

## 1 Zusammenfassung

Die vorliegende Arbeit zur Analyse der Verwandtschaftsbeziehungen und des individuellen Fortpflanzungserfolges einer Waschbärpopulation des Müritz-Nationalparks wurde durchgeführt im Rahmen des „Projekt Waschbär“, einer wildbiologischen Forschungsstudie, bei der grundlegende Daten zur Populationsökologie und zum Raum- und Sozialverhalten des Waschbären aufgenommen werden. Der Waschbär (*Procyon lotor*) zählt als heimische Tierart nach Bundesnaturschutzgesetz (BNatSchG §10 Abs. 2 Nr..5b) seit über 70 Jahren zu den Tieren Deutschlands und zeigt ein weites Verbreitungsgebiet. Als Untersuchungsgebiet diente der Müritz-Nationalpark, hier besonders der Sehraner Teil. Der Müritz-Nationalpark befindet sich im Nordosten Deutschlands in Mecklenburg-Vorpommern. Um die telemetrischen Daten zu vervollständigen, wurde in dieser Arbeit eine genetische Analyse durchgeführt. Es wurden 93 Tiere, hiervon 40 Jungtiere und 53 adulte Tiere, an acht Loci analysiert. Hierfür wurde zuerst eine Gewebeprobe entnommen, anschließend die DNA extrahiert und im Folgenden mittels PCR an acht Loci amplifiziert. Im Anschluss wurde eine Fragmentlängenanalyse durchgeführt. Mit deren Ergebnissen wurden Allelzahl, Allelhäufigkeiten, erwartete und beobachtete Heterozygotie, Hardy-Weinberg-Gleichgewicht und Relatednesswerte berechnet und Abstammungsanalysen durchgeführt. Es wurden im Mittel 7,75 Allele gefunden. Die Loci weichen nicht signifikant vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht ab. Für die beobachtete Heterozygotie ergaben sich durchschnittliche Werte von 0,603 und für die erwartete Heterozygotie ein Wert von 0,633. Da der beobachtete Wert höher als der erwartete war, kann man davon ausgehen, dass ein genetischer Austausch stattfindet. Sowohl die Allelzahlen als auch die Heterozygotiewerte liegen im Mittel ungefähr gleich mit anderen Studien. Durch die Mikrosatellitenanalyse sollen weitere Aufschlüsse gebracht werden über das komplexe Sozialsystem der dortigen Waschbärpopulation. Mittels Abstammungsanalysen wurde versucht eindeutige Elterntiere der Jungtiere festzulegen. Es ließen sich wahrscheinliche Elterntierkandidaten nennen, auch konnten bereits vermutete Muttertiere mit bestimmten Wahrscheinlichkeiten bestätigt werden. Ebenso wurde mithilfe einer

Parentage-Analyse auch versucht Mehrfachvaterschaften innerhalb einzelner Würfe festzustellen. Hierbei kamen mehrere Vaterkandidaten für die einzelnen Würfe in Frage, die auch mittels manueller Auswertung nicht ausgeschlossen werden konnten. In den telemetrischen Voruntersuchungen wurde auch beobachtet, dass sich immer wieder Koalitionen von Rüden bilden. Warum sich diese Koalitionen bilden ist noch weitgehend unerforscht. In dieser Studie wurde versucht anhand der Relatedness-Werte eine Aussage darüber zu treffen, ob diese Koalitionen sich zufällig bilden oder ob es einen eventuellen Verwandtschaftshintergrund gibt. Es ließen sich genetische Ähnlichkeiten einzelner Tiere feststellen, aber auch Koalitionen, die geringere genetische Ähnlichkeiten aufwiesen. So scheint der genetische Faktor nicht zwingend der entscheidende Faktor für eine derartige soziale Bindung zu sein.