ortsangepasste „Ideen“ noch zu verbessern. Durch diese Kombinatorik, basierend auf bereits Bewährtem, können neue ebenfalls funktionstüchtige Hybride oder auch komplett neuartige Systeme schneller, besser und einfacher entwickelt werden. So kann sogar Bestehendes übertroffen werden. Wie man sieht, war und ist die Verkettung von Märkten (Vernetzung!) für einen zeitgemäßen Fortschritt unabdingbar.

Dieses ökonomische Prinzip kann dabei eins zu eins in ökologische Sphären übertragen werden. So kann Population A ein verbessertes Verdauungssystem in Population B einbringen, Population B eine größere Hitzetoleranz in Population C und Population C eine größere Krankheitsresilienz in die Populationen A und B eintragen. Ökonomische wie ökologische Netze sind also in ihrer Komplexität vergleichbar, wobei wir in den ökologischen Netzen auch heute noch nicht wissen, wer die entscheidenden Player sind und wie sie miteinander interagieren (Hoban *et al.*, 2021).

Fest steht jedoch, dass isolierte Populationen eine geringere Chance auf Verbesserungen und Anpassungen im Lebensraum haben, sowie sich die Lage in besonders kleinen Populationen durch wenige Individuen weiter verschlimmert (Frankham, 2008; Frankham, Bradshaw and Brook, 2014). Eine reine Anhebung von Individuenzahlen bewirkt dabei nur marginalen Fortschritt, denn wie bei den Autos würden mehr Verbrenner einfach nur mehr Kraftstoff verbrennen und mehr Emissionen freisetzen. Eine Innovation zu alternativen Antriebsformen ist dadurch nicht gegeben. Kleine isolierte Rotwildpopulationen brauchen dahingehend nicht zwangsläufig eine Anhebung von Tierzahlen, sondern vor allem den Kontakt und Austausch mit Nachbarpopulationen. Nur in ausgewählten Fällen besonders geringer Tierzahlen in isolierten Populationen macht eine Anhebung der Individuenzahlen Sinn, um dem Effekt der genetischen Drift, dem fortschreitenden Verlust von Genvarianten, vorzubeugen (Ryman, Laikre and Hössjer, 2023).

Wer bis hierher fachlich noch nicht ausgestiegen ist und die dahinter liegende Komplexität der Materie von Lebensraumvernetzung und Biodiversitätserhalt noch überschaut, für den geht es dann hier gleich weiter. Denn die aktuellen Studien

am Rotwild haben mit dieser Tierart nicht nur „ein Tier mit Knochen auf dem Kopf“, also einen vermeintlich zu jagdlichen Zwecken herangezüchteten Trophäenträger im Visier, sondern vielmehr eine Flagship-Art, welche als Leitart auf etliche andere Tier- und auch Pflanzenarten übertragbar ist.

Hier geht es nicht nur um das Rotwild, welchem die Fragmentierung der Habitats zusetzt, sondern ebenso um die Biozöosen und Symbiosen, welche durch vergemeinschaftliche Ökosystemleistungen Lebensräume zu lebenswerten Biotopen hin gestalten (Looman, 1976; Sugár *et al.*, 2021). Wenn ein Stück Rotwild eine Straße nicht queren kann, wird es der Igel auch nicht schaffen. Wenn wir das Rotwild in seiner Ausbreitung beschneiden, beschneiden wir auch Wolf, Luchs, Wildkatze und andere wanderfreudige Arten, welche durch Wanderungen ihren genetischen Austausch vollziehen (Westekemper, 2022).

Mit dem Wissen, dass die Isolation von Rotwildhabitaten nach der deutschlandweiten Studie von Dr. Katharina Westekemper (Westekemper, 2022) ein flächendeckendes Problem darstellt, welches darüber hinaus durch unsere Studien an der Justus-Liebig-Universität für hessische und nordrhein-westfälische Rotwildpopulationen aufzeigen kann, dass 65% der Rotwildpopulationen keinen guten Erhaltungszustand vorweisen können (Laumeier, 2025), ist es grob fahrlässig den Bedrohungsstatus von Populationen durch Abwarten weiter ansteigen zu lassen.

Wenn der Verlust von Lebensraum und Biotopvernetzung in Zukunft weiter ansteigen wird, wird es zu spät sein, so wie beim Glyphosat die betroffenen Individuen bereits tot sind. Spätestens mit dem Erreichen dieser Eskalationsstufe geht es auch nicht mehr um den Erhalt des Rotwildes selbst, sondern um die Gesamtheit damit verbundener Ökosystemleistungen und vergesellschafteter Arten. Das Rotwild ist eben nicht nur ein Pflanzenfresser, der Schäden in Land- und Forstwirtschaft hervorrufen kann, sondern auch ein wegweisender Lebensraumgestalter (Riesch *et al.*, 2019, 2020).

Unser derzeit größter verbliebener Wildwiederkäuer schafft als Öko-Ingenieur durch sein Fraßverhalten Lichtfenster in geschlossenen Beständen. So werden monotone horizontale Waldstrukturen aufgebrochen, was Habitats im Habitat entstehen lässt. Das Rotwild pflegt natürlicherweise Offenlandstrukturen indem es Verbuschung vorbeugt bzw. Sträucher stutzt (Riesch *et al.*, 2020). Es schafft durch das Suhlen kleinste Feuchtbiopte, welche lächelnd als Pfützen abgestempelt werden, aber als Mikrohabitate Insekten bei der Fortpflanzung helfen können. Und selbst die kleinen verbissenen „Bonsai-Buchen“, welche meist nur als Schaden erkannt werden, bieten durch ihren intensiv verästelnden Wuchs Nistgelegenheiten für Singvögel, die durch den dichten Astwuchs vor Nest- und Eigenprädation geschützt werden können.

Zusätzlich entstehen so schattige Mikrohabitate in Stammnähe, welche besonders im Sommer kühlende Wirkung besitzen dürften. Weiter werden über Fell und Kot etliche Pflanzensamen mitgetragen, wodurch auch die Flora Populationsinteraktionen und genetische Auffrischungen erfährt (Garcia *et al.*, 2023). Der Kot an sich ist bereits Lebensgrundlage für eine Vielzahl an Insektenarten wie Schweb- und Schmeißfliegen, aber auch Laufkäfer und besonders Dungkäfer (Sugár *et al.*, 2021).

Hier geht die Interaktion fließend weiter, denn ohne Kot von großen Säugern gibt es keine Dungkäfer. Diese Käfer erhöhen durch das Anlegen ihrer Nisthöhlen mit Kot wiederum die Wertigkeit von Böden und tragen aktiv zur Wasserspeicherkapazität des Bodens bei, wodurch Starkregen in gewissem Maße besser aufgesogen werden können, statt als reißender Fluss abgeschwemmt zu werden (Nichols *et al.*, 2008; Wei, Run-run and Xin-min, 2013). Nicht zuletzt ist auch die Funktion des Rotwildes als Beutetier und Aas in natürlichen Nahrungsketten zu berücksichtigen. Und das ist nur eine Auswahl an ökologisch wertvollen Interaktionen, welche teils bereits nachgewiesen, aber teils auch noch festzustellen sind.

Wenn man sich die Studienlage anschaut, besteht hier auch noch ein großer „Bias“, denn Forschung zu betriebsrelevanten Schäden, also meist Verbiss und Schäl, wurde aufgrund des dahintersteckenden monetären Gewinns bereits vielschichtig betrieben, während Ökosystemleistungen im Kontext des Rotwildes bislang unterrepräsentiert sind. Die Einschätzung als schädlicher Wildwiederkäuer ist somit auch in Teilen einer noch unvollständigen Betrachtung der Wildart Rotwild in ihrem Lebensraum geschuldet.

Als Fazit muss die Betrachtung genetischer Studien weniger als reine Hege einer Trophäenwildart für den reichen Jäger zu Lasten von Land- und Forstwirtschaft gesehen werden, sondern vielmehr als Fundierung einer Bedrohungslage für ganze Ökosysteme verstanden werden. Dass kleine isolierte Populationen bedroht sind, ist nachgewiesen. Dass sie sich vielerorts aber auch noch als vitale Populationen mit derzeit geringgradigen Inzuchtdepressionen darstellen, ist als freudige Nachricht aufzunehmen. Die genetischen Studien geben hier die einmalige Chance, Populationen zu vernetzen und genetische Vielfalt und damit die Populationen selbst zu erhalten, bevor ein aktiver Einbruch oder gar das Verschwinden dieser Wildart in Teilen des Landes zu beobachten ist.

Das künstliche Verbringen von Tieren hilft dabei nicht, Ökosystemleistungen wieder herzustellen und Natur zu erhalten, sondern würde lediglich dem Rotwild und den menschlichen Interessen dieses spezifischen Erhaltes dienen, wobei Umfang und Aufwand für dementsprechende Maßnahmen kaum abzusehen sind. Um eine langfristig funktionierende Umwelt zu erhalten, führt kein Weg an einer großflächigen Biotopvernetzung vorbei. Dies gilt besonders, weil wir uns über die Ausma-

ße von lebensraumspezifischen artbezogenen Kreuzreaktionen überhaupt nicht im Klaren sind.

Unsere heimischen Lebensräume ohne das Rotwild können auch hier mit einer in Deutschland zusammenbrechenden Automobilindustrie verglichen werden. Auch hier gibt es ungeahnte Konsequenzen und das nicht nur für Autohersteller und -verkäufer, sondern ebenso Zulieferer, Mobilität, Arbeitskräfte ...

Literaturverzeichnis

Boroujerdi, A. *et al.* (2025) 'Transitioning Australia's land freight transport: Competition of fuel cell electric, battery electric, and internal combustion engine vehicles', *Energy Conversion and Management*, 333. Available at: <https://doi.org/10.1016/J.ENCONMAN.2025.119798>.

COP15: Nations Adopt Four Goals, 23 Targets for 2030 In Landmark UN Biodiversity Agreement | Convention on Biological Diversity (2022). Available at: <https://www.cbd.int/article/cop15-cbd-press-release-final-19dec2022> (Accessed: 18 January 2024).

Daw, T.M. *et al.* (2016) 'Elasticity in ecosystem services: exploring the variable relationship between ecosystems and human well-being', *Ecology and Society*, 21(2).

Deutsche Wildtierstiftung (no date) *Rotwildverbreitung in Deutschland* > *Rothirsch.org*. Available at: <https://www.rothirsch.org/wissen/rotwildverbreitung-in-deutschland/> (Accessed: 14 August 2023).

Doan, K. *et al.* (2022) 'Phylogenetics and phylogeography of red deer mtDNA lineages during the last 50 000 years in Eurasia', *Zoological Journal of the Linnean Society*, 194(2), pp. 431–456. Available at: <https://doi.org/10.1093/ZOOLINNEAN/ZLAB025>.

Entwicklung der Pkw im Bestand nach Kraftstoffart | Umweltbundesamt (no date). Available at: <https://www.umweltbundesamt.de/bild/entwicklung-der-pkw-im-bestand-nach-kraftstoffart#pdf> (Accessed: 15 May 2025).

Flächenversiegelung in Deutschland: Weniger wäre mehr (no date). Available at: <https://www.deutschlandfunk.de/flaechenversiegelung-deutschland-klimawandel-100.html> (Accessed: 15 May 2025).

Frankham, R. (2008) 'Inbreeding and Extinction: Island Populations', *Conservation Biology*, 12(3), pp. 665–675. Available at: <https://doi.org/10.1111/J.1523-1739.1998.96456.X>.

Frankham, R. (2022) 'Evaluation of proposed genetic goals and targets for the Convention on Biological Diversity', *Conservation Genetics*, 23(5), pp. 865–870. Available at: <https://doi.org/10.1007/S10592-022-01459-1/TABLES/1>.

- Frankham, R., Bradshaw, C.J.A. and Brook, B.W. (2014) 'Genetics in conservation management: Revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses', *Biological Conservation*, 170, pp. 56–63. Available at: <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2013.12.036>.
- Garcia, F. *et al.* (2023) 'Red deer as a disperser of native, but not invasive plants' seeds', *Integrative Zoology*, 18(5), pp. 859–866. Available at: <https://doi.org/10.1111/1749-4877.12729>.
- Glyphosat-Herbizid kann Insekten direkt schädigen | BFN* (no date). Available at: <https://www.bfn.de/pressemitteilungen/glyphosat-herbizid-kann-insekten-direkt-schaedigen> (Accessed: 15 May 2025).
- Hoban, S. *et al.* (2020) 'Genetic diversity targets and indicators in the CBD post-2020 Global Biodiversity Framework must be improved', *Biological Conservation*, 248, p. 108654. Available at: <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2020.108654>.
- Hoban, S. *et al.* (2021) 'Genetic diversity is considered important but interpreted narrowly in country reports to the Convention on Biological Diversity: Current actions and indicators are insufficient', *Biological Conservation*, 261, p. 109233. Available at: <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2021.109233>.
- Hoban, S. *et al.* (2023) 'Genetic diversity goals and targets have improved, but remain insufficient for clear implementation of the post-2020 global biodiversity framework', *Conservation Genetics*, 24(2), pp. 181–191. Available at: <https://doi.org/10.1007/S10592-022-01492-0>.
- Kinser, A., Koop, K. and Münchhausen, H.Frh. v. (2010) *Die Rotwildverbreitung in Deutschland*. Available at: https://www.rothirsch.org/wp-content/uploads/2014/03/AFZ2010_05_Rotwildverbreitung.pdf (Accessed: 15 May 2025).
- Laumeier, J. (2025) *Genetische Diversität und Konnektivität der hessischen und nordrheinwestfälischen Rotwildbestände*. Justus-Liebig-Universität.
- Lim, M.C.H. *et al.* (2007) 'Influence of fuel composition on polycyclic aromatic hydrocarbon emissions from a fleet of in-service passenger cars', *Atmospheric Environment*, 41(1), pp. 150–160. Available at: <https://doi.org/10.1016/J.ATMOENV.2006.07.044>.
- Looman, J. (1976) 'Biological Equilibrium in Ecosystems 3. Classification of Ecosystems', *Folia Geobotanica & Phytotaxonomica*, 11(4).
- Mallinger, R.E. *et al.* (2021) 'Importance of insect pollinators for Florida agriculture : a systematic review of the literature', *The Florida Entomologist*, 104(3).
- Nichols, E. *et al.* (2008) 'Ecological functions and ecosystem services provided by Scarabaeinae dung beetles', *Biological Conservation*, 141(6), pp. 1461–1474. Available at: <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2008.04.011>.
- Qin, Z. *et al.* (2025) 'A Comparative Durability Cost Analysis of Internal Combustion Engine, Electric and Fuel Cell Vehicles', *SAE Technical Papers* [Preprint]. Available at: <https://doi.org/10.4271/2025-01-7074>.
- Riesch, F. *et al.* (2019) 'Grazing by wild red deer: Management options for the conservation of semi-natural open habitats', *Journal of Applied Ecology*, 56(6), pp. 1311–1321. Available at: <https://doi.org/10.1111/1365-2664.13396>.
- Riesch, F. *et al.* (2020) 'Grazing by wild red deer maintains characteristic vegetation of semi-natural open habitats: Evidence from a three-year exclusion experiment', *Appl Veg Sci*, 23(4), pp. 522–538. Available at: <https://doi.org/10.1111/avsc.12505>.
- Ryman, N., Laikre, L. and Hössjer, O. (2023) 'Variance effective population size is affected by census size in sub-structured populations', *Molecular Ecology Resources*, 23(6), pp. 1334–1347. Available at: <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13804>.
- Sugár, L. *et al.* (2021) 'Szarvasok, paraziták és más apróságok a legelőn – egy soktényezős, változatos biocönózis', *Gyepgazdálkodási Közlemények*, 4(1–2), pp. 34–38. Available at: <https://doi.org/10.55725/GYGK/2006/4/1-2/10374>.
- Walsh, K.A. *et al.* (2024) 'Blood host preferences and competitive inter-species dynamics within an African malaria vector species complex inferred from signs of animal activity around aquatic larval habitats'. Available at: <https://doi.org/10.1101/2024.08.04.606513>.
- Wei, L., Run-run, W. and Xin-min, L. (2013) 'Effects of different soil and water loss control measures on the dung beetle assemblages in Huangfuchuan watershed, Inner Mongolia of North China.', *Yingyong Shengtai Xuebao*, 24(3), pp. 777–787.
- Westekemper, K. *et al.* (2021) 'Do all roads lead to resistance? State road density is the main impediment to gene flow in a flagship species inhabiting a severely fragmented anthropogenic landscape', *Ecology and Evolution*, 11(13), pp. 8528–8541. Available at: <https://doi.org/10.1002/ECE3.7635>.
- Westekemper, K.S. (2022) *Impacts of landscape fragmentation on red deer (Cervus elaphus) and European wildcat (Felis silvestris silvestris): a nation-wide landscape genetic analysis*. Georg-August Universität Göttingen. Available at: <https://doi.org/10.53846/goediss-9186>.



Chronic Wasting Disease (CWD) – Der genetische Einfluss einheimischer Hirsche auf die CWD-Empfänglichkeit

Eine ausführliche Studie des Friedrich-Loeffler-
Instituts

Sonja Ernst^{1*}, Jörn Gethmann¹, Frank Zabel², Luisa Fischer³,
Martin H. Groschup¹, Christine Fast¹

¹Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems

²Landesjagdverband Schleswig-Holstein e.V., Flintbek

³Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz Nordrhein-Westfalen,
Bonn

*Kontakt: sonja.ernst@fli.de, +49 38351 7 1124

In Kürze

Der Erreger der Chronic Wasting Disease (CWD) der Hirsche ist ein Eiweiß, das sogenannte pathologische Prion Protein (PrP^{Sc}). Die Struktur des zellulären Prion Proteins, das in Wirbeltieren weit verbreitet ist, wird durch das Prion Protein-Gen (*PRNP*) bestimmt und beeinflusst die Empfänglichkeit für die Chronic Wasting Disease.

Das Auftreten neuartiger CWD-Formen in nordeuropäischen Rentieren (*Rangifer tarandus*), Elchen (*Alces alces alces*) und Rothirschen (*Cervus elaphus*) gibt Anlass, die *PRNP*-Variabilität und deren Einfluss auf die CWD-Empfänglichkeit endemischer Hirscharten zu untersuchen. In dieser Studie wurden daher 885 *PRNP*-Sequenzen von deutschem Rot-, Reh- (*Capreolus capreolus*), Sika- (*Cervus nippon*) und Damwild (*Dama dama*) untersucht. Wie aus anderen europäischen Ländern bekannt, konnte auch in deutschen Reh- und Damwildproben kaum *PRNP*-Variation nachgewiesen werden. Im Gegensatz dazu wurde beim Rotwild eine große *PRNP*-Variabilität festgestellt, mit insgesamt sieben sogenannten Polymorphismen. Diese Polymorphismen lassen sich in 14 Rothirsch-Genotypen einteilen, die zudem signifikante Unterschiede in ihrer geografischen Verteilung und Häufigkeit aufwiesen. Dies lässt auf „*PRNP*-Linien“ innerhalb der Rotwildpopulation schließen.

Basierend auf den Daten nordamerikanischer CWD-Ausbruchs- und *PRNP*-Studien sowie Ergebnisse der Genotypisierung europäischer CWD-Fälle, muss aktuell davon ausgegangen werden, dass ein Großteil der in Europa endemischen Hirscharten CWD-empfindlich ist. Die Erkenntnisse dieser Studie fließen in europaweite Modellrechnungen zu CWD-Ausbruchs- und Verbreitungsszenarien ein und unterstützen so die Anpassung des künftigen CWD-Managements für potentiell CWD-empfindliche Populationen.

Einleitung

Übersicht Prion-Erkrankungen

Die Chronic Wasting Disease (CWD), im deutschsprachigen Raum auch als chronische Auszehrungskrankheit der Hirsche bekannt, gehört zur Gruppe der Transmissiblen Spongiformen Enzephalopathien (TSE) bzw. Prion-Erkrankungen.

Weitere, bekanntere Vertreter der TSEs sind die Bovine Spongiforme Enzephalopathie (BSE) im Rind oder Scrapie in kleinen Wiederkäuern, sowie die humane Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (CJK). Alleinstellungsmerkmal dieser Krankheiten ist, dass sie nicht durch ein Virus oder Bakterium ausgelöst werden, sondern durch die Umfaltung eines intrinsischen Eiweißes, des sogenannten zellulären Prion Protein (PrP^C), in eine fehlgefaltete, pathologische Form (PrP^{Sc}) [1].

Diese Konformationsänderung, die ausschließlich die Tertiärstruktur (3D-Struktur) des Proteins betrifft, macht PrP^{Sc} zu einem äußerst stabilen Protein, das durch körpereigene Enzyme (sog. Proteinasen) kaum abgebaut werden kann. Zudem hat PrP^{Sc} die Eigenschaft, vorhandenes PrP^C (v.a. in Gehirn und Rückenmark) zur Konformationsänderung anzuregen, wodurch eine Kettenreaktion entsteht und unentwegt PrP^{Sc} vor allem im zentralen Nervensystem abgelagert wird. Diese Ablagerungen führen letztendlich zu einer schwammartigen Zersetzung des Gehirns, die nur mikroskopisch nachweisbar und pathognomonisch für TSEs ist [2].

Diese neuronalen Schäden manchen sich mit zunehmender Inkubationszeit auch äußerlich u.a. durch Symptome wie Kachexie (Auszehrung), Apathie, Inkoordination beim Laufen (Ataxie), vermehrten Speichelfluss und Verlust der Scheu vor Menschen erkennbar. In der Regel beginnen die Symptome schleichend und sind meist erst im fortgeschrittenen Stadium der Erkrankung zu erkennen. Die Inkubationszeiten von TSEs können dabei mehrere Jahre überschreiten. Bei manchen TSEs, u.a. auch bei CWD, wird das PrP^{Sc} durch zahlreiche Se- und Exkrete (inkl. Blut, Urin, Kot, Speichel, Plazenta, Samen) bereits während der Inkubationszeit ausgeschieden, die in diesem Fall hochkontagiös sind.

Die Ausscheidung von PrP^{Sc} über ebendiese Wege sowie das Verwesen infizierter Tierkörper führt zu einer massiven Kontamination der Umwelt, in der PrP^{Sc} über Jahrzehnte infektiös bleiben kann. Häufig sterben erkrankte Tiere jedoch nicht an der TSE selbst, sondern durch sekundäre Erkrankungen, wie beispielsweise an einer Aspirationspneumonie, da der Schluckreflex durch die zunehmende Nervenschädigung im Gehirn nur noch eingeschränkt vorhanden ist und es häufig zum Verschlucken von Futterresten und Pneumonien als Folge kommt [3].

Der Nachweis von Prion-Erkrankungen gelingt mittels eines ELISA-Schnelltests, proteinbiochemischer oder immunhistologischer Methoden. Für alle Nachweismethoden wird Stammhirn benötigt. Bei allen TSEs handelt es sich um unverzüglich zu meldende Seuchen („anzeigepflichtige Tierseuchen“). Die verpflichtende aktive Surveillance von BSE und Scrapie wird durch die VO EG 999/2001 geregelt. Für CWD gibt es derzeit keine Pflicht zur Überwachung, es ist jedoch empfehlenswert, Proben von verdächtigen Tieren an die jeweiligen Landesuntersuchungsämter für einen ELISA-Schnelltest zu senden.

Chronic Wasting Disease im Detail

Das Ausbruchsbereich der CWD war zunachst auf den nordamerikanischen Kontinent beschrankt, wo die Erkrankung 1967 zum ersten Mal in einem als Gatterwild gehaltenen Maultierhirsch (*Odocoileus hemionus*) in Colorado (USA) beschrieben wurde [4]. In den kommenden Jahrzehnten wurde die CWD immer haufiger in weiteren Gattern, zunehmend aber auch in freilebenden Tieren nachgewiesen [5,6]. Ein wesentlicher, treibender Faktor fur die rasante Ausbreitung der CWD uber den gesamten nordamerikanischen Kontinent war vor allem der unbedachte Transport subklinisch infizierter Tiere.

Neu-Ausbruche in Gehegen gehen zumeist denen in der Wildnis voraus [5]. Der Import von Gehegewild brachte die CWD schlielich nach Kanada und von dort weiter nach Sudkorea [7,8]. Das grote Ausbruchsbereich befindet sich nach wie vor in Nordamerika und umfasst dort 36 US-Bundesstaaten und vier kanadische Provinzen (Stand Marz 2025). Neben einzelnen kanadischen Elchen (*Alces alces*) sind vor allem Maultierhirsche, Schwarzwedelhirsche (*Odocoileus hemionus columbianus*), Weiwedelhirsche (*Odocoileus virginianus*) und Rocky Mountain Elks (*Cervus canadensis nelsoni*) in diesen Gebieten betroffen [9]. Der stets weiter nach Norden fortschreitende Ausbruch stellt eine zunehmende Bedrohung der als bereits gefahrdet eingestuften Karibu-Populationen (*Rangifer tarandus*) in Kanada und Alaska dar. Auch hierbei gilt der Mensch als einflussreichster Verbreitungsfaktor.

Als 2016 der erste europaische CWD-Fall in einer Rentierherde in der norwegischen Nordfjella-Region bekannt wurde, ging man zunachst von einer weiteren Verschleppung aus Nordamerika aus [10]. Die darauffolgende Eradikation und Untersuchung der betroffenen Rentierherde erbrachte weitere 19 CWD-positive Rentiere und die Erkenntnis, dass es sich dabei um einen neuen CWD-Stamm handelt, der so nicht in Nordamerika auftritt. Um fruhzeitig weitere CWD-Ausbruche zu erkennen, etablierte die Europaische Union (EU) ein dreijahriges verpflichtendes Uberwachungsprogramm fur EU-Staaten mit naturlichen Rentier- und Elchvorkommen.

Norwegen schloss sich diesen Uberwachungsmanahmen freiwillig an. So konnten in den darauffolgenden Jahren weitere Falle in drei norwegischen Rothirschen und zahlreichen Elchen aus Norwegen, Finnland und Schweden sowie einer weiteren Rentierherde in der norwegischen Hardangervidda detektiert werden. Derzeit sind Falle in insgesamt 21 Rentieren, drei Rothirschen und 19 Elchen bekannt [11,12]. Die dabei zugrundeliegende Variabilitat ist erstaunlich und so aus Nordamerika nicht bekannt. So konnten proteinbiochemische, epidemiologische sowie pathologische Aufarbeitungen dieser Falle nachweisen, dass es sich bei Rotwild und Elchen vermutlich um eine sporadische, alters-assoziierte CWD-Form, handelt, die nach aktuellem Kenntnisstand unter naturlichen Bedingungen als nicht kontagios gilt.

Genetische Empfanglichkeit fur CWD – Das Prion Protein-Gen (*PRNP*)

Die Empfanglichkeit fur TSEs ist bei vielen Spezies, darunter auch Cerviden, von der Primarstruktur des Prion Proteins beeinflusst. Die Primarstruktur des Prion Proteins ist in der DNA im sog. Prion Protein-Gen (*PRNP*) hinterlegt. Das *PRNP* kodiert fur eine Aminosaurenabfolge, die wiederum die Sekundarstruktur (2D-Struktur) des Prion Proteins ergibt. Die raumliche Faltung dieser Aminosaurenkette bildet schlielich die Tertiarstruktur (3D-Struktur) des Proteins. Anderungen in der DNA (Polymorphismus), z.B. durch Mutationen konnen entweder geringfugig bleiben (sog. stille Mutation) oder einen Aminosaureaustausch, d.h. eine Anderung der Sekundarstruktur hervorrufen.

Vor allem der Austausch von Aminosauren, also die Veranderung der Sekundarstruktur ist fur die Empfanglichkeit von CWD bedeutsam, da dies wiederum Auswirkungen auf die Faltung, d.h. die 3D-Struktur, des Prion Proteins hat. Gewisse Tertiarstrukturen lassen sich ggf. schlechter durch PrP^{Sc} umfalten. Solche Mutationen konnen durch Sequenzierung *PRNP* auffindig gemacht werden. Jede Aminosaure entspricht dabei einem Codon. Fur das cervide *PRNP* sind insgesamt 257 Codons bekannt, die numerisch bezeichnet werden (1-257), um die exakte Lokalisation jeder Aminosaure/ Mutation zu beschreiben.

In nordamerikanischen Genetikstudien an Weiwedelhirschen, Maultierhirschen und Rocky Mountain Elks, wurden bereits Aminosaureaustausche gefunden, die eine, wenn auch unvollstandige Resistenz gegen CWD hervorrufen (siehe Tabelle 1). Fur Rehe und Damwild wurden bisher keine vergleichbaren Polymorphismen beschrieben. Lediglich eine stille Mutation an Codon 24 in einzelnen schwedischen Rehen ist bekannt, deren Auswirkung gegenuber der Erkrankung ist jedoch unklar.

In Rocky Mountain Elks wurde ein Methionin- zu Leucin-Austausch an Codon 132 festgestellt, der die Empfanglichkeit fur CWD reduziert. Fur Weiwedelhirsche sind derzeit 23 Positionen im *PRNP* bekannt, die Polymorphismen aufweisen. Vier dieser Polymorphismen sind mit verlangerten Inkubationszeiten und milderer Symptomatik in Tierversuchen aufgefallen und werden daher mit einer unvollstandigen Resistenz gegen CWD assoziiert.

Diese Polymorphismen befinden sich an Codons 95 (Glutamin zu Histidin), 96 (Glycin zu Serin), 116 (Alanin zu Glycin) und 226 (Glutamin zu Lysin). Der Polymorphismus an Codon 226 wurde auch in Maultierhirschen festgestellt. Ebenfalls an diesem Codon, jedoch ein anderer Aminosaureaustausch (Glutamin zu Glutaminsaure) wurde fur Rothirsche beschrieben. Dieser Polymorphismus wurde bereits in verschiedenen Studien auf einen potentiellen Einfluss auf die Resistenz gegen

Tabelle 1 - Polymorphismen mit Einfluss auf CWD-Empfänglichkeit

| Spezies | Polymorphismus mit potentieller CWD-Resistenz |
|------------------------|---|
| Weißwedelhirsch | Q95H, G96S, A116G, Q226K |
| Maultierhirsch | S225F, Q226K |
| Rocky Mountain Elk | M132L |
| Europäischer Rothirsch | Q226E |

Die Angabe der Polymorphismen wird wie folgt gelesen: Der erste Großbuchstabe entspricht der Aminosäure des Wildtyps, die Zahl in der Mitte beschreibt das Codon und der zweite Großbuchstabe gibt den Aminosäureaustausch vor. Aminosäure-Abkürzungen entsprechen den in der Genetik geläufigen Abkürzungen: A = Alanin, E = Glutaminsäure, F = Phenylalanin, G = Glycin, H = Histidin, K = Lysin, L = Leucin, M = Methionin, Q = Glutamin

CWD untersucht. Bisher konnte jedoch weder für Q₂₂₆ (Glutamin an Codon 226) noch für E₂₂₆ (Glutaminsäure an Codon 226) ein Einfluss auf die CWD-Resistenz festgestellt werden.

Da es keine genauen Angaben zum Vorkommen von Polymorphismen des PRNP in zentraleuropäischen Cervidenpopulationen gab, die Aufschluss über die Empfänglichkeit ebendieser für die CWD geben könnten, zielte die vom Friedrich-Loeffler-Institut durchgeführte Studie darauf ab, Daten über die Varianz des PRNP in Rotwild, Rehwild und Sikawild für Deutschland zu erheben. Mithilfe dieser Daten können Risikoeinschätzungen und Tilgungsmaßnahmen an die aktuelle Situation in Europa angepasst werden.

Material und Methoden

Probenmaterial

Während der Jagdsaison 2021/22 wurden gemeinsam mit der Jägerschaft und Forstbehörden Proben aus dem gesamten Bundesgebiet von sowohl privaten als auch staatlichen Jagdrevieren gesammelt. Zusätzlich wurden einige Proben von Untersuchungsämtern und Tierpathologien eingesandt, die aus Routinediagnostiken stammen.

Das Probenmaterial, das bei -20°C archiviert wurde, schließt Gewebeentnahmen von Niere, Milz, Leber, Muskel, Gehirn und Herz ein. Zu jeder Probe wurden tierbezogene Daten erhoben, inklusive Geschlecht, Alter (juvenil oder adult) und

Herkunft (auf Landkreisebene) der Tiere. 73 Proben mussten aufgrund nicht nachvollziehbarer oder fehlender Speziesangaben ausgeschlossen werden. So wurden insgesamt 3.084 Proben von vier verschiedenen Spezies (Rehwild, Rotwild, Sikawild, Damwild) für die Studie berücksichtigt (Tabelle 2).

Dabei wurden 8/8 Damwildproben sowie 2.224/2.225 Rehwildproben von wildlebenden Tieren genommen, wohingegen 7/803 Rotwildproben und 8/48 Sikawildproben von Gatterwild stammten. Die restlichen Proben wurden ebenfalls von wildlebenden Tieren entnommen.

Ziel der Studie war es, Genotypen in Deutschland mit einer Prävalenz von mindestens 1% bei einem 95% Konfidenzintervall zu identifizieren (n = 298 Proben pro Tierart). Um eine gleichmäßige und damit repräsentative geographische Verteilung der Stichproben zu gewährleisten, wurden Bundesländer zu insgesamt 12 Regionen zusammengefasst. Dabei wurden Rheinland-Pfalz und Saarland zu Region 3, Bremen und Niedersachsen zu Region 8, Berlin und Brandenburg zu Region 10 und Hamburg und Schleswig-Holstein zu Region 11 zusammengefasst (Tabelle 2). Im Anschluss wurden aus jeder Region aus den eingesandten Proben zufällig je 25 Reh- und Rotwildproben (300 Proben je Spezies) sowie alle Sika- und Damwildproben ausgewählt und anschließend untersucht.

Aufgrund mangelnder Probenqualität, meist durch fortgeschrittene Autolyse, oder falscher Speziesangaben, wurden für einige Proben keine Ergebnisse erzielt.

Tabelle 2 - Probenanzahl

| Bundesland | BW | BY | BB | HE | MV | NI | NRW | RP | SN | SAH | SH | TH | GESAMT |
|---------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|--------------|
| Region | 1 | 2 | 10 | 4 | 12 | 8 | 7 | 3 | 6 | 9 | 11 | 5 | -- |
| Damwild | 1 | 0 | 5 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 8 |
| Rotwild | 21 | 144 | 39 | 118 | 35 | 45 | 125 | 129 | 63 | 32 | 37 | 15 | 803 |
| Rehwild | 225 | 174 | 319 | 122 | 169 | 343 | 159 | 272 | 104 | 97 | 128 | 113 | 2.225 |
| Sikawild | 1 | 23 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 23 | 0 | 48 |
| GESAMT | 248 | 341 | 363 | 240 | 204 | 388 | 286 | 401 | 167 | 129 | 189 | 128 | 3.084 |

BW = Baden-Württemberg, BY = Bayern, HE = Hessen, MV = Mecklenburg-Vorpommern, NI = Niedersachsen (mit Bremen), NRW = Nordrhein-Westfalen, RP = Rheinland-Pfalz (mit Saarland), SN = Sachsen, SAH = Sachsen-Anhalt, SH = Schleswig-Holstein (mit Hamburg), TH = Thüringen

Tabelle 3 - Übersicht genotypisierte Proben je Spezies

| Bundesland | BW | BY | BB | HE | MV | NI | NRW | RP | SN | SAH | SH | TH | GESAMT |
|---------------|-----------|------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|------------|
| Region | 1 | 2 | 10 | 4 | 12 | 8 | 7 | 3 | 6 | 9 | 11 | 5 | GESAMT |
| Damwild | 1 | 0 | 5 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 8 |
| Rotwild | 18 | 105 | 38 | 48 | 33 | 40 | 52 | 63 | 50 | 31 | 35 | 14 | 501 |
| Rehwild | 25 | 26 | 32 | 22 | 25 | 28 | 23 | 25 | 25 | 26 | 29 | 25 | 311 |
| Sikawild | 1 | 19 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 18 | 0 | 39 |
| GESAMT | 45 | 151 | 75 | 70 | 58 | 68 | 77 | 88 | 75 | 57 | 83 | 39 | 885 |

BW = Baden-Württemberg, BY = Bayern, HE = Hessen, MV = Mecklenburg-Vorpommern, NI = Niedersachsen (mit Bremen), NRW = Nordrhein-Westfalen, RP = Rheinland-Pfalz (mit Saarland), SN = Sachsen, SAH = Sachsen-Anhalt, SH = Schleswig-Holstein (mit Hamburg), TH = Thüringen

Zudem ergab die Sequenzierung, dass einige Proben mit falschen Speziesangaben eingesandt wurden, was dazu führte, dass mehrere zunächst als Rotwild deklarierte Proben korrekterweise als Rehwild weitergeführt wurden. Insgesamt wurden daher zunächst 39/48 Sikawildproben, 257/803 Rotwildproben, 311/2225 Rehwildproben und 8/8 Damwildproben untersucht.

Dabei stellte sich heraus, dass kaum genetische Varianz in den 311 untersuchten Rehwildproben vorlag, daher wurde auf die Sequenzierung weiterer Rehwildproben verzichtet. Stattdessen wurden im weiteren Verlauf der Studie zusätzlich 270 Rotwildproben genetisch untersucht, sodass diese Studie insgesamt 527/803 untersuchte Rotwildproben umfasst.

PRNP-Sequenzierung

Zunächst musste die genomische DNA der stichprobenartig ausgewählten Proben isoliert werden. Dafür wurde das QIA® DNA Mini Kit (Qiagen, Oslo, Norway) entsprechend der Herstellerangaben verwendet. Darauf folgend wurde eine Amplifikations-PCR des offenen Leserahmens (ORF) des PRNP mit entsprechenden Primern (Ce_-143d und Ce_+139u) sowie der Phusion High Fidelity DNA Polymerase (Thermo Fisher Scientific, Waltham, Massachusetts, USA) mit folgenden PCR-Konditionen durchgeführt: Initial 10 min bei 95°C, anschließend 40 Zyklen bei 95°C für 35 s, 58 °C für 35 s und 72 °C für 1 min, sowie abschließend 10 min bei 72°C.

Die Aufreinigung der PCR-Produkte erfolgte mittels QIAquick® Nucleotide Removal Kit (Qiagen, Oslo, Norway) entsprechend den Herstellerangaben. Im Anschluss wurden die Proben von Eurofins Genomics GmbH (Ebersberg, Germany) mit den Primern CE_+70u und Ce19_F oder CE19_F und CE778_R oder Ce778_R und Ce08_F Sanger-sequenziert. Die Sequenzierungsprodukte sind in etwa 800 Basenpaare (bp) lang und beinhalten den 771 bp langen ORF. Die von Eurofins Genomics GmbH erstellten Sequenzen wurden mit Hilfe von Geneious Prime 2021.0.1 bearbeitet. Sowohl Primär- als auch Sekundärstruktur des durch PRNP kodierten Proteins wurden mit entsprechenden Referenzsequenzen verglichen.

Alle Referenzsequenzen sind in der NCBI-Datenbank (www.ncbi.nlm.nih.gov) einsehbar: MK103016 (Rehwild),

MK103017 (Damwild), MK103018 (Sikawild) und MK103027 (Rotwild).

Statistische Analyse, Erstellung der Karten und verwendete Datenquellen

Sowohl für die statistische Auswertung als auch die Erstellung der Karten wurden das Softwareprogramm R (Version 4.3.0) und Rstudio (Version 2023.03.0) sowie die Pakete readxl, sf, tmap, dplyr, purrr, tydyr, ggplot2 und EpiR verwendet. Es wurde eine deskriptive Statistik durchgeführt sowie mittels Punktschätzung der Anteil der Genotypen inklusive Konfidenzintervalle berechnet. Dafür wurde EpiR verwendet. Diese Daten wurden benutzt, um die Häufigkeiten der Verteilung der Genotypen für jede Spezies, das Jahr sowie die Region auszuwerten.

Die zur statistischen Auswertung verwendeten Jahresjagdstrecken wurden vom Thünen-Institut bereitgestellt. Die Daten für die geographische Analyse und Erstellung der Karten waren der Eurostat-Website zu entnehmen. Dabei wurde für die Darstellung der administrativen Grenzen für Europa auf ©EuroGeographics und für die administrativen Grenzen innerhalb Deutschlands auf die Daten des Bundesamtes für Kartographie und Geodäsie (Datenlizenz Deutschland – Namensnennung – Version 2.0) zurückgegriffen.

Ergebnisse

Die Nomenklatur der Genotypen folgt den Vorgaben der *European Food Safety Authority* (EFSA). Sie besteht aus der Angabe des Codons und einem Buchstaben, der für die auf dem genannten Codon vorhandene Aminosäure steht. Zum Beispiel bedeutet das Kürzel A₉₈, dass sich am Codon 98 die Aminosäure Alanin (A) befindet. Jeder Genotyp setzt sich aus zwei Varianten des PRNP zusammen, die nicht identisch sein müssen, dies wird im Folgenden mittels eines Schrägstrichs dargestellt, z.B. A₉₈/A₉₈ oder wt/A₉₈ (wt = wildtyp). Sind beide Varianten gleich, bezeichnet man das Tier als homozygot. Weichen die Varianten voneinander ab, handelt es sich um heterozygote Tiere.

Tabelle 3 und Abbildung 1 geben einen Überblick über die gefundenen Genotypen je Spezies.

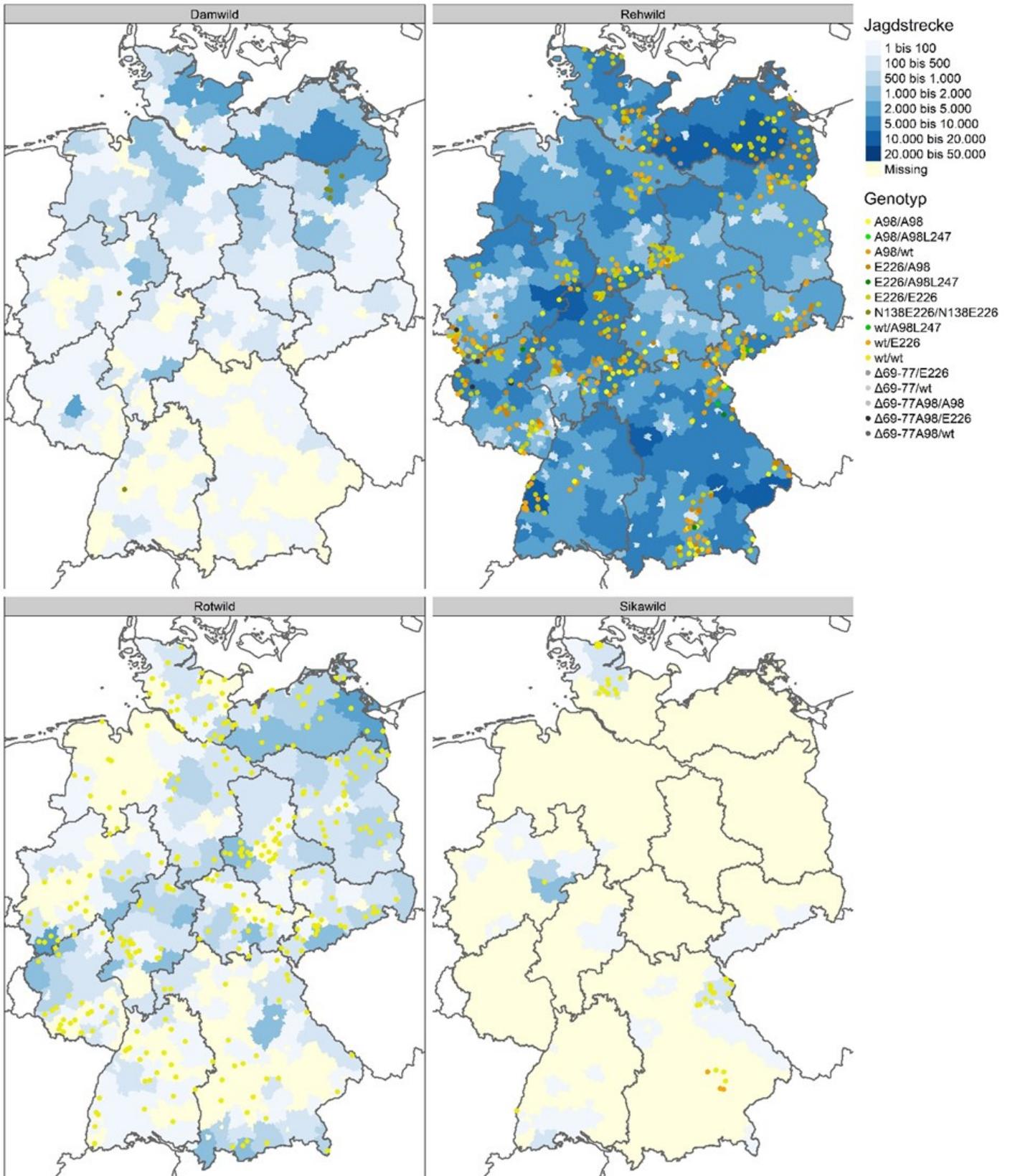


Abbildung 1 - Geographische Verteilung der Genotypen je Spezies

Die blaue Einfärbung entspricht der Jahresjagdstrecke je Spezies auf Landkreisebene, je dunkler die Farbe, desto höher die Strecke. Jeder Punkt entspricht einer genotypisierten Probe, dabei gibt die Farbe den entsprechenden Genotyp an. Die Punkte entsprechen nicht der genauen geographischen Lokalisation der Proben, sondern wurden zufällig in dem Kreisgebiet, aus dem die Proben stammen, verteilt (modifiziert nach Ernst et al. 2024 [13]).

Ergebnisse der Rotwildproben

Nach Auswertung der 527 Rotwildsequenzen wurden insgesamt vier stille Mutationen an den Codons 21, 78, 136 und 185 gefunden. Während die stillen Mutationen an Codons 78 (n= 7/527) und 185 (n= 1/527) nur vereinzelt auftraten, zeigten sich die Codons 21 und 136 gehäufte polymorph.

Aminosäureaustausche waren an den Codons 98, 226 und 247 zu finden:

An Codon 98 wurde die Aminosäure Threonin (T₉₈) durch Alanin (A₉₈) ersetzt.

Der Polymorphismus an Codon 226 führt zu einem Austausch von Glutamin (Q₂₂₆) zu Glutaminsäure (E₂₂₆). E₂₂₆/E₂₂₆ Tiere waren am häufigsten in der untersuchten Population zu finden.

Codon 247 beschreibt einen Austausch von Isoleucin (I₂₄₇) zu Leucin (L₂₄₇). Dieser Polymorphismus war nur vereinzelt (n = 8/527) und nur in L₂₄₇-heterozygoten Tieren zu finden.

Zusätzlich wurde im Rahmen dieser Studie eine neue Deletion (Δ_{69-77}) im Rotwild-PRNP festgestellt, die den Verlust von acht Aminosäuren (sog. Oktapeptid) beschreibt. Diese Deletion kam sehr selten (n = 12/527) und ausschließlich in Δ_{69-77} -heterozygoten Tieren vor. Insgesamt führten diese Polymorphismen zur Beschreibung von 14 Genotypen. Eine genaue Auflistung der Rotwild-Genotypen ist Tabelle 4 zu entnehmen.

Während die Genotypen A₉₈/E₂₂₆, E₂₂₆/E₂₂₆, wt/A₉₈, wt/E₂₂₆ und wt/wt gleichmäßig in allen beprobten Regionen zu finden waren, zeigten die übrigen Genotypen eine geographische Abhängigkeit. Nach genauer Analyse der geographischen Verteilung

wurde deutlich, dass der Genotyp A₉₈/A₉₈ gehäuft in den südlichen Regionen zu finden war. Im Gegensatz dazu, stieg das Vorkommen des Genotyps E₂₂₆/E₂₂₆ leicht in den nördlichen Regionen an (Abbildung 2). L₂₄₇-heterozygote Rothirsche waren beinahe ausschließlich entlang der tschechischen Grenze anzutreffen, während Hirsche mit der Deletion Δ_{69-77} primär im Vierländereck im Westen lokalisiert waren (Abbildung 3).

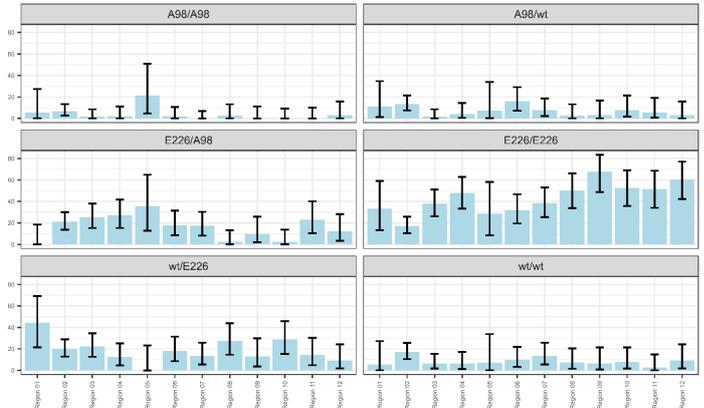


Abbildung 2 - Verteilung der Rotwild-Genotypen je Region
 Diese Grafik zeigt die Verteilung der Rotwild-Genotypen je Region. Die Genotypen A₉₈/wt, wt/E₂₂₆ und wt/wt sind gleichmäßig über alle Regionen verteilt, während A₉₈/A₉₈ Rothirsche tendenziell überwiegend in südlicheren Regionen, v.a. in Region 5 (Thüringen) vorkommen. Die Prävalenz von E₂₂₆/E₂₂₆ nimmt Richtung Norden zu. Die schwarzen Balken geben das Konfidenzintervall an.
 Region 1 = Baden-Württemberg, Region 2 = Bayern, Region 3 = Rheinland-Pfalz/ Saarland, Region 4 = Hessen, Region 5 = Thüringen, Region 6 = Sachsen, Region 7 = Nordrhein-Westfalen, Region 8 = Niedersachsen/ Bremen, Region 9 = Sachsen-Anhalt, Region 10 = Brandenburg/ Berlin, Region 11 = Schleswig-Holstein/ Hamburg, Region 12 = Mecklenburg-Vorpommern (modifiziert nach Ernst et al. 2024 [13]).

Tabelle 4 - Übersicht über Rotwildgenotypen je Region

| Genotyp | BW | BY | BB | HE | MV | NI | NRW | RP | SN | SAH | SH | TH | GESAMT |
|--|-----------|------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|------------|
| Region | 1 | 2 | 10 | 4 | 12 | 8 | 7 | 3 | 6 | 9 | 11 | 5 | -- |
| A ₉₈ /A ₉₈ | 1 | 7 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 3 | 16 |
| A ₉₈ /A ₉₈ L ₂₄₇ | 0 | 2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 |
| A ₉₈ Δ_{69-77} /A ₉₈ | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 |
| A ₉₈ Δ_{69-77} /E ₂₂₆ | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 | 2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 4 |
| A ₉₈ Δ_{69-77} /wt | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 |
| E ₂₂₆ /A ₉₈ | 0 | 22 | 1 | 13 | 4 | 1 | 9 | 16 | 9 | 3 | 8 | 5 | 85 |
| E ₂₂₆ /A ₉₈ L ₂₄₇ | 0 | 2 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 4 |
| E ₂₂₆ /E ₂₂₆ | 6 | 18 | 20 | 23 | 20 | 20 | 20 | 24 | 16 | 21 | 18 | 4 | 193 |
| wt/A ₉₈ | 2 | 14 | 3 | 2 | 1 | 1 | 4 | 1 | 8 | 1 | 2 | 1 | 40 |
| wt/A ₉₈ L ₂₄₇ | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 2 |
| wt/E ₂₂₆ | 8 | 21 | 11 | 6 | 3 | 11 | 7 | 14 | 9 | 4 | 5 | 0 | 97 |
| wt/wt | 1 | 18 | 3 | 3 | 3 | 3 | 7 | 4 | 5 | 2 | 1 | 1 | 50 |
| Δ_{69-77} /E ₂₂₆ | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 3 |
| Δ_{69-77} /wt | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 |
| GESAMT | 18 | 105 | 38 | 48 | 33 | 40 | 52 | 63 | 50 | 31 | 35 | 14 | 501 |

BW = Baden-Württemberg, BY = Bayern, HE = Hessen, MV = Mecklenburg-Vorpommern, NI = Niedersachsen (mit Bremen), NRW = Nordrhein-Westfalen, RP = Rheinland-Pfalz (mit Saarland), SN = Sachsen, SAH = Sachsen-Anhalt, SH = Schleswig-Holstein (mit Hamburg), TH = Thüringen

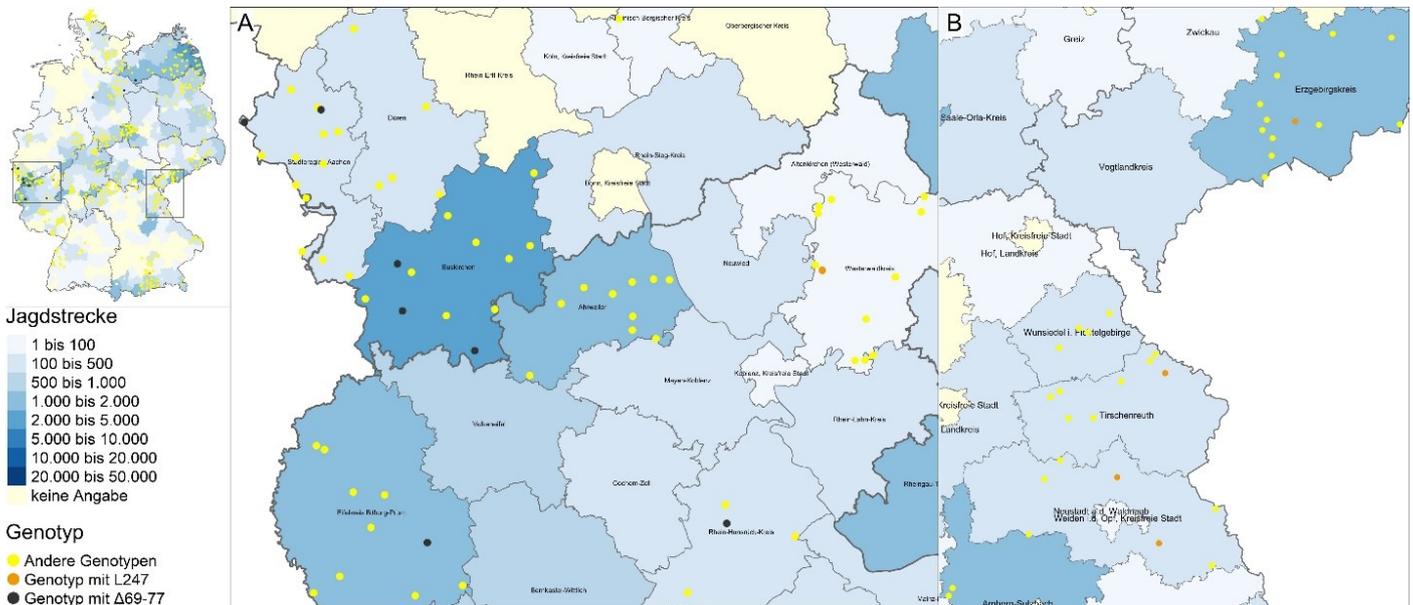


Abbildung 3 - Geographische Verteilung von L_{247} und Δ_{69-77}
 Die blau eingefärbten Landkreise geben Auskunft über die Jahresjagdstrecke (Jagdjahr 2021/22), je dunkler das Blau, desto höher die Jagdstrecke. In Gelb hinterlegten Landkreisen, wurden keine Strecken verzeichnet. Jeder farbliche Punkt verzeichnet eine Probe. Die Punkte entsprechen nicht der genauen geographischen Lokalisation jeder Probe, sondern wurden zufällig in dem Kreisgebiet, aus dem die Probe stammt verteilt. (A) Nahaufnahme der westlichen Grenzregion zu Frankreich, Belgien, Luxemburg. In diesem Gebiet traten vermehrt Δ_{69-77} -heterozygote Rothirsche auf, deren Lokalisation mit schwarzen Punkten dargestellt wird. (B) Nahaufnahme der östlichen Grenzregion zu Tschechien mit Fokus auf Bayern/ Region 2 und Sachsen/ Region 6. L_{247} -heterozygote Rothirsche traten vermehrt in diesen Regionen auf und werden durch orange Punkte markiert. In Landkreisen mit einer Grenze zu Tschechien wurden die meisten Proben mit diesem Genotyp gefunden (Erzgebirgskreis, Tirschenreuth, Neustadt a. d. Waldnaab); (modifiziert nach Ernst et al. 2024 [13]).

Ergebnisse der Sikawildproben

9/48 Sikawildproben mussten von der weiteren Analyse ausgeschlossen werden, da die Qualität der Proben aufgrund fortgeschrittener Autolyse für eine Sequenzierung nicht ausreichend war. Eine stille Mutation an Codon 133 wurde in 4/39 Proben gefunden. Die Proben dieser Tiere stammten alle aus Bayern/ Region 2 (Abbildung 1). Drei aus Gatterwildhaltung stammende Sikahirsche aus Bayern zeigten den vom Rotwild bekannten Polymorphismus E_{226} .

Ergebnisse der Rehwildproben

Insgesamt wurden 311 Rehwildproben aus ganz Deutschland untersucht. 5/311 Tiere zeigten eine bisher unbeschriebene stille Mutation an Codon 42. Abgesehen davon, entsprachen alle Tiere dem Reh-Wildtyp (Abbildung 1).

Ergebnisse der Damwildproben

Die acht untersuchten Damwildproben stammten aus verschiedenen Regionen Deutschlands. Alle Tiere zeigten den Damwild-Wildtyp (Abbildung 1), der sich vor allem durch die Codons N_{138} und E_{226} von den anderen Cervidenspezies abhebt.

Diskussion

Im Rahmen dieser Studie wurde das erste Mal eine große Anzahl an Proben verschiedener Hirschspezies aus Deutschland genetisch auf die Variabilität des *PRNP* untersucht. Dabei wurde auf vier Spezies fokussiert: Rehwild, Rotwild, Sikawild und eine geringe Anzahl Damwild. Insgesamt konnten 14 verschiedene Genotypen festgestellt werden, von denen die meisten im Rotwild auftraten, während sich die anderen untersuchten Spezies genetisch sehr homogen zeigten.

Die Bestimmung der Wildtierpopulation ist relativ schwierig, lässt sich jedoch mittels verschiedener Verfahren durchführen [14]. Für diese Studie standen ausschließlich die jährlich publizierten Streckenzahlen der einzelnen Bundesländer zur Verfügung, die als Schätzgrößen für die Population genutzt wurden. Dadurch kann es zu einer Verzerrung in der Populationsschätzung kommen. Weitere Verzerrungen, die in der Studie aufgetreten sind, sind die ungleichmäßig verteilten Probeneinsendungen mit überrepräsentierten Landkreisen, während andere Landkreise kaum oder gar nicht beprobt wurden, sowie fehlende Informationen zu den eingesandten Proben. Diese Verzerrungen wurden auf ein Minimum reduziert, indem wir aus den eingesandten Proben jeder Region mittels Stichprobe gleich viele Tiere je Spezies untersuchten. Dieses zufällige Auswahlverfahren reduzierte ebenfalls die Wahrscheinlichkeit, nur einzelne Familienverbände, wie sie häufig auf Drückjagden beprobt wurden, als Sequenzierproben zu wählen. Die Anzahl der **Damwildproben** war zu klein, um fundierte Aussagen über das Auftreten seltener Genotypen zu treffen. Dennoch konnte gezeigt werden, dass der Damwild-Wildtyp ($N_{138}E_{226}$) auch in Deutschland vorherrschend zu sein scheint, da alle untersuchten Tiere diesen Genotyp trugen. Um zu überprüfen, ob es weitere Genotypen im Damwild gibt, ist es jedoch notwendig, eine größere Probenanzahl zu untersuchen.

Alle 311 untersuchten **Rehwildproben** waren vom Rehwild-Wildtyp, abgesehen von einer kleinen Anzahl an Proben, die

eine bisher nicht beschriebene stille Mutation an Codon 42 zeigten. Nach genauer Analyse der betroffenen Proben unter Berücksichtigung der Metadaten, konnte jedoch keine geographische Assoziation der Tiere mit dieser stillen Mutation festgestellt werden. Im Vergleich dieses Datensatzes mit ähnlichen *PRNP*-Studien aus verschiedenen europäischen Ländern, ergibt sich ein ähnliches Bild: Die jeweils untersuchten Rehwildpopulationen zeigten den Rehwild-Wildtyp, der nur gering vom Rotwild-Wildtyp abweicht [15–19]. Lediglich einzelne Rehe aus Schweden wiesen eine stille Mutation an Codon 24 auf. Außerdem wurde kürzlich ein einzelnes Reh aus Frankreich mit einem Polymorphismus an Codon 37 gefunden [17].

Die Stichprobe dieser Studie wurde so gewählt, dass Genotypen mit mindestens 1 % Prävalenz gefunden werden. Dennoch gibt die Variabilität an den Codons 24, 37 und 42 Hinweis darauf, dass auch weitere, jedoch seltenere *PRNP*-Variationen im Rehwild gefunden werden könnten. Diese geringe genetische Vielfalt an nur drei Codons in einer sehr geringen Anzahl an Tieren, lässt sich am besten durch einen genetischen Flaschenhals begründen. Dieser Flaschenhals ist im Laufe der letzten beiden Jahrhunderte durch Novellierungen des Jagdrechtes und historische Ereignisse, die beinahe zur Ausrottung des Rehwildes führten, entstanden.

Hinzu kommt, dass die Rehpopulation in Deutschland nie so groß war wie heute. Archäologische Ausgrabungen und historische Jagdberichte legen nahe, dass das Rehwild nur einen geringen Anteil an der Jagdstrecke ausmachte, wohingegen Rot- und Schwarzwild sehr viel mehr Bedeutung zukam [20]. Phylogeographische Studien zeigten, dass sich die Rehwildpopulation in Europa in drei Kladen einteilen lässt, von denen die dritte Klade den größten Teil der Population bildet und Zentraleuropa abdeckt [21]. Die in diversen *PRNP*-Studien bestätigte Homogenität des Rehwildes lässt sich in diesen Kontext einordnen. Allerdings zeigen andere Hirschspezies (z.B. finnische Weißwedelhirsche) die, ähnlich dem genetischen Flaschenhals, einen sog. „Gründereffekt“ erfahren haben, eine deutlich größere Variabilität des *PRNP*. Die heutige Population basiert auf nur einer geringen Anzahl an Vorfahren („Gründer“), so dass sich vermuten lässt, dass noch andere Einflussfaktoren die *PRNP*- Mutationen auslösen [22].

Im Gegensatz dazu stehen die Ergebnisse der untersuchten **Rotwildpopulation**. Neben Aminosäureaustauschen an den Codons 98, 226 und 247 wurde zusätzlich eine bisher nicht beschriebene Deletionsmutante gefunden. Daraus ergeben sich 14 Genotypen. Die geographische Auswertung der Genotypen sowie deren Einordnung in das gesamteuropäische Bild der *PRNP*-Variation zeigt deutliche geographische Unterschiede in den Vorkommen verschiedener Genotypen auf.

Interessanterweise nimmt die Prävalenz des Genotypen E_{226}/E_{226} in südlichen Habitaten etwas ab, während die Prävalenz des Genotyp A_{98}/A_{98} im Süden, vor allem in Thüringen (Region

5) etwas ansteigt. Diese Nord-Süd-Diskrepanz führt sich in den französischen und spanischen Rotwildpopulationen fort. In Spanien, wo jedoch eine Rotwildsubspezies (*Cervus elaphus hispanicus*) endemisch ist, war die höchste A_{98}/A_{98} Prävalenz zu finden [17,19]. Aufgrund der unterschiedlichen Anzahl an Proben je Studie, kann diese Beobachtung jedoch nicht abschließend statistisch ausgewertet werden.

Geographisch isoliert traten Rothirsche auf, die die Deletionsmutante Δ_{69-77} trugen. In enger Kooperation mit den französischen Projektpartnern gelang es, diese Δ_{69-77} sowohl in deutschen als auch französischen Rotwildpopulationen nachzuweisen. In beiden Studien traten Tiere mit Δ_{69-77} überwiegend in der deutsch-französischen Grenzregion auf [17].

Abgesehen von einem einzelnen Rothirsch aus Tschechien, wurde der L_{247} -Polymorphismus bisher für keine weitere Rotwildpopulation beschrieben. Interessanterweise konnte er im Rahmen dieser Studie jedoch ebenfalls vereinzelt in Rotwildproben aus Bayern und Sachsen, nahe der tschechischen Grenze, nachgewiesen werden.

Das geographisch begrenzte Vorkommen einzelner Genotypen (z.B. Δ_{69-77} , L_{247}) sowie die Nord-Süd-Diskrepanz des A_{98} - und E_{226} -Allels deuten auf das Vorkommen von „*PRNP*-Linien“ hin. Weitere Studien an bisher unerforschten Rotwildpopulationen sind jedoch notwendig, um diese „*PRNP*-Linien“ genauer zu definieren. Dennoch kann man diese Erkenntnisse bereits in den Kontext gesamtgenomischer phylogeographischer Studien aus ganz Europa einordnen, die das Rotwild anhand mitochondrialer DNA-Untersuchungen in fünf phylogenetische Linien (A-E) klassifizierten [17,23–26].

Neben einer stillen Mutation an Codon 133 wurde im **Sikawild** zudem ein Aminosäureaustausch an Codon 226 gefunden. Dieser Polymorphismus entspricht dem E_{226} -Polymorphismus des Rotwilds. Beide Polymorphismen traten geographisch isoliert auf. Die stille Mutation war ausschließlich in Jagdwild aus Bayern zu finden, während das E_{226} -Allel nur in drei als Gehegewild gehaltenen Sikahirschen detektiert wurde. Diese drei Proben stammten von derselben Haltung, jedoch aus zwei verschiedenen Herden.

Es ist jedoch bekannt, dass Sika-Rotwild-Hybride diesen Genotyp tragen können [15]. Da in der benannten Haltung auch Rotwild gehalten wurde und die Tiere vor der Beprobung ausschließlich phänotypisch als Sikahirsch identifiziert wurden, kann deshalb nicht ausgeschlossen werden, dass es sich bei den Sikahirschen mit dem E_{226} -Genotyp um Sika-Rotwild-Hybride handeln könnte. Aufgrund der geringen Anzahl an untersuchten Sikawildproben konnten die Sikawilddaten dieser Studie jedoch nur unzureichend statistisch ausgewertet werden. Genotypen mit einer Prävalenz von weniger als 7,4% wurden bei dieser Probenzahl (n=48) nicht detektiert. Daher wären für eine tiefergehende Analyse der *PRNP*-Variation im

Sikawild weitere Probennahmen und Sequenzierungen notwendig.

Anhand der Ergebnisse dieser Studie kann nun abgeschätzt werden, inwiefern die in Deutschland endemischen Schalenwildpopulationen empfänglich für die CWD sind. Dafür wurden die Studienergebnisse mit Modellstudien und Ausbruchsanalysen aus Skandinavien und Nordamerika verglichen, sowie einzelne Codons, die einen Einfluss auf die PrP^{Sc}-Konversion, d.h. die Empfänglichkeit haben könnten, genauer betrachtet. Für **Codon 247** kann davon ausgegangen werden, dass es einen nur sehr geringen bis gar keinen Einfluss auf die Empfänglichkeit von CWD hat, da diese Position nach der Protein-Prozessierung abgespalten wird [27]. Vor allem die Codons 98 und 226, die im Rotwild und im Falle von Codon 226 auch im Sikawild Polymorphismen aufzeigten, sind von großem Interesse.

Die zu **Codon 98** benachbarten Codons 95 und 96, die im Weißwedelhirsch Polymorphismen aufweisen, fielen zunächst auf, weil beide Polymorphismen seltener im Zusammenhang mit CWD-Infektionen gefunden wurden. Diese Beobachtungen konnten durch *in vitro*- und *in vivo*-Untersuchungen bestätigt werden [28,29]. Zwar gibt es für das A₉₈-Allel bisher keine vergleichbaren Daten, dennoch zeigen erste noch unveröffentlichte *in vitro*-Studien eine geringere Konversionsrate als für den Wildtyp T₉₈. Ebenfalls dank seiner Lage im Prion Protein, die vermutlich für die Interaktion mit anderen Proteinen von Bedeutung ist, ist der Einfluss von Polymorphismen an **Codon 226** in den Fokus gerückt [30]. Nicht zuletzt, weil bereits bekannt ist, dass Aminosäureaustausche an den Codons 225 und 222 in Mautierhirschen bzw. Ziegen die Empfänglichkeit für Prion-Erkrankungen drastisch reduzieren [31,32].

In vivo-Versuche mit Rothirschen, die den E₂₂₆-Polymorphismus trugen, zeigten jedoch, dass alle Tiere an CWD erkrankten. Lediglich die Inkubationszeit variierte geringfügig zwischen den Genotypen [33]. Zudem waren alle in Norwegen CWD-positiv getesteten Rothirsche vom E₂₂₆/E₂₂₆-Genotyp [34], ein weiterer Hinweis darauf, dass der Polymorphismus an Codon 226 keine protektive Wirkung hat. Der Verlust eines Oktapeptids wurde bereits für verschiedene Spezies, wie beispielsweise das chinesische Wasserreh (*Hydropotes inermis*) oder Rentiere beschrieben [15,35]. Da eine Deletion in dieser und einer vergleichbaren Studie aus Frankreich [17] jedoch das erste Mal für Rotwild beschrieben wurde, ist deren Einfluss auf die CWD-Empfänglichkeit von Rothirschen bisher unerforscht. Von einer protektiven Wirkung der Deletion ist jedoch nicht auszugehen: Die genetische Untersuchung der 19 Rentier-CWD-Fälle in Norwegen zeigte auf, dass Tiere mit einer Deletion häufiger von CWD betroffen waren als andere Genotypen [35].

Für eine genauere Einschätzung der Einflussnahme der in dieser Studie gefundenen Genotypen sind jedoch tiefergehende

in vitro- und *in vivo*-Studien notwendig.

Die zunächst wenig relevant erscheinenden **stillen Mutationen**, die in dieser Studie in Reh-, Rot- und Sikawild zu finden waren, sollten nicht außer Acht gelassen werden. Zwar stellen stille Mutationen keinen direkten Aminosäureaustausch dar, sie stehen aber häufig in Verbindung mit einem Polymorphismus an einem anderen Codon (z.B. Codon 138 und E₂₂₆). So kann nicht ausgeschlossen werden, dass sie einen Einfluss auf die CWD-Empfänglichkeit haben könnten. Darüber hinaus treten diese ebenfalls geographisch gehäuft auf: Während deutsche und italienische Rothirsche dieselbe stille Mutation an Codon 21 tragen, tritt eine andere Variante dieser stillen Mutation in schottischen Rothirschen auf. Weiterhin wurde die stille Mutation an Codon 78 bislang nur in dieser Studie und in italienischem Rotwild gefunden [18].

Geographische Regionalität von stillen Mutationen lässt sich ebenfalls im Reh- und Sikawild finden. Während die aus Deutschland getesteten Rehe eine stille Mutation an Codon 42 zeigten, war die schwedische Rehpopulation ausschließlich an Codon 24 polymorph. Im Sikawild konnten sogar nationale Unterschiede festgestellt werden. Das in dieser Studie untersuchte Sikawild aus geographisch isolierten Habitaten zeigte eine stille Mutation an Codon 133, diese trat jedoch ausschließlich in Tieren aus Bayern (Region 2) auf. Diese Beobachtungen unterstützen weiter die Theorie der oben genannten „PRNP-Linien“.

Um die Verbreitung der „PRNP-Linien“ großflächiger betrachten zu können, ist im Nachgang dieser Studie eine gesamteuropäische Analyse geplant, an der Partnerinstitutionen aus verschiedenen europäischen Ländern teilnehmen. In diesem Rahmen werden zunächst die bereits publizierten PRNP-Studien im europäischen Kontext und unter Einbezug weiterer phylogeographischer Studien betrachtet. Im zweiten Schritt werden weitere Datensätze aus verschiedenen europäischen Ländern mit in diese Analysen einbezogen.

Schlussfolgerung

Die im Rahmen dieser Studie erhobenen Daten geben Aufschluss über die PRNP-Variabilität in den wichtigsten europäischen Schalenwildspezies (außer Schwarzwild). Anhand dieser Daten ist anzunehmen, dass ein Großteil der deutschen Cervidenpopulation CWD-empfänglich ist. Folglich müssen Kontroll- und Tilgungsmaßnahmen entsprechend diesen Erkenntnissen angepasst werden.

Weitere bereits stattfindende *in vitro*- und *in vivo*-Studien, die den Einfluss der gefundenen Genotypen auf die CWD-Empfänglichkeit untersuchen, werden zeigen, ob einzelne dieser Genotypen möglicherweise zumindest eine Teil-Resistenz vermitteln. Sollte das der Fall sein, könnten Zuchtprogramme in der Gehegewildhaltung etabliert werden, um einen Übertrag von Gatterwild auf wildlebendes Schalenwild zu verhin-

dern, ein wesentlicher Treiber der CWD-Verbreitung in Nordamerika.

Die hier präsentierten Ergebnisse unterstreichen die Bedeutung unbeabsichtigter CWD-Einschleppungen aus Skandinavien in die nativen Populationen Mitteleuropas. Die Historie in Nordamerika zeigt, dass die CWD-Verbreitung durch den Menschen den größten Risikofaktor darstellt. Dies muss unbedingt verhindert werden. Aufklärung ist daher eine der wichtigsten Aufgaben einer erfolgreichen Kontrollmaßnahme, zum Beispiel mittels umfangreicher Informationskampagnen und enger Abstimmungen mit Interessensverbänden, insbesondere Jäger*innen und Förster*innen.

Des Weiteren ist eine aktive Überwachung notwendig, die sicherstellt, dass ein Ausbruch der CWD möglichst frühzeitig erkannt wird. Da es hierfür aktuell keine gesetzliche Regelung gibt, hat das FLI erneut zur Probennahme für das kommende Jagdjahr aufgerufen. Von Interesse sind v.a. Gehirn-, aber auch Lymphknotenproben von adultem (ab ca. 1,5 Jahre) Schalenwild (exkl. Schwarzwild). Diese werden im Rahmen des Projektes „WiLiMan-ID“ (Fördernummer 101083833) auf CWD untersucht. Zudem liegt das frühzeitige Erkennen von Tierseuchenausbrüchen auch in der Verantwortung der Jägerschaft: Proben auffällig kranker Tiere können jederzeit an die jeweiligen Landesuntersuchungsämter geschickt werden, die eine Untersuchung auf CWD durchführen können. Ebenfalls sollten Tierkörperreste kranker Tiere fachgerecht über Tierkörperbeseitigungsanlagen entsorgt werden, um eine Umweltkontamination zu vermeiden. Darüber hinaus sollten sich Jäger*innen vor Jagdreisen informieren, ob das gewählte Reiseziel CWD-Ausbrüche verzeichnet. In solchen Gebieten ist darauf zu achten, verwendete Kleidung und Ausrüstung vor der Rückreise zu desinfizieren (z.B. mit Bleiche) oder besser vor Ort zu belassen. Es ist ebenfalls verboten, nicht CWD-freigetestetes Wildbret aus Nordamerika in die EU einzuführen (VO EG 1471/2004).

Die gemeinsamen Anstrengungen und enge Zusammenarbeit von Wissenschaft und Jägerschaft, bilden das Fundament, die weitere CWD-Ausbreitung erfolgreich zu beschränken, bzw. frühzeitig zu erkennen und rechtzeitig Bekämpfungsmaßnahmen einzuleiten.

Danksagung: Wir bedanken uns sehr herzlich bei allen Proben-einsender*innen, die diese Studie möglich gemacht haben. Insbesondere möchten wir uns beim Deutschen Jagdverband e.V. sowie dessen Ländervertretungen und dem Bayerischen Jagdverband e.V. sowie allen Forstämtern für die rege Teilnahme und gute Kooperation bedanken. Unser weiterer Dank gilt Ulrike Selk für die Beratung bei Jagd- und Forstmanagement-Fragen. Ein großes Dankeschön gilt ebenfalls Cathleen Klement, Miriam Anne Müller und Hanna Nietzsche für die labor-technische Aufarbeitung der Proben.

Quellenverzeichnis

1. [Prusiner, S.B. Novel proteinaceous infectious particles cause scrapie. *Science* 1982, 216, 136-144, doi:10.1126/science.6801762.](#)
2. [Zou, W.-Q.; Gambetti, P. Prions and Diseases. *Springer International Publishing* 2023, doi:10.1007/978-3-031-20565-1.](#)
3. [Williams, E.S. Chronic Wasting Disease. *Vet. Pathol.* 2005, 42, 530-549, doi:10.1354/vp.42-5-530.](#)
4. [Williams, E.S.; Young, S. Chronic wasting disease of captive mule deer: a spongiform encephalopathy. *J. Wildl. Dis.* 1980, 16, 89-98, doi:10.7589/0090-3558-16.1.89.](#)
5. [Rivera, N.A.; Brandt, A.L.; Novakofski, J.E.; Mateus-Pinilla, N.E. Chronic Wasting Disease In Cervids: Prevalence, Impact And Management Strategies. *Vet. Med. \(Auckl\)* 2019, 10, 123-139, doi:10.2147/VMR.S197404.](#)
6. [CWD-INFO.ORG. Timeline. Available online: <https://cwd-info.org/timeline/> \(accessed on 9 July 2024\).](#)
7. [CWD-INFO.ORG. First case in South Korea. Available online: <https://cwd-info.org/announcement/first-case-in-south-korea/> \(accessed on 9 July 2024\).](#)
8. [Gouvernement du Québec. Chronic wasting disease in cervids. Available online: <https://www.quebec.ca/en/agriculture-environment-and-natural-resources/animal-health/animal-diseases/list-animal-diseases/chronic-wasting-disease-cervids> \(accessed on 18 July 2024\).](#)
9. [USGS. Distribution of Chronic Wasting Disease in North America. Available online: <https://www.usgs.gov/media/images/distribution-chronic-wasting-disease-north-america-0> \(accessed on 4 March 2025\).](#)
10. [Benestad, S.L.; Mitchell, G.; Simmons, M.; Ytrehus, B.; Vikøren, T. First case of chronic wasting disease in Europe in a Norwegian free-ranging reindeer. *Vet. Res.* 2016, 47, 88, doi:10.1186/s13567-016-0375-4.](#)
11. [Friedrich-Loeffler-Institut. Chronic Wasting Disease \(CWD\). Available online: <https://www.fli.de/en/news/animal-disease-situation/chronic-wasting-disease-cwd-deer-species/> \(accessed on 23 February 2024\).](#)
12. [Norwegian Veterinary Institute. Skrantesjuka - Chronic Wasting Disease. Available online: <https://www.vetinst.no/sykdom-og-agens/chronic-wasting-disease> \(accessed on 15 May 2024\).](#)
13. [Ernst, S.; Piestrzyńska-Kajtoch, A.; Gethmann, J.; Natonek-Wiśniewska, M.; Sadeghi, B.; Polak, M.P.; Keller, M.; Gavier-Widén, D.; Moazami-Goudarzi, K.; Houston, F.; et al. Prion Protein-Gene \(PRNP\) variation in German and Danish cervids. *Vet. Res.* 2024, 55, 98, doi:10.1186/s13567-024-01340-8.](#)
14. [Grignolio, S.; Apollonio, M.; Brivio, F.; Vicente, J.; Acevedo, P.; P., P.; Petrovic, K.; Keuling, O. Guidance on estimation of abundance and density data of wild ruminant population: methods, challenges, possibilities. *EFS3* 2020, 17, doi:10.2903/sp.efsa.2020.EN-1876.](#)
15. [Tharaldsen, A.L.; Williamson, H.; Güere, M.E.; Tharaldsen, H.; Baker, K.; Smith, S.L.; Pérez-Espona, S.; Krojerová-Prokešová, J.; Pemberton, J.M.; Goldmann, W.; et al. Variation in the Prion Protein-Gene \(PRNP\) sequence of wild deer in Great Britain and mainland Europe. *Vet. Res.* 2019, 50, 59, doi:10.1186/s13567-019-0675-6.](#)
16. [Güere, M.E.; Våge, J.; Tharaldsen, H.; Kvie, K.S.; Bårdsen, B.-J.; Benestad, S.L.; Vikøren, T.; Madslie, K.; Rolandsen, C.M.; Tranulis, M.A.; et al. Chronic wasting disease in Norway - A survey of Prion Protein-Gene variation among cervids. *Transbound. Emerg. Dis.* 2021, doi:10.1111/tbed.14258.](#)
17. [Laubier, J.; van de Wiele, A.; Barboiron, A.; Laloë, D.; Saint-Andrieux, C.; Castille, J.; Meloni, E.; Ernst, S.; Pellerin, M.; Floriot, S.; et al. Variation](#)

- in the Prion Protein-Gene (PRNP) open reading frame sequence in French cervids. *Vet. Res.* **2024**, *55*, 105, doi:10.1186/s13567-024-01362-2.
18. Peletto, S.; Perucchini, M.; Acin, C.; Dalgleish, M.P.; Reid, H.W.; Raserio, R.; Sacchi, P.; Stewart, P.; Caramelli, M.; Ferroglio, E.; et al. Genetic variability of the Prion Protein-Gene (PRNP) in wild ruminants from Italy and Scotland. *J. Vet. Sci.* **2009**, *10*, 115-120, doi:10.4142/jvs.2009.10.2.115.
 19. Pitarch, J.L.; Raksa, H.C.; Arnal, M.C.; Revilla, M.; Martínez, D.; Fernández de Luco, D.; Badiola, J.J.; Goldmann, W.; Acin, C. Low sequence diversity of the Prion Protein-Gene (PRNP) in wild deer and goat species from Spain. *Vet. Res.* **2018**, *49*, 33, doi:10.1186/s13567-018-0528-8.
 20. Kurt, F. *Das Reh in der Kulturlandschaft: Ökologie, Sozialverhalten, Jagd und Hege*, 2. Auflage; Franckh-Kosmos Verlags-GmbH & Co.: Stuttgart, 2002, ISBN 3-44-09397-2.
 21. Plis, K.; Niedziałkowska, M.; Borowik, T.; Lang, J.; Heddergott, M.; Tiainen, J.; Bunevich, A.; Sprém, N.; Paule, L.; Danilkin, A.; et al. Pan-European phylogeography of the European roe deer (*Capreolus capreolus*). *Ecol. Evol.* **2022**, *12*, e8931, doi:10.1002/ece3.8931.
 22. Brommer, J.E.; Kekkonen, J.; Wikström, M. Using heterozygosity-fitness correlations to study inbreeding depression in an isolated population of white-tailed deer founded by few individuals. *Ecol. Evol.* **2015**, *5*, 357-367, doi:10.1002/ece3.1362.
 23. Zachos, F.E.; Frantz, A.C.; Kuehn, R.; Bertouille, S.; Colyn, M.; Niedziałkowska, M.; Pérez-González, J.; Skog, A.; Sprém, N.; Flamand, M.-C. Genetic Structure and Effective Population Sizes in European Red Deer (*Cervus elaphus*) at a Continental Scale: Insights from Microsatellite DNA. *J. Hered.* **2016**, *107*, 318-326, doi:10.1093/jhered/esw011.
 24. Skog, A.; Zachos, F.E.; Rueness, E.K.; Feulner, P.G.D.; Mysterud, A.; Langvatn, R.; Lorenzini, R.; Hmwe, S.S.; Lehoczky, I.; Hartl, G.B.; et al. Phylogeography of red deer (*Cervus elaphus*) in Europe. *Journal of Biogeography* **2009**, *36*, 66-77, doi:10.1111/j.1365-2699.2008.01986.x.
 25. Frantz, A.C.; Zachos, F.E.; Bertouille, S.; Eloy, M.-C.; Colyn, M.; Flamand, M.-C. Using genetic tools to estimate the prevalence of non-native red deer (*Cervus elaphus*) in a Western European population. *Ecol. Evol.* **2017**, *7*, 7650-7660, doi:10.1002/ece3.3282.
 26. Niedziałkowska, M.; Jędrzejewska, B.; Honnen, A.-C.; Otto, T.; Sidorovich, V.E.; Perzanowski, K.; Skog, A.; Hartl, G.B.; Borowik, T.; Bunevich, A.N.; et al. Molecular biogeography of red deer *Cervus elaphus* from eastern Europe: insights from mitochondrial DNA sequences. *Acta Theriol. (Warsz)* **2011**, *56*, 1-12, doi:10.1007/s13364-010-0002-0.
 27. Gill, A.C.; Castle, A.R. The cellular and pathologic prion protein. *Handb. Clin. Neurol.* **2018**, *153*, 21-44, doi:10.1016/B978-0-444-63945-5.00002-7.
 28. Johnson, C.; Johnson, J.; Vanderloo, J.P.; Keane, D.; Aiken, J.M.; McKenzie, D. Prion protein polymorphisms in white-tailed deer influence susceptibility to chronic wasting disease. *J. Gen. Virol.* **2006**, *87*, 2109-2114, doi:10.1099/vir.0.81615-0.
 29. Ishida, Y.; Tian, T.; Brandt, A.L.; Kelly, A.C.; Shelton, P.; Roca, A.L.; Novakofski, J.; Mateus-Pinilla, N.E. Association of chronic wasting disease susceptibility with prion protein variation in white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*). *Prion* **2020**, *14*, 214-225, doi:10.1080/19336896.2020.1805288.
 30. Telling, G.C.; Scott, M.; Mastrianni, J.; Gabizon, R.; Torchia, M.; Cohen, F.E.; DeArmond, S.J.; Prusiner, S.B. Prion propagation in mice expressing human and chimeric PrP transgenes implicates the interaction of cellular PrP with another protein. *Cell* **1995**, *83*, 79-90, doi:10.1016/0092-8674(95)90236-8.
 31. Jewell, J.E.; Conner, M.M.; Wolfe, L.L.; Miller, M.W.; Williams, E.S. Low frequency of PrP genotype 225SF among free-ranging mule deer (*Odocoileus hemionus*) with chronic wasting disease. *J. Gen. Virol.* **2005**, *86*, 2127-2134, doi:10.1099/vir.0.81077-0.
 32. Lacroux, C.; Perrin-Chauvineau, C.; Corbière, F.; Aron, N.; Aguilar-Calvo, P.; Torres, J.M.; Costes, P.; Bremaud, I.; Luga, S.; Schelcher, F.; et al. Genetic Resistance to Scrapie Infection in Experimentally Challenged Goats. *J. Virol.* **2014**, *88*, 2406-2413, doi:10.1128/JVI.02872-13.
 33. Balachandran, A.; Harrington, N.P.; Algire, J.; Soutyrine, A.; Spraker, T.R.; Jeffrey, M.; González, L.; O'Rourke, K.I. Experimental oral transmission of chronic wasting disease to red deer (*Cervus elaphus*): early detection and late stage distribution of protease-resistant prion protein. *Can. Vet. J.* **2010**, *51*, 169-178.
 34. Vikøren, T.; Våge, J.; Madslie, K.I.; Røed, K.H.; Rolandsen, C.M.; Tran, L.; Hopp, P.; Veiberg, V.; Heum, M.; Moldal, T.; et al. First Detection of Chronic Wasting Disease in a Wild Red Deer (*Cervus elaphus*) in Europe. *J. Wildl. Dis.* **2019**, *55*, 970-972, doi:10.7589/2018-10-262.
 35. Güere, M.E.; Våge, J.; Tharaldsen, H.; Benestad, S.L.; Vikøren, T.; Madslie, K.; Hopp, P.; Rolandsen, C.M.; Røed, K.H.; Tranulis, M.A. Chronic wasting disease associated with Prion Protein-Gene (PRNP) variation in Norwegian wild reindeer (*Rangifer tarandus*). *Prion* **2020**, *14*, 1-10, doi:10.1080/19336896.2019.1702446.

Um die Forschungen zur CWD weiter voranzutreiben, braucht das FLI weiterhin Proben. Hier lesen Sie, wie Sie helfen können.



Flyer zum Download

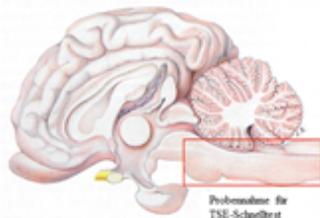
WiLiMan-ID „Ecology of Wildlife, Livestock, Human and Infectious Diseases in changing environments“ (Ein EU-Projekt, das im Rahmen des Horizon Europe-Research and Innovation Programmes unter der Nummer 101083833 gefördert wird. Das Hauptziel von WiLiMan-ID ist es, Schlüsselfaktoren zu identifizieren, die die Ausbreitung und das Auftreten von fünf Tierkrankheiten in einer sich verändernden Umwelt ermöglichen)

Leitfaden für die Probengewinnung

Tierarten: Rotwild, Rehwild und Sikawild u.a. Zerviden
Nur **ADULTE** Tiere, keine Präferenz beim Geschlecht

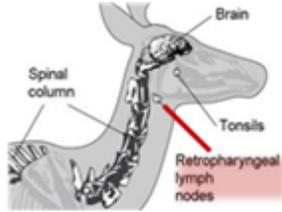
Probenmaterial: 1 g Gehirn/ verlängertes Mark und ggf. 1g tiefer Halslymphknoten pro Tier ein beschriftetes Probengefäß

Probennahme



Probennahme für TSE-Schnittest

**Ca. 1g Gehirn
(verlängertes Mark/ Kleinhirn)**



**Ca. 1 g tiefer
Halslymphknoten**

ggf.

von adultem (>1,5 Jahre) Reh-, Rot- oder Sikawild (u.a. Zerviden)

Probenentnahme: zur Entnahme des Gehirns eignet sich z.B. der Griff eines Teelöffels aus Metall, 1g Probenmaterial ist ausreichend

Probenlagerung: -10°C

Probenversand: Auslaufsichere Behälter (+Umverpackung), der Transport muss nicht gekühlt stattfinden; bitte Versand über Wochenenden vermeiden; ein gesammelter Transport zum Ende der Jagdsaison ist möglich

Folgende Angaben werden benötigt:

- Tierart
- Geschlecht
- Herkunft (Landkreis)
- Gehege-/ Jagd-/ Fallwild

Versandadresse:
Friedrich-Loeffler-Institut
Labor Dr. Christine Fast
Südufer 10
17493 Greifswald

Tel: 038351-71274 oder -71187
E-Mail: Christine.Fast@fli.de
oder Sonja.Ernst@fli.de



Schildbürgerstreich 2.0 im Saarland: Verbauung einer bedeutenden Wildquerungspassage

Hier wird von einem saarländischen Schildbürgerstreich berichtet, der geplanten Bebauung der einzigen Wildquerungshilfe über eine Autobahn im Saarland durch eine bis zu 30 ha umfassende PV-Freiflächenanlage.

Situation

Das Saarland ist mit 420 Einwohnern pro Quadratkilometer ein vergleichsweise dicht besiedeltes Land. Aber die Bevölkerung ist nicht gleichmäßig verteilt. Im südlichen Saarland rund um Saarbrücken ist die Bevölkerungsdichte deutlich höher. Im nördlichen Saarland hingegen finden sich Bereiche, wo die Bevölkerungsdichte gerade mal bis an 180 Einwohner pro Quadratkilometer heranreicht. Der Landkreis Merzig-Wadern ist für saarländische Verhältnisse daher ein vergleichsweise dünn besiedelter Landstrich. Hier konnte sich eine länderübergreifende gemeinsame Rothirschpopulation mit dem benachbarten Rheinland-Pfalz im Landkreis Trier-Saarburg erhalten.

Die Jagdpolitik beider Länder im Bezug auf den Rothirsch unterscheidet sich maßgeblich. Während es in Rheinland-Pfalz seit der Nachkriegszeit Rotwildgebiete und rotwildfreie Gebiete gibt, geht das Saarland seit 2004 einen anderen Weg. Hier wird nicht mehr zwischen rotwildfreien und Rotwildgebieten unterschieden. Außerhalb der einstigen Rotwildgebiete dürfen sich die Tiere seit 2004 ungehindert ausbreiten und stehen dabei unter besonderem Schutz. Weiterhin werden im Saarland keine Hirsche der Mittelklasse freigegeben.

Die Bewirtschaftung der gemeinsamen Population in den beiden Bundesländern wird auf rheinpfälzischer Seite von der Rotwild-Hegegemeinschaft „Osburg Saar“ und auf saarländischer Seite von der Rotwild-Hegegemeinschaft „Saarländischer Hochwald“ verantwortet. Die Population umfasst ein Verbreitungsgebiet von ca. 45 000 ha, wovon ca. 18 000 ha im Saarland liegen, davon 4000 ha Kernlebensräume. Die Populationsgröße wird auf insgesamt 1500 - 1800 Tiere geschätzt.

2015 wurden von Seiten des Landes Rheinland-Pfalz Untersuchungen bezüglich der genetischen Diversität und benachbarter Rotwild-Bewirtschaftungsbezirke in Rheinland-Pfalz durchgeführt. Die grenznahen Räume benachbarter Bundesländer wurden dabei berücksichtigt. Insgesamt konnten vier genetisch unterschiedliche Populationscluster (Eifel, Hunsrück, Pfälzerwald, rechtsrheinische Gebiete) festgestellt werden (HOCHKIRCH 2012). Negative Effekte einer verringerten genetischen Diversität konnten westlich der Autobahn A1 zwischen Moseltal und Nonweiler erkannt werden. Dort wurden fallweise Werte ermittelt, die nach heutigen Erkenntnissen eine beeinträchtigte Überlebensfähigkeit gegenüber einer vitalen Population erkennen lassen.

Die Rotwild-Hegegemeinschaft Saarländischer Hochwald dokumentiert seit 2010 im gesamten Saarland Funddaten von verunfallten Hirschen, Beobachtungen von zuverlässigen Personen, insbesondere außerhalb der sogenannten Kernlebensräume im saarländischen Hochwald. Diese Daten wurden nun von dem renommierten Wildbiologen Olaf Simon kartographisch visualisiert.

Problematik

In den vergangenen Jahren ist es besonders im saarländischen Lebensraum der grenzüberschreitenden Hunsrück-Population zu einschneidenden Lebensraumverlusten auf den gesamten Korridoren der Fernwanderwege durch neu erschlossene Gewerbegebiete, großflächige PV-Freiflächenanlagen und weitere Siedlungsverdichtungen gekommen. Hierdurch wird bereits jetzt das arttypische Wanderverhalten der Rothirsche zwischen dem geschlos-

sen bewaldeten Hochwaldgürtel des Westhunsrücks und den vorgelagerten Waldinseln komplett unterbunden. Hunderte Hektar Sommerlebensräume sind seit 2012 infolge neu entstandener unüberwindbare Barrieren im Nordsaarland durch Raumplanungen ohne ausreichende Berücksichtigung der Wildtiere verloren gegangen. Großflächig betrachtet können die Tiere nach Norden aufgrund der Bebauungen um Trier nicht wandern, nach Osten schneidet die A1 die Korridore ab, nach Süden tut dies die Siedlungsverdichtung im mittleren Saarland und nach Westen die A8, bisher noch durch den Wildtierkorridor des Pelling Berges über eine 600 m breite Tunneldecke durchlässig. Die Rotwild-Hegegemeinschaft sieht ihre gemeinsame Rothirschpopulation mit den im rheinpfälzischen Hochwald vorkommenden Hirschen einer Verinselung entgegenlaufen. Das seit mehreren Jahren durchgeführte Monitoring der Rotwild-Hegegemeinschaft, gemeinsam mit den regionalen Akteuren des Naturschutzes, zeigt erste Ergebnisse.

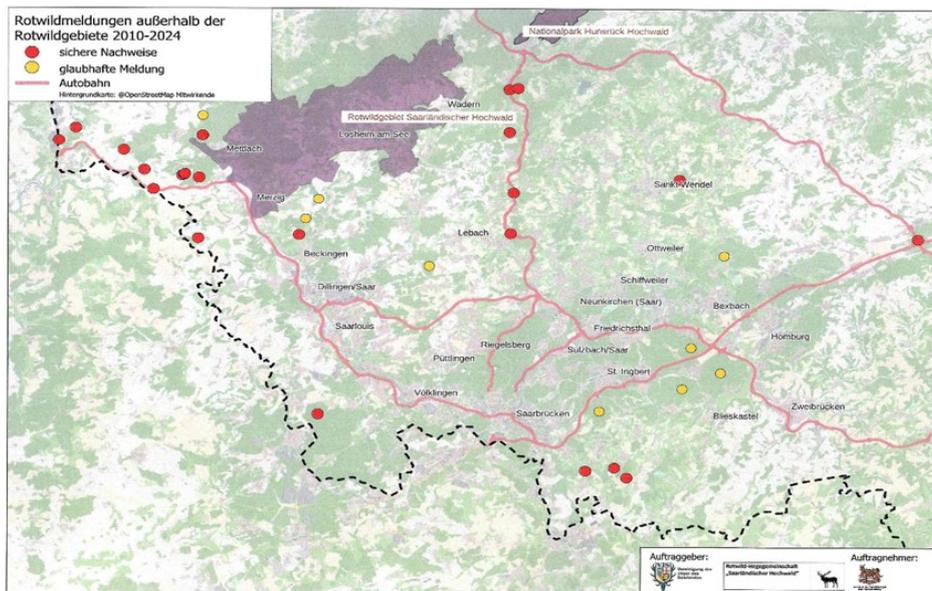


Abb. 1 Karte Rotwildmeldungen.



Abb. 2 Barrierewirkung durch eine PV-Großflächenanlage zwischen dem Hochwaldgürtel und der vorgelagerten Waldinsel „Hirzenackerwald“ (Lebensraumverlust von ca. 600 ha). FOTO: J. LOHRIG

Es kristallisieren sich bisher zwei Verbundachsen (Fernwechsel) heraus:

- a) Versuche junger Hirsche aus dem Lebensraum Pfälzerwald/Nordvogesen oder aus diesem heraus in den westlichen Hunsrück (Hoch- und Idarwald). Diese enden an den unüberwindbaren Barrieren der Autobahnen (A6/A8) im südlichen Saarland;
- b) Des Weiteren wurden junge Hirsche aus dem saarländischen Hochwald zu dem benachbarten französischen Rotwildlebensraum im 50 km entfernten Kedange-sur-Canner im Departement Moselle nachgewiesen.

Auf französischer Seite sind die Möglichkeiten der Wanderbewegungen wegen deutlich dünnerer Besiedlung (160 Einwohner pro Quadratkilometer) günstiger. Auf deutscher Seite steht nur noch eine Verbundachse westlich der Gemeinde Orscholz zur Verfügung. Hier wechselt sich intensive Landwirtschaft mit kleineren durchziehenden Wald- und Heckenstreifen ab. Die vollständig eingezäunte Autobahn A8

Abb. 3 Gezäunte Verbindungsstraße zwischen Merzig und Mettlach verschließt den Korridor über die Saarschleife in Richtung Frankreich. FOTO: J. LOHRIG



trennt hier nicht nur Frankreich von Deutschland, sondern auch Wildtiere entlang dieser Route, die von Saarbrücken nach Luxemburg führt. Auf dieser gesamten Autobahnteilstrecke gibt es lediglich eine funktionierende Wildtierquerungshilfe. Diese befindet sich auf dem sogenannten Pellingerg Berg, der als Tunnelüberbauung einen Korridor von ca. 600 m bildet.

Im Juni 2023 wurde ca. 450 m nördlich der Tunnelüberbauung A8 Pellingerg Berg auf der Autobahn ein junger Hirsch überfahren. Der Hirsch wurde am Abend vorher von einem Berufsjäger bestätigt, wie er und ein weiterer Hirsch an der Autobahnzäunung von Westen entlang zogen und versuchten, den Zaun zu überwinden und die Autobahn zu queren. Der zuständige Revierjäger meldete am folgenden Morgen der Rotwild-Hegegemeinschaft die Sichtung zur Aufnahme ins Monitoringkataster. Einige Stunden später wurde von einem Landwirt der Tod eines Hirsches auf dem direkt daneben liegenden Autobahnabschnitt gemeldet. Nach Inaugenscheinnahme durch den Revierjäger wurde er als eines der beiden am Vorabend gesichteten Stücke identifiziert. Durch diesen tödlich verunfallten Hirsch wurde die Rotwild-Hegegemeinschaft zufällig darauf aufmerksam gemacht, dass auf der als einzige Überquerungsmöglichkeit zur Verfügung stehenden Tunnelüberbauung

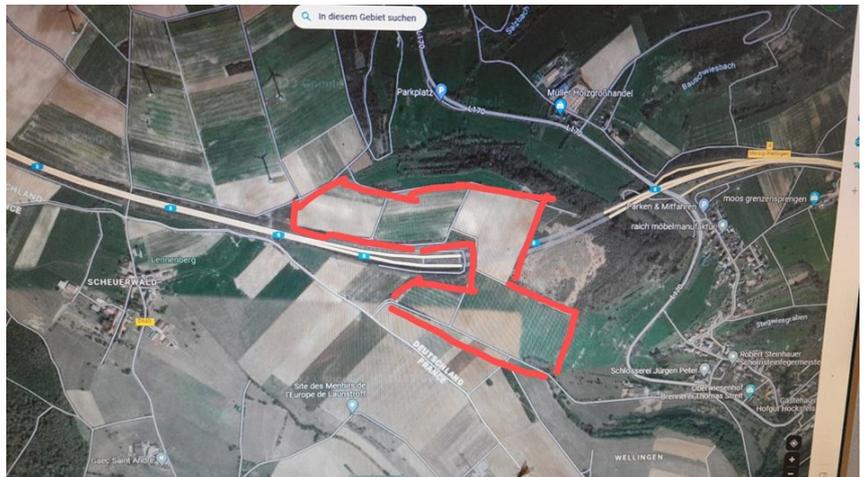


Abb. 4 Wildtierquerungshilfe Pellingerg Berg mit geplanter PV-Anlage (rot umrandet). VORLAGE: GEOPORTAL SAARLAND

Pellingerg Berg PV-Anlagen geplant sind. Der Tunnel verläuft in der Mettlacher Gemarkung im Verlaufe der A8. Beim Bau des Autobahnabschnitts entschied man sich in den 1990er Jahren gegen einen Einschnitt in die Landschaft und für die deutlich teurere Tunnellösung. Ziel war u.a., die Querung der Autobahn durch Wildtiere weiterhin zu ermöglichen. Die Wirksamkeit der Tunnellösung als Wildtierquerung für Rothirsche und weitere Großsäugetiere steht in enger Verbindung zum Planfeststellungsbeschluss. Einige Jahre nach Inbetriebnahme der Autobahn wurde die Wildtierquerung über den Tunnel Pellingerg Berg im Rahmen einer öffentlichen Evaluierung der Wildtierdurchlässigkeit der A8 auf seine Eignung als Querungsbauwerk für Rothirsche und andere Großsäugetiere geprüft (ANONYMUS 2010): Der Tunnel Pellingerg Berg zeichnet sich durch eine hohe Funktionalität und hohe Durchlässigkeit sowie eine günstige Einbindung in die Naturlandschaft aus und erhielt das Prädikat einer vollwertigen Wildtierpassage, so die Bewertung. Als funktionserhaltende Maßnahme zur Sicherung einer möglichst hohen Durchlässigkeit wurde die Maßgabe festgeschrieben, im Zuführungsbereich der Tunneldecke Störungen zu unterbinden und zu vermeiden (ANONYMUS 2010).



Abb. 5 Im Juni 2023 auf der A8 450 m nördlich Tunnel Pelling Berg verunfallter Rothirsch. FOTO: S. SCHMITT

Nun plant die Gemeinde Mettlach auf der Tunneldecke die Errichtung einer PV-Freiflächenanlage, womit die Wildquerung weitgehend eingezäunt werden würde. Ein aktuelles wildökologisches Gutachten des Instituts für Tierökologie bestätigt den Verlust der herausragenden Bedeutung für Großsäuger (SIMON 2024a). Hierdurch wird die einzige Verbundachse, um als Rothirsch aus dem Saarland in Richtung Frankreich wandern zu können, unterbunden. Die Europäische Union verfolgt das Ziel, einen weiteren Verlust der Biodiversität zu stoppen. Das Bundesamt für Naturschutz hat demfolgend bereits 2011 eine Studie in Auftrag gegeben, die darstellt, welche Wanderkorridore für Wildtiere bestehen und wie wichtig deren Erhalt für den Arterhalt wandernder Tiere in Deutschland ist (BfN 2012). Diese Studie bezeichnet die Wildtierquerung am Pelling Berg als eine Verbundachse von hoher nationaler Bedeutung.

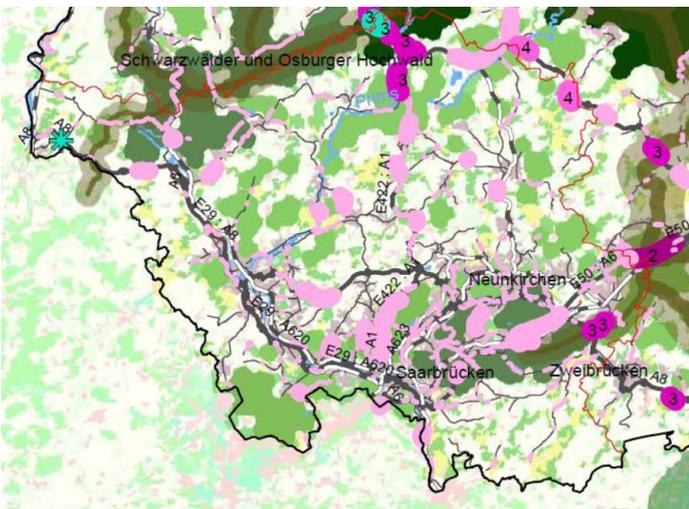


Abb. 6 Ausschnitt aus der Karte „Netzwerk für Wald bewohnende, größere Säugetiere, Prioritäten zur Vernetzung von Lebensraumkorridoren im überregionalen Straßennetz“ (HÄNEL & RECK 2010). Aus BfN (2012): Ergebnis des F+E-Vorhabens „Prioritätensetzung“ FKZ 3507 82 090. Bundesweite Prioritäten zur Wiedervernetzung von Ökosystemen. Überwindung straßenbedingter Barrieren. Der Kartenausschnitt zeigt das Saarland und – rot umrandet – den aus dem Schwarzwälder und Osburger Hochwald führenden Korridor, der im Abschnitt Pelling Berg die A8 überwindet.

Der Kartenausschnitt zeigt das Saarland und – den aus dem Schwarzwälder und Osburger Hochwald führenden Korridor, der im Abschnitt Pelling Berg die A8 überwin-

det. Der Sachverständige und Wildbiologe Olaf Simon betrachtet das Planungsvorhaben aus wildbiologischer Sicht, er ordnet den Tunnel Pelling Berg naturräumlich in das Wanderverhalten der Rothirsche im Kontext der beiden umgebenden Rotwildvorkommen auf französischer und deutscher Seite ein und bewertet dabei die Bedeutung der aktuell mit einer hohen effektiven Breite abseits menschlicher Siedlungen liegenden Wildtierquerung über die A8 (SIMON 2024b). Hierzu ist es wichtig zu wissen, dass diese beiden Populationen mit ihrem Lebensraum eben nicht unmittelbar an die Wildquerungshilfe angrenzen, sondern beidseitig eine Distanz von etwa 15 bis 20 km besteht. SIMON (2024a) stellt fest, dass im Saarland bisher keine Grünbrücken errichtet wurden, um Landschaftszerschneidungen abzumildern (siehe dazu auch Landschaftsprogramm Saarland LaPro 2009). Er wertet die im Zuge der A8 Tunnelführung durch den Pelling Berg entstandene Wildtierquerung als Querungshilfe mit „hoher Eignung für Großsäugtiere“, ob Rothirsch, Wolf, Luchs oder Wildkatze etc. ein. Weiterhin stellt er fest, dass diese Querungshilfe über die A8 im Landschaftsprogramm 2009, dem sogenannten LAPRO, weder in der Karte 4 -Lebensraumverbund- noch in der Karte 5 -Freiraumentwicklung- eine fachliche Würdigung durch das Umweltministerium des Saarlandes erfährt (Landschaftsprogramm Saarland Lapro 2009).

Auf eine Anfrage an die Landesregierung bzw. die entsprechenden Behörden erhielt die Hegegemeinschaft die Aussage, dass der Planfeststellungsbeschluss aus dem Jahre 1990 vor zwei Jahren (2023) an die Autobahn-GmbH weitergegeben worden sei und eine Abschrift des Beschlusses nur unvollständig aufzufinden sei. Im besagten Planfeststellungsbeschluss sind verbindliche Auflagen, was den Schutz der Natur angeht, aufgeführt.

Man beachte: Der Biotopverbund im Landschaftsprogramm wurde nicht in den vergangenen zwei Jahren erstellt, sondern bereits 2009. Erstmals nach 15 Jahren wird jetzt eine Evaluierung des LAPRO im Saarland in Angriff genommen. Die einzige Wildtierquerungshilfe für Großsäuger im Saarland wurde – erstaunlich – erneut von den Behörden vergessen.

Die Situation ist umso pikanter, weil der Wildbiologe Simon daran erinnert, dass das Bundesamt für Naturschutz bereits im Jahre 2010 für Deutschland eine Studie mit Karte erstellen ließ mit dem Titel „Bundesweite Prioritäten zur Wiedervernetzung von Ökosystemen“ und dort in einer nationalen Biotopverbundkarte „Netzwerk für waldbewohnende größere Säugetiere, Prioritäten zur Vernetzung von Lebensraumkorridoren im überregionalen Straßennetz“ (HÄNEL & RECK 2010) alle relevanten Verbundachsen für waldbewohnende Säugetiere dargestellt sind. Die relevanten Fakten liegen also bereits seit 15 Jahren aufbereitet „auf dem Tisch“. Schaut man sich nun diese nationale Karte näher an, findet man für das Saarland zwei starke Waldverbundkorridore, bezeichnet als „national bedeutsame Korridore“, die Waldlebensräume von größer als 250 km² miteinander verbinden (HÄNEL & RECK 2010). Und bei dem einen von zwei im Saarland verlaufenden „national bedeutsamen Korridoren“ handelt es sich um das Korridorband zwischen dem saarländischen Hochwald über den Pelling Berg (A8) ins Departement Moselle.

„Die einzigen, die es nicht gefunden haben und noch nicht finden, sind die zuständigen saarländischen Behörden“.

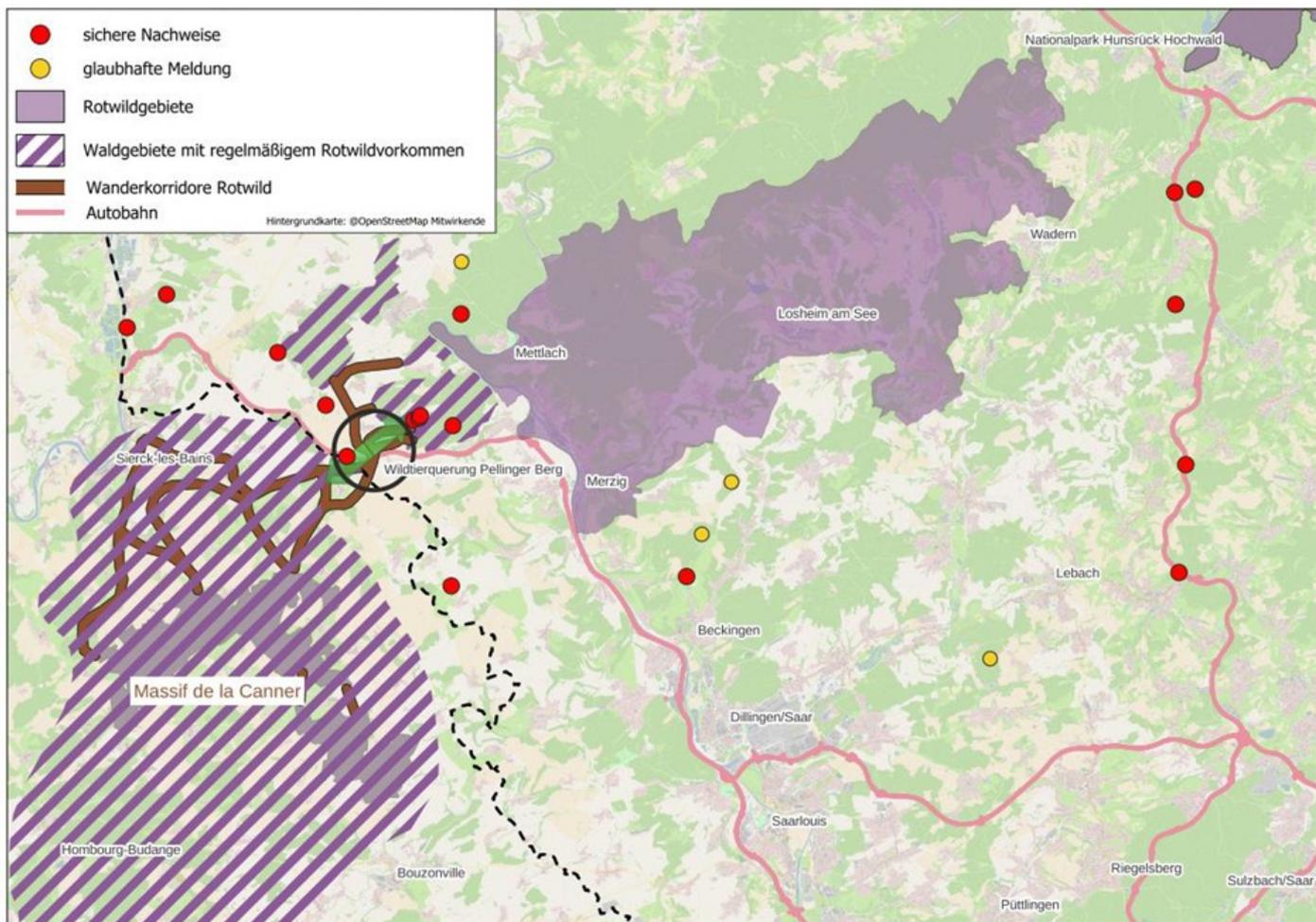


Abb. 7 Karte Verbindungskorridor Peller Berg. FOTO: O. SIMON, INSTITUT FÜR ÖKOLOGIE UND NATURBILDUNG

Sichtweisen

Kommt man in diesem Zusammenhang zur Quintessenz des Parteiengutachtens des PV-Anlagenbetreibers, sieht dieser die Situation sehr entspannt und kommt zu dem Schluss, dass nach MAQ („Merkblatt zur Anlage von Querungshilfen für Tiere“) eine geforderte Mindestbreite von 50 m ausreichend ist und nach Bau und Zäunung der PV-Anlage auch weiterhin gegeben sein wird, auch wenn 60 – 70 % der Tunneldecke unpassierbar geworden sind.

Das sieht Simon anders: In einem vom BfN initiierten Experten-Workshop zum Thema Lebensraumverbund/Wildtierwege im November 2022 wurden acht Empfehlungen herausgearbeitet (PETER ET AL. 2023), zwei dieser Empfehlungen sind besonders relevant für das Planvorhaben Peller Berg:

Empfehlung 1: „Berücksichtigung obligater Tabuflächen.“ Ausgewiesene Flächen des Biotopverbundes, wie z.B. überörtlich bedeutsame Lebensraumkorridore und Wildtierwege, müssen ebenso wie geplante Wiedervernetzungsmaßnahmen berücksichtigt und prioritäre Bereiche der Wiedervernetzung von einer Bebauung ausgeschlossen werden. Ebenso müssen besondere Potenzialflächen für die Wiedervernetzung sowie vorhandene Tierquerungshilfen und andere Querungsbauwerke, die von Tieren genutzt werden könnten, funktional gesichert werden.“

D.h. im Klartext: Es ist keine Verschlechterung zu dulden.

Empfehlung 2 : „Freihalteflächen um größere Querungshilfen.“

Querungshilfen an Verkehrswegen können nur funktionieren, wenn ihr Zugangsbereich und zumindest das nähere Umfeld hindernisfrei sind und Trittsteinbiotope in diesem Bereich in ihrer Funktion nicht beeinträchtigt werden.“

Dementsprechend sollen keine PV-Freiflächenanlagen im Umkreis von 300 m um bestehende Grünbrücken, Grünunterführungen, Faunabrücken und Faunaunterführungen sowie Talbrücken, Gewässerunterführungen und Zugangskorridore zu Querungshilfen angelegt werden. Zudem müssen im weiteren Umkreis von 900 m mindestens drei jeweils 100 m breite, ununterbrochene Wildkorridore je Straßenseite freigehalten werden, damit der Zugang zu den Querungshilfen aus verschiedenen Richtungen möglich bleibt und nicht übermäßig beeinträchtigt wird (PETER ET AL. 2023). Auch das steht in krassem Gegensatz zu dem Parteiengutachten des Projektierers.

Dann sieht Simon diese 50 m-Regelung laut MAQ, mit der die Projektbefürworter argumentieren, im konkreten Fall des Peller Bergs für nicht ausreichend als praktische funktionale Querungshilfe. Diese 50 m Regelung für die Mindestbreite eines Querungsbauwerkes bezieht sich immer auf eine Situation, in der ein Rotwildkernlebensraum oder ein zumindest beidseitig stetig vom Rotwild besiedelter Raum durch eine Barriere zerschnitten wird und die Querung an besonders günstiger Stelle in Wald-Waldverbindung errichtet wird. Das ist am Peller Berg nicht der Fall, dort wandern die Tiere aus ihren 15-20 km entfernten Einstandsgebieten über Offenlandstrukturen und Ackerflächen zu diesem 600 m breiten Querungsband. Diese 600 m Breite sind notwendig, um auf die

Querungshilfe zu treffen. 50 m oder 100 m Breite bei gezäunter Umgebung und regelmäßigen Störungen sind als verbleibende Querungsbreite funktional nicht ausreichend.

Die Forschungsgesellschaft für Straßen- und Verkehrswesen (FGSV) (2022) führte durch ein Expertengremium (ATTERMEYER ET AL. 2022) den aktuellen Stand des Wissens zu Dimensionierungen und daraus resultierenden Nutzbarkeiten von Querungshilfen für Großsäugetiere zusammen. Das neu bearbeitete Merkblatt für Querungshilfen an Straßen (MAQ, FGSV 2022) ist richtungweisend und fordert eine hohe Nutzbarkeit von Querungsbauwerken, insbesondere auch für nicht residente Individuen („Individuen, die für Wiederbesiedlungsprozesse oder großräumige Metapopulationssysteme von hoher Bedeutung sind, die aber mit der Örtlichkeit nicht vertraut sind und für die angenommen wird, dass sie gegenüber unbekanntem, schmalen Querungshilfen ein starkes Meideverhalten zeigen“). Das heißt: Nicht residente Tiere, in unserem Fall immer einzelne junge Hirsche, die für Wiederbesiedlung, den Genaustausch enorm wichtig sind, aber nicht mit der Örtlichkeit vertraut sind und gegenüber unbekanntem schmalen Querungshilfen ein starkes Meideverhalten zeigen, werden an gering dimensionierten Querungshilfen zurückweichen.

Die Wildtierquerung Tunnel Pelling Berg hat heute noch eine weite Dimensionierung. Eine Einschränkung der vorhandenen günstigen Dimensionierung am Pelling Berg ist daher auch im Sinne des neu bearbeiteten Merkblattes für Querungshilfen an Straßen (MAQ, FGSV 2022) abzulehnen.

Fazit von Olaf Simon

- Der Rothirsch benötigt für eine ortsbezogene Nutzbarkeit von Querungshilfen die höchsten Anforderungen an weite Dimensionen.
 - Die Sicherung der Durchlässigkeit der Landschaftsräume für wandernde Wildtiere ist lebensnotwendig für eine genetisch diverse und reichhaltige Population.
 - Die „Wildtierquerung Pelling Berg“ weist zum jetzigen Zeitpunkt eine funktionierende hohe Querschnittsbreite auf und liegt nachweislich als Nadelöhr entlang eines national bedeutsamen Korridors, der Waldfunktionsräume von größer 250 km² verbindet (BFN 2012).
 - Je größer dimensioniert Querungsbauwerke sind und je störungsfreier diese Bauwerke sind, umso eher werden wandernde Tiere diese annehmen.
 - Das BfN hat 2023 als eine zentrale Empfehlung das Freihalten um größere Querungshilfen und das Verbessern der Trittsteinbiotope dringend empfohlen.
- Und jetzt kommt der Kernsatz.
- Es sollen keine Großflächen-PV-Anlagen im Umkreis von mindestens 300 m um bestehende Grünbrücken und Zugangskorridore zu Querungshilfen angelegt werden (PETER ET AL. 2023).

Der eigentliche Skandal

Diese Aspekte und Anforderungen finden bei der Gemeinde Mettlach als Herrin des Verfahrens kein Gehör. Bei der Sitzung des zuständigen Bauausschusses im Mai 2025 wurde von einigen Mitgliedern verneint, dass eine zweite Stellungnahme des Umweltministeriums (Oberste Jagdbehörde) vorläge. Diese Stellungnahme lag nach Recherchen der Hegegemeinschaft diesem Ausschuss aber sehr wohl vor. In dieser wird von einer Bebauung der Tunneldecke und der direkten Umgebung drin-

gend abgeraten. Von daher ist die Aussage von zuständigen Ratsmitgliedern, diese Stellungnahme sei gänzlich unbekannt, schlichtweg falsch. Wenn man etwas nicht sehen oder hören will, heißt es nicht gleich, dass es nicht existiert. Seitens des Bürgermeisters (Jagdscheininhaber) und des zuständigen Bauausschusses wird die zweite Stellungnahme ignoriert und mit dem Hinweis auf eine stark durch KFZ-Verkehr frequentierte Unterführung, unmittelbar angrenzend an eine Ortslage, abgewiesen.

Die Gemeinde Mettlach hat im Fall Pelling Berg die Planungshoheit. Zum jetzigen Zeitpunkt ignoriert sie jede wissenschaftliche und wildbiologische Expertise. Es bleibt zu hoffen, dass die Mehrheit des Gemeinderates noch zur Einsicht kommt, eine alternative Lösung gemeinsam mit einem auf diesem Fachgebiet tätigen Wildbiologen zu erarbeiten. Dies ist derzeit jedoch noch nicht in Sicht. Die Verantwortlichen haben bisher nicht erkannt, dass 35 000 Euro Einnahmen pro Jahr für die Gemeinde mittelfristig einen hohen Blutzoll von verunfallten Wildtieren (und möglicherweise auch Menschen) sowie vermeidbares Tierleid bewirken, und sogar letztendlich langfristig betrachtet das Aussterben des Rothirsches im Saarland bedeuten könnten.

JÖRG LOHRIG
Leiter Rotwild-Hegegemeinschaft
Saarländischer Hochwald

Foto: Kathrin Schwäbe







V.l.n.r.: Der Schädel ist in Einzelteilen erhalten. Ein Zahn im Oberkiefer weist ein, abnutzungsbedingt eröffnetes Pulpencavum auf. Unterkiefer mit allen Prämolaren und Molaren.

Steinzeithirsch mit Zahnweh

1986 wurde die Neugierde des vom Archäologischen Landesamt autorisierten Oberflächensammlers Andreas Broderek geweckt, als er in der Böschung des Nord-Ostsee-Kanals (NOK) nahe Reimershof einen Wirbelknochen fand.

Der NOK wurde von 1887 bis 1895 erbaut und zwischen 1907 und 1914 erstmals umfassend erweitert. Im Raum Reimershof ist der Kanal besonders tief in die Landschaft eingeschnitten – stellenweise bis zu 40 Meter. Dieser massive Geländeingriff gehört zu den eindrucksvollsten technischen Maßnahmen entlang der gesamten Wasserstraße und prägt das Landschaftsbild dort bis heute. Bei der sorgfältigen Nachsuche im Erdreich fand Herr Broderek ein fast vollständig erhaltenes Skelett eines etwa vierjährigen Rothirschen, dem lediglich das Haupt fehlte. Nur wenige Meter neben dieser Fundstelle fand er bei weiteren Suchen bearbeitete Flintstücke, eine Harpuns Spitze aus Hirschgeweih, ein Knochenmesser, ein Geweihsstück, aufgeschlagene Rehknochen, Knochen von Wildschweinen, Hechten und Stockenten sowie Holzkohlereste und einen schweren Reibstein aus Granit mit dazugehörigem Schieber.

Die Abfolge der Bodenschichten am Fundort weist darauf hin, dass durch die Böschungsrutschungen der ufernahe Bereich eines ehemaligen Sees aufgeschlossen wurde, an dem einst eine, wenn auch vielleicht temporäre steinzeitliche Siedlung gelegen haben muss. Bei späteren Suchen fand Herr Broderek dann den hier abgebildeten, fast vollständig erhaltenen etwa 8 bis 9 Jahre alten Rothirsch, dessen Rippen im Landesmuseum eingelagert sind. Ein Zahn im Oberkiefer des Hirschen weist ein, wohl durch starke Abnutzung eröffnetes Pulpencavum auf. Es ist noch nicht gesichert, dass der Hirsch tatsächlich aus der Zeit stammt, aber eine Untersuchung einiger kohlenstoffhaltiger Materialien ergab, dass diese etwa 11.200 Jahre alt sind. Sie stammen damit aus einer Zeit, in der man so hoch im Norden und so kurz nach der letzten Eiszeit kein Rotwild vermutet hätte. Aktuell ist im Bereich der Fundstelle eine weitere Verbreiterung und Modernisierung des NOK geplant. Es bleibt zu hoffen, dass die Fundstelle dabei sorgsam archäologisch untersucht wird. (FZ)

Haben Sie Kenntnis von Subfossilien wie diesen Rothirsch, dann freuen wir uns über einen Hinweis.

Sind das Spuren seiner Erlegung? (v.l.n.r.) Penetrierter Wirbel und stark beschädigte Blätter, des ansonsten gut erhaltenen Skeletts. Alle Fotos auf dieser Seite: Frank Zabel





RotWildes Mecklenburg-Vorpommern

RotWildes MV ist ein Natur- und Artenschutzprojekt, das sich für die Sicherung der Zukunft des Rotwildes in Mecklenburg-Vorpommern und den angrenzenden Rotwildlebensräumen engagiert.

Leitart Rotwild

Auch wenn bei diesem Projekt das Rotwild im Vordergrund steht, so geht es doch um mehr als das Rotwild allein. Das Rotwild ist eine Leitart, deren Anforderung an einen Lebensraumverbund stellvertretend für die vieler anderer Tierarten steht. Auch wenn viele Tierarten weitergehende Bedürfnisse haben (z.B. engmaschigere Vernetzung von Trittsteinbiotopen, Querbarkeit von Straßen und Agrarflächen), so wird mit dem im Rahmen des Projektes erarbeiteten Rotwildmanagement und -wegeplan doch auch die Basis für die Wiedervernetzung der Lebensräume dieser Arten geschaffen.

Hintergrund - Allgemein

In Mitteleuropa haben Autobahnen, Bahnlinien, Siedlungen, Kanäle und die Ausweisung von Rotwildgebieten die einst flächendeckend vorhandene Population des Rotwildes zerschnitten und in viele mehr oder weniger große Inselpopulationen zerteilt. Die Zerschneidung der Lebensräume und Wanderkorridore hat die Populationen bereits so stark genetisch verarmen lassen, dass in fast allen Teilpopulationen kritische Schwellenwerte für die effektive Populationsgröße unterschritten und kritische Inzuchtwerte überschritten werden.

Trotz einer hohen Dunkelziffer sind Inzuchtdepressionen mittlerweile aus fast allen Populationen bekannt, auch aus Mecklenburg-Vorpommern. Der Zustand bedroht das Rotwild in seinem Fortbestand, da er auch die Anpassungsfähigkeit der Art an sich verändernde klimatische Bedingungen, Äsungsverhältnisse, Parasiten und Krankheitserreger reduziert.

Mecklenburg-Vorpommern

Die Situation in Mecklenburg-Vorpommern ist im Vergleich zum Bundesdurchschnitt besser, aber längst nicht gut. Hier kann sich das Rotwild zwar theoretisch frei bewegen, insbesondere die Verkehrsinfrastruktur in Form von Autobahnen, Bundesstraßen und Bahnlinien bildet aber ernstzunehmende Wanderhindernisse. Einst großräumige Rotwildwanderungen, die die Hirsche insbesondere für den genetischen Austausch vornehmen, sind deshalb heute nicht mehr oder bestenfalls nur noch in geringem Umfang möglich. Autobahnen sind dabei das Element mit der größten Tragweite. Sie wirken für scheue Tierarten wie das Rotwild wie Mauern. Neben den Autobahnen stellen aber auch die viel befahrenen Bundesstraßen ein trennendes und oft auch todbringendes Element dar. Neben linearen Elementen können aber auch flächige Elemente, wie Solarparks und Baugebiete, erheblichen Schaden anrichten, wenn sie in der vorfragmentierten Landschaft unachtsam geplant werden. Das Projekt RotWildes MV stellt sich dem entgegen. Wir wollen proaktiv tätig werden und nicht warten, bis es zu spät ist.

Projektziele

Ziel des Projektes RotWildes MV ist es, den genetischen Austausch zwischen den Rotwildpopulationen in Mecklenburg-Vorpommern und den angrenzenden Regionen wiederzubeleben und die Zukunft des Rotwildes im Spannungsfeld der verschiedenen Landnutzungsinteressen langfristig zu sichern. Im Rahmen des Projektes werden ein Rotwildmanagement- und Rotwildwegeplan erarbeitet. Der Rotwildmanagementplan wird Vorschläge für konkrete Bewirtschaftungskonzepte und Maßnahmen zur besseren Vernetzung der Teilpopulationen enthalten, die den genetischen Austausch zwischen den Populationen wiederbeleben und die Zukunft des Rotwildes im Spannungsfeld der verschiedenen Landnutzungsinteressen langfristig sichern. Der Rotwildwegeplan wird die Wanderkorridore des Rotwildes in Kartenform dokumentieren, so dass bereits beeinträchtigte oder verschlossene Bereiche klar er-

kannt und Maßnahmen zur Wiedervernetzung der Populationen zielgerichtet umgesetzt werden können.

Ihr Wissen ist gefragt!

Bitte helfen Sie uns das Rotwild im Nordosten zu schützen und nehmen Kontakt mit dem Projektteam auf, wenn Sie Informationen zu Wanderhirschen, Wanderkorridoren (Fernwechsellern) oder Auffälligkeiten beim Rotwild haben. Dies gilt auch, wenn Sie erst nach der Erlegung festgestellt haben, dass es sich um einen Wanderhirsch gehandelt hat oder der Fall schon längere Zeit zurückliegt. All diese Informationen sind sehr wertvoll für unsere Arbeit und für die Sicherung der Lebensgrundlage des Rotwildes in Mecklenburg-Vorpommern.

Ein wesentlicher Teil des Projektes ist die genetische Analyse der Teilpopulationen im Land. Hierdurch soll die genetische Verfassung der einzelnen Rotwildpopulationen im Land bewertet und untersucht werden, inwiefern es noch Austausch zwischen ihnen gibt.

Probennahme

Zur Untersuchung der Genetik benötigen wir vorzugsweise von jedem erlegten oder verunfallten Stück Rotwild eine Probe. Hierzu sind kleine Gewebestücke, vorzugsweise aus Milz, Lunge, Leber oder sonstigem Muskelgewebe (Zunge, Wildbret) in beschriftetem Frischhaltebeutel tiefzufrieren.

Projektseitig werden über die Hegegemeinschaften Beutel ausgegeben. Die Probenstücke sollten in etwa 2x2x2 cm groß sein bzw. den halben Beutel ausfüllen. Die Beutel übergeben Sie bitte schnellstmöglich an die zuständige Person in ihrer Hegegemeinschaft, bzw. frieren sie bei mind. -15 ° C bis zur Abholung ein und melden die Probe über die Internetseite www.rotwildesmv.de/Genetik-Proben

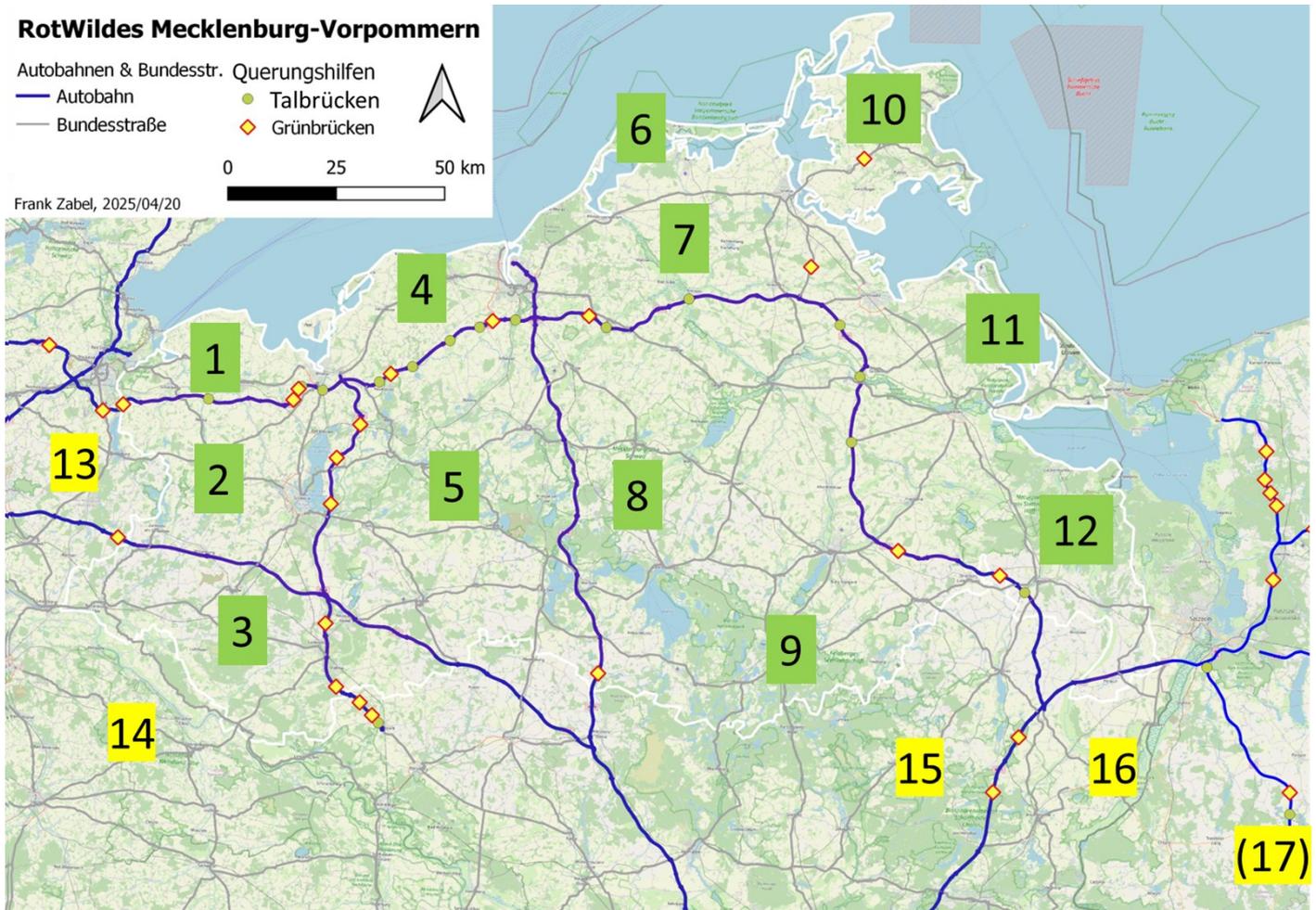
Bitte beachten Sie folgende Punkte: · Immer nur eine Probe pro Beutel · Bitte unbedingt das Messer reinigen, wenn Sie auf der Drückjagd Proben von mehreren Stücken nehmen · Die Proben bitte baldmöglichst einfrieren · Bitte achten Sie auf Auffälligkeiten, wie z.B. Missbildungen und vermerken Sie diese bei der Meldung · Bitte vermerken Sie auch, wenn Sie vermuten Kalb und das dazu gehörende Tier erlegt zu haben. Alle weiteren Informationen zum Projekt finden Sie unter www.rotwildesmv.de

Kontakt:

Projektleitung, Frank Zabel - frank.zabel@rotwildesmv.de

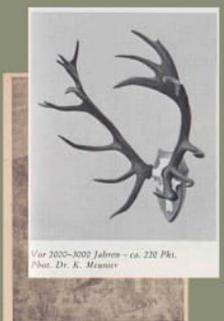
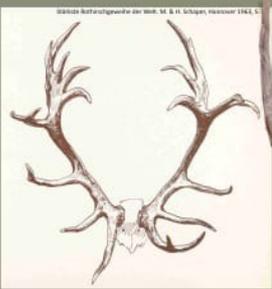
Genetik, Walter Mahnert - genetik@rotwildesmv.de

Karte des Projektgebietes. Das Projekt betrachtet den Rotwildlebensraum Mecklenburg-Vorpommern und die angrenzenden Bereiche in Lauenburg, der Gôhrde, der Schorfheide, der Uckermark und Polen. Karte: Frank Zabel





Hier sehen Sie den restaurierten Gruber Seekoog-Hirsch aus Ausgabe 3. Seine Rettung verdanken wir Herrn Marc Henkel von www.trophaeenservice.com, der das marode Geweih auf eigene Kosten meistergütig restauriert und für die Nachwelt erhalten hat. Eine ausführliche Dokumentation seiner Rettung folgt in der kommenden Ausgabe. DE



Der Gruber-Seekoog-Hirsch

3000 bis 4000 Jahre alt:
Bei Grödenhagerungen in Quast
Hies, Ostobersch, wurde das
10 Pfund schwere Geweih eines
Rennhirsches gefunden. Der
Rothirsch muß nach den Schätz-
ungen vor 300 bis 1000 Jahren
gestorben haben. Der außerordent-
liche Fund des Landwirts Schmitz
wird zunächst in Oldenburg aus-
gestellt; das Geweih wird später
auf der Internationalen Jagd-
ausstellung in den Glanzstücken
gehoben. Fundstücke schätzen, daß
es zu Lebzeiten des Rentieres ein
Gewicht von 24 Pfund hatte.
Während die Wissenschaftler das
Geweih 180 cm hoch, bei ein
Hauptstück mit 30 bzw. 21 cm
als Durchschnitt, zu messen.

März 1961

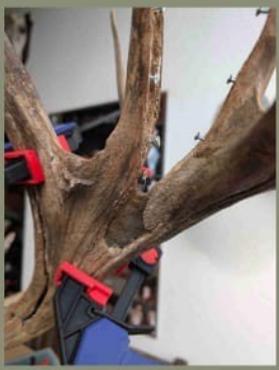


Kronen & Waffen
Trophäenservice & Reparatur

Kronen & Waffen
Trophäen-Service

Marc Henkel

trophaeenservice.com



„Gemeinsam für neue Wechsel in der Rhön“

Unter dem Motto „Gemeinsam für neue Wechsel in der Rhön“ haben sich die Rotwild-Hegegemeinschaften der Rhön in Bayern und Thüringen zusammengefunden, um dem Rotwild im „Land der offenen Fernen“ eine Zukunft zu geben.

Auftakt hierzu war die Mitgliederversammlung im letzten Jahr.

Die AG-Rotwild-Rhön will sich als Plattform zum gegenseitigen Informationsaustausch zwischen den Rotwild-HGen der Rhön verstehen. Diese soll künftig aber auch offen sein, für Vertreter aus Ökologie, Natur-, Artenschutz, Forst und Landwirtschaft.

Ziel ist eine grenzüberschreitende Vernetzung zwischen den einzelnen Akteuren in den genannten Bereichen.

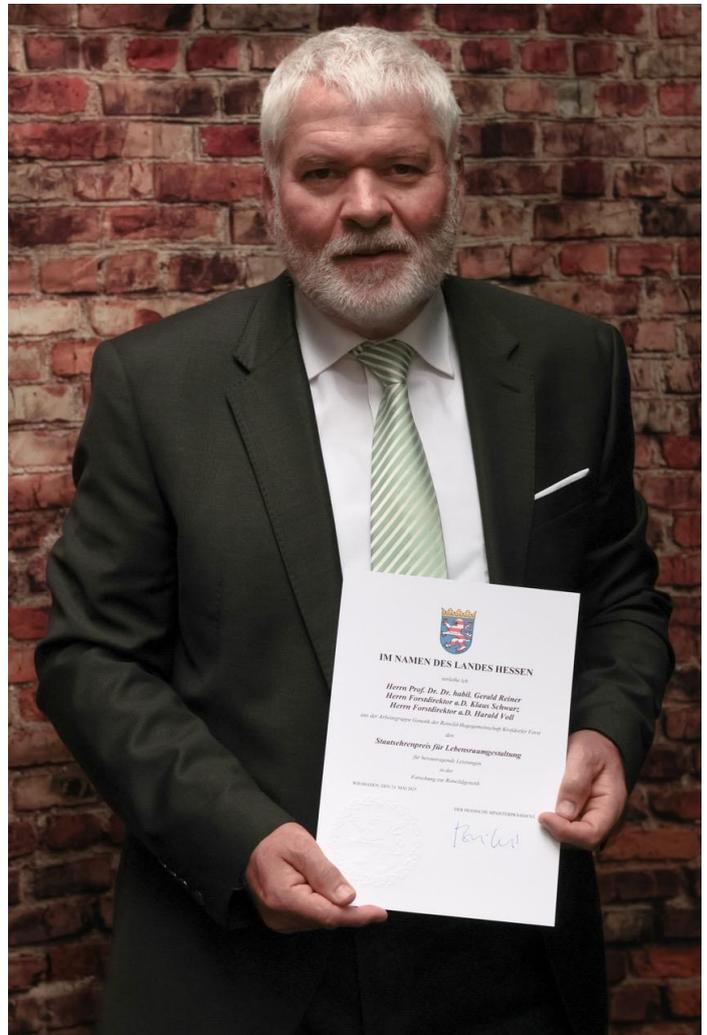
Hierdurch versprechen wir uns eine Bündelung von Aktivitäten, mehr Effizienz und höheres Gewicht in der öffentlichen Diskussion für die Belange des Rotwildes als Teil des Ökosystems der Rhön.

Wie das „Kind“ der HGen sich künftig entwickelt und welche Rechtsform es annimmt, wird einem Diskussionsprozess unterworfen sein, an dem sich alle Mitglieder der Rotwild-HGen beteiligen können.

Klaus Hahner

1. Vorsitzender

Rotwild-Hegegemeinschaft Zillbach-Pless



Der mit dem Staatsehrenpreis geehrte Prof. Reiner. Foto: Privat

Staatspreis für Prof. Dr. Gerald Reiner

Prof. Dr. Dr. habil. Gerald Reiner von der Justus-Liebig-Universität Gießen wurde kürzlich mit dem Hessischen Staatsehrenpreis für Lebensraumgestaltung ausgezeichnet. Die Ehrung erfolgte im Rahmen des hessischen Landesjägartags in Limburg durch Ministerpräsident Boris Rhein und den Landesjagdverband. Gemeinsam mit den Forstdirektoren a. D. Harald Voll und Klaus Schwarz wurde Reiner für seine langjährige Arbeit in der Arbeitsgruppe „Genetik“ der Rotwild-Hegegemeinschaft Krodorfer Forst geehrt. Die Gruppe hat in den letzten 15 Jahren bedeutende Erkenntnisse zur genetischen Isolation von Rotwildpopulationen in Hessen gewonnen und sich für die Einrichtung von Wanderkorridoren eingesetzt, um den genetischen Austausch zu fördern und Inzuchtdepressionen zu vermeiden. Herzlichen Glückwunsch!

FZ



Gruppenfoto mit Referenten, einigen Teilnehmern und dem Organisationsteam des 2. Zukunftsforums Rotwild. Foto: Schmid/DJV

Gemeinsam das Rotwild zukunftssicher machen

Am 7. Mai 2025 fand in Neumünster das zweite Zukunftsforum Rotwild statt. Rund 150 Fachleute aus Jagd, Forst, Wissenschaft und Politik kamen dort zusammen, um gemeinsame Lösungen für den Umgang mit Rotwild in einer zunehmend zerschnittenen Kulturlandschaft zu entwickeln. Die Teilnehmenden reisten aus ganz Deutschland und dem benachbarten Ausland an – ein deutliches Zeichen für das wachsende Interesse an einer zukunftsfähigen Wildbewirtschaftung.

Ziel der Veranstaltung war es, neue Perspektiven und konkrete Ansätze zu finden, wie wir das Rotwild trotz Klimawandel, Waldumbau, steigender Freizeitnutzung und Energiewende sicher durch die Spannungsfelder der verschiedenen Landnutzungsinteressen navigieren, wie der Organisator und Moderator des Forums, Frank Zabel, zu Beginn der Veranstaltung betonte.

Einen tiefen Einblick in die genetische Situation des Rotwildes gab Prof. Gerald Reiner. Er betonte, dass viele Populationen im Sinne der Roten Liste eigentlich als gefährdet gelten müssten. Reduktionsabschüsse hätten die genetische Vielfalt zusätzlich verringert – obwohl die Annahme, dass hohe Wildichten automatisch zu mehr Wildschäden führen, wissenschaftlich nicht haltbar sei. Vielmehr spiele die Lebensraumqualität sowie die Art und Weise der Bejagung eine entscheidende Rolle.

Diese Argumentation knüpfte nahtlos an die Vorträge von Dr. Andreas Kinser und Prof. Dr. Dr. Sven Herzog an. Beide zeigten auf, wie durchdachte jagdliche Strategien – etwa Jagdruhe an Äsungsflächen, fokussierte Bejagung an Schadensschwerpunkten sowie Ruhezeiten im Frühjahr und Januar – zur Entspannung von Konflikten beitragen können. Dr. Kinser hob außerdem die große Bedeutung von Weichhölzern hervor, die vielerorts vernachlässigt oder verdrängt wurden, dabei aber wichtige Funktionen für die Biodiversität und Schadsenkung übernehmen könnten.

Prof. Herzog ergänzte, dass die natürliche Sukzession auf Teilen geschädigter Waldflächen nicht nur ökologisch sinnvoll, sondern auch ökonomisch vorteilhaft sei. Solche Biotope könnten helfen, den Druck auf besonders sensible Kulturen zu verringern.

Ein umfassender Blick auf die räumliche Planung rundete das Fachprogramm ab. Dr. Astrid Sutor erläuterte, wie durch Wildökologische Raumplanung (WÖRP) Zielkonflikte zwischen menschlicher Nutzung und Wildtierbedürfnissen frühzeitig erkannt und gelöst werden können. Praktische Umsetzungsbeispiele lieferte Christian Vorreyer von der Deutschen Wildtier Stiftung. Auf dem Stiftungsgut Klepelshagen gelingt es, Rotwild durch geeignete Maßnahmen tagsüber sichtbar im Offenland zu halten, ohne es in forstliche oder landwirtschaftliche Kulturen zu lenken.

Internationale Impulse kamen von Hans Kristensen aus Dänemark, der über das Rotwildmanagement in Jütland berichtete – ein eindrucksvolles Beispiel dafür, wie auch in anderen Ländern mit ähnlichen Herausforderungen umgegangen wird.

Zum Abschluss des Forums unterstrichen DJV-Präsident Helmut Dammann-Tamke und Rene Greiner, Hauptgeschäftsführer des LJV Baden-Württemberg, die wichtige Rolle der Jagdverbände. Sie seien nicht nur politische Interessenvertretung, sondern auch Informationsplattformen für ihre Mitglieder – insbesondere im Dialog mit anderen Akteuren.

Alle Vorträge und Diskussionen sind auf dem YouTube-Kanal des Deutschen Jagdverbands abrufbar. Das Zukunftsforum Rotwild hat erneut gezeigt, wie wertvoll der interdisziplinäre fachliche Austausch ist.

DE

So nehmen Sie schnell und unkompliziert an der Petition teil

Schritt 1: Die Seite www.change.org/Lebensraum aufrufen

ng?source_location=search

Stopp die Lebensraumzerschneidung



Startdatum 23. April 2024

Warum ist diese Petition wichtig?

Gestartet von [Frank Zabel](#)

Der ungebremste Bau von Straßen, Bahntrassen, Siedlungen, Industrieanlagen und Freiflächenphotovoltaikanlagen verinselt die Lebensräume von wildlebenden Tieren und gefährdet ihren Fortbestand.

Die Lebensräume der Wildtiere werden immer kleiner und Wanderungen zwischen ihnen sind nur noch selten möglich, da die Wege der Tiere durch die o.g. Bauwerke und den dort herrschenden Verkehr verschlossen werden. Bestes Beispiel hierfür ist der Rothirsch, der bereits vielerorts Anzeichen von inzuchtbedingten Missbildungen zeigt.

Die Lebensraumzerschneidung bedroht die biologische Vielfalt, da sie das Artensterben und die genetische Verarmung der Arten befeuert.

Das Problem besteht unabhängig vom Klimawandel, es wird jedoch durch den Klimawandel verstärkt, da landgebundene Tierarten ihrem klimaoptimalen Lebensraum, der sich stetig nach Norden verschiebt, nicht hinterherwandern können. Natürlich sind dies unscheinbare und kleine Tiere, ihre Vielfalt bildet aber die Lebensgrundlage auf unserem Planeten.

Forderungen:

Wir fordern deshalb die sofortige Umsetzung der in §21 des Bundesnaturschutzgesetzes (BNatSchG) definierten Maßnahmen zur Herstellung eines länderübergreifenden Biotoverbunds, den Schutz der

4.060 Unterschriften **5.000** Nächstes Ziel

351 Personen haben heute unterzeichnet

Petition unterschreiben

Vorname

Nachname

E-Mail

Stadt

Land

Postleitzahl

Ja! Ich möchte darüber informiert werden, ob diese Petition erfolgreich ist und wie ich andere wichtige Petitionen unterstützen kann.

Nein. Ich möchte über die Entwicklung dieser Petition und andere Petitionen nicht informiert werden.

Unterschrift und Kommentar nicht öffentlich auf der Petitionseite anzeigen

Petition unterschreiben

Wir verarbeiten Ihre Daten gemäß unseren [Datenschutzbestimmungen](#) und [Nutzungsbedingungen](#).

Schritt 2: E-Mail bestätigen

07:36 1 von 438

Change.org Vor 1 Minute

Frank, bitte bestätigen Sie Ihre E-Mail-Adresse, andernfalls wird Ihre Unterschrift entfernt.

change.org

Hallo Frank,

Bitte bestätigen Sie Ihre E-Mail-Adresse, um Ihre Unterschrift zu der Petition "Stopp die Lebensraumzerschneidung" hinzuzufügen:

Stopp die Lebensraumzerschneidung

Klicken Sie hier und bestätigen Sie Ihre Unterschrift

Schritt 3:

Petition unterstützen



Frank, können Sie 2 € beisteuern, um diese Petition auf die Tagesordnung zu setzen?

Zeitnahe Unterstützung ist entscheidend für den Erfolg einer Petition.

Ihr Beitrag kann Change.org dabei helfen, innerhalb von Stunden neue potenzielle Unterstützer*innen zu erreichen.

Ihre Unterstützung erlaubt es uns, die Petition auf Change.org und über E-Mails zu bewerben.

WIRKUNG
Menschen, die bereits Ihre Unterstützung geleistet haben, haben es ermöglicht, dass diese Petition **345 zusätzliche Unterschriften** sammeln konnte.

Ja, ich gebe 2 €, um diese Petition zu veröffentlichen

Nein, aber ich teile die Petition

Via Kreditkarte oder **PayPal** zahlen

Schließen Sie sich der Community an!

15 Held*innen haben 25 € gegeben, die bis zu 500 neue Unterschriften bringen können.

[Leider kann ich nichts weiter tun](#)

Schritt 4:

Petition unterstützen



Fast fertig! Es fehlt noch ein Schritt. Teilen Sie die Petition.

Großartig! — der nächste Schritt ist das Teilen der Petition, damit viele die Petition zu sehen bekommen.

[Überspringen](#)

Hier können Sie beruhigt diese Option auswählen.

Einreichen von Beiträgen und Fotos

Das Edelwild, das Magazin von und für Edelwildenthusiasten ist ein Magazin von Edelwildenthusiasten für Edelwildenthusiasten. Ziel des Magazins ist es, den Austausch zwischen Praktikern, Wissenschaftlern und sonstigen interessierten Personen zu befördern und ihr Wissen der interessierten Öffentlichkeit zugänglich zu machen. Text- und Bildautoren erhalten keine Vergütung für die von ihnen eingereichten Beiträge.

Bitte beachten Sie, dass das eingereichte Material (Texte, Fotos, usw.) unbedingt frei von Rechten Dritter sein muss. Mit der Übersendung versichern Sie, dass Sie der Urheber (Verfasser, Fotograf) und alleinige Rechteinhaber des eingereichten Materials sind und das kein Dritter Rechte daran erworben hat. Schuldhaftes Unterlassen oder schuldhaftes falsche Zusicherungen können zum Schadensersatz verpflichten.

Folgende Dateiformate werden akzeptiert:

Text: .txt, .doc, .docx, .odt, .rtf

Fotos und Bilder: .jpg, .tiff, .

Insofern die Dateien zu umfangreich für den Versand per E-Mail sind, so nutzen Sie bitte den kostenlosen Service von WeTransfer www.wetransfer.com, sie brauchen sich dort nicht anzumelden, wenn Sie „ich möchte nur Daten versenden“ auswählen. Der Link hierzu befindet sich i.d.R. am unteren Bildschirmrand. Bitte kontaktieren Sie uns, insofern es Probleme mit dem Datentransfer gibt, wir finden dann schon eine Lösung.

Wir brauchen Sie. Das Edelwild ist von und für Edelwildenthusiasten. Das bedeutet aber auch, dass Sie sich einbringen und den Inhalt aktiv mitgestalten! Wir freuen uns auf Ihre Beiträge.



Leserbriefe

Das Edelwild, das Magazin von und für Edelwildenthusiasten und seine Autoren suchen den Dialog mit Ihnen. Hat Ihnen ein Artikel ganz besonders gut gefallen, deckt sich gar mit Ihren persönlichen Erfahrungen oder sind Sie vielleicht gänzlich anderer Meinung, so schreiben Sie uns. Vorzugsweise per E-Mail, aber gerne auch postalisch. Sie erreichen uns über

Leserbriefe@DasEdelwild.de



Wie kann ich „Das Edelwild“ unterstützen?

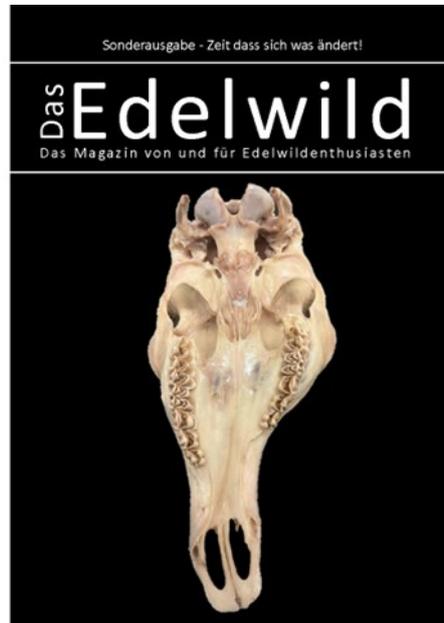
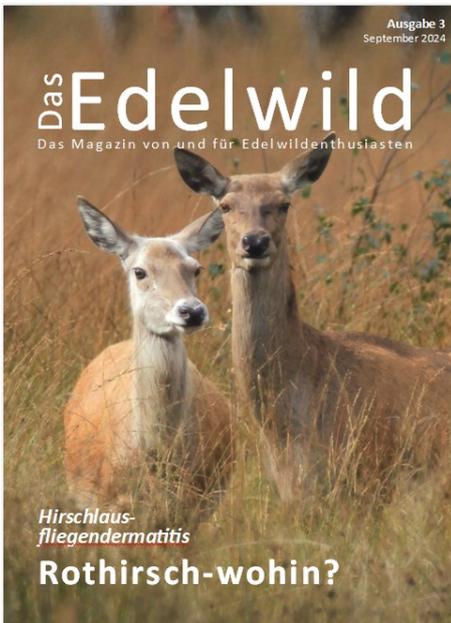
Dieses Magazin ist das Ergebnis der Kooperation vieler Gleichgesinnter, die sich für die Belange der Edelhirsche einsetzen und stark machen. Alle von Ihnen machen dies ehrenamtlich. Wenn Sie diese Arbeit unterstützen wollen, so freuen wir uns sehr darüber. Dies hilft ggf. die Kosten etwas zu decken, die abseits der Zeit bei der Produktion und Verbreitung eines solchen Magazins anfallen.

Am einfachsten unterstützen Sie unsere Arbeit als Werbepartner oder aber über eine Spende an das Paypal-Konto:

Paypal@DasEdelwild.de

Verpassen Sie keine Ausgabe

Wenn Sie sichergehen wollen, dass Sie keine Ausgabe von Das Edelwild verpassen, dann lassen Sie sich ganz einfach in unseren E-Mail-Verteiler aufnehmen. Eine E-Mail mit dem Betreff „Abo“ an Redaktion@DasEdelwild.de reicht hierzu schon aus. Ihnen entstehen hierdurch keine Kosten und wir belästigen Sie natürlich auch nicht mit Werbung.



Impressum & Kontakt



Das Edelwild, - Das Magazin von und für Edelwildenthusiasten erscheint voraussichtlich zweimal jährlich im Selbstverlag durch den Inhaber, Herausgeber und Chefredakteur Frank Zabel.

Sitz der Redaktion: Holunderweg 1, 24628 Hartenholm, Deutschland

Kontakt: Redaktion@DasEdelwild.de

Editorial board: Forstdirektor a.D. H.-A. Hewicker, Dr. C. Schadendorf, Walter Mahnert, Frank Zabel

Layout & Gestaltung: Frank Zabel,

Autorenkürzel: CS = Christian Schadendorf, HAH = Hans-Albrecht Hewicker, HK = Hans Kristensen, RG = Rene Greiner, WM = Walter Mahnert, FZ = Frank Zabel, DE = Redaktion,

www.DasEdelwild.de



Das Edelwild
Das Magazin von und für Edelwildenthusiasten



Foto: Henning Neuhoff