

Die Populationen des Wolfes (*Canis lupus*) in Europa: Herleitung eines operationalen Konzeptes für das Management

SVEN HERZOG

Zusammenfassung

Im Rahmen des Schutzes und des Managements des Wolfes in Mitteleuropa spielt der Begriff der Population eine zentrale Rolle.

Gleichzeitig müssen wir feststellen, dass sowohl in der einschlägigen wissenschaftlichen Literatur zum Wolf, an der meist keine Populationsbiologen beteiligt waren, als auch in den einschlägigen deutschen und Europäischen Gesetzen und Verordnungen der Begriff nicht nur in sehr unterschiedlicher, teilweise missverständlicher Weise verwendet, sondern auch widersprüchliche und somit für die Praxis kaum handhabbare Definitionen geliefert werden.

Aus diesem Grunde erscheint es unabdingbar, als Grundlage zukünftiger Schutz- und Managementmaßnahmen die aktuell existierende begriffliche Verwirrung in eine operationale Definition zu überführen.

In einer aktuellen Konfliktlage zwischen den an der Diskussion um den Wolf beteiligten Interessengruppen gilt es, eine fachlich tragfähige Definition zu erarbeiten, welche gleichzeitig hinreichend operational ist. Aus diesem Grund muss die Definition auch über einen „kleinsten gemeinsamen Nenner“ der aktuell im Umlauf befindlichen Vorstellungen hinausgehen. Wir müssen uns dieser Frage vielmehr von ihren biologisch-ökologischen Grundlagen nähern, deren wesentliche Entwicklung von der Populationsbiologie, insbesondere der Populationsökologie und –genetik der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts bestimmt sind.

Davon ausgehend erkennen wir, dass das der räumliche Zusammenhang, welcher wiederum die Möglichkeit von Paarungen zwischen Individuen und damit einen Abstammungszusammenhang einschließt, für alle namhaften Populationsökologen das zentrale Kriterium darstellt, eine Population auszuscheiden. Für die praktische Beurteilung der Frage, ob zwei Wolfsvorkommen zu ein und derselben Population gehören, ist entscheidend, ob für diese eine (signifikante) Wahrscheinlichkeit von größer als Null besteht, gemeinsame Nachfahren (nicht: Nachkommen!¹) zu haben.

Bezogen auf die aktuelle Situation des Wolfes in Mitteleuropa bedeutet dies, dass etwa der Begriff der „mitteleuropäischen Flachlandpopulation“ möglicherweise eine gewisse administrative Bedeutung hat, doch aus biologischer Sicht keinesfalls haltbar und somit auch nicht in Hinblick auf Artenschutzmaßnahmen operational ist. Vielmehr müssen wir davon ausgehen, dass in Europa derzeit vier bzw. fünf Populationen im Sinne der biologischen Definition eines Abstammungszusammenhanges existieren.

So können wir von einer baltisch-osteuropäischen, einer abruzzo-alpinen, einer iberischen und einer skandinavischen Population sprechen. Inwieweit das Wolfsvorkommen der Karpaten mit demjenigen des Balkans im Paarungszusammenhang steht, wäre zu diskutieren. Ist dies nicht der Fall, käme eine fünfte, die balkanisch-dinarische Population hinzu.

Es wird daher empfohlen, die Definitionen einer Population sowohl im Rahmen der Gesetz- und Verordnungsgebung als auch im Rahmen des praktischen Managements des Wolfes zu synchronisieren und aus populationsökologischen Kriterien herzuleiten.

Hinsichtlich des günstigen Erhaltungszustandes einer großen mobilen Säugetierart müssen wir feststellen, dass eine solche Festlegung ausschließlich auf Ebene der Population (im biologischen Sinne einer Metapopulation) sinnvoll ist. Der Versuch, dies auf anderen, insbesondere administrativ definierten Ebenen zu tun, muss zwangsläufig scheitern. In dieser Tatsache ist auch die Ursache für zahlreiche aktuelle Konflikte zu sehen. Auf Populationsebene können wir unter Zugrundelegung der drei in der FFH-Richtlinie erwähnten Kriterien den Erhaltungszustand des Wolfes in Mitteleuropa als günstig bezeichnen.

1 Während sich der Begriff der Nachkommen typischerweise auf die unmittelbare Folgegeneration bezieht, können gemeinsame Nachfahren auch in späteren Generationen auftreten

Einleitung

Anfang der 2000er Jahre konnte in Deutschland erstmals seit der Ausrottung des Wolfes (*Canis lupus*) im 19. Jahrhundert wieder eine regelmäßige Reproduktion der Art in freier Wildbahn nachgewiesen werden. Nach Mitteleuropa erfolgten bis in die 2. Hälfte des 20. Jahrhunderts regelmäßige Zuwanderungen aus der baltisch-osteuropäischen Population, welche sich allerdings aus verschiedenen Gründen (vermutlich spielten legale bzw. illegale Verfolgung sowie Kollisionen an Verkehrswegen eine zentrale Rolle) nicht etablieren konnten. Erst ein Zusammentreffen günstiger Umstände, insbesondere das Auftreten in einer ökonomischen Umbruchsituation in Ostsachsen und Brandenburg, eine vergleichsweise hohe Dichte an Beutarten, ein mittlerweile vorhandener gesetzlicher Schutzstatus sowie ein hohes Maß an Gesetzestreue bei Tierhaltern und Jägern führte letztlich zur Etablierung der ersten sesshaften Wolfsrudel seit über einem Jahrhundert in Mitteldeutschland.

Es handelt sich um zugewanderte Tiere aus dem baltisch-ostpolnisch-ukrainischen Raum und deren Nachkommen. Das Baltikum sowie Osteuropa (Russland, Ostpolen, Weißrussland, Ukraine) einschließlich des Balkan waren immer vom Wolf besiedelt. In diesen Regionen war die Ausrottung zwar immer wieder (und zum Teil bis heute) versucht worden, doch nie gelungen. Somit existierte dort bis heute ein stabiles Wolfsvorkommen, welches bislang als Quelle für die Wiederbesiedlung Mitteleuropas diente. Weitere Wolfsvorkommen, die nie völlig verschwunden waren, existieren in Teilen Spaniens, Italiens und Frankreichs. Von letzteren gehen derzeit die Wiederbesiedlung der Schweiz und teilweise Österreichs aus, aber auch in Süddeutschland tauchen immer wieder einzelne Individuen aus dieser Region auf. Auf die besondere Bedeutung dieser Tatsache wird noch einzugehen sein.

Populationen und deren Abgrenzung

Derzeit wird die Frage intensiv diskutiert, wie sich die erwähnten Wolfsvorkommen bestimmten Populationen oder Subpopulationen zuordnen lassen bzw. welche Tiere zu Metapopulationen zusammengefasst werden können.

Als –weitgehend unbestrittene- Basis können wir davon ausgehen, dass wir es in Europa mit der Unterart *Canis lupus lupus* zu tun haben. BIBIKOV (1988), OKARMA (2002), aber auch ZIMEN (1978), sind sich weitgehend einig darüber, dass es im Norden den *C. l. albus*, dann mit eurasischer West-Ost Ausdehnung die Nominatform, *C. l. lupus* und südlich angrenzend den *C. l. campestris* geben soll. Die Einteilung beruht auf morphologischen Merkmalen wie etwa Größe oder Fellzeichnung, BIBIKOV geht darauf genauer ein. Alle Autoren weisen darauf hin, dass diese jedoch -vor allem an den Rändern der Vorkommen- fließend zu sehen seien.

Nähern wir uns der Frage aber zunächst über das Bundesnaturschutzgesetz (*Anonymus* 2017).

Hier wird die „Art“ definiert als „jede Art, Unterart oder Teilpopulation einer Art oder Unterart“; und weiter: „für die Bestimmung einer Art ist ihre wissenschaftliche Bezeichnung maßgebend“.

Eine „Population“ wird als „eine biologisch oder geografisch abgegrenzte Zahl von Individuen einer Art“ beschrieben.

Wir erkennen leicht, dass der Gesetzestext damit zum einen am Problem der Redundanz („eine Art ist eine Art“), aber auch der fehlenden Eindeutigkeit krankt (auch „jede Unterart oder Teilpopulation einer Art oder Unterart“ fallen hier unter den Artbegriff im Sinne des Gesetzes). Damit entfernt man sich ganz offensichtlich weit von der wissenschaftlichen Definition nicht nur des biologischen, sondern jedes wissenschaftlichen Artkonzeptes.

Die Populationsdefinition des Gesetzes ist es wert, einmal genauer beleuchtet zu werden. Am ehesten lässt sich noch die biologische Abgrenzung erklären, hierauf sei weiter unten eingegangen.

Hinsichtlich der geographischen Abgrenzung bleibt offen, welcher Art die geographischen Merkmale sein sollen. Auf diesem Wege ließe sich nahezu jede beliebige Gruppe von Individuen zu einer Population zusammenfassen, die Untergrenze könnte demnach das einzelne Rudel bilden, dessen Gruppenterritorium ja einen geographischen Bezug aufweist, aber auch jedes beliebige Wolfsvorkommen eines durch geographische Merkmale (Gebirge, Flüsse, Täler etc.) zu beschreibenden Gebietes. Beziehen wir uns allerdings auf die Bedingung der „Abgegrenztheit“, und unterstellen, dass der Gesetzgeber hier eine echte

Abgrenzung, also letztlich Isolation, meint, so spielen geographische Barrieren, welche für die Art natürlicherweise nicht zu überwinden sind, eine zentrale Rolle. Damit würde sich auch der Kreis zur „biologischen“ Abgegrenztheit schließen.

Canis lupus lupus im westlichen und zentralen Europa wird nun in einigen Publikationen unterteilt in eine skandinavische, eine karelische, eine baltische, eine karpatische, eine dinarisch-balkanische, eine iberische, eine italienische, eine alpine und schließlich eine mitteleuropäische Flachlandpopulation (ehemals deutsch-westpolnische Population), vergl. zum Beispiel KACZENSKY *et al.* (2013). Auf die populationsbiologische Tragfähigkeit dieser Interpretation wird allerdings nicht oder nur am Rande eingegangen.

Gelegentlich wird mit der molekularen Differenzierbarkeit entsprechender Kollektive argumentiert, so auch im „Bericht des Bundesministeriums für Umwelt Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit zur Lebensweise, zum Status und zum Management des Wolfes (*Canis lupus*) in Deutschland“ (Anonymus 2015). Unbestritten ist, dass man die europäischen Wolfsvorkommen so einteilen kann, und es ist sicher möglich, z.B. mit Hilfe von Multilocus-Genotypen (z.B. Mikrosatelliten) diese Vorkommen so oder so ähnlich auch zu differenzieren.

Es stellt sich allerdings die Frage, ob eine molekulare Differenzierbarkeit zwangsläufig auch der Populationsunterscheidung dienen kann. Dies muss bei Kenntnis der grundlegenden Vorgehensweise molekularbiologischer Untersuchungen verneint werden. Je nachdem, wie viele unterschiedliche Marker (etwa unterschiedliche sog. „primersysteme“) man einsetzt, ist es heute möglich, sehr große, aber auch sehr kleine Einheiten zu differenzieren, die Herkunft eines Individuums aus Europa oder aus Nordamerika kann auf diese Weise ebenso mit einer bestimmten Wahrscheinlichkeit vorausgesagt werden, wie die Zugehörigkeit zu einem bestimmten Rudel. Genau darin liegt aber das Problem: wir haben keine operationalen Kriterien, welche die Unterscheidung von Populationen in o.g. Sinne ermöglicht.

Im Gegensatz zur Einteilung etwa bei KACZENSKY *et al.* (2013) finden wir in den Anhängen II, IV und V zur FFH-Richtlinie (Anonymus 1992, 2007), in denen der Wolf gelistet wird, eine völlig andere Einteilung, welche neben geographischen Regionen auch politische Grenzen als Grundlage nimmt:

Anhang II

Canis lupus (ausgenommen die estnische Population; griechische Populationen: nur die Populationen südlich des 39. Breitengrades; spanische Populationen: nur die Populationen südlich des Duero; lettische, litauische und finnische Populationen)

Anhang IV

Canis lupus (ausgenommen die griechischen Populationen nördlich des 39. Breitengrades; die estnischen Populationen, die spanischen Populationen nördlich des Duero; die bulgarischen, lettischen, litauischen, polnischen, slowakischen und finnischen Populationen innerhalb des Rentierhaltungsareals im Sinne von Paragraph 2 des finnischen Gesetzes Nr. 848/90 vom 14. September 1990 über die Rentierhaltung)

Anhang V

Canis lupus (spanische Populationen nördlich des Duero, griechische Populationen nördlich des 39. Breitengrades; finnische Populationen innerhalb des Rentierhaltungsareals im Sinne von Paragraph 2 des finnischen Gesetzes Nr. 848/90 vom 14. September 1990 über die Rentierhaltung, bulgarische, lettische, litauische, estnische, polnische und slowakische Populationen)

Es ist offensichtlich, und bedarf wohl keiner weiteren Erörterung, dass diese Einteilung keine Relevanz für den Erhaltungszustand des Wolfes in Europa haben kann, da sich dieser, auch lokal betrachtet, nicht oder allenfalls in sehr seltenen Ausnahmefällen an politische Grenzen hält bzw. diesseits und jenseits solcher Grenzen unterschiedlich darstellt. Das bedeutet aber auch, dass wir nach wie vor die Aufgabe haben, den Begriff der Population zu operationalisieren.

Der „Bericht des Bundesministeriums für Umwelt Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit zur Lebensweise, zum Status und zum Management des Wolfes (*Canis lupus*) in Deutschland“ (Anonymus 2015) scheint dieses Problem zu erkennen und versucht daher ebenfalls eine Operationalisierung des Populationsbegriffes, geht dabei aber nicht den Weg über die populationsökologische und

populationsgenetische Originalliteratur, sondern zitiert LINNELL *et al.* (2008) sowie BOITANI & CIUCCI (2009), beides Untersuchungen, die sich vor allem mit Schutzstrategien und mit naturschutzrelevanten Definitionen insbesondere internationaler Abkommen in Bezug auf den Wolf beschäftigen. Dass deren Überlegungen und Vorschläge allerdings auch ein –nennen wir es einmal „biologisches“-Populationskonzept fordern, werden wir später noch einmal aufgreifen.

Daher ist es an dieser Stelle erforderlich, dass wir uns zunächst noch einmal ausführlicher dem Populationsbegriff und der Frage widmen, wie dieser in der Biologie, insbesondere der Ökologie, Populationsbiologie und insbesondere Populationsgenetik verwandt wird. Zu diesem Zweck blicken wir einmal auf die Ausführungen der namhaften Ökologen der 2. Hälfte des 20. Jahrhunderts, der für die Entwicklung der Populationsbiologie entscheidenden Epoche.

Nach SCHWERDTFEGER (1968), der sich auch mit der Definition WEBERS (1949) auseinandersetzt, sind Populationen homotypische Kollektive einer Art, wobei er die Artzugehörigkeit als erstes Merkmal, die räumliche Begrenzung als zweites und die "Zusammengehörigkeit ihrer Glieder in einer Fortpflanzungsgemeinschaft" (gemäß WEBER 1949) als drittes Merkmal einer Population auffasst.

TISCHLER (1976) definiert die Population als "Individuengruppen mit prinzipieller Möglichkeit der Paarung und Fortpflanzung". Und weiter: "Eine örtliche Population, die Bevölkerung eines bestimmten Areals, umfaßt also Individuen, die Anteil an demselben Genpool haben." So kommt Tischler (1976) zu dem Schluss, dass sich „alle Individuen einer Art als Population auffassen [lassen], sofern sie eine potentielle Fortpflanzungsgemeinschaft bilden“. Damit charakterisiert er bereits die sogenannte „Mendel-Population“, welche in der Populationsgenetik eine zentrale Rolle spielt.

Populationsgenetiker (zum Beispiel HATTEMER *et al.* 1993) definieren die Mendel-Population als "Kollektiv zu generativer Reproduktion befähigter biologischer Organismen, in welchem jedes Paar von Individuen die Möglichkeit besitzt, wenigstens einen gemeinsamen Nachfahren zu haben. Dies muss nicht notwendig schon in der unmittelbaren Folgegeneration eintreten".

Wenn es also eine Möglichkeit gibt, sich zu paaren, dann ist die Wahrscheinlichkeit, gemeinsame Nachfahren (nicht unbedingt: Nachkommen!) zu haben, größer Null. Weiter führen HATTEMER *et al.* (1993) aus: "Zwei Mendel-Populationen sollen nun die biologische Art repräsentieren, wenn Umweltbedingungen existieren, unter welchen sich ein aus beiden Populationen gebildetes Kollektiv wie eine einzige Mendel-Population verhält. Die biologische Art ist damit grundsätzlich eine genetisch abgegrenzte Reproduktionseinheit" (*loc. cit.* p. 130).

Halten wir fest: Eine Population von Pflanzen oder Tieren als Teilmenge einer Art definiert sich zeitlich und räumlich, d.h. wir verstehen darunter zunächst einmal Individuen ein und derselben Art, welche gleichzeitig in einem bestimmten Gebiet leben.

Das Gebiet einer Population wiederum wird durch den Paarungszusammenhang über die Generationen abgegrenzt. Das bedeutet, zwei Individuen einer Art gehören dann zu ein und derselben Population, wenn regelmäßig die Möglichkeit besteht, gemeinsame Nachfahren zu haben. Damit bilden kontinuierliche Vorkommen einer Art typischerweise eine Population.

Die Population stellt die Ebene dar, auf der Evolution wirkt. Nicht das Individuum, nicht die Art, sondern die Population passt sich langfristig, von Generation zu Generation, an ihre Umwelt an, indem sie ihre genetischen Strukturen verändert. Diese Anpassungsfähigkeit sichert das langfristige Überleben, sie zu quantifizieren ist theoretisch und modellhaft möglich, eine seriöse und letztlich rechtlich relevante Voraussage einer langfristigen Überlebens- oder Aussterbewahrscheinlichkeit erlaubt dieses Vorgehen allerdings nicht.

Eine Population kann wiederum, etwa nach geographischen, morphologischen oder anderen Kriterien, in sog. Subpopulationen unterteilt werden. In diesem Zusammenhang taucht regelmäßig auch der Begriff der Metapopulation auf.

Unter einer Metapopulation verstehen wir im Grunde eine Population, bestehend aus unterschiedlichen Subpopulationen. Die ursprüngliche Arbeit zu dieser Frage von LEVINS (1969) beschäftigt sich mit der Frage, wie man bei Insekten Massenvermehrungen steuern könnte und resümiert, dass man eine optimale Strategie nicht findet. Dabei kommt LEVINS allerdings zu einem interessanten, mittlerweile als umfassend gültig angesehenen Konzept dessen, was wir heute als Metapopulation bezeichnen: Er geht nicht von einer

statischen Situation, sondern von einer gewissen Dynamik aus, welche von einem stetigen Kreislauf von Zuwanderung, Etablierung, Überleben einer gewissen Zeit, Aussenden von Migranten und gelegentlichem lokalem Aussterben bestimmt ist ("...established by colonists, survive for a while, send out migrants, and eventually disappear...").

Wir sehen, dass das ursprüngliche Metapopulationskonzept vor allem durch die Vorstellung geprägt ist, dass Teilpopulationen einer Art lokal regelmäßig verschwinden (also letztlich lokal aussterben) und die entsprechenden Gebiete ebenso regelmäßig durch Migration wiederbesiedelt werden. Dies wird als ein völlig normales, natürliches Phänomen interpretiert.

Bis heute gibt es allerdings keine klare, eindeutige Definition des Metapopulationsbegriffes. Während sich LEVINS (1969) der Frage von der Seite der zeitlichen Persistenz (Aussterben und Wiederbegründung von Subpopulationen) nähert, definieren beispielsweise HASTINGS & HARRISON (1994) den Begriff eher aus (populations)genetischer Sicht. Hier ist die genetische Differenzierung der Schlüssel. Wenn einzelne Subpopulationen genetisch differenziert sind, müssten wir statt von einer Population von einer Metapopulation sprechen.

Mit zunehmender Entwicklung hochdifferenzierter molekularer Marker ist, wie oben bereits erwähnt, das Argument der genetischen Differenzierung für die Abgrenzung von (Sub-)Populationen nur noch schwer zu halten. Durch geeignete Wahl molekularer und genetischer Markersysteme kann man heute nahezu jede beliebige Einheit vom Individuum über die Familie bis zu einer lokalen Teilpopulation abgrenzen. Molekulare Marker können daher zwar ein Indiz für die Abgrenzung von Teilpopulationen dienen. Mehr in solche Untersuchungsergebnisse zu interpretieren, ist allerdings, auch wenn dies regelmäßig geschieht, nicht zulässig. Auch ein molekularer Marker ist letztlich nur ein Phänotyp auf DNA-Basis.

Kommen wir zurück zu den Leitlinien für Managementpläne für große Prädatoren, wie LINNELL *et al.* (2008) sie vorschlagen, so spiegeln sich darin bereits ähnliche Überlegungen wider. So weisen die Autoren auf die in der Literatur uneinheitliche Verwendung des Populations- und Metapopulationsbegriffes hin, und entschließen sich, diesen „im breiteren Kontext einer fragmentierten/lückenhaften Verbreitung, mit unabhängigen demographischen Mustern der Subpopulationen“ (*loc. cit. p. 6*) zu verwenden. Die Autoren erkennen die oben diskutierte Problematik, ohne diese jedoch in ihrem Dokument konsequent zu lösen. Vielmehr schreiben sie sehr deutlich: „Subpopulationen ist der formale biologische Begriff für die Vorkommen, die wir in diesem Dokument diskutieren, allerdings werden wir der Einfachheit halber und zur Harmonisierung mit dem allgemeinen Sprachgebrauch der Flora-Fauna-Habitat-Richtlinie im Folgenden die Subpopulationen einfach als 'Populationen' bezeichnen.“

Diese Vorgehensweise führt allerdings, wie oben erläutert, nicht zu der gewünschten Vereinfachung, sondern hat die unerwünschte Konsequenz, dass LINNELL *et al.* (2008) durch spätere Autoren und durch Naturschutzadministrativen missverstanden werden. Die resultierende Vermischung vergleichsweise klarer und eindeutiger naturwissenschaftlicher Begriffe mit einer (wie eingangs beschrieben) davon deutlich und uneinheitlich abweichender Terminologie der Gesetz- und Verordnungsgebung sowie der Naturschutzadministration führt letztlich zu nicht unerheblichen Schwierigkeiten in der Praxis des Artenschutzes.

Vorschlag für eine operationale Definition der Populationen des Wolfes in Europa

Nehmen wir einmal die Karte aus KACZENSKY *et al.* (2013), welche auch eine Grundlage des o.g. Berichtes des Bundesministeriums für Umwelt Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit zur Lebensweise, zum Status und zum Management des Wolfes (*Canis lupus*) in Deutschland“ (Anonymus 2015) darstellt, als Ausgangspunkt, so stellen wir fest, dass die hier abgebildeten „Grenzen“ zwischen den angenommenen Populationen ganz offensichtlich keine Unterbrechung eines zusammenhängenden Verbreitungsgebietes widerspiegeln. Dies gilt umso mehr, als sich diese Karte ausschließlich auf das (politische) Gebiet der Europäischen Union bezieht. Östlich Kareliens, Estlands, Lettlands, Litauens, Polens und der Slowakei sowie nördlich der Karpaten schließen sich auf russischem, weißrussischem und ukrainischem Gebiet umfangreiche, zusammenhängende und bis weit nach Asien reichende Wolfsvorkommen an.

Betrachten wir die Situation in Europa aus biologisch-ökologischer Sicht, so haben wir es zunächst mit einem zusammenhängendem Wolfsvorkommen zu tun, welche sich vom Ural im Norden bis nach Karelien und ins Baltikum, nach Westen bis Niedersachsen und nach Süden über die Karpaten bis in die dinarisch-balkanischen Gebirge erstreckt. Wenn wir uns die aktuellen Rudelterritorien ansehen, wird schnell klar,

dass ein beliebiges Individuum innerhalb weniger Tage (westwärts) weite Teile Deutschlands ebenso wie (ostwärts) Ostpolen, das Baltikum, Weißrussland oder die Ukraine erreichen kann.

Wir können daher unter Zugrundelegung der oben diskutierten populationsökologischen und –genetischen Argumente von einer **baltisch-osteuropäischen Population** im Sinne einer umfangreichen Metapopulation sprechen, die sich gerade sichtbar nach Mitteleuropa ausbreitet und innerhalb derer die Individuen in einem geographischen ebenso wie in einem Paarungszusammenhang stehen. Für zwei beliebige Individuen gilt eine Wahrscheinlichkeit größer als null, gemeinsame Nachfahren (nicht zwingend Nachkommen!) zu haben. In dieser Population ist langfristig der Genfluß gewährleistet, was bereits durch die Tatsache bewiesen ist, dass die Besiedlung Westpolens sowie Mittel- und Westdeutschlands aus ebendieser Population von selbst und ohne anthropogene Unterstützung (Wiederansiedlungsmaßnahmen) erfolgte. Regelmäßig werden besenderte oder anderweitig identifizierte Individuen beobachtet, welche große Distanzen sowohl in Ost-West- als auch in West-Ost-Richtung zurücklegen (vergl. z.B. ANDERSEN 2015). Diese Sichtweise teilen verschiedene aktuelle Untersuchungen zum Wolf, etwa PILOT *et al.* 2006, 2010, CZARNOMSKA *et al.* 2013. Letztere formulieren das ganz klar: „Wolves in western Poland and eastern Germany appear to represent the expanding western edge of a vast, northeastern European wolf population that primarily inhabits boreal and temperate forests and extends through the Baltic States, northern Belarus and northwestern Russia“.

In Bayern besteht populationsbiologisch eine interessante Konstellation: hier wird sich kurzfristig der Kontakt zu den Wolfsvorkommen in den Alpen ergeben, so dass hier mit der ersten gemeinsamen Rudelbildung bzw. mit den ersten gemeinsamen Nachkommen eines „ost-mitteleuropäischen“ mit einem „abruzzo-alpinen“ Individuum die Isolation der bislang noch als eigene Population bestehenden **abruzzo-alpinen Population** durchbrochen wird.

Weitere derzeit noch isolierte Vorkommen, denen ein Populationsstatus zukommt, sind die **iberische Population** und die **skandinavische Population**. Inwieweit das Wolfsvorkommen der Karpaten mit demjenigen des Balkans im Paarungszusammenhang steht, wäre zu diskutieren. Ist dies nicht der Fall, käme eine fünfte, die **dinarisch-balkanische Population** hinzu. Nachdem allerdings gezeigt werden konnte (CZARNOMSKA *et al.* 2013), dass bei nachweisbarer molekularer Differenzierung schon das Wolfsvorkommen der Karpaten den Charakter einer Subpopulation aufweist, dürfte eine eigene dinarisch-balkanische Wolfspopulation nur dann zu postulieren sein, wenn nachweislich ein wolfsfreier Gürtel im Bereich der westlichen Ukraine besteht. Anderenfalls wäre auch in diesem Falle von einer dinarisch-balkanischen **Subpopulation** zu sprechen.

An diesem Beispiel zeigt sich die Bedeutung eines klaren, biologisch und insbesondere genetisch begründeten Populationskonzeptes. So könnten Entscheidungen im Artenschutz unter Umständen sehr unterschiedlich ausfallen, je nachdem, ob eine bzw. welche konzeptionelle Basis diesen zugrunde liegt.

Die Population und ihr Erhaltungszustand

Wie bereits LINNELL *et al.* (2008) sehr treffend schreiben, ist „...die zentrale Herausforderung, die mit der Entwicklung von Verfahren zur Anwendung des FCS (favorable conservation status, Anm. d.Autors)-Konzeptes verbunden ist, ...die Verbindung zwischen dem philosophischen, politischen und rechtlichen Konzept des FCS, dem biologischen Konzept der lebensfähigen Population, anderen Formen zur Klassifizierung des Artenstatus, den spezifischen Verteilungsmustern und der Biologie der Großraubtiere...herzustellen“.

Damit wird im Grunde die Problematik klar, welche alleine mit dem Versuch, einen günstigen Erhaltungszustand bei großen, mobilen Säugetierarten mehr oder weniger lokal zu definieren, verbunden ist.

Eine solche Aussage zu einem günstigen Erhaltungszustand kann ausschließlich auf der Basis von Populationen (im Sinne einer naturwissenschaftlichen Definition) getroffen werden. In allen anderen Fällen ist, aufgrund der auftretenden Widersprüche in den Anforderungen und aufgrund fehlender zuverlässiger Prognoseinstrumente für die langfristige Überlebensfähigkeit von Populationen (ebenfalls bereits ausführlich erläutert bei LINNELL *et al.* 2008) eine solche Aussage nicht sinnvoll bzw. auch nicht möglich. So würde es beispielsweise keinen Sinn ergeben, den Erhaltungszustand etwa separat für eine „kontinentale“ und eine „atlantische“ Region zu ermitteln.

Somit soll an dieser Stelle die Frage des günstigen Erhaltungszustandes auch ausschließlich auf Populationsniveau und anhand der Formulierungen der FFH-Richtlinie geprüft werden.

Ausgehend von der FFH Richtlinie (*Anonymus* 1992, 2007), welche den Erhaltungszustand einer Population dann als günstig interpretiert, wenn (Artikel 1, Zitat):

"- aufgrund der Daten über die Populationsdynamik der Art anzunehmen ist, dass diese Art ein lebensfähiges Element des natürlichen Lebensraumes, dem sie angehört, bildet und langfristig weiterhin bilden wird, und

- das natürliche Verbreitungsgebiet dieser Art weder abnimmt noch in absehbarer Zeit vermutlich abnehmen wird und

- ein genügend großer Lebensraum vorhanden ist und wahrscheinlich weiterhin vorhanden sein wird, um langfristig ein Überleben der Populationen dieser Art zu sichern."

Wie wir wissen, erfährt die baltisch-osteuropäische Wolfspopulation derzeit in ihrem westlichsten Teil eine deutliche positive Dynamik (z.B. HERZOG 2014), die derzeit keine Stagnation oder gar Trendwende erkennen lässt. Die Art ist aktuell in Ausbreitung begriffen und der vorhandene, besiedelte und noch unbesiedelte Lebensraum lässt die langfristige Etablierung der Art zu.

Danach ist der Wolf bei kritischer Prüfung aller drei Punkte aus europäischer Sicht in einem günstigen Erhaltungszustand. Selbst wenn wir die "mitteleuropäische Flachlandpopulation", welcher aus populationsbiologischer Sicht (s.o.) der Status einer Subpopulation zukommt, isoliert betrachten würden, wäre dieses Vorkommen in einem günstigen Erhaltungszustand.

Für "Arten von gemeinschaftlichem Interesse" wiederum gilt, dass sie (Zitat)

"i) bedroht sind, außer denjenigen, deren natürliche Verbreitung sich nur auf Randzonen des vorgenannten Gebietes erstreckt und die weder bedroht noch im Gebiet der westlichen Paläarktis potentiell bedroht sind, oder

ii) potentiell bedroht sind, d. h., deren baldiger Übergang in die Kategorie der bedrohten Arten als wahrscheinlich betrachtet wird, falls die ursächlichen Faktoren der Bedrohung fort dauern, oder

iii) selten sind, d. h., deren Populationen klein und, wenn nicht unmittelbar, so doch mittelbar bedroht oder potentiell bedroht sind. Diese Arten kommen entweder in begrenzten geographischen Regionen oder in einem größeren Gebiet vereinzelt vor, oder

iv) endemisch sind und infolge der besonderen Merkmale ihres Habitats und/oder der potentiellen Auswirkungen ihrer Nutzung auf ihren Erhaltungszustand besondere Beachtung erfordern. Diese Arten sind in Anhang II und/oder Anhang IV oder Anhang V aufgeführt bzw. können dort aufgeführt werden."

Hier wäre –aus biologischer Sicht- insbesondere zu prüfen, ob in Bezug auf den Wolf Punkt iii anwendbar ist. Ob sich in einer Situation der Populationsexpansion (siehe unten) eine (potentielle) Bedrohung erkennen lässt, ist fachlich zumindest zu diskutieren. Unabhängig davon, ob wir diese potentielle Bedrohung unterstellen, ist an dieser Stelle wohl die Frage entscheidend, ob die Population "klein" ist. Gehen wir davon aus, dass wir es in Deutschland mit dem westlichsten Vorposten einer nach Westen expandierenden baltisch-osteuropäischen Population zu tun haben, so müssen wir dies klar verneinen.

Literatur

Anonymus. Bundesnaturschutzgesetz vom 29. Juli 2009 (BGBl. I S. 2542), das zuletzt durch Artikel 3 des Gesetzes vom 30. Juni 2017 (BGBl. I S. 2193) geändert worden ist
http://www.gesetze-im-internet.de/bundesrecht/bnatschg_2009/gesamt.pdf
2017, zuletzt aufgerufen 21. August 2017.

Anonymus. Richtlinie 92/43/EWG des Rates vom 21. Mai 1992 zur Erhaltung der natürlichen Lebensräume sowie der wildlebenden Tiere und Pflanzen.
<http://eurlex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=CONSLEG:1992L0043:20070101:DE:PDF>
1992, 2007, zuletzt aufgerufen 21. August 2017.

Anonymus. Bericht des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit zur Lebensweise, zum Status und zum Management des Wolfes (*Canis lupus*) in Deutschland. Deutscher Bundestag, Ausschuss für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit, Ausschussdrucksache 18(16)313, 2015

ANDERSEN, L. W.; HARMS, V.; CANIGLIA, R.; CZARNOMSKA, S. D.; FABBRI, E.; JĘDRZEJEWSKA, B.; KLUTH, G.; MADSEN, A. B.; NOWAK, C.; PERTOLDI, C.; RANDI, E.; REINHARDT, I.; STRONEN, A. V. Long-distance dispersal of a wolf, *Canis lupus*, in northwestern Europe. *Mammal Research*, 2015, DOI 10.1007/s13364-015-0220-6

BIBIKOW, D. I. *Der Wolf: Canis lupus*. A. Ziemsen Verlag, Lutherstadt Wittenberg, 1988.

BOITANI, L.; CIUCCI, P. Wolf management across Europe: Species conservation without boundaries. In: MUSIANI, BOITANI, L.; PAQUET, P. (Herausgeber). *A New Era for Wolves and People*. University of Calgary Press, 2009.

BRAINERD, S. M.; BANGS, E. E.; BRADLEY, E. H.; FONTAINE, J. A.; HALL, W.; ILIOPOULOS, Y.; JIMENEZ, M. D.; JOZWIAK, E. A.; LIBERG, O.; MACK, C. M.; MEIER, T. J.; NIEMEYER, C. C.; PEDERSEN, H. C.; SAND, H.; SCHULTZ, R. N.; SMITH, D. W.; WABAKKEN, P.; WYDEVEN, A. P. The Effects of Breeder Loss on Wolves. *Journal of Wildlife Management* **72**:89–98, 2008.

CREEL, S. & ROTELLEA, J. J. Meta-analysis of relationships between human offtake, total mortality and population dynamics of gray wolves (*Canis lupus*). - *PloS ONE* **5**, 1-7, 2010.

CZARNOMSKA, S. D.; JĘDRZEJEWSKA, B.; BOROWIK, T.; NIEDZIAŁKOWSKA, M.; STRONEN, A. V., NOWAK, S.;
MYSŁAJEK, R. W.; OKARMA, H.; KONOPÍŃSKI, M.; PILOT, M.; ŚMIETANA, W., CANIGLIA, R.; FABBRI, E.; RANDI, E.; PERTOLDI, C.; JĘDRZEJEWSKI, W. Concordant mitochondrial and microsatellite DNA structuring between Polish lowland and Carpathian Mountain wolves. *Conservation Genetics* **14**, 573-588, 2013.

ELLENBERG, H. Zur Populationsökologie des Rehes (*Capreolus capreolus* L., Cervidae) in Mitteleuropa. *Spixiana, Zoologische Staatssammlung, Suppl.* **2**, 1978, 211 S.

GUBER, S.; HERZOG, S. Die naturschutzrechtliche raum- und wirkungsbezogene Klassifikationssystematik von Arten sowie daraus folgende staatliche Handlungspflichten - erläutert an den Arten Mufflon (*Ovis ammon musimon*) und Wolf (*Canis lupus*). *Natur und Recht* **39**, 73-88, 2017. p-ISSN 0172-1631, e-ISSN 1439-0515 DOI 10.1007/s10357-017-3133-0

HASTINGS, A.; HARRISON, S. Metapopulation dynamics and genetics. *Annual Review of Ecology and Systematics* **25**, 167-188, 1994.

HATTEMER, H. H.; BERGMANN, F.; ZIEHE, M. Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft. J. D. Sauerländer's Verlag, Frankfurt am Main, 1993.

HERZOG, S. Mortalität durch Verkehrswege beim Wolf (*Canis lupus*) – ein Artenschutzproblem? *Säugetierkundliche Informationen*, **9**, **48**, 235-242, 2014.

HERZOG, S. Von Wölfen und Menschen: Für einen undogmatischen Umgang mit einem Heimkehrer. *Beiträge zur Jagd- und Wildforschung* **41**, 227-237, 2016

HERZOG, S.; SCHRÖPFER, R. Das Mufflon *Ovis ammon musimon* (Pallas, 1811) in Europa: Faunenverfälschung oder Maßnahme der ex-situ-Generhaltung? *Säugetierkundliche Informationen*, **10**, **52**, 259-264, 2014. ISSN 0323-8563, ISBN 978-3-00-046295-5.

JĘDRZEJEWSKA, B.; JĘDRZEJEWSKI, W.; BUNEVICH, A. N.; MINKOWSKI, L.; OKARMA, H. Population dynamics of Wolves *Canis lupus* in Biłowieża Primeval Forest (Poland and Belarus) in relation to hunting by humans, 1847-1993. *Mammal Review*, **26**:103-126, 1996.

- LEBRETON, J.-D. Dynamical and statistical models for exploited populations. Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive. Aust. N. Z. J. Stat. 47(1), 49–63, 2005.
- LEVINS, R. Some demographic and genetic consequences of environmental heterogeneity for biological control. Bulletin of the Entomological Society of America **15**, 237-240, 1969.
- LIBERG, O.; CHAPRON, G.; WABAKKEN, P.; PEDERSEN, H. C.; HOBBS, N. T.; SAND, H. Shoot, shovel and shut up: cryptic poaching slows restoration of a large carnivore in Europe. Proceedings of the Royal Society B, e-publishing, 2011. doi: 10.1098/rspb.2011.1275.
- LINNELL, J.; SALVATORI, V.; BOITANI, L. Leitlinien für Managementpläne auf Populationsniveau für Großraubtiere. Initiative Großraubtiere für Europa, Rom 2008.
- LOVARI, S.; SFORZI, A.; SCALA, C.; FICO, R. Mortality parameters of the wolf in Italy: does the wolf keep himself from the door? University of Siena, Italy. Journal of Zoology **272**, 117–124, 2007. doi:10.1111/j.1469-7998.2006.00260.x.
- MÖRNER, T., ERIKSSON, H., BRÖJER, C., NILSSON, K., UHLHORN, H., ÅGREN, E., HÅRDAFSEGERSTAD, C., JANSSON, D.S., GAVIER-WIDÉN, D. Diseases and Mortality in free-ranging Brown Bear (*Ursus arctos*), Gray Wolf (*Canis lupus*), and Wolverine (*Gulo gulo*) in Sweden. Journal of Wildlife Diseases, **41**, 298–303, 2005.
- OKARMA, H. Der Wolf. Verlag Paul Parey, Berlin 2002.
- PILOT, M.; JĘDRZEJEWSKI, W.; BRANICKI, W.; SIDOROVICH, V.E.; JĘDRZEJEWSKA, B., STACHURA, K.; FUNK, S.M. Ecological factors influence population genetic structure of European grey wolves. Molecular Ecology **15**, 4533-4553, 2006.
- PILOT, M.; BRANICKI, W.; JĘDRZEJEWSKI, W.; GOSZCZYŃSKI, J.; JĘDRZEJEWSKA, B.; DYKII, I.; SHKVYRYA, M.; TSINGARSKA, E. Phylogeographic history of grey wolves in Europe. BMC Evol. Biol. **10**, 104, 2010.
- SCHWERDTFEGER, F. Ökologie der Tiere. Band 2. Demökologie. Verlag Paul Parey, Berlin 1968.
- SPARKMAN, A.M., WAITS, L.P. & MURRAY, D.L. (2011): Social and Demographic Effects of Anthropogenic Mortality: A Test of the Compensatory Mortality: Hypothesis in the Red Wolf. PLoS ONE **6**, 2011. e20868. doi:10.1371/journal.pone.0020868.
- TISCHLER, W. Einführung in die Ökologie. Gustav Fischer Verlag. Stuttgart. New York, 1976.
- WAGNER, C.; HOLZAPFEL, M.; KLUTH, G.; REINHARDT, I.; ANSORGE, H. Wolf (*Canis lupus*) feeding habits during the first eight years of its occurrence in Germany. Mammalian Biology **77**, 196-203, 2012.
- WEBER, H. Zum gegenwärtigen Stand der Allgemeinen Ökologie. Naturwiss. **29**, 756-763, 1949.
- ZIMEN, E. Der Wolf. Meyster, 1978.