

Die Vogelwelt

Beiträge zur Vogelkunde

139. Jahrgang | 2019

Heft 2



Themenheft Rotmilan

Inhalt

Editorial	69
-----------------	----

Die „Forschungsinitiative Rotmilan“: Gemeinsam Wissen schaffen!	70
--	----

Originalbeiträge

KARTHÄUSER, J., J. KATZENBERGER & C. SUDFELDT: Evaluation von Maßnahmen zur Verbesserung des Nahrungsangebotes für den Rotmilan <i>Milvus milvus</i> in intensiv genutzten Agrarlandschaften	71
---	----

BISCHOFBERGER, I., M. J. KAMRAD, N. WASMUND, L. SINDL, R. BAYOH, J. KATZENBERGER, A. LAUX, B. MÜLLER, B. HORCHLER, F. HELMS, F. BEINING, P. MICHELS, V. STRICKER, M. H. KRÄMER & E. GOTTSCHALK: Werden junge Rotmilane <i>Milvus milvus</i> satt? – Nahrungsmengen und Nahrungszusammensetzung in drei Regionen Deutschlands	87
--	----

GRÜNEBERG, C. & J. KARTHÄUSER: Verbreitung und Bestand des Rotmilans <i>Milvus milvus</i> in Deutschland – Ergebnisse der bundesweiten Kartierung 2010–2014	101
--	-----

KATZENBERGER, J.: Verbreitungsbestimmende Faktoren und Habitat- eignung für den Rotmilan <i>Milvus milvus</i> in Deutschland	117
---	-----

BRUNE, J., O. KRÜGER, E. HIPPAUF, S. RÖSNER & J. KATZENBERGER: Eine nichtinvasive Methode für Populationsstudien beim Rotmilan <i>Milvus milvus</i> : Molekulargenetische Individualerkennung anhand von Mauserfedern	129
---	-----

KOLBE, M., B. NICOLAI, R. WINKELMANN & E. STEINBORN: Totfundstatistik und Verlustursachen beim Rotmilan <i>Milvus milvus</i> in Sachsen-Anhalt	141
--	-----

GOTTSCHALK, E., R. BAYOH, M. KAMRAD & N. WASMUND: Sterblichkeit junger Rotmilane <i>Milvus milvus</i> im Nest – Ausmaß und Ursachen	155
---	-----

SPATZ, T., D. G. SCHABO, N. FARWIG & S. RÖSNER: Raumnutzung des Rotmilans <i>Milvus milvus</i> im Verlauf der Brutzeit: Eine Analyse mittels GPS- basierter Bewegungsdaten	161
---	-----

KATZENBERGER, J. & E. GOTTSCHALK: Abhängigkeit des Erstbrutalters von der Populationsdichte: Eine Integration in Populations- modelle für den Rotmilan <i>Milvus milvus</i>	171
--	-----

Contents

Editorial	69
-----------------	----

Original Papers

KARTHÄUSER, J., J. KATZENBERGER & C. SUDFELDT: Evaluation of agri-environmental schemes to enhance prey availability for the Red Kite <i>Milvus milvus</i> in intensively used agricultural landscapes	71
--	----

BISCHOFBERGER, I., M. J. KAMRAD, N. WASMUND, L. SINDL, R. BAYOH, J. KATZENBERGER, A. LAUX, B. MÜLLER, B. HORCHLER, F. HELMS, F. BEINING, P. MICHELS, V. STRICKER, M. H. KRÄMER & E. GOTTSCHALK: Enough food for the brood? Prey mass and prey composition in Red Kites <i>Milvus milvus</i> – video-recording in three regions in Germany	87
---	----

C. GRÜNEBERG & J. KARTHÄUSER: Distribution and abundance of the Red Kite <i>Milvus milvus</i> in Germany – results of the nationwide survey 2010–2014	101
--	-----

KATZENBERGER, J.: Modelling distribution and habitat suitability for the Red Kite <i>Milvus milvus</i> in Germany	117
---	-----

BRUNE, J., O. KRÜGER, E. HIPPAUF, S. RÖSNER & J. KATZENBERGER: Genetic fingerprinting from moult feathers: A non-invasive method for population studies with the Red Kite <i>Milvus milvus</i>	129
--	-----

KOLBE, M., B. NICOLAI, R. WINKELMANN & E. STEINBORN: Mortality statistics and causes of mortality of the Red Kite <i>Milvus milvus</i> in the federal state of Saxony-Anhalt	141
---	-----

GOTTSCHALK, E., R. BAYOH, M. KAMRAD & N. WASMUND: Mortality of nestlings in Red Kites <i>Milvus milvus</i> – magnitude and causes	155
---	-----

SPATZ, T., D. G. SCHABO, N. FARWIG & S. RÖSNER: Space use of Red Kites <i>Milvus milvus</i> during breeding season – a GPS-approach using movement patterns	161
--	-----

KATZENBERGER, J. & E. GOTTSCHALK: Integrating density-dependent age of first breeding into population models for the Red Kite <i>Milvus milvus</i>	171
---	-----

Editorial

Liebe Leserinnen und Leser,

die Rotmilan-Forschung hat in Deutschland eine lange Tradition und bereits einen erheblichen Wissensschatz angehäuft. Kein Wunder – schließlich geht es um unseren „heimlichen Wappenvogel“, für dessen Erhaltung und Schutz wir Deutschen eine ganz besondere Verantwortung tragen, da hierzulande mehr als die Hälfte der Weltpopulation brütet. Faktoren, die die Populationsdynamik im Zentrum des Verbreitungsgebietes unmittelbar oder mittelbar beeinflussen, wirken sich maßgeblich auf den Erhaltungszustand und den Gesamtbestand dieses echten Europäers aus. Deshalb stehen seit jeher auch naturschutzrelevante Fragestellungen im Fokus der wissenschaftlichen Arbeit. Ganz in diesem Sinne präsentieren wir Ihnen in der vorliegenden Ausgabe der VOGELWELT in neun Originalbeiträgen brandneue Ergebnisse aus der aktuellen Rotmilan-Forschung.

Ob sich die Nahrungssituation für Greifvögel in der intensiv genutzten Agrarlandschaft durch Maßnahmen der Agrarförderung verbessern lässt, ist eine der zentralen Fragestellungen des Verbund-Vorhabens „Rotmilan – Land zum Leben“ (www.rotmilan.org). Gleich mehrere Beiträge dieses Heftes fußen auf langjährigen Untersuchungsreihen, die mit Mitteln aus dem Bundesprogramm Biologische Vielfalt gefördert wurden. Eine wichtige Erkenntnis: Rotmilanfreundliche Landwirtschaft ist machbar. Und davon profitieren sogar viele andere Arten. Aber: In der Fläche lassen sich solche Maßnahmen nur umsetzen, wenn die Förderinstrumente der Landwirtschaft entsprechend angepasst werden.

Wie enorm wichtig das Engagement einer Vielzahl von ehrenamtlich aktiven Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern bei der Erhebung von Bestandsdaten ist, zeigen beispielhaft zwei Beiträge zur Bestandssituation und zur Brutverbreitung des Rotmilans in Deutschland.

Aber auch die moderne Technik hat längst Einzug in die Rotmilan-Forschung gehalten, zum Beispiel der Einsatz von GPS-Telemetriesendern zur Ermittlung zeitlich und räumlich hochaufgelöster Bewegungsmuster einzelner Individuen, die molekulargenetische Individualerkennung anhand von Mauserfedern im Rahmen von Populationsstudien oder der Einsatz von Nestkameras zur Überwachung des Brutgeschehens und der Nahrungsversorgung der Nestlinge. Von besonderem Interesse sind auch die Beiträge über Rotmilan-Totfunde und Nestlingsmortalität, denn die Populationsdynamik einer Art wird neben dem Bruterfolg, der Zu- und der Abwanderung auch maßgeblich von der Sterblichkeit bestimmt.

Die vielen verschiedenen Arbeiten in diesem Themenheft geben einen aktuellen, breit gefächerten Überblick über neueste Ergebnisse, Methoden und auch offene Fragen in der Rotmilan-Forschung in Deutschland – und darüber hinaus. Wir wünschen eine spannende Lektüre!

Jakob Katzenberger, Stefan Fischer und
Christoph Sudfeldt

Die „Forschungsinitiative Rotmilan“: Gemeinsam Wissen schaffen!

Der Rotmilan ist als geschützter Greifvogel eine der Flaggschiffarten des Vogelschutzes in Deutschland – gleichermaßen sympathisch wie planungsrelevant. Wegen der besonderen Verantwortung für den Schutz der heimischen Brutvorkommen dieses imposanten Greifvogels werden derzeit zahlreiche Forschungsarbeiten zum besseren Verständnis seiner Ökologie gefördert. Träger der Forschungsprojekte sind universitäre Arbeitsgruppen, Naturschutzverbände, Institutionen oder Privatpersonen. Dabei kommen zunehmend auch moderne freilandökologische Methoden wie etwa die GPS-Satellitentelemetrie zur Anwendung.

Eine Vielzahl an Themen wird bereits bearbeitet und ausgewertet:

- Wie entwickelt sich die Population langfristig?
- Welche Einflussgrößen bedingen den Bruterfolg oder die Überlebenswahrscheinlichkeiten der Art?
- Wie und wo nutzt der Rotmilan seine Brut- und Nahrungshabitate in welcher Intensität?
- Welche Landbewirtschaftung und -nutzung sind förderlich für die Art?
- Verändern sich die Zugwege und Überwinterungsgebiete der Art im Zeichen des Klimawandels?

Was liegt näher, als diese vielen Aktivitäten zusammenzuführen und miteinander zu vernetzen? Wir laden alle Expertinnen und Experten aus Wissenschaft und Forschung sowie die Träger von Vorhaben und Projekten zum Schutz des Rotmilans zu einem ersten informativen Treffen der „Forschungsinitiative Rotmilan“ im Rahmen der diesjährigen Jahresversammlung der

Deutschen Ornithologen-Gesellschaft am 27.09.2019 von 12:45 bis 15:30 Uhr in den Hörsaal 00/0070 der Universität Marburg ein. Wir möchten aktuellen Forschungsbedarf identifizieren, Erfassungsstandards diskutieren und Anregungen zur regionen- und/oder themenübergreifenden Bearbeitung geben, um bereits vorhandenes Wissen bündeln und noch nicht gehobene Datens(ch)ätze gemeinsam heben zu können. Darüber hinaus wollen wir beraten, wie wir die Zusammenarbeit langfristig verstetigen können.

Haben auch Sie Interesse an der Mitarbeit? Gerne können Sie sich uns wenden – auch wenn Sie nicht an vorgenannter Auftaktveranstaltung teilnehmen können. Gemeinsam lässt sich mehr erreichen!

Kontakt: Jakob Katzenberger,

katzenberger@dda-web.de

Dachverband Deutscher Avifaunisten DDA e. V.

(Jakob Katzenberger, Christoph Sudfeldt);

Philipps-Universität Marburg, AG Naturschutz

(Nina Farwig, Sascha Rösner, Dana Schabo und Theresa Spatz);

Georg-August-Universität Göttingen, Conservation

Biology, Workgroup on Endangered Species (Eckhard Gottschalk);

Max-Planck-Institut für Verhaltensbiologie

(Wolfgang Fiedler);

concepts for conservation (Marion Gschweng);

Rotmilanzentrum am Museum Heineanum

(Martin Kolbe)

Eine nichtinvasive Methode für Populationsstudien beim Rotmilan *Milvus milvus*: Molekulargenetische Individualerkennung anhand von Mauserfedern

Jens Brune, Oliver Krüger, Elke Hippauf, Sascha Rösner & Jakob Katzenberger

Brune, J., O. Krüger, E. Hippauf, S. Rösner & J. Katzenberger 2019: Genetic fingerprinting from moult feathers: A non-invasive method for population studies with the Red Kite *Milvus milvus*. Vogelwelt 139: 129 – 140.

The Red Kite has been studied for decades in Germany and Europe, but individual-based population studies are still largely missing. A long-term population monitoring scheme from central Westphalia, Germany, provided an opportunity for such an individual-based approach due to hundreds of collected moult feathers. In the present study we developed a population genetic approach for individual identification by applying microsatellites and genotyping. We found eleven primers to successfully describe and recover individual Red Kites throughout a data set of 255 feathers, collected over more than 30 years. Sex was determined by use of chromosome specific markers, which matched in > 99 % of the cases with a prior morphological sex-determination of the primary feathers. Nearly 50 % of 47 genotyped individuals were found only for two or three years in the study area, while four individuals were detected for ten years or longer. In six documented cases, Red Kites switched their breeding territories in consecutive years – with a mean distance of 3.6 km to the prior territory (max. 6.3 km). Using a Cormack-Jolly-Seber mark-recapture model we calculated sex-specific annual apparent survival rates from the genotyped material. Apparent survival for males was 88 %, while females showed a lower apparent survival rate of 83 %. Because the genotyped material currently doesn't include individuals that remained for only one year in the study area, the calculated survival rates are however still a preliminary result. By a pairwise comparison of spatial and genetic distance we showed that for distances >25 km both male and female Red Kites were significantly less related than expected by random mixture. Additionally, male Red Kites showed a significantly higher relatedness coefficient in the distance class 3–5 km. A likely cause of the genetic structure in the population could be natal philopatry, but also changeovers of breeding birds to neighbouring territories could contribute to these findings. A major advantage of using moult feathers and genotyping is that the studied individuals don't have to be captured and marked – which avoids health hazards and stress from capture and handling. Furthermore, with this non-invasive approach, there is no risk that the resulting data on behaviour or survival in the wild are influenced by negative effects of capture or marking on the individuals under study. Altogether, the presented approach shows the power of joining long term feather collections, field surveys and modern population genetic approaches for research in raptor ecology and conservation.

Key words: Red Kite *Milvus milvus*, microsatellites, genotyping, individual identification, moulted feathers

1. Einleitung

Der Rotmilan *Milvus milvus* ist bereits seit den 1960er Jahren Gegenstand vieler Untersuchungen. Trotz einiger Gebiete, in denen Rotmilane beringt oder mit Flügelmarken ausgestattet werden, gibt es bisher kaum Veröffentlichungen von detaillierten, individuenbasierten Populationsstudien der Art (s. aber NACHTIGALL 2008, PFEIFFER 2009). Daher bot es sich an, die Federsammlung einer Langzeitstudie in Mittelwestfalen mit Methoden der DNA-Analyse zu kombinieren, um populationsgenetische Aussagen treffen zu können. Populationsstudien an, meist geschützten, Vogelarten können auch wertvolle Erkenntnisse über den Zustand

beziehungsweise die Qualität bestimmter Lebensräume liefern, in denen diese vorkommen (MOVALLI *et al.* 2017). Die Ansprache einzelner Individuen der Fokusart ist dabei eine grundsätzliche Voraussetzung (PERRIG *et al.* 2019). Durch individuelle Bestimmung der Vögel können zum Beispiel Aussagen über die Fitness einzelner Individuen getroffen werden. Von der Gesamtzahl aller direkten Nachkommen eines Individuums, der Lebensreproduktionsleistung (*lifetime reproduction*), lässt sich auch seine Bedeutung für die Gesamtpopulation ableiten (NEWTON 1989). In Kombination mit Habitatanalysen im Untersuchungsgebiet

können in einem weiteren Schritt wertvolle Erkenntnisse zur Dynamik und den Gründen für positive oder negative Bestandsentwicklungen gewonnen werden.

Populationsstudien an Greifvögeln werden in vielen Fällen mittels diverser Markierungsmethoden, vor allem durch das Anbringen von Ringen, Flügelmarken und Satellitentranspondern angegangen (NEWTON *et al.* 2016, PERRIG *et al.* 2019). Bei diesen Markierungsmethoden muss der Vogel jedoch zwingend gefangen werden. Dies bedeutet für das Individuum einerseits Stress während des Fangvorgangs, andererseits kann eine Flügelmarke oder ein Transponder das Verhalten in der freien Natur negativ beeinflussen, auch wenn dies nur schwer nachweisbar ist (PENICHE 2011, ZUBEROGITIA *et al.* 2012).

Eine für den Vogel nichtinvasive Methode ist die DNA-Analyse anhand von Mikrosatelliten, wodurch Individuen mit Hilfe von Mauserfedern eindeutig identifiziert werden können. Bei einigen Greifvogelarten werden Mauserfedern schon lange zur morphologischen Individualerkennung in einem bestimmten Raum verwendet (z.B. OPDAM & MÜSKENS 1976, LOOFT & BUSCHE 1981, KÜHNAPFEL & BRUNE 1995, RUST & KECHELE 1996, STRUWE-JUHL & SCHMIDT 2002). Der endgültige Beweis anhand von molekulargenetischen Federuntersuchungen stand aber lange Zeit aus und wurde zum Beispiel beim Habicht *Accipiter gentilis* erst in neuerer Zeit erbracht (BAYARD DE VOLO *et al.* 2008, HOY *et al.* 2016). Bei Arten wie Schneeeule *Bubo scandiacus* (KLEVEN *et al.* 2016), Kaiseradler *Aquila heliaca* (RUDNICK *et al.* 2007) oder Harpyie *Harpia harpyja* (BANHOS *et al.* 2008) wird Individualerkennung über Mauserfedern ebenfalls seit einigen Jahren erfolgreich angewandt.

Für den Rotmilan waren bisher keine molekularen Marker (*primer*) beschrieben, mit denen Individuen genetisch bestimmt werden können. In der vorliegenden Arbeit wurden Teile einer Mauserfedersammlung des Rotmilans aus Mittelwestfalen (Nordrhein-Westfalen) mittels genetischer Marker zur Individualerkennung auf ihre Wirksamkeit überprüft.

Die folgenden Fragestellungen wurden untersucht:

- Funktioniert die genetische Individualerkennung (Genotypisierung) beim Rotmilan? Können auch Federn, die bereits 30 Jahren gelagert wurden, genutzt werden?
- Wenn ja, ist die Annahme, dass die Handschwingen auch eine morphologische Individualerkennung ermöglichen, richtig?
- Können die Federn genetisch den Geschlechtern zugeordnet werden?
- Wie verhalten sich Revierbesetzungsdauer und Fluktuation von Individuen innerhalb der Population?
- Zeigt sich eine räumliche genetische Struktur in der untersuchten Population?

Ziel dieser Untersuchung ist es zu zeigen, welche Ergebnisse durch das Sammeln von Mauserfedern

beim Rotmilan mit einem verhältnismäßig geringem Untersuchungsaufwand auf großer Fläche erzielt werden können und dass die notwendige Individualerkennung für Populationsstudien so auch durch ein nichtinvasives Vorgehen erreichbar ist.

2. Material und Methoden

2.1 Federsammlung

Im Rahmen der Greifvogelerfassungen auf definierten Probeflächen in Mittelwestfalen (Nordrhein-Westfalen) wurden während der Horstkontrollen Mauserfedern von Rotmilanen aufgesammelt. Die Federsammlung wurde 1984 begonnen und wird weiterhin praktiziert.

Alle Federn wurden während der Brutzeit gesammelt. Rotmilane in Westfalen mausern in der Regel ihre Handschwingen spätestens ab Mitte Mai, aufsteigend von H1 bis H6 bis zum Ausfliegen der Jungen Ende Juni (ORTLIEB 1989, BRUNE 2001). Diese Federn werden von beiden Geschlechtern meist in unmittelbarer Nähe (Umkreis 100–150 m) der Horste gemausert. Die Federn wurden mit Reviernamen und Fundjahr versehen, dazu wurde über Messung der Länge nach der Meßmethode von BUSCHING (1984) eine Einschätzung vorgenommen, ob es sich um Federn eines Männchens oder Weibchens handelt. Grundsätzlich wurde diese Einschätzung über die Federlänge vorgenommen, da Weibchen in der Regel größer sind als Männchen (ORTLIEB 1989, KÜHNAPFEL 2002). Gelagert wurden die Federn sowohl in Schubladen als auch in Papier- und Plastiktüten bei Raumtemperatur unter Ausschluss von UV-Licht. Alle untersuchten Brutpaare/Reviere wurden bis 2003 auf Papierkarten und in Tagebüchern festgehalten, seit 2004 werden diese mit ArcView GIS 3.2a dokumentiert. Während bis einschließlich 1996 nur eine kleine Untersuchungsfläche bearbeitet wurde (125 km², Topografische Karte TK 25 4412 Unna), wurde das Gebiet seit dem Jahr 1997 um die Fläche TK 25 4413 Werl (125 km²) und dem Jahr 2000 um die Flächen der TKs 4414 Soest, 4415 Anröchte, 4416 Effeln, 4512 Menden, 4513 Neheim (625 km²) und einige Reviere auf den Blättern 4411 Kamen, 4511 Schwerte sowie 4315 Lippetal und 4316 Benninghausen erweitert. Die Reviere wurden nach Ausfliegen der Jungen noch ein bis drei Mal nach Mauserfedern abgesehen und die Mauserplätze ausfindig gemacht. Es wurde möglichst viel Federmaterial gesammelt, da so die Handschwingen H2–H4 einfacher zugeordnet werden können, was auch die Zuordnung zu Männchen und Weibchen deutlich erleichtert. Für die genetischen Analysen wurden vorrangig Federn aus den Untersuchungsflächen TK 4412, TK 4413, TK 4513 und TK 4512 bereitgestellt um möglichst Federreihen aus mehreren Jahren auf wiederkehrende Individuen (Genotypen) überprüfen zu können. Bei der Interpretation der im Weiteren vorgestellten Ergebnisse ist zu berücksichtigen, dass durch den Stand der Genotypisierung noch kein gänzlich vollständiges Bild des verfügbaren Federmaterials dargestellt werden kann. Insbesondere Federn von Individuen, welche nur in einem Jahr ein Revier im Untersuchungsgebiet besetzt hatten, wurden nicht für die Auswertung berücksichtigt. In die Analyse wurden vorrangig die Handschwingen H1–H5, einmal die H6 und zweimal die Steuerfedern S6 und eine Armschwinge einbezogen. Da bei gemauserten Federn Wettereffekte wie Feuchtigkeit, Sonneneinstrahlung und Temperatur eine große Rolle für die DNA-Qualität spielen können (JOHANSON *et al.* 2012, VILI *et al.* 2013) wurde

testweise auch eine Handschwinge (H3), welche erst ein Jahr verspätet gefunden wurde, analysiert. Insgesamt wurden 255 Mauserfedern aus 30 Revieren für genetische Auswertungen bereitgestellt (Abb. 1, Tab. 2), die über einen Zeitraum von 32 Jahren gesammelt wurden.

2.2 Genetische Analysen

Von den Federn wurde der Schaftansatz und/oder der Umbilicus entfernt und eine DNA-Extraktion mit Qiagen DNEasy® tissue Kits durchgeführt. Der Umbilicus wurde so entfernt, dass die Länge der Feder sowie die Innen- und Aussenfahne als strukturelles Erkennungsmerkmal erhalten blieben. Die Kontrolle einer erfolgreichen DNA-Extraktion wurde über eine standardisierte Gel-Elektrophorese und Einfärbung der DNA (Ethidiumbromid) visualisiert. Bei der Entwicklung der für die Genotypisierung notwendigen Mikrosatelliten wurde zunächst überprüft, ob etablierte Primer anderer Greifvogelarten auch für den Rotmilan polymorphe Marker aufweisen. Insgesamt wurden 71 verschiedene Mikrosatelliten von Habicht, Wiesenweihe *Circus pygargus*, verschiedenen Falkenarten, Seeadler *Haliaeetus albicilla* und Mäusebussard *Buteo buteo* im M13-System mit einem 6FAM-gelabelten und einem HEX-gelabelten M13-Universalprimer geprüft. Die PCR-Bedingungen waren wie folgt: Type-It PCR-Kit; 28 Zyklen. Aus diesen getesteten Mikrosatelliten wurden elf Mikrosatelliten ausgewählt und zwei Multiplex-Primer Mixe erstellt (Tab. 1). Als Kontrolle wurde eine 96er-Platte wiederholt sequenziert. Die genetische Geschlechtsbestimmung erfolgte mit alternativer PCR mit drei für die Geschlechtschromosomen W und Z spezifischen Primern P2/NP/MP (Iro *et al.* 2003). Als Polymerase wurde verwendet: KAPA2G Fast Ready Mix mit Dye (aT 52 °C, 37 Zyklen). Es wurden nur 100 % Übereinstimmungen der Mikrosatellitensignaturen als Treffer (Übereinstimmung des Individuums) gewertet.

2.3 Statistische Auswertung

Um zu untersuchen, ob die nachgewiesenen Genotypen eine räumliche Struktur aufweisen, wurde der Verwandtschaftskoeffizient r (SMOUSE *et al.* 2008) paarweise für alle Genotypen in räumlichen Distanzklassen getrennt nach Geschlechtern berechnet (999 Permutationen, 999 Bootstraps). Die räumlichen Distanzen wurden anhand der ETRS89 Koordinaten der Horststandorte/Reviermittelpunkte des Fundreviers in den vorgegebenen Distanzklassen bestimmt. Bei Nichtüberlappung des 95 % Konfidenzintervalls (95 % CI) von r mit dem 95 % CI eines Nullmodells wurde eine signifikante Abweichung von der Annahme der zufälligen Vermischung der Genotypen angenommen. Die molekulare Varianz aller Genotypen wurde durch eine AMOVA mit Berücksichtigung der Fundreviere ausgewertet. Alle Auswertungen der genetischen Struktur wurden mit der Software GenAlEx v. 6.5 (PEAKALL & SMOUSE 2012) vorgenommen.

Für die Berechnung von geschlechtsspezifischen Überlebensraten anhand der in den Revieren nachgewiesenen Individuen lassen sich Fang-Wiederfang Modelle für offene Populationen („Cormack-Jolly-Seber“ Modelle) nutzen (LEBRETON *et al.* 1992, KÉRY & SCHAUB 2012). Da allerdings eine Abwanderung von Individuen aus dem untersuchten Gebiet möglich ist (LEBRETON *et al.* 1992) und das gesamte Federmaterial aus dem Untersuchungsgebiet bisher noch nicht vollständig genotypisiert werden konnte, werden diese im Weiteren als „scheinbare“ Überlebensraten (*apparent survival*) bezeichnet. Zur Berechnung der scheinbaren

Tab. 1: Liste der zur Genotypisierung verwendeten Mikrosatelliten. – *Microsatellites used for genotyping.*

Mix 1	Mix 2
AG04_NED, AG12_NED, AG13_6FAM, <i>Aquila</i> - und <i>Haliaeetus</i> -Arten (BUSCH <i>et al.</i> 2005).	MS Cpy05_HEX und MS Cpy06_6FAM, Wiesenweihe (JANOWSKI <i>et al.</i> 2014).
Age5_HEX, Habicht (TOPINKA & MAY 2004).	Age02_6FAM und Age06_HEX, Habicht (TOPINKA & MAY 2004).
MS Cpy23_HEX, Wiesenweihe (JANOWSKI <i>et al.</i> 2014).	
Hal01_6FAM, Seeadler (HAILER <i>et al.</i> 2005).	
b03_HEX, Mäusebussard, N. CHAKAROV, Lehrstuhl für Verhaltensforschung, Univ. Bielefeld	

Überlebenswahrscheinlichkeit und der Wiederfundwahrscheinlichkeit von männlichen und weiblichen Rotmilanen wurde ein Fang-Wiederfang Modell mit MCMC Sampling in Anlehnung an KÉRY & SCHAUB (2012) verwendet. Ein nicht-informativer Prior (uniform verteilt, Intervall 0-1) wurde für alle Parameter verwendet. Das Modell wurde in JAGS v. 4.2.0 (PLUMMER 2003) via R v. 3.5.2 (R CORE TEAM 2019) berechnet. Die Konvergenz von drei Ketten wurde anhand von R-hat Werten <1.01 geprüft. Als Eingangsdaten für das Fang-Wiederfang Modell wurden nur Genotypen von Mauserfedern ab dem Jahr 2000 verwendet, da aus den Jahren zuvor nur wenige Individuen vorlagen.

3. Ergebnisse

3.1 Genetische und morphologische Geschlechtsbestimmung

Die genetische Geschlechtsbestimmung der Federn lieferte mit den gängigen Primern nur sehr unzureichende bis keine Ergebnisse. Mit der von IRO *et al.* (2003) beschriebenen Methode konnten von 215 der 255 Federn das Geschlecht bestimmt werden. Nur in zwei Fällen lieferte die molekulare Geschlechtsbestimmung ein anderes Ergebnis als die morphologischen Federmerkmale. Der Größenunterschied der analysierten Handschwingen war der ausschlaggebende Grund, wonach die Federn morphologisch Männchen oder Weibchen zugeordnet wurden (reverser Sexualdimorphismus). Dies lieferte die oben beschriebene Trefferquote von über 99 %. Wichtig ist hierfür einzig die richtige Einordnung der Handschwingen. Dies gelingt am einfachsten über möglichst viele gefundene genaue Handschwingen. Hilfreich ist aber auch eine Belegsammlung, wertvolle Hinweise bietet zum Beispiel auch die Internetseite featherbase (<https://www.featherbase.info>).

3.2 Genotypisierung

Von den 255 Federn konnten 199 vollständig in die Analyse einbezogen werden. Das heißt, es konnten mittels der oben beschriebenen Primerpaare alle elf Mikrosatelliten amplifiziert werden. Bei weiteren 22 Federn fehlte lediglich ein Mikrosatellit, bei weiteren

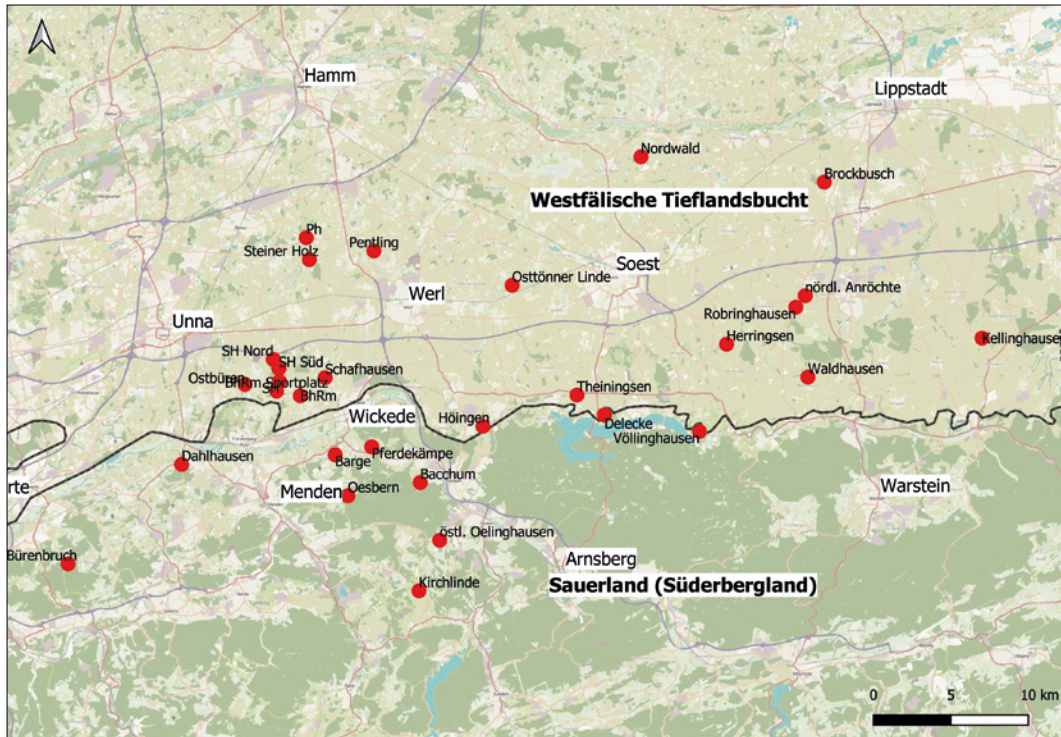


Abb. 1: Lage der Rotmilan-Reviere, aus denen Mauserfedern untersucht wurden. Die schwarze Linie zeigt den Verlauf der naturräumlichen Grenze durch das Untersuchungsgebiet. – Location of Red Kite territories where shed feathers were analysed (Quelle/source: OpenStreetMap).

zwölf fehlten zwei Mikrosatelliten. Lediglich 22 von 255 Federn (8,6 %) konnten nicht für genetische Analysen herangezogen werden. Die Handschwinge aus dem Revier Höingen, die ein Jahr im Wald gelegen hatte, lieferte trotzdem ausreichend genetisches Material, um einem Individuum zugeordnet werden zu können. Somit können auch ältere Federn, die bereits einige Zeit der Witterung ausgesetzt waren, noch erfolgreich zur Individualerkennung genutzt werden. Die elf Mikrosatelliten waren stark unterschiedlich polymorph (zwischen drei und 24 Allelen), die Trennschärfe war sehr deutlich, so dass Individuen zweifelsfrei zugeordnet werden konnten (*Probability of Identity* PI, $p < 0,0001$). Insgesamt wurden mit der konservativsten Analyse (100 % Übereinstimmung der Mikrosatelliten) 216 Identitätspaarungen gefunden.

3.3 Morphologische Individualerkennung anhand von Mauserfedern

Im Gegensatz zum Mäusebussard, bei dem durch klinale Farbabstufungen sehr helle bis sehr dunkle Morphen vorkommen (MELDE 1995), ist das Gefieder des Rotmilans als eher einheitlich zu bezeichnen (z. B. FORSMAN 1999). Große Variationen lassen sich im Deckgefieder der Rotmilane nicht erkennen. Ähnlich wie beim Habicht (OPDAM & MÜSKENS 1976) lassen aber auch beim Rotmilan die Handschwingen H1-H5 sowie die Steuerfeder S6 (LOOFT & BUSCHE 1981) bei genauerer Betrachtung individuelle Variationen erkennen.

Vor allem die Handschwinge H1 zeigt, wie z. B. bei Habicht und Sperber *Accipiter nisus* (OPDAM & MÜSKENS 1976, KÜHNAPFEL 2002) eine größere Variabilität in Farbe, Bänderung und Form gegenüber den Handschwingen H2-H4. Die Handschwingen H2-H4 sind dann, stellvertretend für das Individuum, sehr ähnlich. Hier ist es von Vorteil mindestens zwei Handschwingen eines Individuums gefunden zu haben oder aber eine Belegsammlung zu besitzen. Bei Handschwinge H5 kann bereits die charakteristische Farbe und Bänderung aufgehoben sein, wie es bei fast allen H6-H10 Handschwingen der Fall ist. Zumindest in den Federserien, in denen Rotmilanindividuen über mehrere Jahre nachgewiesen wurden, konnten keine Veränderungen in der Ausbildung der Handschwingen festgestellt werden. Es kam nicht zu Änderungen in den Bindenabständen oder Veränderungen im Farbbild (z. B. Zu- oder Abnahme der Orangetöne, Verblässen der Brauntöne). Nur in einem Fall ergab die genetische Analyse keine Treffer, obwohl die Handschwingen eines Männchens aufgrund von Länge, Färbung und Bänderung deutlich für ein und dasselbe Individuum sprachen.

3.4 Revierbesetzung von Individuen

Von 47 nachgewiesenen Individuen (Genotypen) hielten annähernd 50 % nur zwei bis drei Jahre ein Revier im Untersuchungsgebiet (Abb. 4). Da Individuen, die nur ein Jahr im Gebiet anwesend waren, aktuell nicht in der Auswertung enthalten sind, liegt der tatsächliche

Tab. 2: Übersicht Reviere und Bearbeitungszeiträume. – *Overview of territories and study periods.*

Name des Revieres – <i>name of territory</i>	Jahre mit Federfunden – <i>years with feather findings</i>		von – <i>from</i>	bis – <i>to</i>	Unterbrechungen – <i>interruptions</i>	Untersuchungsjahre mit Federn von mind. 1 Individuum – <i>study years with feathers of min. 1 individual</i>
	♂	♀				
Bacchum	2	2	2014	2015		2
Barge	6	6	2000	2014	2006-2013	7
BhRm	12	18	1986	2007		19
BhRm Sportplatz	1	2	2007	2009	2008	2
Brockbusch	1	2	2012	2015		4
Bürenbruch	2	3	2013	2015		3
Dahlhausen	1	2	2012	2015	2013 und 2014	2
Delecke	3	3	2010	2013	2012	3
Herringsen	2	3	2012	2014		3
Höingen	2	5	2010	2015	2011	5
Kellinghausen	6	4	1997	2003	1999	6
Kirchlinde	1	2	2012	2013		2
nördl. Anröchte	7	9	2003	2012	2009	9
Nordwald	3	5	2010	2015	2011	4
Oesbern	4	5	2010	2015	2011	5
Ostbüren	0	2	2013	2015	2014	2
östl. Oelinghausen	2	2	2014	2015		2
Osttönnner Linde	3	5	2010	2015	2011	5
Pentling	3	3	2010	2015		6
Pferdekämpe	7	12	2002	2015	2009	13
Ph	2	3	2012	2014		3
Robringhausen	1	3	2013	2015		3
Schafhausen	12	11	1997	2015		19
SH	0	5	2011	2015		5
SH Nord	1	2	2007			1
SH Süd	2	1	2006	2007		2
Steiner Holz	6	8	1984	2011	1985, 1987, 1989, 1991, 1992, 1994-96, 1998-2000, 2002-2006, 2009, 2010	10
Theiningsen	3	4	2004	2008		5
Völlinghausen	2	2	2012	2013		2
Waldhausen	7	8	2007	2015	2010	8

Prozentsatz von Vögeln, die nur kurzzeitig ein Revier im Gebiet besetzen, sicherlich noch höher. Vier Individuen konnten zehn Jahre oder länger im Untersuchungsgebiet nachgewiesen werden (Abb. 4).

Die Anzahl der zum Ausfliegen gebrachten Jungvögel aller Brutversuche der 47 Individuen zeigte keinen Zusammenhang mit der Anzahl von Jahren, die ein Brutvogel bereits vorher im Gebiet nachgewiesen wurde (Poisson GLM, Likelihood-Ratio-Test: $p=0,73$). Der mittlere Bruterfolg aller Individuen variierte in Klassen von 0 Jahren bis ≥ 5 Jahren mit vorheriger Bruterfahrung zwischen 2,0 und 2,5 Jungvögel (Stichprobengröße pro Klasse: Mittelwert = 19, Spanne = 10–28).

In den beiden benachbarten Revieren BhRm und Schafhausen (Abb. 1, Tab. 2), die für mehr als 20 Jahre untersucht wurden, können aktuell elf verschiedene

Individuen belegt werden (Abb. 5). Im Revier BhRm zeigte sich eine höhere Fluktuation von Individuen im Vergleich mit Schafhausen, in beiden Revieren wurde außerdem ein Partnerwechsel mit dem Verbleib des Männchens im Revier und dem Neueintritt eines Weibchens trotz einer im Vorjahr erfolgreichen Brut dokumentiert (Abb. 5). Ebenso ließen sich gemeinsame Horstwechsel von Brutpaaren, oder sogar der gemeinsame Wechsel des Brutwalds im gleichen Brutrevier nachweisen.

Anhand der nachgewiesenen Individuen in den Brutrevieren ließen sich bisher sechs gesicherte Umsiedlungen von fünf brütenden Vögeln im Untersuchungsgebiet dokumentieren (Abb. 6). Diese Revierwechsel wurden für zwei Weibchen und drei Männchen nachgewiesen und beliefen sich auf eine



Abb. 2: Handschwinge H3 eines Weibchens (links) und H4 eines Männchens (rechts) des Rotmilans. Längenskala in Zentimetern (cm). – Primaries H3 of a female and H4 of a male Red Kite. Scale shows centimetres (cm).

mittlere Distanz von 3,6 km zwischen den Horsten. Einen Maximalwert lieferte ein weiblicher Genotyp: Hier lagen 6,3 km zwischen den beiden Horsten (Abb. 6). Alle abwandernden Individuen hatten im Jahr vor dem Revierwechsel noch Brutserfolg in ihrem vorherigen Revier.

Die modellierte „scheinbare“ Überlebensrate (nur Wiederfunde ab dem Jahr 2000, Definition s. Methodenteil) von Jahr zu Jahr lag bei 88 % für Männchen, während die Weibchen eine um fünf Prozentpunkte geringere Überlebensrate von 83 % zeigten. Beide Geschlechter zeigten eine Standardabweichung von 4 % (Tab. 3). Die Wiederfundrate lag für Weibchen bei 98 % und für Männchen bei 95 %, wobei die bisher nicht vollständige Genotypisierung des Federmaterials aus dem Gebiet berücksichtigt werden muss.

3.5 Genetische Populationsstruktur

Die molekulare Varianz innerhalb der Gesamtheit der untersuchten Genotypen wurde zum allergrößten Teil (86 %) durch die Variabilität innerhalb der Individuen

erklärt (Abb. 7), es zeigte sich also insgesamt kaum eine räumliche Strukturierung. Allerdings zeigte der Verwandtschaftskoeffizient r , berechnet mit allen Genotypen, für Distanzen >25 km einen signifikant geringeren Wert als bei zufälliger Durchmischung der Population zu erwarten wäre. Bei einer Berechnung von r , getrennt nach Geschlechtern, bestätigte sich diese Entfernung sowohl für Männchen als auch für Weibchen (Abb. 7). Weiterhin lag der Verwandtschaftskoeffizient r der Männchen in der Distanzklasse von 3–5 km signifikant höher als bei einer zufälligen Durchmischung erwartet und wies so auf eine nähere Verwandtschaftsbeziehung in diesen Entfernungen hin (Abb. 7).

4. Diskussion

Die vorliegende Arbeit zeigt deutlich, dass die molekulargenetische Individualerkennung anhand von Mauserfedern eine geeignete Methode für detaillierte Populationsstudien beim Rotmilan darstellt. Anhand der vorgestellten Mikrosatelliten können Individuen mit großer Sicherheit erkannt und damit unterschieden werden. Der verhältnismäßig geringe Aufwand zum Sammeln der Federn ermöglicht es außerdem auf großer Fläche – und damit für größere Stichproben – zuverlässige Ergebnisse zu erzielen. Auch die für Populationsstudien essenzielle Geschlechtsbestimmung ließ sich erfolgreich durchführen und die Genotypisierung gelang sogar für Federn, die bereits bis zu 30 Jahre gelagert wurden. Ein erheblicher Vorteil der Arbeit mit Mauserfedern ist, dass die Tiere dafür nicht gefangen und markiert werden müssen (PERRIG *et al.* 2019). So lassen sich Stress und potenzielle Gefährdung, welche durch Fang und Handhabung der Vögel zumindest kurzfristig hervorgerufen werden können, gänzlich vermeiden. Außerdem besteht mit der angewandten Methode auch kein Risiko, dass das Verhalten oder Überleben der untersuchten Individuen in der Natur durch die Untersuchung oder die Markierung



Abb. 3: Handschwingen (H2) eines über sechs Jahre in einem Revier brütenden Rotmilanweibchens. Längenskala in Zentimetern (cm). Die Zugehörigkeit der Federn zum selben Individuum konnte mittels der Genotypisierung bestätigt werden. – Primaries of a female Red Kite breeding for six years in the same territory. Scale shows centimetres (cm). Individual identity was confirmed by genotyping.

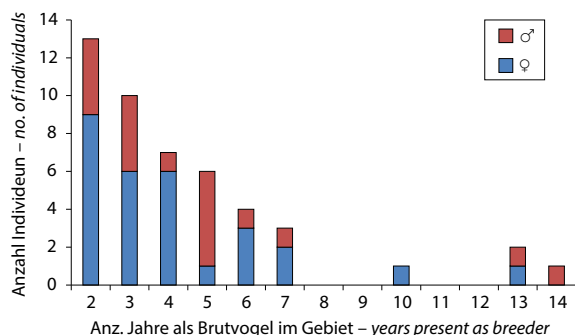


Abb. 4: Histogramm der Anzahl von Jahren, die 47 Individuen/Genotypen im Untersuchungsgebiet nachgewiesen werden konnten. Genotypen, die nur ein Jahr im Gebiet auftraten, konnten bisher nicht berücksichtigt werden (s. Text). – *Distribution of individual Red Kite genotypes that were repeatedly recorded over years in the study area (n = 47). One year records are currently not included in the genotyped material.*

Tab. 3: Modellierte „scheinbare“ Überlebensraten und Wiederfundraten von männlichen und weiblichen Rotmilanen anhand des Fang-Wiederfang Modells („Cormack-Jolly-Seber“ Modell). Zur Berechnung wurden Genotypen aus Mauserfedern ab dem Jahr 2000 berücksichtigt. Genotypen, die nur ein Jahr im Gebiet auftraten, konnten bisher nicht berücksichtigt werden (s. Text). – *Apparent survival and recovery rate of male and female Red Kites in the study area modelled with a “Cormack-Jolly-Seber” mark-recapture model. Only feathers collected from year 2000 onwards were included for analysis and individuals which remained only one year in the study area are currently missing from the genotyped material.*

Parameter	Mittel – <i>mean</i>	Std. Abw. – <i>std. dev.</i>
scheinbare Überlebensrate ♀ – <i>apparent survival</i> ♀	0,83	0,04
scheinbare Überlebensrate ♂ – <i>apparent survival</i> ♂	0,88	0,04
Wiederfundrate ♀ – <i>recovery</i> ♀	0,98	0,02
Wiederfundrate ♂ – <i>recovery</i> ♂	0,95	0,03

Abb. 5: Untersuchte Revierhistorien der benachbarten Reviere BhRm (1986-2007) und Schafhausen (1997-2015). Verschiedene Farben zeigen die elf als Brutvögel nachgewiesenen Individuen, kF = keine Handschwinge für Genotypisierung vorhanden. Weiße Zellen zeigen Jahre aus denen Federn untersucht wurden, für die aber bisher keine übereinstimmenden Genotypen nachgewiesen werden konnten. – *History of occupancy in neighboring territories BhRm and Schafhausen, studied from 1986-2007 and 1997-2015, respectively. Colours indicate different individuals (genotypes), kF = no primaries for genotyping available. White cells show years where feathers were analysed but the genotypes could not yet be confirmed. Breeding success and switching of eavies are indicated.*

[illegible]

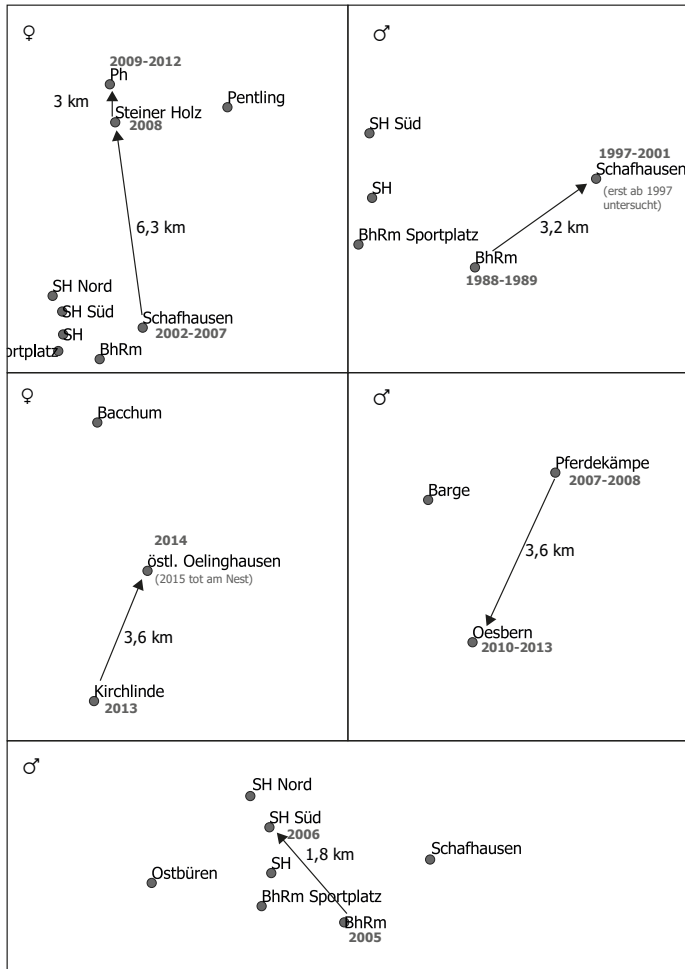


Abb. 6: Dokumentierte Wechsel einzelner Individuen zwischen Revieren im Untersuchungsgebiet. – *Illustration of records where individuals (genotypes) changed their eyries between years. Distances in km are given and directions are indicated with arrows.*

beeinflusst wird. Zusätzlich zur Individualerkennung liefert die Methode auch Informationen über die Verwandtschaftsstruktur in der Population, wodurch neue Erkenntnisse und Einblicke ermöglicht werden. Für die Umsetzung der notwendigen Laboruntersuchung und Analytik bei bestehenden Federsammlungen werden allerdings zusätzlich zur Freilandarbeit finanzielle Mittel benötigt. Die finanziellen Kosten die für die molekulargenetische Individualerkennung anfallen sind allerdings verhältnismäßig gering im Vergleich zum Aufwand der für den Fang und die Markierung von Individuen im Feld notwendig ist (BAYARD DE VOLO *et al.* 2008, PERRIG *et al.* 2019).

Das Anlegen einer Mauserfedersammlung kann nach den hier vorgelegten Ergebnissen für die morphologische Ansprache der Rotmilan-Individuen sehr hilfreich sein, da sich das Großgefieder über die Zeit nicht oder nur wenig ändert. Rotmilane sind also anhand der Handschwingen H1-H4 sowie der Steuerfeder S6

individuell anzusprechen. Es gibt, zumindest für die Rotmilane des Untersuchungsgebiets, weitere Merkmale, anhand deren sich Männchen von Weibchen unterscheiden. Diese sind aber bisher nicht standardisiert, wie dies für den Seeadler bereits geschehen ist (STRUWE-JUHL & SCHMIDT 2002). Weibchen besitzen mehr orangefarbene Töne in den Handschwingen H1-H5, während die Männchen eher dunkle Brauntöne zeigen (Ausnahme ist hier die H1). Weiterhin sind die Handschwingen der Männchen meist schmaler und oft an der Spitze spitz zulauend. Allerdings sind diese Hinweise oft nur an frisch gemauserten Federn festzustellen. Länger in der Natur liegende Mauserfedern verändern sich vor allem in Farbe und Breite. Doch zeigen die Ergebnisse auch, dass diese Methode an ihre Grenzen stoßen kann. Während eine große Reviertreue für z. B. Mäusebussard oder Habicht angenommen wird (FISCHER 1980, MELDE 1995), konnten beim Rotmilan Horst- und Revierwechsel bis zu einer Distanz von sechs Kilometern festgestellt werden (Abb. 6). Zwischen diesen lagen oft weitere besetzte Reviere und häufig wechselte auch nur einer der beteiligten Brutpartner das Revier – während im ursprünglichen Revier weiter gebrütet wurde. Der reine Vergleich von Mauserfedern innerhalb eines Revieres von Jahr zu Jahr sagt daher zwar etwas über den Zustand im Revier aus, aber er beschreibt nicht den Lebenslauf des Individuums.

Das Beispiel der zwei benachbarten Reviere BhRm und Schafhausen (Abb. 5) zeigt deutlich, wie variabel einerseits die Brutpartner innerhalb eines Revieres sein können und andererseits, dass unterschiedliche Reviere wiederum eine völlig verschiedene Dynamik der Revierbesetzung zeigen können. Im Revier BhRm wechselten die Individuen, sowohl Männchen als auch Weibchen häufig, wobei der Begriff häufig relativ zu verstehen ist, da keine Vergleichsdaten aus anderen Studien beim Rotmilan vorliegen. Die Individuen im Revier Schafhausen zeigen zumindest beim Männchen eine sehr hohe Konstanz mit drei Individuen in 19 Jahren. Unter der Prämisse, dass die meisten Rotmilane frühestens im dritten Kalenderjahr brüten (AEBISCHER 2009), ist ein Männchen also mindestens 15 Jahre alt geworden. Da beide Reviere auch im gleichen Landschaftstyp liegen, ist ein direkter Zusammenhang zwischen Dynamik der Revierbesetzung und der Revierqualität hier zunächst nicht zu vermuten – dies müsste allerdings genauer und mit größerer Stichprobe bzw. mit Parametern zur Nahrungsverfügbarkeit untersucht werden.

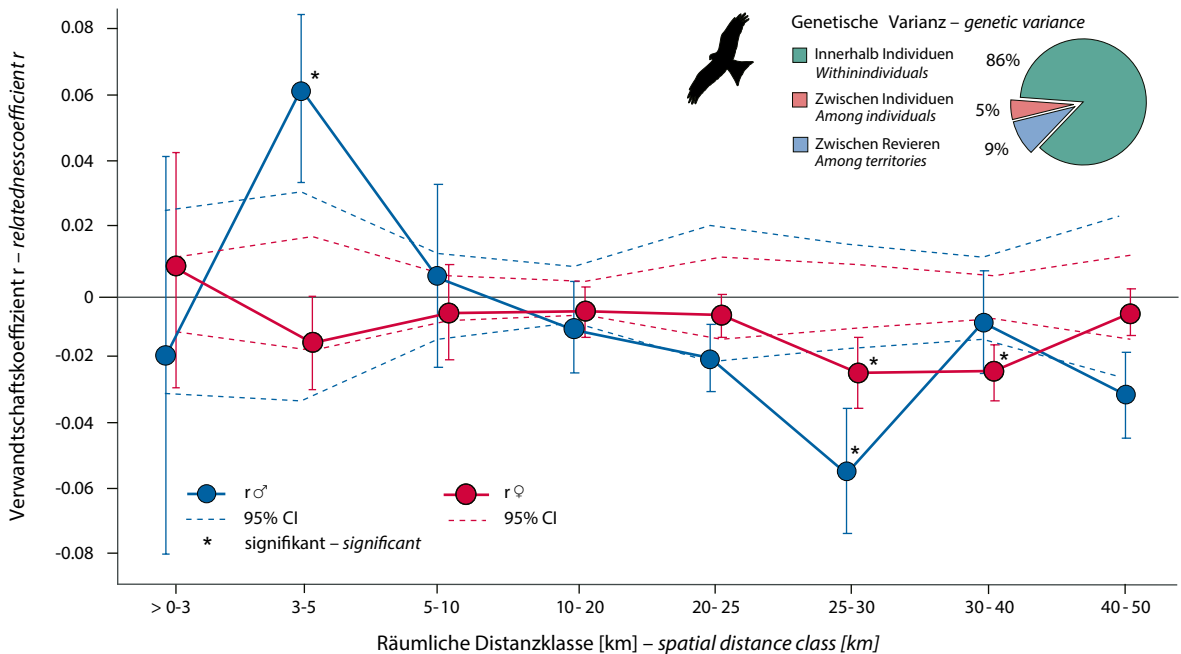


Abb. 7: Räumliche Verwandtschaftsstruktur der untersuchten männlichen ($n = 89$) und weiblichen ($n = 143$) Rotmilan-Genotypen. Die Y-Achse zeigt den Verwandtschaftskoeffizient r nach SMOUSE *et al.* (2008), berechnet paarweise in Distanzklassen. Positive Werte von r zeigen eine höhere genetische Ähnlichkeit, negative Werte eine geringere genetische Ähnlichkeit zwischen den verglichenen Genotypen. Die Fehlerbalken beschreiben das 95 % Konfidenzintervall (CI) für r innerhalb der Distanzklasse, gestrichelte Linien zeigen ein 95 % CI für ein Nullmodell unter der Annahme einer zufälligen Durchmischung (panmiktische Population). – Pairwise comparison of spatial and genetic distance in male ($n = 89$) and female ($n = 143$) Red Kite genotypes. Relatedness coefficient r calculated after SMOUSE *et al.* (2008). Error bars show a 95 % CI for r in the respective distance class, dashed lines show a 95 % CI for a null model assuming random mixture (panmixia) in the population.

Die Zeitspanne, über die ein Revier vom selben Individuum besetzt wird, scheint beim Rotmilan insgesamt eher von kurzer Dauer zu sein, obwohl seine Langlebigkeit in einzelnen Fällen durchaus nachgewiesen werden konnte (ORTLIEB 1989, KATZENBERGER *et al.* 2019). Die „scheinbaren“ Überlebensraten, die sich anhand der hier vorgelegten Ergebnisse für die Vögel des Untersuchungsgebiets berechnen lassen, zeigen insgesamt etwas höhere Werte als andere Auswertungen. So liegen die Überlebensraten von adulten Rotmilanen in Deutschland, die nach dem Jahr 2000 ermittelt wurden, zwischen 76–80 % (NACHTIGALL 2008, KATZENBERGER *et al.* 2019). Durch den aktuellen Stand der Genotypisierung, bei der einmalig im Gebiet aufgetretene Individuen noch nicht enthalten sind, ergeben sich im Mittel aber ohnehin etwas zu hohe Überlebensraten für die untersuchte Population – die präsentierten Werte sind daher als vorläufig zu betrachten. Dennoch illustriert die Auswertung das große Potenzial der hier vorgestellten Methode, da so auch auf regionaler Ebene Daten zur Überlebenswahrscheinlichkeit beim Rotmilan gesammelt werden können – welche ansonsten weitestgehend fehlen. Da das Überleben von Jahr zu Jahr einen wesentlichen Einfluss auf die Bestandsentwicklung der Rotmilanpopulationen hat, wären weitere Untersuchungen zu regionalen Überlebensraten dringend geboten,

um Bestandsveränderungen innerhalb Deutschlands besser zu verstehen. Interessanterweise zeigen die Weibchen anhand der vorliegenden Daten eine deutlich niedrigere Überlebenswahrscheinlichkeit als die Männchen (Tab. 3). Geschlechterspezifische Überlebensraten liegen bisher noch aus keiner Studie zum Rotmilan vor, daher lässt sich dies aktuell nicht mit anderen Ergebnissen vergleichen. Die geringeren Überlebensraten der Weibchen lassen sich durch verschiedene mögliche Ursachen erklären, welche zum Beispiel mit der Überwinterung, dem Zugeschehen, der Kondition und der Reproduktionsleistung zusammenhängen können. Vor dem Hintergrund der Situation im Untersuchungsgebiet (BRUNE & HEGEMANN 2010), scheint jedoch auch ein möglicher Zusammenhang mit menschlicher Störung und Verfolgung im Horstbereich denkbar, da hauptsächlich die Weibchen während der Brutzeit dort anwesend sind – und daher vermutlich auch häufiger Opfer von Störung und illegaler Verfolgung werden können.

In drei Fällen wurden Reviere untersucht, welche über mindestens zwei Jahrzehnte traditionell mit Rotmilanen besetzt waren. Dies scheint im Nachgang nur möglich, wenn die Brutpaardichte im Untersuchungsgebiet nicht besonders hoch ist. Die Reviere lagen zum Besiedlungszeitpunkt am Rand des Rotmilan-Verbreitungsgebietes in Nordrhein-Westfalen (BRUNE *et al.*

2002). Die Besiedlung auf den Untersuchungsflächen TK 25 Unna (4412) und Werl (4413) begann Ende der 1970er/Anfang der 1980er Jahre. Die Brutpaardichte lag im Durchschnitt bis 1990 auf beiden TK25 bei jeweils drei Brutpaaren. Erst Mitte der 1990er Jahre fand eine Erhöhung auf insgesamt zehn Brutpaare statt, was aber immer noch einer relativ geringen Siedlungsdichte von vier Brutpaaren/100 km² entspricht. Bei Siedlungsdichten von 3–4 Brutpaaren auf einem TK25-Quadranten, wie es in den letzten zehn Jahren an einigen Stellen der Fall ist, gestaltet es sich allerdings schwer, von einem Revier mit klaren Abgrenzungen zu sprechen. Die Dauer der Revierbesetzung beim Rotmilan sollte daher vermutlich auch in Abhängigkeit von der Bestandsdichte weiter untersucht werden.

Die vergleichende Auswertung von räumlicher und genetischer Distanz zeigte für männliche und weibliche Rotmilan-Genotypen ab Entfernungen von >25 km signifikant geringere Verwandtschaftsbeziehungen (Abb. 7). Durch die Lage der untersuchten Flächen, sind solch höhere Distanzen im paarweisen Vergleich der Reviere im Untersuchungsgebiet vor allem auf der Ost-West-Achse möglich (Abb. 1). Die naturräumliche Grenze, die durch das Untersuchungsgebiet verläuft, mit der Unterteilung in die nördlich gelegene Westfälische Tieflandsbucht und das südlich gelegene Sauerland (Abb. 1), scheint daher anhand der vorliegenden Ergebnisse für die Durchmischung der lokalen Rotmilanbestände kein wesentliches Hindernis zu sein. Die Distanz von >25 km liegt in einer ähnlichen Größenordnung wie die wenigen bisher bekannten Daten zur späteren Ansiedlung von individuell markierten Rotmilan-Nestlingen (NEWTON *et al.* 1989, NACHTIGALL 2008, PFEIFFER 2009). Insbesondere die von NACHTIGALL (2008) berechnete mittlere Ansiedlungsdistanz von 22 km deutet darauf hin, dass die Geburtsortstreue der Rotmilane und ihre regelmäßige Streuung das nachgewiesene Muster erklären könnte.

Die signifikant höhere Verwandtschaftsbeziehung der Männchen auf sehr kurze Distanzen von 3–5 km (Abb. 7) ließe sich hingegen auch durch kleinräumige Umzüge der Männchen in benachbarte Reviere zwischen den Jahren erklären. Durch wiederholte Federfunde einzelner Individuen auf relativ kleinem Raum konzentrieren sich so die genetischen Ausprägungen (Wiederfunde der Allelausprägungen) und zeigen ebenfalls eine hohe „Verwandtschaft“ an. Bei theoretisch angenommenen Reviergrößen von wenigen Quadratkilometern (Radius von ca. 1,5 km bis 3,0 km) weist die Distanzklasse 3–5 km mit erhöhten Verwandtschaftsstrukturen bereits auf das direkt benachbarte Revier hin. Eine andere Erklärungsmöglichkeit für dieses Muster wäre, dass insbesondere die männlichen Nachkommen der brütenden Vögel sich bevorzugt in Nachbarrevieren ansiedeln. Auch die Daten von PFEIFFER (2009) zeigen, dass sich männliche Rotmilane meist in deutlich geringeren Distanzen zum Geburtsort

ansiedeln als weibliche Vögel. Jedoch wäre auch ein „Seitensprung“ (*extra-pair copulations*) des Männchens im Nachbarrevier denkbar. Allerdings wird bis dato bei „monogamen Vogelarten“ im Mittel für elf Prozent (GRIFFITH *et al.* 2002), bei Greifvögeln lediglich bei ca. 0–11 % von erfolgreichen Befruchtungen außerhalb des Brutpaares berichtet (ROSENFELD *et al.* 2015). Ausnahme stellt zumindest in urbanen Gebieten Nordamerikas der Rundschwanzsperber *Accipiter cooperii* dar (ROSENFELD *et al.* 2015). Hier wurden bei 19–30 % der Jungvögel genetische Merkmale die nicht den Elterntieren zuzuordnen waren nachgewiesen. Letzteres könnte bei einer erhöhten Geburtsortstreue der männlichen Rotmilane daher ebenfalls das nachgewiesene genetische Muster erklären.

Da bisher keine Vergleichsstudien zur lokalen genetischen Struktur von Rotmilanpopulationen vorliegen, wären weitere detaillierte genetische Untersuchungen in anderen Teilen des Verbreitungsgebiets eine gute Möglichkeit, um mehr über das Ausbreitungsvermögen und die geschlechterspezifischen Verhaltensmuster der Art zu erfahren. Da in der vorliegenden Untersuchung außerdem ausschließlich Mauserfedern adulter Tiere berücksichtigt wurden, wäre eine populationsgenetische Studie zur Verwandtschaft von Nestgeschwistern in Relation zu den Altvögeln ebenfalls wichtig. Der von uns beschriebene Ansatz, langjährige Federsammlungen und aktuelle molekulargenetische Verfahren zu kombinieren, hat daher eindeutig großes Potenzial für weitere Auswertungen. Insbesondere aus bereits existierenden Sammlungen können so beispielsweise für Populationsmodelle wertvolle Daten über die Lebenserwartung, die Lebensreproduktionsleistung sowie zu Ausbreitungspotential und Standorttreue erarbeitet werden.

Dank. Zuerst möchte ich C. SUDFELDT und dem DDA danken, die diese Untersuchungen überhaupt erst möglich gemacht haben. Dann natürlich noch J. KATZENBERGER, J. KARTHÄUSER und C. GRÜNEBERG, die das Projekt hervorragend betreut und vorangetrieben haben. Dem Bundesamt für Naturschutz sei gedankt für die Förderung im Rahmen des Bundesprogramms Biologische Vielfalt mit Mitteln des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz und nukleare Sicherheit. Für hilfreiche Anmerkungen zur Verbesserung des Manuskripts außerdem ein Dank an S. FISCHER und C. SUDFELDT. Zudem gebührt S. RÖSNER für die Sofortmitarbeit großer Dank. Zum Aufbau der Federsammlung und zahlreiche Gespräche zum Thema haben folgende Menschen in über 30 Jahren beigetragen: T. MEBS †, O. KÜHNAPFEL, K.-H. KÜHNAPFEL, R. SCHMIDT, O. KRÜGER, P. VOSKAMP, S. VAN RIJN, S. LAMPERTZ, B. GLÜER, H. KNÜWER, B. NICOLAI und M. HELLMANN, T. PFEIFFER, C. GEIDEL, M. FRINGS und C. PRENNEIS, sowie zahlreiche Weggefährten/innen, die mir bei der Suche von Rotmilannestern und dem Auffinden der begehrten Handschwingen geholfen haben. Und natürlich meinem Vater und meiner Mutter †, die sich viele Jahrzehnte gefragt haben: Was will der Junge mit den ganzen Federn.

5. Zusammenfassung

Brune, J., O. Krüger, E. Hippauf, S. Rösner & J. Katzenberger 2019: Eine nichtinvasive Methode für Populationsstudien beim Rotmilan *Milvus milvus*: Molekulargenetische Individualerkennung anhand von Mauserfedern. Vogelwelt 139: 129 – 140.

Obwohl der Rotmilan bereits seit einigen Jahrzehnten im Fokus von Untersuchungen in Deutschland und Europa steht, gibt es bisher kaum Veröffentlichungen von individuenbasierten Populationsstudien über die Art. Eine langjährige Mauserfegersammlung, die über mehr als 30 Jahre in Mittelwestfalen (Nordrhein-Westfalen) durchgeführt wurde, bot daher die Möglichkeit einen molekulargenetischen Ansatz zur Individualerkennung beim Rotmilan zu entwickeln. Mit der vorliegenden Studie haben wir einen populationsgenetischen Ansatz zur individuellen Identifizierung von Rotmilanen durch Mikrosatelliten und Genotypisierung erprobt und erfolgreich durchgeführt. Wir fanden elf Primer um einzelne Individuen in einem Datensatz von 255 Federn zu identifizieren und wiederzuerkennen. Das Ergebnis der molekularen Geschlechtsbestimmung durch chromosomenspezifische Marker stimmte in >99 % der Fälle mit der vorherigen morphologischen Geschlechtsbestimmung anhand der gemauserten Handschwingen überein. Fast 50 % der 47 genotypisierten Individuen wurden nur für zwei oder drei Jahre im Untersuchungsgebiet nachgewiesen, während vier Individuen für zehn Jahre oder länger gefunden wurden. In sechs dokumentierten Fällen wechselten brütende Rotmilane in aufeinanderfolgenden Jahren ihr Brutrevier – mit einer durchschnittlichen Entfernung von 3,6 km zum vorherigen Revier (max. 6,3 km). Mit einem Fang-Wiederfang Modell für offene Population haben wir aus dem genotypisierten Material geschlechtsspezifische, jährliche „scheinbare“ Überlebensraten berechnet. Die Überlebensrate der Männchen betrug 88 %, während die Weibchen

eine geringere Überlebensrate von 83 % aufwiesen. Da das genotypisierte Material allerdings derzeit keine Individuen die nur für ein Jahr im Untersuchungsgebiet auftraten beinhaltet, sind die berechneten Überlebensraten aktuell als ein vorläufiges Ergebnis zu betrachten. Durch einen paarweisen Vergleich der räumlichen und genetischen Distanz zwischen den Genotypen konnten wir zeigen, dass ab Entfernungen > 25 km sowohl männliche als auch weibliche Rotmilane signifikant geringer miteinander verwandt waren als bei einer zufälligen Durchmischung zu erwarten wäre. Außerdem zeigten männliche Rotmilane einen signifikant höheren Verwandtschaftskoeffizienten in der Distanzklasse 3–5 km. Eine mögliche Ursache für die genetische Struktur in der Population könnte die Geburtsortstreue der Rotmilane sein, aber auch Umsiedlungen von Brutvögeln in benachbarte Reviere könnten dazu beitragen. Ein großer Vorteil der Verwendung von Mauserfedern und von Genotypisierung besteht darin, dass die untersuchten Individuen nicht gefangen und markiert werden müssen – was Stress und potenzielle Gefährdung durch Handhabung und Fang ausschließt. Darüber hinaus besteht mit dieser nichtinvasiven Methode kein Risiko, dass mögliche negative Auswirkungen des Fangs oder der Markierung auf die untersuchten Individuen die resultierenden Daten zum Verhalten und Überleben in der Natur beeinflussen. Insgesamt zeigt der vorgestellte Ansatz ein großes Potenzial um langjährige Federsammlungen, Felderfassungen und moderne populationsgenetische Ansätze zur Erforschung und zum Schutz von Greifvögeln zu kombinieren.

6. Literatur

- AEBISCHER, A. 2009: Der Rotmilan – ein faszinierender Greifvogel. Haupt Verlag, Bern.
- BANHOS, A., T. HRBEK, W. GRAVENA, T. SANAIOTTI & I. P. FARIAS 2008: Genomic resources for the conservation and management of the harpy eagle (*Harpia harpyja*, *Falconiformes*, *Accipitridae*). *Genet. Mol. Biol.* 31: 146–154.
- BAYARD DE VOLO, S., R. T. REYNOLDS, M. R. DOUGLAS & M. F. ANTOLIN 2008: An improved extraction method to increase DNA yield from moulted feathers. *Condor* 110: 762–767.
- BRUNE, J. 2001: Zur Mauser des Großgefieders beim Rotmilan *Milvus milvus*. *Ornithol. Jahresber. Mus. Heineanum* 19: 1–31.
- BRUNE, J. & A. HEGEMANN 2010: Verluste beim Rotmilan *Milvus milvus* durch illegale menschliche Eingriffe in den Landkreisen Unna und Soest (Nordrhein-Westfalen) 1991–2007, mit Hinweisen zur Feststellung wahrscheinlicher Verlustursachen. *Inform.d. Naturschutz Niedersachs.* 29: 192–198.
- BRUNE, J., E. GUTHMANN, M. JÖBGES & A. MÜLLER 2002: Zur Verbreitung und Bestandssituation des Rotmilans (*Milvus milvus*) in Nordrhein-Westfalen. *Charadrius* 38: 122–139.
- BUSCH, J. D., T. E. KATZNER, E. BRAGIN & P. KEIM 2005: Tetranucleotide microsatellites for *aquila* and *haliaeetus* eagles. *Mol. Ecol. Notes* 5: 39–41.
- BUSCHING, W. D. 1984: Beitrag zur Messmethodik in der Rupfungs-kunde. *Falke* 31: 156–160.
- FORSMAN, D. 1999: The raptors of Europe and the Middle East – a handbook of field identification. T & AD Poyser, London.
- FISCHER, W. 1980: Die Habichte - Accipiter. Neue Brehm-Bücherei 158, A. Ziemsen Verlag, Wittenberg.
- GRIFFITH, S. C., I. P. F. OWENS & K. A. THUMAN 2002: Extra pair paternity in birds: a review of interspecific variation and adaptive function. *Mol. Ecol.* 11: 2195–2212.
- HAILER, F., B. GAUTSCHI & B. HELANDER 2005: Development and multiplex PCR amplification of novel microsatellite markers in the white-tailed sea eagle, *Haliaeetus albicilla* (Aves: Falconiformes, Accipitridae). *Mol. Ecol. Notes* 5: 938–940.
- HOY, S. R., R. E. BALL, X. LAMBIN, D. P. WHITFIELD & M. MARQUISS 2016: Genetic markers validate using the natural phenotypic characteristics of shed feathers to identify individual northern goshawks *Accipiter gentilis*. *J. Avian Biol.* 47: 443–447.
- ITO, H., A. SUDO-YAMAJI, M. ABE, T. MURASE & T. TSUBOTA 2003: Sex identification by alternative polymerase chain reaction methods in Falconiformes. *Zool. Sci.* 20: 339–344.
- JANOWSKI, S., M. A. GROHME, M. FROHME & M. WINK 2014: Development of new microsatellite (STR) markers for Montagu's Harrier (*Circus pygargus*) via 454 shot-gun pyrosequencing. *Open Orn. J.* 7: 11–18.
- JOHANSSON, M. P., B. J. MCMAHON, J. HOGLUND & G. SEGELBA-CHER 2012: Amplification success of multilocus genotypes from feathers found in the field compared with feathers obtained from shot birds. *Ibis* 154: 15–20.

- KATZENBERGER, J., E. GOTTSCHALK, N. BALKENHOL & M. WALTERT 2019: Long-term decline of juvenile survival in German Red Kites. *J. Ornithol.* 160: 337-349.
- KÉRY, M. & M. SCHAUB 2012: Bayesian population analysis using Win-BUGS. Academic Press, London.
- KLEVEN, O., T. AARVAK, K.-O. JACOBSEN, R. SOLHEIM & I. J. ØIEN 2016: Cross-species amplification of microsatellite loci for non-invasive genetic monitoring of the snowy owl (*Bubo scandiacus*). *Eur. J. Wildl. Res.* 62: 247-249.
- KÜHNAPFEL, O. 2002: Die Federmerkmale von Habicht *Accipiter gentilis*, Sperber *A. nisus*, Rot- und Schwarzmilan *Milvus milvus*, *M. migrans*, Mäusebussard *Buteo buteo* und Wespenbussard *Pernis apivorus*, 1. Teil Habicht und Sperber. *Ornithol. Mitt.* 54: 18-28.
- KÜHNAPFEL, O. & J. BRUNE 1995: Die Mauserfeder als Hilfsmittel zur Altersbestimmung und Individualerkennung von Habichten (*Accipiter gentilis*). *Charadrius* 31: 120-125.
- LEBRETON, J.-D., K. P. BURNHAM, J. CLOBERT & D. R. ANDERSON 1992: Modeling Survival and Testing Biological Hypotheses Using Marked Animals: A Unified Approach with Case Studies. *Ecol. Monogr.* 62: 67-118.
- LOOFT, V. & G. BUSCHE 1981: Vogelwelt Schleswig-Holsteins, Bd. 2, Greifvögel. Wachholtz, Neumünster.
- MELDE, M 1995: Der Mäusebussard. *Buteo buteo*. Die neue Brehm-Bücherei Bd. 185. Westarp Wiss., Magdeburg.
- MOVALLI, P., R. DEKKER, J. KOSCHORRECK & G. TREU 2017: Bringing together raptor collections in Europe for contaminant research and monitoring in relation to chemicals regulations. *Environ. Sci. Pollut. Res.* 24: 24057-24060.
- NACHTIGALL, W. 2008: Der Rotmilan (*Milvus milvus*, L. 1758) in Sachsen und Südbrandenburg – Untersuchungen zu Verbreitung und Ökologie. Dissertation, Univ. Halle-Wittenberg.
- NEWTON, I. (1989): Lifetime reproduction in birds. Academic Press, London.
- NEWTON, I., P. E. DAVIS & J. E. DAVIS 1989: Age of first breeding, dispersal and survival of Red Kites *Milvus milvus* in Wales. *Ibis* 131: 16-21.
- NEWTON, I., M. J. MCGRADY & M. K. OLI 2016: A review of survival estimates for raptors and owls. *Ibis* 158: 227-248.
- OPDAM, P. & G. MÜSKENS 1976: Use of shed feathers in population studies of Accipiter hawks (*Aves*, *Accipitriformes*, *Accipitridae*). *Beaufortia* 24: 55-62.
- ORTLIEB, R. 1989: Der Rotmilan. Die Neue Brehm Bücherei Bd. 532. Ziemsen, Wittenberg.
- PEAKALL, R. & P. E. SMOUSE 2012: GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28: 2537-2539.
- PENICHE, G., R. VAUGHAN-HIGGINS, I. CARTER, A. POCKNELL, D. SIMPSON & A. SAINSBURY 2011: Long-term health effects of harness-mounted radio transmitters in red kites (*Milvus milvus*) in England. *Vet. Rec.* 169: 311.
- PERRIG, P. L., S. A. LAMBERTUCCI, E. DONADIO, J. PADRÓ & J. N. PAULI 2019: Monitoring vultures in the 21st century: The need for standardized protocols. *J. Appl. Ecol.* 56: 796-801.
- PFEIFFER, T. 2009: Untersuchungen zur Altersstruktur von Brutvögeln beim Rotmilan *Milvus milvus*. In: Populationsökologie Greifvogel- und Eulenarten 6: S. 197-210.
- PLUMMER, M. 2003: JAGS: a program for analysis of Bayesian graphical models using Gibbs sampling. *Proceedings of the 3rd International Workshop on Distributed Statistical Computing (DSC2003)*: 20-22.
- R CORE TEAM (2019) R: a language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna.
- RUDNICK, J. A., T. E. KATZNER, E. A. BRAGIN & J. A. DEWOODY 2007: Species identification of birds through genetic analysis of naturally shed feathers. *Mol. Ecol. Notes* 7: 757-762.
- ROSENFELD, R. N., S. A. SONSTHAGEN, W. C. STOUT & S. L. TALBOT 2015: High frequency of extra-pair paternity in an urban population of Cooper's Hawks. *J. Field Ornithol.* 86: 144-152.
- RUST, R. & W. KECHELE 1996: Altersbestimmung von Habichten (*Accipiter gentilis*): Langfristige Vergleiche gemauserter Handschwingen. *Ornithol. Anz.* 35: 75-83.
- SMOUSE, P. E., R. PEAKALL & E. GONZALES 2008: A heterogeneity test for finescale genetic structure. *Mol. Ecol.* 17 (14): 3389-3400.
- STRUWE-JUHL, B. & R. SCHMIDT 2002: Möglichkeiten und Grenzen der Individualerkennung von Seeadlern (*Haliaeetus albicilla*) anhand von Mauserfederfunden in Schleswig-Holstein (1955–2000). *Corax* 19, Sonderheft 1: 37-50.
- TOPINKA, J. R. & B. MAY 2004: Development of polymorphic microsatellite loci in the northern goshawk (*Accipiter gentilis*) and cross-amplification in other raptor species. *Conserv. Genet.* 5: 861-864.
- VILI, N., NEMESHÁZI, E., KOVÁCS, S., HORVÁTH, M., KALMÁR, L., & K. SZABÓ 2013: Factors affecting DNA quality in feathers used for non-invasive sampling. *J. Ornithol.* 154: 587-595.
- ZUBEROGOITIA, I., B. ARROYO, B. O'DONOGHUE, J. ZABALA, J. A. MARTÍNEZ, J. E. MARTÍNEZ & S. G. MURPHY 2012: Standing out from the crowd: are patagial wing tags a potential predator attraction for harriers (*Circus* spp.)? *J. Ornithol.* 153: 985-989.

Manuskripteingang: 8. Juli 2019

Annahme: 13. August 2019

Jens Brune, Otto-Prein Straße 29, D-59174 Kamen;
E-Mail: Jens_Brune@gmx.de

Oliver Krüger & Elke Hippauf, Lehrstuhl für Verhaltensforschung, Universität Bielefeld, Morgenbreede 45, D-33615 Bielefeld; E-Mail: oliver.krueger@uni-bielefeld.de

Sascha Rösner, Arbeitsgruppe Naturschutz, Fachbereich Biologie, Philipps-Universität Marburg, Karl-von-Frisch-Str. 8, D-35032 Marburg a. d. Lahn; E-Mail: mail@sascharoesner.de

Jakob Katzenberger, Dachverband Deutscher Avifaunisten e.V., An den Speichern 6, D-48157 Münster; E-Mail: katzenberger@dda-web.de