

Anne Hartig & Siegfried Klaus

# Wiederbesiedelungsdynamik und genetische Charakterisierung des Bibers *Castor fiber* L. an der Mittleren Saale

Dem Andenken an Dr. Dietrich Heidecke † gewidmet.

## Zusammenfassung

Der Eurasische Biber *Castor fiber* überlebte die großflächige Ausrottung durch den Menschen im 18./19. Jahrhundert nur in wenigen, kleinen Reliktvorkommen. Durch andauernde Schutzmaßnahmen und Wiederansiedlungsprojekte sind Biber heute in vielen Ländern Europas wieder auf dem Vormarsch. Neben dem autochthon vorkommenden Elbebiber existieren in Deutschland auch Populationen gemischten Ursprungs, die auf zahlreiche Auswilderungen zurückgehen. Nach der Ausrottung des Bibers in Thüringen bereits um 1600 konnten 2006/2007 erste beständige Biberreviere an der Thüringer Saale nachgewiesen werden. Die folgende Ausbreitung flussaufwärts wurde über die Jahre lückenlos dokumentiert. Ziele der Arbeit waren die Klärung der Unterartenfrage, mögliche Herkunft und Wiederbesiedelungsdynamik des Bibers in Thüringen. Dies wurde mit einer Kombination aus Beobachtungsdaten und genetischen Analysen von Haarproben bearbeitet. Mitochondriale Haplotypen aus einer Kontrollregion und Mikrosatellitenanalysen der Kern-DNA wurden mit früheren Studien verglichen. Damit konnte der Unterartenstatus überprüft und Hinweise auf die Abstammung der Biber gewonnen werden.

Die genetische Untersuchung ergab, dass die Biber in der Saale nicht von der sich ausbreitenden Elbebiberpopulation abstammen. Es ergab sich eine hohe Ähnlichkeit mit der Mischpopulation aus Bayern, deren Tiere teilweise auch nach Hessen eingewandert sind. Ob eine Einwanderung aus Bayern oder nicht dokumentierte Auswilderung stattgefunden hat, konnte nicht geklärt werden. Ein Hybrid dieser Population mit einem Elbebiber wurde an der Roda nachgewiesen. Die Kontaktzone mit der autochthonen Unterart wird in Sachsen-Anhalt vermutet.

## Key words

Eurasian beaver, *Castor fiber*, River Saale, genetic studies, subspecies

## Abstract

### Dispersal pattern and genetic characteristics of beaver *Castor fiber* along River Saale

The Eurasian beaver *Castor fiber* survived the near-extinction due to overhunting in the 18<sup>th</sup>/19<sup>th</sup> century in few, small relict populations. Nowadays, beavers are established in many European countries due conservation measures and reintroduction projects. In Germany, the autochthonous *Castor fiber albicus* is present along with several populations of mixed origin based on numerous releases. First established beaver territories along the River Saale in Thuringia, Germany, were recorded in 2006/2007. The successive upstream spread was monitored over the years and used as basis for the current study. The objective of the current study is the clarification of the subspecies status and origin of the beavers. A combination of the monitoring data and genetic analyses of non-invasive hair samples was used. Mitochondrial haplotypes of the control region and microsatellite analyses of nuclear DNA could be compared with previous studies to examine the subspecies state. The genetic analyses disproved the descent of the Thuringian beavers from *Castor fiber albicus*. However, similarity to the mixed population in Bavaria and Hesse could be detected. Whether an unobserved migration or an unrecorded release occurred could not be clarified. Nevertheless, one single individual in the tributary river Roda was identified as hybrid with *Castor fiber albicus*. The suggested contact zone of the Thuringian Saale-beaver with the autochthonous subspecies is situated in Saxony-Anhalt. Consequences of this hybridization could not be evaluated in this study and require further researches.

## EINLEITUNG

Nach etwa 400 Jahren der Abwesenheit kehrte der Europäische Biber (im Weiteren Biber) *Castor fiber* (Abb. 1) nach Thüringen zurück. Auch hier wurde der ursprünglich weitverbreitete Biber im Mittelalter als Schädling aber auch aufgrund der Nutzung als Fastenspeise stark bejagt. Zudem waren Fell

und Bibergeil hoch begehrt (ZAHNER et al. 2005; DIEBERGER 2003; DJOSHKIN & SAFONOW 1972; WILSON 1858). In Coburg wurden 1609 die letzten vier Biber (wahrscheinlich nach Fang im Thüringer Umland) auf einer Hofjagd erlegt (HESS 1898). Erste Beobachtungen von Einzeltieren nach der Ausrottung gab es 1992 (KLAUS & LEO 1995) und 2002 (BERWING & KLAUS 2003). Diese konnten

sich jedoch nicht etablieren. Erst 2006 konnten nahe Nordhausen und 2006/2007 an der Saale dauerhafte Biber-Ansiedlungen bestätigt werden (GENSSLER 2007a; KLAUS et al. 2007). Die Ausbreitung der Biber in Thüringen wird seitdem im Artenerfassungsprogramm der TLUG dokumentiert (KLAUS & ORLAMÜNDER 2015; KLAUS 2011).



Abb. 1: Der Eurasische Biber *Castor fiber* am Ausstieg an der Saale bei Camburg. Die Art besiedelt die Saale inzwischen immer weiter flussaufwärts nachdem er hier lange Zeit ausgerottet war. (Aufn. S. Klaus 15.07.2008)

Nach den ersten Revierfunden entlang der nördlichen Grenze Thüringens wurde davon ausgegangen, dass es sich um eine natürliche Wiederbesiedelung von Tieren aus der autochthonen Reliktpopulation an der Elbe handelte (KLAUS et al. 2007). Der Elbebiber *Castor fiber albicus* wird in der Literatur als eine von fünf Unterarten aufgelistet (HALLEY & ROSELL 2003; NOLET & ROSELL 1998). Die Unterarten werden hauptsächlich nach ihren Reliktorkommen benannt (GABRYŚ & WAŻNA 2003). Neben dem Elbebiber sind das die Biber aus dem Rhone-Delta (Frankreich), der Telemark (Norwegen), des Dnjepr Flusssystem (Weißrussland und Ukraine) und des Woronesch-Don-Flusssystem (Russland). Die Unterarten unterscheiden sich nur sehr gering durch mitochondriale DNA-Haplotypen, wie neuere genetische Untersuchungen belegen (DUCROZ et al. 2005; DURKA et al. 2005).

Die Wiederbesiedelung Thüringens war nur eine Frage der Zeit, kam der Biber doch bereits in allen umliegenden Bundesländern vor. In Sachsen-Anhalt und Sachsen breitet sich der Elbebiber zunehmend auf natürlichem Wege aus (GENSSLER 2007b; GÖRNER 2007; HEIDECHE & IBE 1997; HEIDECHE 1984). In Bayern wurden 1966 auf Initiative von WEINZIERL (1973) Biber von der Rhone, aus Südnorwegen und aus Woronesch an der Donau ausgesetzt. Diese breiteten sich

über ganz Bayern aus und erreichten auch Teile von Hessen und Thüringen (UNGER et al. 2016; BERWING & KLAUS 2003). Im hessischen Spessart wurden zusätzlich Elbebiber ausgewildert (LANGER 1995). Die zunehmende Ausbreitung der Biber in ganz Deutschland macht die Situation in Thüringen besonders spannend. Es bot sich die Möglichkeit, die natürliche Wiederbesiedelung eines Flusslaufs von Anfang an zu dokumentieren und so Ausbreitungsstrategien des Bibers zu studieren.

### AUFGABENSTELLUNG

Im Rahmen der Masterarbeit der Erstautorin dieses Beitrags (CZIOMMER 2015) wurden im Zeitraum 2014/2015 die bis dahin bekannten Biberreviere entlang der Mittleren Saale sowie ihrer Nebengewässer in Thüringen überprüft. Die Chronologie der Wiederbesiedelung und die Ausbreitungsdynamik sollten anhand der vorhandenen Daten der Thüringer Landesanstalt für Umwelt und Geologie (TLUG) untersucht werden. Zusätzlich sollten genetische Untersuchungen eine mögliche Zuordnung zu den Unterarten aufdecken. Im Hintergrund stand auch die Frage, ob Elbebiber die Mittlere Saale erreicht haben. Ihr nächstes Vorkommen liegt bei Weißenfels nur etwa 40 Flusskilometer saaleabwärts. Die Grenzen des Elbebi-

berareals und die der Mischpopulationen sind der aktuellen Verbreitungskarte von HEIDECHE (†), SCHUMACHER, TEUBNER & TEUBNER (2012; unveröff.) zu entnehmen (morphologische Differenzierung durch Heidecke, pers. Mitt.). Hinzu kommen genetische Analysen von elf Totfunden aus Thüringen seit dem Jahr 2006. Alle diese Tiere wurden der Unterart Rhone-Biber *Castor fiber galliae* zugeordnet (HORN et al. 2010; HECK et al. 2009; Radon, pers. Mitt.). Sollten dennoch Elbebiber im Untersuchungsgebiet vorkommen, wäre eine Mischung beider Unterarten wahrscheinlich. Die aktuelle Untersuchung sollte daher einen Aufschluss über den Unterartenstatus und eine eventuelle Hybridisierung geben.

### UNTERSUCHUNGSGBIET UND METHODIK

Das Untersuchungsgebiet umfasst alle bis dahin bekannten Biber-Revire der Mittleren Saale von Tauschwitz-Kaulsdorf im Süden bis Großheringen im Norden. Zu Beginn der Arbeit im Juli 2014 waren 18 Reviere entlang der Saale sowie drei Reviere an den Nebengewässern Etzelbach, Ilm und Roda bekannt und an der TLUG dokumentiert (Arealkarte in KLAUS & ORLAMÜNDER 2015; KLAUS 2011). Alle Reviere wurden mehrfach begangen, um die aktuelle Besetzung zu überprüfen. Direkte Beobachtungen sowie Baue, Ausstiege, Pfade, Nagespuren und Fraßplätze dienten dabei der Ermittlung der Aktivitätszentren. Zusätzlich wurde auf die bereits dokumentierten Beobachtungen zurückgegriffen, um die Chronologie der Wiederbesiedelung zu erfassen.

### Gewinnung der Proben

In die genetische Untersuchung gingen Haarproben, gesammelt über eine nicht-invasive Methode, ein. Dazu wurden an Biberpfaden bzw. Ausstiegen Haarfallen, kleine Tore mit Stacheldraht (HERR & SCHLEY 2009), aufgestellt und wöchentlich kontrolliert. In zwei Revieren sind die Fallen freistehend installiert und mit Ethanol verdünntem Bibergeil (Castoreum) präpariert worden. Der Stacheldraht wurde in etwa 25 cm Höhe locker an zwei Holzpfeilen befestigt, um eine Verletzung der Tiere zu vermeiden. Bei der

Nutzung eines Pfades mit Haarfalle blieben kleine Büschel von 20 bis 30 Haaren der Unterwolle und ein bis drei Deckhaare zur Beprobung hängen. Gelegentlich kamen Wildkameras zur Überprüfung der Nutzung der Fallen zum Einsatz. Fallenorte wurden so abgelegen gewählt, dass Verletzung von Mensch und Haustier ausgeschlossen waren. Zwei Reviere in Jena wurden daher nicht bestückt.

**Genetische Analysen**

Die genetischen Analysen der Haarproben aus den verbliebenen 16 Revieren fanden unter fachlicher Anleitung durch das Fachgebiet Naturschutzgenetik im Senckenberg Forschungsinstitut statt.

Die angewandten Verfahren folgten der Methodik von FROSCH et al. (2014), die mit einer Artbestimmung anhand mitochondrialer DNA beginnt (ALTSCHUL et al. 1990). Anschließend wurden die Biber-Proben bis zur Stufe der Unterart anhand des mitochondrialen Haplotypen untersucht (BENSON et al. 2015). Ein Haplotyp ist ein haploider (einfacher) Gensatz. Die Mitochondrien werden von der mütterlichen Seite vererbt. Der mitochondriale Haplotyp beschreibt also nur den einfachen Gensatz des Muttertiers. Der Gensatz des Vaters wird nicht berücksichtigt.

Die Erkennung einer möglichen Hybridisierung von Unterarten gelingt mit der

Mikrosatelliten-Analyse. Mikrosatelliten sind sich wiederholende DNA-Sequenzen. Grundsätzlich treten sie zufällig und zahlreich im Genom auf, sind hoch divers und werden für zahlreiche genetische Studien genutzt (LI et al. 2002; BENNETT 2000). Für die Zuordnung zu Unterarten wurden als Kontrollen Haar- bzw. Gewebeproben aus dem sachsen-anhaltinischen Elbebiber-Areal (aus Dessau A1 und Bad Kösen A2) und von Kadavern aus dem Phyletischen Museum Jena (A3, A4, A5) untersucht und mit Referenzdaten aus Bayern und Baden-Württemberg, Ostdeutschland, Hessen und der Schweiz (FROSCH et al. 2014) verglichen. Das Elbebiber-Areal wurde nach HEIDECHE (†), SCHUMACHER, TEUBNER & TEUBNER (2012;

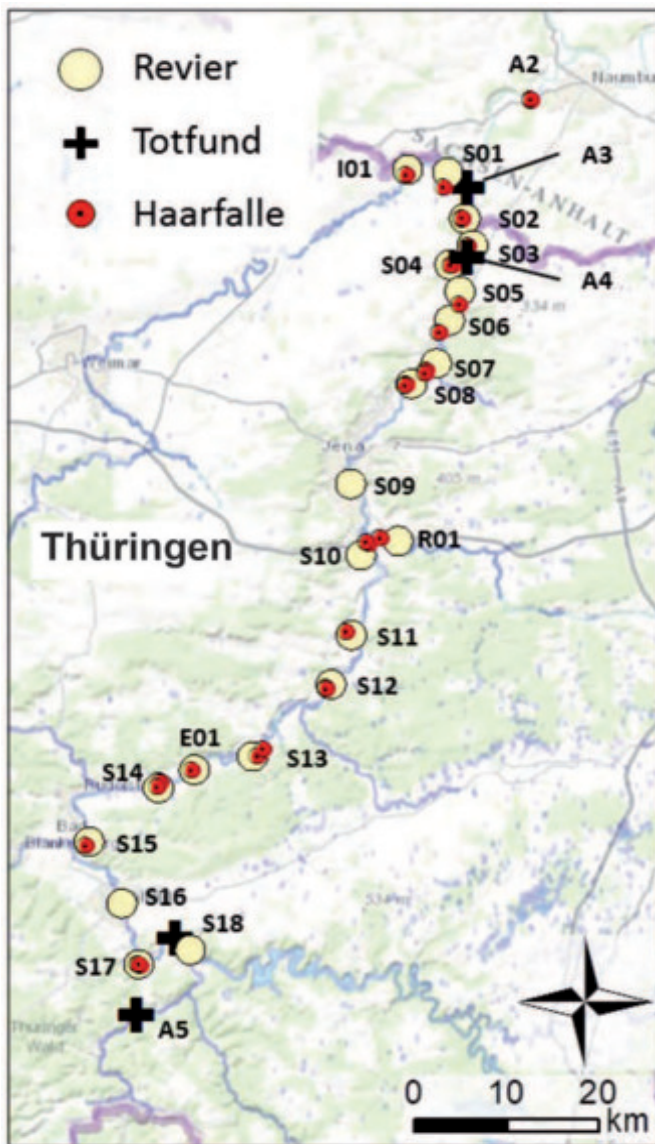


Abb. 2: Übersicht über die Biberreviere und Fallenstandorte im Untersuchungsgebiet. A2 bis A5 beschreiben Referenzdaten (Details siehe Text). Die Reviere entlang der Saale (S) und ihrer Nebengewässer Ilm (I), Roda (R) und Etzelbach (E) sind von Nord nach Süd durchnummeriert. (Kartengrundlage: Copyright © Esri)

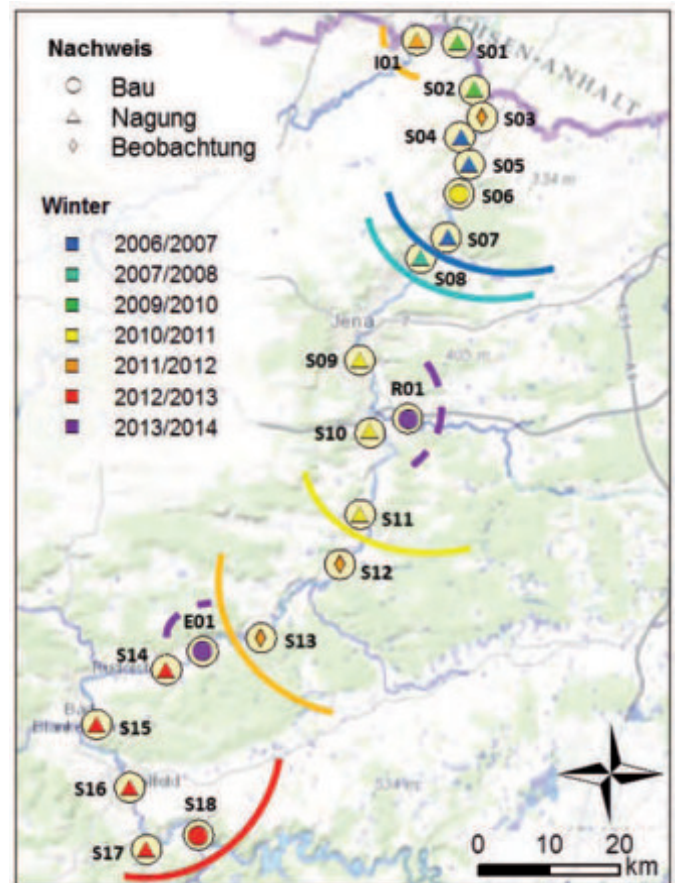


Abb. 3: Daten der Erstbeobachtungen von Biber-Revieren entlang der Saale (S) und der Nebengewässer Ilm (I), Roda (R) und Etzelbach (E) in Thüringen. Die Art der Beobachtung und das Jahr der ersten bekannten Sichtung sind mittels verschiedener Symbole und Farben dargestellt. Die farbigen Linien zeigen die südlichste Ausbreitung entlang der Saale pro Jahr. Gestrichelte Linien gelten entsprechend für die Nebengewässer. (Datengrundlage: TLUG, Kartengrundlage: Copyright © Esri)

unveröff.) abgegrenzt. Die Auswertung erfolgte durch verschiedene Computerprogramme wie STRUCTURE, CLUMMP und STRUCTUREHARVESTER.

## ERGEBNISSE

Alle hier dargestellten Ergebnisse sind, soweit nicht anders erwähnt, von den Autoren erhobene Daten. Die Karten wurden mit der ArcGIS®-Software von Esri® erstellt.

### Revierbesetzung

Im Rahmen der Masterarbeit konnten in allen 18 bekannten Revieren Bibern nachgewiesen und deren aktuelle Besetzung damit bestätigt werden. Abbildung 2 zeigt die Lage der Reviere entlang der thüringischen Saale und ihrer Nebengewässer. Mit Hinblick auf die folgende genetische Untersuchung sind auch die Positionen der Fellfallen und Kontrollproben-Orte dargestellt. Neben den o. g. Kontrollorten sei Bad Kösen als nächstes Biber-Revier in Sachsen-Anhalt hervorgehoben (A2). Dieses Revier ist seit 2005 ununterbrochen besiedelt (B. Wittig, pers. Mitt.) und stellt eine wichtige Verbindung der thüringischen Reviere zum Elbebiber-Gebiet dar.

### Chronologie der Ausbreitung entlang der Saale

In Abbildung 3 sind die Etappen der Biber ausbreitung im Untersuchungsgebiet als Ergebnis jährlicher Begehungen des Flusssystem und Meldungen von Nachweisen an die TLUG (KLAUS & ORLAMÜNDER 2015; KLAUS 2011) dargestellt. Mit jedem Winter konnten neue Biber-Reviere stromaufwärts der Saale bzw. ihrer Zuflüsse dokumentiert werden (KLAUS, Kartierungen im Rahmen

der FFH-Berichterstattung 2007–2014, unveröff.).

Interessant ist die Ausbreitungsdynamik im Untersuchungsgebiet. Abbildung 4 zeigt die maximale Distanz jeder Neuansiedlung zum nächstgelegenen besiedelten Revier nach der Methode von FUSTEC et al. (2001). Dabei wurde die Entfernung zwischen benachbarten Aktivitätszentren der Reviere als Grundlage genommen. Ein Großteil aller Neuansiedlungen fand im Abstand bis zu 15 km von existierenden Revieren statt. Die durchschnittliche Entfernung der Neuansiedlungen im Untersuchungsgebiet beträgt 13,5 +/- 9,4 km pro Jahr.

### Artbestimmung durch Nutzung des mitochondrialen Haplotypen

Der Einsatz von Haarfallen war in jedem Revier erfolgreich und erlaubte die Bestimmung weiterer Säugetierarten. Besonders die Nachweise des neu eingewanderten Fischotters waren wertvoll. Eine stichprobenartige Überwachung mit Wildkameras bestätigte die Benutzung der Biber ausstiege auch durch andere Wildtiere.

Für die genetischen Untersuchungen wurden von Juli 2014 bis Februar 2015 insgesamt 98 Haarproben in 16 Revieren gesammelt (siehe Abb. 2). Zusammen mit drei Gewebeprobe aus dem Phyletischen Museum Jena und Referenzmaterial von FROSCHE et al. (2014) lagen 101 Proben zur anfänglichen Artbestimmung vor. Abbildung 5 fasst

die Ergebnisse zusammen: In 83 Fällen handelte es sich um Biber-DNA. Aber auch Waschbär *Procyon lotor* (n = 8), Rotfuchs *Vulpes vulpes* (n = 4), Fischotter *Lutra lutra* (n = 2), Dachs *Meles meles* (n = 1), Rehwild *Capreolus capreolus* (n = 1) und Haushund *Canis lupus familiaris* (n = 1) wurden identifiziert.

Von 70 Biberproben war die Ermittlung des mitochondrialen Haplotypen erfolgreich. Alle Tiere sind der Unterart Rhone-Biber zuzuordnen. Nur eine einzige Probe von der Roda im mittleren Teil des Untersuchungsgebietes enthielt eindeutig Elbebiber-DNA.

### Mikrosatelliten-Analyse

Die Analyse von zehn Mikrosatelliten ergab insgesamt 43 verschiedene Biber-Individuen in den Proben aus dem Untersuchungsgebiet. Zur Einordnung dieser Thüringer Proben erfolgte ein Vergleich mit ausgewählten Referenzdaten von FROSCHE et al. (2014). Die Autoren untersuchten Individuen u. a. aus Ostdeutschland (Elbebiber), Bayern und Baden-Württemberg (gemischte Herkunft durch Auswanderung), Hessen (z. T. ausgesetzte Elbebiber) und Schweiz (Rhone-Biber). Abbildung 6 zeigt die berechnete Gruppenzugehörigkeit der 43 Individuen des Untersuchungsgebietes und der Referenzdaten. Die Anzahl der Farben in der Abbildung entspricht der Anzahl der berechneten Gruppen (K) anhand der Ähnlichkeit der ermittelten Mikrosatelliten.

Mit der Mikrosatellitenmethode ließen sich nicht alle Individuen des Thüringer Untersuchungsgebietes eindeutig einer Unterart zuordnen. Sie deuten auf eine gemischte Herkunft hin, da fast jede Berechnung eine Gruppe mit Individuen aus Bayern, Teilen von Hessen und der Schweiz ergab. Das Individuum mit dem Haplotypen des Elbebibers weist als einziges überhaupt einige Allele der autochthonen Elbebiber-Population auf. Diese kommt entsprechend der Referenzdaten von FROSCHE et al. (2014) ausschließlich in Ost-Deutschland und Teilen Hessens vor. Der Anteil von 50% Elbebiber-Allele belegt zusammen mit dem mitochondrialen Haplotypen, dass das Tier einen Elbebiber als Mutter hatte. Die Genetik des Vaters ist gemischter Herkunft, wie auch aller anderen Tiere im Untersuchungsgebiet.

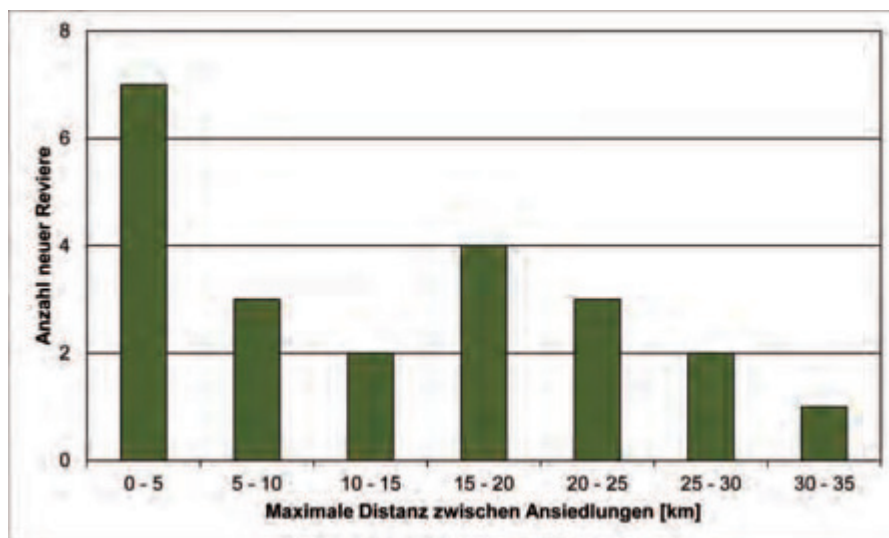


Abb. 4: Häufigkeit der maximalen Distanz zwischen Neuansiedlungen entlang der Saale in Thüringen. Distanzen sind als Luftlinie von jedem entdeckten Revier zum nächstgelegenen bekannten Revier gemessen. Die Einteilung erfolgt in 5 km-Kategorien (FUSTEC et al. 2001).

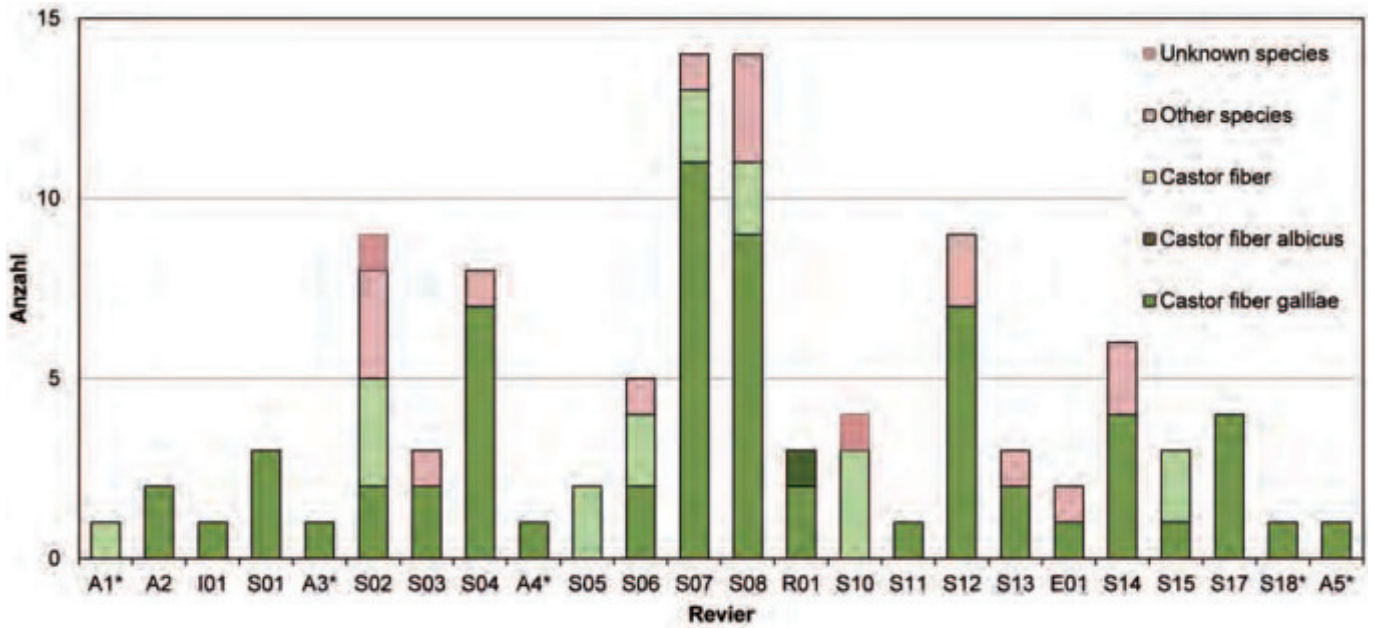


Abb. 5: Die Artbestimmung basiert auf mitochondrialen Haplotypen. Insgesamt wurden 101 Proben untersucht: nicht-invasive Haarproben aus Biber-Reviere im Untersuchungsgebiet sowie Referenzmaterial (A1-A5). \* markiert Proben von Totfunden. Die Reviere sind von Nord nach Süd aufgelistet. Die Buchstaben sind Kürzel für Saale (S), Ilm (I), Roda (R) und Etzelbach (E).

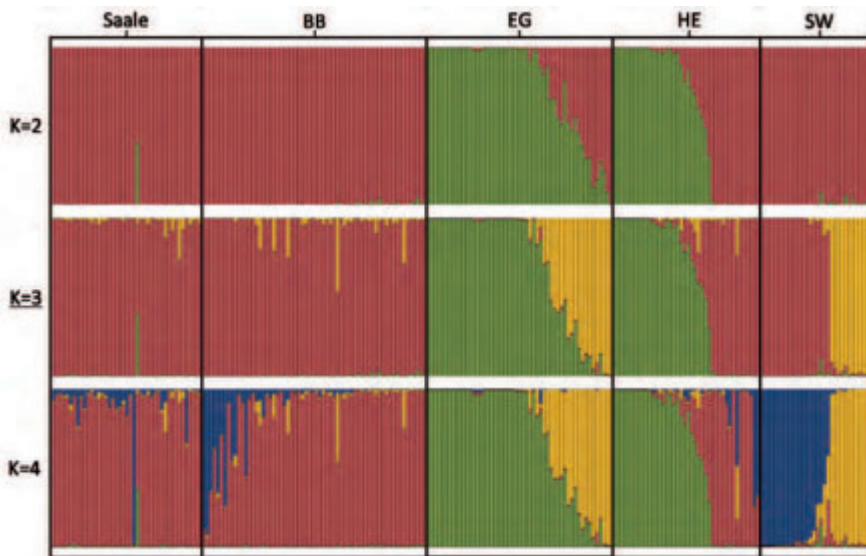


Abb. 6: Zugehörigkeitswahrscheinlichkeiten zu Gruppen ähnlicher Mikrosatelliten-Zusammensetzung für Individuen des Untersuchungsgebietes (Saale) und der Referenzdaten, publiziert von FROSCHE et al. (2014): Bayern (BB – gemischte Herkunft), Ost-Deutschland (EG – Elbebiber), Hessen (HE – z. T. ausgewilderte Elbebiber) und der Schweiz (SW – Rhone-Biber). Wahrscheinlichkeiten berechnet und ausgewertet mit den Programmen STRUCTURE, CLUMPP und STRUCTUREHARVESTER. K beschreibt die Anzahl unterschiedlicher Gruppen. Die wahrscheinlichste Gruppen-Anzahl nach STRUCTUREHARVESTER ist unterstrichen dargestellt. Jeder Balken stellt ein Individuum und jede Farbe eine Gruppe dar.

**DISKUSSION**

**Revierbesetzung**

Die Zunahme der Biberbesiedlung im Untersuchungsgebiet und die fortschreitende Ausbreitung bestätigen die hohe Habitatqualität entlang der Saale

und ihrer Nebengewässer. Dadurch werden frühere Untersuchungen an der Saale und Unstrut hinsichtlich ihrer Eignung als potenzielle Biberhabitate zu einer Zeit vor dem ersten, aktuellen Bibernachweis bestätigt (Arbeitsgruppe Artenschutz 2003, 2004).

**Chronologie der Ausbreitung entlang der Saale**

Die Auswertung der Erstbeobachtungen aller Reviere stützt die Befunde von KLAUS (2011) und KLAUS & ORLAMÜNDER (2015), dass die Mittlere Saale mit den Zuflüssen über die Jahre stromaufwärts besiedelt wurden. Die beobachtete durchschnittliche Entfernung der Neuan-siedlungen von 13,5 km pro Jahr ist ähnlich der in der Literatur bekannten Werte aus Schweden (12 bis 19,7 km pro Jahr, HARTMAN 1995), der Tschechischen Republik (15,5 +/- 9,4 km pro Jahr, JOHN et al. 2010) und Frankreich (8,8 +/- 12,8 km pro Jahr, FUSTEC et al. 2001).

**Artbestimmung durch Nutzung des mitochondrialen Haplotyps**

Besonders bemerkenswert ist, dass die Referenzproben aus dem nächsten Biber-Revier in Sachsen-Anhalt (bei Bad Kösen, A2 in der Abb. 4) nicht wie erwartet den mitochondrialen Haplotypen des Elbebibers, sondern den des Rhone-Bibers aufweisen. Da das Revier jedoch seit 2005 durchgängig besiedelt ist, muss die Kontaktzone zwischen den festgestellten Unterarten weiter stromabwärts in Sachsen-Anhalt liegen, denn an der Mittleren Saale gab es erste Nachweise erst 2006 / 2007. Nach HEIDECHE (unveröff.) ist der Saaleabschnitt (mit Totarmen) bei

Leißling seit Jahrzehnten vom Elbebiber (Heidecke, pers. Mitteilung) besiedelt. Eine genetische Analyse erfolgte dort aber bisher unseres Wissens nicht. Heidecke hat Elbebiber aber nach Schädelmaßen von anderen Unterarten getrennt. Die Präsenz der Biber bei Leißling wurde durch die Autoren dieses Beitrages in den Jahren 2014–2016 bestätigt.

### Mikrosatelliten-Analyse

Fast alle ermittelten Individuen sind in ihrer Mikrosatelliten-Zusammensetzung ähnlich der bayrischen Population, welche sich schon bis Südthüringen und in Teile von Hessen ausgebreitet hat (siehe FROSCHE et al. 2014). Dieser Befund entspricht der genetischen Mischpopulation von Bibern aus dem Wiederansiedelungsprojekt in Bayern (WEINZIERL 1973). Die Population ist so stark durchmischt, dass in der aktuellen Untersuchung kein Hinweis auf die verschiedenen Ursprünge der Gründerpopulation darstellbar war (vergl. ZÄHNER et al. 2005).

Diese Arbeit erbrachte den genetischen Beleg einer Hybridisierung der Biber unklarer Herkunft mit dem autochthonen Elbebiber. Das zeigt auch, dass Elbebiber den Weg durch bereits besetzte Biber-Reviere saaleaufwärts finden oder Hybriden aus der entfernten Kontaktzone weit gewandert sind. Genetischer Austausch wurde somit bewiesen. Unsere Resultate deuten darauf hin, dass die Hybridisierungszone vermutlich in Sachsen-Anhalt liegt. Um den Hybridisierungsprozess genauer zu verstehen, wären weitere Untersuchungen, besonders in Sachsen-Anhalt, wünschenswert. Jedoch ist zu beachten, dass die geringfügigen Unterschiede in der DNA die Unterartengliederung des Bibers sogar gänzlich in Frage stellen könnten (z. B. DURKA et al. 2005; MORITZ 1994). Um wirklich aussagekräftige Ergebnisse zu Abstammungslinien von Biberpopulationen zu erhalten, müssen die genetischen Methoden weiter optimiert werden. Nur mit einem ausreichend großen, differenzierten Satz an Mikrosatelliten ließe sich die Herkunft und damit die Ausbreitungsdynamik der Biber zweifelsfrei belegen.

### Herkunft der im Untersuchungsgebiet siedelnden Biber

Die Ergebnisse dieser Arbeit sollten u. a. zur Klärung der möglichen Herkunft

der Biber im Thüringer Saalebereich beitragen. Entgegen der anfänglichen Annahme, kann die stromaufwärts erfolgte Wiederbesiedlung allein durch den Elbebiber ausgeschlossen werden. Keiner der untersuchten Biber im Gebiet lässt sich dieser autochthonen Unterart zweifelsfrei zuordnen. Ein Hybrid mit dem Elbebiber an der Roda deutet aber auf eine Kontaktzone im Bereich der Saale hin. Die belegte Ausbreitung an der Mittleren Saale stromaufwärts lässt den Schluss auf zwei weitere Hypothesen zu. Die Wiederbesiedlung könnte auf eine unbekannte Aussetzung oder unbemerkte Langstrecken-Wanderungen aus Gebieten mit Mischpopulationen zurückzuführen sein. Diese Frage muss offen bleiben.

Die natürliche Einwanderung von Bibern aus Bayern von Süd nach Nord, aus Oberfranken nach Südthüringen, steht außer Frage und wird auch durch die Verbreitungskarte (KLAUS & ORLAMÜNDER 2015) und die Arbeit von UNGER et al. (2016) ausreichend belegt. Totfunde vom Rhone-Biber-Haplotyp aus der Wisenta und Loquitz (pers. Mitt. Umweltamt Saale-Orla-Kreis) beweisen außerdem, dass die obere Saale, oberhalb der Talsperren, von Bayern aus besiedelt wurde.

Völlig unabhängig von allen Herkunftshypothesen steht außer Zweifel, dass Elbebiber und bayrischer Biber im Saalebereich aufeinander treffen. Der Nachweis genetisch gemischter Biber, mindestens seit 2005 bei Bad Kösen, lässt uns die Kontaktzone in Sachsen-Anhalt vermuten.

Unabhängig von der Unterartenfrage – und damit der Herkunft der thüringischen Biber – ist der Biber in den FFH-Anhängen II und IV gelistet und nach dem Bundesnaturschutzgesetz eine streng geschützte Art. Nachdem der Elbebiber mit einer Restpopulation von nur 100 bis 200 Individuen einen genetischen „Flaschenhals“ durchlaufen hat, ist eine Mischung verschiedener Herkünfte, die an Saale und Werra ohnehin unausweichlich ist, bezüglich der genetischen Vielfalt eher als Bereicherung zu werten. Diese Biberpopulation dürfte der historischen Situation viel mehr entsprechen und Lebens-

raumänderungen z. B. durch Klimaänderung viel leichter verkraften (z. B. FROSCHE et al. 2014; Nowack, pers. Mitt.).

### DANK

Für die Vergabe des Themas und fachliche Unterstützung danken wir Stefan Halle (Institut für Ökologie, FSU Jena). Für weitere Bibernachweise sei Markus Orlamünder (NABU Thüringen), Michael Unruh (Biosphärenreservat Mittelbe), Bernhard Wittig, Wilfried Matz, Matthias Krüger (Phyletisches Museum Jena), Dirk Rappmann (Umweltamt Landkreis Saalfeld), Karl-Andreas Nitzsche, Katrin Wolf und Hans-Joachim Hahn (TLUG), Andreas Richter, Alfred Lingelbach und Nancy Buchholz (Landesamt für Vermessung und Geoinformation), Frank Radon (Umweltamt Saale-Orla-Kreis) gedankt.

Besonderer Dank gebührt Carsten Nowak und dem gesamten Team des Fachgebietes Naturschutzgenetik des Senckenberg Forschungsinstituts für die großzügige Möglichkeit der Durchführung genetischer Untersuchungen, die Kostenübernahme sowie die Anleitung und die Unterstützung bei der Auswertung der Daten.

### LITERATUR

- ALTSCHUL, S. F., W. GISH, W. MILLER, E. W. MYERS & D. J. LIPMAN (1990): Basic local alignment search tool. – *Journal of Molecular Biology* **215**: 403–410
- Arbeitsgruppe Artenschutz Thüringen (2003): Erfassung und Bewertung der Saale (von der Landesgrenze Thüringen bei Grobheringen bis zur Talsperre Eichicht) als Lebensraum des Bibers (*Castor fiber*). – Unveröff. Gutacht. im Auftr. Thüringer Landesanstalt für Umwelt und Geologie Jena
- Arbeitsgruppe Artenschutz Thüringen (2004): Erfassung und Bewertung der Unstrut (von der Landesgrenze Thüringen bis zur Quelle) als Lebensraum des Bibers (*Castor fiber*). – Unveröff. Gutacht. im Auftr. Thüringer Landesanstalt für Umwelt und Geologie Jena
- BENNETT, P. (2000): Demystified...: Microsatellites. – *Molecular Pathology* **53**: 177
- BENSON, D. A., K. CLARK, I. KARSCH-MIZRACHI, D. J. LIPMAN, J. OSTELL & E. W. SAYERS (2015): GenBank. – *Nucleic Acids Research* **43**: D30

- BERWING, G. & S. KLAUS (2003): Biber wandern nach Südthüringen ein. – *Landschaftspflege und Naturschutz in Thüringen* **40** (2): 59–60
- CZIOMMER, A. (2015): Genetic analysis and dispersal strategies of beaver colonies, *Castor fiber* L., along the River Saale in Thuringia. – Unveröff. Masterarb., Friedrich-Schiller-Universität Jena
- DIEBERGER, J. (2003): Die Bejagung des Bibers (*Castor fiber* L.) von der Steinzeit bis zur Gegenwart. – *Denisia* **9**: 21–41
- DIOSHKIN, W. & W. SAFONOW (1972): Die Biber der alten und neuen Welt. – Wittenberg, 168 S.
- DUCROZ, J.-F., M. STUBBE, A. P. SAVELJEV, D. HEIDECHE, R. SAMIAA, A. ULEVIČIUS, A. STUBBE & W. DURKA (2005): Genetic variation and population structure of the Eurasian beaver *Castor fiber* in Eastern Europe and Asia. – *Journal of Mammalogy* **86**: 1.059–1.067
- DURKA, W., W. BABIK, J.-F. DUCROZ, D. HEIDECHE, F. ROSELL, R. SAMIAA, A. P. SAVELJEV, A. STUBBE, A. ULEVIČIUS & M. STUBBE (2005): Mitochondrial phylogeography of the Eurasian beaver *Castor fiber* L. – *Molecular Ecology* **14**: 3.843–3.856
- FROSCH, C., R. H. KRAUS, C. ANGST, R. ALLGÖWER, J. MICHAUX, J. TEUBNER & C. NOWAK (2014): The genetic legacy of multiple beaver reintroductions in Central Europe. – *PLoS ONE* **9**: e97619
- FUSTEC, J., T. LODÉ, D. LE JACQUES & J. CORMIER (2001) Colonization, riparian habitat selection and home range size in a reintroduced population of European beavers in the Loire. – *Freshwater Biology* **46**: 1.361–1.371
- GABRYŚ, G. & A. WAŻNA (2003): Subspecies of the European beaver *Castor fiber* Linnaeus, 1758. – *Acta Theriologica* **48**: 433–439
- GENSSLER, C. (2007a): Der Elbebiber (*Castor fiber albicus* M.) ist zurück! – *Landschaftspflege und Naturschutz in Thüringen* **44** (2): 84–85
- GENSSLER, C. (2007b): Endbericht – Erfassung und Schutz des Bibers (*Castor fiber* L.) in Thüringen. – Unveröff. Gutacht. im Auftr. Thüringer Landesanstalt für Umwelt und Geologie Jena
- GÖRNER, M. (2007): Biber (*Castor fiber*) in Thüringen. – *Säugetierkundliche Informationen* **6**: 64
- HALLEY, D. J. & F. ROSELL (2003): Population and distribution of European beavers (*Castor fiber*). – *Lutra* **46**: 91–101
- HARTMAN, G. (1995): Patterns of spread of a reintroduced beaver *Castor fiber* population in Sweden. – *Wildlife Biology* **1**: 97–103
- HECK, A., S. KLAUS & K. SCHMIDT (2009): Erstnachweis des Bibers im Wartburgkreis und thüringischen Biosphärenreservat Rhön. – *Landschaftspflege und Naturschutz in Thüringen* **46** (3): 107–109
- HEIDECHE, D. (1984): Untersuchungen zur Ökologie und Populationsentwicklung des Elbebibers *Castor fiber albicus* MATSCHIE, 1907. Teil 1: Biologische und populationsökologische Ergebnisse. – *Zoologische Jahrbücher / Abt. Systematik* **11**: 1–41
- HEIDECHE, D. & P. IBE (1997): Der Elbebiber – Biologie und Lebensweise. – *Biosphärenreservat Mittlere Elbe*. – Dessau, 25 S.
- HERR, J. & L. SCHLEY (2009): Barbed wire hair traps as a tool for remotely collecting hair samples from beavers (*Castor* sp.). – *Lutra* **52**: 123–127
- HESS, H. (1898): Der Thüringer Wald in alten Zeiten. Nachdruck 2002. – Bad Langensalza, 72 S.
- HORN, S., J. TEUBNER, J. TEUBNER & D. HEIDECHE (2010): Mitochondrial DNA of beavers (*Castor spec.*) in Germany. – *Artenschutzreport* **26**: 72–78
- JOHN, F., S. BAKER & V. KOSTKAN (2010): Habitat selection of an expanding beaver (*Castor fiber*) population in central and upper Morava River basin. – *European Journal of Wildlife Research* **56**: 663–671
- KLAUS, S. & F. LEO (1995): Der Biber kommt – erste spontane Wiederansiedlung in Thüringen. – *Landschaftspflege und Naturschutz in Thüringen* **31** (1): 9–11
- KLAUS, S., C. GENSSLER & F. ROBILLER (2007): Elbebiber (*Castor fiber albicus* M.) in Thüringen – erste spontane Ansiedlung an der Saale. – *Artenschutzreport Heft* **21**: 80–83
- KLAUS, S. (2011): Biber in Thüringen – die aktuelle Situation. – *Landschaftspflege und Naturschutz in Thüringen* **48** (2): 85–88
- KLAUS, S. & M. ORLAMÜNDER (2015): Der Biber kehrt nach Thüringen zurück. – *Landschaftspflege und Naturschutz in Thüringen* **52** (4): 153–156
- LANGER, H. (1995): Erfahrungen aus der Wiederansiedlung des Bibers im hessischen Spessart. – Sonderdruck Säugetierkundliche Mitteilungen **36**: 28–32
- LI, Y. C., A. B. KOROL, T. FAHIMA, A. BEILES & E. NEVO (2002): Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. – *Molecular Ecology* **11**: 2.453–2.465
- MORITZ, C. (1994): Applications of mitochondrial DNA analysis in conservation: a critical review. – *Molecular Ecology* **3**: 401–411
- NOLET, B. A. & F. ROSELL (1998): Comeback of the beaver *Castor fiber*: an overview of old and new conservation problems. – *Biological Conservation* **83**: 165–173
- HEIDECHE, D., A. SCHUMACHER, JA. TEUBNER & JE. TEUBNER (2012): Biber-Verbreitungskarte Deutschland. – Unveröff. Manuskript
- UNGER, C., R. MÜLLER & R. BRETTFELD (2016): Die Wiederbesiedlung Südthüringens durch den Biber *Castor fiber*. – *Landschaftspflege und Naturschutz in Thüringen* **53** (1): 32–34
- WEINZIERL, H. (1973): Projekt Biber. – Stuttgart, 63 S.
- WILSON, C. (1858): Notes on the prior existence of the *Castor fiber* in Scotland, with its ancient and present distribution in Europe, and on the use of the Castoreum. – *Edinburgh New Philosophical Journal (New Series)* **8**: 1–40
- ZAHNER, V., M. SCHMIDBAUER & G. SCHWAB (2005): Der Biber: die Rückkehr der Burgherren. – Amberg, 136 S.

Anne Hartig

Altwaldenburger Straße 39  
08396 Waldenburg  
anne.hartig@gmx.net

Dr. Siegfried Klaus

Lindenhöhe 5 · 07749 Jena  
siegi.klaus@gmx.de

Die Zeitschrift "Landschaftspflege und Naturschutz in Thüringen" erscheint mit vier Heften jährlich und ist im Jahresabonnement für den günstigen Betrag von 13 € (inkl. Versand) oder in Einzelheften zu beziehen.

Bestellmöglichkeiten und weitere Informationen unter

[https://www.thueringen.de/th8/tlug/presse\\_und\\_service/publikationen/index.aspx](https://www.thueringen.de/th8/tlug/presse_und_service/publikationen/index.aspx)

Thüringer Landesamt für Umwelt, Bergbau und Naturschutz  
Stabsstelle Presse, Öffentlichkeitsarbeit/Controlling, Innenrevision  
Frau Susanne Oberländer  
Göschwitzer Straße 41  
07745 Jena

Telefon: 0361 57 3942-147

[Susanne.Oberlaender@tlug.thueringen.de](mailto:Susanne.Oberlaender@tlug.thueringen.de)



Die Publikationen des TLUBN erhalten Sie nur nach schriftlicher Bestellung. Die Lieferung erfolgt gegen Rechnung zuzüglich Portokosten.