Marietta Fischer

Besiedlungsprozesse und Auswirkungen des Waschbären (Procyon lotor L., 1758) in Deutschland

Vom Fachbereich VI Raum- und Umweltwissenschaften der Universität Trier
zur Verleihung des akademischen Grades
Doktor der Naturwissenschaften (Dr. rer. nat.)
genehmigte Dissertation

Datum der wissenschaftlichen Aussprache: 01.07.2016

Betreuender/Berichterstattender: Prof. Dr. rer. nat. Roland Klein,
Betreuender/Berichterstattender: Univ.-Prof. Dr. jur. Reinhard Hendler

Trier, 2016

Processes of colonization and consequences of the raccoon (Procyon lotor L., 1758) in Germany

PhD Thesis

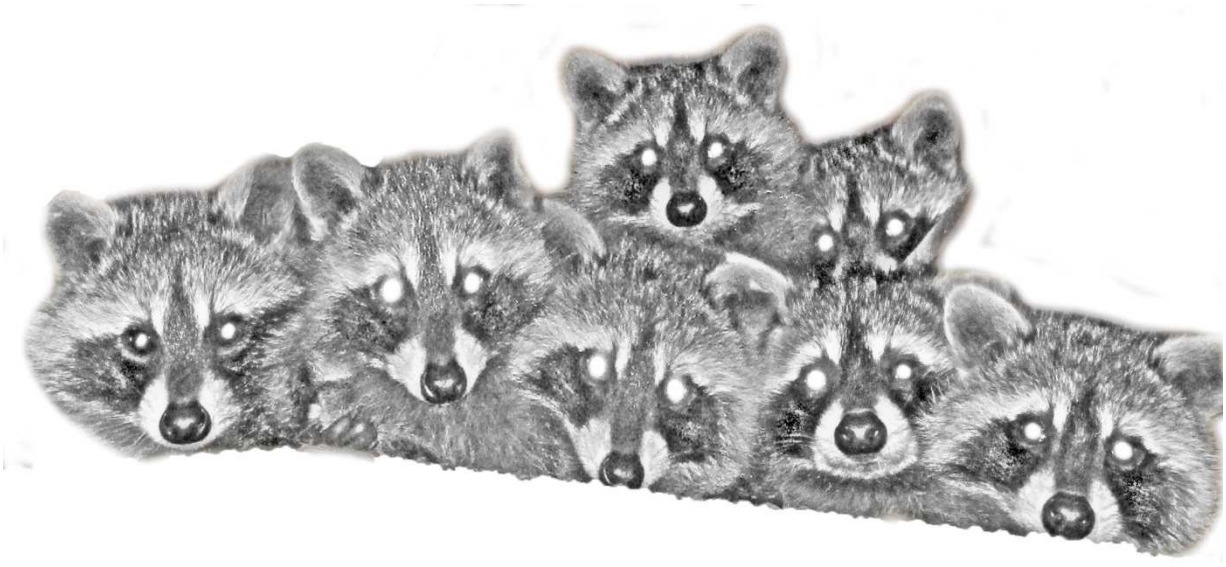
of

Marietta Fischer

Trier University, Geoscience

Biogeography and Institute for Environmental and Technology Law,

Germany



Cover layout

with modified images from

Marietta Fischer

Marietta Fischer

Besiedlungsprozesse und Auswirkungen des Waschbären (*Procyon lotor* L., 1758) in Deutschland

Dissertation, Universität Trier, Deutschland, 2016

DANKSAGUNG

Mein Dank gilt allen, die mich während meiner Promotion unterstützt haben, allen voran meiner Familie, ohne die ich den Ehrgeiz zur Fertigstellung dieses Promotionsprojektes möglicherweise nie aufgebracht hätte.

Im Besonderen möchte ich mich bei Herrn Prof. Dr. rer. nat. Roland Klein für die Möglichkeit zur Bearbeitung dieses mich besonders interessierenden, interdisziplinären Themas bedanken. Seine kontinuierliche Begleitung und Anregung, sowie gleichzeitig die Gestattung eines großzügigen Spielraumes in der wissenschaftlichen Arbeitsweise - ohne die eine Vereinigung von Familie und akademischer Laufbahn nicht so einfach möglich gewesen wäre - haben ebenfalls maßgeblich zum erfolgreichen Abschluss dieses Promotionsprojektes beigetragen. Ebenso danke ich Herrn Univ.- Prof. Dr. jur. Reinhard Hendler für die verständnisvolle und kompetente Betreuung zu den juristischen Ausarbeitungen des Themas, die aufgrund der Inanspruchnahme meiner Elternzeit, weit in seine Emeritierung hineingeragt ist.

Mein Dank gebührt ebenfalls insbesondere Dr. Axel Hochkirch, der mich kontinuierlich und kompetent in meiner Arbeit im Labor gefördert, sowie in den Auswertungen der genetischen Analysen und der Verfassung der Manuskripte in Kapitel zwei und drei maßgeblich unterstützt hat.

Weiterhin möchte ich mich bei zahlreichen Instituten, Jägern, Veterinären und Privatpersonen für ihr Interesse an der Studie und ihre unschätzbare Unterstützung bei der Probensammlung bedanken. Ich hoffe bei den namentlichen Nennungen am Ende der Kapitel eins bis drei Niemanden vergessen zu haben.

Darüberhinaus wäre auch ohne die Unterstützung folgender Kooperationspartner und Mitautoren hinsichtlich der Proben- und Datengewinnung, der Erstellung der Verbreitungsmodelle sowie der Auswertung der genetischen Analysen die Beiträge in den Kapiteln eins bis drei nicht im vorliegenden Umfang möglich gewesen: Dr. Alain C. Frantz, Dr. Martin J. P. Sullivan, Mike Heddergott, Iván Salgado, Dr. Christopher Kyle, Dr. Catherine Cullingham, José Guerrero-Casado, Dr. Christoph Schulze, Dr. Helena E. Anheyer-Behmenburg, Johannes Lang, Frank-Uwe Michler, Dr. Ulf Hohmann, Prof. Dr. Dr. Hermann Ansorge, Dr. Lothar Hoffmann, Grit Greiser, Dr. Oliver Keuling, Ina Martin und Dr. Armin Winter.

Für Informationen zum Abstimmungsverhalten der EU-Länder und Einsicht in die Erstellung der Unionsliste inklusive der aktuellen Entwicklungen des Waschbären bezüglich der Unionsliste möchte ich Dr. Francesco Dati danken.

Des Weiteren gilt mein Dank allen Kollegiaten/Innen und Dozenten/Innen des DFG-Graduiertenkollegs für die intensiven Einblicke in die fachübergreifende Disziplin sowie für den regen Austausch und die gute Zusammenarbeit bei gemeinsamen Projekten und Veranstaltungen. Ebenso danke ich vielmals allen Mitarbeitern/Innen aus der Biogeographie und der Umweltprobenbank für ihr offenes Ohr und ihre Hilfsbereitschaft bei allerlei Fragen, für das freundliche Arbeitsverhältnis und die lockere Atmosphäre während der gemeinsamen Essens- und Kaffeepausen, der Weihnachtsfeiern, Sommerfeste, Betriebsausflüge und Umweltprobenbankfahrten. Besonders bedanken möchte ich mich bei Joscha Beninde für seine Hilfe im Umgang mit dem R-Paket ResistanceGA, bei Dr. Norman Wagner für seine Anleitung zur Statistik für den Beitrag in Kapitel eins, bei Dr. Ortwin Elle für seine Hilfe bei meinen Fragen zu ArcGIS, bei Alois Deutsch, Bernd Fontaine, Stalsky Gleb und Dr. Gerhard Wagner für das oftmalige Neustarten des Arbeits-PCs, wenn sich die Remotedesktopverbindung aufgehängt hat sowie bei Petra Willems für ihre gute Laune und Hilfe im Labor.

Für die finanzielle Unterstützung möchte ich mich ganz herzlich bei der Deutschen Forschungsgesellschaft (DFG) bedanken, die mir mit der Stelle als wissenschaftliche Mitarbeiterin im Rahmen des DFG-Graduiertenkollegs die Anfertigung dieser Dissertation ermöglicht hat. Zudem hat ihre Finanzierung von Dienstreisen zu Tagungen und Konferenzen den wertvollen Austausch mit anderen Wissenschaftlern gefördert und die Entstehung von Kooperation für diese Arbeit möglich gemacht.

VERZEICHNISSE

I INHALTSVERZEICHNIS

ZUSAMMENFASSUNG 1

VORBEMERKUNGEN 3
PROZESS BIOLOGISCHER INVASIONEN 3
MERKMALE UND BEWERTUNG INVASIVER, GEBIETSFREMDER ARTEN 4
WISSENSCHAFTLICHE METHODEN ZUR IDENTIFIKATION VON EINFLUSSFAKTOREN 7
TIERHALTUNGEN ALS PRIORITÄRER EINFÜHRUNGSPFAD VON IAS 10
NEUE ERKENNTNISSE ZU BIOLOGISCHEN INVASIONSPROZESSEN UND ZU IHREN RECHTLICHEN KONSEQUENZEN 12
Modellart Waschbär 12
Kapitel 1 13
Kapitel 2 14
Kapitel 3 15
Kapitel 4 15
Kapitel 5 16
DEFINITIONEN UND BEGRIFFSERKLÄRUNGEN 17
LITERATUR 18

CHAPTER I ASSESSING AND PREDICTING THE SPREAD OF NON-NATIVE RACCOONS IN GERMANY USING HUNTING BAG DATA AND DISPERSAL WEIGHTED MODELS 20

ABSTRACT 21
1.1 INTRODUCTION 22
1.2 MATERIALS AND METHODS 23
Hunting bag data as indicator for raccoon relative abundance 23
Explanatory variables of landscape structure 25
Calculating dispersal probabilities 25
Habitat suitability analysis 26
Calibration and validation of models 27
Modelling the future distribution of the raccoon 28
1.3 RESULTS 29
Current status of the raccoon in Germany based on hunting bag data 29
Habitat suitability analysis 30
Prediction of range expansions 31
1.4 DISCUSSION 31
Using hunting bag data to monitor alien species 32
Habitat associations of raccoons 33
Patterns of dispersal 34
Management implications 35
1.5 ACKNOWLEDGMENTS 36
1.6 APPENDIX / ONLINE RESSOURCE 36
1.7 REFERENCES 38

CHAPTER II HISTORICAL INVASION RECORDS CAN BE MISLEADING: GENETIC EVIDENCE FOR MULTIPLE INTRODUCTIONS OF INVASIVE RACCOONS (*PROCYON LOTOR*) IN GERMANY 43

ABSTRACT 44
2.1 INTRODUCTION 45
2.2 MATERIALS AND METHODS 46
Laboratory work 46

Genetic structure and descriptive statistics ... 48
Calculating minimum number of founders ... 50
2.3 RESULTS ... 50
2.4 DISCUSSION ... 55
Population genetic structure of raccoons in North America ... 55
Established populations and founder events ... 55
Recent population admixture ... 57
Genetic diversity ... 57
Estimating the number of founders ... 57
2.5 ACKNOWLEDGMENTS ... 59
2.6 APPENDIX / ONLINE RESSOURCE ... 59
2.7 REFERENCES ... 61

CHAPTER III PATHWAYS OF THE INVASION OF THE RACCOON (*PROCYON LOTOR*) IN THE NON-NATIVE RANGE IN EUROPE ... 64

ABSTRACT ... 65
3.1 INTRODUCTION ... 66
3.2 MATERIALS AND METHODS ... 67
Genetic analyses ... 67
Genetic structure and descriptive statistics ... 68
3.3 RESULTS ... 69
Established non-native raccoon populations in Europe ... 69
Genetic variability of the populations in German zoos and in the wild ... 74
3.4 DISCUSSION ... 76
Established populations and source of origin of the raccoon in Germany and Spain ... 76
Genetic consequences of the raccoon invasion in Germany and Spain . **Fehler! Textmarke nicht definiert.**
Ex-situ populations of invasive species ... 77
3.5 ACKNOWLEDGEMENTS ... 78
3.6 APPENDIX / ONLINE RESSOURCE ... 79
3.7 REFERENCES ... 79

CHAPTER IV AMBITIOUS ADVANCES OF THE EUROPEAN UNION IN THE LEGISLATION OF INVASIVE ALIEN SPECIES ... 82

ABSTRACT ... 83
4.1 INTRODUCTION ... 84
4.2 THE REGULATION AND POTENTIAL FOR ITS IMPROVEMENT ... 85
4.2.1 Legal scope ... 85
4.2.2 Risk assessment ... 86
4.2.3 List of IAS of Union concern ... 87
4.2.4 Measures ... 88
4.2.5 Committee, scientific and consultation forum ... 89
4.3 LEGISLATIVE FUTURE ... 90
4.4 ACKNOWLEDGMENTS ... 91
4.5 REFERENCES ... 91

KAPITEL V HALTUNGSBESCHRÄNKUNGEN FÜR NICHT EINHEIMISCHE INVASIVE ARTEN – DAS PROBLEM VON NEUAUSSETZUNGEN DES NORDAMERIKANISCHEN WASCHBÄREN ... 93

KURZFASSUNG ... 94
5.1 EINBRINGUNGSWEGE DES WASCHBÄREN ... 96
5.2 VERBREITUNGSPOTENTIAL DES WASCHBÄREN IN EUROPA ... 97
5.3 UNBESTIMMTE INVASIVITÄT DES WASCHBÄREN ... 97
5.3.1 Ökologisches Schadenspotential ... 98
Hybridisierung ... 98
Interspezifische Konkurrenz ... 98

Prädation ... 100
5.3.2 Gesundheitliches Schadenspotential ... 102
5.3.3 Ökonomisches Schadenspotential ... 103
5.4 Rechtliche Regelungen bezüglich der Haltungsbedingungen für invasive gebietsfremde Arten ... 104
5.4.1 Rechtsbegriff der gebietsfremden invasiven Art ... 104
5.4.2 Völkerrecht, EU-Recht und nationales Recht bezüglich gebietsfremder invasiver Arten und ihrer Haltungsbedingungen ... 106
Internationale Ebene ... 106
Supranationale Ebene ... 109
Nationale Ebene ... 112
5.4.3 die Problematik einer unbestimmten Invasivität in der Normanwendung im Fallbeispiel des Waschbären ... 114
5.4.4 Haltungsbeschränkungen und Verbote für Private ... 117
5.4.5 Aussetzung in die freie Natur und Genehmigungsvorbehalt als Ausdruck des Vorsorgeprinzips ... 122
5.4.6 Kennzeichnungspflicht und Verursacherprinzip ... 124
5.4.7 Überwachung und Kontrollen ... 126
5.4.8 Zoologische Gärten ... 127
5.5 Erfahrungen im Umgang mit der Praxis ... 128
5.6 Verbesserungsvorschläge hinsichtlich der Haltungsbedingungen für invasive Arten im Hinblick auf die Problematik von Primär- und Sekundärausbringungen ... 129
5.6.1 Verpflichtender Sachkundenachweis ... 129
5.6.2 Tierregistrierung und Kennzeichnung ... 131
5.6.3 Erweiterung der bestehenden Import-, Besitz- und Vermarktungsverbote ... 131
5.6.4 Beheben der Regelungslücke im Hinblick auf Ansiedlungsgenehmigungen ... 133
5.7 Schlussfolgerungen ... 133
5.8 Literatur ... 134

SCHLUSSBEMERKUNGEN ... 137

Rechtliche Normsetzung ... 137
Risikobewertung und Monitoring von IAS ... 138
Management des Waschbären ... 139
Präventionsmaßnahmen ... 139
Systematisches und genetisches Monitoring ... 140
Dynamischer und bewahrender Naturschutz ... 141
Literatur ... 142

ZUSAMMENFASSUNG / SUMMARY ... 145

LEBENSLAUF ... 147

ERKLÄRUNG ... 153

II ABBILDUNGSVERZEICHNIS

Abbildung 0.1: **Modell zur Untergliederung von Invasionsprozessen.** Das Stufenmodell von Heger (2004) wurde ergänzt durch das Phasenmodell von Inderjit et al. (2005) und die „Zehner-Regel“ von Williamson und Fitter (1996). 6

Abbildung 0.2: **Verhältnis zwischen abiotischer (fundamentaler Nische), biotischer Interaktion und Erreichbarkeit nach Hutchison (1957) (verändert nach Soberón und Peterson (2005)).** Die potentielle Verbreitung ist eine Teilmenge der abiotischen Nische unter Beachtung der biotischen Faktoren, und somit die geographische Ausdehnung der realisierten Nische dar. Die realisierte Verbreitung hingegen zieht darüber hinaus auch die räumliche und zeitliche Erreichbarkeit mit ein. 8

Figure 1.1: **Starting points, hunting start dates and change in raccoon populations in Germany.** a Grey lines and bold letters represent the boundaries and abbreviation of the German federal states respectively: BB, Brandenburg; BL, Berlin; BW, Baden-Württemberg; BY, Bavaria; HB, Bremen; HE, Hesse; HH, Hamburg; MV, Mecklenburg-Western Pomerania; NI, Lower Saxony; NRW, North Rhine-Westphalia; RP, Rhineland-Palatinate; SH, Schleswig–Holstein; SL, Saarland; SN, Saxony; ST, Saxony-Anhalt; TH, Thuringia. The years give information when the raccoon was declared a game species in each federal state (Hohmann and Bartussek 2011). Edersee and Wolfshagen indicate the geographic locations of the two introduced populations in 1934 and 1945. In the Harz region and SN additional founder population were proposed (Frantz et al. 2013; Fischer et al. 2015). Black points represent the location studies revealing raccoon densities, in the urban habitats of Kassel and Bad Karlshafen in HE, in the low mountain forests in Solling in NI and in the swamp areas in Müritz in MV. b The collected harvest records suggest an exponential trend in the last decade. Our study covers the strong increase beginning in 2000. 24

Figure 1.2: **Status and development of raccoon range expansion in Germany.** Raccoon bag were calculated to 100 ha of the district areas for hunting years 2000/01 and 2011/12. The development map represents the change in the raccoon bag between both years 29

Figure 1.3: **Future raccoon range expansion in Germany.** a Simulation of districts being dispersed to by different time points given by the deterministic model averaging suitability values. b Probability of districts being dispersed to in year 2061 given by the stochastic model. 31

Online Resource Figure S1.1: **Status and development of raccoon range expansion in Germany for hunting seasons 2001/02 to 2010/11.**. 37

Online Resource Figure S1.2: **Dispersal kernel, SDMs and simulation of raccoon range expansion in Germany for the individual models of 2006 and 2011.** a) Dispersal kernel: circles: dispersal model predictions (larger circles denote higher dispersal probabilities); black circles: occupied in the previous five-year time step; shading in dispersal maps represent the hunting bag with white, 0; light grey, 0–0.01; grey, 0.01–0.1; and dark grey, x > 0.1; b) SDMs: habitat favorability with white, 0–0.25; light grey, 0.25–0.5; grey, 0.5–0.75 and dark grey 0.75–

1. c) Predictions of raccoon range expansion for the years 2021, 2031, 2041, 2051 and 2061..... 37

Online Resource Figure S1.3: **Spatial variation in district size and model parameters of spread.** a) colonization date relative to district area b) density relative to district area c) development relative to district area d) range of district sizes in the 16 federal states in Germany, sorted from West to East. Vertical lines represent the range from minimum district area to maximum district area, horizon lines indicate the district's mean value included the standard deviation. 38

Figure 2.1: **Geographic origin of the 407 raccoon samples used in the present study.** One point can represent multiple samples. Hunting bag data: the number of individuals harvested between 2000/01 and 2002/03 in German administrative districts (light grey lines). Inset: mtDNA haplotype frequency distribution of a subset of 193 of the 407 raccoons (Frantz et al. 2013). Size of the pies corresponds to the number of samples in the administrative districts. Samples were collected in 14 of the 16 federal states in Germany: Brandenburg (BB), Berlin (BL), Baden-Württemberg (BW), Bavaria (BY), Hesse (HE), Mecklenburg-West Pomerania (MV), Lower Saxony (NI), North Rhine-Westphalia (NRW), Rhineland-Palatinate (RP), Schleswig-Holstein (SH), Saarland (SL), Saxony (SN), Saxony-Anhalt (ST) and Thuringia (TH). The inset also shows the location of Belgium (B) and Luxembourg (L). 47

Figure 2.2: **Geographic distribution of the STRUCTURE clusters (K = 7) for all 407 samples.** The pre-defined populations correspond to the federal states of Germany. Pie charts represent the average per cluster assignment values for all the individuals in an administrative district and their size is indicative of the number of samples included. Light blue lines represent major rivers, grey pattern indicate forests. Top inset: Summary of the assignment analysis in STRUCTURE (K = 2, K = 7) and BAPS (K = 11). Each individual is represented by a single vertical line, representing the individual`s estimated proportion of membership to the genetic cluster. Colours correspond to the clusters in the main figure. The five BAPS-clusters of one to three individuals were coloured in different orange shades. Single samples from BY, SH and SL were included in the adjacent state. Bottom insert: Plot of the number of STRUCTURE clusters tested against their estimated log-likelihood (x) and Delta$K$ (•)..... 52

Figure 2.3: **Factorial correspondence analysis of 393 raccoons assigned to the six main STRUCTURE clusters.** Symbols and colors represent the different genetic clusters according to the STRUCTURE analysis. Inset: Factorial correspondence analysis with the seventh STRUCTURE cluster (RP) that mostly contained recently introduced individuals..... 53

Online Resource Figure S2.1: **Summary of the assignment analysis in STRUCTURE (K = 3 to K = 7).** Each individual is represented by a single vertical line, representing its estimated proportion of membership to the different genetic clusters. Different independent STRUCTURE runs for the same value of K did not converge on the same solution (for K = 4 to K = 7). The percentage above each bar plot shows the proportion of the runs that converge on the presented clustering solution..... 60

Figure 3.1: **Geographic distribution and frequency of haplotypes observed in raccoons sampled in Europe.** The inset shows the location of the four

European countries, sampled in this study: Germany (D), Belgium (B), Luxembourg (L) and Spain (E). The figure combines the results of Frantz et al. (2013) of 193 raccoons in Germany with the results of the newly analysed mtDNA samples at the range margin in Germany and those sampled in Spain. The size of the pie charts is proportional to the number of individuals sampled per locality (from 1 to 20). Grey lines are the borders of countries, German federal states and Spanish provinces. Inset: light blue lines represent main rivers and the urban areas of Madrid are indicated in grey. 70

Figure 3.2: **Geographic distribution of the genetic clusters detected in STRUCTURE and BAPS for all 806 raccoon samples.** (a) The pre-defined populations correspond to the native range in North America, Germany, Belgium and Luxembourg, with individuals from all German zoos combined in one group and Spain. Samples are from following federal states in Germany: Brandenburg (BB), Berlin (BL), Baden-Württemberg (BW), Hesse (HE), Mecklenburg-West Pomerania (MV), Lower Saxony (NI), North Rhine-Westphalia (NRW), Rhineland-Palatinate (RP), Saxony (SN), Saxony-Anhalt (ST) and Thuringia (TH); single samples from Bavaria, Schleswig-Holstein and Saarland were included in the adjacent states, from following provinces in Spain: Andalusia (And), Balearic Islands (Bal), Castile-La Mancha (Cas), Catalonia (Cat), Galicia (Gal), Madrid (Mad) and Valencia (Val) and from following states and provinces in North America: Alabama (Al), Florida (Fl), Kansas (Ka), Maine (Ma), New Brunswick (NB), New York (NY), Ohio (Oh), Ontario (On), Pennsylvania (Pe), Quebec (Qu), Tennesse (Te)and Vermont (Ve). For Central Europe the figure includes the previous results of Fischer et al. (2015) in the database of this study, which further analysed DNA samples in the margin range and the ex-situ populations in German Zoos. Each individual is represented by a vertical line representing the individual's estimated proportion of membership to the genetic cluster. (b) Pie charts represent the assignment values of the admixed clustering analysis performed in STRUCTURE (above) and BAPS (bottom) for all individuals. Individuals from zoos are marked with a black margin, the size of the pie chart corresponding to the number of samples included. Individuals caught in the wild and subsequently included in the zoo population are hatched. 72

Figure 3.3: **Factorial correspondence analysis performed for raccoons based on 16 microsatellite loci.** Symbols and colors represent the different genetic clusters according to the BAPS analysis. (a) Factorial correspondence analysis with 806 samples from North America, Spain and Germany. (b) Factorial correspondence analysis for the 495 German samples (excluding outlier Lux1) and with all zoo individuals represented as one separate group (symbol: circle). 74

Online Resource Figure S3.1: **Log-likelihood values for STRUCTURE K = 8 for Germany (and individuals in Belgium and Luxembourg), K = 7 for Spain and K = 2 for North America.** Plot of the number of STRUCTURE clusters tested against their estimated log-likelihood (x) and DeltaK (•). 79

Figure 4.1: **Overview of EU legislative procedure: co-decision procedure based on Art. 192 and Art. 294 TFEU.** The proposal by the European Commission (EC) was forwarded from the European Parliament (EP) to its Environmental Committee for review. The amended proposal, referred to as second proposal in the text, was adopted by the EP (April 16, 2014) and is now under consideration by the Council of the European Union (Council) which will

have to decide on the issue before the regulation can enter into force. In case the Council declines the second proposal the EP can respond with modifications, which both the EP and the Council will have to adopt in a further decision making procedure. 86

Figure 4.2: **Mode of action of the proposed regulation including the amendments of the second proposal.** Measures will only be implemented for those species listed on “The List of IAS of Union concern” and this instrument of the proposal is more boldly framed to emphasize the overarching importance of the list. Decisive for inclusion on the list is the requirement of action at Union level to prevent further damage and spread of IAS, which has to be demonstrated through risk assessments of candidate species; MS, member states. 89

III TABELLENVERZEICHNIS

Tabelle 0.1: **Geschätzter Anteil des eigenen Beitrages zu den einzelnen Kapitel dieser Dissertation.** Betrachtet wurde der naturwissenschaftlichen bzw. rechtswissenschaftlichen Hintergrund, die Proben- bzw. Datengewinnung, die Datenauswertung, die juristischen Ausarbeitungen, sowie die Manuskripterstellung und -bearbeitung der einzelnen Kapitel. 2

Tabelle 0.2: **Verteilung der 1123 in Deutschland vorkommenden Neozoen.** Die Aufteilung erfolgt auf Artengruppen mit Angaben zur Etablierung der Arten (nach Geiter und Kinzelbach 2002). Etabliert sind Arten, wenn sie wild lebend seit einem längeren Zeitraum überdauern und sich selbstständig fortpflanzen. Für die Anzahl gebietsfremder Wirbeltierarten wurde von Nehring et al. (2015) eine Überarbeitung der Bilanzierung herausgebracht, dessen Ergebnisse hier in Klammern dargestellt sind. 5

Tabelle 0.3: **Intendierte Freisetzungen und das Entkommen von gebietsfremden Reptilien und Amphibien, Vögeln und Säugetieren in Europa haben ihren Ursprung in unterschiedlichen primären Quellen.** Werte beschreiben die Anzahl der eingebrachten Arten. Arten können hierbei in mehr als nur einer Kategorie dargestellt werden (Hulme et al. 2008)..... 11

Table 1.1: **Land-cover factors affecting the colonization process of raccoons in Germany.** The dispersal probability for each of the 412 administrative districts was used to weight the GLMs. 30

Online Resource Table S1.1: **Reclassification of Corine land-cover classes (CLC2006) into groups used in this analysis.** 36

Table 2.1: **Pairwise FST values among STRUCTURE-defined genetic clusters.** 53

Table 2.2: **Comparison of genetic variability among STRUCTURE-defined genetic clusters.** 53

Table 2.3: **Estimates of minimum number of founders required to introduce all empirically observed microsatellite alleles into a population.**..... 54

Table 3.1: **Pairwise F_{ST} values.** (a) between all genetic clusters as identified by BAPS (b) same, but with all individuals from zoos grouped separately (c) according to the country of origin (for wild-caught individuals) or zoo. All F_{ST}- alues values were significant ($P < 0.001$)..... 73

Table 3.2: **Comparison of genetic variability among BAPS-defined genetic clusters (> 4 individuals) in the different composition of the populations.** (a) all identified BAPS clusters are represented. (b) same, but all individuals from zoos were were grouped in one separate cluster (c) all individuals were sorted according their respective country or the zoo cluster..... 75

IV ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS

Abb.	Abbildung
ABl.EG	Amtsblatt der Europäischen Gemeinschaften
ABl.EU	Amtsblatt der Europäischen Union
ABl.EWG	Amtsblatt der Europäischen Wirtschaftsgemeinschaft
Abs.	Absatz/Absätze
AEUV	Vertrag über die Arbeitsweise der Europäischen Union
AEWA	African-Eurasian Waterbird Agreement (Abkommen zur Erhaltung der afrikanisch-eurasisch wandernden Wasservögel)
AHTEG	Ad Hoc Technical Expert Group (Expertengruppe im Rahmen der CBD)
Al	Alabama
ALPHA	the Dirichlet parameter for the degree of admixture
AMOVA	Analysis of molecular variance (molekulare Varianzanalyse)
And	Andalusien
A_R	Allelic richness (Allelreichtum)
Art.	Artikel
ASCOBANS	Agreement on the Conservation of Small Cetaceans of the Baltic and North Seas (Abkommen zur Erhaltung der Kleinwale in Nord- und Ostsee)
AUC	Area under the receiver operating characteristic curve
B	Belgien
Bal	Balearische Inseln
BArtSchV	Bundesartenschutzverordnung
BayJG	Bayerisches Jagdgesetz
BayLStVG	Bayerisches Landesstraf- und Verordnungsgesetz
BayNatSchG	Bayerisches Naturschutzgesetz
BB	Brandenburg
BbgNatSchAG	Brandenburgisches Ausführungsgesetz zum Bundesnaturschutzgesetz
Berl-GefTVO	Berliner Gefahrtier-Verordnung
BfN	Bundesamtes für Naturschutz
BGBl.	Bundesgesetzblatt
BJagdG	Bundesjagdgesetz
BL	Berlin
BMEL	Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
BMUB	Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit
BNA	Bundesverband für fachgerechten Natur- und Artenschutz
BNatSchG	Bundesnaturschutzgesetz
BremNatG	Bremisches Gesetz über Naturschutz und Landschaftspflege
BremPolVO G	Bremisches Polizeigesetz
BUND	Bund für Umwelt und Naturschutz Deutschland
BW	Baden-Württemberg
BWaldG	Bundeswaldgesetz
BWildSchV	Bundeswildschutzverordnung
BY	Bayern
BZ	(Landkreis) Bautzen
bzw.	beziehungsweise
CABI	Centre for Agriculture and Biosciences International
Cas	Provinz Castile-La Mancha, Spanien
Cat	Katalonien
CBD	Convention on Biodiversity (völkerrechtlichen Übereinkommens der

	biologischen Vielfalt)
CDC	Centers for Disease Control and Prevention
CITES	Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora (Washingtoner Artenschutzübereinkommen)
CLC	CORINE Land Cover
CLUMPY	Clumpiness index
CMS	Convention on the Conservation of Migratory Species of Wild Animals (Bonner Abkommen)
COP	Conference of the Parties (Vertragsstaatenkonferenz)
CORINE	Coordination of Information on the Environment
D	Germany
D.O.Q.	Dog-Owners-Qualification
DAISIE	Delivering Alien Invasive Species Inventories for Europe
DGHT	Deutschen Gesellschaft für Herpetologie und Terrarienkunde
DJV	Deutscher Jagdverband e.V.
DNA	Deoxyribonucleic acid (Desoxyribonukleinsäure)
E	Spanien
e.g.	exempli gratia bzw. englisch for example (zum Beispiel)
EASIN	European Alien Species Information Network
EAZA	European Association of Zoos and Aquaria (europäische Dachverband für Zoologische Gärten und Aquarienzoos)
EC	European Commission (Europäische Kommission)
ECDC	European Center for Disease Prevention and Control (Europäische Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten)
EEA	European Environment Agency (Europäische Umweltagentur)
EFSA	European Food Safety Authority
EG	Europäische Gemeinschaft
ENDCAP	vereinte, europäische Stimme für Wildtiere in Gefangenschaft
ENMs	Ecological Niche Models (ökologische Nischenmodelle)
ENSARS	European Non-native Species in Aquaculture Risk Analysis Scheme
EP	Europäisches Parlament
EPPO	European and Mediterranean Plant Protection Organisation
EPPO DS	EPPO Decision-support scheme
etc.	et cetera (und so weiter)
EU	Europäische Union
EU-ArtSchV	EU-Artenschutzverordnung
EUROBATS	Agreement on the Conservation of Populations of European Bats (Abkommen zur Erhaltung der Fledermäuse in Europa)
EWG	Europäische Wirtschaftsgemeinschaft
FAWF	Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft in Trippstadt
FCA	Factorial Correspondence Analysis (Faktoren Korrespondenzanalyse)
ff.	und folgende Seiten
FFH-RL	Flora-Fauna-Habitat-Richtlinie
Fij	Loiselle kinship coefficient
Fl	Florida
freqPA	frequency range of private alleles (Allelhäufigkeit privater Allele)
Gal	Galizien
GISP	Global Invasive Species Programme
GLMs	Generalisierte Lineare Modelle
GMOs	Genetically Modified Organisms (Gentechnisch veränderte Organismen)
GR	(Landkreis) Görlitz
ha	Hektar
HAGBNatSchG	Hessisches Ausführungsgesetz zum Bundesnaturschutzgesetz.

HB	(Hansestadt) Bremen
HE	Hessen
HH	(Hansestadt) Hamburg
HmbBNatSchAG	Hamburgisches Gesetz zur Ausführung des Bundesnaturschutzgesetzes
HO	observed heterozygosities (beobachtete Heterozygotie)
HSOG	Hessisches Gesetz über die. öffentliche Sicherheit und Ordnung
HWE	Hardy-Weinberg equilibrium (Hardy-Weinberg-Gleichgewicht)
HX	(Landkreis) Höxter
HZ	(Landkreis) Harz
i.d.R	in der Regel
i.e.	id est (das heißt)
IAS	Invasive Alien Species (gebietsfremde, invasive Arten)
IBD	Isolation by Distance
ID	Identifikator
IPPC	International Plant Protection Convention (Internationalen Pflanzenschutzübereinkommens)
IUCN	International Union for the Conservation of Nature and Natural Resources (Weltnaturschutzunion)
K	number of genetic subpopulations (Anzahl der genetischen Cluster)
Ka	Kansas
km	Kilometer
L	Luxemburg
LG	Landschaftsgesetz, LandesnaturschutzgesetzNordrhein-Westfalen
LHundG	Landesgesetz über gefährliche Hunde Rheinland-Pfalz
LJagdG	Landesjagdgesetzen
LJG-NRW	Landesjagdgesetz Nordrhein-Westfalen
LK	(Landkreis) Salzlandkreis
LNatSchG	Landesnaturschutzgesetz
LOD	logarithm of the odds; Abschätzung für Genkopplung
LWaldG	Landeswaldgesetz
m	Meter
Ma	Maine
Mad	Madrid
MALDI-Massenspektrometrie	Matrix-unterstützte Laser-Desorption/Ionisation-Massenspektrometrie
MCMC	Markov chain Monte Carlo (Markov-Ketten und Monte-Carlo Simulation)
MEI	(Landkreis) Meißen
MS	Mitgliedstaaten
MST	Landkreis Mecklenburgische Seenplatte
mtDNA	mitochondriale DANN
MÜR	Landkreis Müritz
MV	Mecklenburg-Vorpommern
MwSt.	Mehrwertsteuer
N	Stichprobenanzahl
NA	Nordamerika
NAGBNatSchG	Niedersächsisches Ausführungsgesetz zum Bundesnaturschutzgesetz
NatSchBln	Berliner Naturschutzgesetz
NatSchG BW	Gesetz des Landes Baden-Württemberg zum Schutz der Natur und zur Pflege der Landschaft
NatSchG LSA	Naturschutzgesetz des Landes Sachsen-Anhalt
Natura 2000	kohärentes europäisches Netz besonderer Schutzgebiete
NB	New Brunswick
NdsGefTVO	Niedersächsischen Gefahrentierverordnung
Ne	effective population sizes (effektive Populationsgröße)

NHundG	Niedersächsischen Gesetz über das Halten von Hunden
NI	Niedersachsen
NJagdG	Niedersächsisches Jagdgesetz
No.	Number
NOBANIS	The North European and Baltic Network on Invasive Alien Species
Nr.	Nummer
NRW	Nordrhein Westfalen
NY	New York
Oh	Ohio
OIE	World Organisation for Animal Health (Weltorganisation für Tiergesundheit)
On	Ontario
pA	number of private alleles (Anzahl privater Allele)
PCR	polymerase chain reactions (Polymerase-Kettenreaktion)
Pe	Pennsylvania
PLAND	Percentage of landscape
q	individual's percentage of membership
Qu	Québec
r	pairwise relatedness
RJagdG	Reichsjagdgesetz
RL	Richtlinie
ROC	Receiver Operating Characteristic
RP	Rheinland Pfalz
S.	Seite
s.e.	standart Abweichung
SächsLJagdG	Sächsisches Jagdgesetz
SBSTTA	Subsidiary Body on Scientific, Technical and Technological Advice (Organ für wissenschaftliche, technische und technologische Beratung)
Schl-HLNatSchG	Gesetz zum Schutz der Natur Schleswig-Holstein
SDMs	Species Distribution Models (Artenverbreitungsmodelle)
SGD	Struktur- und Genehmigungsdirektion
SH	Schleswig–Holstein
SL	Saarland
SN	Sachsen
SNP	Single Nucleotide Polymorphism (Einzelnukleotid-Polymorphismus)
SPS-Abkommen	Agreement on the Application of Sanitary and Phytosanitary Measures
ST	Sachsen-Anhalt
Tab.	Tabelle
Te	Tennessee
TH	Thüringen
THJG	Thüringer Jagdgesetz
ThürNatG	Thüringer Gesetz für Natur und Landschaft
ThürTierGefG	Thüringer Gesetz zum Schutz der Bevölkerung vor Tiergefahren
TierGesG	Tiergesundheitsgesetz
TierSchG	Tierschutzgesetz
TrioML	the Triadic Maximum Likelihood estimator
u.a.	unter anderem
uHE	unbiased expected heterozygosity (unverfälschte erwartete Heterozygotie)
UIG	Umweltinformationsgesetz
Val	Valencia
Ve	Vermont
vgl.	vergleiche
WHO	World Health Organization (Weltgesundheitsorganisation)
WILD	Wildtier-Informationssystem der Länder Deutschlands

WTO	World Trade Organization (Welthandelsorganisation)
zzgl.	zuzüglich

ZUSAMMENFASSUNG

ZUSAMMENFASSUNG

VORBEMERKUNGEN

Fortschritt und Evolution sind zwei Aspekte die der Mensch vorantreibt - ungewollt und mit unbestreitbarem Elan - im gleichen Atemzug jedoch auch fürchtet und zunehmend kritisch betrachtet. Seit es Leben auf der Erde gibt, beeinflussen verschiedene Organismen durch ihr Auftreten und ihre Interaktion ihre Umwelt. Hierbei spielen nicht nur Einwirkungen auf die abiotische Umwelt eine Rolle, sondern es finden auch Wechselwirkungen mit anderen Lebensformen statt. Konkurrenzstarke Tiere und Pflanzen weiten selbstständig ihr Areal aus, besiedeln neue Standorte und vergrößern ihre Populationen - nicht selten auf Kosten anderer Arten. Seit der Geburtsstunde des Menschen ist auch dieser ein Faktor in den natürlichen Vorgängen der biologischen Invasionen. Jedoch übertrifft er in Ausmaß, Reichweite, Geschwindigkeit und Auswirkungen die Effekte anderer Arten auf die Natur um ein Vielfaches. Ehemals natürliche Ausbreitungsbarrieren, wie zum Beispiel Gebirge, Wüsten, Flüsse und Meere werden durch die hoch entwickelten Transportmitteln des Menschen überwindbar und mitbeförderte Arten bekommen eine Chance sich über ihre natürlichen Grenzen hinweg auszubreiten.

Im Zuge der steigenden Anzahl an biologischen Invasionen wird der Mensch zunehmend mit den Folgen seines Einwirkens konfrontiert und in den Fokus der Ursachenanalyse einer kontinuierlichen Homogenisierung von Biozönosen und dem weltweiten Biodiversitätsverlust gestellt. Die Erforschung von so genannten invasiven gebietsfremden Arten, die in sich ein weiträumiges Verbreitungspotential mit einem hohen ökologischen und teilweise ökonomischen Schadenspotential vereinen, ist aufgrund der vielschichtigen Herausforderungen am Schnittpunkt von Ökologie, Ökonomie und Soziologie ein aktuelles Thema internationaler Forschung geworden. Die Beurteilung des sich vollziehenden Wandels und der Umgang mit diesen Arten ist in erster Linie von ethischer Natur geprägt und erfährt, den anthropogenen Wertvorstellungen entsprechend, mit Hilfe verschiedener rechtlicher Instrumente im Völkerrecht, Europarecht und Nationalen Recht eine gewisse Regulierung. Aufgrund des interdisziplinären Charakters dieses Themas ist zu einer effektiven Anpassung der bestehenden Rechtsnormen sowie zur Entwicklung langfristiger, nachhaltiger Lösungs- und Regelungsansätze in der Praxis eine disziplinübergreifende Kooperation erforderlich. Vor diesem Hintergrund bietet der Zusammenschluss von Natur- und Rechtswissenschaftlern im DFG-Graduiertenkolleg „Verbesserung von Normsetzung und Normanwendung im integrierten Umweltschutz durch rechts- und naturwissenschaftliche Kooperation“ des Instituts für Umwelt- und Technikrecht an der Universität Trier einen idealen Ansatzpunkt zur Entwicklung von Handlungsstrategien, um dieser Problematik interdisziplinär zu begegnen.

Die vorliegende Arbeit entstand als Stipendiatin und wissenschaftliche Mitarbeiterin der Abteilung Biogeographie der Universität in Trier im Rahmen dieses Programmes. Die Arbeit wurde von Herrn Prof. Dr. rer. nat. Roland Klein und Herrn Univ.- Prof. Dr. jur. Reinhard Hendler betreut und in allen Phasen begleitet. Bei der Laborarbeit und den Auswertungen der genetischen Analysen stand Herr Dr. Axel Hochkirch maßgeblich beratend und unterstützend zur Seite. Des Weiteren hat mich Herr Dr. Alain Frantz vom Musée National d'Histoire Naturelle in Luxemburg im Hinblick auf die Sammlung und Bearbeitung der genetischen Proben ausschlaggebend unterstützt. Alle weiteren Personen, die einen Beitrag zu diesem Promotionsprojekt geleistet haben, sind in der Danksagung aufgeführt.

Meine Beiträge in den Kapiteln eins bis fünf hinsichtlich dem naturwissenschaftlichen bzw. rechtswissenschaftlichen Hintergrund, der Proben- bzw. Datengewinnung, der Datenauswertung, der juristischen Ausarbeitungen, sowie der Manuskripterstellung und -bearbeitung sind in Tabelle 0.1 aufgeführt.

Tabelle 0.1: Geschätzter Anteil des eigenen Beitrages zu den einzelnen Kapitel dieser Dissertation. Betrachtet wurde der naturwissenschaftliche bzw. rechtswissenschaftliche Hintergrund, die Proben- bzw. Datengewinnung, die Datenauswertung, die juristischen Ausarbeitungen sowie die Manuskripterstellung und Manuskriptbearbeitung der einzelnen Kapitel.

	naturwiss. bzw. rechtswiss. Hintergrund	**Proben- bzw. Daten-gewinnung**	**Daten-auswertung**	**juristische Aus-arbeitungen**	**Manuskript-erstellung**
Kapitel 1 „Ausbreitungs-modellierung“	80 %	50 %	70 %	-	90 %
Kapitel 2 „Populationsgenetik in Deutschland“	90 %	50 %	80 %	-	65 %
Kapitel 3 „Einführungspfade“	100 %		100 %	-	95 %
Kapitel 4 „EU Verordnung IAS“	33 %	-	-	-	25 %
Kapitel 5 „Haltungs-beschränkungen“	100 %	-	-	100 %	100 %

Die Beiträge in den Kapiteln eins, zwei und vier sind in folgenden SCI bzw. SCCI aufgenommenen Zeitschriften, die dem peer-reviewed-Verfahren unterliegen, veröffentlicht worden:

Kapitel 1

Fischer ML, Sullivan MJP, Greiser G, Guerrero-Casado J, Heddergott M, Hohmann U, Keuling O, Lang J, Martin I, Michler FU, Winter A, Klein R (2015a). Assessing and predicting the spread of non-native raccoons in Germany using hunting bag data and dispersal weighted models. Biological Invasions, 1–15.

Kapitel 2

Fischer ML, Hochkirch A, Heddergott M, Schulze C, Anheyer-Behmenburg HE, Lang J, Michler FU, Hohmann U, Ansorge H, Hoffmann L, Klein R, Frantz AC (2015). Historical Invasion Records Can Be Misleading: Genetic Evidence for Multiple Introductions of Invasive Raccoons (*Procyon lotor*) in Germany. PLoS ONE 10(5), 1–17.

Kapitel 4

Beninde J, Fischer ML, Hochkirch A, Zink A (2015). Ambitious advances of the European Union in the legislation of invasive alien species. Conservation Letters 8 (3), 199–205.

Der Beitrag in Kapitel drei wurde kürzlich mit folgendem Titel in der dem peer-reviewed-Verfahren unterliegenden Journal Ecography eingereicht:

Kapitel 3

Fischer ML, Salgado García I, Klein R., Frantz AC, Heddergott M, Cullingham C, Kyle C, Hochkirch A (2015). Pathways of the invasion of the raccoon (*Procyon lotor*) in the non-native range in Europe (submitted).

PROZESS BIOLOGISCHER INVASIONEN

Im Fokus der Ursachenanalyse der zunehmenden Homogenisierung von Biozönosen und des weltweiten Biodiversitätverlustes steht neben dem Flächennutzungs- und Klimawandel vorrangig auch die durch den Menschen verursachte Einbringung gebietsfremder, invasiver Arten (u.a. Mack et al. 2000; Holljesiefken 2007; Davis 2009; Kettunen et al. 2009; Kowarik 2010; Pyšek und Richardson 2010; Jeschke et al. 2014). Durch die im Zuge der Globalisierung hoch entwickelten Transportmittel des Menschen wurden ehemals natürliche Ausbreitungsbarrieren, wie zum Beispiel Gebirge, Wüsten, Flüsse und Meere, überwindbar. Hierdurch wird es mitbeförderten Arten - absichtlich wie auch ungewollt - ermöglicht, ihr Areal auf Regionen außerhalb ihrer natürlichen Reichweite auszuweiten (Kowarik 2010). Eine weitere Möglichkeit stellt eine Rückkopplung mit anthropogenen Umweltveränderungen dar (u.a. anthropogene Korridore, Klima, Landnutzung) (Hulme et al. 2008). Obwohl seit jeher Leben *per se* als dynamischer Prozess verstanden werden kann, übertreffen diese anthropogen vermittelten biologischen Invasionen in Ausmaß, Reichweite, Geschwindigkeit und Auswirkungen die Effekte der selbstständigen Migration von Arten und die mit ihnen einhergehenden Arealverschiebungen um ein Vielfaches (Holljesiefken 2007; Davis 2009; Kowarik 2010). Das Spektrum der ökologischen Einflüsse dieser anthropogen vermittelten Arealverschiebungen reicht hierbei vonVeränderungen in Landschaft und Artengemeinschaften bis hin zu Störungen der Ökosystemleistung und Artensterben durch beispielsweise Prädation, Herbivorie, interspezifische Konkurrenz, Allelopathie, Hybridisierung und Parasiten- und Krankheitsübertragung (Mack et al.

2000; Pimentel 2001; Pimentel et al. 2005; Holljesiefken 2007; Kettunen et al.2009; Kowarik 2010; Pyšek und Richardson 2010; Keller et al. 2011). Die biologische Invasion von Tierarten in einem Lebensraum, in dem sie zuvor nicht heimisch waren, ist daher ein hervorragendes Studienfeld zur Erforschung von evolutionären, genetischen und ökologischen Prozessen, wobei ihre möglichen Auswirkungen jedoch zunehmend kritisch betrachtet und oftmals in den Fokus der Forschung gerückt werden.

MERKMALE UND BEWERTUNG INVASIVER, GEBIETSFREMDER ARTEN

Gebietsfremde Arten, die in sich ein weiträumiges Verbreitungspotential mit einem hohen ökologischen Schadenspotential vereinen und je nach Definitionsfundament auch ökonomische Schäden und Beeinträchtigungen der menschlichen Gesundheit miteinbeziehen, werden im internationalen Sprachgebrauch als invasive, gebietsfremde Arten (engl.: invasive alien species - IAS) bezeichnet.

Die durch IAS verursachten ökonomischen Schäden in Europa belaufen sich derzeit auf schätzungsweise mehr als 12,5 Milliarden Euro pro Jahr, wobei der Großteil auf gesundheitliche Kosten und die Schädigung von Landwirtschaft und Infrastruktur entfällt (Kettunen et al. 2009). Infolgedessen stellen invasive Arten nicht nur einen wichtigen, rechtlichen Regelungsgegenstand auf internationaler, europäischer und nationaler Ebene im Hinblick auf den Artenschutz dar. Vielmehr steht durch sie auch ein wirtschaftlicher und sozio-kultureller Aspekt zur Debatte, der auch die Facetten einer Wertschätzung von Biodiversität, Natur und Umwelt und der sogenannten Ökosystemdienstleistungen basierend auf der Erkenntnis der Endlichkeit von Ressourcen miteinschließt (Pimentel 2001; Pimentel et al. 2005; Holljesiefken 2007; Kettunen et al.2009). So unterliegen biologische Invasionen, wie bereits 1942 durch den amerikanischen Ökologen Egler festgestellt wurde, einer „sentimentalen und anthropozentrischen Perspektive“. Dadurch vermögen sie es, die anhaltende Diskussion der unterschiedlichen Leitbilder des heutigen Naturschutzeskonzeptes, den bewahrenden und dynamischen Naturschutz, zu polarisieren und weiter anzuheizen (Kowarik 2010).

In Europa beläuft sich laut des Expertenforum DAISIE derzeit die Zahl der etablierten, gebietsfremde Arten auf 12.122 Arten (Stand Oktober 2015), von denen mit 1.094 dokumentierten ökologischen und 1.347 ökonomischen Schäden weniger als 15 % als invasiv einzustufen sind (Vilà et al. 2009). In Deutschland sind bisher 1123 Neozoenarten zu finden, von denen 286 als etabliert gelten (siehe Tabelle 0.2).

Tabelle 0.2: Verteilung der 1123 in Deutschland vorkommenden Neozoen. Die Aufteilung erfolgt auf Artengruppen mit Angaben zur Etablierung der Arten (nach Geiter et al. 2002). Etabliert sind Arten, wenn sie wild lebend seit einem längeren Zeitraum überdauern und sich selbstständig fortpflanzen. Für die Anzahl gebietsfremder Wirbeltierarten wurde von Nehring et al. (2015) eine Überarbeitung der Bilanzierung herausgebracht, deren Ergebnisse hier in Klammern dargestellt sind.

Artengruppe	**Artenzahl**	**davon etabliert**
Säugetiere (Mammalia)	22 (24)	11 (11)
Vögel (Aves)	162 (174)	11 (17)
Reptilien (Reptilia)	14 (18)	0 (0)
Amphibien (Amphibia)	8 (14)	0 (2)
Knochenfische (Osteichthyes)	51 (61)	8 (16)
Spinnentiere (Arachnida)	32	10
Insekten (Insecta)	536	115
Krebse (Crustacea)	63	26
Ringelwürmer (Annelida)	34	34
Sonstige Gliedertiere	20	7
Weichtiere (Mollusca)	83	40
Rundwürmer (Nemathelminthes)	24	4
Plattwürmer (Plathelminthes)	36	8
Nesseltiere (Cnidaria)	7	5
Sonstige Tiere	31	7
Summe	1123	286

Ein wichtiger Bestandteil in der Bewertung und Bekämpfung von gebietsfremden Arten ist die Einschätzung ihrer Invasivität. Insgesamt stellen sich nur etwa 0,1 % aller importierten, gebietsfremden Arten überhaupt als Problemfaktor heraus, sodass ihnen aus anthropogener Sicht ein Schadenspotential zugeordnet werden kann. Diese Einschätzung ergibt sich aus der als "Zehner-Regel" bekannten Formel der Ansiedlungserfolge von Arten nach Williamson und Fitter (1996), welche besagt, dass sich von 1000 importierten Arten schätzungsweise 10 % im neuen Gebiet unbeständig halten können, sich davon 10 % dauerhaft in naturnahen Lebensräumen etablieren können und wiederum circa 10 % dieser eingebürgerten Arten mit unerwünschten Auswirkungen und damit invasivem Charakter versehen sind (siehe Abbildung 0.1). Nach Jeschke und Strayer (2005) ist diese Regel jedoch nicht uneingeschränkt auf alle Artengruppen anwendbar. Eine weiterhin oft zitierte Berechnung zur Einschätzung von Ansiedlungserfolg und Invasivität ist die “propagule pressure-Formel“, die sich aus der Zahl der Aussetzungs- oder Einbringungsereignisse („propagule number“) sowie der Zahl der pro Aussetzungs- oder Einbringungsereignis eingebrachten Individuen („propagule

size“) zusammensetzt (Lockwood et al. 2005). Ferner wurden zahlreiche Hypothesen aufgestellt, welche weiteren Einflussfaktoren Auswirkungen auf den Prozess der biologischen Invasion haben und damit relevant für die Ansiedlungswahrscheinlichkeit von Arten und ihre Invasivität sind (siehe u.a. Inderjit et al. 2005). Zu diesen vermuteten Faktoren zählen beispielsweise eine hohe Reproduktionsrate, ein hohes Ausbreitungspotential und eine hohe Toleranz gegenüber Störungen. Auch geht die im Ursprungsökosystem entwickelte Ausstattung der Art als Präadaptation in den neuen Selektionsprozess ein und erleichtert bei einer zufällig gegebenen Präadaptation an die dominierenden Umweltfaktoren des neuen Ökosystem eine Ansiedlung (Geiter et al. 2002). Hinsichtlich der Kompetenz zur Anpassung wird angenommen, dass eine hohe genetische Variabilität, sowie eine gewisse Plastizität des Genoms eine schnellere Anpassungsfähigkeit an eine neue Umwelt ermöglichen und somit die Etablierung und Ausbreitung von Arten begünstigen (Lavergne und Molofsky 2007). Da der Verlauf der Expansion makroskalig durch Eigenschaften des geographischen Raumes bestimmt wird, stellt darüberhinaus die Identifikation von Ökosystemeigenschaften die determinieren, ob und in welchem Ausmaß ein Habitat von invasiven Organismen besiedelt werden kann, einen Schwerpunkt des Forschungsgebietes dar. So können Klimazonen, Höhenlagen und weitere Ausbreitungsschranken die Expansion lenken, verlangsamen oder gegebenenfalls unterbinden, während auch die Habitateigenschaften des neuen Areals und die bereits vorhandene Lebensgemeinschaft mikroskalig auf den Verlauf der Biologischen Invasion einwirken und einen wesentlichen Selektionsfaktor für die Neopopulation darstellen können (Geiter et al. 2002).

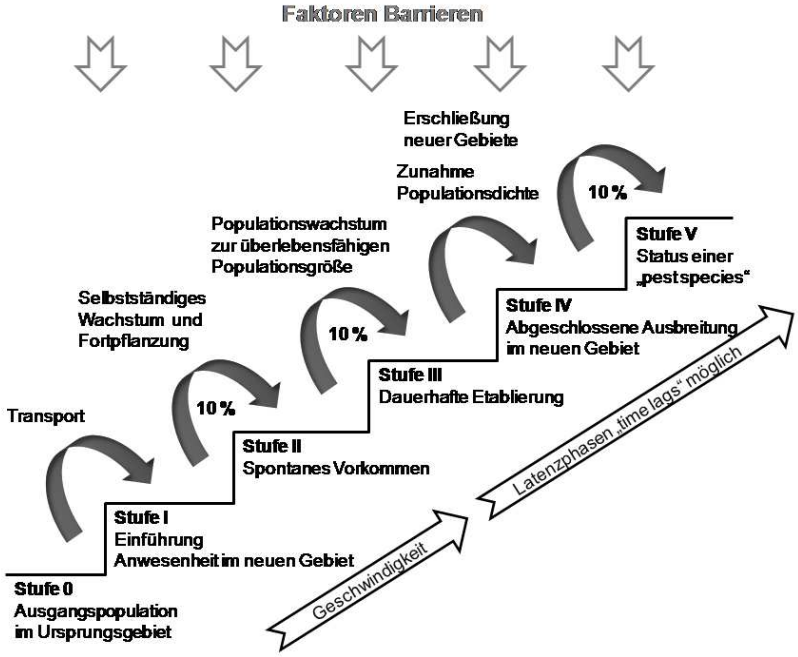


Abbildung 0.1: Modell zur Untergliederung von Invasionsprozessen. Das Stufenmodell von Heger (2004) wurde ergänzt durch das Phasenmodell von Inderjit et al. (2005) und die „Zehner-Regel“ von Williamson und Fitter (1996).

Beispielsweise zeigen sich ozeanische Inseln aufgrund der vielfach spezialisierten Mitglieder der Biozönose und den oftmals fehlenden Vertretern aus den ökologischen Gruppen der Räuber, großen Herbivoren, Nagetieren oder Ameisen besonders empfindlich gegenüber der Einführung von Beutegreifern und Mitgliedern der entsprechenden freien ökologischen Nischen (Kowarik 2010).

Obwohl zahlreiche Hypothesen zu den dem Erfolg und Misserfolg von Invasionsorganismen zugrunde liegenden ökologischen und evolutionären Mechanismen aufgestellt worden sind, bleibt eine Vorhersagbarkeit der Etablierung und eine Abschätzung des Invasivitätspotentials einer neuen Art insgesamt sehr unsicher. Neben der Vielschichtigkeit und der zahlreichen Wechselwirkungen der Invasionsprozesse erschwert beispielsweise auch das Phänomen einer gewissen zeitlichen Verzögerung zwischen den Invasionsstufen, den sogenannten „time lags“ (Crook und Soulé 1999; Crooks 2005), eine realistische Einschätzung. Diese allgemeine Unsicherheit bezüglich der Abschätzung von Invasionsprozessen hat zur Folge, dass häufig erst dann Handlungsoptionen eingeleitet werden, wenn die betreffende Art sich bereits verbreitet und deutliche Schäden hervorgerufen hat. Eine grundsätzliche Herausforderung in der Invasionsforschung liegt daher in der Identifikation von Faktoren bezüglich der entsprechenden Arten, die Verbreitung, Dynamik und Erfolg erklären (und für unterschiedliche Arten durchaus unterschiedlich starke Einflüsse haben können), um anhand dieses Wissens Handlungsbedarf und Strategien zum Umgang mit ihnen entwickeln zu können. Auch im Rahmen der rechtlichen Ausarbeitungen und Konkretisierungen des völkerrechtlichen Übereinkommens der biologischen Vielfalt (Convention on Biodiversity - CBD) wird die Erfassung und die Bewertung der eingebrachten, gebietsfremden Arten sowie ihrer Einbringungswege, in den Mittelpunkt der Invasionsforschung gestellt, um angesichts der großen Anzahl der biologischen Invasionen ein effizientes Handlungsvorgehen zu ermöglichen (siehe Kapitel 5.4.2). Folglich bilden Faktoren wie die Ausbreitungsgeschichte, Ausbreitungsdynamik und Verteilung der Art, die Muster ihrer Fortpflanzung, ihr derzeitiges gesamtes und potentielles Verbreitungsgebiet und die potentiellen Pfade ihrer Einbringung und Ausbreitung wichtige Eckpunkte in den kriterienbasierten Risikobewertungen, die zu einer Priorisierung und Beurteilung der Arten bei der rechtlichen Normsetzung zum Einsatz kommen (siehe u.a. EU-Verordnung Nr. 1143/2014, Kapitel 4 und Kapitel 5.4.2).

WISSENSCHAFTLICHE METHODEN ZUR IDENTIFIKATION VON EINFLUSSFAKTOREN

Zur Erstellung der wissenschaftlichen Datengrundlage und Bearbeitung dieser Kriterien werden in der Forschung vielfach populationsgenetische Methoden angewandt, aber auch Artenverbreitungsmodelle zur Ermittlung potentieller Risikogebiete von IAS (species distribution models - SDMs) hinzugezogen.

SDMs basieren auf der Annahme, dass eine Art dort anzutreffen ist, wo ein geeignetes Set von Umweltvariablen vorliegt und dort abwesend ist, wo die entsprechenden Umweltvariablen für diese Art als ungeeignet zu bewerten sind, weshalb sie auch als ökologische Nischenmodelle (ecological niche models, ENMs) bezeichnet werden. Das Konzept der ökologischen Nische stellt hierbei eine idealisierte Annäherung der für die Verbreitung der Art wesentlichen Umweltfaktoren dar, wobei die realisierte Verbreitung als Überschneidungsbereich, die unabdingbaren abiotischen und tolerierbaren biotischen Faktoren mit der Abgrenzung der räumlichen und zeitlichen Erreichbarkeit zusammenbringt (siehe Abbildung 0.2).

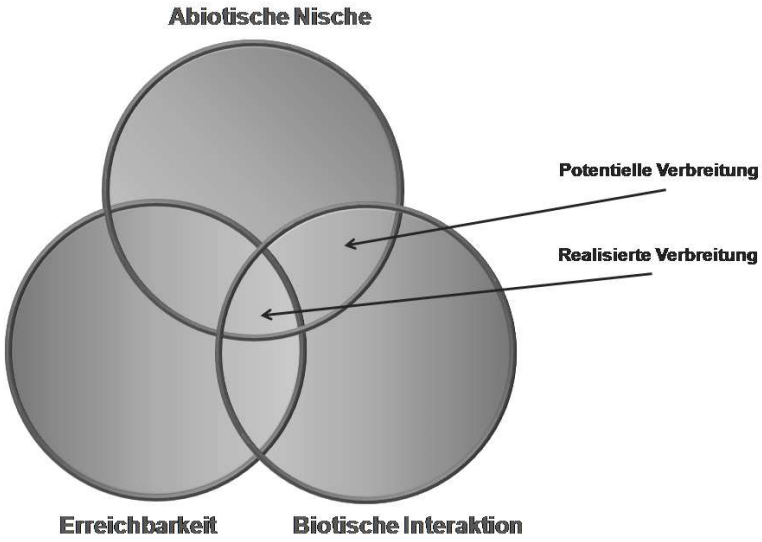


Abbildung 0.2: Verhältnis zwischen abiotischer (fundamentaler Nische), biotischer Interaktion und Erreichbarkeit nach Hutchison (1957) (verändert nach Soberón und Peterson (2005)). Die potentielle Verbreitung ist eine Teilmenge der abiotischen Nische unter Beachtung der biotischen Faktoren, und stellt somit die geographische Ausdehnung der realisierten Nische dar. Die realisierte Verbreitung hingegen zieht darüber hinaus auch die räumliche und zeitliche Erreichbarkeit mit ein.

Eine grundsätzliche Voraussetzung von SDMs ist allerdings, dass sich die entsprechende Art mit ihrer Umwelt im Gleichgewicht befindet und unbesetzte Gebiete somit eindeutig auf ungeeignete Umweltvariablen zurückzuführen sind (Guisan und Thuiller 2005). Im Falle von gebietsfremden Arten ist diese Annahme oftmals nicht zutreffend, da die Arten sich häufig von verschiedenen anthropogen vermittelten Startpunkten aus ausbreiten und sich in der Phase der Ausbreitung noch nicht mit ihrer Umwelt im Gleichgewicht befinden. Ihre Abwesenheit an einem Ort kann somit sowohl auf ungeeignete Umweltvariablen, als auch auf eine eingeschränkte Erreichbarkeit zurückgeführt werden (Václavík und Meentemeyer 2012). Eine Methode, um mit dieser Problematik umzugehen, wurde von Sullivan et al. (2012) vorgestellt und beinhaltet die gewichtete Beurteilung der Umweltvariablen anhand eines zuvor modellierten Ausbreitungskernels der Art. In einem initialen Schritt wird hierbei die Wahrscheinlichkeit der Besiedlung der jeweiligen Raumeinheiten als Funktion der Distanz zu den bereits besiedelten Raumeinheiten modelliert und über den gesamten Zeitraum der

Datenerfassung geeicht. Anhand der ermittelten Wahrscheinlichkeiten werden im zweiten Schritt die Habitatgegebenheiten (abiotische und biotische Faktoren) im Modell gewichtet, um eine Präferenz oder Ablehnung der Art gegenüber den verschiedenen Parametern statistisch herausstellen zu können. Dieser Schritt stellt sicher, dass der Einfluss von Gebieten mit einer für die Art eingeschränkten Erreichbarkeit im Model entsprechend reduziert wird und ist somit weitestgehend mit den Annahmen eines generellen SDMs konform,wodurch sie eine valide Anwendung auf gebietsfremden Arten erlaubt, die sich noch in der Ausbreitung befinden.

Neben der Ermittlung potentieller Risikogebiete ist ein genetisches Monitoring ein effektives Werkzeug in der Kontrolle von IAS. Unter Verwendung populationsgenetischer Methoden lässt sich die Ausbreitung einer Art anhand der resultierenden Populationsparameter, sowie der Verwandtschaftsbeziehungen der Individuen zueinander rekonstruieren, wodurch auch mögliche Ausbreitungswege- oder barrieren identifiziert werden können. Darüberhinaus ist für die Erstellung effizienter Handlungsstrategien eine Identifikation von, den Invasionserfolg betreffenden, genetischen Faktoren ausschlaggebend. So wird im Artenschutz einer hohen genetischen Diversität, aufgrund der zu erwartenden positiven Auswirkungen auf die evolutionäre Entwicklung und Anpassungsfähigkeit der Art und ihrer Fitness, eine förderliche Wirkung zugeschrieben (Reed und Frankham 2003). Entsprechend dazu zeigen Konstellationen, die mit einer erhöhten genetischen Variabilität assoziiert sind - wie vielfache Einbringungsereignisse und eine hohen Anzahl eingebrachter Individuen (siehe auch „propagule pressure-Formel“) - positive Auswirkungen auf die Ausbreitungsfähigkeit der Art (Forsyth und Duncan 2001; Sakai et al. 2001; Forsyth et al. 2004; Lockwood et al. 2013). Obwohl eingeführte Populationen im Vergleich zu ihrer Quellpopulation in der Regel genetisch verarmt sind (Dlugosch und Parker 2008), können multiple Einbringungsereignisse dazu führen, dass in einigen Fällen eine invasive Population die genetische Diversität der Art im nativen Verbreitungsraum sogar übertrifft. Dies ist vor allem dann der Fall, wenn die Einbringungen auf unterschiedliche Gründerpopulationen zurückzuführen sind (Kolbe et al. 2004; Keller und Taylor 2010; Monzón-Argüello et al 2014). Folglich wird multiplen als auch sekundären Einbringungen von bereits hochvariablen, eingeführten Populationen in der Invasionsbiologie angesichts einer erhöhten Fitness und Anpassungsfähigkeit eine maßgebliche Rolle zugeschrieben (Kolbe et al. 2004). Aufgrund des komplexen Zusammenspiels zahlreicher Faktoren ist eine hohe genetische Diversität jedoch nicht grundlegend als Voraussetzung eines Invasionserfolges zu verstehen. Es existieren auch Beispiele von sehr erfolgreichen kleinen Gründerpopulationen (u.a. Goldhamster und Davidshirsch), die belegen, dass auch eine kleine Gruppe einen hinreichend vollständigen Satz verfügbarer Allele mitbringen kann und dass eine reduzierte genetische Diversität nicht *per se* vor einer Invasion bewahren muss (Tsutsui et al. 2000; Geiter et al. 2002; Dlugosch und Parker 2008; Puillandre et al. 2008). Im Gegensatz dazu kann es bei der Auswilderung von Populationen aus *Ex-situ* Haltungen trotz einer relativ hohen genetischen Variabilität zu Komplikationen kommen, wenn eine Akkumulation von neuen Mutationen und genetischen Adaptionen stattgefunden hat, die abträglich für ein Leben in freier Wildbahn sind

(Woodworth et al. 2002). Jeder Populationsaufbau, sei es unter natürlichen oder vom Menschen gesetzten Bedingungen, verläuft gleichermaßen nach einem gewissen Ablaufmuster. Nach der erfolgreichen Reproduktion und dem Aufbau einer Neopopulation im Zielgebiet tritt eine Latenzphase auf, in der sich die neozoische Art im Abschnitt des logistischen Populationsaufbaues unter starkem Anpassungszwang befindet, bevor ein exponentielles Wachstum folgt (Geiter et al. 2002). Für Neozoen steht somit auch in besonderem Maße die Frage zur Debatte, ob und wie in der logistischen Phase genetische Veränderungen gegenüber den Herkunftspopulationen durch beispielsweise adaptive Gendrift, Mikro-Evolution und Gründer- bzw. Flaschenhalseffekte in Anpassung an die neue Situation erfolgen (Geiter et al. 2002).

Ob sich eine Art als problematisch erweist, hängt in starkem Maße auch von regionalen, ökologischen und nutzungsbezogenen Bedingungen ab (Kowarik 2010). Die mit dem neuen Areal einhergehende Änderung der Zusammensetzung der die Art umgebenden biotischen und abiotischen Umweltparameter (wie beispielsweise Temperatur, Nährstoff- und Schadstoffgehalt, Niederschlag, Lichtverhältnisse, Prädation, Flächennutzung, und Vorkommen biotischer Gegenspieler wie Prädatoren, Krankheitserreger, Konkurrenten) hat somit einen maßgeblichen Einfluss auf das Ausmaß der Invasion. Eine Abschätzung der Invasivität baut daher oftmals auch auf Erkenntnissen und Erfahrungen bisheriger Entwicklungen in einem ökologisch ähnlichen Gebiet auf. Eine vergleichende Analyse von räumlich und zeitlich unterschiedlichen Invasionsstadien kann somit allgemein standörtliche Faktoren oder Eigenschaften der Art herausstellen und für die Abschätzung des Erfolgs oder Misserfolgs der Art und ihrer weiteren Entwicklung im betreffenden Gebiet herangezogen werden.

TIERHALTUNGEN ALS PRIORITÄRER EINFÜHRUNGSPFAD VON IAS

Von den elf, von Geiter et al. (2002) festgehaltenen, in Deutschland etablierten Neozoen unter den Mammalia wurden vier absichtlich zu jagdlichen Zwecken eingebürgert (Wildkaninchen - *Oryctolagus cuniculus,* Damhirsch - *Cervus dama,* Sikahirsch - *Cervus nippon,* Mufflon - *Ovis ammon musimon*), während die heutigen je nach Länderrecht bejagdbaren unerwünschten Raubsäuger (Marderhund - *Nyctereutes procyonoides,* Nutria - *Myocastor coypus,* Mink - *Mustela vison,* Waschbär - *Procyon lotor;* Bisam - *Ondatra zibethicus)* sowohl auf absichtliche Aussetzungen, als auch auf Gefangenschaftsfluchten aus Pelztierhaltungen zurückgehen. Des Weiteren wurden die in Deutschland etablierte Population der Wanderratte (*Rattus norvegicus*) mit dem Schiffsverkehr eingeschleppt, während das Streifenhörnchen (*Eutamias sibiricus)* zum Zwecke der Belustigung eingebürgert wurde.

Neben artspezifischen und ökologischen Mechanismen gehören anthropogene Aktivitäten zu den Schlüsselfaktoren, die Invasionsprozesse initiieren, beschleunigen oder auch hemmen können und

somit maßgeblich den Erfolg einer Art bestimmen (Kowarik 2010). Wie bereits erwähnt, wird multiplen und sekundären Einbringungen ein entscheidender Einfluss auf den Invasionserfolg zugeschrieben. Diese Einbringungen können sowohl unbewusster als auch bewusster Natur sein. Ein signifikanter Anteil aller in Europa etablierten gebietsfremden Arten haben ihren Ursprung in beabsichtigten Einführungen, die im Zusammenhang mit der Haustierhaltung, Gartenbau und Schädlingsbekämpfungsmittel, sowie den Sektoren der Forstwirtschaft, der Jagd und der Landwirtschaft stehen (siehe auch Tabelle 0.3). Die Analyse der Einbringungspfade der unterschiedlichen Taxa in Europa von Hulme et al. (2008) illustriert jedoch auch unbeabsichtigte Gefangenschaftsfluchten aus Zoologischen Gärten, Pelztierfarmen und Privathaltungen als einen relevanten Verbreitungsweg für Reptilien, Amphibien, Vögel und Säugetiere. Hubo et al. (2007) bestätigt diesen bedeutenden Verbreitungsweg für Neozoen und somit auch für IAS. Rund 50 % der etablierten Wirbeltierarten wurden als ehemalige Gefangenschaftsflüchtlinge identifiziert. Obwohl zur Gefahrenminderung bereits einige dieser Einbringungswege modifiziert und eingeschränkt wurden, ist vor allem der Sektor der Haustierhaltung noch immer ein aktiver und dominanter Einbringungsweg für die Einschleppung neuer IAS in Europa (Genovesi et al. 2009; Kark et al. 2009).

Tabelle 0.3: Intendierte Freisetzungen und das Entkommen von gebietsfremden Reptilien und Amphibien, Vögeln und Säugetieren in Europa haben ihren Ursprung in unterschiedlichen primären Quellen. Werte beschreiben die Anzahl der eingebrachten Arten. Arten können hierbei in mehr als nur einer Kategorie dargestellt werden (Hulme et al. 2008).

	Reptilien/Amphibien	Vögel	Säugetiere
Freisetzung			
Landwirtschaft	1	0	12
Biologische Schädlingskontrolle	2	1	3
Nahrungsmittel und Jagdwild	8	61	31
Faunenbereicherung	28	44	47
Forschung	2	0	0
Entkommen			
Nahrungsmittel	10	7	4
Haustier	9	75	12
Zoologische Gärten	1	48	20
Pelztierfarmen	0	0	27

Zumal neben der effektiven Gestaltung einer Gefahrenabwehr die Vermeidung weiterer biologischer Invasionen ein zentraler Punkt im Umgang mit IAS ist, bilden die Beschränkungen der Haltung und Bestimmungen zur Freisetzung von IAS einen wichtigen rechtlichen Regelungsgegenstand in der Eindämmung biologischer Invasionen. Nationale Vorgaben rechtlicher Verbindlichkeit finden sich hierzu im Bundesnaturschutzgesetz vom 10. März 2010. Mit der am 22. Oktober 2014 beschlossenen

EU-Verordnung Nr. 1143/2014 des Europäischen Parlamentes und des Rates über die Prävention und das Management der Einbringung und Ausbreitung invasiver gebietsfremder Arten ist zudem am 01. Januar 2015 ein umfangreiches Regelungsinstrument zum Umgang mit IAS in Kraft getreten, das in allen Mitgliedsstaaten der EU unmittelbar gültig ist und für die effektive Erfüllung des Art. 8 lit. h) CBD eintritt. Die im Mittelpunkt dieser Verordnung stehende Identifikation und Kontrolle der prioritären Einbringungspfade sowie die Priorisierung der zu bekämpfenden Arten anhand einer Risikoanalyse setzen jedoch ein fundiertes Wissen über Einflussfaktoren in der Ausbreitungsgeschichte und Dispersionsdynamik sowie über Verteilung und Erfolg der Arten voraus.

NEUE ERKENNTNISSE ZU BIOLOGISCHEN INVASIONSPROZESSEN UND ZU IHREN RECHTLICHEN KONSEQUENZEN

Während sich der naturwissenschaftliche Teil dieser Arbeit vor allem mit den Faktoren und den Einbringungspfaden befasst, welche die erfolgreiche Etablierung und Ausbreitung des Nordamerikanischen Waschbären in Deutschland und Europa erklären, widmet sich der rechtliche Schwerpunkt der Dissertation der Regulierung, Normsetzung und Normanwendung der Haltung von IAS.

Die dieser Arbeit zugrunde liegenden Untersuchungen tragen neue Erkenntnisse zu den entsprechenden Faktoren bei und bilden im Rahmen der Risikobewertung der Art vor allem im Hinblick auf die Anwendung normativer Gesetzmäßigkeiten für IAS, wie sie in Kapitel 4 und 5 näher beleuchtet werden, eine wichtige Hilfestellung zur Einstufung der Art und zur Beurteilung ihrer Invasivität und eines Handlungsbedarfes.

Modellart Waschbär

Der ursprünglich in Nordamerika beheimatete Waschbär (*Procyon lotor* Linné, 1758) wurde im Zuge des florierenden Pelztiermarktes zu Beginn des 20. Jahrhunderts in Europa eingeführt. Waschbären galten bisher als ein typisches Beispiel für eine erfolgreiche Ausbreitung auf der Basis einer kleinen Stammgruppe. So wurde bisher angenommen, dass die gesamte deutsche Waschbärpopulation von schätzungsweise einer Millionen Tieren auf eine Aussetzung von zwei Waschbärpärchen in Hessen am Edersee zur „Bereicherung der heimischen Fauna“ im Jahr 1934 und ein Entfliehen von 25 Tieren anlässlich der Zerstörung einer Pelztierfarm in Wolfshagen östlich von Berlin im Jahr 1945 zurückzuführen ist (Hohmann und Bartussek 2005). Den Expertenforen NOBANIS, CABI und DAISIE zufolge schließt das bekannte Verbreitungsgebiet dieser Art in Europa zahlreiche Länder ein und auch außerhalb Europas sind etablierte Populationen in Russland, Weißrussland, der Kaukasusregion und Japan zu finden. Obwohl sich die Art somit als sehr erfolgreich und anpassungsfähig erweist, finden in der Bundesrepublik Deutschland, welche die größte nicht native

Population der Art beherbergt, bisher weder konkrete Monitoring- und Vorsorgemaßnahmen, noch Maßnahmen zur Eindämmung der Ausbreitung statt. Gründe hierfür sind sowohl der kontrovers diskutierte Einfluss des Waschbären auf die einheimische Biozönose, der bisher keine eindeutige Einschätzung des Schadenspotentials zulässt, als auch maßgebliche Wissenslücken über den momentanen Status der Art, die Anzahl ihrer etablierten Populationen, ihr momentaner Ausbreitungsradius sowie ihr Verbreitungspotential und ihre grundsätzlichen Ausbreitungspfade.

Kapitel 1

Kapitel 1 befasst sich mit dem Ausbreitungsverhalten der gebietsfremden Art Waschbär, um die bisherige Ausbreitungsgeschichte zu rekonstruieren und die zukünftige Verbreitung der Tierart unter Anwendung der oben vorgestellten Methode der gewichteten Modellierung in Deutschland abzuschätzen. Neben Ausmaß und Geschwindigkeit der Verbreitung stand vor allem auch die Identifikation möglicher Ausbreitungswege bzw. einflussnehmender Faktoren im Vordergrund der Forschung. Datengrundlage bildeten die deutschlandweit auf Kreisebene vorliegenden Streckenzahlen der Tierart beginnend mit dem Jagdjahr 2000/01 bis einschließlich Jagdjahr 2011/12. Basierend auf der Ausbreitungsgeschwindigkeit in diesem Zeitraum und unter Berücksichtigung eines Sets von ausgewählten Umweltvariablen, die über eine statistische Analyse aus CORINE Daten extrahiert wurden, wurden zukünftige Verbreitungskarten der Art modelliert. Faktoren wie der prozentuale Anteil von Ackerland und Wald der Landkreise, sowie die Fragmentierung der Waldfläche spielten eine entscheidende Rolle in der Erstbesiedlung. Die Ergebnisse lassen jedoch auch darauf schließen, dass diese Habitattypen nicht ausschließlich die realisierte Nische des Waschbären widerspiegeln, sondern, dass in Zukunft eine flächendeckende Besiedlung der Bundesrepublik, inklusive urbaner Gebiete, wahrscheinlich ist. Der Modellierung nach erstreckt sich das potentielle zukünftige Verbreitungsgebiet des Waschbären mit einem Streckenaufkommen von > 0,1 Individuen pro 100 ha im Jahr 2061 auf 71 % (253.000 km²) der Gesamtfläche der Bundesrepublik Deutschland. Hierbei eingeschlossen werden auch strategisch bedeutende Gebiete für den Artenschutz, wie beispielsweise die Seen- und Bruchlandschaften östlich der Elbe im Nordosten von Deutschland, die die wenigen intakten Populationen der in Deutschland streng gefährdeten Europäischen Sumpfschildkröte (Reptil des Jahres 2015 in Deutschland) beherbergen. Die Dokumentation der noch immer stetig ansteigenden Waschbärenstrecke in den Kernräumen des Verbreitungsareals weist darüberhinaus darauf hin, dass die Besiedlung auch nahe der Startpunkte, trotz einer Dauer von bis zu 80 Jahren, noch immer nicht als vollständig abgeschlossen angesehen werden kann und die Bedeutung der Art auch in bereits besiedelten Gebieten voraussichtlich weiterhin zunehmen wird. Die starke Streckenentwicklung im Areal zwischen den beiden Aussetzungsorten sowie sporadisch erlegte Tiere und höhere Streckenaufkommen am Rande des bisherigen Verbreitungsgebietes deuten auf eine Vermischung der Populationen und eine mögliche Einflussnahme von Neuaussetzungen hin. So kann angenommen

werden, dass aufgrund der daraus resutierenden Erhöhung der genetischen Diversität der Art, ihre Anpassungs- und Ausbreitungsfähigkeit gesteigert wird.

Kapitel 2

In Kapitel 2 wird das festgestellte Ausbreitungsverhalten des Nordamerikanischen Waschbären ausgehend eines genetischen Ansatzpunktes überprüft. Mit Hilfe molekulargenetischer Untersuchungen wird untersucht, ob sich die anhand der Streckendaten vermutete Vermischung der Populationen und Einflussnahme von Neuaussetzungen bestätigen lässt. Bisher galt die Annahme, dass die deutsche Waschbärpopulation auf eine kleine Anzahl von Gründertieren und nur zwei Aussetzungsereignisse zurückzuführen ist und aufgrund dessen während der Gründung einen genetischen Flaschenhalseffekt durchlaufen hat. Genetische Analysen von Waschbären in Deutschland, die bisher ausschließlich auf Basis der mitochondrialen DNA (Frantz et al. 2013) oder im Rahmen einer eng abgesteckten Lokalität im Nordosten Deutschlands (Gramlich et al. 2011) durchgeführt wurden, stützen weitestgehend diese Annahme. Die hohen Streckenaufkommen am Rande des bisherigen Verbreitungsgebietes, wie sie in Kapitel 1 dokumentiert sind, lassen jedoch, unabhängig von den beiden bekannten Aussetzungsereignisse, weitere Populationsstartpunkte wahrscheinlich erscheinen. Zielsetzung der Arbeit war somit vorwiegend die Rekonstruktion der Anzahl der Gründertiere und ihrer geographischen Lokalitäten. Zudem sollte der Status der aktuellen Durchmischung der Populationen bestimmt und genetische Faktoren herausgestellt werden, welche die erfolgreiche Etablierung und Ausbreitung des Waschbären in Deutschland erklären. Die dieser Arbeit zugrunde liegenden Ergebnisse der Genotypisierung von 407 Individuuen aus Deutschland, Belgien und Luxemburg weisen wider Erwarten eine vergleichsweise hohe genetische Diversität der Populationen auf. Entgegen den Literaturangaben belegen sie zudem, dass neben den bekannten Ansiedlungen in Mittel- und Nordostdeutschland zwei weitere unabhängige Aussetzungsereignisse im Harz und im Osten Sachsens stattgefunden haben müssen. Darüber hinaus verweisen drei kleinere genetische Cluster innerhalb des Datensatzes auf Gründereffekte am Arealrand, hohe Verwandtschaftsgrade im urbanen Areal in Kassel und mehrfache Neuaussetzungen jüngeren Datums hin. In Übereinstimmung dazu veranlassen die Ergebnisse der in dieser Arbeit neu entwickelten Analysemethode zur Schätzung der kleinsten Anzahl der Gründertiere anhand der verzeichneten Allele zu der Annahme, dass die Populationen auf eine weitaus größere Anzahl von Gründertieren zurückzuführen sind als bisher angenommen. Infolgedessen können Waschbären nicht als Beispiel einer genetisch verarmten und dennoch erfolgreichen gebietsfremden Art angesehen werden. Vielmehr kann ihr Invasionserfolg auf eine relativ hohe genetische Diversität zurückgeführt werden, die ihren Ursprung in multiplen Aussetzungsereignissen, zahlreichen Gründertieren und einer Durchmischung der Populationen hat.

Kapitel 3

Kapitel 3 beschäftigt sich mit der Analyse von räumlich-zeitlichen Phänomenen im Invasionsverlauf des Waschbären. Um die Verbreitungswege der Art und den Einfluss von Gehegetieren und Neuaussetzungen weiter zu konkretisieren und die Charakteristika der Populationen im invasiven Verbreitungsgebiet der Art der nativen Population in Nordamerika gegenüberzustellen, wurde ein Vergleich der unterschiedlichen Invasionsstadien der lang etablierten Population in Deutschland mit der sich erst kürzlich etablierten Population in Spanien herangezogen und ihre populationsgenetischen Merkmalen mit denen nativer Individuen verglichen. Neben der Herausstellung standörtlicher und genetischer Faktoren, die den Erfolg der Art erklären, fokussiert sich das Kapitel auf die potentiellen Einführungspfade der Art und geht der Frage nach, ob die Waschbärhaltung in Zoologischen Gärten ein Ursprung der festgehaltenen Neuaussetzungen sein können. Weiterhin sollte durch eine Analyse der genetischen Ausstattung der Zootierindividuen eine Beurteilung ihres Potentials zur Erhöhung der genetischen Diversität im Falle ihrer Flucht stattfinden. Aufbauend auf den Genotypisierungsergebnissen von 57 Zooindividuuen aus Deutschland konnte ein reger Austausch von Individuen aus dem Freiland und aus *Ex-situ* Haltungen nachgewiesen werden. Da der Austausch allerdings in beide Richtungen stattfindet, was bedeutet, dass neben der Flucht von Tieren aus menschlicher Obhut auch eine Aufnahme von Tieren aus freier Wildbahn in die Zoos praktiziert wird, ist eine endgültige Aussage zur Größenordnung einer Einflussnahme dieses Einführungspfades nicht möglich. Insgesamt stellt die genetisch diverse Zoopopulation jedoch eine mögliche Quelle für Neuaussetzungen dar, die das Potential beinhalten, die genetische Diversität der Population in der freien Natur weiter zu erhöhen. Die Tierhaltung kann daher als ein bedeutender Verbreitungsweg für diese Art und somit als ein Ansatzpunkt regulatorischer rechtlicher Maßnahmen verstanden werden.

Kapitel 4

Kapitel 4 ist als Übersichtsartikel über die Vorgehensweise der Implementierung und die Inhaltspunkte der neuen EU-Verordnung über die Prävention und die Kontrolle der Einbringung und Verbreitung von IAS zu verstehen. Hier wird auf mögliche praktische Umsetzungsschwierigkeiten aus naturwissenschaftlicher Sicht hingewiesen. Der Artikel wurde im Hinblick darauf verfasst, durch das Aufdecken möglicher Umsetzungsschwierigkeiten und das Unterbreiten von Änderungsvorschlägen eine Optimierung der Normsetzung und somit eine effizientere Normanwendung sicherzustellen, welche sich auch auf die zukünftige Regulierung der im Fokus dieser Arbeit stehenden Modellart auswirken kann. Dabei stellte sich vor allem die Frage, inwieweit auch Arten mit defizitärer oder nicht ausreichend abgesicherter Wissenslage bezüglich ihrer Invasivität unter die in der Verordnung fallenden Regulationsmechanismen gefasst werden können.

Kapitel 5

Der in Kapiteln 1 bis 3 herausgestellte exponentielle Trend der Waschbärbesiedlung, einschließlich der zahlreich belegten Neuaussetzungen, führten im fünften Teil des Promotionsprojektes zu der Bearbeitung der Problematik hinsichtlich von Tierhaltungen, als einen der prioritären Einführungspfade von IAS. Von rechtswissenschaftlicher Seite wurden die bislang geltenden Haltungsbedingungen und -beschränkungen für gebietsfremde und potentiell invasive Arten, inklusive der Vorgaben zur Verhinderung von Gefangenschaftsfluchten und beabsichtigten Aussetzungen, auf ihre Anwendbarkeit und Effektivität in der Gefahrenabwehr und Eindämmung biologischer Invasionen überprüft. Im Anschluss daran wurden neue praxisnahe Lösungsansätze entwickelt und vorgestellt, um das Risiko von Neuansiedlungen zu verringern.

Da mit der neuen EU-Verordnung Nr. 1143/2014, die in Kapitel 4 dieser Arbeit ausgiebig behandelt wurde, zukünftig eine Reihe strikter Regulationsmechanismen für ausgewählte IAS gelten werden, wurde in diesem Kapitel erneut anhand der Modelart Waschbär auf die Problematik einer lückenhaften Wissensgrundlage zur Bewertung der Invasivität einer Art hingewiesen und möglichen Konsequenzen für den Normvollzug diskutiert. Aufgegriffen wurden zudem die aktuellen Entwicklungen hinsichtlich der im Januar 2016 veröffentlichten Unionsliste, mit der, ungeachtet ihrer unbestimmten Invasivität, unter den 37 Arten auch die Modellart als gebietsfremde invasive Tierart unionsweiter Bedeutung deklariert wurde. Die dadurch in Gang gesetzte Diskussion zur Willkürlichkeit des Auswahlverfahrens sowie die Resolution des EU-Parlaments betreffend der Unionsliste, spiegeln die Herausforderungen eines unionsweiten Vorgehens gegen IAS wider und machen deutlich, dass für eine effektive Normanwendung der Verordnung die Politik einen Spagat zwischen nationalen Auffassungen, ökonomischen Interessen und wirkvollem Artenschutz zu bewältigen hat.

Die Rechtssetzung und Entwicklungen bezüglich der Unionliste konnten bis Januar 2016 berücksichtigt werden.

DEFINITIONEN UND BEGRIFFSERKLÄRUNGEN

Im Folgenden sind Definitionen und Begriffserklärungen zum Feld der Biologischen Invasionen aus naturwissenschaftlicher und rechtswissenschaftlicher Sichtweise erläutert.

Naturwissenschaftliche Begriffsbestimmungen	**Rechtliche Begriffsbestimmungen**
(vgl. Holljesiefken 2007, S. 7-20; Kowarik 2010, S. 17-23)	(nach dem Bundesnaturschutzgesetz (BNatSchG), das am 1. März 2010 in Kraft getreten ist)
Heimische Art Synonyme: gebietseigene Art, standortheimische Art, Indigene engl.: native species, indigenous species Für ein Gebiet einheimisch gilt aus ökologischer Sicht eine Art, die sich dort selbstständig entwickelt hat oder ohne menschliche Mithilfe dorthin eingewandert ist.	**Heimische Art** nach § 7 Abs. 2 Nr. 7 BNatSchG „eine wild lebende Tier- oder Pflanzenart, die ihr Verbreitungsgebiet oder regelmäßiges Wanderungsgebiet ganz oder teilweise a) im Inland hat oder in geschichtlicher Zeit hatte oder b) auf natürliche Weise in das Inland ausdehnt; als heimisch gilt eine wild lebende Tier- oder Pflanzenart auch, wenn sich verwilderte oder durch menschlichen Einfluss eingebürgerte Tiere oder Pflanzen der betreffenden Art im Inland in freier Natur und ohne menschliche Hilfe über mehrere Generationen als Population erhalten;“
Gebietsfremde Art Synonyme: nichtheimische Art, standortfremde Art, Hemerochoren, Neobiota engl.: alien species, exotic species, non-indigenous species, non-native species Als gebietsfremd wird eine Art bezeichnet, die mit direkter oder indirekter Hilfe des Menschen in ein Biotop gelangt oder aus solchen Arten entstanden ist. Nach dem Zeitpunkt ihres Auftretens werden die Arten weiterhin in Achäophyten bzw. Archäozoen (Pflanzen bzw. Tiere, die vor dem Jahr 1492 auftraten) und Neophyten bzw. Neozoen (Pflanzen und Tiere, die nach dem Jahr 1492 auftraten und treten) untergliedert. Als „etabliert“ gilt dabei eine Art, wenn sie über 25 Jahre oder über drei Generationen in einem Gebiet existiert.	**Gebietsfremde Art** nach § 7 Abs. 2 Nr. 8 BNatSchG „eine wild lebende Tier- oder Pflanzenart, wenn sie in dem betreffenden Gebiet in freier Natur nicht oder seit mehr als 100 Jahren nicht mehr vorkommt;“
Invasive Art engl.: invasive species Eine „invasive Art“ im naturwissenschaftlichen und in dieser Arbeit verwendeten Sinne sind Organismen nicht definierter Herkunft, die eine potentiell weiträumige Verbreitung mit einem hohen ökologischen Schadenspotential sowie, je nach Definitionsansatz, auch ökonomische Schäden und Beeinträchtigungen der menschlichen Gesundheit in sich vereinen.	**Invasive Art** nach § 7 Abs. 2 Nr. 9 BNatSchG „eine Art, deren Vorkommen außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebietes für die dort natürlich vorkommenden Ökosysteme, Biotope oder Arten ein erhebliches Gefährdungspotential darstellt;“

LITERATUR

Crooks JA (2005). Lag times and exotic species: the ecology and management of biological invasions in slow-motion. Ecoscience 12(3), 316–329.

Crooks JA, Soulé ME (1999). Lag times in population explosions of invasive species: causes and implications. Invasive species and biodiversity management, 103–125.

Davis MA (2009). Invasion Biology.Oxford University Press, New York

Dlugosch KM, Parker IM (2008). Invading populations of an ornamental shrub show rapid life history evolution despite genetic bottlenecks. Ecology Letters 11(7), 701–709.

Forsyth DM, Duncan RP (2001). Propagule size and the relative success of exotic ungulate and bird introductions to New Zealand. The American Naturalist 157, 583–595.

Forsyth DM, Duncan RP, Bomford M, Moore G (2004). Climatic Suitability, Life - History Traits, Introduction Effort, and the Establishment and Spread of Introduced Mammals in Australia. Conservation Biologie 18, 557–569.

Geiter O, Homma S, Kinzelbach R (2002). Bestandsaufnahme und Bewertung von Neozoen in Deutschland. Untersuchung der Wirkung von Biologie und Genetik ausgewählter Neozoen auf Ökosysteme und Vergleich mit den potenziellen Effekten gentechnisch veränderter Organismen. Forschungsbericht 29689901/01, BMUB Texte 25/02, Berlin.

Genovesi P, Bacher S, Kobelt M, Pascal M, Scalera R (2009). Alien mammals of Europe. In: Handbook of Alien Species in Europe. Edited by: DAISIE. Dordrecht: Springer, 119–128.

Guisan A, Thuiller W (2005). Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. Ecology letters 8(9), 993–1009.

Heger T (2004). Zur Vorhersagbarkeit biologischer Invasionen. Entwicklung und Anwendung eines Modells zur Analyse der Invasion gebietsfremder Pflanzen. Neobiota 4, 1–202.

Hohmann U, Bartussek I (2005). Der Waschbär, 2. überarbeitete Auflage, Oertel+Spörer, Reutlingen.

Holljesiefken A (2007). Die rechtliche Regulierung invasiver gebietsfremder Arten in Deutschland – Bestandsaufnahme und Bewertung. Schriftenreihe Natur und Recht Band 8 (Hrsg.: Louis HW und Schumacher J), Springer-Verlag, Berlin Heidelberg.

Hubo C, Jumpertz E, Krott M, Nockemann L, Steinmann A, Bräuer I (2007). Grundlagen für die Entwicklung einer nationalen Strategie gegen invasive gebietsfremde Arten. BfN-Skripten 213, Bonn.

Hulme PE, Bacher S, Kenis M, Klotz S, Kühn I, Minchin D, Nentwig W, Olenin S, Panov V, Pergl J, Pyšek P, Roques A, Sol D, Solarz W, Vilà M (2008). Grasping at the routes of biological invasions: a framework for integrating pathways into policy. Journal of Applied Ecology 45(2), 403–414.

Hutchinson GE (1957). Cold spring harbor symposium on quantitative biology. Concluding remarks 22, 415–427.

Inderjit, Cadotte MW, Colautti RI (2005). The ecology of biological invasions: past, present and future, in: Invasive Plants: Ecological and Agricultural Aspects (ed. Inderjit). Birkhäuser Verlag, Switzerland, 19–43

Jeschke JM, Strayer DL (2005). Invasion success of vertebrates in Europe and North America. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 102(20), 7198–7202.

Jeschke JM, Bacher S, Blackburn TM, Dick JT, Essl F, Evans T,... Pergl J (2014). Defining the Impact of Non-Native Species. Conservation Biology 28(5), 1188–1194.

Kark S, Solarz W, Chiron F, Clergeau P, Shirley S: Alien birds, amphibians and reptiles of Europe (2009). In Handbook of Alien Species in Europe. Edited by: DAISIE. Dordrecht: Springer, 105–118.

Keller RP, Geist J, Jeschke JM, Kühn I (2011). Invasive species in Europe: ecology, status, and policy. Environmental Sciences Europe 23, 1–17.

Keller SR, Taylor DR (2010). Genomic admixture increases fitness during a biological invasion. Journal of Evolutionary Biology 23(8), 1720–1731.

Kettunen M, Genovesi P, Gollasch S, Pagad S, Starfinger U, ten Brink P, Shine C (2009). Technical support to EU strategy on invasive alien species (IAS). Institut for European Environnemental Policy (IEEP).

Kolbe JJ, Glor RE, Schettino LR, Lara AC, Larson A, Losos J (2004). Genetic variation increases during biological invasion by a Cuban lizard. Nature 431, 177–181. PMID: 15356629

Kowarik I (2010). Biologische Invasionen – Neophyten und Neozoen in Mitteleuropa. 2. Auflage, Eugen Ulmer Verlag, Stuttgart.

Lavergne S, Molofsky J (2007). Increased genetic variation and evolutionary potential drive the success of an invasive grass. Proceedings of the National Academy of Sciences 104(10), 3883–3888.

Lockwood JL, Cassey P, Blackburn T (2005). The role of propagule pressure in explaining species invasions. Trends in Ecology & Evolution 20(5), 223–228.

Lockwood JL, Hoopes MF, Marchetti MP (2013). Invasion ecology. John Wiley & Sons.

Mack RN, Simberloff D, Lonsdale WM, Evans H, Clout M, Bazzaz FA (2000). Biotic invasions: Causes epidemiology, global consequences and control. Ecological applications 10, 689–710.

Monzón-Argüello C, Consuegra S, Gajardo G, Marco-Rius F, Fowler DM, DeFaveri J, Garcia de Leaniz C (2014). Contrasting patterns of genetic and phenotypic differentiation in two invasive salmonids in the southern hemisphere. Evolutionary applications 7(8), 921–936.

Nehring S, Rabitsch W, Kowarik I, Essel F (2015). Naturschutzfachliche Invasivitätsbewertungen für in Deutschland wild lebende gebietsfremde Wirbeltiere. BfN-Skripten 409, 1–222.

Pimentel D, McNair S, Janecka J, Wightman J, Simmonds C, O'connell C, ... Tsomondo T (2001). Economic and environmental threats of alien plant, animal, and microbe invasions. Agriculture, Ecosystems & Environment 84(1), 1–20.

Pimentel D, Zuniga R, Morrison D (2005). Update on the environmental and economic costs associated with alien-invasive species in the United States. Ecological Economics 52(3), 273–288.

Puillandre N, Dupas S, Dangles O, Zeddam JL, Capdevielle-Dulac C, Barbin K, Torres-Leguizamon M, Silvain JF (2008). Genetic bottleneck in invasive species: the potato tuber moth adds to the list. Biological Invasions 10(3), 319–333.

Pyšek P, Richardson DM (2010). Invasive species, environmental change and management, and health. Annual Review of Environment and Resources 35, 25–55.

Reed DH, Frankham R (2003). Correlation between fitness and genetic diversity. Conservation biology 17(1), 230–237.

Sakai AK, Allendorf FW, Holt JS, Lodge DM, Molofsky J, With KA, ... McCauley DE (2001). The population biology of invasive species. Annual Review of Ecology and Systematics 32, 305–332.

Soberón J, Peterson AT (2005). Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas. Biodiversity Informatics 2, 1–10.

Sullivan MJP, Davies RG, Reino L, Franco A (2012). Using dispersal information to model the species–environment relationship of spreading non-native species. Methods in Ecology and Evolution 3(5), 870–879.

Tsutsui ND, Suarez AV, Holway DA, Case TJ (2000). Reduced genetic variation and the success of an invasive species. Proceedings of the National Academy of Sciences 97(11), 5948–5953.

Václavík T, Meentemeyer RK (2012). Equilibrium or not? Modelling potential distribution of invasive species in different stages of invasion. Diversity and Distributions 18(1), 73–83.

Vilà M, Basnou C, Pyšek P, Josefsson M, Genovesi P, Gollasch S, Nentwig W, Olenin S, Roques A, Roy D, Hulme PE und DAISIE partner (2009). How well do we understand the impacts of alien species on ecosystem services? A pan-European cross-taxa assessment. Frontiers in Ecology and the Environment, 8(3), 135–144.

Williamson M, Fitter A (1996). The varying success of invaders. Ecology 77(6), 1661–1666.

Woodworth LM, Montgomery ME, Briscoe DA, Frankham R (2002). Rapid genetic deterioration in captive populations: causes and conservation implications. Conservation Genetics 3(3), 277–288.

CHAPTER I

Assessing and predicting the spread of non-native raccoons in Germany using hunting bag data and dispersal weighted models

Fischer ML, Sullivan MJP, Greiser G, Guerrero-Casado J, Heddergott M, Hohmann U, Keuling O, Lang J, Martin I, Michler FU, Winter A, Klein R

Article accepted for publication

Fischer ML, Sullivan MJP, Greiser G, Guerrero-Casado J, Heddergott M, Hohmann U, Keuling O, Lang J, Martin I, Michler FU, Winter A, Klein R (2015a). Assessing and predicting the spread of non-native raccoons in Germany using hunting bag data and dispersal weighted models. Biological Invasions, 1–15.

ABSTRACT

As the second largest cause of biodiversity loss worldwide, there is an urgent need to study the dynamics of biological invasions and identify factors limiting the distribution of invasive alien species. In the present study we analyze national-scale hunting bag data from Germany to predict the dispersal of raccoons in the largest non-native population of the species. Our focus is (1) to document changes in the distribution and abundance of raccoons, (2) to identify the species-environment relationship and predict which areas will be suitable for future colonization and (3) to apply a dispersal model to predict how fast the raccoon will spread to these areas. The increase from about 9,000 harvested raccoons in 2000/01 to about 71,000 in 2011/12 reflects the extensive amount of suitable habitat for this omnivorous species in Central Europe. The best model for explaining range expansion in Germany identified coverage of agriculture and fragmentation and coverage of forests as the most important explanatory variables. The range of raccoons (area with harvest index > 0.1 per 100 ha) increased from 26,515 km^2 in 2001 to 111,630 km^2 in 2011, and is predicted to expand to 252,940 km^2 by 2061, 71 % of the area of Germany. This vast area encompasses strategically important areas for conservation biology, such as wetlands with endangered native terrapins. The combination of merging of separated introduced populations and accelerating population growth highlights the potential for future impacts of raccoons on native communities, ecosystems and economic life in Germany and Central Europe.

1.1 INTRODUCTION

Worldwide, Invasive Alien Species (IAS) are associated with significant damage to the economy and public health, and are considered to be one of the major threats to native biodiversity (Mack et al. 2000; Pimentel et al. 2005; Hulme 2007; Pyšek and Richardson 2010; Keller et al. 2011). Hence a major challenge lies in determining factors causing invasion success and predicting the potential distribution of non-native species. Wildlife monitoring programs help to determine the distribution of non-native species, which is necessary in order to assess the impact of non-native species in terms of disease risks, economic damage and negative effects on native species and the environment, and plan management actions to reduce these impacts (Engeman et al. 2006; Sterner and Smith 2006; Yokomizo et al. 2009). Monitoring programs for terrestrial mammals are usually based on the collation of ad-hoc records (Roy et al. 2014a), systematic surveys of abundance (such as road-kill surveys, tracking plots, spotlighting, pellet counts along fixed routes), or more cost intensive and logistically complicated methods such as radio-tracking, mark-recapture, camera trapping, aerial surveys and DNA genotyping (Woodroffe et al. 1990; Bartel et al. 2012; Engeman et al. 2013). Hunting bag data are routinely collected for game species, and these offer an additional monitoring strategy as they can be used as a general index of long term trends, population and distribution change and a proxy of abundance across time (Cattadori et al. 2003; Kitson 2004; Carlsson et al. 2010).

These abundance or presence/absence data are used in species distribution models (SDMs) to identify suitable or unsuitable areas for a species based on a set of environmental covariates, and these SDMs can be used to predict where a non-native species will spread to. Generally SDMs assume that the species being modelled is at equilibrium with the environment (Guisan and Thuiller 2005), which means unoccupied areas are considered as unsuitable for the species. However non-native species are often spreading from a few release sites and are therefore not at equilibrium with their environment, so absences may be due to dispersal limitation as well as unsuitable environmental conditions (Václavík and Meentemeyer 2012). One approach to address this is to model the dispersal process, and then weight the species distribution model by the predicted probability of different areas being dispersed to (Sullivan et al. 2012). This procedure reduces the influence of areas where a species is absent due to dispersal limitation in model fitting, so conforms more closely with the assumptions of SDMs. Approaches that directly model the dispersal process (e.g. Sullivan et al. 2012), or account for spatial autocorrelation introduced by dispersal limitation (Václavík et al. 2012; Thomas and Moloney 2015), potentially allow SDMs to be safely used on spreading non-native species. We apply these methods to analyze raccoon (*Procyon lotor* Linné 1758) hunting bag data from Germany.

Raccoons were introduced in different European countriesby deliberate or accidental releases occurring since the early twentieth century (Beltrán-Beck et al. 2012). They have become widely

established, and are considered a pest in several places due to the economic damage they cause, their threat to public health and negative interactions (competition and predation) with native species (Ikeda et al. 2004; Beltrán-Beck et al. 2012; Vos et al. 2012, 2013). Additionally, they were identified as one of the top ten invasive alien species with the greatest potential to threaten biodiversity in Great Britain (Roy et al. 2014b). In Europe the largest non-native population is found in Germany, and is commonly assumed to stem from two separate founding events in Central (1934, Edersee) and Northeast Germany (1945, Wolfshagen) (Stubbe 1975; Lutz 1984). Recent genetic studies (Frantz et al. 2013; Fischer et al. 2015) propose an additional founder population in the federal state Saxony near the Polish border and a further introduction event in the Harz region, which may influence the distribution and abundance of raccoons in Central Europe (see Figure 1.1).

Population densities in the native range are usually around 10 – 12 raccoons per 100 ha (Kaufmann 1982) and can reach 333 individuals per 100 ha in urban sites (Riley 1998). Population densities in the non-native range are lower than this, with the highest densities in swamp areas of Northeastern Germany (Müritz National Park) with 6 – 8 individuals per 100 ha (Muschik et al. 2011) and in the urban areas of Bad Karlshafen and Kassel in Central Germany where densities exceed 100 individuals per 100 ha (Hohmann and Bartussek 2011). The forested Solling mountains probably provide the most comparable habitat to that typically occupied in the native range, and population densities here are 1–4 individuals per 100 ha (Hohmann 1998). These lower population densities to comparable habitat in the native range indicate the potential for future population growth in Germany.

Although Germany represents the core of the non-native range in Europe, information about the current status of the raccoon and the patterns of range expansion at a national scale is still rare. In this paper we analyze hunting bag data at administrative district level to map the spread of raccoons over an entire country, and correlate this with landscape structure to predict environmental suitability. We predict future trends and discuss the consequences of increasing population size, the merging of separate introduced populations and the potential future distribution.

Approaches like this may provide valuable evidence informing the management of alien species, as hunting bag data are easily obtained over a wide scale of regions and so can be used to assess the extent of colonization, especially for species for which alternative data are rare.

1.2 MATERIALS AND METHODS

Hunting bag data as indicator for raccoon relative abundance

Although there are known problems related to the use of hunting statistics as population indexes (Hornell-Willebrand et al. 2006; Ranta et al. 2008), several comparisons of census data and hunting bag statistics suggested largely similar conclusions from both data sources (Baines and Hudson 1995;

Cattadori et al. 2003; Imperio et al. 2010; Knauer et al. 2010). Thus to analyze the population dynamics of raccoons in Germany, annual hunting bag data at administrative district level (412 districts, status 2009), gathered up by the German wildlife information system database (WILD), which is commissioned by the German Hunting Association (Deutscher Jagdverband e.V.), were scanned for 12 hunting seasons from 2000/01 to 2011/12 (hunting seasons cover the time from 1 April to 31 March). Hunting season for raccoons in Germany is open all year round except for females nursing young and in the federal states Bremen and Saarland. Recordings include specimens found dead and include both hunting in private and state owned land. The data were calculated relative to the total district areas, which vary from 36 km² to 3,085 km², to give the density of records in each district. This allows levels of invasion to be quantified consistently over the study area.

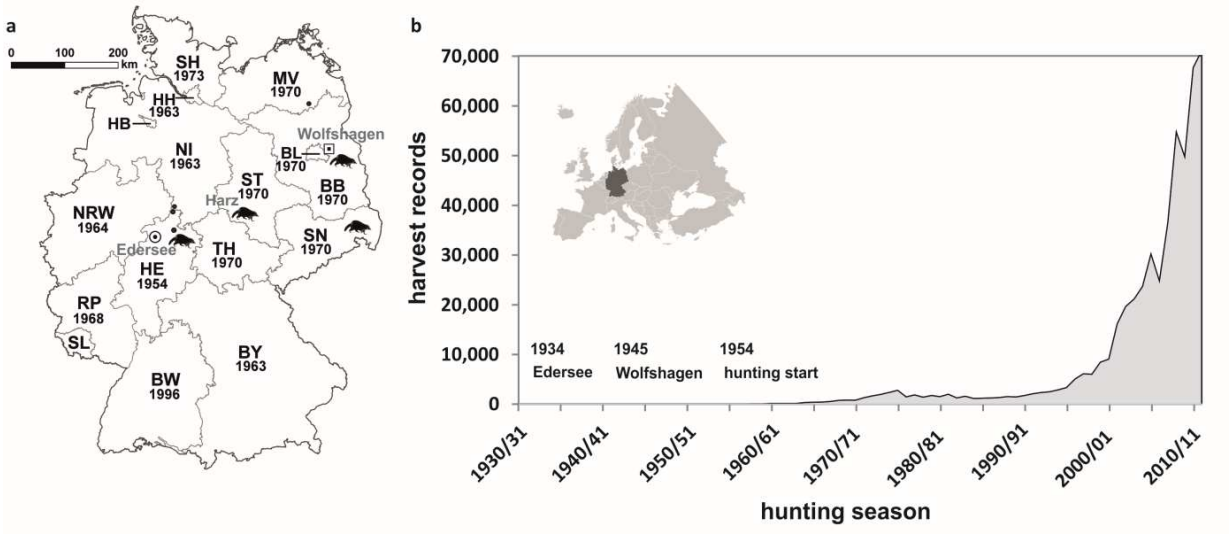


Figure 1.1: Starting points, hunting start dates and change in raccoon populations in Germany. a Grey lines and bold letters represent the boundaries and abbreviation of the German federal states respectively: BB, Brandenburg; BL, Berlin; BW, Baden-Württemberg; BY, Bavaria; HB, Bremen; HE, Hesse; HH, Hamburg; MV, Mecklenburg-Western Pomerania; NI, Lower Saxony; NRW, North Rhine-Westphalia; RP, Rhineland-Palatinate; SH, Schleswig–Holstein; SL, Saarland; SN, Saxony; ST, Saxony-Anhalt; TH, Thuringia. The years give information when the raccoon was declared a game species in each federal state (Hohmann and Bartussek 2011). Edersee and Wolfshagen indicate the geographic locations of the two introduced populations in 1934 and 1945. In the Harz region and SN additional founder population were proposed (Frantz et al. 2013; Fischer et al. 2015). Black points represent the location studies revealing raccoon densities, in the urban habitats of Kassel and Bad Karlshafen in HE, in the low mountain forests in Solling in NI and in the swamp areas in Müritz in MV. b The collected harvest records suggest an exponential trend in the last decade. Our study covers the strong increase beginning in 2000.

In 2007, 2008 and 2011 three district reforms have taken place in Germany, in the federal districts Saxony-Anhalt, Saxony and Mecklenburg-Western Pomerania respectively. To assure comparable data we allocated the records from the former Saxony-Anhalt and Saxony districts to the new districts, whereas we used the existing borders of Mecklenburg-Western Pomerania from 2010. Where information was available, islands in the German and the Baltic Sea were treated separately to the administrative districts they belonged to, as raccoons have so far been unable to reach them. For hunting seasons from 2002/03 to 2007/08 as well as for the years 2010/11 and 2011/12 no information about the state hunting (1 – 5 % of the common raccoon bag) records was available for the federal

district Thuringia. Furthermore a lack of regional level harvest records existed for Saxony-Anhalt for hunting years 2003/04 and 2004/05. Maps of district boundaries were created in the Geographical Information Systems ArcGIS 10.1 (ESRI Inc, Redlands, CA, USA), using ESRI Data and Maps (2000, 2005) and infas GEOdaten district borders (2009), projected to Transversal Mercator, Potsdam, Bessel.

In order to get a general idea about the raccoon range expansion, hunting bag data were arranged in the following density classes: (1) absent, 0; (2) very low, 0 – 0.01; (3) low, 0.01 – 0.1; (4) medium, 0.1 – 0.5; (5) high, 0.5 – 1 and (6) very high, > 1 individuals per 100 ha. Sporadic records of single harvested raccoons are likely to relate to transient individuals rather than established populations; we therefore converted all districts with $x < 0.1$ raccoons per 100 ha to absent for the correlation and regression analysis. This approach focuses our analysis onto highly suitable areas that we are confident hold established populations of raccoons, but by potentially excluding some established populations with densities below this threshold our model predictions will be more conservative than if we had classed all districts with raccoon records as occupied.

Explanatory variables of landscape structure

Macrohabitat characteristics of all 412 administrative districts were calculated on the basis of the CORINE Land Cover (CLC2006 – 100m) using FRAGSTATS 4.1 (McGarigal et al. 2002). The original land cover information containing 44 classes (37 classes for Germany) was reclassified into the following six habitat classes, representing habitat classes considered potentially suitable for raccoons: artificial (C1), agriculture (C2), pasture and open areas (C3), forests (C4), scrubland (C5) and wetlands and waterbodies (C6) (see Online Resource Table S1.1). The effect of the environmental structure on the raccoon dispersal was analyzed at vegetation-class level using the districts as sampling units. In order to characterize the habitat structure of the districts, we used the following indices:

- Percentage of landscape (termed PLAND) quantified the proportional amount of each of the six vegetation class types (C1 – C6) in the landscape on district level.
- Clumpiness index (termed CLUMPY) provides an effective index of fragmentation of patch types that ranges from -1 when the patch type is maximally disaggregated to 1 when the patch type is maximally clumped.

Calculating dispersal probabilities

The distribution of spreading alien species is influenced by their ability to disperse from existing occupied areas as well as by environmental suitability. We therefore constructed a dispersal model to calculate the probability of districts being dispersed to, where the probability of a district being colonized was modelled as a function of distance (km) from the nearest district occupied in the previous time step. Distances between districts were measured as the Euclidean distance between

district centroids on a Transversal Mercator grid. We assume that the probability of a district being dispersed to declines with distance following a negative exponential distribution, so the decline in dispersal probability P with distance is given by $P = e^{-bx}$, with the parameter b determining the rate of decline, and x denoting distance. We estimated b using maximum likelihood. In order to do this, we first re-wrote the dispersal kernel into a logit scale,

$$\text{logit}(P) = \log(P/1\text{-}P) = \log(e^{-bx}/(1- e^{-bx})).$$

This was then substituted into a binomial likelihood function,

$$\text{likelihood} = \Sigma - y \cdot \log(1 + e^{P}) - ((1 - y) \cdot (1 + e^{P})),$$

where P is the dispersal probability calculated from the dispersal kernel and y is the occupancy status of the district. We note that this dispersal model does not explicitly distinguish between neighborhood diffusion and long-distance dispersal (Shigesada et al. 1995), although both processes implicitly contribute towards the estimated dispersal kernel. Additionally, we assume that the dispersal kernel does not vary spatially or in time. Analyses were conducted in R (R Core Team 2012).

Habitat suitability analysis

All land-cover variables for the model were checked for their independence by running a collinearity procedure in IBM SPSS Statistics Version 21 (Pearson correlation $r < 0.7$; variance inflation factor < 3) and as a result, the variable PLAND_1 was excluded from the analysis. We applied a logistic binominal generalized linear model (GLM) in R, including the vector of dispersal probabilities as prior weights. This weighting reduces the influence of areas that are unlikely to have been dispersed to, and has been shown to improve the ability of species distribution models to characterize the species environment relationship of species that are not at equilibrium with their environment (Sullivan et al. 2012). For the selection of the most parsimonious model we used the stepAIC function from the MASS package (Venables and Ripley 2002) to remove covariates from SDMs in a stepwise fashion based on the Akaike information criterion. Absolute predicted probabilities of occurrence are sensitive to a species' prevalence, so we used the inverse of logit transformation (Real et al. 2006) to calculate the environmental favorability function for or against the species presence.

$$F = e^{y}/(n_1/n_0 + e^{y})$$

$$\text{with } y = \ln(n_1/n_0) + \alpha + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \cdots + \beta_n x_n,$$

where α is a constant, n_1/n_0= presence/absence ratio and $\beta_1, \beta_2, \ldots, \beta_n$ are the coefficients of the n predictor variables $x_1, x_2, \ldots, x_n$. We modified the function to account for dispersal weighting by replacing n_1/n_0 by $n_1/(n_0 \cdot \Sigma P)$.

Calibration and validation of models

We modelled the spread of raccoons over two five year time steps (2001 to 2006 and 2006 to 2011). We divided our data into these time steps, rather than investigate spread between each year, as our district level occurrence data is too coarse to reliably detect movements of a single generation of dispersing raccoons; 85 % of raccoons have been found to disperse < 3 km (Cullingham 2008), whereas the median distance between neighboring district centroids is 20.2 km. We therefore assume that movement between districts results from the cumulative movement of multiple generations of raccoons, and that this cumulative movement can be modelled using a dispersal kernel. The choice of time step length was motivated by the desire to have a long enough time period to allow movement between districts while allowing multiple time steps within our study period. The distribution of raccoons at each time point was obtained by pooling records from the two hunting seasons containing the target year (i.e. data for 2001 cover hunting between 1 April 2000 and 31 March 2002). Data were pooled in this way to reduce the effect of any fluctuation in hunting effort between hunting seasons, with the assumption that differences in distribution between adjacent hunting seasons primarily reflects differences in hunting effort, while differences in distribution between time steps primarily reflects genuine changes in distribution.

We used data from the first time step (i.e. spread between 2001 and 2006) to calibrate dispersal models and SDMs, and use these to predict the distribution at the end of the second time-step (using the cellular automata simulation described below run for one time step). This approach allowed us to use independent data to calibrate and validate models predicting the spread of raccoons. We then repeated the modelling process using data from both time steps to construct predictive models of the future spread of raccoons, increasing our utilization of available data. Data from both time steps were pooled to parameterize the dispersal kernel, which was then used to predict the probability of a district being dispersed to in 2006 and 2011. Districts that were already occupied were given a dispersal probability of one. These dispersal probabilities were used to weight two SDMs, one calibrated on 2006 distribution data and one calibrated on 2011 distribution data. The predictive performance of these SDMs was assessed by calculating the area under the receiver operating characteristic (ROC) curve, known as the AUC, a threshold independent measure of model skill (Swets 1988). AUC was calculated using the verification package (NCAR – Research Application Program 2007). AUC was calculated under cross-validation, where the data was repeatedly (1000 times) split into two parts, the training set (75 % of the data) used for fitting the SDM, and the testing set (remaining 25 % of the data) used to test the model performance. We note that this approach underestimates SDM skill when distributions are not at equilibrium, as models are penalized for predicting districts to be suitable when these districts are unoccupied due to dispersal limitation (Sullivan et al. 2012), so should be considered a minimum estimate of model performance. Predictions from the two SDMs contain some independent information (although some districts were occupied or unoccupied at both time points,

others changed occupancy state, while the probability of a district being dispersed to also changed), and we lack strong *a priori* reasons for favoring one SDM over the other. We averaged the two predictions, as in such instances taking an average of predictions emphasizes signal where the model predictions are in agreement (Arujo and New 2006), to give a consensus prediction of habitat suitability.

Modelling the future distribution of the raccoon

We used a cellular automata simulation, implemented in R, to model the future spread of raccoons. This model assumes that the probability of a district becoming occupied is a function of the probability that it is suitable (given by the SDM) and the probability that it is dispersed to, which is assumed to be a function of distance from the nearest occupied district (given by the dispersal kernel). If these events are independent, than the probability of a district being occupied is the product of the probability of it being suitable and the probability of it being dispersed to. However, as the species distribution and dispersal models were parameterized separately, the estimated prevalence in one model (e.g. the SDM) will implicitly account for the other process (e.g. dispersal). While this does not affect the relative probabilities of occupancy obtained by multiplying the dispersal and suitability probabilities together, it will affect the absolute probabilities. Because of this it was necessary to calibrate these colonization probabilities by finding the threshold that minimized the number of difference between omission (false absence) and commission (false positive) errors (Jimenez-Valverde and Lobo 2007), assessed by running the model starting at the 2006 distribution to predict the 2011 distribution. Districts with colonization probabilities greater or equal to this threshold were classed as occupied. The cellular automata were run for ten time-steps from the current distribution, i.e. modelling the spread of raccoons up to 2061. This cellular automata model is deterministic, and the predicted pattern of spread can be thought of as our best estimate of spread given our parameterized dispersal kernel and SDM.

We explored the consequences of occasional colonization of districts with low colonization probabilities (e.g. due to long-distance dispersal) by running a separate, stochastic version of the simulation. This model differed from the deterministic model in that districts were classed as occupied if the colonization probability was greater or equal to a value drawn randomly form a uniform distribution, rather than a fixed threshold. We used a uniform distribution ranging from zero to twice the threshold used in the deterministic model (this upper limit means that 50 % of values drawn are expected to be greater than the threshold). The stochastic simulation was run 1000 times. The proportion of simulation runs an administrative district is colonized at a given period in time gives a measure of the risk that it will have been colonized.

1.3 RESULTS

Current status of the raccoon in Germany based on hunting bag data

Since hunting started in 1954 in Hesse (HE), raccoon records have increased, with an exponential trend in the last decade (Figure 1.1). Our data on raccoon distribution cover this period of conspicuous increase and allow us to study changes in density and distribution from 2000/01 to 2011/12 (Figure 1.2, Online Resource Figure S1.1).

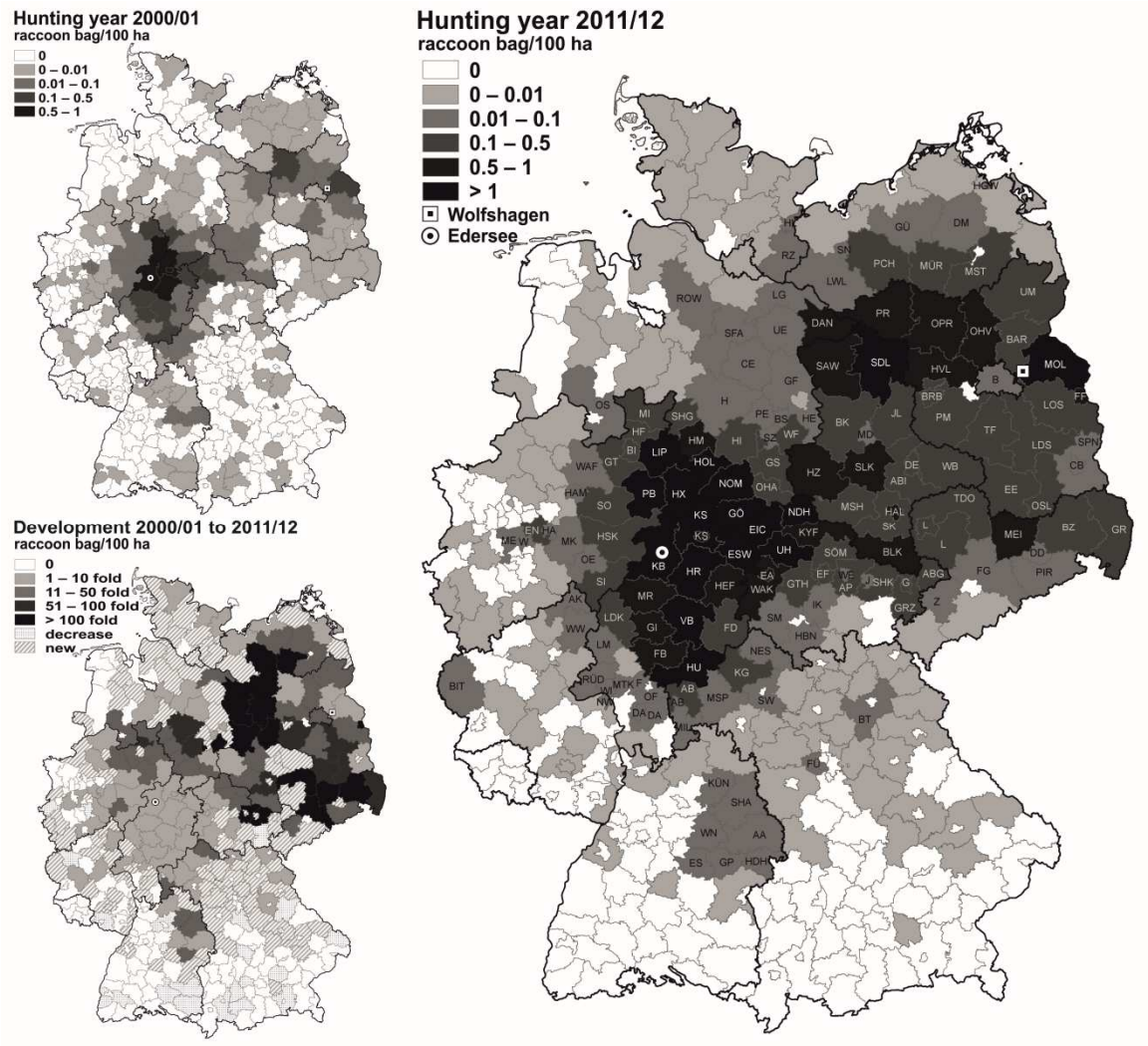


Figure 1.2: Status and development of raccoon range expansion in Germany. Raccoon bag were calculated to 100 ha of the district areas for hunting years 2000/01 and 2011/12. The development map represents the change in the raccoon bag between both years.

The highest raccoon bags can still be found around the initial release sites at the Edersee in HE and Wolfshagen in Brandenburg (BB). In the 2001/02 hunting season the records exceeded a density of 1 individual per 100 ha in the core area of the distribution, while in 2010/11 the hunting bag in the district of Höxter (HX) reached a maximum value of 3.2 per 100 ha. Although densities increased, the rate was slower in core areas than in parts of the range margin, with the strongest increase in districts between the introduction sites (Figure 1.2). Several isolated populations appeared in the range margins

in 2000/01 and seemed to establish in the following years (for example the colonization of Rhineland-Palatinate (RP) near the Luxembourg border and Baden-Württemberg (BW)).

Habitat suitability analysis

Following model selection, SDMs calibrated on both 2006 and 2011 distributions included a positive relationship between raccoon occurrence and the percentage of landscape in each district covered by agriculture (PLAND_C2) and a positive relationship with both the percentage of landscape covered by forest in each district (PLAND_C4) and the forest clumpiness index (CLUMPY_C4), the latter indicating a negative effect of forest fragmentation on raccoon occurrence. The SDM calibrated on the 2006 distribution also contained a positive association with the percentage of landscape in each district that was pasture and open areas (PLAND_C3), while a positive relationship with the clumpiness index of pasture and open areas (CLUMPY_C3) was included in the SDM calibrated on the distribution at the 2011 time step (Table 1.1).

Although differences in selection of variables in SDMs calibrated on distribution data from different time steps resulted in differences in the assessment of the favorability of each district, both models show a tendency to favor habitats between both introduction sites in Germany and exclude areas in North Rhine-Westphalia (NRW) and Bavaria (BY) (see Online Resource Figure S1.2b).

Table 1.1: Land-cover factors affecting the colonization process of raccoons in Germany. The dispersal probability for each of the 412 administrative districts was used to weight the GLMs.

	2001-2006			**2006-2011**		
Explanatory variables	**β**	**SE**	**Significance**	**β**	**SE**	**Significance**
Intercept	-22.001	8.587	*	-29.050	8.223	***
PLAND_C2	0.074	0.030	*	0.048	0.019	*
PLAND_C3	0.125	0.062	*	-	-	-
PLAND_C4	0.053	0.034	n.s. (0.11)	0.051	0.023	*
C3_CLUMPY	-	-	-	7.672	5.743	n.s. (0.18)
C4_CLUMPY	19.322	9.158	*	24.013	7.840	**
	AIC = 35.38 AUC = 0.703 ± 0.08 SD			AIC = 41.95 AUC = 0.804 ± 0.052 SD		

Variables are abbreviated as follows: C2: agriculture, C3: pasture and open areas, C4: forests, PLAND: Percentage of landscape, CLUMPY: Clumpiness index; level of significance: *** P < 0.001 ** P < 0.01, * P < 0.05, n.s. not significant

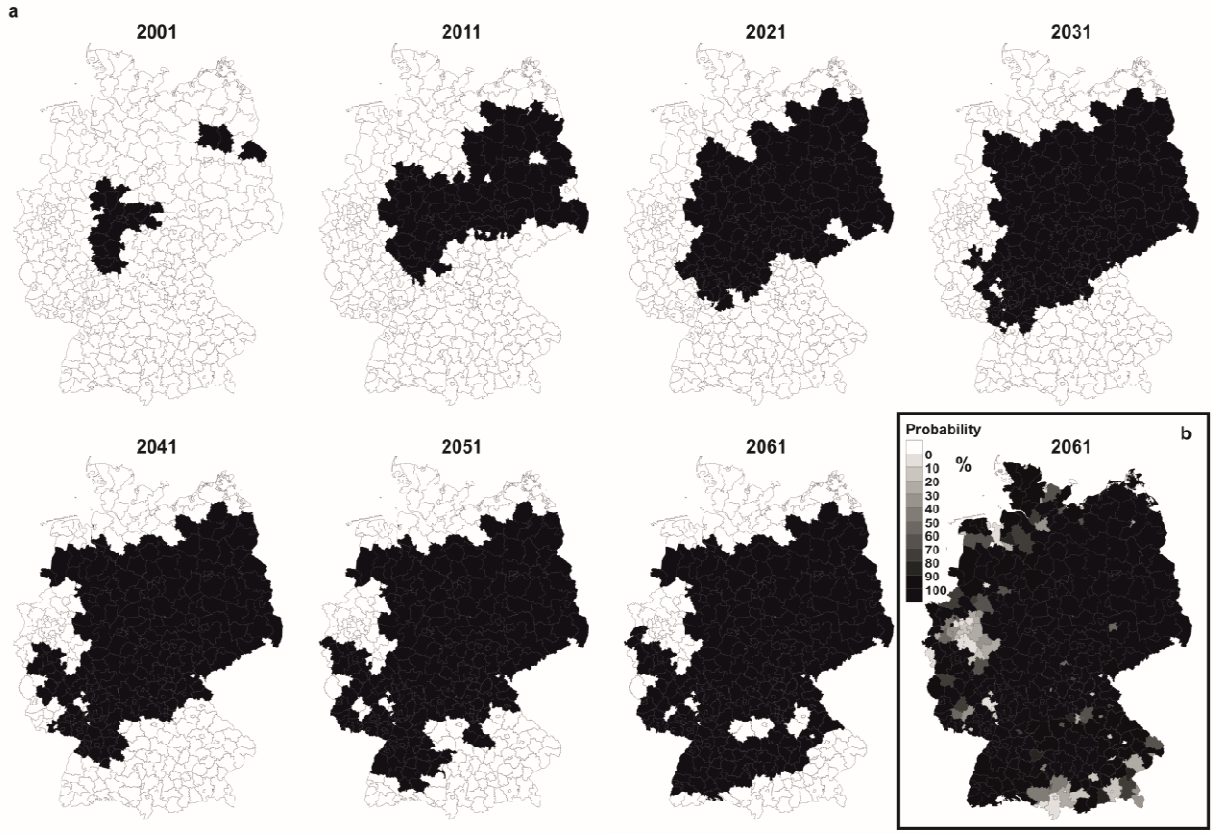


Figure 1.3: Future raccoon range expansion in Germany. a Simulation of districts being dispersed to by different time points given by the deterministic model averaging suitability values. b Probability of districts being dispersed to in year 2061 given by the stochastic model.

Prediction of range expansions

Our modelling approach showed good short-term predictive power, with a model parametrized on data from the first time step correctly classifying the occupancy status of 92 % of districts in 2011 (and also showing good threshold independent performance, AUC = 0.93). The cellular automata, averaging the predicted suitability from the 2006 and 2011 calibrated SDMs (for results using the single SDMs see Online Resource Figure 1.2), predicted that raccoons will occupy 252,940 km^2 in 2061 (Figure 1.3a), with the dispersal kernel ($P = e^{-bx}$, see methods for definition) parameterized as $b = 0.031 \pm 0.002$ SE. Many districts that are not predicted to be colonized in the deterministic model were colonized in many iterations of the stochastic model (Figure 1.3b), indicating that occasional colonization of districts with low suitability/dispersal probabilities has the potential to increase the speed of range expansion.

1.4 DISCUSSION

Indirect measures of population density and population dynamics, such as harvest data, are often used to make inference on long term population dynamics when direct data are either not available or are

logistically difficult to obtain, particularly at larger scales (Cattadori et al. 2003; Kitson 2004; Kerlin et al. 2007; Bosch et al. 2012). We use hunting bag data to document the range expansion and increase in density of raccoons in Germany, illustrating its potential use for monitoring the status of alien species. Our analysis revealed that increases in density are not spatially uniform, with the strong increases in density in districts between release sites indicating that the merging of previously separate populations may play an important role in increasing the rate of expansion. We predict that raccoons will continue to expand, and will colonize most of Germany by the middle of the 21st century.

Using hunting bag data to monitor alien species

Although hunting records can provide a useful data, there are potential biases that should be considered. Hunting bags are dependent of hunting effort, which is dependent on the selection of harvesting locations, harvest strategy and hunting seasons, while both hunting effort and success can be affected by weather conditions (Engeman et al. 2013). These issues will be most severe if spatial variation in hunting effort changes as a species disperses. Additionally, data are only available at district level resolution, and considerable heterogeneity raccoon abundance and environmental conditions within districts is highly likely. The ability to accurately assess the species environment relationship is likely to depend on the degree to which environmental variation between districts exceeds variation within districts. Variation in the size of districts means that the centroids of two neighboring large districts are further apart than those of two neighboring small districts, introducing uncertainty into measurements of distance used to parameterize the dispersal kernel that would be reduced if data were available in a uniform grid. Additionally, variation in district size may affect expansion dynamics; for example accelerating increases in the apparent area of occupancy could be driven by colonization of larger districts during range expansion. However, we found no relationship between district area and colonisation date, density or hunting bag development (Online Resource Figure S1.3a-c), indicating that the larger mean district area in the northeastern part of Germany (Online Resource Figure S1.3d) and other spatial variation in district size is unlikely to have introduced bias into our results. Despite the potential issues with district level hunting bag data, national-scale hunting data (available here across 357,557 km²) provides an opportunity to examine population trends and study the patterns of range expansion that would not be possible with other datasets. Additionally, we show that such data can be used to construct SDMs with good predictive performance despite the coarse resolution of the input data.

Hunting bag data potentially has additional applications beyond assessing the spatial spread of non-native species. Hunting bag data are often available over long time-scales, providing a time-series of non-native species abundance rarely available from other monitoring methods. These time-series can be used to investigate interactions between invasive and native species (Brzeziński et al. 2010;

Carlsson et al. 2010) and give key information for management implications (Koike 2006; Giovanelli et al. 2008; Saito et al. 2012).

Habitat associations of raccoons

We identified forests and agriculture as favored habitats for raccoons in models calibrated to both 2006 and 2011 distribution data, with the aggregation of woodland patches especially important for raccoon colonization (Table 1.1). This indicates that woodlands may act as corridors facilitating the spread of raccoons. Forests and agriculture have been identified as favored habitats in North America and Germany before, although agriculture seems to play a more important role in the native range, probably due to the greater extent of corn (an important food resource for raccoons) there (Pedlar et al. 1997; Winter 2004; Beasley 2007).

Our results indicate that areas with a mixture of forest and agriculture are suitable for raccoons, with forest areas providing shelter and agricultural fields providing seasonal food resources. A study on songbird nest predation by raccoons (Chalfoun et al. 2002) indicates that raccoons were significantly more abundant in forest edges than in the forest interior, supporting the positive effect of landscape heterogeneity due to higher resource availability. On the other hand, the negative effect of forest fragmentation in our model was consistent with the finding for another invasive mammal that the potential for long-distance dispersal does not necessarily facilitate range expansion when availability of suitable habitat is fragmented (Fraser et al. 2015).

Deciduous forests are described as raccoons' original habitat in their native range (Kaufmann 1982), however, after splitting our forest class into the constituent CORINE broad-leaved, coniferous and mixed forests classes, we do not find a preferencefor deciduous forests. In addition wet habitats, also preferred in previous studies, had no significant effect in our models. These might be explained by the fact that both small waterside areas and different forest types are not fully reflected in the scale of the CORINE land-cover data, which only maps the most dominant habitat structure at a 100 meter resolution raster.

The differences between the SDMs at different time periods (see Table 1.1: PLAND_C3 and PLAND_C4) may reflect uncertainty about raccoon habitat associations, with the importance of different variables being sensitive to the additional data used in the 2011 model. Alternatively, there may have been a genuine shift in habitat preference, with less favorable habitats only becoming occupied as raccoons reach higher population densities. Such density-dependent shifts in habitat associations have been found in a wide range of species (Sullivan et al. 2015), indicating that habitat associations may not be constant throughout invasions. Rates of range expansion can increase as spatial sorting leads to expanding range margins being dominated by strong dispersers (Shine et al. 2011). Similarly, rates of spread can interact with habitat suitability, with landscape heterogeneity

found to influence temporal and spatial variation in rates of range expansion in American Mink in Scotland (Fraser et al. 2015). This indicates that it is not always appropriate to assume constant parameters throughout the process of range expansion, highlighting the importance of future work investigating the interactions between dispersal and habitat suitability in order to refine future modelling efforts.

Patterns of dispersal

Our models predicted that many districts have suitable habitat, but currently have a low probability of being dispersed to. This suggests that the distribution of raccoons in Germany is strongly dispersal limited. The long lag phase and the slow expansion speed in the beginning of establishment may be explained by the philopatric behavior of the species (Gehrt and Fritzell 1998; Muschik et al. 2011). In the following expansion, the merging of different populations is likely to have combined genetic variation from multiple sources. This has been described as a key factor in previous successful invasions (Kolbe et al. 2004; Schulte et al. 2012), and may explain the accelerated invasion of the species, especially in the area between the introduction sites of Edersee in HE and Wolfshagen in BB (see Figure 1.2). Beside the two commonly known introduction sites, it proved difficult to identify further introduction sites according to the hunting bag data. However, the registration of high harvest records in districts Harz (HZ) and Salzlandkreis (LK) in the Harz region as well as in Meißen (MEI), Bautzen (BZ) and Görlitz (GR) in the northeastern part of Saxony (SN) combined with the changes between 2000/01 and 2011/12 (Figure 1.2) suggest that there indeed might be an additional influence of further introduced individuals, as has been recently discussed in genetic studies (Frantz et al. 2013; Fischer et al. 2015).

The stochastic simulation models consistently predicted a greater area to be dispersed to than the deterministic model. A key difference between both models is that in the stochastic version a district with low favorability or dispersal probability can be colonized by chance. This can enhance the spread of raccoons by enabling them to jump barriers posed by unfavorable districts. Additionally, occasional colonization of districts with low dispersal probabilities in the stochastic model mimics long distance dispersal events. Long-distance dispersal can explain accelerating range expansion (Shigesada et al. 1995), so the faster range expansion in the stochastic model may be due to greater emphasis on long-distance dispersal events than the deterministic model. Although not included in the model, a further aspect influencing the dispersal may be newly introduced individuals, especially in the range margin, as a study about the establishment of the raccoon in RP indicates (Fischer and Hohmann unpublished data).

In our model, districts within 22.6 km of the nearest occupied district had a probability of > 0.5 of being dispersed to over a five year time step, with this probability falling to 0.1 for districts 75 km from the nearest occupied district. This indicates considerably greater dispersal potential than found in

a previous study comparing raccoon distribution at two time periods in Japan, where almost no colonization was observed at 10 km distance (Koike 2006). Population genetics studies investigating raccoon dispersal also suggest that most dispersal is short-range, with 85 % if raccoons moving < 3 km (Cullingham et al. 2008). However, long-distance dispersal up to 42.4 km (Dharmarajan et al. 2009) and in a single case up to 285 km (Michler and Köhnemann 2010) has been documented, and this combined with the cumulative movements of multiple generations of raccoons over a time step explains the dispersal potential predicted by our work.

A striking pattern from raccoon hunting bag data is that after over 60 years with a relatively stable population the density of raccoons increased dramatically in the 1990s, and is still increasing even around the original introduction sites (Figure 1.1). This pattern of rapid increase in population/range-size with a long lag following introduction has been widely documented in invasive species (e.g. Shigesada et al. 1995), and has an important management implication as populations of invasive species may appear stable but can get quickly out of hand.

Management implications

Using a conservative estimate of 2 – 3 raccoons per 100 ha from a study in Müritz National Park (districts: MÜR, MST) in MV (Michler et al. 2008) and our documented annual hunting bags of 0.1–0.3 individuals per 100 ha in these districts in the same period, we estimate that hunting bag densities are about 10 % of the true population density. Applying this to the national hunting bag gives an estimate of about 700,000 raccoons in Germany. Annual raccoon bags are still increasing (see e.g. Bartel et al. 2012; DJV 2012; Arnold et al. 2013; this study), suggesting that even in the range core the carrying capacity may not yet have been reached. This highlights the potential for future population growth and an increasing impact of the species on native communities, ecosystems and economic life in Germany and Central Europe.

A number of negative impacts of raccoons on ecosystems in the non-native range have been suggested, but evidence from direct tests of these impacts is scarce (Lutz 1981; Gebhardt 1996; Kauhala 1996; Frantz et al. 2005). Suggested impacts include harm to native bird populations through nest predation (Günter and Hellmann 2002; Schrack 2010; García et al. 2012), negative impact on bats (Rasper 2000; Günter and Hellmann 2002), and predation of endangered reptiles such as hynobiid salamanders in Japan (Hayama et al. 2006), the European Pond Turtle (*Emys orbicularis)* in Germany (Schneeweiß and Wolf 2009) or the Spanish terrapin (*Mauremys leprosa)* (Álvarez 2008). We predicted continued range expansion into north-east Germany, where bogs and swamps hold relict populations of the critically endangered European pond turtle. Local management actions such as control programs may be necessary here to protect sensitive relict populations of native species from additional predation pressure. The growing population size, merging and the exchange of previously separated populations and geographic spread of raccoons in Europe, may increase the risk raccoons

pose to human and animal health through the transmission of dangerous parasites or diseases, e.g. the canine distemper virus, the raccoon roundworm *Baylisascaris procyonis* or rabies (Sorvillo et al. 2002; Beltrán-Beck et al. 2012; Vos et al. 2012, 2013).

Our monitoring data of the dispersal history and status of the raccoon in Germany provide a framework to guide investigations of these potential negative impacts in the non-native range in Central Europe. The methods we have used (using hunting bag data to develop models of dispersal) could be applied to other systems to document and predict the spread of non-native species across large spatial scales. Such analyses will be needed to support decision making at national and European levels, for example allowing the risk of disease spread and biodiversity hazards as well as the feasibility of control measures to be assessed. The new Regulation (EU) No 1143/2014 of the European Parliament and of the Council of 22 October 2014 on the prevention and management of the introduction and spread of invasive alien species places emphasis on understanding invasion pathways, so further studies documenting the dispersal of non-native species are urgently needed.

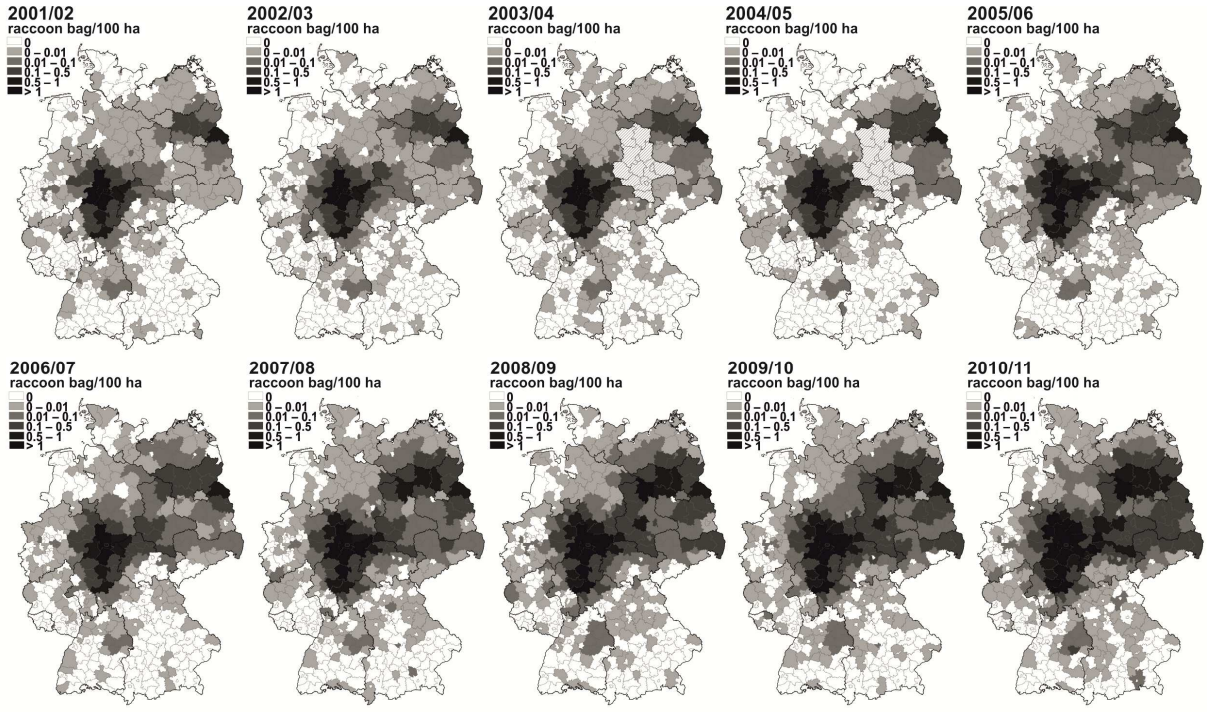
1.5 ACKNOWLEDGMENTS

The work is funded by the German Science Foundation (DFG, GRK 1319) as part of the interdisciplinary graduate school ‘Cooperation of Science and Jurisprudence in Improving Development and Use of Standards for Environmental Protection – Strategies for Risk Assessment and Management‘. We want further thank the German authorities for providing arranged data of their respective administrative district and their attendance for demands. We thank two anonymous reviewers for their constructive comments on this manuscript.

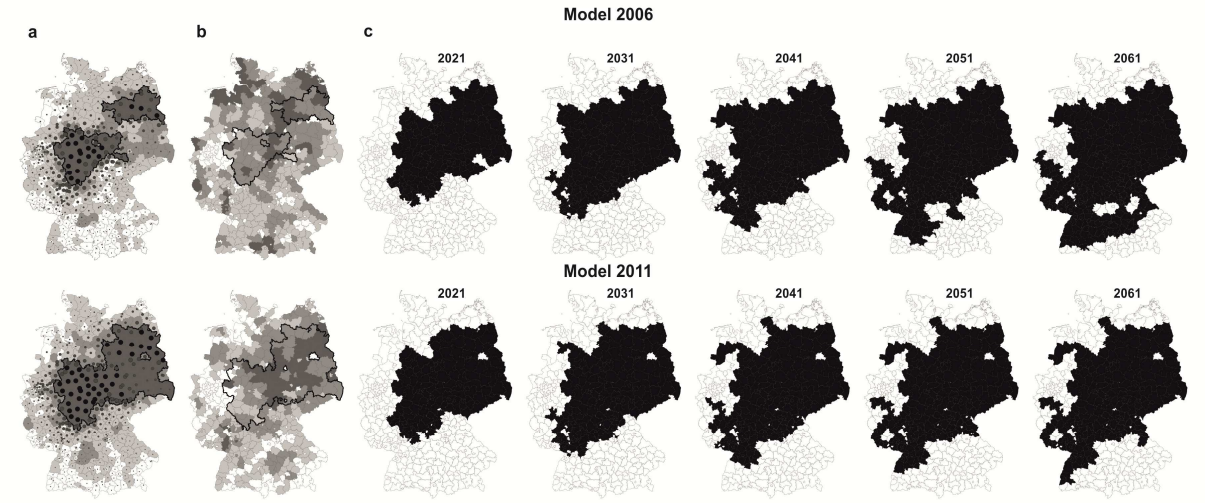
1.6 APPENDIX / ONLINE RESSOURCE

Online Resource Table S1.1: Reclassification of Corine land-cover classes (CLC2006) into groups used in this analysis.

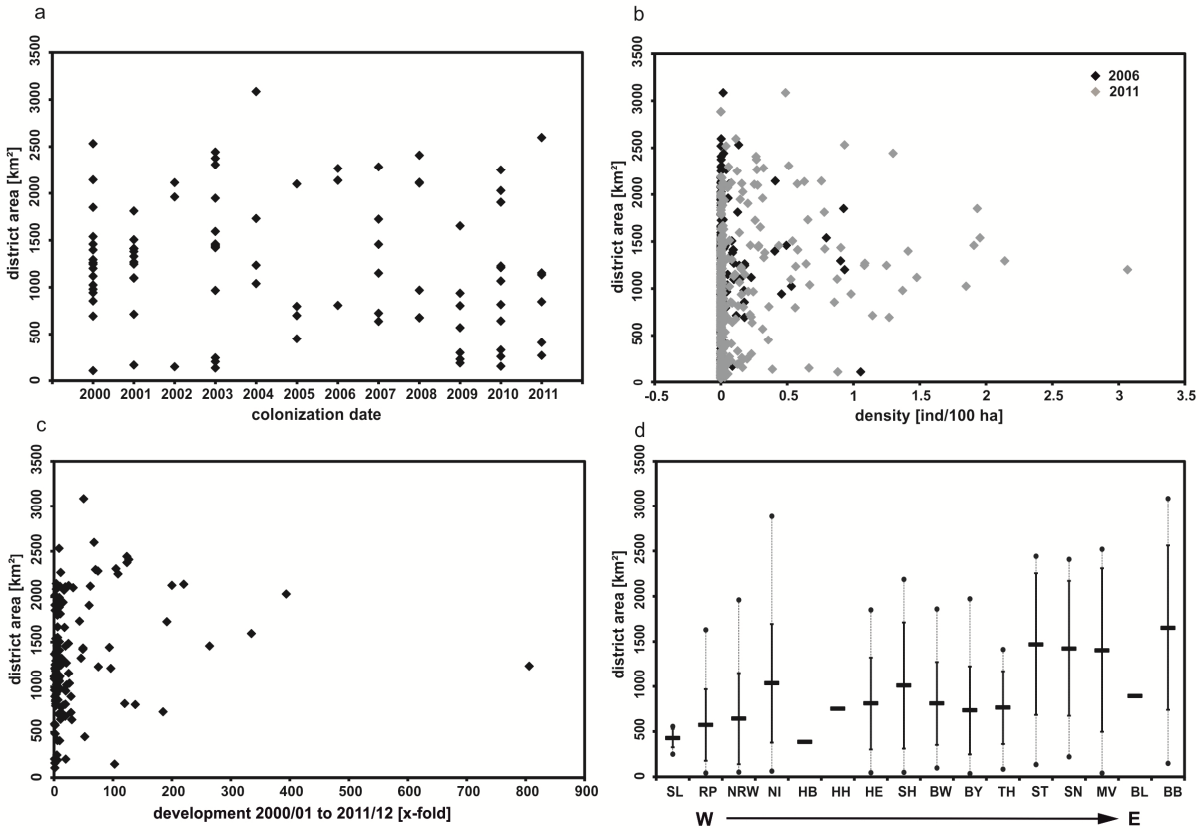
vegetation class	habitat category	CLC_Code
C1	artificial	111, 112, 121, 122, 123, 124, 131, 132, 133, 141, 142
C2	agriculture	211, 221, 222, 242, 243
C3	pasture and open areas	231, 331, 332, 333, 335
C4	forests	311, 312, 313
C5	scrubland	321, 322, 324
C6	wetlands and waterbodies	411, 412, 421, 423, 511, 512, 521, 522, 523



Online Resource Figure S1.1: Status and development of raccoon range expansion in Germany for hunting seasons 2001/02 to 2010/11.



Online Resource Figure S1.2: Dispersal kernel, SDMs and simulation of raccoon range expansion in Germany for the individual models of 2006 and 2011. a) Dispersal kernel: circles: dispersal model predictions (larger circles denote higher dispersal probabilities); black circles: occupied in the previous five-year time step; shading in dispersal maps represent the hunting bag with white, 0; light grey, 0–0.01; grey, 0.01–0.1; and dark grey, x > 0.1; b) SDMs: habitat favorability with white, 0–0.25; light grey, 0.25–0.5; grey, 0.5–0.75 and dark grey 0.75–1. c) Predictions of raccoon range expansion for the years 2021, 2031, 2041, 2051 and 2061.



Online Resource Figure S1.3: Spatial variation in district size and model parameters of spread. a) colonization date relative to district area. b) density relative to district area. c) development relative to district area. d) range of district sizes in the 16 federal states in Germany, sorted from West to East. Vertical lines represent the range from minimum district area to maximum district area, horizon lines indicate the district's mean value included the standard deviation.

1.7 REFERENCES

Álvarez A (2008). Predation of Spanish terrapin *Mauremys leprosa* clutches by raccoons. Quercus 269, 49 (in Spanish).

Arnold JM, Greiser G, Keuling O, Martin I, Strauß, E (2013). Status und Entwicklung ausgewählter Wildtierarten in Deutschland. Jahresbericht 2012. Wildtier-Informationssystem der Länder Deutschlands (WILD). Deutscher Jagdverband e.V. (ed), Berlin (in German).

Arujo M, New M (2007). Ensemble forcasting of species distributions. Trends in Ecology and Evolution 22(1), 42–47.

Baines D, Hudson PJ (1995). The decline of black grouse in Scotland and northern England. Bird Study 42(2), 122–131.

Bartel M, Greiser G, Keuling O, Klein R, Martin I, Strauß E, Winter A. (2012). Status und Entwicklung ausgewählter Wildtierarten in Deutschland. Jahresbericht 2011. Wildtier-Informationssystem der Länder Deutschlands (WILD). Deutscher Jagdverband e.V. (ed), Berlin (in German).

Beasley JC, DeVault TL, Retamosa, MI, Rhodes OE (2007). A hierarchical analysis of habitat selection by raccoons in northern Indiana. The Journal of wildlife management 71(4), 1125–1133.

Beltrán-Beck B, García FJ, Gortázar C (2012). Raccoons in Europe: disease hazards due to the establishment of an invasive species. European Journal of Wildlife Research 58(1), 5–15.

Bosch J, Peris S, Fonseca C, Martinez M, De La Torre A, Iglesias I, Munoz MJ (2012). Distribution, abundance and density of the wild boar on the Iberian Pensinsula, based on the CORINE program and hunting statistics. Folia Zool 61(2), 138–151.

Brzeziński M, Romanowski J, Żmihorski M, Karpowicz K (2010). Muskrat (*Ondatra zibethicus*) decline after the expansion of American mink (*Neovison vison*) in Poland. European Journal of Wildlife Research 56(3), 341–348.

Carlsson NO, Jeschke JM, Holmqvist N, Kindberg J (2010). Long-term data on invaders: when the fox is away, the mink will play. Biological Invasions 12(3), 633–641.

Cattadori IM, Haydon DT, Thirgood SJ, Hudson PJ (2003). Are indirect measures of abundance a useful index of population density? The case of red grouse harvesting. Oikos 100(3), 439–446.

Chalfoun AD, Ratnaswamy MJ, Thompson III FR (2002). Songbird nest predators in forest-pasture edge and forest interior in a fragmented landscape. Ecological Applications 12(3), 858–867.

Cullingham CI, Pond BA, Kyle CJ, Rees EE, Rosatte RC, White BN (2008). Combining direct and indirect genetic methods to estimate dispersal for informing wildlife disease management decisions. Molecular Ecology 17(22), 4874–4886.

Deutscher Jagdschutzverband e.V. (DJV) (2012). DJV-Handbuch Jagd. Griebsch and Rochol Druck, Hamm (in German).

Dharmarajan G, Beasley JC, Fike JA, Rhodes OE (2009). Population genetic structure of raccoons (Procyon lotor) inhabiting a highly fragmented landscape. Canadian Journal of Zoology 87(9), 814–824.

Engeman RM, Whisson D, Quinn J, Cano F, Quiñones P, White TH (2006). Monitoring invasive mammalian predator populations sharing habitat with the critically endangered Puerto Rican parrot *Amazona vittata*. Oryx 40(01), 95–102.

Engeman RM, Massei G, Sage M, Gentle MN (2013). Monitoring wild pig populations: a review of methods. Environmental Science and Pollution Research 20(11), 8077–8091.

Fischer ML, Hochkirch A, Heddergott M, Schulze C, Anheyer-Behmenburg HE, Lang J, et al. (2015). Historical Invasion Records Can Be Misleading: Genetic Evidence for Multiple Introductions of Invasive Raccoons (*Procyon lotor*) in Germany. PLoS ONE 10(5), e0125441. doi:10.1371.

Frantz AC, Cyriacks P, Schley L (2005). Spatial behaviour of a female raccoon *(Procyon lotor)* at the edge of the species' European distribution range. European Journal of Wildlife Research 51, 126–130.

Frantz AC, Heddergott M, Lang J, Schulze C, Ansorge H, Runge M, Braune S, Michler FU, Wittstatt U, Hoffmann L, Hohmann U, Michler BA, VanDenBerge K, Horsburgh GJ (2013). Limited mitochondrial DNA diversity is indicative of a small number of founders of the German raccoon (*Procyon lotor*) population. European Journal of Wildlife Research 59(5), 665–674.

Fraser EJ, Lambin X, Travis JM, Harrington LA, Palmer SC, Bocedi G, Macdonald DW (2015). Range expansion of an invasive species through a heterogeneous landscape–the case of American mink in Scotland. Diversity and Distributions.

García JT, García FJ, Alda F, González JL, Aramburu MJ, Cortés Y, Prieto B, PLiego B, Pérez M, Herrera J, García-Roman L (2012). Recent invasion and status of the raccoon *(Procyon lotor)* in Spain. Biological Invasions 14, 1305–1310.

Gebhardt H (1996). Ecological and economic consequences of introdutions of exotic wildlife (Birds and mammals) in Germany. Wildlife Biology 2, 205–211.

Gehrt SD, Fritzell EK (1998). Resource distribution, female home range dispersion and male spatial interactions: group structure in a solitary carnivore. Animal behavior 55(5), 1211–1227.

Giovanelli JG, Haddad CF, Alexandrino J (2008). Predicting the potential distribution of the alien invasive American bullfrog (*Lithobates catesbeianus*) in Brazil. Biological Invasions 10(5), 585–590.

Guisan A, Thuiller W (2005). Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. Ecology letters 8(9), 993–1009.

Günther E, Hellmann M (2002). Starker Bestandsrückgang baumbrütender Mauersegler *Apus apus* im nordöstlichen Harz (Sachsen-Anhalt) – War es der Waschbar *Procyon lotor*? Ornithologische Jahresberichte des Museum Heineanum Halberstadt 20, 81–98 (in German).

Hayama H, Kaneda M, Tabata M (2006). Rapid range expansion of the feral raccoon (*Procyon lotor*) in Kanagawa Prefecture, Japan, and its impact on native organisms. Assessment and Control of Biological Invasion Risks, 196–199.

Hohmann U (1998). Untersuchungen zur Raumnutzung des Waschbären (*Procyon lotor* L. 1758) im Solling, Südniedersachsen, unter besonderer Berücksichtigung des Sozialverhaltens. Dissertation thesis, University of Goettingen, Hainholz-Verlag, Goettingen, Germany, 158 pp (in German).

Hohmann U, Bartussek I (2011). Der Waschbär. Verlag Oertel and Spörer, 3rd edn., Reutlingen (in German).

Hornell-Willebrand M, Marcstrom V, Brittas R, Willebrand T (2006). Temporal and spatial correlation in chick production of willow grouse Lagopus lagopus in Sweden and Norway. Wildlife Biology 12, 347–355.

Hulme PE (2007) Biological invasions in Europe: drivers, pressures, states, impacts and responses. In: Hester RE and Harrison RM (ed) Issues in Environmental Science and Technology, No. 25, Biodiversity Under Threath. Royal Society of Chemistry, Cambridge, 56–80.

Ikeda T, Asano M, Matoba Y, Abe G (2004). Present status of invasive alien raccoon and its impact in Japan. Global environmental research 8(2), 125–131.

Imperio S, Ferrante M, Grignetti A, Santini G, Focardi S (2010). Investigating population dynamics in ungulates: Do hunting statistics make up a good index of population abundance? Wildlife Biology 16, 205–214.

Jimenez-Valverde, A, Lobo, JM (2007). Threshold criteria for conversion of probability of species presence to either–or presence–absence. Acta Oecologica 31, 361–369.

Kaufmann JH (1982). Raccoon and allies. In: Chapman JA, Feldhamer GA (eds) Wild mammals of North America. John Hopkins University Press, Baltimore, 567–585.

Kauhala K (1996). Introduced carnivores in Europe with special reference to central and northern Europe. Wildlife Biology 2, 197–204.

Keller RP, Geist J, Jeschke JM, Kühn I (2011). Invasive species in Europe: ecology, status, and policy. Environmental Sciences Europe 23, 1–17.

Kerlin DH, Haydon DT, Miller D, Aebischer NJ, Smith AA, Thirgood SJ (2007). Spatial synchrony in red grouse population dynamics. Oikos 116, 2007–2016.

Kitson JC (2004). Harvest rate of sooty shearwaters (*Puffinus griseus*) by Rakiura Māori: a potential tool to monitor population trends? Wildlife Research 31(3), 319–325.

Knauer F, Küchenhoff H, Pilz S (2010). A statistical analysis of the relationship between red fox *Vulpes vulpes* and its prey species (grey partridge *Perdix perdix*, brown hare *Lepus europaeus* and rabbit *Oryctolagus cuniculus*) in Western Germany from 1958 to 1998. Wildlife Biology 16(1), 56–65.

Koike F (2006). Prediction of range expansion and optimum strategy for spatial control of feral raccoon using a metapopulation model. In: Koike F, Clout MN, Kawamichi M, De Poorter M, Iwatsuki K (eds) Assessment and Control of Biological Invasion Risks. SHOUKADOH Book Sellers, Kyoto, Japan and the World Conservation Union (IUCN), Gland, Switzerland, 216pp.

Kolbe JJ, Larson A, Losos JB, de Queiroz K (2008). Admixture determines genetic diversity and population differentiation in the biological invasion of a lizard species. Biology Letters 4(4), 434–437.

Lutz W (1981). Untersuchungen zur Nahrungsbiologie des Waschbären *Procyon lotor* (Linné 1758) und zum Einfluß auf andere Wildarten in seinem Lebensraum. Dissertation, Universität Heidelberg (in German).

Lutz W (1984). Die Verbreitung des Waschbären (Procyon lotor, Linné 1758) im mitteleuropäischen Raum. Zeitschrift für Jagdwissenschaft 30(4), 218–228 (in German).

Mack RN, Simberloff D, Lonsdale WM, Evans H, Clout M, Bazzaz FA (2000). Biotic invasions: Causes epidemiology, global consequences and control. Ecological applications 10, 689–710.

McGarigal K, Cushman SA, Neel MC, Ene E (2002). FRAGSTATS: spatial pattern analysis program for categorical maps.University of Massachusetts, Amherst, MA, USA.

Michler FU, Köhnemann BA, Gabelmann K, Schäuble D, Ortmann S, Muschik I (2008). Waschbärforschungsprojekt im Müritz-Nationalpark - Untersuchungen zur Populationsökologie des Waschbären (*Procyon lotor* L., 1758) im Müritz-Nationalpark (Mecklenburg-Vorpommern) Zwischenbericht 2007- In: 15 Jagdbericht für Mecklenburg-Vorpommern, 19–24 (in German).

Michler FU, Köhnemann BA (2010). Tierische Spitzenleistung – Abwanderungsverhalten von Waschbären (*Procyon lotor* L., 1758) in Norddeutschland. Labus 31, 52–59 (in German).

Muschik I. Köhnemann B, Michler FU (2011). Untersuchungen zur Entwicklung des Raum- und Sozialverhaltens von Waschbär-Mutterfamilien (*Procyon lotor* L.) und dessen jagdrechtliche Relevanz. Beiträge zur Jagd- und Wildtierforschung 36, 573–585.

NCAR - Research Application Program (2007). verication: Forecast Verication Utilities. R package version 1.20, URL http://CRAN.R-project.org/.

Pedlar JH, Fahrig L, Merriam HG (1997). Raccoon habitat use at 2 spatial scales. The Journal of Wildlife Management 61(1), 102–112.

Pimentel D, Zuniga R, Morrison D (2005). Update on the environmental and economic costs associated with alien-invasive species in the United States. Ecological Economics 52(3), 273–288.

Pyšek P, Richardson DM (2010). Invasive species, environmental change and management, and health. Annual Review of Environment and Resources 35, 25–55.

R Core Team (2012). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL http://www.R-project.org/.

Ranta E, Lindstrom J, Linden H, Helle P (2008). How reliable are harvesting data for analyses of spatio-temporal population dynamics? Oikos 117, 1461–1468.

Rasper M (2000) Der unheimliche Untermieter - Natur und Kosmos 5, 110–121 (in German).

Real R, Barbosa AM, Vargas JM (2006). Obtaining environmental favourability functions from logistic regression.Environmental and Ecological Statistics 13(2), 237–245.

Riley SP, Hadidian J, Manski DA (1998). Population density, survival, and rabies in raccoons in an urban national park. Canadian Journal of Zoology 76(6), 1153–1164.

Roy HE, Preston CD, Harrower CA, Rorke SL, Noble D, Sewell J, Walker K, Marchant J, Seeley B, Bishop J,Jukes A, Musgrove, Pearman D, Booy O (2014a). GB Non-native Species Information Portal: documenting the arrival of non-native species in Britain. Biological Invasions 16(12), 2495–2505.

Roy HE et al. (2014b). Horizon scanning for invasive alien species with the potential to threaten biodiversity in Great Britain. Global Change Biology 20(12), 3859-3871.

Saito M, Koike F, Momose H, Mihira T, Uematsu S, Ohtani T, Sekiyama K (2012). Forecasting the range expansion of a recolonising wild boar Sus scrofa population. Wildlife Biology 18(4), 383–392.

Schneeweiß N, Wolf M (2009). Neozoen - eine neue Gefahr für die Reliktpopulationen der Europäischen Sumpfschildkröte in Nordostdeutschland. Zeitschrift für Feldherpetologie 16, 163–182 (in German).

Schrack M (2010). Der Nordamerikanische Waschbär *(Procyon lotor)* – ein Gegenspieler wehrhafter Vogelarten? Veröffentlichungen Museum Westlausitz Kamenz 30, 75–82 (in German).

Schulte U, Veith M, Hochkirch A (2012). Rapid genetic assimilation of native wall lizard populations (*Podarcis muralis*) through extensive hybridization with introduced lineages. Molecular Ecology 21(17), 4313–4326.

Shigesada N, Kawasaki K, Takeda Y (1995). Modelling stratified diffusion in biological invasions. The American Naturalists 146(2), 229–251.

Shine R, Brown G, Phillips B (2011). An evolutionary process that assembles phenotypes through space rather than time. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 108(14), 5708–5711.

Sorvillo F, Lawrence RA, Berlin OGW, Yatabe J, Degiorgio C, Morse SA (2002). *Bayliscaris procyonis*: An emerging helminthic zoonosis. Emerging Infectious Diseases 8(4), 355–359.

Sterner RT, Smith GC (2006). Modelling wildlife rabies: transmission, economics, and conservation. Biological Conservation 131(2), 163–179.

Stubbe M (1975). Der Waschbär *Procyon lotor* (L., 1758) in der DDR. Hercynia NF 12(1), 80–91 (in German).

Sullivan MJP, Davies RG, Reino L, Franco A (2012). Using dispersal information to model the species–environment relationship of spreading non-native species. Methods in Ecology and Evolution 3(5), 870–879.

Sullivan MJP, Newson SE, Pearce-Higgins JW (2015). Evidence for the buffer effect operating in multiple species at a national scale. Biology Letters 11, 20140930.

Swets JA (1988). Measuring the accuracy of diagnostic systems. Science 240(4857), 1285–1293.

Thomas SM, Moloney KA (2015). Combining the effects of surrounding land-use and propagule pressure to predict the distribution of an invasive plant. Biological Invasions 17(1), 477–495.

Václavík T, Meentemeyer RK (2012). Equilibrium or not? Modelling potential distribution of invasive species in different stages of invasion. Diversity and Distributions 18, 73–83.

Václavík T, Kupfer JA, Meentemeyer RK (2012). Accounting for multi-scale autocorrelation improves performance of species distribution models (iSDM). Journal of Biogeography 39, 42–55.

Venables WN, Ripley BD (2002). Modern Applied Statistics with S. 4th ed. Springer, New York.

Vos A, Ortmann S, Kretzschmar AS, Köhnemann B, Michler F (2012). The raccoon *(Procyon lotor)* as potential rabies reservoir species in Germany: a risk assessment. Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift 125, 228–235.

Vos A, Nolden T, Habla C, Finke S, Freuling CM, Teifke J, Müller T (2013). Raccoons *(Procyon lotor)* in Germany as potential reservoir species for Lysaviruses. European Journal of Wildlife Research 59(5), 637–643.

Winter M (2004). Zur Ökologie des Waschbären *(Procyon lotor L., 1758)* in Sachsen-Anhalt, Diplomarbeit Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg (in German).

Woodroffe GL, Lawton JH, Davidson WL (1990). The impact of feral mink *Mustela vison* on water voles *Arvicola terrestris* in the Nort Yorkshire National Park. Biological Conservation 51(1), 49–62.

Yokomizo H, Possingham HP, Thomas MB, Buckley YM (2009). Managing the impact of invasive species: the value of knowing the density-impact curve. Ecological Applications 19(2), 376–386.

CHAPTER II

Historical Invasion Records Can Be Misleading: Genetic Evidence for Multiple Introductions of Invasive Raccoons (*Procyon lotor*) in Germany

Fischer ML, Hochkirch A, Heddergott M, Schulze C, Anheyer-Behmenburg HE, Lang J, Michler FU, Hohmann U, Ansorge H, Hoffmann L, Klein R, Frantz AC

Article accepted for publication

Fischer ML, Hochkirch A, Heddergott M, Schulze C, Anheyer-Behmenburg HE, Lang J, Michler FU, Hohmann U, Ansorge H, Hoffmann L, Klein R, Frantz AC (2015). Historical Invasion Records Can Be Misleading: Genetic Evidence for Multiple Introductions of Invasive Raccoons (Procyon lotor) in Germany. PLoS ONE 10(5), 1–17.

ABSTRACT

Biological invasions provide excellent study systems to understand evolutionary, genetic and ecological processes during range expansions. There is strong evidence for positive effects of high propagule pressure and the associated higher genetic diversity on invasion success, but some species have become invasive despite small founder numbers. The raccoon (*Procyon lotor*) is often considered as a typical example for such a successful invasion resulting from a small number of founders. The species' largest non-native population in Germany is commonly assumed to stem from a small number of founders and two separate founding events in the 1930s and 1940s. In the present study we analyzed 407 raccoons at 20 microsatellite loci sampled from the invasive range in Western Europe to test if these assumptions are correct. Contrary to the expectations, different genetic clustering methodsdetected evidence for at least four independent introduction events that gave rise to geneticallydifferentiated subpopulations. Further smaller clusters were either artifacts or resulted from founder events at the range margin and recent release of captive individuals. We also found genetic evidence for on-going introductions of individuals. Furthermore a novel randomization process was used to determine the potential range of founder population size that would suffice to capture all the alleles present in a cluster. Our results falsify the assumption that this species has become widespread and abundant despite being genetically depauperate and show that historical records of species introductions may be misleading.

2.1 INTRODUCTION

Alien invaders are of evolutionary interest because of the role of genetic processes during their establishment and spread. While introduced populations are normally (Dlugosch and Parker, 2008) – but not always (Kolbe et al. 2004) – genetically impoverished compared to the source population, high levels of genetic variation are assumed to increase an introduced species' potential for adaptation during initial establishment and range expansion (Sakai et al. 2001). However, reduced genetic diversity *per se* does not prevent invasion as there are many examples of genetically depauperate invaders (Dlugosch and Parker 2008; Puillandre et al. 2008). Indeed, it has been shown that the importance of genetic diversity for invasion success can be reduced, if species are pre-adapted to become invasive elsewhere (Schläepfer et al. 2010) or if phenotypic plasticity rather than adaptation contributes to successful colonisation (Davidson et al. 2011). Generally, there seems to be a positive correlation between propagule pressure and invasion success (Lockwood et al. 2013), which has also been confirmed in terrestrial vertebrate species (Forsyth and Duncan 2001; Forsyth et al. 2004). Besides reducing the impact of stochastic events, high propagule pressure and multiple sources of introduction can help to overcome genetic founder events in introduced populations (Sakai et al. 2001; Dlugosch and Parker 2008).

The raccoon (*Procyon lotor*) is a medium-sized Central and North American carnivore that has colonized different parts of the world due to deliberate or accidental releases (Ikeda et al. 2004; Beltrán-Beck et al. 2012; García et al. 2012). The species is particularly abundant and widespread in Germany, where it was first introduced to Europe in the 1930s (Müller-Using 1959). It is commonly assumed that the whole German population derives from two separate founding events in the 1930s and 1940s (Lutz 1995; Frantz et al. 2005; Hohmann and Bartussek 2011). In 1934, two raccoons of each sex were released near lake Edersee (Hesse, central Germany), probably supplemented by additional escapees in the 1940s (Müller-Using 1959; Lutz 1984). A second population became established in northeastern Germany after 25 individuals escaped from a fur farm in Wolfshagen (Brandenburg) in 1945 (Stubbe 1975). According to hunting statistics, the German raccoon population has dramatically increased in abundance over the last twenty years, from just over 3,000 harvested individuals in 1995 to around 100,000 in 2014 (DJV 2014). While there is only limited evidence of a negative ecological impact of the presence of raccoons in Europe (Michler and Michler 2012), the recent rise in densities is likely to increase the risk of pathogen transmission to humans, wildlife and domestic animals (Beltrán-Beck et al. 2012).

As raccoons are omnivorous generalists that can live in forested areas as well as in urban habitats (Hohmann and Bartussek 2011), genetic diversity might not be a short-term pre-requisite for raccoons to become successful invaders. If the population derived from a small number of individuals, it must

have undergone a genetic bottleneck during its foundation. Indeed, Frantz et al. (2013) only found five different haplotypes of the mitochondrial control region in 193 raccoons sampled from Germany (and neighbouring countries), while 76 different haplotypes were observed in 311 samples from the eastern United States (Cullingham et al. 2008). Similar results are reported from central Spain, where two introduction events with two to four founders per population have been documented (Alda et al. 2013).

However, accidental or deliberate releases of raccoons kept as household pets are fairly common (Beltrán-Beck et al. 2012; García et al. 2012) and it is possible that the number of founders of the German raccoon population (and hence propagule pressure) was greater than commonly assumed. Single reports (Stubbe 1975) and recent genetic studies already suggested that the invasion history of German raccoons might be more complex than often assumed. For example, mitochondrial DNA (mtDNA) sequencing provided evidence for presence of a third founder population in eastern Germany (Frantz et al. 2013). Furthermore, a recent microsatellite-based parentage study (Gramlich et al. 2011) suggested a relatively high genetic diversity – at least compared to many other invasive mammals (Dlugosch and Parker, 2008) – of raccoons in north-eastern Germany (6.2 alleles/locus, observed heterozygosity $H_O = 0.62$). However, North American-based studies frequently report more than ten alleles and valuesof $H_O > 0.70$ for many loci (Cullingham et al. 2009; Dharmarajan et al. 2009; Santonastaso et al. 2012).

We genotyped 20 microsatellite loci to analyse the genetic diversity and population structure of German raccoons. Our overall objective was to test whether raccoons became established and reached high densities in Germany despite being genetically impoverished, or whether a larger pool of founders contributed to a genetically diverse population. Specifically, we wanted to reconstruct the number and geographic locations of founder populations and assess the degree of admixture between them. We used genetic assignment and exclusion methods to test for the presence of recently escaped or released individuals. Furthermore, we inferred the number of founder individuals in each population by estimating the number of individuals required to introduce all the alleles identified.

2.2 MATERIALS AND METHODS

Laboratory work

A total of 407 raccoon samples (tissue n = 336, hair n = 56, buccal swabs n = 15) was collected from the core distribution in Germany (near the introduction sites of Edersee and Wolfshagen) as well as from the expanding range margins in Germany, Belgium and Luxembourg (Figure 2.1). Samples were collected from trapped, road-killed or legally hunted individuals. As invasive species, raccoons are legally considered to be a game species in Germany (German federal hunting law: Bundesjagdgesetz §2 Abs.1) and can therefore be harvested by licensed hunters outside the closed season without special

permission. No animal was killed with the aim of providing samples for this study. All hunted individuals were legally shot and made available to the authors. All non-German samples originated from road-killed individuals. No special permit was required to take samples from road-killed individuals.

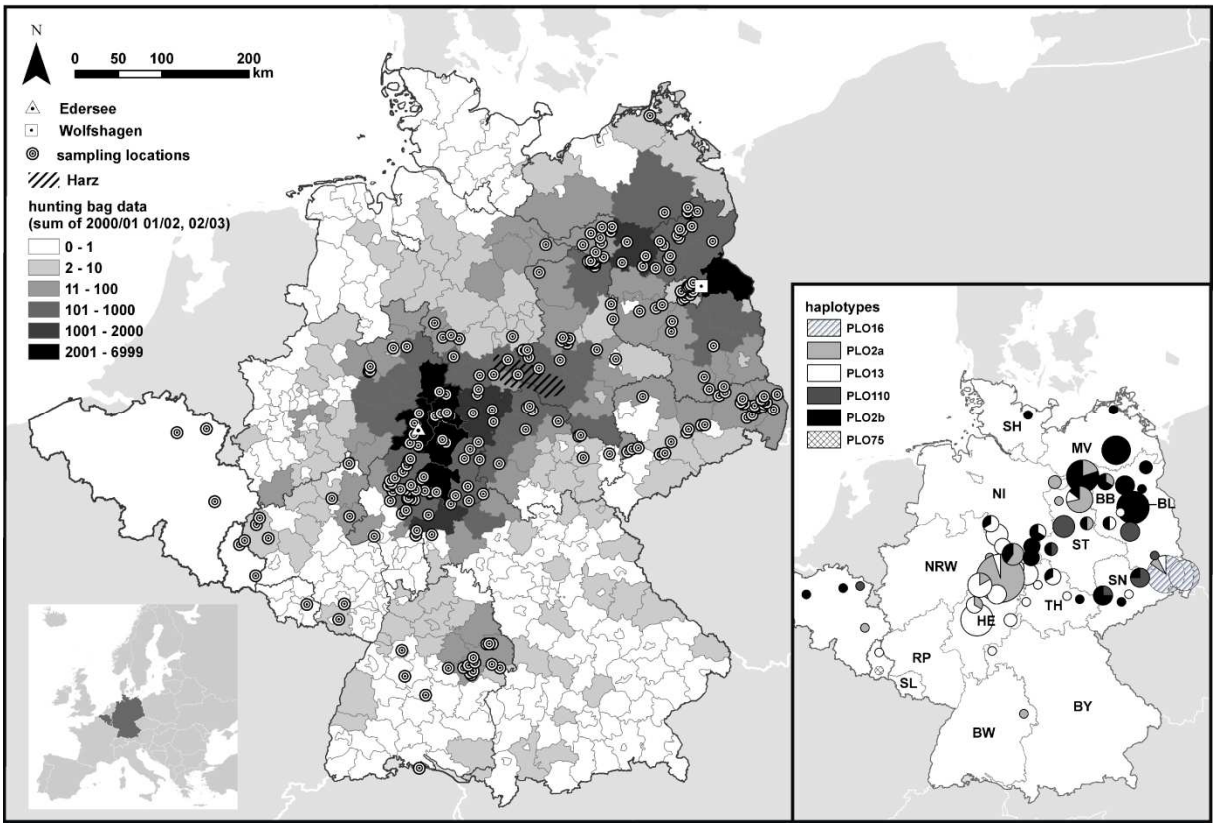


Figure 2.1: Geographic origin of the 407 raccoon samples used in the present study. One point can represent multiple samples. Hunting bag data: the number of individuals harvested between 2000/01 and 2002/03 in German administrative districts (light grey lines). Inset: mtDNA haplotype frequency distribution of a subset of 193 of the 407 raccoons (Frantz et al. 2013). Size of the pies corresponds to the number of samples in the administrative districts. Samples were collected in 14 of the 16 federal states in Germany: Brandenburg (BB), Berlin (BL), Baden-Württemberg (BW), Bavaria (BY), Hesse (HE), Mecklenburg-West Pomerania (MV), Lower Saxony (NI), North Rhine-Westphalia (NRW), Rhineland-Palatinate (RP), Schleswig-Holstein (SH), Saarland (SL), Saxony (SN), Saxony-Anhalt (ST) and Thuringia (TH). The inset also shows the location of Belgium (B) and Luxembourg (L).

Buccal swabbing was performed with sterile diagnostic rayon dry swabs (Copan Diagnostics Inc., Murrieta, CA, USA). Swabs were stored in sterile tubes at -20°C. Tissue samples were stored frozen or in absolute ethanol. Hair samples were stored in filter paper with silica gel (ThoMar OHG, Lütau, Germany) at room temperature. Genomic DNA from tissue or swab samples was extracted using the DNeasy Blood and Tissue kit (QIAGEN Hilden, Germany) following the manufacturer's protocol (replacing ATL buffer with 200 µl PBS buffer for the swab samples). We extracted the hair DNA with a modified Chelex100 protocol, using 250 µl of a 10 % Chelex100 Resin solution (BioRad, München, Germany) with addition of 4 µl Proteinase K (18 mg/ml) per sample and an overnight lysis step (Walsh et al. 1991).

All individuals were genotyped at 21 microsatellite loci: *PLOT-01*, *PLOT-02*, *PLOT-03*, *PLOT-04*, *PLOT-05*, *PLOT-06*, *PLOT-07*, *PLOT-08*, *PLOT-10*, *PLOT-11*, *PLOT-13* (Fike et al. 2007), *PLO-M15*, *PLO2-117*, *PLO-M3*, *PLO-M20*, *PLO2-14*, *PLO-M2*, *PLO-M17*, *PLO3–86* (Cullingham et al. 2006), *PLM01* and *PLM03* (Siripunkaw et al. 2008). All loci were co-amplified in seven multiplex polymerase chain reactions (PCR). Multiplex 1 contained loci *PLOT-01*, *PLOT-02*, *PLOT-03*, P*LOT-04*, multiplex 2 loci *PLOT-05*, *PLOT-06*, *PLOT-07*, *PLOT-08* and multiplex 3 loci PLOT-10, *PLOT-11*, *PLOT-13*. Multiplex 4 contained loci *PLO-M15*, *PLO2-117*, multiplex 5 loci *PLO-M3*, *PLO-M20*, *PLO2-14*, *PLO-M2* and multiplex 6 loci *PLO-M17*, *PLO3–86*. Multiplex 7 contained loci *PLM01*, *PLM03*. Reactions were performed in a final volume of 10 µl containing 1–10 ng DNA, 5 µl Type-it Microsatellite PCR master mix (QIAGEN Hilden, Germany) and 0.3 µM of each primer. PCRs were performed in a Multigene Gradient Thermal Cycler (Labnet International Inc., Edison, NJ, USA) using the following program: one cycle of 15 min at 95°C, 32 cycles at 94°C for 30 s, 90 s at the multiplex-specific annealing temperature (60.5°C for Multiplex 1, 63°C for Multiplexes 2 and 3, 58.5°C for Multiplexes 4 and 7, 55.5°C for Multiplexes 5 and 6), followed by 40 s at 72°C and a final extension for 30 min at 72°C. Hair and swab samples were amplified and scored twice to minimalize the risk of genotyping errors. The fluorescently labelled PCR products were analysed on a MEGABACE1000 automated sequencer (GE Healthcare, Freiburg, Germany) and fragment lengths of the alleles were scored by eye using the Fragment Profiler 1.2 (Amersham Bioscience, Freiburg, Germany). Preliminary data analysis (results not shown) provided evidence for linkage disequilibrium between *PLOT-04* and *PLO-M17*.We therefore excluded *PLO-M17* from all analyses.

Genetic structure and descriptive statistics

We analysed the population genetic structure using two Bayesian genetic clustering algorithms. First, we analysed the data in STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard et al. 2000). We estimated the number of genetic subpopulations (*K*) by performing ten independent runs of $K = 1–12$ with 106 Markov chain Monte Carlo (MCMC) iterations after a burn-in period of 105 iterations, using the model with correlated allele frequencies and assuming admixture. ALPHA, the Dirichlet parameter for the degree of admixture, was allowed to vary between runs. After deciding on the most probable number of sub-populations based on the log-likelihood values (and their convergence) associated with each *K*, as well as on the ΔK method by Evanno et al. (2005), we calculated each individual's percentage of membership (*q*), averaging *q* over different runs of the same *K*. In order to facilitate geographical representation, the average q values for each administrative district ('Landkreis') were calculated and mapped using ArcGIS 10.1 (ESRI Inc., Redlands, CA, USA). Second, we also analysed our data using the 'clustering of individuals' algorithm implemented in BAPS v.6.0 (Cheng et al. 2013), which infers the number of genetic clusters in a data set. We performed ten runs for each of $K = 2–12$.

For the subsequent analyses, populations were pre-defined by placing samples into the STRUCTURE cluster for which they showed the highest percentage of membership (*q*). We represented the results from $K = 7$, averaging *q* over eight runs with the highest log-likelihood values (see 2.3 Results). We tested for the significance of heterozygote deficiency or excess (Weir and Cockerham 1984) with the Markov chain method in Genepop 4.1.4 (Rousset 2008), with 10,000 dememorization steps, 500 batches and 10,000 subsequent iterations. Pairs of loci were tested for linkage disequilibrium using an exact test based on a Markov chain method as implemented in Genepop 4.1.4. The false discovery rate technique was used to eliminate false assignment of significance by chance (Verhoeven et al. 2005).

We visualised the genetic differentiation among the samples with a Factorial Correspondence Analysis (FCA) in Genetix 4.05.2 (Belkhir et al. 1996–2004) and performed genetic exclusion tests in the program GENECLASS 2.0 (Piry et al. 2004) to test the hypothesis that individuals assigned to a specific cluster but visualized as outliers in the FCA were in fact individuals that had recently been introduced to the population. Exclusion probabilities were calculated with the Monte Carlo method of Paetkau et al. (2004) by simulating 10,000 multi-locus genotypes and by setting the threshold for exclusion of individuals to 0.001 (Manel et al. 2002). The level of genetic differentiation between the genetic clusters was quantified with F_{ST} (Cheng et al. 2013) in GenAlEx version 6.501 (Peakall and Smouse 2012) and by an Analysis of molecular variance (AMOVA) using 9,999 permutations.

We tested the data set for isolation-by-distance (IBD) by analysing genetic relatedness between pairs of individuals as a function of geographical distance, using program SPAGeDi 1.2 (Hardy and Vekemans 2002). The slope of this relationship offers a convenient measure of the degree of spatial genetic structuring. As suggested by Vekemans and Hardy (2004), the Loiselle kinship coefficient (*Fij*) (Loiselle et al. 1995) was chosen as a pairwise estimator of genetic relatedness, as it is a relatively unbiased estimator with low sampling variance. The slope was tested for a significant difference from zero by 10000 permutations of locations of individuals. We performed an analysis on the whole data set, as well as on pairs of individuals assigned to the same STRUCTURE cluster only (using cluster-specific allele frequencies).

We used GenAlEx to estimate the number of alleles (*A*), observed heterozygosity (H_O) and unbiased expected heterozygosity (uH_E) for each STRUCTURE cluster and the number of private alleles (pA) in a cluster. Allelic richness (A_R) was calculated using Fstat 2.9.3.2 (Goudet 2001). Estimates were based on a minimum sample size of 13 diploid individuals. Relatedness coefficients were calculated in COANCESTRY 1.0.1.2. (Wang 2011), which provides the Triadic Maximum Likelihood estimator *TrioML* based on Wang (Wang 2007), estimating pairwise relatedness (*r*) by the use of a third individual as a reference, thus reducing the chance of genes identical in state being mistakenly inferred as identical by descent. We estimated effective population sizes (*Ne*) of each genetic cluster using the linkage disequilibrium method in program NeEstimator v.2.01 (Do et al. 2014), estimated 95 % confidence intervals using jackknifing and excluded rare alleles with frequencies less than 0.02.

Calculating minimum number of founders

There are several methods available to estimate the number of founders based on genetic data (Anderson and Slatkin 2007; Bonhomme et al. 2008; Kalinowski et al. 2010; Cornuet et al. 2014). However, these methods require genetic information from the source population and assume no admixture between introduced populations. Our data set does not fulfil either condition.We therefore expanded an approach by Rasner et al. (Rasner et al. 2004) and attempted to estimate the minimum number of founders required to introduce all empirically observed microsatellite alleles into each inferred STRUCTURE cluster. The genetic profiles of the founder individuals were generated by resampling the alleles in the empirical data set or by simulating genetic profiles based on allele frequencies. Custom-written scripts (S1 Script, S2 Script, S3 Script) for program R 3.1.0 (R Development Core Team 2006) simulated different numbers of founder genotypes and ran 1,000 replicates for each founder size in order to estimate the smallest number of individuals whose genotypes contain all the alleles identified at the 20 microsatellite loci (assuming no physical linkage between loci and no past mutations). We considered the smallest minimum number of founders to be the simulated sample size that had a probability 0.05 of capturing all the observed alleles (Rasner et al. 2004). In order to account for the impact of sampling bias and the effect of genetic drift in small founder populations, we varied the R scripts in terms of the mechanisms for simulating founder genotypes: (1) we simulated genetic profiles by randomly sampling alleles – independently for each locus – without replacement from the genetic profiles present in the data set. (2) We simulated genetic profiles by resampling from the allele frequency distribution at each locus. (3) We simulated genetic profiles by resampling from allele frequency distributions assuming equal frequencies at each locus. While based on an over simplified approach, this latter analysis was performed in an attempt to account for genetic drift. The maximum number of simulated individuals corresponded to the maximum amount of the individuals in a particular STRUCTURE cluster, except in the case of analysis 2, where threefold the maximum amount of individuals was simulated. In the case of the first two analytical approaches, we repeated the analysis after removing all genetic profiles that contained alleles that occurred at low frequency (< 0.02) in the respective cluster (Waples and Do 2010) to avoid recently immigrated or admixed individuals inflating the estimate of the minimum number of original founders. Furthermore, we repeated the approaches after removing genetic profiles containing low-frequency alleles from a cluster, except if these alleles only occurred in the cluster under investigation.

2.3 RESULTS

While $K = 2$ was identified as being the uppermost hierarchical level of structure when analyzing the STRUCTURE results with the ΔK statistic (Figure 2.2), log-likelihoods increased substantially beyond $K = 2$. While the highest values that converged well between runs were obtained for $K = 6$, the composition of the clusters differed between independent runs of $K = 6$ (Online Resource

Figure S2.1). Eight of the ten independent runs of $K = 7$ converged on higher log-likelihood values and the clusters identified by these eight runs were consistent and compatible with the results obtained at $K = 6$ (Online Resource Figure S2.1). The structure represented roughly the following four main populations (1) Hesse and central Germany (HE), (2) the Harz Mountains and north-central Germany (HA), (3) Brandenburg and north-eastern Germany (BB) and (4) Saxony and eastern-central Germany (SN). Two of the remaining smaller clusters corresponded to individuals (5) from the city of Kassel in Hesse (KA) and from (6) an area including Luxembourg and its neighbouring regions (LU). The final cluster contained individuals from (7) northern Belgium and south-western and eastern Germany (RP). BAPS provided support for the presence of 11 genetic populations. However, five of these clusters were composed of single to three individuals only (all individuals from the STRUCTURE-RP cluster). The six remaining populations corresponded, in essence, to the first six STRUCTURE clusters introduced above (Figure 2.2). Subsequent results are based on the seven clusters inferred by STRUCTURE, using the eight converging runs of $K = 7$.

After excluding *PLO-M17* (see 2.2 Materials and Methods), we did not find evidence for linkage disequilibrium between pairs of loci in the different clusters ($P < 0.0003$). Furthermore, we did not observe any systematic deviations from Hardy-Weinberg expectations (HWE) at any of the remaining 20 loci. Between zero and five loci deviated from Hardy-Weinberg expectations (HWE) at $\alpha = 0.05$-level in the seven clusters before multiple-test corrections. While no locus caused a problem in the HA, HE and SN clusters after correcting for multiple tests, three loci in the BB cluster ($P < 0.01$; *PLOT-01*: $F_{IS} = 0.30$; *PLOT-04*: $F_{IS} = 0.18$; *PLM01*: $F_{IS} = 0.31$; remaining loci: $-0.04 < F_{IS} < 0.16$) and one locus in both the LU ($P < 0.025$; *PLO2-14*: $F_{IS} = 0.50$; remaining loci: $-0.28 < F_{IS} < 0.39$) and RP ($P < 0.025$; *PLOT-06*: $F_{IS} = 0.58$; remaining loci: $-0.26 < F_{IS} < 0.36$) clusters exhibited a significant deficit of heterozygotes. In the urban KA cluster one locus exhibited a significant excess of heterozygotes ($P < 0.025$; *PLM01*: $F_{IS} = -0.29$; remaining loci: $-0.22 < F_{IS} < 0.22$).

The FCA essentially separated BB and SN from all other populations along its first axis and SN and HA from all other populations along its second axis (Figure 2.3). While the four main populations (BB, HA, HE, SN) were clearly differentiated, populations LU and KA overlapped substantially with cluster HE. Individuals assigned by STRUCTURE to cluster RP were distributed all over the FCA graph and formed outliers in some cases (Figure 2.3).

In GENECLASS, seven of the 14 RP individuals were excluded with high probability from the other six clusters ($P < 0.001$) and another three individuals at the $P < 0.01$ level (the remaining four individuals: $P \leq 0.051$). These results suggested that cluster RP (mostly) contained separately introduced individuals, thus all RP individuals were excluded from further analysis. No sample of the other six clusters could be excluded in a leave-one-out approach at the $P < 0.001$ level.

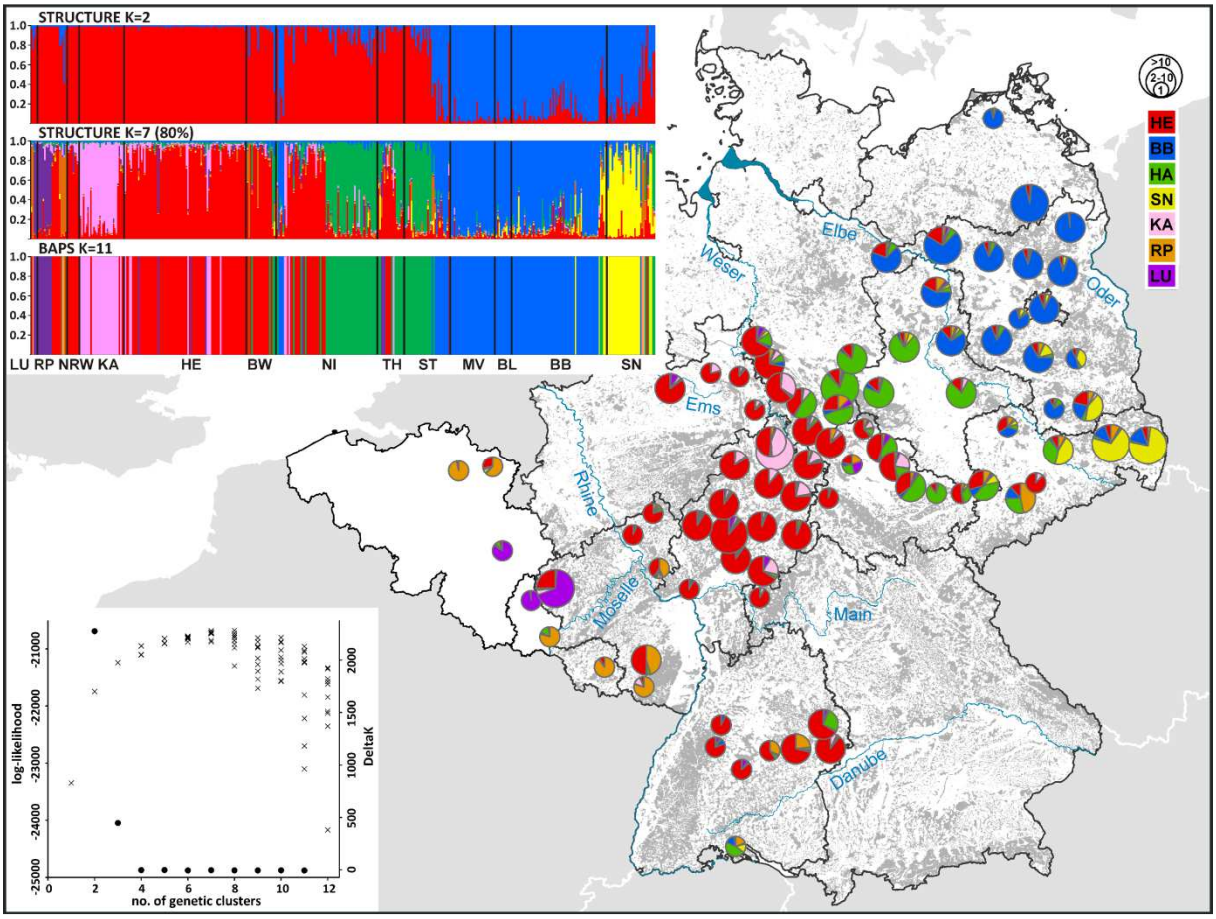


Figure 2.2: Geographic distribution of the STRUCTURE clusters (*K* = 7) for all 407 samples. The pre-defined populations correspond to the federal states of Germany. Pie charts represent the average per cluster assignment values for all the individuals in an administrative district and their size is indicative of the number of samples included. Light blue lines represent major rivers, grey pattern indicate forests. Top inset: Summary of the assignment analysis in STRUCTURE (*K* = 2, *K* = 7) and BAPS (*K* = 11). Each individual is represented by a single vertical line, representing the individual`s estimated proportion of membership to the genetic cluster. Colours correspond to the clusters in the main figure. The five BAPS-clusters of one to three individuals were coloured indifferent orange shades. Single samples from BY, SH and SL were included in the adjacent state. Bottom insert: Plot of the number of STRUCTURE clusters tested against their estimated log-likelihood (x) and Delta*K* (•).

The six STRUCTURE clusters (excluding RP) were strongly differentiated, with F_{ST}-values ranging between 0.049 and 0.166 (Table 2.1). The lowest estimates ($F_{ST} \leq 0.076$) were obtained between HE and the three western-most clusters (HA, KA, LU) as well as between BB and SA. The AMOVA revealed that a significant part of genetic variation (10%; $P < 0.001$) was explained by the genetic clusters. According to the STRUCTURE results, all clusters had a relatively large degree of admixture (Figure 2.2). Only about half of all BB and HE individuals were assigned with $q \geq 0.9$ to their respective clusters (BB: 43.9%; HE 48.0%). This proportion was even smaller in the remaining four clusters (LU: 15.4%; KA: 34.5%; SN: 19.2%; HA: 26.2%). The whole data set (excluding RP individuals) was characterized by a strong and significant IBD pattern (slope ± s.e. = -0.0245 ± 0.0034; $P < 0.001$). However, when the analysis was limited to individuals within the same STRUCTURE cluster, the IBD pattern was still significant, but much weaker (slope ± s.e. = -0.0050 ± 0.0012; $P < 0.001$).

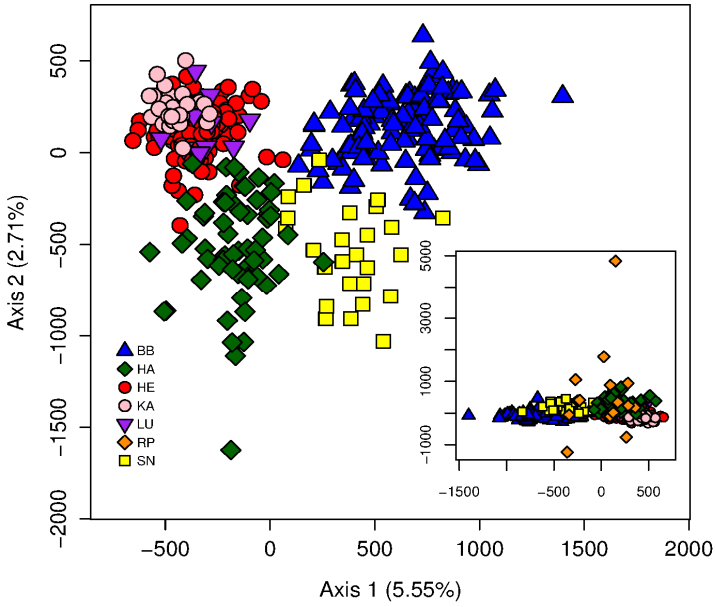


Figure 2.3: Factorial correspondence analysis of 393 raccoons assigned to the six main STRUCTURE clusters. Symbols and colors represent the different genetic clusters according to the STRUCTURE analysis. Inset: Factorial correspondence analysis with the seventh STRUCTURE cluster (RP) that mostly contained recently introduced individuals.

Table 2.1: Pairwise F_{ST} values among STRUCTURE-defined genetic clusters.

	HE	**BB**	**HA**	**SN**	**KA**
BB	0.113				
HA	0.049	0.102			
SN	0.092	0.071	0.091		
KA	0.059	0.164	0.095	0.144	
LU	0.076	0.148	0.094	0.166	0.136

All values were significant ($P < 0.001$).

Table 2.2: Comparison of genetic variability among STRUCTURE-defined genetic clusters.

Site	***N***	***A***	A_R	H_O	$_uH_E$	$_pA$	**freq$_P$A**	***TrioML***	N_e	**95% CI**
BB	114	6.8	4.9	0.56	0.60	9	0.004-0.101	0.116	305	210-523
HA	61	6.3	4.9	0.61	0.65	1	0.008	0.086	95	72-135
HE	150	7.0	4.3	0.61	0.62	13	0.003-0.017	0.093	413	249-1018
KA	29	4.1	3.7	0.60	0.58	0	-	0.223	902	85-infinite
LU	13	3.6	3.6	0.52	0.53	3	0.038-0.077	0.241	44	19-infinite
SN	26	5.4	4.7	0.64	0.63	5	0.019-0.173	0.138	168	70-infinite

N = number of samples, A = average number of alleles per locus, A_R = allelic richness (based on a minimal sample size of 13 diploid individuals), H_O & $_uH_E$ = observed and unbiased expected heterozygosities, $_pA$ = number of private alleles, freq$_P$A = frequency range of private alleles, *TrioML* = relatedness estimate, N_e = effective population size median calculated using NeEstimator, 95% CI: lower and upper 95% confidence intervals of N_e estimate.

Estimates of allelic richness varied between 3.6 and 4.9, with the four main STRUCTURE clusters (BB, HA, HE, SN) all having estimates of $A_R \geq 4.3$ (Table 2.2). The 13 individuals from cluster LU had the lowest heterozygosity values ($H_O = 0.52$; $_uH_E = 0.53$). In all other clusters, H_O varied from 0.56 to 0.64 and uH_E from 0.58 to 0.65 (Table 2.2). BB and HE had a relative high number of private

alleles (Table 2.2), with the most common private allele having a frequency of 0.101 and 0.017, respectively. The number of private alleles in clusters HA, LU and SN varied between one and five, with no private alleles occurring in the KA cluster.

The relatedness estimates *TrioML* calculated in COANCESTRY showed a high relatedness in the urban population KA as well as in the population at the range margin (LU) (Table 2.2). The effective population size estimates of KA, SN and LU had upper 95% confidence intervals that were infinite, suggesting that the corresponding point estimates were uninformative. Clusters HE and BB (which were the two known oldest introduction sites), had a higher effective population size than HA (Table 2.2).

Table 2.3: Estimates of minimum number of founders required to introduce all empirically observed microsatellite alleles into a population.

Cluster	Observed no. of alleles	Estimate minimum no. of founders based on		
		resampling of alleles	allele freq.	equal freq.
(a)				
BB	135	97	213	18
HA	125	53	116	9
HE	140	133	309	21
KA	81	22	40	9
LU[1]	71	11	21	7
SN	108	23	52	13
(b)				
BB	107	36	48	-
HA	102	28	43	-
HE	82	28	35	-
KA[2]	72	13	20	-
SN[3]	81	10	21	-
(c)				
BB	125	76	150	-
HA	104	30	51	-
HE	102	71	154	-

Cluster = genetic clusters inferred using STRUCTURE. Estimates were obtained using three different approaches (see Material and Methods): resampling of alleles (analysis 1), allele freq. (analysis 2), equal freq. (analysis 3). The analyses were performed using (a) the complete set of genotypes assigned to a cluster, (b) excluding genotypes containing low-frequency alleles (< 0.02), (c) excluding genotypes containing non-private low-frequency alleles.[1]no low-frequency alleles in population; [2]no private alleles in population; [3]all low-frequency alleles were private.

As was to be expected, the total number of alleles included in the analysis affected the estimateof the minimum number of founders (Table 2.3). The estimates based on genotypes simulated by resampling from the allele frequency distribution (analysis 2) were inflated relative to the other estimates (Table 2.3). When resampling all alleles in the data sets (analysis 1), the inclusion of all individuals probably led to an overestimation of the number of the original founders of the two largest clusters BB and HE (97 or more). When removing all low-frequency alleles, we obtained estimates of 36 and 28 founders for BB and HE, respectively, while the corresponding estimates were 76 and 71 founders after removing non-private low-frequency alleles only. The estimates for the HA population varied

between 28 and 53 founders, depending on the reference data set used. Also, the results of the allele-resampling approach suggest that the KA and SN populations may derive from fewer than 22 and 23 individuals, respectively. Finally, the genetic profiles simulated assuming on equal allele frequencies at all loci, always gave rise to the lowest number of founders, varying between 7 and 21 individuals in the LU and HE population, respectively.

2.4 DISCUSSION

Population genetic structure of raccoons in North America

The majority of the information on the large-scale genetic structure of North American raccoons is available for the Eastern United States (Cullingham et al. 2008). When analyzing mtDNA diversity to evaluate the phylogenetic distinctiveness of four raccoon subspecies previously identified based on morphology, the authors identified 76 different control region haplotypes in a total of 311 samples (Cullingham et al. 2008). The presence of three concordant lineages was inferred, which, however, did only partially correspond to the geographic ranges of the presumed sub-species. It was not possible to detect the geographic origin of German raccoons based on the analysis of mtDNA (Cullingham et al. 2008; Frantz et al. 2013). To the best of our knowledge, no comparable data has been published for microsatellite loci.

Established populations and founder events

Our results contradict the common assumption that the whole German raccoon population descended from two separate introduction events in central and eastern Germany (Lutz 1995; Frantz et al. 2005; Hohmann and Bartussek 2011; Frantz et al. 2013). The optimal partition solutions suggested by STRUCTURE and BAPS were very similar, as both algorithms provided evidence for the presence of six geographically coherent genetic populations in the study area, with further genetic units formed by recently introduced individuals (see below). The two largest and most widespread of these clusters were centered in Hesse and Brandenburg, suggesting that they stemmed from the known introductions in 1934 at the Edersee (HE) and 1945 in Wolfshagen (BB). Furthermore, we were able to confirm the existence of a genetic cluster in eastern Saxony (SN), which had already been suggested as another independent founder event based upon mtDNA data (Figure 2.1, Frantz et al. 2013). Raccoons were, in essence, absent from Saxony until the mid-1990s (Hertweck 2009) and Biedrzycka et al. (2014) did not observe the same mtDNA haplotype (PLO16) in neighbouring Poland and the Czech Republic, suggesting a recent and independent origin of the SN population.

The fourth major genetic cluster was located in the Harz Mountains and in north-central Germany (HA). It has, indeed, been reported that up to 60 raccoons escaped from fur farms in1945 in the Harz Mountains (Stubbe 1975), however, it was not possible to confirm or reject its existence based on

mtDNA data (Frantz et al. 2013). In the present study, the presence of a private allele in the HA population, the low overlap with other clusters in the FCA and a level of allelic richness comparable to the other three main populations support the hypothesis of an independent introduction.The relatively low genetic differentiation (in terms of F_{ST}-values) between the HA and HE clusters probably resulted from recent admixture.

Both clustering methods also inferred the presence of two additional, smaller genetic clusters that were geographically coherent – the city of Kassel and Luxembourg/neighbouring regions – and therefore appeared to represent biologically meaningful units. The pattern of overlap in the FCA and the F_{ST}-based genetic differentiation estimates suggested that these KA and LU clusters were founded by individuals from the HE cluster. Since the first raccoons were sighted in the city of Kassel in the 1960s (Michler et al. 2004a), this urban population has reached the highest raccoon densities (> 100 animals per km^2) in Europe (Michler et al. 2004b). A reduced genetic exchange between rural and urban populations has been shown for the Chicago metropolitan area (Santonastaso et al. 2012) and the Kassel individuals did not carry any private alleles. It is therefore possible that raccoons inKassel were genetically differentiated as a result of a founding event and/or limited exchange (leading to genetic drift) between urban and rural areas. In contrast to KA, the LU cluster had private alleles. In addition to natural dispersers from central Germany, raccoons from a distinct genetic population (e.g. recently released captive individuals) probably contributed the genetic make-up of the LU individuals.

However, there are alternative explanations for the inference of the clusters observed in our data set. For example, the pattern of IBD observed when considering the whole data set has the potential to cause the inference of artificial partitions by the clustering methods (Frantz et al. 2009). However, the within-clusters IBD pattern is relatively weak, suggesting the existence of genuine genetic discontinuities (Guillot et al. 2009). Furthermore, the best explanation for the observation that the different clustering methods reached similar conclusions, that all but one cluster had private alleles and that clusters BB, HA, HE, SN were clearly distinct in the FCA analysis, is that these four main clusters were biologically meaningful and indicative of four different founding populations. The two smaller clusters (LU, KA) overlapped in the FCA with the HE individuals, with KA also having no private alleles. Furthermore, the high relatedness coefficients observed for clusters KA and LU could also be a source of artificial clusters, as the inclusion of family members in a genetic data set can cause STRUCTURE to detect clusters that represent closely related family lineages (Anderson and Dunham 2008). We therefore cannot confidently exclude the possibility that the two smaller clusters were indeed artifacts of the clustering methods. Further sampling is required to clarify the genetic status of the raccoons in the city of Kassel and in the very west of our study area.

Finally, the results of the FCA and the GENECLASS exclusion tests provided substantial support for the hypothesis that the seventh STRUCTURE cluster (RP) essentially consisted of recently introduced individuals. These individuals formed five distinct clusters in the BAPS analysis, but were assigned to

a single cluster by STRUCTURE. Even though three individuals excluded (at least) at the $P < 0.01$-level, had one of the five mitochondrial haplotypes typical for Germany (Frantz et al. 2013), our microsatellite results provide strong evidence for the ongoing release/escape of raccoons into the wild.

Recent population admixture

We found strong evidence for recent admixture of the separate founder populations. It is perhaps surprising that some 70 years after the last major introduction event (not considering Saxony) the founder populations are still genetically distinct. While the inner-German border fortifications might have contributed to a reduced admixture between east and west, the core distribution areas of the eastern HA and BB clusters were relatively isolated until an increase in population density was detected since 1990 (Stubbe 1990). Given that the BB cluster still had the lowest overall rate of admixture, the river Elbe might have acted as a natural barrier, limiting raccoon dispersal (Cullingham et al. 2009). Population admixture may have increased genetic diversity in each founding cluster and contributed to the significant increase in raccoon abundance over the last 20 years. Such an increase of genetic variation during biological invasions by combining genetic variation from multiple source populations has been described as a key factor in a number of successful invasions (Kolbe et al. 2004; Schulte et al. 2012).

Genetic diversity

Even though not directly comparable to the present study due to differences in the suite of microsatellite used for genotyping, the average number of alleles observed in the two largest clusters (HE: $A = 7.0$; BB: $A = 6.8$) as well as the average heterozygosity values reported here ($0.56 \leq H_O \leq 0.61$ and $0.60 \leq {}_uH_E \leq 0.62$) were lower than comparable estimates from the raccoon's native range (Cullingham et al. 2009; Dharmarajan et al. 2009; Santonastaso et al. 2012). The higher loss of diversity in the case of mitochondrial DNA (Frantz et al. 2013) was probably caused by the different effective population sizes of both markers. The microsatellite diversity results are in line with our simulation analysis, which suggested that the number of founders was substantially larger than commonly assumed (see below). Despite the lower genetic diversity in the introduced compared to the native range, our study confirms that German raccoons have a relatively high genetic diversity compared to other invasive mammals. It is clear that the species is not an example of a genetic depauperate, but successful invader.

Estimating the number of founders

While the number of individuals released can have a significant impact on the probability of invasion success (Forsyth and Duncan 2001) the presumed number of founders differed between the main clusters. According to historical records, HE might have been founded by as few as four individuals,

BB by 25 and the HA population by 60 raccoons (Müller-Using 1959; Lutz 1984; Stubbe 1975). Our analyses partly deviate from these reported values. Some of our samples could even be excluded from the existing populations and must therefore be considered recently introduced individuals (Manel et al. 2002). It is likely that, over the years, individuals kept as pets and escapees have entered the different populations (Beltrán-Beck et al. 2012).

The founder population size estimates based on resampling from the allele frequency distribution (analysis 2) were too high and very likely uninformative. In the subsequent discussion, we therefore focus the method based on re-sampling of the empirical data set (analysis 1). The highest estimates of founder individuals were obtained when all individuals (and their alleles) assigned to a cluster were considered in the analysis. Because of the recent admixture between the different founder populations, these estimates might well be adequate representations ofthe minimum number of individuals that have contributed to the overall genetic composition of the current clusters.

In order to attempt to infer the number of original founders, we removed all the individuals from a cluster whose genetic profiles contained alleles occurring at low frequency (< 0.02) (Waples and Do 2010). The corresponding estimates suggested that the large BB cluster was founded by at least 36 individuals, while clusters HA and HE could have been founded by as few as 28 individuals. These results suggest that the two main populations HE and BB had a larger and HA a smaller number of founders than suggested by the historical record. The estimates for the number of founders would even be higher if one allows for the possibility that some of the low-frequency private alleles observed in BB and HE stemmed from the original founders but declined as a result of genetic drift. This latter scenario appears to apply to the younger SN cluster as all the low-frequency alleles were private. The analysis that included all the SN alleles therefore probably provided a more accurate estimate of founder population size (23 individuals) than the reduced data set.

The advantage of our new method is that it is very simple and does not require informationon the allele frequencies in the source population(s). However, the estimates are affected by sample size and resampling from the allele frequency distribution clearly leads to overestimating founder numbers. Also the method cannot adequately account for genetic drift and does not allow for mutations creating new alleles. At the very least, the method provides some useful information regarding relative estimates of founder numbers (if sample sizes are broadly comparable). When we assumed all alleles in a cluster to have equal frequencies (to account for genetic drift), the BB estimate was in line with the historic information, while the HE cluster was estimated to have been founded by 21 individuals. In other words, it is likely that population HE at least had a larger number of founders than suggested by the historic record, even when considering the most conservative analysis.

Our study illustrates that it is precarious to fully trust the historical record of founder events in invasion biology. We proved the existence of at least four independent founding events with probably a substantially higher number of founders than commonly assumed.

2.5 ACKNOWLEDGMENTS

We would further like to thank the following people for their invaluable help in providing samples for this study: N Adams, A Backes, H Baczynski, A Baumgärtel, M Beiermeier, M Bensch, H Bodenstein, A Boldt, P Borkenhagen, K Börner, S Braune, G Braungardt, M Brück, R Budzinsky, F Busse, M Dietrich, S Dietzel, HU Eskens, T Festerling, H Finsterwalder, J Forneberg, S Gunkel, H Heim,W Hochsteiner, D Hoff, L Hopfer, K Hoppe, L Höser, N Kann, M Keitlinghaus, M Ködel, R Köppel, J Kuckenberg, U Kücken, H Langerzig, U Löffler, B Lorenz, G Mackenberg, J Malzhackes, H Matze, K-G Meyer zu Hölsen, BA Michler, E Mroos. A Müller, D Müller, F Müller, M Müller, H Pfaff, B Pietsch, H Rathaj, K-F Reckling,W Rohrmann, M Runge, M Sandrini, T Schäfer, K-H Schaper, L Schley, A Schliephake, K Schlüter, H Schomers, W Schreiber, K Schuchhardt, S Schwarz, D Smyrek, M Sonntag, P Steinbach, K Störzer, S Stry, A Stubbe, M Stubbe, K van den Berge, E Veile, R-K Wagner, M Warias, FG Wassermann, M Went, E Weiler, R Weiler, H Wilhelmi, U Wittstatt, R Wolf, B Zimmermann, T zur Löwen, Greifvogelpark Saarburg, TierArt e.V., Tierpark Finsterwalde, Tierpark Kunsterspring, Waldzoo Gera, Wildpark alte Fasanerie, Wildpark Pforzheim, Wildpark Schorfheide, Zoo Neunkirchen and Zoo Neuwied.

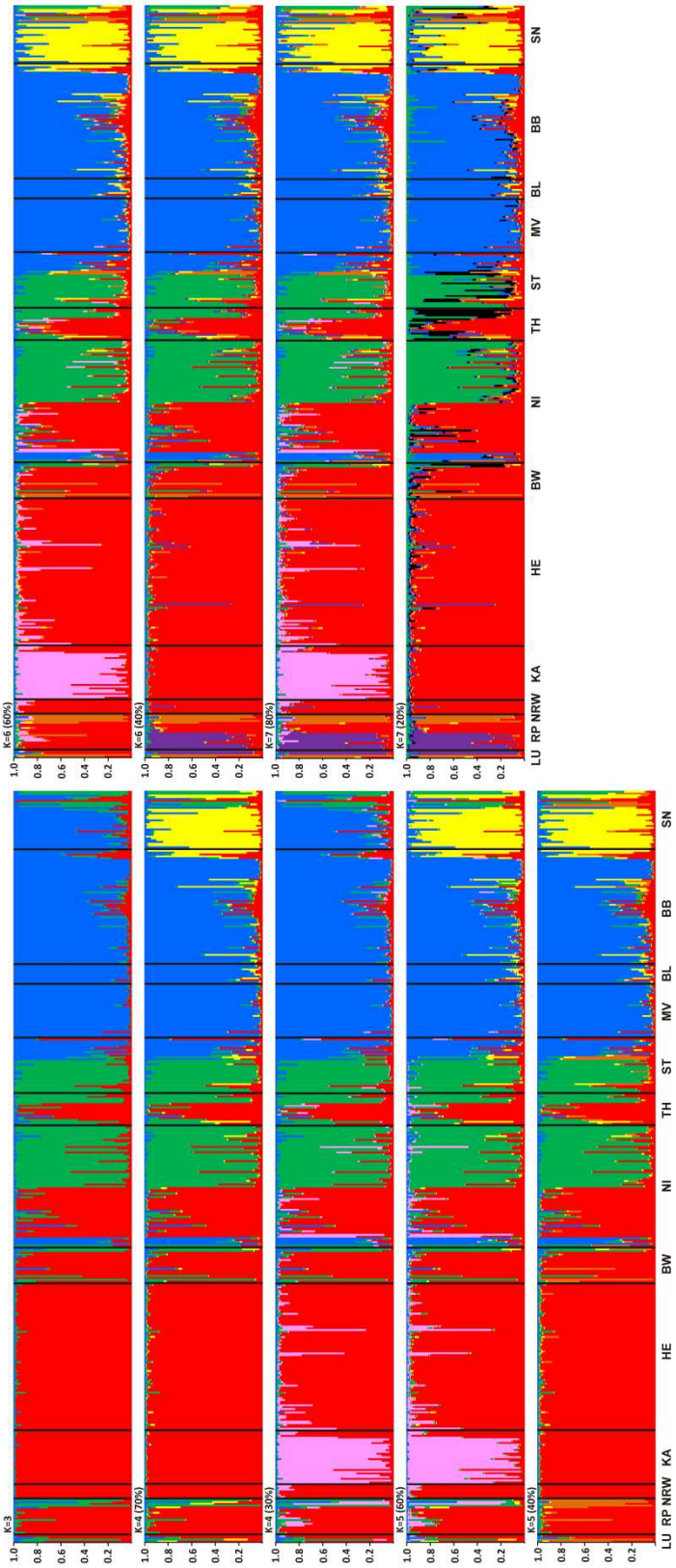
2.6 APPENDIX / ONLINE RESSOURCE

S1 Script R script used to estimate founder numbers based on re-sampling of alleles (analysis1). doi:10.1371/journal.pone.0125441.s002 (R).

S2 Script R script used to estimate founder numbers based on observed allele frequencies (analysis 2). doi:10.1371/journal.pone.0125441.s003 (R).

S3 Script R script used to estimate founder numbers based on equal frequencies of the observed alleles (analysis 3). doi:10.1371/journal.pone.0125441.s004 (R).

Raw Data The raw genotyopes and information on sampling localities are available from the Dryad database doi:10.5061/dryad.412h3.



Online Resource Figure S2.1: Summary of the assignment analysis in STRUCTURE (*K* = 3 to *K* = 7). Each individual is represented by a single vertical line, representing its estimated proportion of membership to the different genetic clusters. Different independent STRUCTURE runs for the same value of *K* did not converge on the same solution (for *K* = 4 to *K* = 7). The percentage above each barplot shows the proportion of the runs that converge on the presented clustering solution.

2.7 REFERENCES

Alda F, Ruiz-López MJ, García FJ, Gompper ME, Eggert LS, Garcia JT (2013). Genetic evidence for multiple introduction events of raccoons (Procyon lotor) in Spain. Biological Invasions 15, 687–698.

Anderson EC, Dunham KK (2008). The influence of family groups on inferences made with the program Structure. Molecular Ecology Resources 8, 1219–1229.

Anderson EC, Slatkin M (2007). Estimation of the number of individuals founding colonized populations. Evolution 61, 972–983.

Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (1996–2004). GENETIX 4.05, logiciel sous WindowsTM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRSUMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier.

Beltrán-Beck B, García FJ, Gortázar C (2012). Raccoons in Europe: disease hazards due to the establishment of an invasive species. European Journal of Wildlife Research 58, 5–15.

Biedrzycka A, Zalewski A, Bartoszewicz M, Okarma H, Jędrzejewska E (2014). The genetic structure ofraccoon introduced in Central Europe reflects multiple invasion pathways. Biological Invasions 16, 1611–1625.

Bonhomme M, Blancher A, Cuartero S, Chikhi L, Crouau-Roy B (2008). Origin and number of founders in an introduced insular primate: estimation from nuclear genetic data. Molecular Ecology 17, 1009–1019.

Cheng L, Connor TR, Sirén J, Aanensen DM, Corander J (2013). Hierarchical and spatially explicit clustering of DNA sequences with BAPS software. Molecular biology and evolution 30(5), 1224–1228.

Cornuet J-M, Pudlo P, Veyssier J, Dehne-Garcia A, Gautier M, Leblois R, et al. (2014). DIYABC v2.0: a software to make Approximate Bayesian Computation inferences about population history using Single Nucleotide Polymorphism, DNA sequence and microsatellite data. Bioinformatics 30(8), 1187–1189

Cullingham CI, Kyle CJ, Pond BA, Rees EE, White BN (2009). Differential permeability of rivers to raccoon gene flow corresponds to rabies incidence in Ontario, Canada. Molecular Ecology 18, 43–53.

Cullingham CI, Kyle CJ, Pond BA, White BN (2008). Genetic structure of raccoons in eastern North America based on mtDNA: implications for subspecies designation and rabies disease dynamics. Canadian Journal of Zoology 86, 947–958.

Cullingham CI, Kyle CJ, White BN (2006). Isolation, characterization and multiplex genotyping of raccoon tetranucleotide microsatellite loci. Molecular Ecology Notes 6, 1030–1032.

Davidson AM, Jennions M, Nicotra AB (2011). Do invasive species show higher phenotypic plasticitythan native species and, if so, is it adaptive? A meta-analysis. Ecology Letters 14, 419–431.

Dharmarajan G, Beasley JC, Fike JA, Rhodes OE (2009). Population genetic structure of raccoons (*Procyon lotor*) inhabiting a highly fragmented landscape. Canadian Journal of Zoology 87, 814–824.

DJV (2014). Deutscher Jagdverband e. V. http://www.jagdnetz.de/datenundfakten/jahresstrecken?meta_id=257 (Accessed 04 August 2014).

Dlugosch KM, Parker IM (2008). Founding events in species invasions: genetic variation, adaptive evolution, and the role of multiple introductions. Molecular Ecology17, 431–449.

Do C, Waples RS, Peel D, Macbeth GM, Tillett BJ, Ovenden JR. (2014). NeEstimator V2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (Ne) from genetic data. Molecular Ecology Resources 14, 209–214.

Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology 14, 2611–2620.

Fike JA, Drauch AM, Beasley JC, Dharmarajan G, Rhodes OE (2007). Development of 14-multiplexed microsatellite loci for raccoons Procyon lotor. Molecular Ecology Notes, 7, 525–527.

Forsyth DM, Duncan RP (2001). Propagule size and the relative success of exotic ungulate and bird introductions to New Zealand. The American Naturalist 157, 583–595.

Forsyth DM, Duncan RP, Bomford M, Moore G (2004). Climatic Suitability, Life—History Traits, Introduction Effort, and the Establishment and Spread of Introduced Mammals in Australia. Conservation Biology 18, 557–569.

Frantz AC, Cellina S, Krier A, Schley L, Burke T (2009). Using spatial Bayesian methods to determine the genetic structure of a continuously distributed population: clusters or isolation by distance? Journal of Applied Ecology 46, 493–505.

Frantz AC, Cyriacks P, Schley L (2005). Spatial behaviour of a female raccoon (Procyon lotor) at the edge of the species' European distribution range. European Journal of Wildlife Research 51, 126–130.

Frantz AC, Heddergott M, Lang J, Schulze C, Ansorge H, et al. (2013). Limited mitochondrial DNA diversity is indicative of a small number of founders of the German raccoon (Procyon lotor) population. European Journal of Wildlife Research 59, 665–674.

García JT, García FJ, Alda F, González JL, Aramburu MJ, Cortes Y, et al. (2012). Recent invasion and status of the raccoon (Procyon lotor) in Spain. Biological Invasions 14, 1305–1310.

Goudet J (2001). FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices version 2.9.3.2, updated from Goudet 1995.

Gramlich S, Schulz H, Köhnemann BA, Michler FU (2011). Mater semper certa?—Molekularbiologische Analyse einer Waschbärenpopulation (Procyon lotor Linné, 1758) im Müritz-Nationalpark. Beiträge zur Jagd- und Wildforschung 36, 521–530.

Guillot G, Leblois R, Coulon A, Frantz AC (2009). Statistical methods in spatial genetics. Molecular Ecology 18, 4734–4756.

Hardy O, Vekemans X (2002). SPAGeDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. Molecular ecology notes 2, 618–620.

Hertweck K (2009). Waschbär Procyon lotor (Linnaeus, 1758). In: Hauer S, Ansorge H, Zöphel U (eds) Atlas der Säugetiere Sachsens. LfULG, Dresden, 281–283.

Hohmann U, Bartussek I (2011). Der Waschbär.– 3rd edn., Verlag Oertel & Spörer, Reutlingen.

Ikeda T, Asano M, Matoba Y, Abe G (2004) Present status of invasive alien raccoon and its impact in Japan. Global environmental research 8, 125–131.

Kalinowski ST, Muhlfeld CC, Guy CS, Cox B (2010). Founding population size of an aquatic invasive species. Conservation genetics 11, 2049–2053.

Kolbe JJ, Glor RE, Schettino LR, Lara AC, Larson A, Losos J (2004). Genetic variation increases during biological invasion by a Cuban lizard. Nature 431, 177–181.

Lockwood JL, Hoopes MF, Marchetti MP (2013). Invasion ecology. John Wiley & Sons.

Loiselle BA, Sork VL, Nason J, Graham C (1995). Spatial genetic structure of a tropical understorey shrub, Psychotria officinakus (Rubiacae). American Journal of Botany 82, 1420–1425.

Lutz W (1995). Occurrence and morphometrics of the raccoon Procyon lotor L. in Germany. Annales Zoologici Fennici 32, 15–20.

Manel S, Berthier P, Luikart G (2002). Detecting wildlife poaching: identifying the origin of individuals with Bayesian assignment tests and multilocus genotypes. Conservation Biology 16, 650–659.

Michler FU, Hohmann U, Stubbe M (2004a). Aktionsräume, Tagesschlafplätze und Sozialsystem des Waschbären (Procyon lotor Linné, 1758) im urbanen Lebensraum der Großstadt Kassel (Nordhessen). Beiträge zur Jagd- und Wildforschung 29, 257–273.

Michler FU, Hohmann U, Stubbe M (2004b). Investigations on daytime resting site selection and homerange of raccoons (Procyon lotor Linné, 1758) in an urban habitat in Kassel (North Hesse). In: Mammalian Biology. (eds Wöhrmann-Repenning A, Hartl GB) 69, 26–27.

Michler FUF, Michler BA (2012). Ökologische, ökonomische und epidemiologische Bedeutung des Waschbären (Procyon lotor) in Deutschland—eine aktuelle Übersicht. Beiträge zur Jagd- und Wildforschung 37, 389–397.

Müller-Using D (1959). Die Ausbreitung des Waschbären (Procyon lotor [L.]) in Westdeutschland. Zeitschrift für Jagdwissenschaft 5, 108–109.

Paetkau D, Slade R, Burden M, Estoup A (2004). Direct, real-time estimation of migration rate using assignment methods: a simulation-based exploration of accuracy and power. Molecular Ecology 13, 55–65.

Peakall R, Smouse PE (2012). GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research - an update. Bioinformatics 28, 2537–2539.

Piry S, Alapetite A, Cornuet JM, Paetkau D, Baudouin L, Estoup A. (2004). GENECLASS2: A Software for Genetic Assignment and First-Generation Migrant Detection. Journal of heredity 95, 536–539.

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155, 945–959.

Puillandre N, Dupas S, Dangles O, Zeddam JL, Capdevielle-Dulac C, Barbin K, et al. (2008). Genetic bottleneck in invasive species: the potato tuber moth adds to the list. Biological Invasions 10, 319–333.

R Development Core Team (2006). R: a language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing.

Rasner CA, Yeh P, Eggert LS, Hunt KE, Woodruff DS, Price TD (2004). Genetic and morphological evolution following a founder event in the dark-eyed junco, Junco hyemalis thurberi. Molecular Ecology 13, 671–681.

Rousset F (2008). genepop'007: a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. Molecular ecology resources 8, 103–106.

Sakai AK, Allendorf FW, Holt JS, Lodge DM, Molofsky J, With KA, et al. (2001). The population biology of invasive species. Annual Review of Ecology and Systematics 32, 305–332.

Santonastaso TT, Dubach J, Hauver SA, Graser WH, Gehrt SD (2012). Microsatellite analysis of raccoon (Procyon lotor) population structure across an extensive metropolitan landscape. Journal of Mammalogy 93, 447–455.

Schläepfer DR, Glättli M, Fischer M, van Leuner M (2010). A multi—species experiment in their native range indicates pre—adaptation of invasive alien plant species. New Phytologist 185, 1087–1099.

Schulte U, Veith M, Hochkirch A (2012). Rapid genetic assimilation of native wall lizard populations (Podarcis muralis) through extensive hybridization with introduced lineages. Molecular Ecology 21, 4313–4326.

Siripunkaw C, Kongrit C, Faries KM, Monello RJ, Gompper ME, Eggert LS (2008). Isolation and characterization of polymorphic microsatellite loci in the raccoon (Procyon lotor). Molecular ecology resources, 8, 199–201.

Stubbe M (1975). Der Waschbär Procyon lotor (L., 1758) in der DDR. Hercynia N.F. 12, 80–91.

Stubbe M (1990). Der Status des Waschbären Procyon lotor (L.) in der DDR (1975 bis 1984). Beiträge zur Jagd- und Wildforschung 17, 180–192.

Vekemans X, Hardy OJ (2004). New insights from fine-scale spatial genetic structure analyses in plantpopulations. Molecular Ecology 13, 921–935.

Verhoeven KJ, Simonsen KL, McIntyre LM (2005). Implementing false discovery rate control: increasing your power. Oikos 108, 643–647.

Walsh PS, Metzger DA, Higuchi R (1991). Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA forPCR-based typing from forensic material. Biotechniques 10, 506–513.

Wang J (2007). Triadic IBD coefficients and applications to estimating pairwise relatedness. Genetical research 89, 135–153.

Wang J (2011). COANCESTRY: a program for simulating, estimating and analysing relatedness and inbreeding coefficients. Molecular ecology resources 11, 141–145.

Waples RS, Do C (2010). Linkage disequilibrium estimates of contemporary Ne using highly variable genetic markers: A largely untapped resource for applied conservation and evolution. Evolutionary Applications 3, 244–262.

Weir BS, Cockerham CC (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. Evolution 38, 1358–1370.

CHAPTER III

Pathways of the invasion of the raccoon (*Procyon lotor*) in the non-native range in Europe

Fischer ML, Salgado García I, Klein R, Frantz AC, Heddergott M, Cullingham C, Kyle C, Hochkirch A

Article submitted for publication

Fischer ML, Salgado García I, Klein R., Frantz AC, Heddergott M, Cullingham C, Kyle C, Hochkirch A (2015). Pathways of the invasion of the raccoon (Procyon lotor) in the non-native range in Europe (submitted).

ABSTRACT

Biological Invasions are one of the major threats to biodiversity, economy and public health. A continuous increase of biological invasions has been reported, while their pathways are still insufficiently understood. The invasion of the North American raccoon in Europe is thought to be caused by individuals escaped from fur farms and released household pets. While the colonization of Central Europe started approximately 80 years ago, the species has recently also started to colonize the Iberian Peninsula. This provides the unique opportunity to compare the genetic structure of older and younger invasive populations. Given that keeping of animals is a major cause for the existence of non-native populations, the genetic structure of *ex situ* individuals is important in management considerations. We genotyped 596 wild-caught raccoons sampled from Spain and Central Europe, 57 individuals from German zoos and 153 individuals from the native range at 16 microsatellite loci. We detected 14 genetically differentiated genetic clusters in the invasive range, supporting the hypothesis of multiple introductions and ongoing releases. The genetic structure of the North American samples was weak and did not show any overlap with the Central European clusters. By contrast, genetic structure in the region invaded most recently, Spain, was very strong with seven genetic clusters, representing populations which have been geographically separated so far. The Central European clusters showed stronger signal of genetic admixture, caused by the recent contact of genetic clusters from different areas of origin. However, since the genetic composition of the Spanish founders seems to be more diverse compared to Germany, we expect an increasing genetic diversity as soon as the populations merge. Our results also provide evidence for gene flow between German zoos and free-ranging populations, which may affect the further colonization success. Control of pet trade is therefore essential in management efforts concerning this species.

3.1 INTRODUCTION

Invasions of non-native species are of great concern as they can threaten native biodiversity and may affect the economy of a region (Kettunen et al. 2009). Despite the knowledge on the potential negative effects, there has been a continuous increase of invasions worldwide due to deliberate or accidental releases as well as international trade and transport (Hulme et al. 2008). Although there is increasing knowledge concerning patterns and processes of invasions, the genetic consequences of invasions are still insufficiently understood. Critical stages of the invasion process after the introduction are the initial establishment of a population and the spread in the new region. Multiple introductions of individuals of distinct sources and releases of a large number of individuals (high propagule pressure) can help to overcome genetic founder events and may increase the genetic diversity of a population and therefore their probability of survival (Sakai et al. 2001; Kolbe 2007; Dlugosch and Parker 2008; Schulte et al. 2012). Additionally, the population increase and range expansion of non-native species is supposed to be influenced by gene flow, genetic drift and natural selection (Sakai et al. 2001). For example, the genetic admixture after secondary contact can facilitate the adaptability of introduced populations to the new environment and thereby accelerate range expansion (Keller and Tailor 2010). For an effective management of invasive species, it is therefore important to detect such processes, to identify introduction pathways and factors determining the genetic structure of the population that may contribute to a successful invasion.

The raccoon (*Procyon lotor*) is native to North America, but invasive in parts of Europe and Asia. According to historical records, two introduction events in 1934 (Edersee/Hesse) and 1945 (Wolfshagen/Brandenburg) led to the establishment of the raccoon in Germany, both founded by of a small number of individuals (Hohmann and Bartussek 2011). A study on the genetic structure of the mtDNA haplotypes supported a small number of founders in Germany (Frantz et al. 2013). However, a microsatellite analysis indicated multiple introductions and an on-going release of individuals in Central Europe, leading to several viable, self-sustaining populations in Germany (Fischer et al. 2015). In other European countries the raccoon was introduced more recently. First records of an initial colonization in Spain were reported in 2001, most likely due to individuals originating from the pet trade (García et al. 2012). A genetic study on raccoons located in Central Spain recognized two independent introduction events with a small effective founder size (Alda et al. 2013). The authors also figured out a possible first generation descendant, indicating that the two subpopulations come into contact near Madrid and may increase the invasive capability of the species. Furthermore, records have been reported in other parts of the country, indicating that there have been continuing introduction events and founders (Fernández-Aguilar et al. 2012; García et al. 2012).

The raccoon is commonly bred in captivity in zoos and wildlife parks but also by private pet owner. Both, commercial and private keeping of animals, are supposed to be an important cause for the

existence of non-native populations by deliberate and accidental releases of raccoons. While the colonization of Central Europe started approximately 80 years ago, presumably supported by ongoing releases, the species has just recently started to colonize the Iberian Peninsula. As multiple and secondary introductions, especially of individuals from genetically disparate source populations, may drive invasion success (Kolbe 2007, Schulte et al. 2012), tracing pathways of geneflow help to identify fundamental introduction pathways and are of major importance in management strategies. Furthermore, comparing the genetic structure of older and younger invasive populations supports the identification of factors, which might be crucial for a successful invasion. Our focus therefore is (1) to identify exchange between *ex situ* und *in situ* populations, (2) to analyse the genetic structure of the zoo population with regard to its potential to increase the genetic diversity in the wild (3) to expose differences in the genetic structure of older and younger invasive populations and (4) to compare the genetic structure of the German and Spanish raccoon populations to samples from the native range in order to highlight genetic consequences of invasions.

3.2 MATERIALS AND METHODS

Genetic analyses

A total of 806 raccoon samples (tissue n = 508, precipitated DNA n = 153, hair n = 119, buccal swabs n = 26) was collected from Central Europe (Germany, Belgium and Luxembourg), from recently established populations in Spain (Central Spain, Andalusia, Galicia, Catalonia, Balearic Islands and Valencia) as well as from 12 states and provinces from the native population in North America (Alabama, Florida, Kansas, Maine, New Brunswick, New York, Ohio, Ontario, Pennsylvania, Quebec, Tennesse and Vermont). A subset (193 samples and 407 samples respectively) of the total of 495 samples collected from Central Europe was already included in other studies (see Frantz et al. (2013) and Fischer et al. (2015)). Samples were collected from trapped, road-killed or legally hunted individuals in the wild as well as from individuals kept in zoos or wildlife parks. Buccal swabbing was performed with sterile diagnostic rayon dry swabs (Copan Diagnostics Inc., Murrieta, CA, USA), which were stored at -20°C. Tissue samples were stored frozen or in absolute ethanol. Hair samples were stored on filter paper with silica gel (ThoMar OHG, Lütau, Germany) at room temperature. DNA samples from North America were precipitated and shipped dry and dissolved in Milli-Q water at the destination. Genomic DNA from tissue or swab samples were extracted using the DNeasy Blood and Tissue kit (QIAGEN Hilden, Germany), following the manufacturer's protocol (replacing ATL buffer with 200 µl PBS buffer for the swab samples). We extracted the hair DNA with a modified Chelex100 protocol, using 250 µl of a 10% Chelex 100 Resin solution (BioRad, München, Germany) with addition of 4 µl Proteinase K (18 mg/ml) per sample and an overnight lysis step (Walsh et al. 1991).

All individuals were genotyped at 16 microsatellite loci: *PLOT-01, PLOT-02*, *PLOT-03*, *PLOT-04*, *PLOT-06*, *PLOT-07*, *PLOT-08, PLOT-10, PLOT-11*, *PLOT-13* (Fike et al. 2007), *PLO-M15*, *PLO-M3*, *PLO2-14*, *PLO3-86* (Cullingham et al. 2006), *PLM01* and *PLM03* (Siripunkaw et al. 2008). Loci *PLOT-05*, *PLO2-117, PLO-M20* and *PLO-M2* were excluded in the analysis, because they contained single steps and genotyping errors occurred in the analysis using the precipitated DNA samples. Reactions were performed in a final volume of 10 µl containing 1−10 ng DNA, 5 µl Type-it Microsatellite PCR master mix (QIAGEN Hilden, Germany) and 0.3 µM of each primer. PCRs were performed in a Multigene Gradient Thermal Cycler (Labnet International Inc., Edison, NJ, USA) using the following program: one cycle of 15 min at 95°C, 32 cycles at 94°C for 30 s, 90 s at the multiplex-specific annealing temperature (60.5°C for Multiplex 1 (*PLOT-01–PLOT-04*), 63°C for Multiplex 2 (*PLOT-05–PLOT-13*), 58.5°C for Multiplex 3 (*PLO3-17*, *PLO-M15, PLO2-117*) and for Multiplex 6 (*PLM01, PLM03*) and 55.5°C for Multiplex 4 (*PLOM3-71*, *PLO-M3*, *PLO-M20*, *PLO2-14*, *PLO-M2)* and for Multiplex 5 (*PLO-M17*, *PLO3-86*), followed by 40 s at 72°C and a final extension for 30 min at 72°C. Hair and swab samples were amplified and scored twice to minimalize the risk of genotyping errors. The fluorescently labelled PCR products were analysed on a MEGABACE 1000 automated sequencer (GE Healthcare, Freiburg, Germany) and fragment lengths of the alleles were scored by eye using Fragment Profiler 1.2 (Amersham Bioscience, Freiburg, Germany).

We amplified a fragment of the mitochondrial control region (535–587 bp) using the forward primer *PLO-L15997*; 5′-CCATCAGCACCCAAAGCT-3′ (Frantz et al. 2013) and the reverse primer *PLO-CRL1*; 5′-CGCTTAAACTTATGTCCTGTAACC-3′ (Cullingham et al. 2008). PCR reactions were performed using 1−10 ng DNA, 2 µl 5PRIME HotMasterMix and 0.3 µM of each primer and the amplification setup as follows: one cycle of 3 min at 95°C, followed by 28 cycles of 94°C for 30 s, 56°C for 45 s, 72°C for 30 s, and a final extension at 72°C for 10 min. PCR products were purified using the High Pure PCR Product Purification Kit (Rocher), sequenced by Macrogen (Amsterdam) and aligned in MEGA 6.06 (Tamura et al. 2006).

Genetic structure and descriptive statistics

We analysed the population genetic structure using two Bayesian genetic clustering algorithms, STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard et al. 2000) and BAPS v.6.0 (Cheng et al. 2013). In STRUCTURE we estimated the number of genetic subpopulations (*K*) by performing ten independent runs of $K = 1–12$ with 10^6 Markov chain Monte Carlo (MCMC) iterations after a burn-in period of 10^5 iterations, using the model with correlated allele frequencies and assuming admixture, allowing ALPHA to vary between runs. We calculated each individual's percentage of membership (*q*), averaging *q* over different runs of the most probable number of sub-populations based on the log-likelihood values and their convergence associated with each *K*. In BAPS we performed ten runs for $K = 2–20$ and mapped

the significant ($p > 0.05$) results of the admixture clustering of the best *K* using ArcGIS 10.1 (ESRI Inc., Redlands, CA, USA).

For the subsequent analyses, populations were pre-defined as given by the BAPS cluster. We tested for significance of excess or deficiency of heterozygotes with the Markov chain method in Genepop 4.1.4 (Rousset 2008), with 10,000 dememorization steps, 500 batches and 10,000 subsequent iterations. Pairs of loci were tested for linkage disequilibrium using an exact test based on a Markov chain method as implemented in Genepop 4.1.4. We visualized the genetic differentiation among the samples with a Factorial Correspondence Analysis (FCA) in Genetix 4.05.2 (Belkhir et al. 2004). We further performed genetic exclusion tests in GENECLASS 2.0 (Piry et al. 2004) to test if individuals from Germany and Spain can be excluded from the native population in North America. We also used the program to test for the most likely origin of individuals from zoos and the cluster RP, which turned out to be composed of newly introduced individuals. Exclusion probabilities were calculated with the Monte Carlo method of Paetkau et al. (2004) by simulating 10,000 multi-locus genotypes and by setting the threshold for exclusion of individuals to 0.001 (Manel et al. 2002). In GenAlEx version 6.501 (Peakall and Smouse 2012) we quantified the level of genetic differentiation between the genetic clusters with F_{ST} (Weir and Cockerham 1984) and by an Analysis of molecular variance (AMOVA) using 9,999 permutations.We also used the program to estimate the number of alleles (*A*), observed heterozygosity (H_O) and unbiased expected heterozygosity ($_uH_E$) for each cluster and counted the number of private alleles ($_pA$) in a cluster. Allelic richness (A_R) was calculated using Fstat 2.9.3.2 (Goudet 2001). Estimates were based on a minimum sample size of five and respectively twelve diploid individuals. In order to test the genetic structure of the invasive populations in regard to the risk of inbreeding, relatedness coefficients were calculated in COANCESTRY 1.0.1.5 (Wang 2011), which provides the Triadic Maximum Likelihood estimator TrioML based on Wang (2007), estimating pairwise relatedness (r) by the use of a third individual as a reference, thus reducing the chance of genes identical in state being mistakenly inferred as identical by descent.

3.3 RESULTS

Established non-native raccoon populations in Europe

Multiple introductions of raccoons were identified in both European countries by analyzing mtDNA (Figure 3.1) and microsatellite data (Fig. 3.2). In addition to the six different haplotypes (PLO2a, PLO2b, PLO16, PLO110, PLO13 and PLO75) identified by Frantz et al. (2013), we found a further haplotype (PLO57) at the range margin in Rhineland-Palatinate. As we cut a part at the end of the sequences (which in some of the newly analysed samples (mostly hair and saliva samples) were not clear), we did not differentiate haplotypes PLO2a and PLO2b, which differ only at nucleotide position 577. Therefore, we here refer to haplotype PLO2 for both haplotypes. The four haplotypes PLO2,

PLO13, PLO110 and PLO16 reflect the four main populations in Germany. Haplotype PLO75 was only found in a single raccoon (Lux1) captured in a suburb of the city of Luxembourg and haplotype PLO57 was observed in a single raccoon family in Rhineland-Palatinate. Haplotype PLO2 from lineage III in the phylogenetic network and haplotype PLO13 from lineage II (see Cullingham et al. 2008) are among the most common haplotypes in North America and were carried by 51.1% and 30.1% of all 229 analysed individuals in Germany, while haplotype PLO110 was only found in raccoons in Germany so far (Frantz et al. 2013). Haplotyp PLO57 did match a sequence from an individual in Minnesota from lineage I (GenBank accession no EF030370; Cullingham 2007). In Spain haplotype PLO2 was found in the population in Madrid (Mad) along Jarama River (17%) and haplotype PLO13 was carried by 22.6% of all 53 sampled individuals in Spain, observed in the population in Andalusia (And) and south of Madrid. The most common haplotype in Spain was PLO66 (35.8%), occurring in individuals of the Balearic Islands (Bal) and individuals sampled along Henares River in province Castile-La Mancha (Cas) in Central Spain. In the native range haplotype PLO66 was found in a raccoon from Kansas and is from lineage II in the phylogenetic network (Genbank accession no EF030409; Cullingham 2007). One individual captured at a site along Henares River carried mtDNA haplotype PLO32, a haplotype, which was also found in the population in Galicia (Gal) in the Northwest of the country and in an individual from Catalonia (Cat) (Figure 3.1). This haplotype was also found in Kansas and Minnesota and match lineage I (Genbank accession no EF030359; Cullingham 2007).

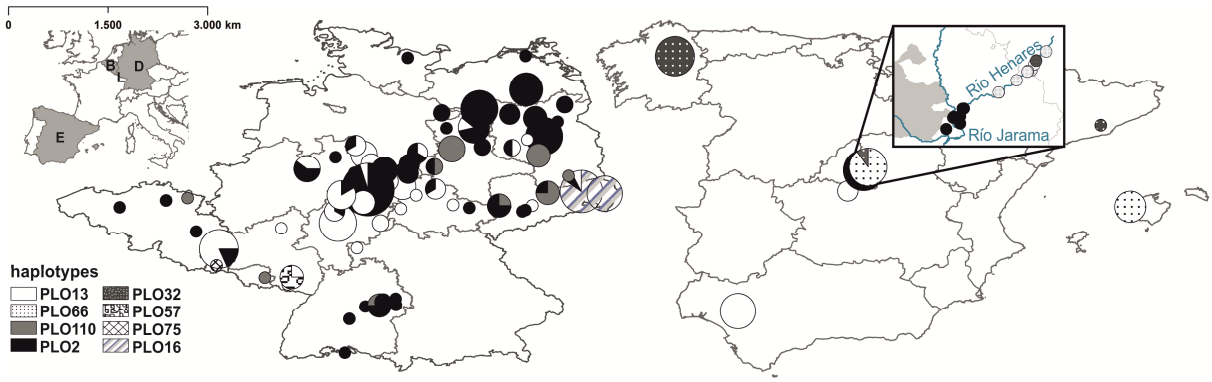


Figure 3.1: Geographic distribution and frequency of haplotypes observed in raccoons sampled in Europe. The inset shows the location of the four European countries sampled in this study: Germany (D), Belgium (B), Luxembourg (L) and Spain (E). The figure combines the results of Frantz et al. (2013) of 193 raccoons in Germany with the results of the newly analysed mtDNA samples at the range margin in Germany and those sampled in Spain. The size of the pie charts is proportional to the number of individuals sampled per locality (from 1 to 20). Grey lines are the borders of countries, German federal states and Spanish provinces. Inset: light blue lines represent main rivers and the urban areas of Madrid are indicated in grey.

The microsatellite analysis revealed even more geographically distinguished clusters (Figure 3.2). The highest log-likelihood values that converged well between runs were obtained for $K = 8$ for Germany (and individuals in Belgium and Luxembourg), $K = 7$ for Spain and $K = 2$ for North America (see Online Resource Figure S3.1). These STRUCTURE clusters are mostly consistent with the results of

BAPS, which found 16 populations in the complete dataset, identifying the native population in North America as one genetic cluster (if neglecting five individuals assigned to three different clusters). However, in BAPS individuals of Luxembourg, Belgium and Rhineland-Palatinate (LU) were included in the population in Hesse (HE) and individuals of the RP cluster (a cluster of assumed escapees) were also assigned to populations in Andalusia and the USA. In addition to the four main populations in Germany (1) Hesse and central Germany (HE), (2) the Harz Mountains and north-central Germany (HA), (3) Brandenburg and north-eastern Germany (BB) and (4) Saxony and eastern-central Germany (SN) and two smaller genetic clusters of (5) individuals corresponding to individuals in Luxembourg, Belgium and Rhineland-Palatinate (LU) and of (6) assumed escapees in Rhineland-Palatinate, Belgium and south-western and eastern Germany (RP) (see also Fischer et al. 2015), we identified two further genetic clusters in our extended data set, (7) SNzoo, a cluster of individuals from two zoos in Saxony and (8) a cluster consisting of closely related individuals of the zoo in Bremerhaven (Brezoo) (Figure 3.2). In Spain, seven genetic clusters were found (1) in Madrid along Jarama River (Mad), (2) along Henares River in province Castile-La Mancha (Cas), (3) in Andalusia (And), (4) in Galicia (Gal), (5) in Catalonia (Cat), (6) in Balearic Islands (Bal) and (7) in Valencia (Val) (Figure 3.2). In BAPS, two of three individuals from Valencia (Val) in Spain clustered with individuals from Saxony in eastern Germany (SN) and one with the cluster of assumed escapees in Germany (RP), while the two individuals from Catalonia (Cat) were assigned to the North American samples (USA).

No evidence for linkage disequilibrium between pairs of loci in the 13 BAPS-defined clusters (> 4 individuals) was found and we did not observe any systematic deviations from Hardy-Weinberg expectations (HWE) in any of the 16 loci. Four loci deviated from HWE at the corrected α = 0.05-level in the cluster Brezoo and one locus in population RP.

All seven BAPS clusters in Germany and five BAPS clusters in Spain (> 4 individuals) were strongly differentiated, with F_{ST}-values ranging between 0.049 and 0.395 (Table 3.1a). The highest genetic differentiation in Germany was found for the *ex-situ* clusters SNzoo and Brezoo (F_{ST} = 0.123 to 0.297), while all Spanish clusters, except the adjacent clusters Mad and Cas, had a high genetic differentiation with F_{ST}-values ranging between 0.254 and 0.395 (Table 3.1a). All non-native raccoon clusters, the older ones in Germany as well as the more recently introduced ones in Spain, were highly differentiated to the populations in the native range in North America (F_{ST} = 0.072 to 0.226). However, if all sampled individuals from captive stocks were grouped together, genetic differentiation to the other genetic clusters was much lower, with minimum F_{ST}-values of 0.023 and 0.057 for cluster HE and NA (Table 3.1b). If samples were grouped together according to the country of origin, the highest differentiation was found for Germany and Spain, while both populations showed a low genetic differentiation to the population in North America (Table 3.1c). The AMOVA revealed that a

significant part of genetic variation (15%, $P < 0.001$) was explained by the genetic clusters (represented in Table 3.1 a, b).

Due to the weak genetic structure of the population in North America, the exact source region of the European founder individuals could not be identified. Moreover, in a leave-one-out approach in GENECLASS, five individuals from Galicia (Gal19, 20, 21, 26, 28) in Spain and one individual from HA (Harz1) in Germany were excluded with high probability ($P < 0.001$) from the source population in North America.

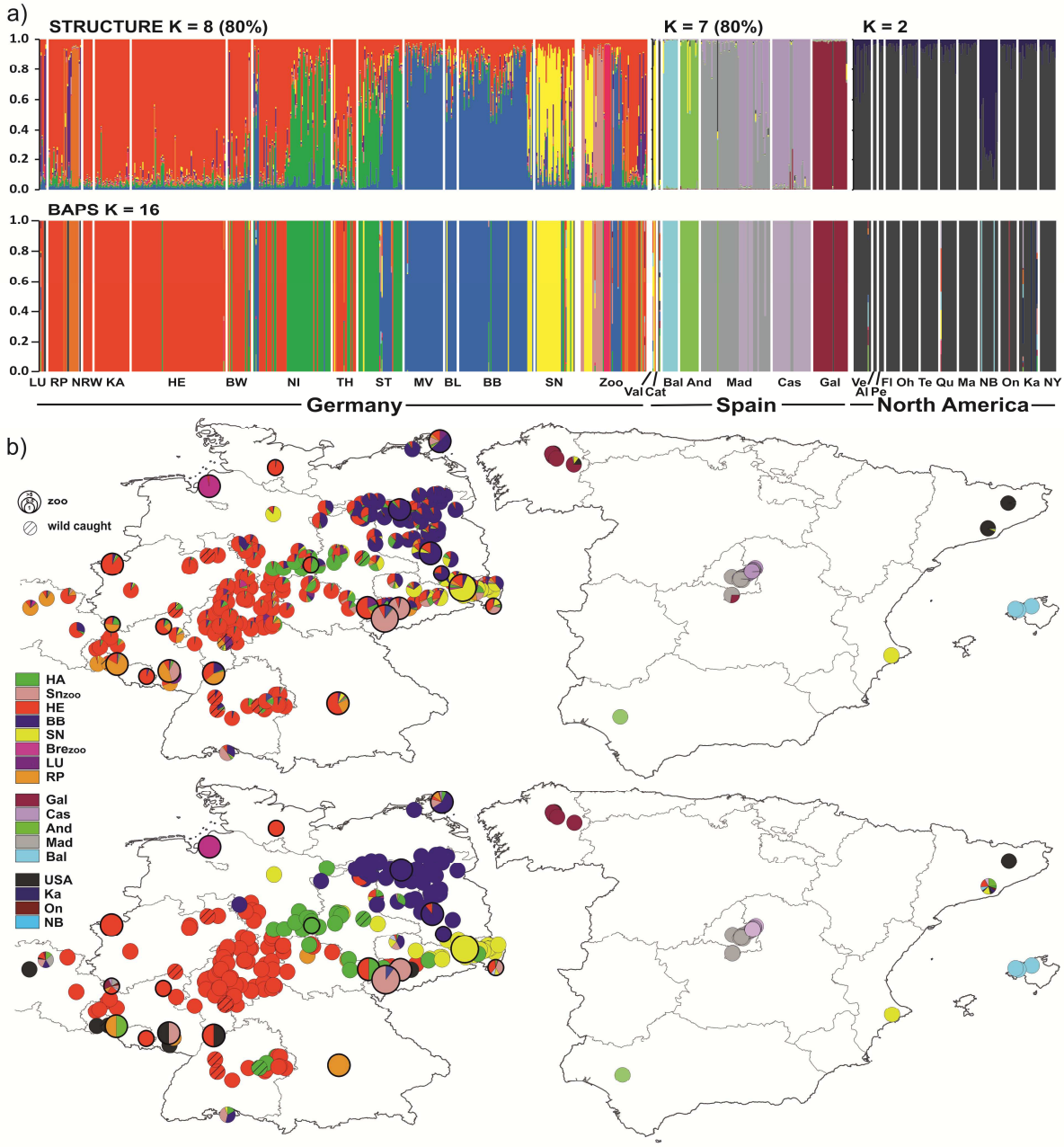


Figure 3.2: Geographic distribution of the genetic clusters detected in STRUCTURE and BAPS for all 806 raccoon samples. (a) The pre-defined populations correspond to the native range in North America, Germany, Belgium and Luxembourg, with individuals from all German zoos combined in one group and Spain. Samples are from following federal states in Germany: Brandenburg (BB), Berlin (BL), Baden-Württemberg (BW), Hesse (HE), Mecklenburg-West Pomerania (MV), Lower Saxony (NI), North Rhine-Westphalia (NRW),

Rhineland-Palatinate (RP), Saxony (SN), Saxony-Anhalt (ST) and Thuringia (TH); single samples from Bavaria, Schleswig-Holstein and Saarland were included in the adjacent states, from following provinces in Spain: Andalusia (And), Balearic Islands (Bal), Castile-La Mancha (Cas), Catalonia (Cat), Galicia (Gal), Madrid (Mad) and Valencia (Val) and from following states and provinces in North America: Alabama (Al), Florida (Fl), Kansas (Ka), Maine (Ma), New Brunswick (NB), New York (NY), Ohio (Oh), Ontario (On), Pennsylvania (Pe), Quebec (Qu), Tennesse (Te)and Vermont (Ve). For Central Europe the figure includes the previous results of Fischer et al. (2015) in the database of this study, which further analysed DNA samples in the margin range and the *ex-situ* populations in German Zoos. Each individual is represented by a vertical line representing the individual's estimated proportion of membership to the genetic cluster. (b) Pie charts represent the assignment values of the admixed clustering analysis performed in STRUCTURE (above) and BAPS (bottom) for all individuals. Individuals from zoos are marked with a black margin, the size of the pie chart corresponding to the number of samples included. Individuals caught in the wild and subsequently included in the zoo population are hatched.

Table 3.1: Pairwise F_{ST} values. (a) between all genetic clusters as identified by BAPS (b) same, but with all individuals from zoos grouped separately (c) according to the country of origin (for wild-caught individuals) or zoo. All F_{ST}- alues values were significant ($P < 0.001$).

a)

	HE	**BB**	**HA**	**SN**	**RP**	**SN_{zoo}**	**Bre_{zoo}**	**Mad**	**Cas**	**Gal**	**And**	**Bal**
BB	0,120											
HA	0,049	0,112										
SN	0,070	0,071	0,078									
RP	0,061	0,152	0,068	0,104								
SN_{zoo}	0,152	0,210	0,150	0,127	0,123							
Bre_{zoo}	0,187	0,274	0,179	0,181	0,230	0,297						
Mad	0,273	0,254	0,251	0,223	0,285	0,267	0,315					
Cas	0,252	0,243	0,232	0,209	0,269	0,268	0,265	0,101				
Gal	0,258	0,254	0,235	0,232	0,242	0,281	0,309	0,263	0,281			
And	0,112	0,183	0,120	0,161	0,129	0,200	0,298	0,305	0,313	0,304		
Bal	0,267	0,308	0,262	0,277	0,293	0,341	0,471	0,364	0,395	0,339	0,254	
NA	0,106	0,109	0,100	0,072	0,098	0,107	0,155	0,150	0,142	0,147	0,145	0,226

b)

	HE	**BB**	**HA**	**SN**	**RP**	**Zoo**	**Mad**	**Cas**	**Gal**	**And**	**Bal**
BB	0,119										
HA	0,050	0,112									
SN	0,076	0,067	0,085								
RP	0,085	0,172	0,093	0,121							
Zoo	0,023	0,082	0,038	0,032	0,060						
Mad	0,273	0,252	0,252	0,218	0,303	0,216					
Cas	0,251	0,241	0,234	0,208	0,291	0,197	0,101				
Gal	0,258	0,254	0,235	0,235	0,270	0,195	0,263	0,281			
And	0,119	0,188	0,128	0,174	0,184	0,105	0,315	0,325	0,313		
Bal	0,267	0,308	0,260	0,284	0,349	0,231	0,364	0,395	0,339	0,260	
NA	0,106	0,107	0,102	0,071	0,060	0,057	0,216	0,142	0,147	0,105	0,227

c)

	D	**E**	**NA**
E	0,113		
NA	0,083	0,071	
Zoo	0,011	0,093	0,061

Genetic variability of the populations in German zoos and in the wild

In STRUCTURE, all clusters in Germany had a relatively high degree of admixture, whereas admixture was nearly absent among the geographically separated populations in Spain. In the FCA individuals assigned to the populations in Germany were clumped and overlapped substantially with samples of Bal and And in Spain, whereas most Spanish clusters (except the adjacent populations Mad and Cas) were clearly differentiated by the FCA, enclosing even the North American samples in their midst (Figure 3.3a). None of the populations in Spain or Germany (except for some of the supposed newly introduced individuals of cluster RP in STRUCTURE and some zoo individuals) clustered substantially with samples from the native range. In a separate FCS, including only the German individuals (including all zoo samples), a differentiation of the four main populations (BB, HA, HE, SN) was indicated along the first axis (Figure 3.3b). Supposed newly introduced individuals in Germany, which were assigned to clusters RP, cluster And and USA in BAPS (or respectively to cluster RP in STRUCTURE) as well as the individuals from zoos and wildlife parks were distributed all over the FCA graph and formed outliers in some cases (Figure 3.3b).

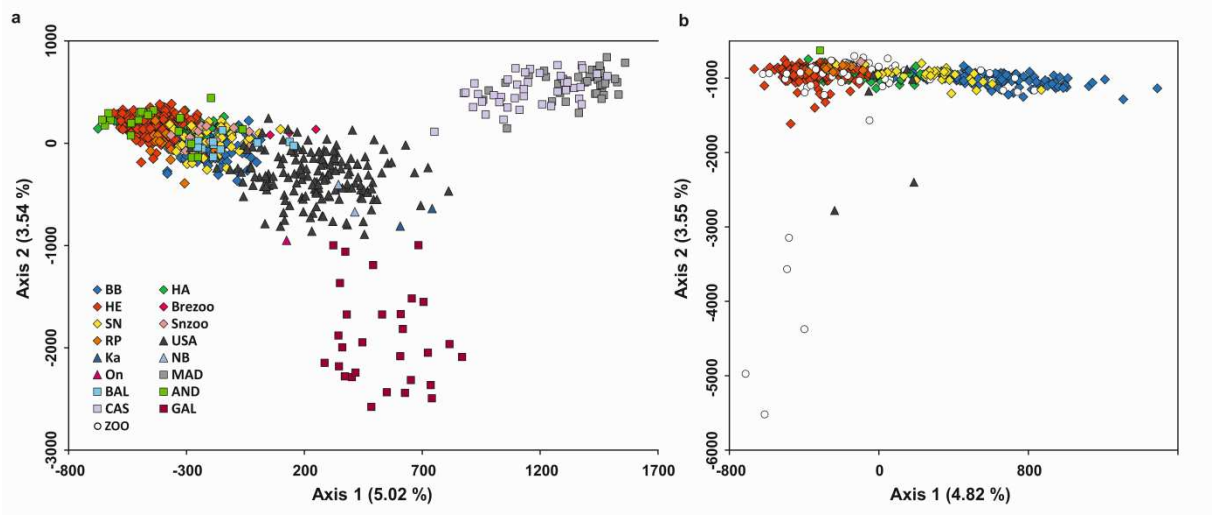


Figure 3.3: Factorial correspondence analysis performed for raccoons based on 16 microsatellite loci. Symbols and colors represent the different genetic clusters according to the BAPS analysis. (a) Factorial correspondence analysis with 806 samples from North America, Spain and Germany. (b) Factorial correspondence analysis for the 495 German samples (excluding outlier Lux1) and with all zoo individuals represented as a separate group (symbol: circle).

Genetic diversity was low for all Spanish samples (Table 3.2). The average number of alleles per locus ranged from 2.4 to 3.9, whereas in the native population in NA the average number of alleles per locus was 12.2. In Germany the number of alleles per locus ranged from 2.1 (in the *ex situ*-population Brezoo) to 6.4 (in the oldest and largest population HE). In comparison to the native population NA with an estimate of allelic richness of A_R =5.0 and heterozygosity values of H_O = 0.73 and ${}_uH_E$ = 0.77, estimates of allelic richness and heterozygosity values were much lower in the introduced populations (Table 3.2a). A_R varied between 2.1 and 3.0 in the zoo clusters, 3.2 to 3.6 in all other German clusters

and 2.2 to 2.9 in the Spanish clusters, while H_O varied from 0.40 to 0.69 and ${}_uH_E$ from 0.40 to 0.63 (Table 3.2a).

Table 3.2: Comparison of genetic variability among BAPS-defined genetic clusters (> 4 individuals) in the different composition of the populations. (a) all identified BAPS clusters are represented (b) same, but all individuals from zoos were grouped in one separate cluster (c) all individuals were sorted according their respective country or the zoo cluster.

a)

Site	*N*	*A*	A_R	H_O	${}_uH_E$	${}_pA$	freq$_P$*A*	${}_pAb$	freq$_P$*Ab*	*TrioML*
HE	201	6,4	3.2	0,57	0,59	1	0.005	9	0.002 – 0.005	0.244
BB	125	5,8	3.4	0,51	0,56	0		6	0.008 – 0.108	0.243
HA	82	5,8	3.5	0,60	0,63	0		2	0.006 – 0.012	0.208
						0		1	0.011	
SN	45	5,6	3.6	0,60	0,62					0.173
RP	18	4,0	3.2	0,56	0,59	0		2	0.111 – 0.278	0.293
SN_{zoo}	12	3,0	2.8	0,69	0,61	0		0		0.452
Bre_{zoo}	5	2,1	2.1	0,60	0,44	0		5	0.200 – 0.600	0.668
Mad	50	3,9	2.9	0,58	0,58	0		5	0.010 – 0.190	0.434
Cas	42	3,5	2.9	0,59	0,55	0		4	0.012 – 0.098	0.441
Gal	29	3,2	2.8	0,63	0,59	1	0.536	14	0.018 – 0.536	0.455
And	19	3,8	2.8	0,59	0,55	0		12	0.028 – 0.523	0.418
Bal	13	2,4	2.2	0,40	0,40	0		3	0.115 – 0.885	0.622
NA	160	12,2	5.0	0,73	0,77	51	0.003 – 0.078			0.087

b)

Site	*N*	*A*	A_R	H_O	${}_uH_E$	${}_pA$	freq$_P$*A*	${}_pAb$	freq$_P$*Ab*	*TrioML*
HE	188	6,3	3.8	0,57	0,59	1	0.005	10	0.003 – 0.024	0.240
BB	117	5,8	4.3	0,51	0,56			6	0.009 – 0.098	0.240
HA	79	5,7	4.4	0,60	0,62			2	0.006 – 0.135	0.201
SN	37	5,4	4.5	0,60	0,61			1	0.014	0.179
RP	12	3,5	3.4	0,55	0,52			2	0.042 – 0.292	0.382
Zoo	57	6,8	5.1	0,58	0,66					0.122
Mad	50	3,9	3.2	0,58	0,57			5	0.010 – 0.190	0.434
Cas	42	3,5	3.2	0,59	0,54			4	0.012 – 0.098	0.441
Gal	29	3,2	3.1	0,63	0,58	1	0.536	14	0.018 – 0.536	0.454
And	18	3,7	3.3	0,59	0,52			12	0.028 – 0.523	0.443
Bal	13	2,4	2.4	0,40	0,38			3	0.115 – 0.885	0.621
NA	158	12,2	7.0	0,73	0,76	51	0.003 – 0.078			0.086

c)

Site	*N*	*A*	A_R	H_O	${}_uH_E$	${}_pA$	freq$_P$*A*	${}_pAb$	freq$_P$*Ab*	*TrioML*
D	439	8,3	6.5	0.57	0.64	1	0.002			0.146
E	157	7.6	7.0	0.58	0.71	1	0.096			0.185
NA	153	12.3	10.5	0.73	0.77	47	0.003 – 0.072			0.090
Zoo	57	6.8	6.8	0.58	0.66					0.125

N = sample size, *A* = average number of alleles per locus, A_R = allelic richness (based on a minimum sample size of 5 diploid individuals), H_O & ${}_uH_E$ = observed and unbiased expected heterozygosities, ${}_pA$ = number of private alleles in the dataset, freq$_P$*A* = frequency range of private alleles, ${}_pAb$ = number of private alleles within the respective country, freq$_P$*A* = frequency range of private alleles in the respective country, *TrioML* = average relatedness estimate.

Both introduced populations in Germany and Spain each had one private allele ($_pA$), neither of which was found in the samples from North America. Considering the number of private alleles within the respective countries ($_pAb$), HE and BB in Germany as well as Gal and And in Spain had a relative high number of private alleles. The number of private alleles in the other clusters in the non-native range varied between one and five, with no private alleles occurring in the zoo clusters. The relatedness estimates TrioML calculated in COANCESTRY indicated a high overall relatedness in the younger clusters, i.e. the Spanish clusters, the German cluster RP (where a complete family of raccoons was sampled), as well as in the zoo clusters Brezoo and SNzoo (Table 3.2).

3.4 DISCUSSION

Established populations and source of origin of the raccoon in Germany and Spain

Captive stocks of raccoons and most introduced populations start usually with a small number of founders, so that they must have undergone a genetic bottleneck during a foundation. The limited number of observed haplotypes in Germany (six) and Spain (four) indicate that the raccoon in Europe is likely to originate from a small number of founders, given that mtDNA diversity is high in the natural range of the species (76 haplotypes; Cullingham et al. 2008). Anyhow, as the native population structure of the raccoon in North America is rather weak, it was not possible to identify the exact source region of most European invasive populations. The haplotypes dominating in Europe (particularly haplotypes PLO2 and PLO13) are widespread in North America. Less widespread in the native range are the haplotypes PLO66 and PLO57. The former has been recorded from Kansas, suggesting that the populations on the Balearic Islands and in Castile-La Mancha (Central Spain) may have their source there. Haplotype PLO57 was recorded in Minnesota. In the invasive range, this haplotype was only found in a raccoon family at the range margin in Rhineland-Palatinate, supporting the hypothesis that these individuals are escaped pets rather than recent dispersers from the population in Hesse. Thus the identification of this haplotype supports the hypothesis of Fischer et al. (2015) that STRUCTURE-cluster RP essentially consisted of recently introduced individuals. The results of BAPS, Geneclass, FCA as well as the F_{ST}-values show that these individuals as well as some individuals from German zoos rather match the native population than the populations in the invasive range.

Despite the loss of genetic diversity compared to the native range, the raccoon is a successful invader and even though genetic diversity is lower than in the natural range, it still seems to be large enough to avoid any negative effects for the population. On the basis of the microsatellite analysis, we found 14 genetic clusters in the non-native range, supporting the hypothesis of multiple introductions and ongoing releases of raccoons in Europe (see Fischer et al. 2015). Multiple introductions are known to enhance the establishment success and expansion of non-native species, as they help to overcome

genetic founder events by the increase of genetic diversity, especially if the founder individuals are from distinct sources (Sakai et al. 2001, Kolbe 2007, Dlugosch & Parker 2008, Schulte et al. 2012; Frantz et al. 2013; Fischer et al. 2015). So far, the results for Germany of this study are in line with the findings of our previous study (Fischer et al. 2015), even though we used an extended data set (including zoo specimens and further sampling at the range margin), but a reduced set of microsatellite loci (16 instead of 20 loci). One exception is the cluster of individuals from the city of Kassel in Hesse (see cluster KA in Fischer et al. 2015), which does not form a separate population in this analysis, indicating that the genetic differentiation might have been an artefact of the clustering method due to closely related family lineages before. Our data from Spain support the hypothesis of recent releases of individuals leading to geographically and genetically distinguished populations, i.e. multiple founder events.

Genetic consequences of the raccoon invasion in Germany and Spain

We detected a major difference in genetic differentiation between the populations in Spain and Germany (Figure 3.3). The German populations are genetically more similar than the Spanish populations, suggesting that either, the founders had a higher genetic relatedness, or that recent admixture decreased the level of differentiation. Given that the German populations have been established for about 80 years (which means 40 to 80 generations) and that the species is quite dispersive, a genetic homogenization caused by genetic admixture is not surprising. By contrast, the plot of the genetic distances based on the microsatellites (Figure 3.3) corroborates the distinctive genetic composition of the Spanish populations. Given that individuals in Spain had a high degree of relatedness in respective to the different populations, it will become interesting to study if inbreeding may negatively affect the young Spanish populations. However, the incipient contact between the two subpopulations Mad and Cas at the river Henares (Figure 3.2; Alda et al. 2013) and periodic introductions of new individuals in this area may compensate this process (Dlugosch and Parker 2008; Witzenberger and Hochkirch 2011). Strong genetic structure is typical of introduced populations at early stages of invasion (Schulte et al. 2013), but the high genetic diversity of recently founded raccoon populations in Spain might raise concerns as it may enhance invasion success if the populations started to merge in the future.

***Ex-situ* populations of invasive species**

Accidental or deliberate releases of household pets or individuals from zoos are fairly common and known to have caused several invasions (Hulme 2007). The raccoon is one of these species and it has been suggested that some small, isolated feral populations were integrated into the larger population during expansion, increasing the invader's genetic potential (Lutz 1984; Alda et al. 2013; Fischer et al. 2015). Gaining a more precise understanding of the genetic constitution of individuals in captivity

may therefore have implications for the identifications of invasion pathways as well as for the species' further genetic development.

Almost all individuals of captive stocks were part of the same genetic cluster as the wild-caught individuals in the surroundings, indicating an extensive exchange. These common genetic clusters are probably mainly caused by integration of wild-caught individuals into zoo populations. However, some are also caused by recent escapes or releases. On the other hand, some zoo populations are quite isolated, e.g. the highly related individuals of the zoo in Bremerhaven (Brezoo) as well as the zoos Hirschfeld and Limbach in eastern Germany in federal state Saxony (SNzoo) built distinct genetic clusters. While the SNzoo individuals had no private alleles and overlapped with clusters SN and BB in the FCA, Brezoo individuals had a high number of private alleles and a close relationship to cluster NA in the FCA. Therefore, there is even a potential to increase the genetic diversity of the invasive populations in case of an escape.

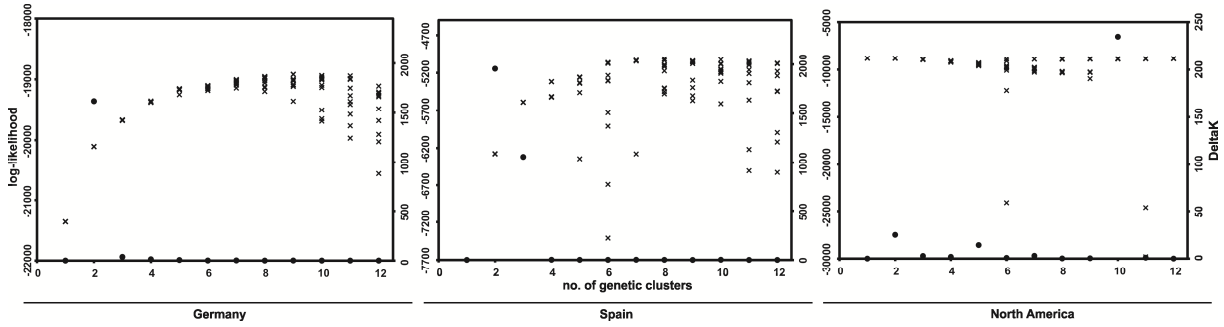
Given that periodic introductions of new individuals is a problem in both European countries, control of pet trade is essential in management efforts concerning this species. As the 'polluter-pays' principle is generally considered an efficient instrument in environmental policy, especially for its deterrent and preventive effect, genotyping commercial stocks might be a possibility for limiting illegal or accidental releases and subsequent range expansions.

3.5 ACKNOWLEDGEMENTS

The work is funded by the German Science Foundation (DFG, GRK 1319) as part of the interdisciplinary graduate school 'Cooperation of Science and Jurisprudence in Improving Development and Use of Standards for Environmental Protection – Strategies for Risk Assessment and Management'. We would like to thank the following people and institutions for their invaluable help in providing samples for this study in Central Europe: N Adams, A Backes, H Baczynski, A Baumgärtel, M Beiermeier, M Bensch, H Bodenstein, A Boldt, P Borkenhagen, K Börner, S Braune, G Braungardt, M Brück, R Budzinsky, F Busse, M Dietrich, S Dietzel, HU Eskens, T Festerling, H Finsterwalder, J Forneberg, S Gunkel, H Heim, W Hochsteiner, L Höser, D Hoff, L Hopfer, K Hoppe, U Kaim, N Kann, M Keitlinghaus, M Ködel, R Köppel, J Kuckenberg, U Kücken, H Langerzig, U Löffler, B Lorenz, G Mackenberg, J Malzhackes, H Matze, K-G Meyer zu Hölsen, BA Michler, E Mroos. A Müller, D Müller, F Müller, M Müller, H Pfaff, B Pietsch, H Rathaj, K-F Reckling, W Rohrmann, M Runge, M Sandrini, T Schäfer, K-H Schaper, L Schley, A Schliephake, K Schlüter, H Schomers, W Schreiber, K Schuchhardt, S Schwarz, D Smyrek, M Sonntag, P Steinbach, K Störzer, S Stry, A Stubbe, M Stubbe, K van den Berge, E Veile, R-K Wagner, M Warias, FG Wassermann, E Weiler, R Weiler, M Went, H Wilhelmi, U Wittstatt, R Wolf, B Zimmermann, T zur Löwen, Biotopwildpark Anholter Schweiz, Greifvogelpark Saarburg, Landesbetrieb Hessisches Landeslabor,

Wildpark Grafenberg, TierArt e.V., Tierpark Bischofswerda, Tierpark Finsterwalde, Tierpark Hirschfeld, Tierpark Johannismühle, Tierpark Kunsterspring, Tierpark Limbach, Tierpark Sassnitz, Tierpark Zittau, Waldzoo Gera, Wildpark Alte Fasanerie, Wildpark Christianental, Wildpark Eekholt, Wildpark Grafenberg, Wildpark Pforzheim, Wildpark Schorfheide, Zoo am Meer Bremerhaven, Zoo Heidelberg, Zoo Neunkirchen, Zoo Neuwied, Zoo Siegelbach, Zoo Wasserstern Ingolstadt, as well as following wildlife managers and technicians from Spanish regional ministries of environment for providing raccoon genetic samples in Spain: Jesús de Lucas Veguillas (Junta de Comunidades de Castilla-La Mancha), Iván Ramos, Lluís Parpal and Jessica Solà (Govern de les Illes Balears), Jesús Montoro, Elisa Cacharro, Pablo Prieto and Tatiana Álvarez (Comunidad de Madrid), Guillermo Ceballos and Javier Vázquez (Junta de Andalucía), Alfredo González and Cristóbal Torres (Generalitat Valenciana), Antonio Callejo and María Elisa de Tomé (Xunta de Galicia), Francesc Mañas (Generalitat de Catalunya). Isabel Rey and Beatriz Álvarez provided raccoon samples from ADN and Tissue Collection of Spanish National Museum of Natural Sciences (MNCN). We would further like to thank Sarah Betz for her help in the lab and Matthew Hayden for preparing the DNA samples of the native range.

3.6 APPENDIX / ONLINE RESSOURCE



Online Resource Figure S3.1: Log-likelihood values for STRUCTURE *K* = 8 for Germany (and individuals in Belgium and Luxembourg), K = 7 for Spain and K = 2 for North America. Plot of the number of STRUCTURE clusters tested against their estimated log-likelihood (x) and Delta*K* (•).

3.7 REFERENCES

Alda F, Ruiz–López MJ, García FJ, Gompper ME, Eggert LS et al. (2013). Genetic evidence for multiple introduction events of raccoons (*Procyon lotor*) in Spain. Biological Invasions 15, 687–698.

Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (1996–2004). GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier.

Cheng L, Connor TR, Sirén J, Aanensen DM, Corander J (2013). Hierarchical and spatially explicit clustering of DNA sequences with BAPS software. Molecular Biology and Evolution 30(5), 1224–1228.

Cullingham CI, Kyle CJ, White BN (2006). Isolation, characterization and multiplex genotyping of raccoon tetranucleotide microsatellite loci. Molecular Ecology Notes 6, 1030–1032.

Cullingham CI (2007). Analysis of the Genetic Structure of Raccoons (Procyon Lotor) Across Eastern North America: Applications for Wildlife Disease Management. Canadian theses, Trent University, Canada, 1–150. ISBN 0494290579, 9780494290576

Cullingham CI, Kyle CJ, Pond BA, White BN (2008). Genetic structure of raccoons in eastern North America based on mtDNA, implications for subspecies designation and rabies disease dynamics. Can J Zool 86, 947–958.

Dlugosch KM, Parker IM (2008). Founding events in species invasions, genetic variation, adaptive evolution, and the role of multiple introductions. Molecular Ecology 17, 431–449.

Fernández-Aguilar X, Molina-Vacas G, Ramiro V, Carro FA, Barasosa JÁ, Vicente J, Gutiérrez C (2012). Presence of raccoon (Procyon lotor) in Doñana National Park and its surroundings. Galemys 24, 76-79.

Fike JA, Drauch AM, Beasley JC, Dharmarajan G, Rhodes OE (2007). Development of 14 –multiplexed microsatellite loci for raccoons *Procyon lotor*. Molecular Ecology Notes 7, 525–527.

Fischer ML, Hochkirch A, Heddergott M, Schulze C, Anheyer–Behmenburg HE, Lang J, Michler FU, Hohmann U, Ansorge H, Hoffmann L, Klein R, Frantz AC (2015). Historical Invasion Records Can Be Misleading, Genetic Evidence for Multiple Introductions of Invasive Raccoons (Procyon lotor) in Germany.PLoS ONE 10(5), 1–17.

Frantz AC, Heddergott M, Lang J, Schulze C, Ansorge H, et al. (2013). Limited mitochondrial DNA diversity is indicative of a small number of founders of the German raccoon (*Procyon lotor*) population. European Journal of Wildlife Research 59, 665–674.

García JT, García FJ, Alda F, González JL, Aramburu MJ, et al. (2012). Recent invasion and status of the raccoon (*Procyon lotor*) in Spain. Biol Invasions14, 1305–1310.

Goudet J (2001). FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices version 2.9.3.2, updated from Goudet 1995.

Hohmann U, Bartussek I (2011). Der Waschbär. Verlag Oertel and Spörer, 3rd edn., Reutlingen (in German).

Hulme PE (2007). Biological invasions in Europe, drivers, pressures, states, impacts and responses. In, Hester RE and Harrison RM (ed) Issues in Environmental Science and Technology, No. 25, Biodiversity Under Threath. Royal Society of Chemistry, Cambridge, 56–80.

Hulme PE, Bacher S, Kenis M, Klotz S, Kühn I, Minchin D, Nentwig W, Olenin S, Panov V, Pergl J, Pyšek P, Roques A, Sol D, Solarz W, Vilà M (2008). Grasping at the routes of biological invasions, a framework for integrating pathways into policy. Journal of Applied Ecology 45(2), 403–414.

Keller SR, Taylor DR (2010). Genomic admixture increases fitness during a biological invasion. Journal of Evolutionary Biology 23(8), 1720–1731.

Kettunen M, Genovesi P, Gollasch S, Pagad S, Starfinger U, Ten Brink P, Shine C (2009). Technical support to EU strategy on invasive alien species (IAS)–Assessment of the impacts of IAS in Europe and the EU. Brussels, Institute for European Environmental Policy.

Kolbe JJ, Glor RE, Schettino LR, Lara AC, Larson A, Losos JB (2007). Multiple sources, admixture, and genetic variation in introduced Anolis lizard populations. Conservation Biology 21(6), 1612–1625.

Lutz W (1984). Die Verbreitung des Waschbären (*Procyon lotor*, Linné 1758) im mitteleuropäischen Raum. Zeitschrift für Jagdwissenschaft 30, 218–228.

Manel S, Berthier P, Luikart G (2002). Detecting wildlife poaching, identifying the origin of individuals with Bayesian assignment tests and multilocus genotypes. Conservation biology 16, 650–659.

Paetkau D, Slade R, Burden M, Estoup A (2004). Direct, real–time estimation of migration rate using assignment methods, a simulation–based exploration of accuracy and power. Molecular Ecology 13, 55–65.

Peakall R, Smouse PE (2012). GenAlEx 6.5, genetic analysis in Excel.Population genetic software for teaching and research—an update.Bioinformatics 28, 2537–2539.

Piry S, Alapetite A, Cornuet JM, Paetkau D, Baudouin L et al. (2004). GENECLASS2, A Software for Genetic Assignment and First–Generation Migrant Detection. Journal of Heredity 95, 536–539.

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155, 945–959.

Rousset F (2008). genepop'007, a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. Molecular Ecology Resources 8, 103–106.

Sakai AK, Allendorf FW, Holt JS, Lodge DM, Molofsky J, et al. (2001). The population biology of invasive species. Annual Review of Ecology and Systematics 32, 305–332.

Schulte U, Veith M, Hochkirch A (2012). Rapid genetic assimilation of native wall lizard populations (*Podarcismuralis*) through extensive hybridization with introduced lineages. Molecular Ecology 21, 4313–4326.

Schulte U, Veith M, Mingo V, Modica C, Hochkirch A (2013). Strong genetic differentiation due to multiple founder events during a recent range expansion of an introduced wall lizard population. Biological invasions 15(12), 2639–2649.

Siripunkaw C, Kongrit C, Faries KM, Monello RJ, Gompper ME, et al. (2008). Isolation and characterization of polymorphic microsatellite loci in the raccoon (*Procyon lotor*). Molecular Ecology Resources 8, 199–201.

Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipski A, Kumar S (2013). MEGA6, molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. Molecular biology and evolution 30 (12), 2725–2729.

Walsh PS, Metzger DA, Higuchi R (1991). Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR–based typing from forensic material. Biotechniques 10, 506–513.

Wang J (2007). Triadic IBD coefficients and applications to estimating pairwise relatedness. Genetic research 89, 135–153.

Wang J (2011). COANCESTRY, a program for simulating, estimating and analysing relatedness and inbreeding coefficients. Molecular Ecology Resources 11, 141–145.

Weir BS, Cockerham CC (1984). Estimating *F*–statistics for the analysis of population structure. Evolution 38, 1358–1370.

Witzenberger KA, Hochkirch A (2011). Ex situ conservation genetics, a review of molecular studies on the genetic consequences of captive breeding programmes for endangered animal species. Biodiversity and Conservation 20(9), 1843–1861.

CHAPTER IV

Ambitious advances of the European Union in the legislation of invasive alien species

Beninde J, Fischer ML, Hochkirch A, Zink A

Article accepted for publication

Beninde J, Fischer ML, Hochkirch A, Zink A (2015). Ambitious advances of the European Union in the legislation of invasive alien species. Conservation Letters 8 (3), 199–205.

ABSTRACT

Conservation legislation provides a legal basis for conservation action and is crucial for effective conservation management. In April 2014, the European Parliament agreed upon a proposal for an EU-wide regulation to combat invasive alien species (IAS). The proposal incorporates many Guiding Principles of the Convention on Biodiversity for dealing with IAS. In addition, to prevention, eradication, management, and control it involves scientists, stakeholders and the public in decision making processes. It goes further by applying the “polluter-pays” principle: costs of damage induced by IAS and costs for restorationare shifted to the natural person, that is, a human being, or legal person, for example a company, state, etc., responsible for a species introduction. Because of its deterrent and preventive effect, the “polluter-pays” principle is a valued instrument in environmental policy. It now depends upon the Council of the European Union to agree on the ambitious proposal and adopt this modern conservation legislation. However, we recommend further improvements to achieve effective conservation management. Member States need to coordinate actions and adapt measures to newest scientific findings, best accomplished by a European center of IAS. Securing sufficient funding for such acenter would greatly increase the likelihood of the regulation to facilitate efficientconservation initiatives. *Before this publication went to press the Council of the European Union adopted this regulation (22. October 2014) in the version of the second proposal as referred to in this text.*

4.1 INTRODUCTION

Invasive alien species (IAS) are considered the second largest driver of biodiversity loss worldwide and, as such, they are recognized as a major cause of species extinctions (Millennium Ecosystem Assessment 2005). Currently 12,122 alien species (DAISIE-project July 2014) have been documented in Europe. Of these, more than 15 % are considered invasive, with ecological or economic impacts documented for 1094 and 1347 species, respectively (Vilà et al. 2010). Economic damage alone is estimated >12.5 billion Euro per annum in the EU through impact on human health or damage to agriculture and infrastructure (Kettunen et al. 2009). Ecological impacts of IAS range from competition, predation on and hybridization with native species, transmission of parasites and pathogens, alteration of habitats, disruption of ecosystem functioning and services to extinction of native species (Kettunen et al. 2009), but an economic valuation of these impacts remains difficult (Born et al.2005). The majority of IAS are introduced accidentally, however, many species are intentionally released as pet species, game animals, exotic plants for gardening, as biological control agents or in forestry and agriculture for economic reasons (Hulme et al. 2008).

To reduce the adverse effects of IAS efficient strategies are needed (Lockwood et al. 2007). However, regulations within legally binding documents among EU member states vary widely (EU Commission 2013). Only few countries cover all aspects called for by scientists and practitioners to efficiently combat IAS (EU Commission2011). Using the Guiding Principles of the Conventionon Biodiversity (CBD) as an orientation, the following components of an efficient strategy against IAS can be considered critical: (1) risk assessment strategy for prioritization of species, (2) black listing of priority species, (3) prevention by minimizing effects of most important vectors, (4) establishment of an early warning and rapid response system, (5) control and management of IAS as well as restoration of ecosystems, (6) a central body of coordination of all measures, (7) liability for environmental damage caused by IAS, (8) consultation by a scientific advisory board facilitating rapid adaptation to new scientific findings, (9) installation of financing instruments, (10) public awareness raising, and (11) international cooperation (CBD 2002; see also Lockwood et al. 2007; Caffrey et al.2014).

On September 9, 2013, 10 years after the European Strategy on IAS was adopted (Genovesi and Shine 2004), the EU Commission (EC) published a “Proposal for a Regulation of the European Parliament and of the Council on the Prevention and Management of the Introduction and Spread of Invasive Alien Species” (EU Commission 2013b). Unlike other elements of the EU environmental legislation, such as the birds (2009/147/EC) or habitats (92/43/EEC) directives, regulations take direct legal effect in Member States without having to be transformed into national law. This regulation is necessary to reach the self-proclaimed goals of biodiversity protection within the EU (Aichi Biodiversity Targets 2011; EU Commission2011a) and to fulfill the obligations arising from the CBD. The European Parliament (EP) supported the proposal of the regulation on IAS by the EC, but voted to include

additional amendments suggested by its Environmental Committee (for simplicity we refer to the initial proposal of September 2013 as the first proposal and to the amended proposal of the EP of April 16, 2014 as the second proposal (European Parliament 2014)). Based on Article 192 of the Treaty on the Functioning of the European Union (TFEU), a proposal needs to be adopted by the EP and the Council of the European Union (Council) in a co-decision procedure to become operative. The Council can either accept the second proposal or reject it. In case of rejection, the EP has to perform a second reading and incorporate criticized aspects of the Council until agreement over particulars can be reached (Figure 4.1). Finally, the accepted proposal will become an operative regulation and enter into force earliest in 2015 or 2016. This regulation will become the third legislative instrument dedicated to the conservation of nature, following on the influential birds and habitats directives (Hochkirch et al. 2013) and its implementation is suspected to profoundly affect conservation initiatives within the EU. We here give an overview of what this regulation entails and how it can be made more efficient, bridging a gap between legal particulars of environmental policy and itsimplications for practical implementation.

4.2 THE REGULATION AND POTENTIAL FOR ITS IMPROVEMENT

In the following, we provide an overview of the current state of the second proposal, including the improvements made by the EP and compare it to the first proposal. We introduce the general mode of action and instruments, that is, lists, risk assessments as well as measures, and further elaborate on ways to create a more efficient legislation.

4.2.1 Legal scope

The proposed regulation and all measures it entails will only take effect for species listed on the List of IAS of Union concern (see later section 4.2.3 *List of IAS of Union concern*). Generally, this can apply to any IAS in the EU, provided that a requirement for action has been demonstrated through risk assessment (see later section 4.2.2 *Risk assessment*). Exempted a priori from the scope are IAS already regulated through existing EU Law of other sectors, such as Genetically Modified Organisms (GMOs; Directive 2001/18/EC), microorganisms used in biocidal or plant protection products (Regulation [EU] No. 528/2012), animal disease species (COM (2013) 260 final) and plant pests (COM (2013) 267). At this point, the second proposal expands the scope compared to its predecessor by also including species used in aquaculture (listed on Annex VI of Regulation (EC) No. 708/2007).

Apart from the above-mentioned exceptions, candidate species have to be “alien” and “invasive” to be eligible for listing. Concise definitions of terms are thus critical. Here, the second proposal includes two novelties: species invasive to one part of the Union, but native to another Member State are now included in the definition of “alien,” an important addition, as the EU territory spans several

biogeographic regions, potentially covering both the native and invasive range of a species (e.g., Schulte et al. 2012). Second, a species can also be considered "alien" when it "migrated into its present distribution" without human intervention (Article 3–point 1, second proposal). This inclusion is conditional on a negative impact of that species in its newly colonized range (Recital 7, second proposal). However, this inclusion is not in line with Article 2b, which excludes all species "changing their natural range without human intervention, in response to changing ecological conditions and climate change," which remained unchanged. This inconsistency needs clarification by the EC before the final adoption of the regulation.

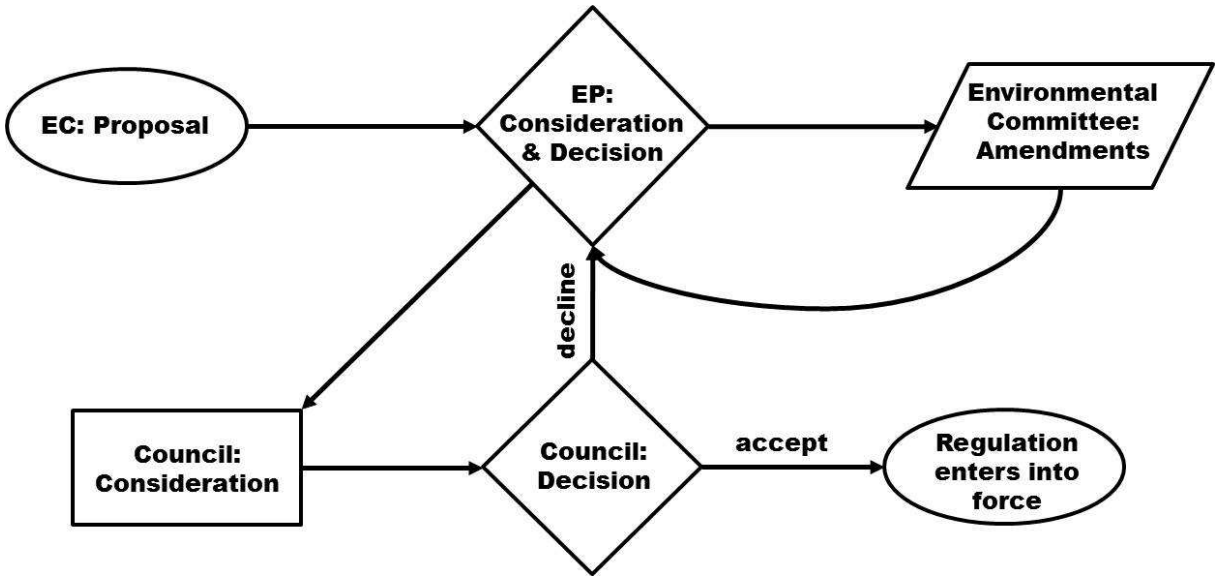


Figure 4.1: Overview of EU legislative procedure: co-decision procedure based on Art. 192 and Art. 294 TFEU. The proposal by the European Commission (EC) was forwarded from the European Parliament (EP) to its Environmental Committee for review. The amended proposal, referred to as second proposal in the text, was adopted by the EP (April 16, 2014) and is now under consideration by the Council of the European Union (Council) which will have to decide on the issue before the regulation can enter into force. In case the Council declines the second proposal the EP can respond with modifications, which both the EP and the Council will have to adopt in a further decision making procedure.

4.2.2 Risk assessment

Both the List of IAS of Union concern and risk assessments provide tools for prioritization of IAS and enable investment of resources and application of measures to be based on risk and scientific knowledge. Risk assessments constitute the evaluation of natural characteristics and biogeographical patterns of IAS with regard to potential and existing impacts on biodiversity, ecosystem services, and the economy. Prioritizing species requiring action at Union level, the List of IAS of Union concern is composed pursuant to risk assessments. These must include a description of the IAS, information on its native and potential range, patterns of reproduction and spread, potential pathways of entry into the EU, an assessment of negative impacts on biodiversity and ecosystem services as well as a quantified forecasts of economic damage at Union level (Article 5 (1) lit. a–h). Risk assessments are to be carried out by the EC or the EU Member States proposing species for listing. The type of scientific evidence

admissible for risk assessments shall be specified by the EC through the adoption of delegated acts (a special form of legal acts by the EC). Given the broad empowerment of the EC to specify both the extent and quality of data and evidence admissible for proper conduct of risk assessments, a detailed methodology for risk assessments taking into account national and international standards will also be adopted (Article 5). This is an important step, as already, heterogeneity of scientific approaches regularly leads to difficulties in risk assessments (Born et al. 2005).

Economic valuation of IAS, for example, are particularly complex (Born et al. 2005) due to disparities in feasibility and ease of quantification of different economic values of species (Lockwood et al. 2007). Many ecological impacts represent non market values and they are generally more difficult to quantify than market values (Charles and Dukes 2007; Kelly et al. 2013). This can be pivotal for the process of prioritization of IAS, which is strictly bound to the information delivered by risk assessments. Despite a broad scope of information input to the risk assessment (Article 5 (1) lit. a–h), most important, and presumably decisive for prioritization, will be “economic damage, including that deriving from biodiversity loss” (Article 5 (2) first proposal). This also includes economic damage to human health (an amendment of the second proposal). Although this improvement complies with CBD recommendations, precise terms on how such costs shall be estimated remain unspecified. Also, how non-market values are provisioned for in the future regulationis still an open question.

4.2.3 List of IAS of Union concern

The List of IAS of Union concern constitutes another core element of the regulation, as all efforts and strategic measuresare exclusively focused on the species listed here. Being listed is thus imperative for IAS to be managed within the framework of the regulation. The requirement for being published on the List of IAS of Union concern is a demonstration, through risk assessment of available scientific evidence (Article 4), that a species’ impact makes action at Union level necessary. This prioritization of IAS requires availability of scientific data on multiple aspects of a species’ distribution, behavior, and life history traits (Lockwood et al. 2007). Empirical findings will not meet all requirements for listing for all species and scientific uncertainties will thus persist beyond risk assessments throughout the process of prioritization. The EC is supported in the compilation of the List of IAS of Union concern by a body of scientists, the “Scientific Forum” (a key amendment of the second proposal). A major function of the Scientific Forum is the provisioning of guidance on this process, especially when dealing within complete and uncertain data.

As a major improvement, the second proposal also reversed the space-limit of the List of IAS of Union concern, initially set to 50 species in the first proposal, now leaving it open ended. In addition, the second proposal introduces a List of IAS of Member State concern, which was also amiss previously. Member states are empowered to apply measures of prevention (Art. 7 (1) lit. a–g), early detection, control and eradication to IAS of Member State concern at their own discretion.

Generally, it will be decisive how high a standard theEC will set, in regard to the negative impact of IAS, before it sees the requirement of action at Union level to be fulfilled, in order to prevent further establishment and spread (Article 4, 2 c). Given the overarching importance for species of being listed and there being no point of enough for publication on the List of IAS of Union concern, this process would benefit further elucidation and transparency.

This is especially important as the proposed regulation aims to review and update the List of IAS of Union concern (Article 19, 3) five years after adoption of the regulation, at the earliest. Monitoring obligations are scheduled every 4 years thereafter (EU Commission 2013a). Generally, the importance of species being listed in instruments of conservation policy has recently been emphasized by Casado (2013). While lists generally serve as powerful tools in conservation policy, their major drawback is infrequent synchronization with newly accumulating scientific knowledge (Casado 2013; Hochkirch et al. 2013).Therefore, it is critical that results of monitoring and new scientific findings are used more regularly for updates of lists (Hochkirch et al.2013). The 4-year interval for monitoring and reporting obligations does not take potentially exponential expansion of IAS into account (Lockwood et al. 2007) and jeopardizes a precautionary approach to invasions. The second proposal thus needs improvement by installing a fast track updating procedure, when rapid action is needed.

4.2.4 Measures

The provisions of the proposals contain preventive and reactive measures towards introduction and release of IAS within EU territory. Preventive measures include early detection and rapid eradication. Reactive measures cover eradication, population control or containment, elevation of resilience of ecosystems and implementation of surveillance systems. Differentiation between preventive and reactive measures is based on the “three-stage hierarchical approach” as set out in the “Guiding Principles for the management of IAS” of the CBD (CBD 2002). It acknowledges the need to differentiate stages of biological invasions (Williamson 1996) and adjust measures accordingly based on cost-effectiveness. All measures, from prohibition or import of IAS into the EU to national action plans and national surveillance systems for border controls, have to be implemented by the EU Member States (Articles 7 to 18).

In another major amendment of the second proposal the “polluter-pays” principle is introduced. It ensures that not society as a whole, but the natural or legal person responsible for intentional or negligent introduction or spread of species on the List of IAS of Union concern is held accountable for the damage induced and will bear the costs of restoration. Invasion science demands the application of the “polluter-pays” principle to finance costs of eradication and restoration (Hulme et al. 2008). The principle is well accepted in international environmental law as it remedies ecosystem damage due to its deterrent effect on natural and legal persons to introduce or facilitate the spread of IAS in the EU,

in addition to ensuring funding of restoration measures (Perrault et al. 2002). Furthermore, member states can impose other sanctions against responsible natural or legal persons (Article 24).

The proposed regulation explicitly allows MemberStates to maintain and lay down more stringent national rules to combat IAS of Union or Member State concern (Article 10). Moreover, Member States may derogate from the regulation if they can provide sufficient evidence to the EC, that no significant negative cross-border effects are to be expected (Article 4a second proposal). As some EU Member States have already installed units to prevent, control, and manage IAS and have legally binding national lists of IAS in place, this flexibility of the regulation is central to make use of existing structures and systems of Member States.

4.2.5 Committee, scientific and consultation forum

The proposals include a committee composed of competent ministers of Member States (Article 22 within the meaning of Regulation (EU) No. 182/2011 of February 16, 2011) for assistance and decision making in the procedure of compilation and updating of lists.

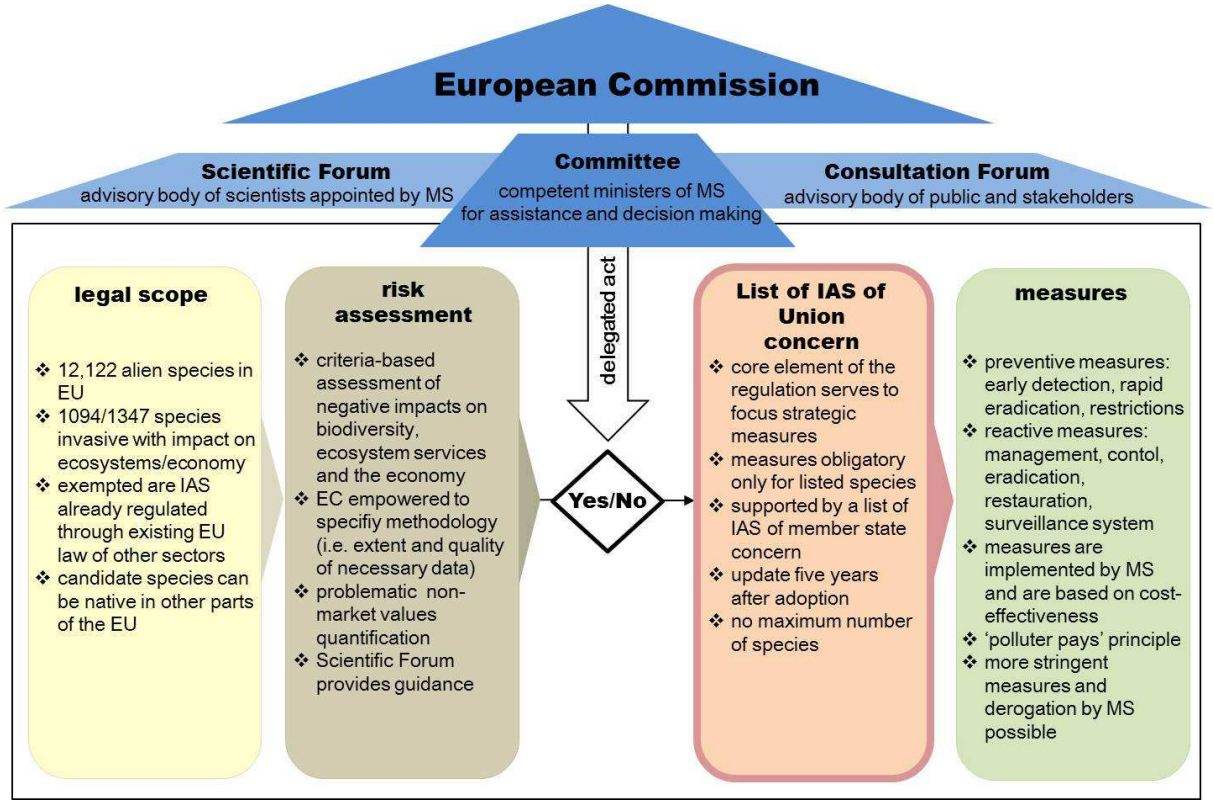


Figure 4.2: Mode of action of the proposed regulation including the amendments of the second proposal. Measures will only be implemented for those species listed on "The List of IAS of Union concern" and this instrument of the proposal is more boldly framed to emphasize the overarching importance of the list. Decisive for inclusion on the list is the requirement of action at Union level to prevent further damage and spread of IAS, which has to be demonstrated through risk assessments of candidate species; MS, member states.

The second proposal additionally suggests the establishment of a dedicated scientific body, "Scientific Forum," to provide opinions concerning species considered for risk assessment and to conduct risk

assessments upon request of the EC as well as a “Consultation Forum” for public and stakeholder participation (Figure 4.2). Inclusion of these advisory bodies in the decision making process of the List of IAS of Union concern, in management measures and for information exchange are essential improvements over the first proposal.

However, one of the most important measures still lacking in the second proposal is the constitution of a broadly empowered European Center of IAS. This institution should centralize information accruing from the regulation, supervise and serve as a specialist contact point for tasks like risk assessment, prioritization, and amendments to the the List of IAS of Union concern, classifying monitoring results and trends of IAS and coordinating subsequent EU-wide actions of control and management. The establishment of an EU Center of IAS has already been proposed by Hulme et al. (2009) and was iterated by Caffrey et al. (2014) and could be similar to other implemented EU agencies, for example the European Food Safety Authority (EFSA) or the European Center for Disease Prevention and Control (ECDC). These agencies work in close collaboration with national authorities, provide scientific advice, coordinate flow of information and facilitate joint actions, conduct risk assessments, and strengthen surveillance and early warning systems. All of these tasks are also entailed in this regulation. Moreover, the proposed Scientific Forum could affiliate here and facilitate scientific coherence of measures adopted by the EC, thus providing a basis for meeting set objectives. A European Center of IAS would greatly increase the efficacy of the regulation, but, in lack of any EU financing instruments thus far, formation of such a center seems a distant goal. To date, financing will rely heavily on Member States. However, under the LIFE Program, the funding instrument of the EU for the environment, projects of Member States leading to effective implementation of this regulation could be co-financed through the EU.

4.3 LEGISLATIVE FUTURE

The proposed regulation in its current version of the second proposal conveys the impression that criticism expressed toward the first proposal (Carboneras et al. 2013; Joint Call 2013) was taken seriously by the Environmental Committee of the EP, which formulated the amendments (i.e., inclusion of the Scientific and Consultation Forum, the removal of the cap to 50 species of the List of IAS of Union concern, and more strict control measures). Furthermore, the second proposal employs the polluter pays principle toward environmental costs of IAS. We appreciate this science-backed approach in dealing with biological invasions in the EU and it is essential that the Council of the EU does not backpedal from the ambitious second proposal. Nevertheless, the Council has the capability

of further improvement. Before its adoption in the upcoming decision of the Council of the EU, the second proposal needs a second reading in the EP with updates to include shorter time intervals for monitoring obligations, elucidation on economic valuation of species, and sufficient funding for

implementation of the regulation, intended especially for an EU Center of IAS. It is to be feared that without the creation and appropriate funding of such an agency, all good intentions of the second proposal might nonetheless fail to create efficient conservation initiatives for the European Union.

4.4 ACKNOWLEDGMENTS

We thank P. Genovesi and two anonymous reviewers for useful comments on a previous draft of the manuscript. All authors are members of the interdisciplinary graduate school "Cooperation of Science and Jurisprudence in Improving Development and Use of Standards for Environmental Protection – Strategies for Risk Assessment and Management" funded by the German Science Foundation (DFG, GRK 1319).

4.5 REFERENCES

Born W, Rauschmayer F, Bräuer I (2005). Economic evaluation of biological invasions —a survey. Ecological Economics 55, 321–336.

Caffrey JM, Baars J-R, Barbour JH et al. (2014). Tackling invasive alien species in Europe: the top 20 issues. Manage. Biological Invasions 5, 1–20.

Carboneras C, Walton P, Vilà M (2013). Capping progresson invasive species? Science 342, 930–931.

Casado S (2013) The importance of being listed: birds, listsand the history of conservation. Ardeola 60, 397–401.

CBD, "Aichi Biodiversity Targets" (2011). http://www.cbd.int/ sp/targets/ (visited July 02, 2014).

CBD (2002). Guiding principles for the prevention ,introduction and mitigation of impacts of alien species that threaten ecosystems, habitats or species, COP 6 Dc ision VI/23 (Annex).

Charles H, Dukes JS (2007). Impacts of invasive species on ecosystem services. Biological Invasions 193, 217–237.

DAISIE-project. Delivering alien invasive species inventories for Europe, http://www.europe-aliens.org/ (cited July 02, 2014).

European Commission (2011). A comparative Assessment of existing policies on invasive species in the EU member states and in selected OECD countries. Final Report.

EU Commission (2011a). Our life insurance, our natural capital: an EU biodiversity strategy to 2020, COM (2011) 244 final.

EU Commission (2013). Executive Summary of the Impact Assessment on the prevention and management of the introduction and spread of invasive alien species. SWD (2013) 322 final.

EU Commission (2013a). Impact Assessment on the prevention and management of the introduction and spread of invasive alien species. SWD (2013) 321 final.

EU Commission (2013b). Proposal for a Regulation of the European Parliament and of the Council on the prevention and management of the introduction and spread of invasive alien species. COM (2013) 620 final.

European Parliament (2014). Report on the proposal for a regulation of the European Parliament and of the Council on the prevention and management of the introductionand spread of invasive alien species. A7-0088/2014.

Genovesi P, Shine C (2004). European strategy oninvasive alien species. Nat Environ 137.

Hochkirch A, Schmitt T, Beninde J, et al. (2013). Europe needs a new vision for a natura 2020 network. Conservation Letters 6, 462–467.

Hulme PE, Bacher S, Kenis M et al. (2008). Grasping at the routes of biological invasions: a framework for integrating pathways into policy. Journal of Applied Ecology 45, 403–414.

Hulme PE, Pyšek P, Nentwig W, Vilà M (2009). Will threat of biological invasions unite the European Union? Science 324, 40–41.

Kelly J, Tosh D, Dale K, Jackson A (2013). The economic cost of invasive and non-native species in Ireland and Northern Ireland. Invasive Species Ireland. The Northern Ireland Environment Agency and the National Parks and Wildlife Service.

Kettunen M, Genovesi P, Gollasch S et al. (2009). Technical support to EU strategy on invasive alien species (IAS)-Assessment of the impacts of IAS in Europe and the EU. Brussels: Institute for European Environmental Policy.

Lockwood JL, Hoopes MF, Marchetti MP (Pbls.) (2007). Invasion ecology. Blackwell Publishing Ltd., Malden.

Millennium Ecosystem Assessment (2005). Ecosystems and human well-being: biodiversity synthesis. World Resources Institute, Washington, DC.

Perrault AM, Muffett WC (2002). Turning off the tap: a strategy to address international aspects of alien invasive species. RECIEL 11, 211–224.

Schulte U, Veith M, Hochkirch A (2012). Rapid genetic assimilation of native wall lizard populations (*Podarcis muralis*) through extensive hybridization with introduced lineages. Molecular Ecology 21, 4313–4326.

Vilà M, Basnou C, Pyšek P et al. (2010). How well do we understand the impacts of alien species on ecosystem services? A pan-European cross-taxa assessment. Frontiers in Ecology and the Environment 8, 135–144.

Williamson M (1996). Biological invasions. Chapman & Hall, London, UK.

KAPITEL V

Haltungsbeschränkungen für nicht einheimische invasive Arten
–
das Problem von Neuaussetzungen des Nordamerikanischen Waschbären

KURZFASSUNG

Tierarten, die durch den Menschen absichtlich oder unabsichtlich in Gebiete außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsareals verbracht wurden, können ihren neuen Lebensraum und die sie umgebenden Arten durch ihr Einwirken beeinflussen. Sie können die Flora durch Herbivorie verändern, in Wechselwirkung mit anderen Arten treten und somit auf Prädationsverhältnisse und Nahrungskreisläufe einwirken, oder sie vermitteln bisher nicht vorkommende Krankheiten, schleppen Parasiten ein und verändern den Genpool von heimischen Arten durch Hybridisierung (Kowarik 2010, S. 363–365). Neozoen, die durch ihr Einwirken eine Gefährdung für „natürlich vorkommende Ökosysteme, Biotope oder Arten“ darstellen, werden als invasive gebietsfremde Arten (invasive alien species - IAS) bezeichnet und als eine der Hauptursachen für den Biodiversitätsverlust angesehen (Millennium Ecosystem Assessment 2005, S. 14, 15; EEA Technical report No. 16 2012, S. 7).

Mit rund 50 % der etablierten Wirbeltierarten als Gefangenschaftsflüchtlinge (Hubo et al. 2007, S. 4) stellt die Tierhaltung einen bedeutenden Verbreitungsweg für Neozoen und somit auch für IAS dar. Laut einschlägiger Literatur sind Ausbrüche aus Zoos für 6 % aller Fälle von eingeführten Säugetieren in Europa verantwortlich (Genovesi et al. 2009, S. 123), für Vögel ist der Einfluss mit 19 % sogar noch maßgebender (Kark et al. 2009, S. 109, 110). Die Tierhaltung findet allerdings nicht nur in Form von gewerblichen Haltungen wie beispielsweise in Pelztierfarmen oder in zoologischen Gärten statt, sondern Neozoen werden zunehmend auch aus Liebhaberei von Privatpersonen im häuslichen Umfeld als Heimtiere untergebracht. Das breite und vor allem zunehmende Artenspektrum von importierten, exotischen Tieren, das über den Handel und die Tierhaltung eingeführt wird, bietet hierbei ein großes Potential zur Faunenverfälschung (Hubo et al. 2007, S. 92). Auch wenn ein Entfliehen der Tiere aus ihrer Haltung oder ihre Aussetzung meist nur einzelne Individuen umfasst, ist die Frequenz der Ereignisse aufgrund der weiten Verbreitung und der zunehmenden Anzahl von Individuen in der Tierhaltung oft sehr hoch (Hulme et al. 2008, S. 407). Ferner werden multiplen Einbringungen, als auch sekundären Einbringungen von bereits eingeführten Populationen, aufgrund der einhergehenden Erhöhung der genetischen Diversität eine Schlüsselrolle in der Invasionsbiologie zugeschrieben (Kolbe et al. 2004, S. 177). Obwohl die ehemalig vermutete Begrenzung des Ausbreitungserfolges von sehr kleinen Gründerpopulationen durch Inzucht heute durch zahlreiche Beispiele von sehr erfolgreichen kleinen Gründergruppen widerlegt werden konnte – da auch kleine Gruppen einen hinreichend vollständigen Satz der verfügbaren Allele mitbringen können (Geiter et al. 2002, S. 41)[1] – bedeutet eine zusätzliche Einbringung neuer Gene in der Regel ein verringertes Risiko einer genetischen Verarmung oder Inzuchtdepression und macht die Population somit robuster gegen Krankheiten und Naturereignisse (Dlugosch und Parker 2008, S. 431, 444; Sakai et al. 2001, S. 314).

[1] beispielsweise im Fall des Davidshirsches (*Elaphurus davidianus*) in England oder des Goldhamsters (*Mesocricetus auratus*), dessen Gefangenschaftspopulation historischen Quellen zufolge auf nur ein einziges Paar aus Nordsyrien zurückgehen soll.

Die Flucht oder die bewusste Aussetzung von Heimtieren bzw. von Tieren aus anderen Haltungsformen ist somit, egal ob die Tierart bereits im Umfeld vorhanden ist oder nicht, immer kritisch zu hinterfragen. Die hier behandelte Thematik betrifft die normativen Grundlagen, die zur Vorsorge der Ausbringungen von IAS zur Anwendung kommen, im Speziellen der Haltungsbeschränkungen im Rahmen der Tierhaltung. Zur Veranschaulichung wird in dieser Arbeit der Nordamerikanische Waschbär als Modellart herangezogen.

Bislang bestehen nur für eine geringe Anzahl von IAS konkrete Haltungsbeschränkungen und im praktischen Vollzug der normativen Vorgaben zu den Punkten – Ansiedlungsgenehmigung und Sicherstellung der Sorgfaltspflicht von Privathaltern – existieren für eine effektive Gefahrenabwehr erhebliche Defizite. Die Implementierung einer Registrierungs- und Kennzeichnungspflicht von Heimtieren sowie ein verpflichtender Sachkundenachweis würden mögliche verhaltenslenkende Schritte zu mehr Sorgfaltspflicht darstellen und in der Praxis die Erschwernisse der rechtlichen Verfolgbarkeit von Privathaltern entschärfen.

Im Rahmen der EU-Verordnung Nr. 1143/2014[2] ist für das Jahr 2016 eine Verschärfung und Ausweitung der bisher geltenden Import-, Besitz- und Vermarktungsverbote auf weitere IAS vorgesehen. Im Sinne des Vorsorgeprinzips wäre es wünschenswert, wenn die Bundesrepublik Deutschland darüber hinaus im Rahmen der Tierhaltungsreglementierung weitere strengere Regelungen erlässt, wie beispielsweise in Form von „Positivlisten“ wie sie bereits in Belgien und in den Niederlande im Gesetz verankert sind.

[2] Verordnung des Europäischen Parlaments und des Rates über die Prävention und das Management der Einbringung und Ausbreitung invasiver gebietsfremder Arten vom 29. September 2014 (ABl.EU 2014, L 317, S. 35–55). Die Verordnung basiert auf dem Vorschlag der Europäischen Kommission, der vom Europäischen Parlament und vom Rat abgeändert und gebilligt wurde. Die Verordnung ist am 01. Januar 2015 in Kraft getreten und die Bestimmungen für die Prävention, Minimierung und Abschwächung der nachteiligen Auswirkungen sowohl der vorsätzlichen wie der nicht vorsätzlichen Einbringung und Ausbreitung invasiver gebietsfremder Arten auf die Biodiversität in der Union wird mit der Vorlegung einer Liste von Arten unionsweiter Bedeutung zum Januar 2016 (auf welche die geltenden Bestimmungen vorrangig abgezielt sind) und Zustimmung des Ausschusses wirksam.

5.1 EINBRINGUNGSWEGE DES WASCHBÄREN

Der ursprünglich in Nordamerika beheimatete Waschbär (*Procyon lotor* Linné, 1758) wurde im Zuge des florierenden Pelztiermarktes Anfang des 20. Jahrhunderts in Europa eingeführt. Historisch wird die heutige Population in Deutschland vor allem auf zwei Aussetzungsereignisse zurückgeführt. Im Jahr 1934 wurden zwei Waschbärpärchen in Hessen am Edersee zur „Bereicherung der heimischen Fauna“ ausgesetzt, weitere 25 Tiere entkamen 1945 nach der Zerstörung einer Pelztierfarm durch eine Bombendetonation in Wolfshagen im Kreis Strausberg östlich von Berlin (Hohmann und Bartussek 2005, S. 10, 12). In historischen Unterlagen wird zudem über zusätzliche Ansiedlungsversuche bzw. Gefangenschaftsfluchten berichtet, deren Etablierung ungewiss ist (vgl. Hohmann und Bartussek 2005, S. 10, 12; Lutz 1981, S. 12)[3]. Ferner weisen die dieser Dissertationsschrift zugrunde liegenden genetischen Analysen auf zwei erfolgreiche Aussetzungsereignisse im Harz und im Landkreis Görlitz in Sachsen hin und belegen mehrfache Neuaussetzungen jüngeren Datums. Der Ursprung der Aussetzungen ist in jüngerer Zeit vor allem auf den Sektor der privaten Tierhaltung zurückzuführen, die mit dem stagnierenden Pelztiermarkt und der wachsenden Beliebtheit für diese Tierart die Haltung des Waschbären in gewerblichen Einrichtungen abgelöst hat.

Der bekannte Verbreitungsradius des Waschbären in Europa reicht den Expertenforen NOBANIS, CABI und DAISIE[4], sowie dem Review von Beltran-Beck (2012) zufolge, über Frankreich (Erstnachweis 1934, Erstansiedlung 1966), Deutschland (Erstansiedlung 1934), Österreich (Erstnachweis 1974), Liechtenstein, Schweiz (Erstnachweis 1975), Niederlande (Erstnachweis 1960), Belgien (Erstnachweis 1986), Luxemburg (Erstnachweis 1979), Polen (Erstansiedlung 1945), Tschechien (Erstnachweis 1952), Slowakei (Erstnachweis 1993) und Ungarn (Erstvorkommen 1998). Der Schwerpunkt der Verbreitung ist dabei in Deutschland zu finden. Weitere Populationen der Art außerhalb Europas sind in Russland (Erstansiedlung 1936) Weißrussland (Erstansiedlung 1954) in der Kaukasusregion (Erstansiedlung 1941) und Japan (Erstansiedlung 1962) bekannt. Einzelnachweise wurden in den letzten Jahren auch in Großbritannien, Litauen, Slowenien, Rumänien, Serbien, Schweden, Dänemark und Norwegen festgehalten, wobei diese Nachweise auf entlaufene Tiere aus illegalen Privathaltungen zurückzuführen sind. Eine Begründung und Etablierung neuer Populationen durch Gefangenschaftsflüchtlinge bzw. ausgesetzte Heimtiere wird angesichts der Population in Japan sowie der erst kürzlich etablierten Populationen in Spanien (Erstnachweis 2004) und Italien (Erstnachweis 2003) gestützt.

[3] Demzufolge fanden Ansiedlungsversuche 1929 in der Eifel, 1934 in Arnsberg, 1935 in der Schorfheide, 1944 bei Baumholder in Rheinland-Pfalz, 1945 im Mindener Wald oder Anfang der 60er Jahre im Siebengebirge statt.

[4] CABI fact sheet procyon lotor: http://www.cabi.org/isc/datasheet/67856; DAISIE fact sheet procyon lotor: http://www.europe-aliens.org/pdf/Procyon_lotor.pdf; NOBANIS fact sheet procyon lotor: https://www.nobanis.org/globalassets/speciesinfo/p/procyon-lotor/procyon_lotor.pdf, Zugang 30.10.2015.

5.2 VERBREITUNGSPOTENTIAL DES WASCHBÄREN IN EUROPA

Im nativen Verbreitungsgebiet zwischen Südkanada und Panama kommt der Waschbär flächendeckend vor und fehlt lediglich in Hochlagen oberhalb 2000 Metern und in deckungslosen Prärie-, Wüsten- und Küstengebieten (Kaufmann 1982). Das Verbreitungspotential des Waschbären wird in Europa daher als sehr hoch eingeschätzt. Die in dieser Arbeit durchgeführte Modellierung zur zukünftigen Verbreitung der Tierart (siehe Kapitel 1) sagt bis zum Jahr 2061 eine Ausbreitung des Waschbären über 252.940 km² = 71 % des Gebietes der Bundesrepublik Deutschland vorher[5]. Obwohl die Habitat-Nutzungsanalyse in der Modellierung die Präferenzen des Waschbären für waldreiche Gebiete und landwirtschaftlich genutzte Flächen widerspiegelt, lassen diese nur auf die Geschwindigkeit der Erstbesiedlung schließen und es ist anzunehmen, dass eine flächendeckende Besiedlung der Bundesrepublik, inklusive urbaner Gebiete, stattfinden wird. Mit den letzten veröffentlichten Streckendaten von über rund 116.000 Tieren im Jagdjahr 2014/15 (DJV) kann derzeit von etwa 1 Millionen Waschbären in Deutschland ausgegangen werden.

5.3 UNBESTIMMTE INVASIVITÄT DES WASCHBÄREN

Von den zurzeit 12.122[6] vorkommenden, gebietsfremde Arten in Europa sind mit 1.094 dokumentierten ökologischen und 1.347 ökonomischen Schäden laut Experten weniger als 15 % als invasiv einzustufen (Vilà et al. 2009, S. 135). Ab wann eine Invasivität allerdings als gegeben angesehen wird, ist oftmals eine Frage von Bewertungen, die nicht immer nur ökologische Fakten, sondern auch gesellschaftliche Wertmaßstäbe einschließen (vgl. Kowarik 2010, S. 15). Eine Hilfestellung zur Beurteilung des Handlungsbedarfes von IAS bilden nach einer kriterienbasierten Risikobewertung aufgestellte Listen, die verbindlicher als auch rechtlich unverbindlicher Natur sein können. Kritisch zu hinterfragen ist hierbei der Umstand, wie mit Kandidaten verfahren wird, für die für etliche dieser Kriterien weitreichende Unsicherheiten bestehen. Es ist abzusehen, dass eine verlässliche Analyse des Risikos unter defizitärer oder nicht ausreichend abgesicherter Wissensnachweise nur erschwert vorzunehmen ist. Folglich hat eine heterogene und lückenhafte Datengrundlage entscheidende Konsequenzen für die Risikoabschätzung und für die Einstufung einer Art, als auch für die Art und Weise, wie künftig mit ihr verfahren wird. Gleichermaßen sind normative Gesetzmäßigkeiten betroffen, wie beispielsweise in Bezug auf die Beschränkungen und Vorgaben im Bereich der Tierhaltung, da eine Normanwendung häufig in Bezug zur Invasivität der Art gesetzt wird.

Der Waschbär ist eine geeignete Modellart, um die Problematik hinsichtlich dieser Unwägbarkeiten zu veranschaulichen. Obgleich in Deutschland und Europa eine beschleunigte Ausbreitung der Tierart verzeichnet werden kann, konnte seine Invasivität bislang nicht abschließend geklärt werden und es

[5] Der Berechnung zu Grunde liegen auf Kreisebene ausgewertete Streckendaten von 12 Jagdjahren von 2000/01 bis 2011/12. Eine Waschbärenbesiedlung wurde hierbei ab einer Strecke von > 0,1 Tiere/100 ha angenommen.

[6] http://www.europe-aliens.org/aboutDAISIE.do, Zugang 30.10.2015.

existieren keine praktikablen Kontroll- und Vorsorgemaßnahmen in Deutschland. Dennoch wird er laut dem expertengestützten Informationsforum DAISIE zu den 100 problematischsten Arten Europas[7] gezählt und auch von nationalen Experten als eine der wichtigsten, schadensverursachenden Neozoen in Deutschland benannt (Hubo et al. 2007, Abbildung C-7, S. 137; Nehring et al. 2015, Tabelle 1, S. 48). Ebenso verfügt der Waschbär laut dem Informationszentrum EASIN (European Alien Species Information Network), das die Implementierung einer Europäischen Politik zu IAS unterstützt, indem es verfügbare Informationen gebietsfremder Arten in Europa zusammenträgt, über den Status einer hohen Auswirkung und einer hohen europäischen Bedeutsamkeit.

Um die Problematik bezüglich der Anwendbarkeit bestehender Rechtsvorschriften unter Wissensdefiziten hinsichtlich der Invasivität einer Art zu veranschaulichen, wird im Folgenden zunächst der bisherige wissenschaftliche Forschungsstand zum Waschbär - einschließlich der ersichtlichen Wissens- und Begründungslücken für die relevante Punkte einer Bewertung - dargestellt. Darauf aufbauend wird im Anschluss die Anwendbarkeit der normativen Bestimmungen im Hinblick auf die Haltungsbeschränkungen und Neuaussetzungen bezüglich der Art erläutert, als auch die Notwendigkeit der Anwendung von Vorsorgemaßnahmen diskutiert und umweltpolitische und rechtliche Verbesserungsvorschlägen hinsichtlich der Normsetzung und Normanwendung gemacht.

5.3.1 Ökologisches Schadenspotential

Ökologische Schäden beinhalten im allgemeinen Sinne einer naturschutzrechtlichen Bedeutung, Schäden, die auf eine Gefährdung der natürlich vorkommenden Ökosysteme, Biotope oder Arten abstellen. Das gesundheitliche Schadenspotential, welches hier in einem gesonderten Abschnitt behandelt wird, kann aufgrund der weitreichenden negativen Auswirkungen hinsichtlich übertragbarer Krankheitserreger auf die einheimische Flora und Fauna ebenfalls unter der Rubrik ökologische Schäden aufgefasst werden. Ökonomische Schäden hingegenstellen keine ökologischen Fakten dar, finden jedoch aufgrund der Darstellung gesellschaftlicher Wertmaßstäbe vielfach Eingang in Bewertungskonzepte und die Beurteilung eines Handlungsbedarfes und werden daher im Anschluss aufgeführt.

Hybridisierung

Aufgrund fehlender Verwandten in Europa ist eine Hybridisierung mit heimischen Arten nicht zu erwarten.

Interspezifische Konkurrenz

Angesichts der opportunistischen Lebensweise und der spezifischen Einnischung des Nordamerikanischen Waschbären (taktile Nahrungssuche) wird von deutschen Waschbärenexperten kein Konkurrenzdruck auf heimische Raubwildarten wie Dachs, Wildkatze, Rotfuchs oder Marder

[7] http://www.europe-aliens.org/speciesTheWorst.do, Zugang 02.11.2015.

erwartet (Lutz 1981, S. 119–125; Hohmann und Hupe 1999, S. 361; Hohmann und Bartussek 2005, S. 17). Die Einschätzung der Experten stützt sich hierbei auf das Verständnis zur Biologie dieser Arten und persönliche Beobachtungen, sowie auf die Ergebnisse einer zeitgleich durchgeführten radiotelemetrischen Studie, die ein ungleiches Raum-Zeit-Verhalten der Arten belegt, sowie eine vergleichende statistische Auswertung der Populationsentwicklung der Arten anhand von Jagdstrecken. Studien aus Japan hingegen belegen angesichts von Strecken- und Fallenjagddaten, dass es in ungünstigen Habitaten zu Konkurrenz im Hinblick auf Nahrungsressourcen zwischen Waschbären und dem im Japan einheimischen Marderhund sowie zwischen Waschbären und dem Rotfuchs kommen kann (Ikeda et al. 2004, S. 129; Matsuo und Ochiai 2009, S. 192; Hayama et al. 2004, S. 1999). Die Verlässlichkeit dieser Ergebnisse wird allerdings dadurch geschmälert und in Frage gestellt, dass eine Einflussnahme epizoologischer Krankheiten auf den Datensatz gegeben ist (Hayama et al. 2004, S. 1999). Eine weitere Studie aus Nordjapan dokumentiert anhand von telemetrischen Datenpunkten eine ungleiche Habitatnutzung von Waschbär und Marderhund, was einer interspezifischen Konkurrenz dieser beiden Arten entgegensteht (Abe et al. 2006, S. 119). Neben der Konkurrenz in Bezug zu Mitgliedern der Raubsäugerfauna, werden vor allem von Ornithologen eine Konkurrenz bei der Vogelhorstnutzung sowie Störungs- und Verdrängungseffekte durch den Neozoon auf verschiedene Vogelarten konstatiert. Laut eines Arbeitsberichtes des Landesumweltamtes Brandenburg wurden Kormorankolonien durch die Anwesenheit des Waschbären zur Aufgabe ihrer Bruten und zur Umsiedlung veranlasst. Kratzspuren an den Baumstämmen, Fährten und ausgefressene Eier belegen nach Aussagen der Autoren die Anwesenheit des Waschbären. Ebenfalls mit der Präsenz des Waschbären in Verbindung gebracht werden der gesunkene Bruterfolg von Greifvögeln und Kolkraben (Nicolai 2006, S. 1–24; Schrack 2010, S. 77, 80, 81), die Bestandsrückgänge des baumbrütenden Mauerseglers im Harz (Günther und Hellmann 2002, S.81–98) sowie von Graureihern und Greifvogelarten (Helbig 2011, Abb. 5, 6, 7, S. 8–12), eine Bruthöhlenübernahme einer Eule (Ikeda et al. 2004, S. 129) und die Auslöschung mehrerer Kormoran- und Graureiherkolonien (Fischer und Dornbusch 2008, S.10, 15). Waschbärexperten wie Frank-Uwe Michler warnen jedoch davor, negative Entwicklungen der Populationen und des Reproduktionsgeschehens ohne wissenschaftliche Datengrundlage in kausalen Zusammenhang mit dem bloßen Vorkommen des Waschbären im betroffenen Gebiet zu stellen. Auch eine Großzahl der Ornithologen weisen nicht von der Hand, dass diese Entwicklungen nicht allein dem Waschbären anzurechnen sind, sondern vielmehr einem ganzen Faktorenkomplex (u. a. Klima, forstliche Nutzung, anthropogene Störungen) entspringen. Bisher stehen somit Beobachtungen und Meldungen von Störung und Prädation Beispielen friedlicher Koexistenz gegenüber (vgl. Michler und Köhnemann 2009, S. 57; Hohmann und Bartussek 2005, S. 83–84). Neben Wechselwirkungen zwischen dem Kleinbären und der Avifauna lassen Beobachtungen von abgerissenen Fledermauskästen in Flussauen und von Störungen in Wochenstuben (Helbig 2011, S. 18) auch auf eine mögliche Auswirkung des Waschbären auf die Artengruppe der Fledermäuse schließen.

Ein Einvernehmen im Hinblick auf interspezifische Konkurrenz unter den Experten ist nicht festzustellen. Die bisherigen Meldungen beziehen sich in der Regel auf Einzelbeobachtungen in lokal eng gefassten Gebieten, lassen jedoch einen Einfluss des Waschbären auf lokaler Ebene durchaus möglich erscheinen und erhöhen den Druck, die potentiellen Beeinträchtigungen im Zuge der immer weiter zunehmenden Populationsdichte des Neubürgers genauer zu beobachten.

Prädation

Untersuchungsergebnisse der Nahrungszusammensetzung des Waschbären durch Losung-, Darm- und Mageninhaltsanalyen aus unterschiedlichen, naturnahen Lebensräumen spiegeln eine variable Nahrungszusammensetzung aus durchschnittlich jeweils einem Drittel pflanzlicher Kost, Wirbellosen (Insekten und Würmer) und Wirbeltieren wider, wobei die prozentuale Zusammensetzung starken saisonalen wie lokalen Schwankungen unterliegt (Engelmann 2011, Abb. 2 ; Lutz 1981, Abb. 14–17). Als omnivore Suchjäger nutzen Waschbären das saisonal am häufigsten vorliegende und am leichtesten verfügbare Nahrungsangebot (Hohmann und Bartussek 2005, S. 80). Dies bedeutet folglich, dass eine Tierart, die in einer Region häufig auf dem Ernährungsplan des Waschbären steht, in einer anderen Region aufgrund eines günstigeren Nahrungsangebotes sehr viel weniger Prädation erfährt. Zusammenfassend machen Säugetiere im Jahresdurchschnitt etwa 10 % der Nahrung aus, wovon 6 % auf Mäuse fallen. Vögel, darunter vor allem Bodenbrüter wie Entenvögel, Gänsevögel, Hühnervögel und Rallen, sowie Höhlenbrüter (u.a. Sperlingsvögel) sind mit durchschnittlich 12 % vertreten, wobei die Prädation vorwiegend im Frühjahr zur Brutzeit stattfindet (Lutz 1981, S. 61–64). Im Rahmen der Untersuchung von Lutz (1981) konnten auch Fasan-, Specht- und Greifvogelbestandteile in der Nahrung nachgewiesen werden. Ohne zuvor bestimmte Korrekturfaktoren lassen sich allerdings auf Basis der vorgestellten Magen-, Darm- und Losungsuntersuchungen keine präzisen Angaben zu den genauen Individuenzahlen und der Gefährdung der jeweils gefressenen Arten machen.

Eine vergleichende Auswertung von Jahresjagdstrecken für Raub- und Niederwildarten konnte statistisch keinen negativen Einfluss des Waschbären auf die Populationen von Kaninchen, Fasan, Hase, Rebhuhn, Wildente oder Rauhfußhühner nachweisen (Lutz 1981, S. 125–132). In Übereinstimmung dazu, wird auch laut einer Literaturrecherchearbeit über 350 Quellen zur Prädation auf Niederwildarten die Bedeutung des Neozoon Waschbär für Bodenbrüter als gering eingestuft, ganz im Gegensatz zum Mink (Voigt 2009, S. 20). Dieses Bild übermitteln auch die Zwischenergebnisse einer Studie zur Untersuchung von Raubsäugern und deren Einfluss auf Wasservögel an der Technischen Universität Dresden aus dem Jahr 2009. Der Waschbär machte bei der hier über Videoüberwachung, Fotofallenmonitoring und Nestkartierungen dokumentierten Nestprädation rund 2 % der Prädation aus, wohingegen Mink und Marderhund mit 14 % und 7 % Prädation an den untersuchten Wasservogelnestern beteiligt waren. Allerdings zeigte sich im Rahmen dieser Studie ein verstärkter Einfluss der Neozoen auf Inseln, die von einheimischen Raubsäugern nur selten

schwimmend erreicht werden. Ein einziger Waschbärrüde machte in einem Jahr über 50 % der Entenprädation aus (mündl. Dr. Norman Stier), was die potentiell weitreichenden, lokalen Effekte des Allesfressers bei einer Spezialisierung auf eine Nahrungsquelle darlegt. Weitere Studien aus Gebieten der nordamerikanischen Heimat, in denen der Waschbär seinen Einflussbereich ausweitet oder an Populationszahl zunimmt, sprechen ebenfalls für einen dezimierenden Effekt des Kleinbären auf Boden- und Baumbrüter (Heske et al. 1999, S. 349–350; Schmidt 2003, S.1146; Hartman et al. 1997, S. 377; Ellis et al. 2007, S. 375, 380). Weiterhin steht im nativen Verbreitungsgebiet der Waschbär als potentiell limitierender Faktor für den Reproduktionserfolg von Vertretern der Reptilienfauna (u.a. Leguane und Schildkröten) im Verdacht (Smith et al. 2006, S. 7; Stancyk et al. 1980, S. 289). Auch in Japan wird durch simultan gefundene Waschbärentrittsiegel und Prädationsspuren vermutet, dass einheimische Reptilienarten, wie beispielsweise Arten der seltenen Hynobius Salamander (*Hynobius tokyoensis*), durch den zusätzlichen Prädationsdruck gefährdet sind (Hayama et al. 2006, Tab. 2). In Deutschland wird eine Gefährdung der hier vom Aussterben bedrohten Europäischen Sumpfschildkröte (*Emys orbicularis*) diskutiert (Schneeweiß und Wolf 2009, S. 163–164), eine gesicherte Datengrundlage fehlt bisher jedoch. Ebenfalls existieren für die Artengruppe der Amphibien durch eine Untersuchung in Niedersachsen erste Indizien für einen möglichen negativen Effekt des Kleinbären (Anastasiadis 2011, S. 42–45). Beobachtungen über Prädation von über 30 % aller wandernden Erdkröten (*Bufo bufo*) an Amphibienleiteinrichtungen im Harz legen nahe, dass zumindest lokal ein Einfluss des Kleinbären auf die Populationsdichte der durch ihr Bufotoxin vor Prädation weitgehend geschützten Erdkröte nicht auszuschließen ist (Schönborn und Günter 2010, S. 75). Weiterhin konnten im Naturschutzgebiet Grube 7 in Nordrhein-Westfalen über Wildkameraaufnahmen gut gestützte Annahmen über Prädation an FFH-Anhang-IV geschützten Kreuzkröten (*Epidalea calamita*) gemacht werden.

Im Hinblick auf Prädation existieren aufgrund geteilter Expertenmeinungen und einer teilweise nur sehr schwachen Beweislage für eine gesicherte Täterschaft des Waschbären große Unwägbarkeiten für die Einschätzung der Tierart. Ein Einfluss auf die Avifauna durch Prädation und Störungen wurde in der Literatur mit einer hohen Übereinkunft beschrieben und ist auch aus dem nativen Verbreitungsgebiet der Tierart bekannt. Für die artenreichsten Gruppen von Wirbellosen und Pflanzen stehen bislang keine wissenschaftlichen Untersuchungen und Dokumentationen für eine Bewertung zur Verfügung. Ein nachhaltig negativer Einfluss des Neozoon vor dem Hintergrund der akuten Gefährdung einer ganzen Artengruppe konnte auf Grundlage des bisherigen Erkenntnisstandes weder bewiesen noch abgelehnt werden. Allerdings spiegeln die Hinweise hinsichtlich des zusätzlichen Prädationsdruckes durch den eingeführten Raubsäuger eine potentielle Gefährdung sensibler und lokal bereits gefährdeter Arten wider, die im ungünstigsten Fall zu einer Bestandsbedrohung der Population führen könnte.

5.3.2 Gesundheitliches Schadenspotential

Als bedeutsame Krankheiten des Waschbären werden in Nordamerika vor allem die durch Bakterien ausgelösten Zoonosen Leptospirose und Tularämie, die durch den Einzeller *Trypanosoma cruzi* hervorgerufene Chagas-Krankheit und die Viruserkrankungen Staupe und Tollwut beschrieben. Weiterhin spielen im nativen Verbreitungsgebiet Erkrankungen durch Arboviren, Parvoviren, Herpesviren, Adenoviren, Papillomaviren, Influenza, und West Nil Viren sowie Tuberkulose, Borreliose, Toxoplasmose, Trichinellose und Baylisascariose eine Rolle. In den in Deutschland eingeführten Populationen wurden bisher die silvatische Tollwut, Staupeviren, Toxoplasmose, der Duncker'sche Muskelegel, Kokzidien, Sarkozysten, Sarcoptes-Räude und der Waschbärspulwurm (*Baylisascaris procyonis)* nachgewiesen (Beltrán-Beck et al. 2012, S.7–11; Rentería-Solís et al. 2013, S. 3595; Rentería-Solís et al. 2014, S. 98). In seltenen Fällen können die Wanderlarven des Waschbärenspulwurms im Fehlzwischenwirt Mensch ins Auge, ins Organsystem oder ins Gehirn wandern und dort Schädigungen hervorrufen, die bei Säuglingen, Kleinkindern und Personen mit schwachem Immunsystem einen tödlichen Verlauf nehmen können (Gavin et al. 2002, S. 971; Murray 2002, S. 1). Obwohl Untersuchungen gezeigt haben, dass über 71 % der mitteldeutschen Waschbärenpopulation und 39–47 % der Tiere im Harz Träger der Nematode sind (Gey 1998; Winter et al. 2005, S. 311, Helbig 2011, S. 16), wohingegen sich die ostdeutsche Population als infektionsfrei herausgestellt hat (Lux und Priemer 1995, S. 211; Rentería-Solís et al. 2013a, S. 185), sind in Europa seit der Einbürgerung des Waschbären vor 80 Jahren bislang nur fünf Einzelfälle dokumentiert worden, bei denen sich Menschen mit den Larven des Waschbärenspulwurms infiziert haben (siehe Michler und Köhnemann 2009, S. 54; Bericht via medici Newsletter 25.04.2014). Selbst im nativen Verbreitungsgebiet der Vereinigten Staaten sind weniger als 25 Fälle einer Übertragung dieser Zoonose bekannt geworden[8]. Eine bedrohliche Erkrankung scheint daher prinzipiell erst dann ausbrechen zu können, wenn durch einen sehr engen Kontakt mit infizierten Waschbären und/oder deren Kot eine sehr große Zahl an Larvenstadien aufgenommen wurde und gleichzeitig ein schwaches Immunsystem des Menschen vorliegt. Entwurmung und Vermeidungsstrategien durch ein erhöhtes Hygienebewusstsein können das Risiko einer Erkrankung weitestgehend reduzieren. Bezüglich der Waschbär-Tollwut und ihrer Gefährlichkeit für den Menschen existieren geteilte Meinungen. Während einige Experten aufgrund der bisherigen vernachlässigbaren Bedeutung des Kleinbären in der Tollwutepidemiologie in Europa[9] eine nur schwache Anfälligkeit der Tierart für die hier vorkommende silvatische Tollwutvirusvariante vermuten (Michler und Köhnemann 2009, S. 55), warnen andere vor dem Risiko einer Änderung dieses Status im Falle einer erneuten Tollwutwelle vor dem Hintergrund der mittlerweile stark angestiegenen Populationsdichten(Vos et al. 2012, S. 233). Ein

[8] http://www.cdc.gov/parasites/baylisascaris/epi.html, Zugang 04.11.2015.

[9] Zufolge des Rabies Information System of the WHO Collaboration Centre for Rabies Surveillance and research http://www.who-rabies-bulletin.org/ gehen 183 = 0,1 % aller seit 1977 dokumentierte Tollwutfälle in Europa auf den Waschbären zurück, davon wurden 129 in der Ukraine, 33 in Russland, 14 in Estland, 5 in Deutschland und 2 in Litauen registriert, Zugang 04.11.2015.

mögliches Risiko wird durch den Fakt gestützt, dass im nativen Verbreitungsraum der Vereinigten Staaten der Waschbär mit 36,5 % der am häufigsten infizierte Vertreter unter den Wildtierarten ist[10].

Während das untergeordnete gesundheitliche Risiko einer Baylisascariose in Europa durch Aufklärung der Bevölkerung und Vorsichtsmaßnahmen weiter reduziert werden kann, legt der bisherige Kenntnisstand das Risiko von Eindämmungsschwierigkeiten im Falle einer erneuten Tollwutwelle in Europa nahe. Im schlimmsten Fall eines stadtnahen Tollwutausbruches stellen die hohen urbanen Waschbärendichten von bis zu über 100 Individuen / 100 ha (Hohmann und Bartussek 2005, S. 108), sowie die in Europa bisher fehlende Erfahrung im Umgang mit spezifischen Waschbärenköder zur Immunisierung eine große Herausforderung in einer Bekämpfung dar.

Eine für den Menschen zwar ungefährliche, aber in Bezug auf native Wildtierarten bedeutende Erkrankung stellt die Staupe dar, die bei Hunde- und Marderartigen einen tödlichen Verlauf nehmen kann. Der Waschbär kann als Vektor wirken und so zur Verbreitung der Krankheit beitragen. Durch die gemeinsame Latrinennutzung von Waschbären und Fischotter kann somit beispielsweise eine Übertragung des Erregers auf den Fischotter möglich gemacht werden (Michler et al. 2009, S. 4, 12). Beobachtungen über eine Krankheitsübertragung oder Daten zu einer potentiellen Existenzbedrohung der in Deutschland gefährdeten größten heimischen Marderart durch den Waschbären existieren zum aktuellen Stand jedoch nicht.

5.3.3 Ökonomisches Schadenspotential

Während der Waschbär in Nordamerika einen großen ökonomischen Einfluss vor allem aufgrund seiner Bedeutung als Krankheitsvektor verkörpert, spielt er in Europa in ökonomischer Hinsicht bisher nur eine untergeordnete Rolle. Im nativen Verbreitungsraum der Vereinigten Staaten trägt der Waschbär als häufigster mit dem Tollwutvirus infizierte Vertreter unter den Wildtierarten einen maßgeblichen Anteil der aus der Tollwutbekämpfung abgeleiteten Kosten von jährlich 245 bis 510 Millionen Dollar[11]. Die durch die Tierart verursachten Fraßschäden in der Landwirtschaft sind dahingehend im nativen Verbreitungsgebiet mit etwa 1 % Ernteverluste bei Mais (Rivest und Bergeron 1981, S. 1755) als gering einzustufen. Insgesamt sind etwa 1 % aller landwirtschaftlichen Ernteverluste auf Wildtiere zurückzuführen, wobei neben Hirschen auch der Waschbär eine maßgebliche Rolle einnimmt (Conover 1998, S. 597; Humberg et al. 2007, S 199). Jüngere Studien weisen allerdings im Rahmen der ansteigenden Populationsdichten auf einen wesentlich höheren ökonomischen Einfluss der Art hin. In Indiana berichteten 75 % der Landbesitzer von einem höheren als 1 %-igem Ernteverlust durch Wildtiere und im Rahmen der angegliederten Feldstudie wurde 87 % der Ernteschäden bei Mais auf Waschbären zurückgeführt (Humberg et al.2007, S. 199). Die bisher in Deutschland beobachteten lokalen Ernteverluste, wie beispielsweise am heimischen Kirschbaum, an

[10] CDC Centers for Disease Control and Prevention http://www.cdc.gov/rabies/, Zugang 04.11.2015.
[11] http://www.cdc.gov/rabies/location/usa/cost.html, Zugang 04.11.2015.

kommerziellen Obstplantagen oder an Weinreben, als auch einzelne auf den Waschbären zurückzuführende Verluste bei Klein- und Federvieh sind als landwirtschaftlicher Gesamtschaden hingegen vernachlässigbar. In urbanen Gebieten können durch Waschbären jedoch Gebäudeschäden bis hin zu Beträgen von mehreren Tausenden Euro hervorgerufen werden[12]. Kosten bezüglich Bekämpfungsmaßnahmen fallen in Deutschland bisher nicht an, da keine flächendeckenden Kontroll- oder Vorsorgemaßnahmen hinsichtlich dieser Tierart stattfinden. Nicht eingeschlossen sind hierbei allerdings die Kosten, die durch die Anwendung eines präventiven Konfliktmanagements zustande kommen und nur einzelne Personen bzw. Personengruppen, wie beispielsweise die Bewohner in Kassel (der sogenannten „Waschbärenhochburg“ in Deutschland mit Populationsdichten von bis über 100 Individuen/100 ha (Hohmann und Bartussek 2005, S. 108)) betreffen. Darunter gefasst sind die Kosten baulicher Maßnahmen zur Verhinderung des Eindringens der Tiere in die Häuser und die Beratung oder den Abfang von Problembären durch professionelle Betriebe.

5.4 RECHTLICHE REGELUNGEN BEZÜGLICH DER HALTUNGSBEDINGUNGEN FÜR INVASIVE GEBIETSFREMDE ARTEN

Zunehmender transnationaler Handel und Tourismus unserer globalisierten Welt forcieren den durch den Menschen absichtlich oder ungewollt vollzogenen Transfer von Organismen zwischen natürlichen biogeographischen Barrieren und ermöglichen den mitbeförderten Arten eine Ausbreitung außerhalb ihrer natürlichen Reichweite (Holljesiefken 2007; Nentwig 2007; Davis 2009; Kowarik 2010). Das Problemfeld der Tierhaltung nimmt hierbei eine maßgebliche Rolle ein und stellt mit rund 50 % aller eingeführten Wirbeltierarten als Gefangenschaftsflüchtlinge (Hubo et al. 2010, S. 4) einen bedeutenden Verbreitungsweg für IAS dar (Hulme et al. 2008, Tab. 2).

In den folgenden Abschnitten wird zunächst der normative Rahmen bezüglich der Regelungen für IAS dargestellt und im Anschluss die Regelungslücken und praktischen Probleme im Zusammenhang mit der Tierhaltung und der Ausbringung von IAS analysiert. Im Hinblick auf den Punkt einer unbestimmten Invasivität wird zudem der Rechtsbegriff der gebietsfremden invasiven Art der jeweiligen Ebenen vorgestellt und die Problematik anhand der Modellart Waschbär veranschaulicht.

5.4.1 Rechtsbegriff der gebietsfremden invasiven Art

Obwohl der Begriff der gebietsfremden invasiven Art nicht im Wortlaut des Übereinkommens über die Biologische Vielfalt (Convention on Biodiversity - CBD)[13] auftaucht, werden im Sinne des

[12] beispielsweise durch Schäden an der Dachisolierung, durch die Bearbeitung mit Krallen und Zähnen sowie eingesickertem Urin zerstörte Elektroleitungen, und morsch werdende Zwischenböden und Balken, sowie durch Folgeschäden zum Beispiel durch das Eindringen von Regenwasser aufgrund verschobener Dachziegel, http://www.diewaschbaerenkommen.de/html/massnahmen.html, Zugang 04.11.2015.

[13] Übereinkommen über die Biologische Vielfalt vom 05. Juni 1992 (BGBl. II 1993, S. 1741), in Rio de Janeiro verabschiedet und völkerrechtlich in Kraft seit 29. Dezember 1993. Mittlerweile sind dem Übereinkommen 196

Übereinkommens alle nichtheimischen Arten umfasst, die eine ökologische Gefährdung bedeuten. Nach Art. 8 lit. h) CBD werden die Vertragsstaaten dazu verpflichtet, soweit möglich und sofern angebracht, die Einbringung nichtheimischer Arten, welche Ökosysteme, Lebensräume oder Arten gefährden, zu verhindern, diese Arten zu kontrollieren oder zu beseitigen.

Eine ähnliche Definition ist auf der supranationalen Ebene nach den Begriffsbestimmungen laut Art. 3 Abs. 2 der EU-Verordnung Nr. 1143/2014 festgehalten. Im Sinne dieser Begriffsbestimmungen ist eine *„invasive gebietsfremde Art"*eine gebietsfremde Art, deren Einbringung oder Ausbreitung die Biodiversität und die damit verbundenen Ökosystemdienstleistungen gefährdet oder nachteilig beeinflusst.

Im Sinne der Begriffsbestimmungen §7 Abs. 2 Nr. 8 des Bundesnaturschutzgesetzes (BNatSchG)[14] ist unter einer *„gebietsfremden Art"*, eine wild lebende Tier- oder Pflanzenart zu verstehen, wenn sie in dem betreffenden Gebiet in freier Natur nicht oder seit mehr als 100 Jahren nicht mehr vorkommt. Hingegen gilt eine wild lebende Tier- oder Pflanzenart im Sinne des § 7 Abs. 2 Nr. 7 BNatSchG als *„heimische Art"*, wenn sie ihr Verbreitungsgebiet oder regelmäßiges Wanderungsgebiet ganz oder teilweise im Inland hat oder in geschichtlicher Zeit hatte oder auf natürliche Weise in das Inland ausdehen konnte. Ebenso sind unter dem Begriff verwilderte oder durch menschlichen Einfluss eingebürgerte Tiere oder Pflanzen der betreffenden Art im Inland gefasst, wenn sie sich ohne menschliche Hilfe über mehrere Generationen als Population in freier Natur erhalten konnten. Eine *„invasive Art"* wird nach § 7 Abs. 2 Nr. 9 BNatSchG als Tier- und Pflanzenart definiert, deren Vorkommen außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebiets für die dort natürlich vorkommenden Ökosysteme, Biotope oder Arten ein erhebliches Gefährdungspotenzial darstellt.

Der Rechtsbegriff der Invasivität schließt in allen Ebenen neben dem ökologischen Schadenspotential auch immer die Anforderung eines menschlichen Einflusses an das Vorkommen der Art ein. Ein unbestimmter Rechtsbegriff ist mit der fehlenden Einstufung eines ökologischen Gefährdungspotentials aufgrund nicht festgelegter Gefahrenschwellen gegeben, welche dem Rechtsanwender einen gewissen Freiraum in der Auslegung ermöglicht. Die Formulierung *„erhebliches Gefährdungspotential"* im BNatSchG lässt allerdings darauf schließen, dass eine eindeutige Gefährdung und Invasivität zur Anwendung der Rechtsnorm belegt sein muss. Entsprechend dem Wortlaut aus Art. 5 Abs. 3 zu der in der EU-Verordnung vorgesehenen Risikobewertung ist in der europäischen Union nicht nur prioritär gegen invasive gebietsfremde Arten vorzugehen, die erhebliche nachteilige Auswirkungen auf die Biodiversität oder die damit

Parteien beigetreten (Stand September 2015); die EU hat das Übereinkommen mit Beschluss93/626/EWG des Rates vom 25. Oktober 1993 genehmigt und am 21. Dezember 1993 ratifiziert (ABl.EG 1993 L 309, S. 1–20); in der Bundesrepublik Deutschland ist das Übereinkommen am 21. März 1994 mit dem Gesetz zu dem Übereinkommen vom 05. Juni 1992 über die biologische Vielfalt in Kraft getreten (BGBl. II 1995, S. 350).

[14] Bundesnaturschutzgesetz vom 20. Dezember 1976 (BGBl. I 1976, S. 3573–3582) trat am 1. Januar 1977 in Kraft. Die letzte Neufassung stammt vom 29. Juli 2009 (BGBl. I 2009, S. 2542) und trat in dieser Fassung am 01. März 2010 in Kraft. Die letzte Änderung fand durch Art 421 (BGBl. I 2015, S. 1536) am 31. August 2015 statt.

verbundenen Ökosystemdienstleistungen haben, sondern es werden auch ökonomische und gesundheitliche Aspekte in eine Bewertung miteinbezogen. Mit der Einführung der Begriffsdefinition der „*heimischen Art*“ sowie dem Abstellen des Begriffes „*gebietsfremd*“ im BNatSchG auf eine feste zeitliche Grenze, setzen sich die nationalen Begriffsbestimmungen partiell von dem internationalen und europäischen Verständnis ab. Diese Abgrenzung führt mitunter zu Anwendungsschwierigkeiten des § 40 BNatSchG, welcher den Umgang mit nichtheimischen, gebietsfremden und invasiven Arten betrifft und im Folgenden näher diskutiert wird.

5.4.2 Völkerrecht, EU-Recht und nationales Recht bezüglich gebietsfremder invasiver Arten und ihrer Haltungsbedingungen

Zur besseren Übersicht der bestehenden Regelungssysteme und ihrer Verbindlichkeit in Deutschland werden zunächst die normativen Grundlagen und Strategien bezüglich IAS auf internationaler und europäischer Ebene vorgestellt und im Anschluss die daraus abgeleiteten nationalen Verpflichtungen erläutert.

Internationale Ebene

Weltweit werden IAS als eine der Hauptursachen für den Biodiversitätsverlust angesehen (Millennium Ecosystem Assessment 2005, S. 14, 15; EEA Technical report No. 16 2012, S. 7), weshalb im Rahmen des Übereinkommens über die Biologische Vielfalt von 1992 (Convention on Biological Diversity – CBD) im Art. 8 lit. h) CBD erstmals Vorsorge, Kontrolle und Bekämpfung invasiver Arten als Ziel und Aufgabe des Naturschutzes völkerrechtlich festlegt wurde. Das verbindliche Rahmenabkommen eröffnet eine Vorgabe für die Rechtsprechung in allen Vertragsstaaten und fordert die Entwicklung von Strategien zum Umgang mit nichtheimischen Arten, die Ökosysteme, Lebensräume oder Arten gefährden. Die Wahl der Mittel und Umsetzung bleibt den Staaten jedoch selbst überlassen, was ihnen Flexibilität in der Umsetzung sowie in finanzieller und organisatorischer Hinsicht verspricht, gleichzeitig aber auch zu einer geringen Steuerungskraft des Abkommens führt. Konkretisierungen erfährt das Abkommen in Form von rechtlich verbindlichen Anhängen oder Protokollen sowie in Form von Beschlüssen der Vertragsstaatenkonferenzen (Conference of the Parties – COP), die rechtlich unverbindlich sind, aber als Hilfestellung oder Leitlinien teils sehr präzise Vorgaben für den Umgang mit IAS liefern (vgl. Holljesiefken 2007, S. 59).

Durch die Entscheidung V/8(6) der 5. Vertragsstaatenkonferenz im Jahr 2000 wurden die Vertragsstaaten, Regierungen und Organisationen beispielsweise dazu angehalten, nationale Strategien und Aktionspläne zum Umgang mit IAS aufzustellen. Als Muster für die nationalen Umsetzungsstrategien auf Grundlage des Vorsorgeprinzips wurde auf der 6. Vertragsstaatenkonferenz in Den Haag, Niederlande 2002, ein umfangreicher Maßnahmenkatalog, die „*Guiding Principles on Invasive Alien Species*“, verabschiedet. Der Maßnahmekatalog wurde in erster Linie von dem Organ für wissenschaftliche, technische und technologische Beratung (Subsidiary Body on Scientific,

Technical and Technological Advice – SBSTTA) erarbeitet, umfasst aber auch Vorarbeiten des zur Förderung der Umsetzung des Art. 8 lit. h) CBD gegründeten Global Invasive Species Programme (GISP) und des von der Weltnaturschutzunion (International Union for theConservation of Nature and Natural Resources, IUCN[15]) herausgegebenen „*Guide to Designing Legal and Institutional Frameworks on Alien Invasive Species*".

Nach der Erklärung der Verfehlung des 2010-Ziel der CBD (Global Biodiversity Outlook 3, Secretariat of the Convention on Biological Diversity, 2010) wurde auf der 10. Vertragsstaatenkonferenz in Nagoya, Japan 2010 mit der Entscheidung X/2 der „*Strategische Plan 2011-2020*" aufgestellt, der spezialisiert durch die 20 „*Aichi Biodiversity Targets*" für den Erhalt der Biodiversität Sorge zu tragen hat. Ziel 9 der „*Aichi Biodiversity Targets*" fordert bis zum Jahr 2020 eine Identifikation und Priorisierung von IAS und ihrer Verbreitungswege sowie die Kontrolle oder Entfernung der wichtigsten Arten und eine Maßnahmenentwicklung zur Verhinderung ihrer Einführung und Ansiedlung. In Bezug auf die Heimtierhaltung wurde eine bestehende rechtliche Lücke beim Handel mit gebietsfremden Arten, die als Haustiere, zur Haltung in Aquarien und Terrarien sowie als Lebendköder oder Lebendfutter eingeführt werden und die (potenziell) invasiv sind, aufgedeckt. Folglich wurde die Einrichtung einer Expertengruppe (AHTEG) befürwortet, die Vorschläge für eine mögliche Regulierung des Handels mit solchen Arten erarbeiten soll. Auf der 11. und 12. Vertragsstaatenkonferenz 2012 und 2014 wurden in den Beschlüssen XI/28 und XII/16 diese Vorschläge als Anleitung zur Aufdeckung von bestehenden Lücken und zur Implementierung von Maßnahmen bezüglich der Risiken der Tierhaltung aufgenommen.

Neben der CBD existieren als weitere Völkerrechtsakte, die den Umgang mit invasiven Arten berühren und hier von Relevanz sind, das Übereinkommen über den internationalen Handel mit gefährdeten Arten freilebender Tiere und Pflanzen (Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora – CITES; auch Washingtoner Artenschutzübereinkommen[16]) und das Übereinkommen zur Erhaltung der wandernden wildlebenden Tierarten (Convention on the Conservation of Migratory Species of Wild Animals – CMS, auch: Bonner Abkommen[17]).

Nach Art. III, Nr. 4 lit. c) CMS sind die Vertragsparteien, die Arealstaaten von gefährdeten, in Anhang I aufgeführten wandernden Arten sind, dazu verpflichtet, diese Arten vor

[15] Die IUCN ist mit mehr als 1200 Mitgliedsorganisationen, darunter mehr als 200 Regierungen und 900 Nichtregierungsorganisationen, die weltälteste und weltgrößte Umweltorganisation. Unter der Federführung der IUCN operiert die Invasive Species Specialist Group (ISSG) als globales Netzwerk wissenschaftlicher und politischer Experten zum Thema invasiver Arten.

[16] Übereinkommen über den internationalen Handel mit gefährdeten Arten freilebender Tiere und Pflanzen vom 03. März 1973 (BGBl. II 1975, S. 773); völkerrechtlich in Kraft seit dem 01. Juli 1975; in der Bundesrepublik Deutschland in Kraft seit dem 20. Juni 1976 (BGBl. II 1976, S. 1237).

[17] Übereinkommen zur Erhaltung der wandernden wildlebenden Tierarten vom 23. Juni 1979 (BGBl. II 1984, S. 569); völkerrechtlich in Kraft seit dem 01. November 1983; in der Bundesrepublik Deutschland in Kraft getreten am 01. Oktober 1984 (BGBl. II 1984, S. 936). Mittlerweile sind dem Übereinkommen 181 Parteien beigetreten (Stand September 2015).

„[…] Einflüssen, welche die Art zur Zeit gefährden oder zu gefährden drohen, soweit durchführbar und zweckmäßig, vorzubeugen, sie zu verringern oder sie zu überwachen und zu begrenzen, einschließlich einer strengen Überwachung und Begrenzung der Einbürgerung von nichtheimischen Arten oder der Überwachung, Begrenzung oder Ausmerzung, sofern sie bereits eingebürgert sind“

(vgl. Kiehn und Nouak 2005, S. 274; Hubo et al. 2007, S. 174). Ebenso sind die Staaten nach Art. V, Nr. 5 dazu angehalten, für die in Anhang II aufgeführten Arten eigene Abkommen zu schaffen, um sie vor Störungen durch nichtheimische Arten zu bewahren. Dieser Verpflichtung nachkommend entstanden Regionalabkommen wie beispielsweise die Abkommen zur Erhaltung der afrikanisch-eurasisch wandernden Wasservögel (AEWA)[18], das Abkommen zur Erhaltung der Kleinwale in Nord- und Ostsee (ASCOBANS)[19] oder das Abkommen zur Erhaltung der Fledermäuse in Europa (EUROBATS)[20]. Der Einschluss des Problemfeldes IAS in diese Abkommen geschah im Beispiel des AEWA als Aktionsplan in Form einer rechtsverbindlichen Anlage, die dazu verpflichtet, Maßnahmen zu ergreifen - dazu gehören auch das Verbot der Einbürgerung nichtheimischer Arten - , die zum Schutz gelisteter Arten erforderlich sind. Ein spezieller Arten-Aktionsplan widmet sich hier beispielsweise explizit dem Umgang der amerikanischen Schwarzkopfruderente (*Oxyura jamaicens*), die die im Anhang gelistete europäische Weißkopfruderente (*Oxyura leucocephala*) durch Hybridisierung bedroht (vgl. Holljesiefken 2007, S. 88, 89).

CITES hingegen befasst sich mit dem Verbot, der Einschränkung und der Kontrolle des Handels von durch den internationalen Handel gefährdeten Tier- und Pflanzenarten, die entsprechend dem Grad ihrer Schutzbedürftigkeit in den Anhänge 1 bis 3 aufgeführt sind (vgl. Kiehn und Nouak 2005, S. 273). Auf dem 13. Treffen der Mitgliedsstaaten in Bangkok, Thailand 2004, wurden mit der Entscheidung Conf. 13.10 (Rev. CoP14) IAS explizit als Problem des internationalen Handels erkannt und die Mitgliedsstaaten dazu aufgefordert, sich dieses Problems bei der Entwicklung von nationalen Gesetzen und Regulationsmechanismen anzunehmen und eine mögliche Zusammenarbeit mit der CBD anzustreben. Diese Aufforderung ist jedoch als Empfehlung zu betrachten und rechtlich unverbindlich, womit das CITES Abkommen im Gegensatz zu der europäischen Umsetzung (siehe folgenden Abschnitt: EU-ArtSchV) kein effektives Instrumentarium im Umgang mit invasiven Arten bietet.

[18] Dem im Rahmen der Bonner Konvention am 16. Juni 1995 verabschiedeten und am 01. November 1999 völkerrechtlich in Kraft getretenen Abkommens zur Erhaltung der afrikanisch-eurasischen wandernden Wasservögel (Agreement on the Conservation of African-Eurasian Migratory Waterbirds, AEWA) sind derzeit 75 Staaten der 120 Anrainerstaaten aus den westlichen Teilen Asiens, aus Europa und aus Afrika beigetreten. Die Europäische Union ist dem Abkommen 2005 beigetreten, Deutschland ist seit 1999 Mitglied.

[19] Dem im Rahmen der Bonner Konvention 1991 verabschiedeten, 1994 in Kraft getretenen Abkommen zur Erhaltung der Kleinwale in Nord- und Ostsee (Agreement on the Conservation of Small Cetaceans in the Baltic, North East Atlantic, Irish and North Seas, ASCOBANS) sind derzeit 10 Staaten beigetreten. Deutschland ist seit 1993 Mitglied.

[20] Dem im Rahmen der Bonner Konvention am 04. Dezember 1991 in London verabschiedeten und am 16. Januar 1994 in Kraft getretenen Abkommen zur Erhaltung der Fledermäuse in Europa (Agreement on the Conservation of Populations of European Bats, EUROBATS) sind derzeit 36 der 63 Anrainerstaaten beigetreten. Deutschland ist seit 1993 Mitglied.

Obwohl IAS nicht explizit aufgeführt werden, ist des Weiteren eine Auslegung des völkerrechtlichen SPS-Abkommen (Agreement on the Application of Sanitary and Phytosanitary Measures[21]) der Welthandelsorganisation (World Trade Organization, WTO) bezüglich der Ausbreitungskontrolle von schädlichen Tier- und Pflanzenarten möglich, indem gemäß Art. XX lit. b) Einfuhrkontrollen unter gewissen Voraussetzungen des Gesundheitsschutzes von Menschen, Tieren und Pflanzen gestattet werden (vgl. Holljesiefken 2007, S. 119).

Supranationale Ebene

Im Rahmen der Umsetzung von CITES in der Europäischen Union (EU) wurde der Konventionstext mit Art. 3 Abs. 2 lit. d) und Art. 4 Abs. 2 der EU-Artenschutz-Verordnung (EU-ArtSchV)[22] um den Aspekt der invasiven Arten erweitert. Arten, deren Einbringen eine ökologische Gefahr für einheimische Tier- und Pflanzenarten darstellt, können demnach in Anhang B aufgenommen werden. Diese Listung bewirkt, dass für diese Arten neben Einfuhrbeschränkungen (Genehmigungserfordernis für die Ein- und Ausfuhr)[23] im Gebiet der EU unmittelbar in jedem Mitgliedstaat auch ein Vermarktungsverbot[24] gilt (vgl. Hubo et al. 2007, S. 32, 33). Die Bedeutung der EU-ArtSchV im Problemfeld IAS ist jedoch durch die Anwendungsbeschränkung der Verordnung auf die in den Anhängen gelisteten Arten geschmälert. In der derzeitigen Fassung gelten die Handelseinschränkungen ausschließlich für die lebenden Exemplare folgender sieben invasiver Arten: Rotwangen-Schmuckschildkröte(*Trachemys scripta elegans*), Zierschildkröte(*Chrysemys picta*), Amerikanischer Ochsenfrosch (*Lithobates catesbeianus*), Pallas-Hörnchen (*Callosciurus erythraeus*), Grauhörnchen (*Sciurus carolinensis*), Fuchshörnchen (*Sciurus niger*) und Schwarzkopf-Ruderente (*Oxyura jamaicensis*).

Des Weiteren existiert zum Schutz der biologischen Vielfalt auf europäischer Ebene das Übereinkommen über die Erhaltung der europäischen wildlebenden Pflanzen und Tiere und ihrer natürlichen Lebensräume (Convention on the Conservation of European Wildlife and Natural Habitats,

[21] Das WTO-Abkommen über Sanitäre und Phytosanitäre Maßnahmen (Agreement on the Application of Sanitary and Phytosanitary Measures, SPS-Abkommen) trat mit des Bildung der WTO gemeinsam am 01. Januar 1995 in Kraft und betrifft Regulierungen zu Nahrungsmittelsicherheit und Tier- und Pflanzengesundheit. (ABl.EG 1994 Nr. L 336, S. 40 ff.). Das SPS-Übereinkommen erlaubt jedem Land, eigene Standards zu etablieren, wobei die von den einzelnen Staaten ergriffenen Maßnahmen auf internationalen Standards der Weltorganisation für Tiergesundheit (World Organisation for Animal Health, OIE), der Lebensmittelsicherheit, des Codex Alimentarius, und des Internationalen Pflanzenschutzübereinkommens (International Plant Protection Convention, IPPC) gestützt sein müssen und darüber hinausgehende Anforderungen nur ergriffen werden dürfen, wenn anhand einer Risikobewertung nach wissenschaftlichen Grundsätzen belegt werden kann, dass diese erforderlich sind und den Handel nicht mehr als nötig behindern.

[22] Verordnung 338/97/EG des Rates vom 09. Dezember 1996 über den Schutz von Exemplaren wildlebender Tier- und Pflanzenarten durch Überwachung des Handels (ABl.EG 1997 L61, S. 1). Die letzte Änderung der Verordnung erfolgte mit Verordnung 750/2013/EU der Kommission vom 29. Juli 2013 und betrifft die Neufassung der Anhänge, die seit dem 10. August 2013 in dieser Fassung gelten.

[23] gemäß Artikel 4 Abs. 2 und Artikel 5 Abs. 4 EU-ArtSchV.

[24] gemäß Artikel 8 Abs. 4.

auch: Berner Konvention[25]), das am 19. September 1979 von den europäischen Umweltministern in Bern verabschiedet wurde. Nach Art. 11 Abs. 2 lit. b) verpflichten sich die Vertragsparteien dazu,

„[…] die Ansiedlung nicht heimischer Arten streng zu überwachen und zu begrenzen."

Die Umsetzung der Berner Konvention erfolgt in der EU vor allem in der Richtlinie 79/409/EWG des Rates vom 2. April 1979 über die Erhaltung der wild lebenden Vogelarten (Vogelschutz-Richtlinie – Vogelschutz-RL)[26] und in der Richtlinie 92/43/EWG des Rates vom 21. Mai 1992 zur Erhaltung der natürlichen Lebensräume sowie der wild lebenden Tiere und Pflanzen (Flora-Fauna-Habitat-Richtlinie – FFH-RL)[27] und der hiermit verknüpften Verpflichtung, ein kohärentes europäisches Netz besonderer Schutzgebiete (Natura 2000) einzurichten. Hinsichtlich des Problems IAS enthalten Art. 11 Vogelschutz-RL und Art. 22 lit. b) FFH-RL Regelungen zur Verhinderung einer etwaigen Ansiedlung nicht heimischer, wildlebender Vogelarten, bzw. einer absichtlichen Ansiedlung nicht heimischer Tierarten in der Natur, sofern sich diese nachteilig auf die örtliche Tier- und Pflanzenwelt auswirken. Während Verordnungen der EU in allen Teilen verbindlich sind und unmittelbar in jedem Mitgliedstaat gelten, sind Richtlinien der EU für jeden Mitgliedstaat, an den sie gerichtet sind, hinsichtlich des zu erreichenden Ziels verbindlich, die Wahl der Form und Mittel der Umsetzung ist hingegen den innerstaatlichen Stellen überlassen (vgl. Art. 288 AEUV[28] sowie Holljesiefken 2007, S. 51). Anhand von rechtlich unverbindlichen Empfehlungen des Ständigen Ausschusses, dem Entscheidungs- und Überwachungsgremium der Berner Konvention, erfährt die Konvention weitere Ausgestaltung. Der herausgegebenen Empfehlung des Jahres 1999 zufolge (Recommendation No. 77) sind beispielsweise elf terrestrische nichtheimische Wirbeltiere, darunter auch der Nordamerikanische Waschbär (*Procyon lotor*), aufgrund ihrer nachweislichen Bedrohung für die Biologische Vielfalt auszulöschen[29]. Mit der herausgegebenen Empfehlung des Jahres 2003 (Recommendation No. 99) wurde unter dem Dach der Berner Konvention weiterhin die *„European Strategy on Invasive Alien Species"* verabschiedet, die, in enger Anlehnung an die Leitlinien der COP, detaillierte Vorschläge inhaltlicher und methodischer Art für gemeinsame Anstrengungen und Maßnahmen macht, dem

[25] Übereinkommen über die Erhaltung der europäischen wildlebenden Pflanzen und Tiere und ihrer natürlichen Lebensräume vom 19. September 1979 (BGBl. II 1984, S. 618); 1981 nahm die Europäische Staatengemeinschaft die Konvention per Ratsbeschluss an (ABl.EWG 1982 L 38, S. 1), 1985 trat die Berner Konvention in der Bundesrepublik Deutschland in Kraft; derzeit haben 50 Staaten das Übereinkommen unterzeichnet, darunter 45 der 47 Mitgliedsstaaten des Europarates, Weißrussland und vier afrikanische Staaten, welche in den Wintermonaten von europäischen Zugvögeln aufgesucht werden.

[26] Richtlinie 79/409/EWG des Rates vom 2. April 1979 über die Erhaltung der wild lebenden Vogelarten (ABl.EWG 1979 L 103, S. 1). Die Vogelschutz-RL ist älter als die Berner Konvention und die CMS, stellt jedoch der Sache nach den Gemeinschaftsrechtsakt dar, der beide Abkommen für ihren Geltungsbereich im Gemeinschaftsrecht ausfüllt (Holljesiefken 2007, S.125). Die kodifizierte Fassung Richtlinie 2009/147/EG des Europäischen Parlaments und des Rates vom 30. November 2009 ist am 15. Februar 2010 in Kraft getreten (ABl.EG 2010 L 20, S. 7).

[27] Richtlinie 92/43/EWG des Rates vom 21. Mai 1992 zur Erhaltung der natürlichen Lebensräume sowie der wildlebenden Tiere und Pflanzen (ABl.EWG 1992 L 206, S. 7).

[28] Vertrag über die Arbeitsweise der Europäischen Union (Konsolidierte Fassung bekanntgemacht im ABl.EU 2012 Nr. C 326 S. 1–390).

[29] Weitere unter Recommendation No. 77 fallende Arten sind: Amerikanische Mink (*Mustela vison*), Bisamratte (*Ondatra zibethicus*), Nutria (*Myocastor coypus*), Grauhörnchen (*Sciurus carolinensis*), Schwarzkopfruderente (*Oxyura jamaicensis*), Sikahirsch (*Cervus nippon*), Marderhund (*Nyctereutes procyonoides*), Kanadische Biber (*Castor canadensis*), Rotwangen-Schmuckschildkröte (*Trachemys scripta*), Nordamerikanische Ochsenfrosch (*Rana catesbeiana*).

Problem IAS auf europäischer Ebene zu begegnen. Neben IAS mit ökologischem Schadenspotential schließt die Strategie im Gegensatz zu den Leitlinien der COP auch Arten mit ökonomischem und gesundheitlichem Schadenspotential ein. Weitere Empfehlungen jüngeren Datums fordern dazu auf, sowohl den Handel von IAS und potentiellen IAS in Europa (Recommendation No. 125 – 2007), als auch die Haltung von IAS als Haustiere (Recommendation No. 154 – 2011) und die Haltung in Zoologischen Gärten und Aquarien (Recommendation No. 161 – 2012) zu reglementieren.

Mit der EU-Verordnung Nr. 1143/2014 zur Regulation von IAS ist am 01. Januar 2015 die erste konkrete rechtsverbindliche Verordnung der EU in Kraft getreten, die das Problemfeld IAS umfassend angeht. Anders als die Vogelschutz-RL und FFH-RL gilt diese Verordnung direkt in allen Mitgliedstaaten der EU, ohne dass eine Transformation in nationales Recht notwendig ist. Sie regelt somit ein gemeinsames unionsrechtliches Vorgehen zur Verhinderung der Einbringung, Bekämpfung und Kontrolle von IAS, und gleicht die bisherigen, unter den Mitgliedstaaten sehr unterschiedlichen, rechtsbindenden Dokumente einander an. Strengere, über die Vorgaben der Verordnung hinausgehende, nationale Vorschriften bleiben nach Art. 23 jedem Mitgliedstaat vorbehalten. Zentraler Teil der Verordnung und Ansatzpunkt von Kritiken ist die Listung prioritärer IAS von unionsweiter Bedeutung, auf welche sich alle Maßnahmen zum zukünftigen Umgang (Prävention, Frühwarnsystem, Kontrolle) beziehen. Durch diese aus Gründen der Praktikabilität und Kosteneffizienz vorgenommene Eingrenzung der Zielarten erfährt die Verordnung eine maßgebliche Einschränkung, da alle anderen Arten der Verantwortung der einzelnen Mitgliedsstaaten unterworfen bleiben. Ein erster Entwurf der Unionsliste soll durch die EU Kommission erarbeitet und spätestens zum 02. Januar 2016 vorgelegt werden, wobei eine Konformität zu anderen Normen, wie beispielsweise dem WTO-Übereinkommen oder der EU-ArtSchV (Anhang B), gegeben sein muss. Erst nach Zustimmung des in Art. 27 Abs. 1 genannten Ausschusses werden die in der Verordnung genannten Maßnahmen für die vorgeschlagenen Arten rechtsverbindlich. Widerrechtliche Handlungen haben Sanktionen zur Folge, die von den Mitgliedsstaaten festgelegt und der Kommission spätestens zum 02. Januar 2016 vorgelegt werden sollen. Ebenfalls müssen bis zum 02. Januar 2016 voll funktionsfähige Strukturen bezüglich amtlicher Kontrollen in den Mitgliedsstaaten etabliert sein. Für die Umsetzung des geforderten Überwachungs- und Früherkennungssystems über das Vorkommen und die Ausbreitung von IAS von unionsweiter Bedeutung und Aktionspläne bezüglich ihrer Pfade sowie Managementpläne für bereits im Hoheitsgebiet verbreitete IAS unionsweiter Bedeutung ist ein Zeitrahmen von bis zu 18 Monaten nach Annahme der Unionsliste vorgesehen. Im Hinblick auf diese Verordnung sind Tierhaltungen von Arten unionsweiter Bedeutung prinzipiell rechtswidrig bzw. in Fällen von Forschung und *Ex-situ* Haltungen genehmigungspflichtig. Nichtgewerbliche Besitzer wie auch Besitzer kommerzieller Bestände dürfen im Rahmen von Übergangsbestimmungen nach Art. 31 und Art. 32 EU-Verordnung Nr. 1143/2014 eine Haltung dieser Arten unter gewissen Auflagen fortführen. Eine Kontrolle der Einhaltung der Vorgaben durch die Mitgliedsstaaten findet durch deren Berichtspflicht an die Kommission statt, die erstmals spätestens am 01. Juni 2019 und danach alle sechs Jahre fällig ist.

Unionsrechtliche Vorgaben zur Haltung von Wildtieren in Zoologischen Gärten (darunter fallen auch IAS) sind in der Richtlinie 1999/22/EG (Zoo-Richtlinie)[30] des Rates vom 29. März 1999 zu finden. Die Richtlinie verpflichtet die Mitgliedsstaaten durch die Verabschiedung nationaler Normen dafür zu sorgen, dass Zoologische Gärten bestimmte Anforderungen erfüllen und zu diesem Zweck eine Genehmigungspflicht (Betriebserlaubnis) und Überwachung eingeführt wird. Zum Schutz einheimischer Arten ist beispielsweise im Rahmen der konkreten Anforderungen an Zoologische Gärten gemäß Art. 3 Zoo-Richtlinie dem Entweichen von Tieren wie dem Eindringen von Organismen von Außen vorzubeugen. Zudem ist die Führung eines aktuellen Registers über die Sammlung des Zoos vorgegeben. Im Falle von Zuwiderhandlungen sind Sanktionen vorzusehen. Eine Berichtspflicht der Mitgliedsstaaten über den Vollzug der Richtlinie ist hingegen nicht festgesetzt. Daher ist eine tatsächliche Implementierung der Vorgaben auf nationaler Ebene nur schwer von der Europäischen Kommission überprüfbar. In Bezug auf die IAS-Problematik kritisieren Autoren und Tierschutzorganisationen die mangelhafte Umsetzung der Zoo-Richtlinie in einigen Mitgliedsstaaten, durch die eine effektive Prävention von Neuansiedlungen von IAS durch Gefangenschaftsfluchten aus zoologischen Gärten nicht garantiert werden kann (siehe beispielsweise Fábregas et al. 2010, S. 3633; EU Zoo Inquiry[31] 2011, S. 19, 20, 40).

Nationale Ebene

Die Grundlagen zur Entwicklung einer nationalen Strategie in Deutschland, die Art. 6 CBD nachkommt und das in Art. 8 lit. h) CBD vorgegebene Ziel sicherstellen soll, wurde 2007 im Auftrag des Bundesamtes für Naturschutz (BfN) von Forschungsnehmern des Zentrums für Naturschutz der Universität Göttingen bearbeitet und im BfN-Skript 213 (Hubo et al. 2007) veröffentlicht. Im Rahmen der Politikfeldanalyse dieser Arbeit wurde dem Problemfeld der Tierhaltung eine maßgebliche Bedeutung eingeräumt, die bei der Entwicklung einer nationalen Strategie zu berücksichtigen ist. In der 2007 beschlossen „*Nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt*“ der Bundesrepublik Deutschland sind unter den rund 330 Zielvorgaben und 430 konkreten, akteurbezogenen Maßnahmen der Bundesregierung allerdings keine konkreten Vorgaben zur Tierhaltung aufgeführt.

Die nationale Strategie zum Umgang mit invasiven Arten fand 2009 mit § 40 „*nichtheimische, gebietsfremde und invasive Arten*“ Eingang in das BNatSchG, das als zentrales Regelwerk in Deutschland die völkerrechtlichen Vorgaben und europäischen Richtlinien in nationales Recht umsetzt[32]. Ergänzt wird das BNatSchG durch die Bundesartenschutzverordnung (BArtSchV)[33] und

[30] Richtlinie 1999/22/EG des Rates vom 29. März 1999 über die Haltung von Wildtieren in Zoos (ABl.EG 1999 L 094, S. 24–26). In Deutschland wurde die Richtlinie im April 2002 erstmals umgesetzt (vgl. heute § 42,43 BNatSchG).

[31] Im Rahmen der vom Tierschutznetzwerk ENDCAP in Auftrag gegebenen EU Zoo Inquiry 2011 (www.euzooinquiry.eu) wurde untersucht, ob die Zoos in der EU die Maßgaben der Zoo-Richtlinie erfüllen. Dafür wurden rund 200 zoologische Gärten in 21 Mitgliedstaaten besucht, darunter auch 25 zufällig ausgewählte Einrichtungen in Deutschland.

[32] Eine Regelung bezüglich gebietsfremder Arten enthielt als Vorgänger des heutigen BNatSchG mit § 23 Abs. 2 bereits die Naturschutzverordnung von 1936. Während das Aussetzen „ausländischer oder gebietsfremder nicht jagdbarer Tiere“ hier der Genehmigung der obersten Naturschutzbehörde bedarf, sah die erste Fassung des BNatSchG 1976 eine

durch die weiterhin auf Landesebene geregelten Landesnaturschutzgesetze, die das BNatSchG in einigen Bereichen weiterhin konkretisieren und verschärfen oder von diesem auch abweichen können. Neben dem Verbot einzelner IAS (§ 54 Abs. 4 BNatSchG) und einer Beobachtungspflicht potentieller IAS (§ 40 Abs. 2 BNatSchG) ist mit dem Genehmigungsvorbehalt zur Ausbringung von Pflanzen und Tieren gebietsfremder Arten (§ 40 Abs. 4 BNatSchG) das Leitprinzip zur Prävention weitestgehend umgesetzt. Für die aktive Bekämpfung invasiver, gebietsfremder Arten, wie sie nach § 40 Abs. 3 BNatSchG gefordert ist, ist für eine Umsetzung von Maßnahmen allerdings eine sichere Beweislage der Invasivität der Art vorausgesetzt.

Weitere hier relevante nationale Regelungen zu invasiven Arten sind im Bundeswaldgesetz (BWaldG), im Bundesjagdgesetz (BJagdG) und den dazugehörigen Landesgesetzen sowie dem Tiergesundheitsgesetz (ehemalig Tierseuchengesetz, TierGesG) und dem Tierschutzgesetz (TierSchG) zu finden.

Darüberhinaus ist die Bundesrepublik Deutschland als EU-Mitgliedsstaat dazu verpflichtet, das innerstaatliche Recht den normativen Vorgaben der EU-Verordnung Nr. 1143/2014 bezüglich der absichtlichen Einfuhr und Ausbringung von IAS von unionsweiter Bedeutung und Maßnahmen ihrer Bekämpfung inklusive der Handels- und Haltungsverbote, der Genehmigungsverfahren für Forschung, *Ex-situ* Haltungen und der Verbringung aus dem Ausland sowie die Etablierung und Einbindung von Kontrollbehörden und eines Überwachungs- und Früherkennungssystems anzupassen. Ob das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit (BMUB) auch eine nationale Liste erstellen und im Hoheitsgebiet der Bundesrepublik Deutschland zusätzlich für diese Arten Maßnahmen ergreifen wird, bleibt abzuwarten. Das BfN ist derzeit im Rahmen eines F+E Vorhabens mit einer Laufzeit von 2015-2017 mit der Erstellung eines Listenvorschlags zur Einreichung bei der Europäischen Kommission betraut und erforscht die prioritären Einbringungspfade für invasive Arten von unionsweiter Bedeutung in Deutschland. Für den Listenvorschlag wird vermutlich das bisher unabhängig von der EU-Verordnung Nr. 1143/2014 entwickelte taxon- und länderübergreifende Bewertungskonzept des BfN als Vorlage dienen. Dieses findet in Form einer kriterienbasierten Liste bereits Anwendung für invasive Fischarten für Deutschland und Österreich und wurde kürzlich auch für in Deutschland wild lebende gebietsfremde Wirbeltiere eingeführt. Die Liste beinhaltet sechs unterschiedliche Kategorien und dient als Instrument für den praktischen Naturschutz sowie für die normativ-politische Diskussion als Bewertungsgrundlage und zur Ableitung von Handlungsoptionen[34].

Verschärfung des Tatbestandes der Aussetzung und Ansiedlung gebietsfremder Tiere in der freien Natur in Form eines rahmenrechtlichen Verbotes vor (vgl. Holljesiefken 2007, S. 165).

[33] Bundesartenschutzverordnung vom 19. Dezember 1986 (BGBl. I 1986, S. 2705–2761), kodierte Fassung vom 16. Februar 2005 (BGBl. I 2005, S. 258–317, 896), die zuletzt durch Artikel 10 des Gesetzes vom 21. Januar 2013 (BGBl. I 2013, S. 95) geändert worden ist.

[34] Folgende sechs Kategorien mit verschiedenen Handlungsempfehlungen werden nach Nehring et al. (2010, S. 24–26; 2015a, S. 13–14) unterschieden:

- Schwarze Liste – Warnliste, für die gezielte vorbeugende Maßnahmen zur Verhinderung der Einbringung erforderlich sind (entsprechend zu § 40 Abs. 1 BNatSchG);

Da sie jedoch ohne Rechtsbindung ist, kann sie ausschließlich als Leitfaden und Orientierungshilfe verstanden werden.

5.4.3 die Problematik einer unbestimmten Invasivität in der Normanwendung im Fallbeispiel des Waschbären

Zusammenfassend bestehen hinsichtlich des ökologischen und gesundheitlichen Schadenspotentials des Waschbären (siehe Abschnitt 5.3) weitreichende Wissensdefizite und Unsicherheiten, die eine Einschätzung der Invasivität dieser Tierart erschweren. Da die Invasivität des Waschbären bisher noch nicht zweifelsfrei belegt werden konnte, die Art jedoch als potentiell invasive Art verstanden werden kann, kommt in rechtlicher Hinsicht ausschließlich § 40 Abs. 2 BNatSchG zum tragen, welcher eine Beobachtungspflicht von Arten vorschreibt, bei denen Anhaltspunkte dafür bestehen, dass es sich um invasive Arten handelt. Maßnahmen einer aktiven Bekämpfung sind aufgrund der unsicheren Beweislage der Invasivität der Art nach den heutigen Eingriffsnormen nicht direkt gefordert. Aufgrund nicht festgelegter Gefahrenschwellen hinsichtlich eines Gefährdungspotentials unterliegt die Beurteilung der Invasivität einer Art jedoch auch einer subjektiven Einschätzung.

Aufgrund des in dieser Arbeit festgehaltenen Ausbreitungstrends der Art (siehe Kapitel 1) kann davon ausgegangen werden, dass der Waschbär ohne entsprechende Maßnahmen zukünftig flächendeckend zu einem fester Bestandteil der deutschen und mitteleuropäischen Fauna werden wird. Maßnahmen im Falle einer bestätigten Gefährdung für einheimische Arten und den Menschen - die auf Basis der aktuellen Datengrundlage nicht ausgeschlossen werden können - wären dann kaum noch durchsetzbar. Insofern steht ein Ausschluss aufgrund von Kenntnislücken im direkten Widerspruch zum Vorsorgeprinzip, nach dessen Verständnis angesichts der Gefahr irreversibler Umweltschäden und in Folge einer eingeschränkten Rückholbarkeit neben der Möglichkeit zur Maßnahmenergreifung trotz Wissenslücken, eine Rechtspflicht zur Gefahrenforschung besteht. Dieser Auslegung entsprechend müsste neben der rechtlich geforderten Beobachtungpflicht für potentiell invasive Arten auch die Durchführung neuer wissenschaftlicher Studien zur Schließung der Wissenslücken gefordert werden, um den Folgen einer Rechtsunsicherheit bezüglich der Erfüllung des Handlungsauftrages im Sinne der CBD und ihrer supranationalen und nationalen Umsetzung vorzubeugen.

- Schwarze Liste – Aktionsliste invasive Arten, mit kleinräumigen Vorkommen zu Beginn der Ausbreitung für sofortige, intensive und nachhaltige Bekämpfungsmaßnahmen nach Früherkennung und Sofortmaßnahmen (entsprechend zu § 40 Abs. 3 Satz 1 BNatSchG);
- Schwarze Liste – Managementliste invasive Arten, mit kleinräumigen Vorkommen ohne geeignete, erfolgversprechende Bekämpfungsmaßnahmen oder großräumigen Vorkommen für lokale Maßnahmen, um den Einfluss dieser invasiven Arten z. B. auf besonders schützenswerte Arten, Lebensräume oder Gebiete zu minimieren (entsprechend zu § 40 Abs. 3 Satz 2 BNatSchG);
- Graue Liste – Handlungsliste von Arten, die als potenziell invasiv gelten, für die begründete Annahmen für eine Invasivität vorliegen und daher trotz bisher fehlendem Gefährdungsnachweis Maßnahmen erforderlich sind;
- Graue Liste – Beobachtungsliste von Arten, für die Hinweise für eine Invasivität vorliegen, aber ein echter Nachweis der Gefährdung noch aussteht und die daher unter Beobachtung zu stellen sind;
- Weiße Liste – Liste von Arten, die nach derzeitigem Wissensstand keine Gefährdung heimischer Arten oder von Lebensräumen hervorrufen.

Im Hinblick auf das Bewertungskonzept einer *Schwarze Liste* invasiver Arten des BfN, welche, wie bereits im vorherigen Abschnitt aufgeführt, zwar ohne Rechtsbindung ist, aber als Orientierungshilfe für den praktischen Naturschutz in Deutschland verstanden wird, ist der Waschbär als invasive Art eingestuft und wurde auf die Schwarze Liste – Managementliste gesetzt (Nehring et al. 2015, S. 14). In dieser naturschutzfachlichen Invasivitätsbewertung wurde das Kriterium „Interspezifische Konkurrenz“ - Raumkonkurrenz mit Vögeln als begründete Annahme aufgefasst. Ebenfalls wurde das Einstufungskriterium „Prädation und Herbivorie“ aufgrund der Nahrungsaufnahme des Waschbären von Eiern, Jungvögel, Fische, Amphibien (u.a. gefährdeter Moorfrosch) und Reptilien (u.a. lokal gefährdete Ringelnatter) sowie Hinweisen auf negative Auswirkungen auf die vom Aussterben bedrohte Europäische Sumpfschildkröte (*Emys orbicularis*) und auf die stark gefährdete Gelbbauchunke (*Bombina variegata*) als gegeben angesehen (Nehring et al. 2015, S. 62). Mit der Aufnahme der Art in die Mangementliste wird laut des BfN folgende Handlungsoption empfohlen (Nehring et al. 2015, S. 46):

„Managementliste: Enthält im Bezugsgebiet wild lebende invasive Arten, deren Vorkommen schon großräumig sind oder deren Vorkommen noch kleinräumig sind und für die keine geeigneten, erfolgversprechenden Bekämpfungsmaßnahmen bekannt sind. Maßnahmen zu diesen Arten sind in der Regel nur lokal sinnvoll und sollten darauf abzielen, den negativen Einfluss dieser invasiven Arten z.B. auf besonders schützenswerte Arten, Lebensräume oder Gebiete zu minimieren (siehe auch § 40 Abs. 3 Satz 2 BNatSchG). Außerdem ist eine Überwachung, u.a. im Hinblick auf ihre Bestandsentwicklung, Verbreitung und die Gefährdung der biologischen Vielfalt sinnvoll. Erforderlich sind auch Forschungsaktivitäten zur Entwicklung neuer erfolgversprechender Methoden zur Bekämpfung oder zumindest verbesserten Kontrolle.“

Ebenso erhielt der Waschbär laut einer Risikobewertung des „Great Britain Non-native Species Risk Assessment“ (GB NNRA) im Auftrag des britischen „Non-Native Species Secretariat“ (NNSS) die Einstufung „Medium risk and medium uncertainty“. Die Risikobewertung, die anhand des GB NNRA-Fragekatalogs von 80 Fragen von A. Zalewski (2011) vom „Centre of Excellence in Biodiversity Conservation and Mammal Research“ (BIOTER) aus Polen durchgeführt wurde, stellt vor allem eine mögliche Gefährdung von Seevögelkolonien sowie Wasservögeln und Amphibien durch den Waschbären heraus und betont eine hohe Gefährdung für Mensch und Tier durch die Übertragung des Waschbärspulwurms (*Baylisascaris procyonis*) und weitere Krankheitserreger. Zudem führt Zalewski zu erwartende mittlere ökonomische Schäden in urbanen Gebieten und der Landwirtschaft an. Die Studie zur Untersuchung von Raubsäugern und deren Einfluss auf Wasservögel der Technischen Universität Dresden, sowie die Auswertungen zu der Bedeutung des Neozoon Waschbär für Bodenbrüter von Voigt (2009) als auch die Beispiele friedlicher Koexistenz von Waschbär und der Avifauna im Müritz Nationalpark (siehe Kapitel 5.3.1) finden in dieser Risikobewertung keine Beachtung.

Obwohl aufgrund der wissenschaftlichen Unsicherheit zum Waschbären zunächst davon ausgegangen werden musste, dass es im Hinblick auf die EU-Verordnung Nr. 1143/2014 zu keiner abschließenden Bewertung des Ausmaßes des Gefährdungspotentials kommen kann und diese Art möglicherweise unter Beobachtung, aber aufgrund der fehlenden Voraussetzungen nicht unter die rechtlichen Verpflichtungen der Regelungen fallen wird, wurde mit der Veröffentlichung der Unionsliste der Kommission zum 22. Januar 2016 und der Aufnahme des Waschbären in die Liste diese Annahme widerlegt[35]. Die Einstufung des Waschbären als IAS unionsweiter Bedeutung geht hierbei auf die Risikobewertung des GB NNRA zurück. Weitere Säugetierarten unter den 37 Arten der Unionsliste sind neben dem Waschbären, das Pallas-Hörnchen (*Callosciurus erythraeus*), der Kleiner Mungo (*Herpestes Javanicus*), der Chinesischer Muntjak (*Muntiacus reevesii*), die Nutria (*Myocastor coypus*), der Südamerikanischer Nasenbär (*Nasua nasua*), das Grauhörnchen (*Sciurus carolinensis*), das Fuchshörnchen (*Sciurus niger*) und das Gestreifte Backenhörnchen (*Tamias sibiricus*). Mit dieser Listung ist in der Fachwelt eine Diskussion über die Willkürlichkeit der Listung der Arten unionsweiter Bedeutung angefacht worden. Während beispielsweise die Aufnahme des Südamerikanischen Nasenbären und des Waschbären auf die Liste aufgrund eines geringen Risikos der Etablierung bzw. einer unsicheren Beweislage der Invasivität kritisiert werden, tauchen Arten wie der Mink (*Neovison vison*), die unter naturschutzfachlichen Aspekten als sehr kritisch angesehen werden und für die eine belastbare Risikobewertung vorliegen müsste, nicht in der Liste auf. Grund hierfür ist, dass die von der EU-Kommission vorgeschlagenen 80 Arten grundsätzlich nur nach vier verschiedenen Risikobewertungsmethoden (EPPO DSS[36], GB NNRA[37], Harmonia^{+}[38] und ENSARS[39]) begutachtet wurden. Andere Bewertungsmethoden wie beispielsweise das deutsch-österreichische Schwarze-Listen-System wurden in einem vorgelagerten Screening hinsichtlich einer minimalen Standartsetzung der Risikobewertung ausgeschlossen. In den vier ausgewählten Protokollen traten für 44 der 80 Arten - darunter auch für den Mink (*Neovison vison*) - maßgebliche Wissenslücken hinsichtlich der Risikobewertung auf, die zu einem vorläufigen Ausschluss der Arten von der Unionsliste geführt haben[40]. Durch die vorgenommene Auswahl und Eingrenzung der Risikobewertungsmethoden ist davon auszugehen, dass eine gewisse nationale Gewichtung der Invasivität einer Tierart in die Risikobewertung einfließt und relevante Informationen außerhalb der

35 https://circabc.europa.eu/faces/jsp/extension/wai/navigation/container.jsp.

36 EPPO DSS (EPPO Decision-support scheme) ist ein umfassendes Rahmenprogramm zur Risikoanalyse für invasive gebietsfremde Pflanzenarten und Pflanzenschädlinge, die von der Pflanzenschutzorganisation für Europa und den Mittelmeerraum EPPO (European and Mediterranean Plant Protection Organisation – EPPO) entwickelt wurde.

37 GB NNRA (Great Britain Non-native Species Risk Assessment) ist ein britisches Risikobewertungssystem, das 2005 vom Department for Environment, Food and Rural Affairs mit Unterstützung der Schottischen und Walisischen ins Leben gerufen wurde und einen ausführlichen Fragekatalog von 80 Fragen umfasst.

38 Harmonia^{+} ist ein belgisches Risikobewertungssystem, das einen Fragekatalog von 30 Fragen umfasst und im Rahmen des „Alien Alert project“ zur Identifizierung neuer Schädlinge und invasiver Arten in Belgien und den benachbarten Gebieten entwickelt wurde. Da das Projekt noch sehr jung ist, konnten noch nicht alle Risikobewertungen vollständig abgeschlossen werden.

39 ENSARS (European Non-native Species in Aquaculture Risk Analysis Scheme) ist ein Risikobewertungssystem zur Identifizierung von gebietsfremden Arten in der Aquakultur.

40 Invasive alien species – framework for the identification of invasive alien species of EU concern; ENV.B.2/ETU/2013/0026 (Tabelle 5.7, S. 167); http://ec.europa.eu/environment/nature/invasivealien/docs/Final%20report_12092014.pdf.

Methoden nicht zu einer Begutachtung kommen. Zwar findet eine Überprüfung der Artenliste und der Risikobewertungen durch Experten statt, der Arbeitsbericht der Experten bezieht sich im Falle des Waschbären allerdings vorwiegend auf die in der GB NNRA-Bewertung genannten Referenzen und internationale Datenbanken, womit nicht international veröffentlichte Daten und Erfahrungen nur bedingt Eingang in die Bewertung gefunden haben. Zudem ist vorstellbar, dass neben Artenschutzgründen auch ökonomische Gesichtspunkte eine maßgebliche Gewichtung in der Erstellung des Listenvorschlages der EU-Kommission als auch in dem Abstimmungsverhalten der Länder zur Verifizierung der Liste eingenommen haben. Überprüfbar ist die dieser Einfluss jedoch nicht. Neben Deutschland haben Polen, die Niederlande und Belgien in der entscheidenden Abstimmung des IAS Kommitees am 04. Dezember 2015 gegen eine Annahme der Liste gestimmt (mündl. Gerhard Adams, BMUB - Vertreter Deutschlands in der Abstimmung). Die 23 übrigen Mitgliedsstaaten (67,09 % der repräsentierten Bevölkerung und somit mehr als die geforderten 65 %) haben einer Annahme der Liste zugestimmt. Trotz einer Resolution des EU-Parlamentes betreffend der Unionsliste, in der die Mehrheit des EU-Parlaments die Auffassung vertritt, dass der Entwurf einer Durchführungsverordnung der EU Kommission über die in der EU-Verordnung Nr. 1143/2014 vorgesehenen Durchführungsbefugnisse hinausgeht und die Kommission dazu auffordert, ihren Entwurf zurückzuziehen und dem Ausschuss einen neuen Entwurf vorzulegen[41], ist zu erwarten, dass die Unionsliste in dieser Fassung im Amtsblatt der europäischen Union veröffentlicht wird und zwanzig Tage danach in Kraft tritt. Dadurch sind die EU-Länder dazu verpflichtet, die damit verbundenen Maßnahmen gegen die 37 aufgeführten invasiven gebietsfremden Arten umzusetzen.

5.4.4 Haltungsbeschränkungen und Verbote für Private

Neben der Haltung in zoologischen Gärten und Tierparks gelangen gebietsfremde Arten über Zoogeschäfte, Tierbörsen und über private Kleinanzeigen in die Hände von Privaten. Problematisch sind hier vor allem Spontankäufe von Arten zu bewerten, über die der Kunde sehr wenig bis nichts weiß, und daher sowohl das Risiko einer Fluchtgefahr des Tieres als auch das Risiko einer bewussten Aussetzung gegeben sind[42]. Rechtliche Regelungen und Verbote bezüglich der Haltung von Tieren

[41] Entschließung des Europäischen Parlaments vom 16. Dezember 2015 zu dem Entwurf einer Durchführungsverordnung der Kommission zur Annahme einer Liste invasiver gebietsfremder Arten von unionsweiter Bedeutung gemäß der Verordnung (EU) Nr. 1143/2014 des Europäischen Parlaments und des Rates (D041932/01 – 2015/3010(RSP)). Allerdings ist die EU-Kommission an dieses Votum des EU-Parlaments nicht gebunden, da das EU-Parlament 2014 die EU-Verordnung bereits genehmigt hatte und die Unionsliste nur als eine Durchführung/Ergänzung der Verordnung zu betrachten ist.

[42] Per Definition handelt es sich beim Waschbären, der aus Liebhaberei immer wieder als Heimtier gehalten wird, nach wie vor um ein Wildtier, dessen Bedürfnisse nicht über eine jahrhundertlange Domestikation den Bedürfnissen des Menschen angepasst wurden. Gerade mit Eintritt in das Geschlechtsalter, was mit etwa 10 Monaten bei Fähen und zwischen 5 und 18 Monaten bei Rüden erfolgt, finden naturgemäße Verhaltensmuster statt, die in einer Heimtierhaltung nicht ausgelebt werden können und häufig eine Aggressivität des Tieres zur Folge haben (Hohmann und Bartussek 2004, S. 174). Während sich die weiblichen Tiere zur Vorbereitung auf ihre Mutterrolle beispielsweise ein Rückzugsgebiet zur Jungenaufzucht suchen und dieses verteidigen, geht der Geschlechtsreife der männlichen Tiere eine oft mehrmonatige Wanderphase voraus, ein Lebensabschnitt in dem jede Gelegenheit zum Ausbüchsen genutzt wird (Hohmann und Bartussek 2004, S. 174). Ein uninformierter Halter sieht daher seine Erwartungen an das „Haustier“ oftmals durchkreuzt, und mag zu seiner Entlastung eine Entledigung des Tieres durch eine Aussetzung in die freie Natur erwägen.

sind zwar durchaus vorhanden, aber, soweit es private Tierhalter betrifft, vielfach nicht bekannt und/oder rechtlich schwierig zu vollziehen.

Die Haltung aller Tierarten unterliegt, unabhängig davon ob die Arten als heimisch, gebietsfremd oder invasiv gelten, den Bestimmungen des Tierschutzgesetzes (TierSchG)[43], die unter anderem besagen, dass derjenige, der ein Tier hält oder betreut, das Tier seiner Art und seinen Bedürfnissen entsprechend angemessen ernähren, pflegen und verhaltensgerecht unterbringen muss[44] und darüberhinaus über die für eine angemessene Ernährung, Pflege und verhaltensgerechte Unterbringung des Tieres erforderlichen Kenntnisse und Fähigkeiten zu verfügen hat[45]. Eine Überprüfung dieser Anforderungen erscheint jedoch kaum durchsetzbar. Einige Natur- und Artenschutzverbände bieten Tierhaltern zwar die Möglichkeit an, einen Sachkundenachweis über die notwendigen Kenntnisse zur Haltung bestimmter Tiere zu erwerben[46], allerdings beruhen diese Maßnahmen auf einer freiwilligen Basis, wodurch ihre Wirksamkeit als sehr gering einzuschätzen ist (vgl. Hubo et al. 2010, S. 94).

Für die Haltung von Säugetieren wurde am 07. Mai 2014 vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) ein Gutachten über die Mindestanforderungen an die Haltung von Säugetieren auf Grundlage des aktuellen, wissenschaftlichen und tierhalterischen Kenntnisstandes herausgegeben[47]. Dieses richtet sich als Orientierungshilfe für die Auslegung der allgemeinen Regelungen des TierSchG sowohl an die Tierhalter als auch an die zuständigen Aufsichtsbehörden der Länder. Die Mindestanforderungen für die Haltung von Waschbären sehen demnach einen ganzjährigen Zugang zu einem Außengehege mit einer Mindesthöhe von 3 m und einem Raumbedarf von 30 m² pro Paar und zusätzlich weiteren 2 m² für jedes weitere Tier vor, sowie Kletter-, Versteck- und Schattenmöglichkeiten, einem Wasserbecken und zugfreien Wurf- bzw. Schlafboxen. Ein zusätzliches Innengehege muss die Mindestmaße von 6 m² pro Paar zuzüglich 3 m² für jedes weitere Tier und einer Höhe von 2,5 m erfüllen.

Tiergehege, unter denen dauerhafte Einrichtungen verstanden werden, in denen Tiere wild lebender Arten außerhalb von Wohn- und Geschäftsgebäuden während eines Zeitraums von mindestens sieben Tagen im Jahr gehalten werden und die kein Zoo im Sinne des § 42 Abs. 1 BNatSchG sind (§ 43 Abs. 1 BNatSchG), unterliegen seit der Novellierung des Bundesnaturschutzgesetzes im März 2010 einer Anzeigepflicht bei den Unteren Naturschutzbehörden. Aufgrund der zugestandenen, abweichenden Regelungen der Länder existiert für den Betrieb von Tiergehegen in einigen Bundesländern neben

43 Tierschutzgesetz vom 24. Juli 1972 in der Fassung der Bekanntmachung vom 18. Mai 2006 (BGBl. I 2006, S. 1206–1222, 1313), zuletzt geändert durch Artikel 3 des Gesetzes vom 28. Juli 2014 (BGBl. I 2014, S. 1308).

44 § 2 Abs. 1 TierSchG.

45 § 2 Abs. 3 TierSchG.

46 Angebote bestehenzum Beispiel vom Bundesverband für fachgerechten Natur- und Artenschutz (BNA) für die Vogelhaltung oder der Deutschen Gesellschaft für Herpetologie und Terrarienkunde (DGHT) für die Halter von Reptilien.

47 Mit dem vorliegenden Gutachten über die Mindestanforderungen an die Haltung von Säugetieren wurde das vom Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft im Jahre 1996 herausgegebene Vorgängergutachten grundlegend überarbeitet und abgelöst.

einer Anzeigepflicht auch eine Genehmigungspflicht[48]. In anderen Bundesländern hingegen wird unter gewissen Vorgaben auf eine Anzeigepflicht verzichtet[49]. Auflagen im Rahmen der Genehmigungsvoraussetzungen für ein Tiergehege (darunter beispielsweise ein Sachkundenachweis zum Führen des Geheges, die Sicherstellung einer fachkundigen und regelmäßigen tierärztlichen Betreuung, die Führung eines Gehegebuches bzw. ein Tierbestandregister und eine Gehegekontrolle oder eine Untersuchung durch den Amtstierarzt) bestehen in Thüringen (§ 33 Abs. 3 ThürNatG), in Berlin (§ 32 NatSchBln), in Nordrhein-Westfalen (§ 67 Abs. 2, 3 LG) und in Hamburg (§ 16 HmbBNatSchAG). Darüberhinaus müssen Tiergehege nach § 43 Abs. 2 Nr. 1 BNatSchG, gleichermaßen wie Zoos, so errichtet werden, dass neben der Einhaltung von Tier- und Artenschutzanforderungen auch dem Eindringen von Schadorganismen und dem Entweichen der Tiere vorgebeugt wird. Eine gewerbliche Haltung von Wirbeltieren macht darüberhinaus gemäß § 11 Abs. 1 Nr. 8 des TierSchG eine Erlaubnis des Veterinäramtes notwendig, sofern eine bereits erteilte Tiergehegegenehmigung nicht eine Genehmigung des Veterinäramtes miteinschließt. Weiterhin existieren neben naturschutzrechtlichen Normen in den Bundesländern beispielsweise eigene forstrechtliche Bestimmungen zur Einrichtung von Gehegen im Wald, wie im Falle des § 34 LWaldG in Baden-Württemberg. Ausgenommen von der Anzeigepflicht bzw. dem Genehmigungsvorbehalt ist im Allgemeinen eine Tierhaltung in Wohn- und Geschäftsgebäuden, wie sie oftmals auf Privathaltungen von exotischen Tieren zutrifft. Eine Haltung nicht domestizierter Tiere im häuslichen Umfeld widerspricht in vielen Fällen jedoch der Anforderungen einer artgemäßen Haltung entsprechend § 2 Abs. 1 des TierSchG.

Für die in der BArtSchV sowie der in Anhang B der EU-ArtSchV aufgeführten IAS existieren strikte Besitz- und Vermarktungsverbote bzw. Handels- und Vermarktungsverbote als auch Einführungsbeschränkungen[50]. Diese Verbote betreffen im Falle der BArtSchV jedoch ausschließlich vier und im Falle der EU-ArtSchV ausschließlich sieben Arten. Die vom BMUB durch Rechtsverordnung gemäß § 54 Absatz 4 des BNatSchG in die BArtSchV aufgenommenen invasiven Arten umfassen den Amerikanischer Biber (*Castor canadensis*), die Schnappschildkröte (*Chelydra*

48 Eine Genehmigungspflicht für Tiergehege besteht weiterhin in Thüringen, wobei Tiergehege im Sinne dieser Bestimmung nur die Haltung besonders geschützter, wild lebender Tierarten betreffen (§ 33 Abs. 3 ThürNatG), in Berlin (§ 32 NatSchBln), in Nordrhein-Westfalen (§ 67 Abs. 1 LG), in Schleswig Holstein (§ 28 LNatSchG) mit Ausnahme von Gehegen, die kleiner sind als 50 m^2 oder von Gehegen, die unter staatlicher Aufsicht stehen oder in denen eine geringe Zahl an Tieren mit geringen Haltungsanforderungen untergebracht ist und in Mecklenburg-Vorpommern sofern die Errichtung einschließlich in und auf Gewässern geschieht und sie somit nach § 12 Abs. 1, 15 NatSchAG M-V, einen Eingriff in die Natur und Landschaft darstellt.

49 Ausnahmeregelungen bezüglich einem Verzicht einer Anzeigepflicht bestehen in Baden-Württemberg für Gehege unter staatlicher Aufsicht sowie mit einer Grundfläche kleiner als 50 m² (§ 42 NatSchG BW) in Hessen für Gehege mit einer Grundfläche kleiner als 150 m² (§ 18 HAGBNatSchG), in Niedersachsen und in Sachsen-Anhalt für Gehege mit einer Grundfläche kleiner als 50 m², soweit keine Tiere besonders geschützter Arten gehalten werden (§ 30 NAGBNatSchG, § 27 NatSchG LSA), in Bremen für Gehege mit einer Grundfläche kleiner als 50 m², soweit in ihnen keine geschützten oder streng geschützten Arten gehalten werden (§ 27 BremNatG) in Brandenburg für Gehege mit einer Grundfläche kleiner als 1.000 m² (§ 21 BbgNatSchAG), in Rheinland-Pfalz für Gehege unter staatlicher Aufsicht oder mit einer Grundfläche von maximal 500 m² (§ 21 LNatSchG) und in Bayern für Gehege, die unter staatlicher Aufsicht stehen, für Gehege, die nur für kurze Zeit aufgestellt werden, die eine geringe Fläche beanspruchen oder in denen nur eine geringe Anzahl von Tieren oder Tiere mit geringen Anforderungen an ihre Haltung gehalten werden. (§ 43 Abs. 3 Satz 1 BNatSchG).

50 § 3 Abs. 1 BArtSchV; Art. 4 Abs. 2 EU-ArtSchV, Art. 8 Abs. 5 EU-ArtSchV.

serpentina), die Geierschildkröte (*Macroclemys temminckii*) und das Grauhörnchen (*Sciurus carolinensis*), während die Handelseinschränkungen der EU-ArtSchV für die lebenden Exemplare der Rotwangen-Schmuckschildkröte (*Trachemys scripta elegans*), der Zierschildkröte(*Chrysemys picta*), des Amerikanischen Ochsenfrosches (*Lithobates catesbeianus*), des Pallas-Hörnchen (*Callosciurus erythraeus*), des Grauhörnchen(*Sciurus carolinensis*), des Fuchshörnchen (*Sciurus niger*) und der Schwarzkopf-Ruderente (*Oxyura jamaicensis*) gelten. Weiterhin gelten in Bezug auf den Besitz, Erwerb, Handel und sonstiges Inverkehrbringen von Tierarten im Falle von Wild nach dem BJagdG entsprechende Verbote, die allerdings auf die in der Bundeswildschutzverordnung (BWildSchV) aufgeführten Tierarten beschränkt sind. Als typische IAS ist in deren Anlagen bisher nur die Kanadagans (*Branta canadensis*) vertreten. Ausgenommen von den Besitz- und Vermarktungsverboten des BNatSchG sind Tierhaltungen unter zoologisch fachkundiger Leitung von ganz oder überwiegend juristischen Personen des öffentlichen Rechts. Weitere Ausnahmen von den Besitz- und Vermarktungsverbote, die beispielsweise auch für die Haltung von IAS in Tiergehegen von Belang sein können, können die nach Landesrecht zuständigen Behörden erteilen, zum Beispiel für Zwecke der Forschung, Lehre und Bildung oder aus zwingenden Gründen des überwiegenden öffentlichen Interesses[51]. Zuständig für die Genehmigungserteilung sind in der Regel die höheren Naturschutzbehörden, in Rheinland-Pfalz also die oberen Naturschutzbehörden der Struktur- und Genehmigungsdirektion (SGD) Nord bzw. Süd in Koblenz bzw. in Neustadt an der Weinstraße.

Eine vorsätzliche oder fahrlässige Nichteinhaltung der Besitz- und Vermarktungsverbote beinhaltet eine Ordnungswidrigkeit und kann mit einer Geldbuße von bis zu fünfzigtausend Euro geahndet werden[52]. Wer darüberhinaus dem Vermarktungsverbot der Arten gewerbs- oder gewohnheitsmäßig begeht oder gegen das Vermarktungsverbot der Anhang B Arten der EU-ArtSchV verstößt, kann mit Freiheitsstrafe bis zu drei Jahren oder mit Geldstrafe bestraft werden[53]. Wer vorsätzlich oder fahrlässig entgegen § 43 Abs. 3 Satz 1 BNatSchG eine Anzeige nicht, nicht richtig, nicht vollständig oder nicht rechtzeitig erstattet, muss mit einer Geldbuße bis zu zehntausend Euro rechnen, wohingegen ein Verstoß gegen die oben genannten Vorgaben des TierSchG mit einer Geldbuße bis zu fünftausend Euro geahndet werden kann. Wer darüberhinaus einem Wirbeltier, das er hält, betreut oder zu betreuen hat, ohne vernünftigen Grund erhebliche Schmerzen, Leiden oder Schäden zufügt, kann laut TierSchG mit einer Geldbuße bis zu fünfundzwanzigtausend Euro und, sofern es sich um länger anhaltende oder sich wiederholende erhebliche Schmerzen oder Leiden handelt, sogar mit Freiheitsstrafe bis zu drei Jahren bestraft werden[54].

Über die bisherigen Besitz- und Vermarktungsverbote hinaus wird nach den Vorgaben der EU-Verordnung Nr. 1143/2014 zukünftig eine Reihe von Präventionsmaßnahmen gelten, welche gewisse

51 § 45 Abs. 6, 7.
52 § 69 Abs. 6 BNatSchG.
53 § 71a Abs. 1, 3 BNatSchG.
54 § 18 Abs. 4 TierSchG.

Beschränkungen und -verbote für gelistete IAS beinhalten. Neben Beschränkungen zur Verhinderung einer vorsätzlichen Einfuhr, einer Beförderung, eines Handels und einer Inverkehrbringung sowie einer Haltung und Zucht wird eine vorsätzliche Freisetzung in die Umwelt untersagt[55]. Weiterhin sind die Vertragsparteien dazu verpflichtet, alle notwendigen Schritte zu unternehmen, um auch eine nicht vorsätzliche oder grob fahrlässige Einbringung oder Ausbreitung invasiver gebietsfremder Arten von unionsweiter Bedeutung zu verhindern[56]. Haltungen im Rahmen von Forschung und *Ex situ*-Erhaltung (hierzu gehören Zoologische Gärten) können von den prinzipiellen Verboten ausgenommen werden, sind aber genehmigungspflichtig und unterliegen gewissen Auflagen, deren Einhaltung vom Antragssteller nachgewiesen werden muss[57]. In Ausnahmefällen können Mitgliedstaaten unter Zustimmung der Kommission auch anderen Einrichtungen aus Gründen des zwingenden öffentlichen Interesses, einschließlich solcher sozialer oder wirtschaftlicher Art, eine Genehmigung erteilen[58]. Neben einer eindeutigen Kennzeichnung der Tiere wird im Rahmen des Genehmigungsvorbehaltes eine angemessene Qualifikation des Personals verlangt. Zudem hat die Haltung ausschließlich in einem geschlossenen System zu erfolgen, wobei dem Risiko des Entkommens und der Ausbreitung wirksam unter Berücksichtigung der Charakteristika der Art zu begegnen ist[59]. Als Ausdruck des Vorsorgeprinzips, muss der Halter der Behörde ein kontinuierliches Überwachungssystem und einen Krisenplan, einschließlich Beseitigungsplan für den Fall des Entkommens der Art vorlegen[60]. Eine Sicherstellung dieser Anforderungen ist mit der Verpflichtung der zuständigen Behörden der Mitgliedstaaten zu Kontrollen der Einrichtungen, sowie zur Veröffentlichung von Zweck und Umfang der erteilten Genehmigungen für die betreffende Anzahl der Arten gegeben[61]. Für Tiere, die von nichtgewerblichen Besitzern, beispielsweise von Privatpersonen als Haustiere, bereits vor ihrer Aufnahme in die Unionsliste gehalten wurden sowie für Tiere aus kommerziellen Beständen, deren gewerbliche Marktteilnehmer möglicherweise Vertrauensschutz genießen (z. B. solche, denen im Einklang mit der Verordnung 708/2007/EG[62] eine Genehmigung erteilt wurde), gelten Übergangsbestimmungen, sofern eine Haltung unter Verschluss in Betracht kommt und eine Fortpflanzung oder ein Entkommen der Tiere ausgeschlossen werden kann[63]. Obwohl die Regelungen der Verordnung allgemein als weitreichend und effektiv bewerten werden können, besteht ein

55 Art. 7 Abs. 1 EU-Verordnung Nr. 1143/2014.
56 Art. 7 Abs. 2 EU-Verordnung Nr. 1143/2014.
57 Art. 8 Abs. 1, 4 EU-Verordnung Nr. 1143/2014.
58 Art. 9 Abs. 1 EU-Verordnung Nr. 1143/2014.
59 Art. 8 Abs. 2 lit a-e) EU-Verordnung Nr. 1143/2014.
60 Art. 8 Abs. 2 lit. f) EU-Verordnung Nr. 1143/2014.
61 Art 8 Abs. 7, 8 EU-Verordnung Nr. 1143/2014.
62 Verordnung EG Nr. 708/2007 des Rates vom 11. Juni 2007 über die Verwendung nicht heimischer und gebietsfremder Arten in der Aquakultur (ABl.EG 2007 L 168, S.1–17).
63 Eine Haltung von bereits vor ihrer Aufnahme in die Unionsliste gehalten Heimtieren ist bis zum Ende ihres natürlichen Lebens gestattet. Gewerblichen Besitzern hingegen wird eine 2-Jahres Frist zugestanden, um ihren Bestand durch Tötung, Verkauf oder Übergabe der Exemplare an Forschungs- oder Ex-situ-Erhaltungseinrichtungen erschöpfen zu können. Der Verkauf oder die Übergabe lebender Exemplare an nichtgewerbliche Nutzer ist ein Jahr lang nach der Aufnahme der Art in die Unionsliste erlaubt. Nichtgewerbliche wie gewerbliche Besitzer müssen Fortpflanzung oder ein Entkommen ausschließen können und Privathalter sollen darüber hinaus durch Aufklärungsprogramme über die Haltung und die Risiken ihrer Tiere informiert und sensibilisiert werden. In beiden Fällen darf eine Haltung nur „unter Verschluss“ erfolgen, wobei hierbei eine Haltung des Organismus in einem geschlossenen System gemeint ist, aus dem ein Entkommen oder eine Ausbreitung unmöglich ist.

entscheidender Nachteil in der begrenzten Anwendung der normativen Vorgaben. Die Unionsliste ist zwar nach oben hin nicht mehr, wie in dem ersten Vorschlag der Kommission, auf fünfzig Arten begrenzt, dennoch ist davon auszugehen, dass nur ein Bruchteil der IAS in der EU Eingang in die genannte Liste finden und somit unter den Geltungsbereich der obigen Regelungen fallen werden. In der im Januar 2016 veröffentlichten Liste sind bislang 37 Arten (darunter auch der Waschbär) zu finden, für die eine Umsetzung der geforderten Maßnahmen zukünftig gefordert ist.

5.4.5 Aussetzung in die freie Natur und Genehmigungsvorbehalt als Ausdruck des Vorsorgeprinzips

Gemäß § 3 des TierSchG sind alle Aussetzungen von in Obhut des Menschen gehaltenen Tieren sowie von gezüchteten oder aufgezogenen Tieren einer wildlebenden Art verboten, sofern die Tiere nicht auf ein Leben in freier Wildbahn vorbereitet sind. Zusätzlich deckt das BNatSchG durch den allgemeinen Handlungsauftrag des § 40 Abs. 4 den von der CBD vorgegebenen Regelungsrahmen im Hinblick auf die Ansiedlung von IAS bzw. die Vorgaben von Art. 22 lit. b) FFH-RL nahezu vollständig ab. Neben einer vorsätzlichen Aussetzung wird auch eine fahrlässige (oder unbewusste) Ausbringung, zum Beispiel bei Flucht des Tieres aus einem Gehege oder einer Voliere, mit eingeschlossen und stellt nach dem Regelungstatbestand des BNatSchG eine Ordnungswidrigkeit dar, die mit einem Bußgeld bis zu zehntausend Euro geahndet werden kann.

Eine Regelungslücke besteht allerdings für IAS, die laut den Begriffsbestimmungen des BNatSchG bereits als „*heimisch*“ gelten und somit aus dem Regelungstatbestand herausfallen (zur Rechtsbegrifflichkeit siehe Kapitel 5.4.1). Dies trifft auf die hier zur Veranschaulichung herangezogene Tierart Waschbär zu, welche durch menschlichen Einfluss eingebürgert wurde, sich aber in der freier Natur ohne menschliche Hilfe über mehrere Generationen als Population etablieren und erhalten konnte und demnach den Status einer heimischen Art erhalten hat. Zwar wurde mit der Einführung des Begriffes der "*invasiven Art*" im neuen BNatSchG, das seit dem 1. März 2010 in Kraft ist, die bisherige naturschutzrechtliche Problematik bezüglich der Abgrenzung der Begriffsbestimmungen größtenteils gelöst, da es für die Besitz- und Vermarktungsverbote nach § 54 Abs. 4, sowie die in § 40 Abs. 1-3 geforderten Maßnahmen (z.B. Beseitigungen, Kontrolle, Verbote) unerheblich ist, ob die gebietsfremde Art rechtlich als "*heimisch*" gilt oder nicht, sondern es unabhängig ihrer Herkunft einzig auf deren Gefährdungspotential gegenüber natürlich vorkommende Ökosysteme, Biotope oder Arten ankommt, für § 40 Abs. 4 ist jedoch noch immer der Bezug auf „*gebietsfremde*“ Arten gegeben. Eine Ausbringung heimischer Arten, egal ob invasiv, potentiell invasiv oder nicht invasiv, ist daher als Einsatz von Tieren „*nicht gebietsfremder Arten*“ in die freie Natur nach § 40 Abs. 4 von der Genehmigungspflicht ausgenommen. Gesetzt den Fall von bisher im Inland noch nicht vorkommenden Arten (Primäraussetzungen) unterliegt die Zuständigkeit dem BfN,

ansonsten sind die Genehmigungsverfahren in der Regel von den nach Landesrecht für Naturschutz und Landschaftspflege zuständigen Behörden durchzuführen

Da im Falle des Waschbären, wie übrigens auch bei zahlreichen anderen eingebürgerten Tierarten, eine Invasivität noch nicht eindeutig belegt und das Gefährdungspotential noch nicht abschließend geklärt ist, ist zudem eine Anwendung des § 40 Abs. 1–3 problematisch, da nach den Begriffsbestimmungen für eine „*invasive Art*“ nach § 7 Abs. 2 Satz 9 BNatSchG ein „*erhebliches Gefährdungspotential*“ für die natürlich vorkommenden Ökosysteme, Biotope oder Arten im neuen Verbreitungsgebiet der Art gegeben sein muss. Im Gegensatz dazu besagt die zu § 40 Abs. 4 gehörende Formulierung über die Genehmigung des Ansiedelns von gebietsfremden Arten, dass eine Genehmigung zu versagen ist, wenn die tatbestandliche „*Gefährdung von Ökosystemen, Biotopen oder Arten der Mitgliedstaaten nicht auszuschließen ist*“, und stellt somit klar, dass eine Gefährdung nicht unbedingt positiv nachgewiesen werden muss, sondern schon Anhaltspunkte einer Gefährdung (die von der zuständigen Behörde darzulegen sind) für die Versagung ausreichen (vgl. Holljesiefken, 2007, S. 204). Allerdings birgt die Darlegung solcher Anhaltspunkte, wie auch der Vollzug von § 40 Abs. 6 BNatSchG über die vom Verursacher einforderbaren Beseitigungsmaßnahmen für eine ohne Genehmigung ausgebrachte Art, im Falle einer ungeklärten Gefährdungslage die Gefahr der Rechtsunsicherheit, welche zu einer nur sehr eingeschränkten Anwendung dieser das Vorsorge- und Verursacherprinzip aufgreifenden Vorschrift führen mag. Im Rahmen der naturschutzfachlichen Invasivitätsbewertung des Schwarze-Listen-System des BfN wurde die hier verwendete Modellart als invasive Art eingestuft (siehe Nehring et al. 2015, S. 62). Durch diese Einstufung und die daraus abgeleiteten Handlungsempfehlungen, die zwar rechtlich nicht bindend sind aber als Leitlinie für den praktischen Naturschutz gelten, dürfte der Gefahr einer Rechtsunsicherheit in der Normanwendung hinsichtlich einer Bewertung des Gefährdungspotentials des Waschbären allerdings vorgebeugt worden sein.

Neben der naturschutzrechtlichen Genehmigung ist zu prüfen, ob das Ansiedeln der entsprechenden Art einer jagdrechtlichen oder fischereirechtlichen Genehmigung bedarf. Das Jagdrecht betrifft ausschließlich die wildlebenden Tierarten, die in § 2 des BJagdG bzw. ergänzend in den jeweiligen Landesjagdgesetzen (LJagdG) aufgeführt sind. Die meisten Bundesländer haben einige gebietsfremde und als invasiv angesehene Tierarten in ihr LJagdG aufgenommen. Der Waschbär ist in 15 der 16 Bundesländer als bejagbare Art dem Jagdgesetz unterstellt und unterliegt nach § 28 Abs. 3 des BJagdG somit in allen Bundesländern bis auf Bremen einer jagdrechtlichen Ansiedlungsgenehmigungspflicht der obersten Landesbehörden. Der Genehmigungsvorbehalt ist hierbei im Jagdrecht auf „*fremde*“ Tiere beschränkt, wobei im BJagdG nicht definiert ist, ab wann eine Tierart als „*fremd*“ im Sinne dieser Rechtsvorschrift gilt. In Anknüpfung an die Begriffsbestimmung der im Reichsjagdgesetz (RJagdG)[64] aufgeführten Bezeichnung „*ausländisch*“

[64] § 43 Abs. 3 RJagdG Reichsjagdgesetz vom 03.07.1934 (RGBl. S. 145).

und laut einiger Fassungen der Landesjagdgesetze[65] werden hierunter alle Arten verstanden, die im Geltungsbereich des BJagdG bei dessen Inkrafttreten 1953 in Deutschland freilebend nicht heimisch waren (Holljesiefken 2007, S. 258). Weiterhin können die Länder nach § 28 Abs. 4 das Hegen oder Aussetzen weiterer Tierarten beschränken oder verbieten. Bei Verstoß gegen den Genehmigungsvorbehalt liegt eine Ordnungswidrigkeit vor, die mit einer Geldbuße bis zu fünftausend Euro und im Falle von Personen mit Jagdschein zusätzlich mit einem Entzug der Jagderlaubnis für die Dauer bis zu sechs Monaten geahndet werden kann.

Die jährlich tausendfach missachteten Aussetzungsverbote geben an dieser Stelle jedoch Anlass, nach der Vollzugseignung der aufgeführten gesetzlichen Regelungen und den organisatorischen, personellen und finanziellen Erfordernissen für einen effektiven Vollzug zu fragen. Das Problem ist nicht nur, dass die gesetzlichen Verbote vielfach nicht bekannt sind, sondern auch dass die Kontrollmöglichkeiten äußerst gering sind und das Aussetzungsverbot für Tiere, soweit es private Tierhalter betrifft, somit kaum Steuerungswirkung entfaltet. Auch die gesetzliche Verankerung entsprechender Haftungsregelungen nach § 40 Abs. 6 BNatSchG, wie sie in einigen Landesgesetzen umgesetzt ist, ist zwar aufgrund ihrer Warnfunktion grundsätzlich als positiv zu bewerten, die Durchsetzung einer solchen Pflicht in der Praxis ist jedoch als schwierig anzusehen, da die Verantwortlichen in den wenigsten Fällen ermittelt werden können und ihr Handeln somit frei von Konsequenzen bleibt.

5.4.6 Kennzeichnungspflicht und Verursacherprinzip

Zur eindeutigen Identitätskontrolle für Antragsverfahren, Nachweispflichten und Bescheinigungen CITES relevanter Arten ist zur Gewährleistung der Einhaltung der jeweiligen Bestimmungen nach dem Washingtoner Artenschutzübereinkommen bzw. der EG Verordnung 338/97 als europäische Umsetzung des Übereinkommens und dem BNatSchG als nationale Vorschrift eine Kennzeichnung bestimmter geschützter Tierarten vorgeschrieben. Unter die in Anlage 6 Spalte 1 der BArtSchV aufgeführten lebenden Wirbeltiere, die sich in menschlicher Haltung befinden und für die nach § 12 der BArtSchV eine Kennzeichnungspflicht gilt, fallen auch vier IAS (siehe Abschnitt 5.4.4).

Neben der Kennzeichnungspflicht nach der BArtSchV ist seit dem 3. Juli 2004 bei Reisen in EU-Länder gemäß der EU-Heimtierverordnung[66]eine Kennzeichnung und gültige Tollwut-Impfung für Hunde, Katzen, Frettchen und weitere Heimtiere, darunter auch Nager und Hauskaninchen, vorgeschrieben. Andere Säugetiere sind von dieser Verordnung nicht betroffen. Die Kennzeichnung dient hierbei in erster Linie der Identifizierung des individuellen Tieres zur zweifelsfreien Zuordnung

[65] § 34 Abs. 1 BayJG; § 31 Abs. 1 LJG-NRW; § 31 Abs. 1 NJagdG; § 35 Abs. 1 SächsLJagdG; § 33 Abs. 1 LJagdG; § 31 Abs. 1THJG.

[66] Verordnung 998/2003/EG des Europäischen Parlaments und des Rates vom 26. März 2003 über die Veterinärbedingungen für die Verbringung von Heimtieren zu anderen als Handelszweck und zur Änderung der Richtlinie 92/65/EWG des Rates (ABl.EWG 2003 L 146, S. 1).

von Besitzverhältnissen, Abstammung, EU-Heimtierausweis und Impfpass. Neben den rechtlich erforderlichen Kennzeichnungen finden Registrierungen und Kennzeichnungen auch auf freiwilliger Basis bei Heimtieren statt, wie beispielsweise über TASSO e.V.[67], um entlaufene Tiere ihrem Besitzer zurückzuführen.

Weiterhin können nach dem TierSchG Kennzeichnungen erforderlich sein, wenn gemäß § 6 Abs. 1 Satz 2 Nr. 4 TierSchG von Hunden, Katzen oder Primaten Gewebe oder Organe entnommen werden, sie gemäß § 11a Abs. 3 TierSchG zur Verwendung in Tierversuchen bestimmt sind oder wenn nach § 13b TierSchG von der Landesregierung durch Rechtsverordnung eine Kennzeichnung und Registrierung freilebender Katzen in einem abgegrenzten Gebiet vorgeschrieben werden.

Des Weiteren ist eine Registrierung und Kennzeichnung aufgrund von Vorschriften der Europäischen Union für Rinder, Schweine, Schafe, Ziegen und Einhufer (Pferde, Esel, Zebras und deren Kreuzungen) vorgeschrieben[68], vor allem um eine Rückverfolgbarkeit der Tiere von der Schlachtung bis zur Aufzucht sicherzustellen, wie sie beispielsweise für die Aufklärung von Krisen im Lebensmittelbereich oder zum Schutz vor der Ausbreitung von Tierseuchen maßgeblich von Bedeutung ist.

Für die Großzahl der IAS in menschlicher Obhut sind diese rechtlichen Vorgaben zur Kennzeichnungspflicht allerdings nicht relevant, da sie vor allem domestizierte Tiere betreffen. Diese können zwar, wie beispielsweise die Hauskatze, durchaus auch negative Auswirkungen auf die native Biozönose haben, werden aber als „*Archäozoen*“ in der Regel nicht unter Regulationsmechanismen gegen IAS gestellt.

Im Hinblick auf die Regelungsvorgaben der EU-Verordnung Nr. 1143/2014 ist eine Tierkennzeichnung zukünftig gemäß Art. 8 Abs. 2 lit. b) für Haltungen im Rahmen der Ausnahmebestimmungen von wissenschaftlichen Forschungstätigkeiten und *Ex-situ* Erhaltungsmaßnahmen vorgesehen. Anzumerken bleibt, dass in den Haltungsbedingungen der Übergangsbestimmungen für nichtgewerbliche Besitzer und kommerzielle Bestände gemäß Art. 31 und Art. 32 keine Kennzeichnungspflicht aufgeführt wird. Während somit eine zweifelsfreie Zuordnung der Genehmigungen und eine Rückverfolgbarkeit für den Fall des Entkommens (einschließlich der Inanspruchnahme des vorgesehenen Krisen- und Beseitigungsplan) aus Haltungen wissenschaftlicher Forschungstätigkeiten und *Ex-situ* Erhaltungsmaßnahmen gegeben ist, erscheint die

67 http://www.tasso.net/Tierschutz/Registrierung.

68 Verordnung 1760/2000/EG des Rates vom 17. Juli 2000 zur Einführung eines Systems zur Kennzeichnung und Registrierung von Rindern und über die Etikettierung von Rindfleisch und Rindfleischerzeugnissen sowie zur Aufhebung der Verordnung (EG) Nr. 820/97 des Rates (ABl.EG 2000 L 204, S. 1), geändert durch Verordnung (EG) Nr. 1791/2006 des Rates vom 20. November 2006; Verordnung 21/2004/EG des Rates vom 17. Dezember 2003 zur Einführung eines Systems zur Kennzeichnung und Registrierung von Schafen und Ziegen und zur Änderung der Verordnung (EG) Nr. 1782/2003 sowie der Richtlinien 92/102/EWG und 64/432/EWG (ABl.EWG 2004 L 5, S. 8), geändert durch Verordnung 1791/2006/EG des Rates vom 20. November 2006; Verordnung 504/2008/EG der Kommission vom 6. Juni 2008 zur Umsetzung der Richtlinien 90/426/EWG und 90/427/EWG des Rates in Bezug auf Methoden zur Identifizierung von Equiden.

Durchführbarkeit des Verursacherprinzips fraglich, sofern Arten aus unter die Übergangsbestimmung fallenden Haltungen entkommen, da das Konzept voraussetzt, dass der Verursacher ausfindig gemacht werden kann.

Zusammenfassend ist aufgrund der generell fehlenden Kennzeichnungspflicht für IAS in den derzeitigen Rechtsvorschriften davon auszugehen, dass in Fällen wie beispielsweise einer nicht genehmigten Aussetzungen, nur bedingt ein eindeutiger Bezug zum Verursacher zu erbringen ist und sich eine Rechtsverletzung somit schwer nachweisen lässt. Insbesondere ist auch das Wissen des Verursachers über die relativ geringe Wahrscheinlichkeit zur Verantwortung gezogen zu werden als problematisch anzusehen, da der verhaltenslenkende Effekt des Verursacherprinzips durch dieses Wissen maßgeblich geschmälert werden kann. Ein Beispiel für den weitreichenden Effekt einer Verfolgbarkeit des Halters gibt die seit 2007 und 2010 bestehende Registrierungspflicht für Hunde in der Schweiz (Art. 16 TSV[69]) und in Österreich (§ 24a TSchG[70]), die dazu geführt hat, dass in der Schweiz seitdem nachweislich weniger Tiere ausgesetzt wurden.

5.4.7 Überwachung und Kontrollen

Zur Verhinderung der Einbringung von IAS werden von der CBD zwar gemäß der Leitprinzipien7 und 11 unterschiedliche Regelungsinstrumente, darunter auch Grenzkontrollen, vorgeschlagen, jedoch sind die Länder diesem Handlungsauftrag bisher nur in sehr eingeschränktem Umfang nachgekommen. Die an den Grenzen der EU vollzogenen Kontrollen in Bezug auf IAS finden derzeit ausschließlich in den Bereichen Pflanzenschutz und Artenschutz statt. Hierbei unterliegen somit nur die als Pflanzenschädlinge gelisteten IAS sowie die sieben aufgeführten IAS im Listenanhang B der EU-ArtSchV Ein- und Ausfuhrkontrollen. Die umzusetzenden Regelungsvorgaben der EU-Verordnung Nr. 1143/2014 beziehen sich ebenfalls ausschließlich auf eine Einbringung in das Gebiet der Union[71] und nicht auf eine innerstaatliche Verbringung und schließen nur IAS ein, die nach den aufgestellten Kriterien für das gesamte Gebiet der Union (ohne die Regionen in äußerster Randlage) gebietsfremd sind. Insgesamt bleibt festzuhalten, dass Grenzkontrollen im zusammenwachsenden Europa für Arten, die innereuropäisch bezogen auf unterschiedliche Ökosysteme und Lebensräume gebietsfremd und invasiv sind, aufgrund der Umsetzbarkeit auch in Zukunft praktisch keine Rolle spielen werden (vgl. Hubo et al. 2004, S.33).

Kontrollen der Besitz- und Vermarktungsverbote nach der BArtSchV und der innergemeinschaftlichen Vermarktungsverbote nach der EU-ArtSchV (die im Prinzip die bisherigen, nationalen Importbeschränkungen und innergemeinschaftlichen Grenzkontrollen ersetzen) finden im Vollzug, ähnlich der Ansiedlungsgenehmigungen oder der Aufgabe der Umweltbeobachtung, aufgrund

69 eidgenössischen Tierseuchenverordnung in der Schweiz vom 27. Juni 1995 (SR 916.401; AS 1995 3716).

70 Bundesgesetz über den Schutz der Tiere (Tierschutzgesetz - TSchG) in Österreich (BGBl. I 2004, Nr. 118), konsolidierte Fassung vom 18.01.2016.

71 Art. 4 Abs. 3 EU-Verordnung Nr. 1143/2014.

fehlender personeller und finanzieller Ressourcen nur defizitär Anwendung (vgl. Kowarik et al. 2003, S. 21; Hubo et al. 2004, S. 31, 35).

Problematisch und hinderlich für einen effektiven Vollzug und der Kontrolle der Rechtsvorschriften sind neben einer unterschiedlichen Verteilung der Zuständigkeiten in den verschiedenen Bundesländern auch die Auslegungsschwierigkeiten der normativen Bestimmungen in Bezug auf die Einschätzung des Gefährdungspotentials der Art zu bewerten (siehe auch Kapitel 5.4.5). Weiterhin läuft der mit § 40 Abs. 3, 4 BNatSchG allgemein gehaltene Auftrag an die zuständigen Behörden von Bund und Länder zur Ergreifung geeigneter Maßnahmen zur Verhinderung der Ausbreitung von invasiven Arten aufgrund fehlender konkreter Vorschriften in der Praxis größtenteils leer. Konkrete Kontroll-, Bekämpfungs- und Wiederherstellungsmaßnahmen sind zwar für Beeinträchtigungen von Natur und Landschaft gemäß § 13 BnatSchG vorgesehen, IAS fallen jedoch meist nicht unter diese Regelungen, da sie keine Gestalt- oder Nutzungsänderung und keine erhebliche Beeinträchtigung des Naturhaushaltes hervorrufen und somit nach § 14 Abs. 1 keine „Eingriffe in Natur und Landschaft“ darstellen (vgl. Hubo et al. 2004, S. 243; Holljesiefken 2007, S. 232). Das Schwarze-Listen-System des BfN kann durch die 2015 veröffentlichten naturschutzfachlichen Invasivitätsbewertungen einer breiten Auswahl an Taxa nun zur Konkretisierung von Kontroll- und Überwachungsmaßnahmen eine wichtige Hilfestellung bieten (Nehring et al. 2015, S. 48–144).

5.4.8 Zoologische Gärten

Im Gegensatz zu Privathaltungen unterliegt der Betrieb eines Zoos einer Genehmigungspflicht, die an strenge Auflagen geknüpft ist[72]. Unter anderem ist in Umsetzung der europäischen Zoo-Richtlinie gemäß § 42 Abs. 3 des BNatSchG beispielsweise die Sicherstellung einer art- und tiergerechten Haltung und Pflege, eine aktuelle Tierkartei sowie vorbeugende Maßnahmen gegen ein Eindringen von Schadorganismen und gegen ein Entweichen der Tiere gefordert. Weiterhin ist im Rahmen der Auflagen die Zuverlässigkeit des Betreibers und in der Zooleitung stehender Personen zwingend erforderlich[73] und regelmäßige Prüfungen und Besichtigungen des Betriebes durch die zuständige Behörde vorgesehen[74]. Neben Bußgeldern bis zu fünfzigtausend Euro drohen bei Verstoß gegen die Auflagen auch die vorübergehende Schließung des Zoos, was nicht nur mit erheblichen Kosten durch wegfallende Eintrittsgelder und Spenden, sondern auch mit einem auf Dauer geschädigten Ruf des Betriebes verknüpft ist. Zoologische Gärten besitzen daher ein Eigeninteresse daran, dass Arten nicht aus ihrer Haltung entkommen und sind sich ihrer Verantwortung als potentielle Verursacher der Verbreitung von gebietsfremden Arten und der damit für die Umwelt verbundenen Gefahren in der Regel bewusst. Der europäische Dachverband für Zoologische Gärten und Aquarienzoos (EAZA) hat im Jahr 2001 eine Resolution veröffentlicht, in der sich die Verbandsmitglieder dazu verpflichten,

[72] § 42 Abs. 2, 3 BNatSchG, § 11 TierSchG.
[73] § 42 Abs. 4 Nr. 3 BNatSchG.
[74] § 42 Abs. 6 BNatSchG.

keine Tiere in die freie Natur entkommen zu lassen, soweit es nicht im Sinne einer Wiedereinführung nach IUCN/SSC Richtlinien geschieht. Laut der EU Zoo Inquiry 2011, einem im Auftrag von ENDCAP[75] erstellten Bericht über die Untersuchung zur Umsetzung und Durchsetzung der europäischen Zoo-Richtlinie, wurden ungeachtet dieser erklärten Ziele dennoch einige Defizite im Bereich der Gehegesicherheit aufgedeckt. Aufgeführt wurden u.a. auch mehrere Fälle aus deutschen zoologischen Einrichtungen entlaufener Wildtieren, so u.a. ein Gepard des Nürnberger Zoos (Passauer Neue Presse, 18.01.2012), ein weiterer Gepard aus dem Zoo Köln (Kölner Express, 07.03.2012) und Berberaffen aus dem Tierpark Herford (Neue Westfälische Zeitung, 16.02.2012). Darüberhinaus wurden zahlreiche Wildtiere (z.B. Eichhörnchen, Spatzen, Füchse) beobachtet, wie sie sich entgegen der Vorschrift des § 42 Abs. 3 Nr. 3 BNatSchG frei im Zoo und in den Tiergehegen bewegten (EU Zoo Inquiry 2011, S. 19, 20).

5.5 ERFAHRUNGEN IM UMGANG MIT DER PRAXIS

Im Rahmen der Probensammlung sowie der Recherchearbeit zur Ausbreitung der potentiell invasiven Tierart Waschbär in Deutschland konnten in zahlreichen Gesprächen mit Jägern und Bürgern mehrere Fälle illegaler Waschbärhaltungen und Aussetzungen in Erfahrung gebracht werden. Derzeit muss beispielsweise davon ausgegangen werden, dass die im Rahmen des Pilotprojektes der FAWF in Trippstadt besenderte und telemetrierte Fähe (eine genetische Probe des Individuums ging als ID1101 in die Analysen dieser Arbeit ein) einer Privathaltung im 2 km weit entfernten Neuhof entstammt. Der Zeitpunkt von ersten Beobachtungen eines Waschbären am Campingplatz Sägmühle im Neuhöfer Tal und im Anschluss im Wohngebiet in Trippstadt, sowie Altersschätzung und Geschlecht entsprechen den zusammengetragenen Informationen bezüglich des entkommenen Individuums. Aufgrund einer fehlenden Kennzeichnung des Tieres bleibt ein endgültiger Beweis jedoch aus. Anzumerken bleibt allerdings, dass durch dieses Individuum nachweislich die Etablierung einer neuen Population am Rande der bisherigen Ausbreitungslinie stattfinden konnte.

Weitere im Rahmen der Studie bekanntgewordene Fälle von Aussetzungen oder entkommenen Waschbären beruhen auf der Aussage der Haltern selbst, Anwohnern aus der Nachbarschaft oder Jägern und blieben ohne Konsequenzen für den ursprünglichen Besitzer. In allen Fällen waren die Besitzer nur unzureichend über die rechtlichen Vorgaben und ökologischen Konsequenzen ihres Handelns informiert. Angesichts des lückenhaften Wissens zu der weiteren Entwicklung und den Folgen der Ansiedlungsereignisse, sowie der fehlenden Möglichkeit einer sicheren Herkunftsbestimmung und Identifikation des Verursachers war eine rechtliche Ahndung dieser bekanntgewordenen Verstöße praktisch unmöglich.

[75] ENDCAP wurde 2006 gegründet und ist ein Zusammenschluss europäischer Tierschutzorganisationen, der sich vor allem zur Aufgabe gemacht hat, als vereinte, europäische Stimme für Wildtiere in Gefangenschaft zu fungieren. http://endcap.eu/about-us/.

Erfahrungen zum Umgang mit invasiven Tierarten, die über den Verbreitungsweg der Heimtierhaltung in die freie Natur gelangt sind, bestehen bereits hinsichtlich der Rotwangenschmuckschildkröte *(Trachemy scripta elegans)* und des Ochsenfrosches *(Rana catesbeiana).* Für beide Arten gelten nach der EU-ArtSchV mittlerweile Importverbote. Die Rotwangenschmuckschildkröte ist heute dennoch nahezu in allen deutschen Städten in freien Gewässern und Parkgewässern zu finden, was zeigt, dass dieses Verbot zu spät ausgesprochen wurde und die Effektivität der Regelung dadurch begrenzt wird, dass häufig erst dann von einer nachgewiesenen Gefährdung ausgegangen und die Art unter eine rechtliche Regulation gestellt wird, wenn die betreffende Art sich bereits verbreitet und Schäden hervorgerufen hat.

5.6 VERBESSERUNGSVORSCHLÄGE HINSICHTLICH DER HALTUNGS-BEDINGUNGEN FÜR INVASIVE ARTEN IM HINBLICK AUF DIE PROBLEMATIK VON PRIMÄR- UND SEKUNDÄRAUSBRINGUNGEN

5.6.1 Verpflichtender Sachkundenachweis

Vom BfN wurde bereits 2005 ein Positionspapier zu gebietsfremden Arten herausgebracht, das Vorschläge zur Vorsorge gegen die Einbringung weiterer gebietsfremder Arten unterbreitet. Beabsichtigte Einbringungen sollen demnach, je nach Listung hinsichtlich des Gefährdungszustandes der Arten, generell verboten (invasiv – Schwarze Listen), mit dem Nachweis der Unbedenklichkeit im Einzelfall durch ein Risk-Assessment erlaubt (potentiell invasiv – Graue Listen) und generell erlaubt werden (nicht invasiv – Weiße Listen). Einer unbeabsichtigten Einbringung hingegen soll durch Aufklärungsarbeit und Bewusstseinsbildung vorgebeugt werden (Klingenstein et al. 2005, S. 20).

Problematisch bei der Aufklärungsarbeit dürfte allerdings die nur begrenzte Wirksamkeit freiwilliger Maßnahmen sein, wie sie beispielsweise in Form von Sachkundenachweisen von einigen Natur- und Artenschutzverbände angeboten werden, zumal sie erwartungsgemäß vorwiegend von Personen genutzt werden, die ohnehin am Thema interessiert sind und sich bereits um eine artgerechte und sichere Haltung der Tiere bemühen. Bisher existiert ein verpflichtender Sachkundenachweis nur für Hundehalter/-innen bestimmter Rassen, wobei sich die Pflicht zum Sachkundenachweis je nach Hundegesetz der Bundesländer auf einen unterschiedlichen Umfang an Rassen erstreckt und die Prüfung nur von anerkannten Sachverständigen, Tierärzten oder Hundetrainern abgenommen werden darf[76]. Ein Schritt zum wirksamen Vollzug der bereits bestehenden normativenBestimmungen einer

[76] Laut dem Niedersächsischen Gesetz über das Halten von Hunden (NHundG) vom 1. Juli 2011 müssen in Niedersachsen alle Hunde, die älter als sechs Monate sind, gechipt sein und der Hundehalter ist dazu verpflichtet eine Hundehalterhaftpflichtversicherung abzuschließen und einen Sachkundenachweis („Hundeführerschein“) zu erbringen. Im Gegensatz dazu sind im Landesgesetz über gefährliche Hunde (LHundG) vom 22. Dezember 2004 in Rheinland-Pfalz die normativen Vorgaben nur auf Hunde bezogen, die sich im Sinne des Gesetzes nach § 1 Abs. 1 als gefährlich

artgerechten Tierhaltung und somit auch im Hinblick auf eine effektive Aufklärungsarbeit und Bewusstseinsbildung der Tierhalter, wäre daher das Erbringen eines Befähigungsnachweises in Form einer verpflichtenden Sachkundeprüfung vor jedem Tierkauf. Eine Ausweitung der Tierarten, welche registrier- und sachkundenachweispflichtig sind, wäre somit nicht nur dem Tierschutz und der Sicherheit der menschlichen Gesundheit dienlich, sondern auch im Hinblick auf den Artenschutz und die Gefährdung invasiver Arten wünschenswert. Im Falle von invasiven Arten wäre der Halter vor dem Kauf im Rahmen dieser Pflichtveranstaltungen über die Gefahren einer absichtlichen oder unbeabsichtigten Freisetzung der Art in die Natur aufzuklären und für seine Verantwortlichkeit zu sensibilisieren.

Eine Schwierigkeit bei der Umsetzung einschlägiger Pflichtveranstaltungen für eine entsprechend große Anzahl von Heimtieren dürfte im Umfang der benötigten Angebote von wohnortnahen Prüfungsabnahmestellen einschließlich der entsprechenden anerkannten Sachverständigen liegen. Ein möglicher Lösungsweg könnte ein Sachkundelehrgang inklusive Prüfung über das Internet sein. Die Prüfungen onlinestattfindender Lehrgänge finden bisher aufgrund der großen Betrugsgefahr zwar bis auf wenige Ausnahmen ausschließlich unter Aufsicht statt[77], vor allem von Hochschulen wird jedoch aktuell aufgrund der steigenden Bedeutung von Online-Prüfungssystemen mit möglichst sicheren Lösungen experimentiert[78]. Im Falle eines Sachkundelehrgangs zur Tierhaltung würde allerdings auch ein Abschlusszertifikat analog eines Zertifikates des SGD Diploms privater Bildungsträger genügen, das unabhängig davon, ob die Abschlussprüfung von zu Hause mit oder ohne Hilfe erledigt worden ist, nachweist, dass das Wissen des online-Kurses erfolgreich angeeignet wurde. Trotz des Restrisikos einer Betrugsgefahr dürfte der in diesem Maße erschwerte Weg zum Erhalt des Haustieres dazu führen, dass sich der Halter zumindest im begrenzten Maße mit der Haltung der jeweiligen Tierart auseinandersetzt. Die Erstellung eines bundesweiten Fragekataloges für verschiedene Tierarten zum Erhalt eines solchen Zertifikates sollte mit Hilfe von Tierschutzverbänden, Vereinen, Experten und bereits bestehenden und einsatzbereiten Fragebögen der freiwilligen Sachkundeprüfungen durchaus zeitnah umsetzbar sein. Damit Verkäufe nicht über die Anforderungen eines Sachkundenachweises hinaus stattfinden, ist eine konsequente Kontrolle der Abgabe und des Erwerbes der Tiere über Zoogeschäfte und gewerbliche Tierbörsen, aber auch der Verkäufe privater Natur über Kleinanzeigen im Internet als sinnvoll zu erachten.

erwiesen haben oder von folgenden Rassen abstammen: American Staffordshire Terrier, Staffordshire Bullterrier und Pit Bull Terrier.

77 siehe beispielsweise Fernstudium oder theoretischer Teil der bundesweiten Hundesachkundeprüfung Dog-Owners-Qualification (D.O.Q.)-Test 2.0; http://www.doq-test.de/ Zugang 27.10.2015.

78 Im Falle des Online-Prüfungssystem SecurExam der österreichischen ASAS Aus- und Weiterbildungs AG kann der Fernstudent beispielsweise anhand seines Fingerabdrucks und einer 360-Grad-Kameraaufnahme eine Klausur von zu Hause aus ablegen.

5.6.2 Tierregistrierung und Kennzeichnung

Ein weiterer Schritt hin zur Verhinderung von Primär- und Sekundärausbringungen von IAS wäre die Heimtier-Registrierung und Kennzeichnung, die aufgrund der Verfolgbarkeit des Halters eine verhaltenslenkende Wirkung entfalten dürfte. Kennzeichnungen bei Heimtieren sind bisher bis auf wenige Fälle ausschließlich freiwilliger Natur (siehe Kapitel 5.4.6). Neben dem bisher angewandten Mikrochipverfahren besteht eine relativ kostengünstige[79] und tierfreundliche Tieridentifizierung auch über die Methode eines genetischen Identitätsnachweises mittels Mikrosatellitenanalyse, wie sie auch zu Abstammungsuntersuchungen und Herkunftsnachweisen von Zucht- und Lebensmitteltieren verwendet wird. Vorteil der Methode ist, dass ein einmal registrierter genetischer Fingerabdruck, auch mit nichtinvasiven Proben wie Speichelproben oder Haarproben (die auch ohne Habhaftwerden eines Tieres, beispielsweise mit Hilfe von Haarfallen in der freien Natur, zu erhalten sind) abgleichbar ist. Somit ist nicht nur das Individuum selbst, sondern auch dessen Nachkommen nachweisbar. Im Rahmen von Reisen und der Überprüfung von Genehmigungen ist dieser Identitätsnachweis zwar weniger sinnvoll, doch im Hinblick auf den Artenschutzes wäre er für ausgewählte IAS durchaus zu begrüßen. Insgesamt dürfte die Einführung einer entsprechenden Kennzeichnungspflicht in der Bundesrepublik Deutschland zu mehr Verantwortlichkeit des Halters führen und ist daher als eine effektive Präventionsmaßnahme in der Verhinderung der Einbringung von IAS anzusehen.

5.6.3 Erweiterung der bestehenden Import-, Besitz- und Vermarktungsverbote

Import-, Besitz- und Vermarktungsverbote sind ein starkes Steuerungsinstrument, das den Besitz, den Handel, das Inverkehrbringen und damit die Ausbringungen von IAS unterbindet und gerade im Sektor der Tierhaltung eine durchgreifende Steuerungswirkung entfalten kann. Bisher beziehen sich die Importverbote der EU-ArtSchV allerdings nur auf sieben IAS, während die Besitz- und Vermarktungsverbote nach der BArtSchV und der BWildSchV nur auf vier bzw. eine IAS abzielen. Im Rahmen der EU Verordnung Nr. 1143/2014 werden ab 2016 weitere Arten unter Einfuhr-, Beförderungs-, Handels-, Freisetzungs- und Inverkehrbringungsverbote sowie Haltungs- und Zuchtverbote fallen. Zumal es sich hierbei jedoch nur um eine eng gefasste Auswahl an Arten unionsweiter Bedeutung handelt, ist eine über diese Auswahl hinausgehende Aufnahme relevanter Arten für die Bundesrepublik Deutschland für einen umfassenderen Schutz im Sinne des Vorsorgeprinzips und im Zusammenhang mit der Eindämmung von Neuaussetzungen von IAS als sinnvoll zu erachten.

Acht der sechzehn Bundesländer der Bundesrepublik haben über die bisherigen Verbote hinaus bereits Rechtsvorschriften erlassen, die das Halten bestimmter Tierarten aus Gründen der Gefahrenabwehr

[79] Die Kosten für eine entsprechende genetische Analyse belaufen sich für bisherige Zielarten je nach Anzahl der Marker (i.d.R. 12–16) zwischen 22 und 29 Euro zzgl. MwSt. und werden voraussichtlich mit der Entwicklung einer vollständigen Automatisierung und der Etablierung neuer Methoden wie der SNP-Genotypisierung gekoppelt mit MALDI-Massenspektrometrie, weiterhin fallen; http://www.tieraerztliches-institut.uni-goettingen.de/home/ZMD-Preisliste.html Zugang 27.10.2015.

untersagen[80]. Ein Vergleich dieser Negativlisten zeigt, dass von Bundesland zu Bundesland unterschiedliche Tierarten reglementiert sind, was sich für die vollziehenden Behörden, aber auch für die Tierhalter selbst als kaum durchschaubares Netz an Vorschriften darstellt. Eine Alternative zur Reglementierung und der Erweiterung von Verboten in Form von Negativlisten, deren Aufstellung sich sehr zeitaufwendig gestaltet und die aufgrund ihrer Länge und ihres ständigen Überarbeitungsbedarf unübersichtlich sind, besteht in der Anwendung von Positivlisten, die aufgrund der inhaltlichen Erleichterung beim Vollzug einfacher zu handhaben sind. Aktuell zeichnet sich in der Politik[81] für die Haltung exotischer Tiere als Heimtiere eine Entwicklung der Tierhaltungsreglementierung in Richtung solcher Positivlisten ab, wie sie bereits schon 2009 in Belgien[82] und 2015 in den Niederlande[83] Eingang in das Rechtssystem gefunden haben. Alle Tiere, die nicht auf der besagten Liste stehen werden als aggressiv, gefährlich oder schwer zu halten eingeschätzt, oder es wird infolge ihres Entweichens eine Verfälschung der Fauna befürchtet, wodurch sie unter ein allgemeines Haltungsverbot fallen. Für die hier zur Veranschaulichung herangezogene Modellart Waschbär ist eine Haltung zufolge der belgischen als auch der niederländischen Liste verboten. In Belgien kann eine Waschbärhaltung allerdings unter gewissen Auflagen nach einem Antragsverfahren erlaubt werden. Eine mögliche Auflage, die effektiv zum Artenschutz und zur Verhinderung einer weiteren Ausbreitung im Falle einer Gefangenschaftsflucht beitragen könnte, wäre beispielsweise eine Kastrationspflicht für diesbezügliche Heimetiere. Mit einer bundesweit geltenden Positiv- bzw. Negativliste würde auch für Private eine einfach zu durchschauende Reglementierung ersichtlich werden, und somit über die Möglichkeit von Bürgermeldungen und einer gegenseitigen Kontrolle eine Kontrolle der Regelung in der Fläche unterstützt werden. Eine Auswahl kritischer gebietsfremder Arten könnte hierbei auf Basis einer Bewertungsgrundlage wie der Schwarzen Liste stattfinden.

---

80 Bayern (Art. 37 BayLStVG); Berlin (Berl-GefTVO), Bremen (BremPolVO), Hessen (§ 43a HSOG), Niedersachsen (NdsGefTVO), Schleswig Holstein (§ 38 Abs. 5 Schl-HLNatSchG) und Thüringen (ThürTierGefG).

81 Grüne, SPD und Linke fordern die Einführung einer Positivliste mit Haustieren, die genehmigungsfrei zu halten sind und fordern für die Haltung aller anderer exotischer und giftiger Haustiere entsprechende Sachkundenachweise, die den Behörden vorgelegt werden müssen und ohne die ein Kauf nicht legal abgewickelt werden kann (Positionspapier der SPD vom Beschluss der Bundestagsfraktion vom 16. Juni 2015; http://www.gruene-bundestag.de/themen/tierschutz/heimtierhaltung-verbessern_ID_4389697.html; http://die-linke.de/uploads/media/857.pdf). Im Koalitionsvertrag zwischen CDU, CSU und SPD für die 18. Legislaturperiode (2013) ist von der Politik eine bundeseinheitliche Regulierung des Handels und der privaten Haltung von exotischen und Wildtieren sowie ein grundsätzliches Verbot gewerblicher Tierbörsen für exotische Tiere vorgesehen.

82 Einführung einer Positivliste zur Tierhaltung in Belgien für Privathalter (die Beschränkung gilt hierbei nicht für Laboratorien, Tierheime, Zoologische Gärten und Zirkusse) „Arrêté royal fixant la liste des mammifères non détenus à des fins de production qui peuvent être détenus“ Gesetz vom 16. Juli 2009, trat am 01. Oktober 2009 in Kraft (Sante publique, securite de la chaine alimentaire et environnement 2008, Nr. 2009024254 S. 56347). Eine belgische Positivliste mit 42 Säugetierarten wurde bereits 2001 aufgestellt, erhielt jedoch zunächst aufgrund des freien Handelsabkommen der EU einen rechtswidrigen Status und erlangte erst mit dem Entscheid des Europäischen Gerichtshof im Jahr 2007 (C-219/07) und den daran geknüpften Änderungsbedingungen eine legale Basis. Der Waschbär ist auf der belgischen Liste nicht aufgeführt womit seine Haltung als illegal angesehen ist.

83 Die mit dem niederländischen Haustier-Haltegesetz vom 19. Juni 2013 veröffentlichte Positivliste enthält 18 legal zu haltende Säugetierarten, 32 Säugetierarten, für die eine Haltung unter bestimmten Auflagen erlaubt ist, und 51 Arten, für die ein allgemeines Haltungsverbot gilt. Die Liste ist ab dem 01. Januar 2014 bindend und soll durch Listen weiterer Taxa ergänzt werden. Für den Waschbären und andere potentielle IAS wie beispielsweise dem Marderhund gilt in den Niederlanden ein Haltungsverbot.

5.6.4 Beheben der Regelungslücke im Hinblick auf Ansiedlungsgenehmigungen

Im Hinblick auf den Genehmigungsvorbehalt von Tieransiedlungen ist ausschließlich die Ansiedlung „*gebietsfremder*“ Arten reglementiert, was eine Einschränkung der Anwendungsmöglichkeiten in Bezug auf einige IAS erkennen lässt, die aufgrund der Begriffsbestimmungen einer „*heimischen*“ Art in § 7 Abs. 2 Nr. 7 BNatSchG von dieser Regelung ausgenommen werden. Zum Schließen der hier bestehenden Regelungslücke müsste § 40 Abs. 4 des BNatSchG auf alle invasiven Arten unabhängig ihrer Herkunft ausgeweitet werden, sowie Nr. 2a der bestehenden Ausnahmen für das Genehmigungserfordernis abgeändert werden. Eine alternative Lösung würde die Präzisierung der Begriffsbestimmungen § 7 Abs. 2 Nr. 7 und 8 BNatSchG für „*gebietsfremde*“ und “*heimische*“ Arten bieten, die in ihrer gegenwärtigen Fassung zu dieser gravierenden Fehlsteuerung führen kann.

5.7 SCHLUSSFOLGERUNGEN

Die hier anhand des Nordamerikanischen Waschbären aufgezeigten Problemfelder bezüglich der rechtlichen Handhabung einer gebietsfremden und potentiell invasiven Art sowie der aufgedeckten Vollzugsschwierigkeiten und Defizite im bestehenden Regelungssystem verdeutlichen vor allem angesichts der steigenden Ausbreitungstendenz von IAS und in Folge einer eingeschränkten Rückholbarkeit im Fall irreversibler Umweltschäden die Dringlichkeit entsprechender Lösungswege.

Zumal Neuaussetzungen insbesonders aus dem Sektor der Tierhaltung nachweislich den Populationsaufbau zahlreicher gebietsfremder Arten stützen, wäre ein Ansatzpunkt zur Verhinderung weiterer Primär- und Sekundärausbringungen die Verbesserungen des bestehenden Regelungssystems zu den Haltungsanforderungen für IAS und potentielle IAS. Während mit der Implementierung einer verpflichtenden Registrierungs- und Kennzeichnungspflicht eine Rückverfolgbarkeit und Ahndung der Halter sichergestellt werden könnte, würde die Pflicht zur Vorlegung eines Sachkundenachweises im Rahmen des Heimtierkaufes nicht nur der Einhaltung von § 2 TierSchG, dem Tierschutz und der Sicherheit der menschlichen Gesundheit dienen, sondern sie könnte den Käufer auch für seine Verantwortlichkeit im Hinblick auf den Artenschutz und die Gefährdung durch IAS sensibilisieren. Neben den bereits bestehenden Besitz- und Handelsverboten gemäß der EU-ArtSchV, der BArtSchV und der BWildSchV sowie den zukünftigen Verbote gemäß der EU-Verordnung Nr. 1143/2014 könnte eine Ausweitung bundesweit geltender Besitzverbote für als invasiv angesehenen Arten oder auch Haltungsbeschränkungen unter Auflagen wie beispielsweise einer Kastrationspflicht effektiv zum Erhalt der Biodiversität beitragen.

5.8 LITERATUR

Abe G, Ikeda T, Tatsuzawa S (2006). Differences in habitat use of the native raccoon dog (Nyctereutes procyonoides albus) and the invasive alien raccoon (Procyon lotor) in the Nopporo Natural Forest Park, Hokkaido, Japan. Assessment and Control of Biological Invasion Risks. Shoukadoh Book Sellers, Kyoto, Japan and IUCN, Gland, Switzerland, 116–121.

Anastasiadis S (2011). Auswirkungen des Waschbären auf native Amphibienarten Niedersachsens. – Masterarbeit Tierärztliche Hochschule Hannover, 1–74.

Beltrán-Beck B, García FJ, Gortázar C (2012). Raccoons in Europe: disease hazards due to the establishment of an invasive species. European journal of wildlife research 58(1), 5-15.

Conover MR (1998). Perceptions of American agricultural producers about wildlife on their farms and ranches. Wildlife Society Bulletin 26, 597–604.

Davis MA (2009). Invasion Biology. Oxford University Press, New York

Deutscher Jagdschutzverband e.V. (DJV) (2012). https://www.jagdverband.de/node/3304, Zugang 29.01.2016

Dlugosch KM, Parker IM (2008). Founding events in species invasions: genetic variation, adaptive evolution, and the role of multiple introductions. Molecular Ecology 17, 431–449. PMID: 17908213

EEA Technical report No 16/2012, Scalera R, Genovesi P, Essl F, Rabitsch W (2012). The impacts of invasive alien species in Europe, EEA Technical report No 16/2012: 1-114, doi:10.2800/65864.

Ellis JC, Shulman MJ, Jessop H, Suomala R, Morris SR, Seng V, Wagner M, Mach K (2007). Impact of raccoons on breeding success in large colonies of Great Black Gulls and Herring Gulls. Waterbirds 30, 375-383.

Engelmann A, Köhnemann BA, Michler FU (2011). Nahrungsökologische Analyse von Exkrementen gefangener Waschbären (*Procyon lotor* L., 1758) aus dem Müritz-Nationalpark (Mecklenburg-Vorpommern) unter Berücksichtigung individueller Parameter, Beiträge zur Jagd- und Wildforschung 36, 587-604.

EU Zoo Inquiry (2012). DER EU ZOO REPORT 2011, Eine Untersuchung zur Umsetzung und Durchsetzung der Richtlinie 1999/22/EG des Rates über die Haltung von Wildtieren in Zoos DEUTSCHLAND, animal public e. V., Born Free Foundation, Bund gegen Missbrauch der Tiere e.V.©

Fàbregas MC, Guillén-Salazar F, Garcés-Narro C (2010). The risk of zoological Parks as potential pathways for the introduction of non-indigenous species. Biological invasions 12(10), 3627-3636.

Fischer S, Dornbusch G (2008). Bestandssituation ausgewählter Brutvogelarten in Sachsen-Anhalt. Jahresbericht 2007. – Berichte des Landesamtes für Umweltschutz Sachsen-Anhalt, Sonderheft 4, 5–34.

Gavin PJ, Kazacos KR, Tan TQ, Brinkman WB, Byrd SE, Davis AT, Mets MB, Shulman ST (2002). Neural larva migrans caused by the raccoon roundworm *Baylisascaris procyonis*. The Pediatric infectious disease journal 21(10), 971-975.

Geiter O, Homma S, Kinzelbach R (2002). Bestandsaufnahme und Bewertung von Neozoen in Deutschland. Untersuchung der Wirkung von Biologie und Genetik ausgewählter Neozoen auf Ökosysteme und Vergleich mit den potenziellen Effekten gentechnisch veränderter Organismen. Forschungsbericht 296 89 901/01, BMUB Texte 25/02, Berlin, ISSN 0722-186X.

Genovesi P, Bacher S, Kobelt M, Pascal M, Scalera R (2009). Alien mammals of Europe. In: Handbook of alien species in Europe, 119–128, Springer Netherlands.

Gey AB (1998). Endoparasite Fauna of the Raccoon (*Procyon lotor*) in Hesse (Doctoral dissertation,University of Giessen).

Günther E, Hellmann M (2002). Starker Bestandsrückgang baumbrütender Mauersegler *Apus apus* im nordöstlichen Harz (Sachsen-Anhalt) – War es der Waschbar *Procyon lotor*? Ornithologische Jahresberichte des Museum Heineanum Halberstadt 20, 81–98.

Hartman LH, Gaston AJ, Eastman DS (1997). Raccoon predation on ancient murrelets on east Limestone Island, British Columbia.The Journal of wildlife management, 377–388.

Hayama H, Kaneda M, Tabata M (2006). Rapid range expansion of the feral raccoon (Procyon lotor) in Kanagawa Prefecture, Japan, and its impact on native organisms. In: Assessment and control of Biological Invasion Risk, edited by F Koike, M N Clout, M Kawamich, M De Poorter, and K Iwatsuki, Shoukadoh Book Sellers Kyoto, Japan and IUCN, GLAND Switzerland, 196–199.

Helbig D (2011). Untersuchungen zum Waschbären (*Procyon lotor* LINNÉ, 1758) im Raum Bernburg. Naturschutz im Land Sachsen-Anhalt 48(1), 1–19, ISSN 0940-6638.

Heske EJ, Robinson SK, Brawn JD (1999). Predator activity and predation on songbird nests on forest-field edges in east-central Illinois. Landscape Ecology 14(4), 345–354.

Hohmann U, Bartussek I (2005). Der Waschbär, 2. überarbeitete Auflage, Oertel+Spörer, Reutlingen.

Hohmann U, Hupe K (1999). Interspecific competition of the raccoon (*Procyon lotor*) and the wildcat (*Felis silvestris silvestris*) with regard to rest sites in Germany.Agriculture forestry - game, integrating wildlife in land management. IUGB-Proceedings, Thessaloniki, 361–367.

Holljesiefken A (2007). Die rechtliche Regulierung invasiver gebietsfremder Arten in Deutschland – Bestandsaufnahme und Bewertung. Schriftenreihe Natur und Recht (Hrsg.: Louis HW und Schumacher J), Band 8, Springer-Verlag, Berlin Heidelberg.

Hubo C, Jumpertz E, Krott M, Nockemann L, Steinmann A, Bräuer I (2007). Grundlagen für die Entwicklung einer nationalen Strategie gegen invasive gebietsfremde Arten. BfN-Skripten 213, Bonn.

Hulme PE, Bacher S, Kenis M, Klotz S, Kühn I, Minchin D, Nentwig W, Olenin S, Panov V, Pergl J, Pyšek P, Roques A, Sol D, Solarz W, Vilà M (2008). Grasping at the routes of biological invasions: a framework for integrating pathways into policy. Journal of Applied Ecology 45(2), 403–414.

Humberg LA, DeVault TL, MacGowan BJ, Beasley JC, Rhodes Jr. OE (2007) Crop depredation by wildlife in northcentral Indiana. Proceedings of the National Wild Turkey Symposium 9, 199–205.

Ikeda T, Asano M, Matoba Y, Abe G (2004). Present status of invasive alien raccoon and its impact in Japan. Global environmental research 8(2), 125–131.

Kark S, Solarz W, Chiron F, Clergeau P, Shirley S (2009). Alien birds, amphibians and reptiles of Europe. In: Handbook of alien species in Europe, 105–118. Springer Netherlands.

Kaufmann JH (1982). Raccoon and allies.Wild mammals of North America: biology, management, and economics. Johns Hopkins University Press, Baltimore, Maryland, USA, 567–585.

Kiehn M, Nouak AH (2005). Neobiota und internationale Natur- und Artenschutzübereinkommen – ein Situationsbericht mit Überlegungen zum Umgang mit Neobiota. In: Aliens - Neobiota in Österreich (Hrsg.: Wallner RM) Grüne Reihe Band 15, Böhlau Verlag, Wien.

Klingenstein F, Kornacker PM, Martens H, Schippmann U (2005). Gebietsfremde Arten: Positionspapier des Bundesamtes für Naturschutz. BfN Skripten 128, Bonn.

Kolbe JJ, Glor RE, Schettino LR, Lara AC, Larson A, Losos J (2004). Genetic variation increases during biological invasion by a Cuban lizard. Nature 431, 177–181. PMID: 15356629

Kowarik I (2010). Biologische Invasionen – Neophyten und Neozoen in Mitteleuropa. 2. Auflage, Eugen Ulmer Verlag, Stuttgart.

Lutz W (1981). Untersuchungen zur Nahrungsbiologie des Waschbären Procyon lotor (Linne 1758) und zum möglichen Einfluß auf andere Wildarten in seinem Lebensraum (Doctoral dissertation, Universität Heidelberg).

Lux E, Priemer J (1995). Parasitologische Untersuchungen an einer freilebenden Population von Waschbären (Procyon lotor). In: Methoden feldökologischer Säugetierforschung (Hrsg.: Stubbe M, Stubbe A, Heidecke D.)1: 211–219.

Matsuo R, Ochiai K (2009). Dietary overlap among two introduced and one native sympatric carnivore species, the raccoon, the masked palm civet, and the raccoon dog, In: Chiba Prefecture, Japan. Mammal study, 34(4), 187–194.

Michler FU, Köhnemann BA (2009). Maskierte Langfinger auf dem Vormarsch–Waschbären in Mecklenburg-Vorpommern. Aktueller Wissensstand über potentielle Auswirkungen der Waschbärenbesiedlung und Hinweise zur Bejagung. Neubürger und Heimkehrer in der Wildtierfauna, 51–61.

Michler FU Köhnemann BA, Roth M, Speck S, Fickel J, Wibbelt G (2009). Todesursachen sendermarkierter Waschbären (*Procyon lotor* L. 1758) im Müritz-Nationalpark (Mecklenburg-Vorpommern). Beiträge zur Jagd- und Wildforschung 34, 339–355.

Millennium Ecosystem Assessment (2005). Ecosystems and Human Well-being: biodiversity synthesis. World Resources Institute, Washington, DC.

Murray WJ (2002). Human infections caused by the Raccoon roundworm Baylisascaris procyonis. Clinical Microbiology Newsletter 24(1), 1–7.

Nehring S, Rabitsch W, Kowarik I, Essel F (2015). Naturschutzfachliche Invasivitätsbewertungen für in Deutschland wild lebende gebietsfremde Wirbeltiere. BfN-Skripten 409, 1–222.

Nehring S, Essel F , Rabitsch W (2015a). Methodik der naturschutzfachlichen Invasivitätsbewertung für gebietsfremde Arten, Version 1.3. BfN-Skripten 401, 1–48.

Nentwig W (2007). Biological Invasions. Ecological Studies193, Springer Science & Business Media, Berlin Heidelberg.

Nicolai B (2006). Rotmilan (*Milvus milvus*) und andere Greifvogel (Accipitridae) im nordostlichen Harzvorland. Situation 2006. Ornithologischer Jahresbericht des Museum Heineanum Halberstadt 24, 1–34.

Rentería-Solís Z.M, Hamedy A, Michler FU, Michler BA, Lücker E, Stier N, Wibbelt G, Riehn K (2013). Alaria alata mesocercariae in raccoons (*Procyon lotor*) in Germany. Parasitology Research 112(10), 3595–3600.

Rentería-Solís Z, Michler FU, Michler BA, Hamedy A, Riehn K, Nöckler K, Wittstatt U, Wibbelt G (2013a). Investigations on selected helminthes of raccoons (*Procyon lotor*) in North-eastern Germany. Poster presentation at the National Symposium on Zoonoses Research 2013 in Berlin, Germany.

Rentería-Solís Z, Min AM, Alasaad S, Müller K, Michler FU, Schmäschke R Wittstatt U, Rossi L, Wibbelt G (2014). Genetic epidemiology and pathology of raccoon-derived *Sarcoptes* mites from urban Areas of Germany. Medical and Veterinary Entomology 28 (1), 98–103.

Rivest P, Bergeron JM (1981). Density, food habits, and economic importance of raccoons (Procyon lotor) in Quebec agrosystems. Canadian Journal of Zoology 59(9), 1755–1762.

Sakai AK, Allendorf FW, Holt JS, Lodge DM, Molofsky J, With KA, et al. (2001) The population biology of invasive species. Annual Review of Ecology and Systematics 32, 305–332.

Schmidt KA (2003). Nest predation and population declines in Illinois songbirds: a case for mesopredator effects. Conservation Biology 17(4), 1141–1150.

Schneeweiß N, Wolf M (2009). Neozoen – eine neue Gefahr für die Reliktpopulationen der Europäischen Sumpfschildkröte in Nordostdeutschland. Zeitschrift für Feldherpetologie 16, 163–182.

Schönborn C, Günther E (2010). Lokale Beiträge zum Schutz der biologischen Vielfalt. Verantwortlichkeit am Beispiel des Landkreises Harz (Sachsen-Anhalt). Naturschutz und Landschaftsplanung 42(3), 69–77.

Schrack M (2010). Der Nordamerikanische Waschbär (Procyon lotor)–ein Gegenspieler wehrhafter Vogelarten? Veröffentlichung Museum Westlausitz Kamenz 2010, 75–82.

Smith HT, Meshaka Jr WE, Engeman RM, Crossett SM, Foley ME, Bush G (2006). Raccoon predation as a potential limiting factor in the success of the green iguana in southern Florida.USDA National Wildlife Research Center-Staff Publications, 448.

Stancyk SE, Talbert OR, Dean JM (1980). Nesting activity of the loggerhead turtle (caretta caretta) in South Carolina, II.protection of nests from raccoon predation by transplantation. Biological Conservation 18(4), 289–298.

Vilà M, Basnou C, Pyšek P, Josefsson M, Genovesi P, Gollasch S, Nentwig W, Olenin S, Roques A, Roy D, Hulme PE und DAISIE partner (2009). How well do we understand the impacts of alien species on ecosystem services? A pan-European cross-taxa assessment. Frontiers in Ecology and the Environment, 8(3), 135–144. doi:10.1890/080083.

Vos A, Ortmann S, Kretzschmar AS, Köhnemann B, Michler FU (2012). The raccoon (*Procyon lotor*) as potential rabies reservoir species in Germany: A risk assessment. BMTW 125(5/6), 228–235.

Winter M, Stubbe M, Heidecke D (2005). Zur Ökologie des Waschbären (*Procyon lotor* L., 1758) in Sachsen-Anhalt. Beiträge zur Jagd- und Wildtierforschung 30, 303–322.

Zalewski A (2011). GB Non-native Organism Risk Assessment for Procyon lotor. www.nonnativespecies.org; https://secure.fera.defra.gov.uk/nonnativespecies/downloadDocument.cfm?id=621

SCHLUSSBEMERKUNGEN

Die Wichtigkeit und Erforderlichkeit einer interdisziplinären Herangehensweise und eine enge Zusammenarbeit verschiedener Disziplinen wird im Rahmen der hier behandelten Thematik und der fachübergreifenden Herausforderungen von IAS deutlich. Neben der derzeit weiterhin bestehenden Problematik hinsichtlich einer eindeutigen Normsetzung zur Abgrenzung von „gebietsfremden", „einheimischen" und „invasiven" Arten im BNatSchG (vgl. u. a. Holljesiefken 2007; Hubo und Krott 2010; Kowarik 2010; Schulte et al. 2011; Bidinger 2012), existieren vor allem angesichts der Bewertung der Invasivität von IAS im Falle einer weitreichend lückenhaften wissenschaftlichen Datengrundlage maßgebliche Unsicherheiten und Vollzugsschwierigkeiten des bestehenden Regelungssystems. Die in dieser Arbeit durchgeführte systematische länderweite Erfassung des potentiell invasiven Waschbären, sowie die Anwendung eines genetischen Monitorings zur Rekonstruktion und Klärung ihrer Ausbreitungspfade und ihres Status, schließt einen Teil der bisher vorhandenen Wissenslücken bezüglich dieser Art und ermöglicht somit eine verbesserte Risikoabschätzung. Darüberhinaus wurde Impulse für eine verbesserte Normsetzung und Normanwendung im Rahmen der rechtlichen Handhabung einer gebietsfremden und potentiell invasiven Art hinsichtlich von Haltungsanforderungen vermittelt.

RECHTLICHE NORMSETZUNG

Die mangelnde Konsistenz der gegenwärtigen Begriffsbestimmungen „*gebietsfremd*", „*heimisch*" und „*invasiv*" im naturwissenschaftlichen Sinn und internationalen Sprachgebrauch gegenüber dem deutschen Bundesnaturschutzgesetz resultiert in einer eingeschränkten Normanwendung. Widersinnig ist vor allem der Einschluss nichtheimischer Arten als heimisch, sofern sie in der freien Natur etabliert sind - wie im Falle des Waschbären (*Procyon lotor*) - da diese Arten somit aus dem Genehmigungsvorbehalt von Tieransiedlungen herausfallen. Weiterhin steht das BNatSchG hinter den erforderlichen Präventionsmaßnahmen zurück, da im Rahmen der Begriffsbestimmungen einer „*invasiven Art*" ein *erhebliches* Gefährdungspotential für die natürlich vorkommenden Ökosysteme, Biotope oder Arten im neuen Verbreitungsgebiet der Art gegeben sein muss. Zwar sind Arten, bei denen Anhaltspunkte dafür bestehen, dass es sich um invasive Arten handelt, laut des BNatSchG zu beobachten, eine Anwendung von Maßnahmen gesetzt des Falles einer ungeklärten Gefährdungslage ist jedoch für die naturschutzfachliche Praxis mit Probleme behaftet und birgt allgemein die Gefahr der Rechtsunsicherheit. Eine rechtliche Integration von „heimischen Arten" in die Definition von „invasiven Arten" oder eine naturwissenschaftlich sinnvolle Abgrenzung von „heimischen" und „gebietsfremden" Arten ist für ein eindeutiges Verständnis der Anwendung entsprechenden Rechtsnormen zu empfehlen.

RISIKOBEWERTUNG UND MONITORING VON IAS

Unklar ist bisher auch inwiefern Arten, für die eine wissenschaftliche Ungewissheit hinsichtlich ihrer Invasivität bestehen, für weitere nationale und unionsweite Reglementierungen in Betracht kommen. Obwohl in der Fachliteratur Einigkeit über die Wichtigkeit und Effektivität von präventiven Maßnahmen besteht - die einen wesentlich geringeren finanziellen Aufwand im Vergleich zu Ausrottungs- und Monitoringmaßnahmen bedeuten und zudem als erfolgreicher und weniger invasiv angesehen sind (EU-Verordnung Nr. 1143/2014, Erwägungsgrund 15) - erlangen viele IAS erst Aufmerksamkeit, wenn sie sich bereits verbreiten konnten und wesentliche Schäden hervorgerufen haben. Laut des BNatSchG sind potentielle IAS zwar zu beobachten, eine Umsetzung dieser Vorgaben erfolgt aber nur lückenhaft und wird weitestgehend freiwillig von unterschiedlichen Interessengruppen vorangetrieben. Als Beispiel sei hier WILD, das Wildtier-Informationssystem der Länder Deutschlands, ein Monitoring auf Initiative des Deutschen Jagdverbandes für bejagbare Arten, genannt. Zwar dienen darüberhinaus zahlreiche internationale Datenbanken als Informations- und Monitoringsysteme für IAS, indem sie Informationen aus der wissenschaftlichen Literatur für eine Großzahl an Arten zusammentragen, allerdings fungieren sie eher zur groben Einschätzung der Art über eine weite Fläche und sind aufgrund fehlender regionaler Detailgenauigkeit und oftmals zurückstehender Aktualität nur bedingt als Frühwarnsystem geeignet. Beispielsweise wurde das Faktenblatt für den Waschbären bei DAISIE zuletzt im November 2006 aktualisiert, bei NOBANIS im Januar 2011. Dies zeigt, dass die Aktualität der Datenbanken hinter den teilweise sehr raschen Entwicklungen der IAS weit zurücksteht. Ein weiterer Kritikpunkt hinsichtlich der Verwendung internationalen Datenbanken als Monitoring- und Frühwarnsystem als auch als Informationsgrundlage für eine Risikobewertung, besteht in der versäumten Aufnahme regionaler Monitoringergebnisse privater Projektträger, was dazu führt, dass nicht international veröffentlichte Daten für Experten anderer Länder nur eingeschränkt zugängig sind und somit nur bedingt Eingang in überregionale Bewertungen finden.

Ob sich eine Art in einem neuen Gebiet etablieren und dort invasiv werden kann ist, selbst wenn Ansprüche und Eigenschaften der Art bekannt sein sollten, nicht sicher vorhersagbar. Vor allem im Hinblick darauf, dass sich Neobiota oft zuerst nur lokal etablieren und einer unvermittelten rasanten Arealerweiterung häufig eine sogenannte lag-Phase vorgeschaltet ist, in der sich die Art über einen längeren Zeitraum nicht nennenswert ausbreitet, ist eine dauerhaften Beobachtung von Neobiota für ein effektives und kosten-nutzeneffizientes Vorgehen unabdingbar. Hierbei kann ein gutes Informationsnetzwerk zum intensiven Austausch zwischen Bürgern, Behörden, Naturschutzvereinen und Wissenschaftlern nicht nur den Aufbau eines flächigen Frühwarnsystems fördern, sondern auch die Akzeptanz von notwendigen Maßnahmen unterstützen.

MANAGEMENT DES WASCHBÄREN

Angesichts der großräumigen Verbreitung des Waschbären in Deutschland und Mitteleuropa ist eine Auslöschung der Art in Mitteleuropa nicht durchführbar. Ein Management der Art ist daher in der Regel nur lokal oder regional sinnvoll und sollte darauf abzielen, den negativen Einfluss dieser (potentiell) invasiven Art auf besonders schützenswerte Arten, Lebensräume oder Gebiete zu minimieren (siehe auch § 40 Abs. 3 Satz 2; Nehring et al. 2015, S. 27). Wie auch in den Handlungsoptionen des BfN zur Schwarzen Liste – Managementliste vorgegeben, ist darüberhinaus eine Überwachung im Hinblick auf die Bestandsentwicklung, die Verbreitung und den Einfluss der Art auf die biologischen Vielfalt sinnvoll und Forschungsaktivitäten zur Entwicklung neuer erfolgversprechender Methoden zur Kontrolle (wie beispielsweise im Bereich der Tollwutimmunisierung) erforderlich. Weiterhin sind eine Aufklärung der Bevölkerung und ein präventives Konfliktmanagement sinnvolle Wege um Konflikten durch den vermehrten Kontakt von Mensch und Wildtier vorzubeugen[84]. Als wirkungsvolles Beispiel für ein präventives Konfliktmanagement im Sinne des Artenschutzes kann die Verwendung eines Elektrozaunes um die Population der Europäischen Sumpfschildkröte in Brandenburg aufgeführt werden. Weiterhin ist durch eine Eindämmung der Einbringungswege, eine beschleunigte Ausbreitung kosten-nutzeneffizient entgegenzuwirken. Obwohl zur Gefahrenminderung bereits einige dieser Einbringungswege modifiziert und eingeschränkt wurden, ist vor allem der Sektor der Haustierhaltung noch immer ein aktiver und dominanter Einbringungspfad in Europa, den es zu beschränken gilt.

PRÄVENTIONSMAßNAHMEN

Die Einführung eines dreistufigen Listenansatzes bestehend aus einer *Weißen Liste*, einer *Grauen Liste* und einer *Schwarzen Liste* (nach Nehring et al. 2010, S. 24–26; 2015a, S. 13–14) ist für Fachexperten als auch Bürger ein praktikables Bewertunginstrument, um gebietsfremde Arten einzuschätzen und invasive Arten zu identifizieren und um zielgerichtet darauf aufbauend effektive Handlungsstrategien abzuleiten. Aufgrund ihrer Kosten-Nutzeneffizienz bilden Präventionsmaßnahmen einen bedeutenden Teil der Handlungsstrategien im Umgang mit IAS. Für eine effektive Umsetzung von Präventionsmaßnahmen ist hierbei vor allem eine transparente und verständlich gestaltete Reglementierung für den Bürger von Relevanz. Aufgrund ihrer einfachen Handhabung ist daher die Einführung einer Positivliste zur Erweiterung der bereits bestehenden Besitz- und Handelsverboten zu empfehlen, zumal sie angesichts ihrer inhaltlichen Überschaubarkeit den Bürger stärker in eine Überwachung in der Fläche einzubinden vermag. Hinsichtlich des Tierhaltungssektors sind ein Sachkundenachweis und die Implementierung einer verpflichtenden Registrierungs- und

[84] siehe beispielsweise Liste zu Broschüren, populärwissenschaftliche Waschbärliteratur und Internetverweise auf der Seite des „Projekt Waschbär“ http://www.projekt-waschbaer.de/links-und-literatur.

Kennzeichnungspflicht als effektive Präventionsmaßnahmen zur Verhinderung von Primär- und Sekundärausbringungen von IAS als sinnvoll zu erachten. Somit könnte sowohl eine Rückverfolgbarkeit des Halters sichergestellt werden, als auch ein verantwortungsbewusstes Handeln und ein artgerechter Umgang mit Tieren unterstützt werden.

SYSTEMATISCHES UND GENETISCHES MONITORING

Trotz der vielfachen Kritik an der Verlässlichkeit von Streckendaten als Index für Populationsdichten, welche in Anbetracht der Abhängigkeit des Jagderfolg von zahlreichen schwankenden Faktoren (u.a. variable Jagdintensität, Jagdzeiten, eingeschränkten Jagdgebiete, Jagdmethode, Wetterbedingungen Befähigung der Jäger) besteht (Hornell-Willebrand et al. 2006; Ranta et al. 2008; Engeman et al. 2013), bieten die vielfach aufgenommenen Daten zu erlegten und tot aufgefundenen Tieren (Fallwild) besonders im Hinblick auf weitgehend fehlende Alternativen für IAS eine Chance des Monitorings. Zudem deuten Vergleiche von faunistischen Erhebungen und Jagdstatistiken auf eine weitreichende Übereinstimmung beider Datenquellen im Hinblick auf verschiedene Arten hin (Baines und Hudson 1995; Cattadori et al. 2003; Imperio et al. 2010; Knauer et al. 2010). Vornehmlich wenn direkte Daten nicht verfügbar oder logistisch schwierig aufzunehmen sind, sollte daher die Möglichkeit eines alternativen Monitorings überprüft und diese gegebenfalls für eine erste Einschätzung herangezogen werden. Mit der Aufnahme von Streckendaten über einen langen Zeitraum und ein geographisch weiträumiges Areal steht eine beachtliche Datenkollektion zur Verfügung, die hinsichtlich des Invasionsprozesses von gebietsfremden Arten unbedingt auf ihre Anwendbarkeit in den einzelnen Fällen überprüft werden sollte. Neben einer Ableitung der Kernräumen der Verbreitung der Arten, ihrer Ausbreitungskorridore und Barrieren, können entsprechenden Datensätzen ebenfalls zur Bewertung der Auswirkungen der biologischen Invasion auf native Tierarten dienen und zur effektiven Gestaltung von Managementplänen oder zur Erstellung weiterführender detaillierter Studiendesigns herangezogen werden.

Eine naturwissenschaftlich anerkannte Methodik, die gerade für Planungszwecke unverzichtbar ist, stellen SDMs dar, die auf Grundlage von Fundpunkten (welche in dieser Arbeit aus Streckendaten abgeleitet wurden) eine Modellierung von raum-zeitlichen Verteilungsmustern von Arten vornehmen. Zwar können evolutive Nischenverschiebungen, wie sie bei sich ändernden Umweltbedingungen über einen hinreichend langen Zeitraum für die meisten Arten anzunehmen sind, und andere dynamische Prozesse mit Modellen nicht gänzlich abgebildet werden, dennoch geben SDMs weitgehend gesicherte Prognosen über zukünftige Artenverbreitungen (Bidinger 2012).Vor allem aufgrund der weitgehend fehlenden Alternativen bezüglich einer Einschätzung der zukünftigen Ausbreitung von IAS, sowie der Identifikation und Priorisierung von Gebieten im Rahmen von Frühwarnsystemen und der Kontrolle von Invasionsausbrüchen finden SDMs viefach in der Invasionsbiologie Anwendung (Peterson and Vieglais 2001; Fonseca et al. 2006; Meentemeyer et al. 2008; Strubbe und Matthysen, 2009). Dennoch

bleibt anzumerken, dass SDMs generell stets als eine idealisierte Annäherung und als erste „Idee“ von Artenverbreitungen verstanden werden sollten und daher idealerweise in Kombination mit anderen Methoden (Genetik, Laborversuchen, Freilanderfassungen) Anwendung erfahren sollten, um die Ergebnisse zu überprüfen, zu ergänzen und abzusichern.

Ein Genetisches Monitoring mit molekularen Markern ist als ein sensitives, relativ kostengünstiges und effektives Werkzeug im Artenschutz als auch in der Kontrolle von IAS anerkannt, vor allem da sie relevante Informationen zum ökologischen sowie evolutionären Zeitrahmen liefern kann (Schwartz et al. 2009). Ihre Hauptaufgabe besteht in der Detektion von Populationsveränderungen über die Zeit, sowie der Bereitstellung von Informationen zur genetischen Diversität, zur Konnektivität, der Fitness und der Lebensfähigkeit der Populationen, als auch der Identifikation natürlicher und anthropogener Effekte auf die Entwicklung und den Genfluss der Einheiten (Kekkonen 2016). Ein Vorteil der Methode besteht außerdem in der Möglichkeit einer verlässlichen Analyse anhand nicht invasiver Proben einschließlich Haare, Fäkalien, Urin, Federn, Speichel, Eierschalen, Schuppen oder Hautzellen, sodass kein direkter Kontakt mit dem Tier vorausgesetzt werden muss (Waits und Paetkau 2005). Diese Möglichkeit zur eindeutigen Identifikation von Individuen könnte zukünftig somit einen sinnvollen Einsatz in der Überwachung der Normsetzung hinsichtlich der Haltungsbedingungen von IAS erfahren.

DYNAMISCHER UND BEWAHRENDER NATURSCHUTZ

Ein Umweltwandel, sei er natürlicher Art oder durch menschliches Handeln bedingt, bewirkt immer eine Anpassung der Naturobjekte. Diese Anpassung kann sich zwar auf Kosten vorhandener Elemente der Fauna und Flora vollziehen, ist aber auch unerlässlich für das Wirken und Nutzen der Naturfunktionen unter den zukünftigen Bedingungen (Kowarik 2010). Obwohl Dynamik somit als ein wesentliches Element natürlicher Selektion verstanden werden kann, besteht dennoch eine gewisse Skepsis gegenüber den möglichen Ausmaßen eines Wandels, vor allem dann, wenn der Mensch durch sein Eingreifen einen weitreichenden Einfluss ausübt. Da Auswirkungen auf das Ökosystem und die Ökosystemleistungen und folglich somit auch auf ökonomische Entwicklungen und die Lebensweise des Menschen nicht zuverlässig abgeschätzt werden können, wird zur Risikominimierung von Seiten des bewahrenden Naturschutzes daher die Bewahrung des *Status quo* angestrebt.

Der Umgang mit Neobiota ist von beiden Naturschutzkonzepten geprägt. Einer Bewertung der durch sie evozierten Naturdynamik werden gesellschaftliche Wertmaßstäbe zugrunde gelegt, die neben den Auswirkungen im Naturschutz auch den wirtschaftlichen Sektor und das Gesundheitsrisiko miteinbeziehen. In einigen Fällen stellen Neobiota Nutzungsvorteile dar und können sogar die hypothetische Chance zum Faunengewinn bedeuten, wodurch aus anthropogener Sicht ein Wandel zu begrüßen ist. Beispiele hierfür sind in der Nutztierhaltung, in der Land- und Forstwirtschaft und der

Schädlingsbekämpfung zu finden oder wurden im Rahmen einer Besiedlung freier oder freigewordener ökologischer Nischen festgehalten. Andererseits bleibt aufgrund der Schwierigkeit der Bewertung ihrer Invasivität und der Abschätzung ihrer Langzeitwirkungen auf das Zusammenspiel und die Funktionalität der Natur immer ein Restrisiko bestehen. Um beide Konzepte zu vereinen ist im Umgang mit Neobiota eine gewisse Vereinbarung von Offenheit und Vorsicht geboten, wodurch einem wissenschaftlichen Monitoring als wichtiges Instrument zur Abschätzung eines Risikos und der Beurteilung notwendiger Handlungsoptionen eine maßgebliche Rolle zuteil wird.

LITERATUR

Baines D, Hudson PJ (1995). The decline of black grouse in Scotland and northern England. Bird Study 42(2), 122–131.

Bidinger K (2012). Schadenspotential gebietsfremder, invasiver Käferarten unter Berücksichtigung des globalen Klimawandels und rechtlicher Aspekte – Damage risk of alien, invasive beetle species under consideration of the global climate change and legal aspects. Doctoral dissertation, Dissertation Universität Trier, 1–138.

Cattadori IM, Haydon DT, Thirgood SJ, Hudson PJ (2003). Are indirect measures of abundance a useful index of population density? The case of red grouse harvesting. Oikos100 (3), 439–446.

Engeman RM, Massei G, Sage M, Gentle MN (2013). Monitoring wild pig populations: a review of methods. Environmental Science and Pollution Research 20(11), 8077–8091

Holljesiefken A (2007). Die rechtliche Regulierung invasiver gebietsfremder Arten in Deutschland – Bestandsaufnahme und Bewertung. Schriftenreihe Natur und Recht (Hrsg.: Louis HW und Schumacher J), Band 8, Springer-Verlag, Berlin Heidelberg.

Hornell-Willebrand M, Marcstrom V, Brittas R, Willebrand T (2006). Temporal and spatial correlation in chick production of willow grouse Lagopus lagopus in Sweden and Norway. Wildlife Biology 12, 347–355.

Hubo C, Krott M, 2010. Das Strategiepotential des neuen Bundesnaturschutzgesetzes zu invasiven gebietsfremden Arten. Natur und Recht 32, 698–705.

Imperio S, Ferrante M, Grignetti A, Santini G, Focardi S (2010). Investigating population dynamics in ungulates: Do hunting statistics make up a good index of population abundance? Wildlife Biology 16, 205–214.

Kekkonen J (2016). Temporal Genetic Monitoring of Declining and Invasive Wildlife Populations: Current State and Future Directions. In Problematic Wildlife, 269–294, Springer International Publishing.

Knauer F, Küchenhoff H, Pilz S (2010). A statistical analysis of the relationship between red fox *Vulpes vulpes* and its prey species (grey partridge *Perdix perdix*, brown hare *Lepus europaeus* and rabbit *Oryctolaguscuniculus*) in Western Germany from 1958 to 1998. Wildlife Biology 16(1), 56–65.

Kowarik I (2010). Biologische Invasionen – Neophyten und Neozoen in Mitteleuropa. 2. Auflage, Eugen Ulmer Verlag, Stuttgart.

Meentemeyer RK, Rank NE, Anacker BL, Rizzo DM, Cushman JH (2008). Influence of land-cover change on the spread of an invasive forest pathogen. Ecological Applications18(1), 159–171.

Nehring S, Essl F, Klingenstein F, Nowack C, Rabitsch W, Stöhr O, Wiesner C, Wolter C (2010). Schwarze Liste invasiver Arten: Kriteriensystem und Schwarze Listen invasiver Fische für Deutschland und für Österreich. Bonn-Bad Godesberg (Bundesamt für Naturschutz) BfN-Skripten 285, 1–185.

Nehring S, Essel F , Rabitsch W (2015a). Methodik der naturschutzfachlichen Invasivitätsbewertung für gebietsfremde Arten, Version 1.3. BfN-Skripten 401, 1–48.

Peterson AT, Vieglais DA (2001). Predicting species invasions using ecological nichemodeling: new approaches from bioinformatics attack a pressing problem. BioScience 51, 363–371.

Ranta E, Lindstrom J, Linden H, Helle P (2008). How reliable are harvesting data for analyses of spatio-temporal population dynamics? Oikos 117, 1461–1468.

Schulte U, Bidinger K, Deichsel G, Hochkirch A, Thiesmeier B, Veith M (2011). Verbreitung, geographische Herkunft und naturschutz-rechtliche Aspekte allochthoner Vorkommen der Mauereidechse (*Podarcis muralis*) in Deutschland. Zeitschrift für Feldherpetologie 18, 161–180.

Schwartz MK, Luikart G, Waples RS (2007). Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management. Trends in ecology & evolution 22(1), 25–33.

Strubbe D, Matthysen E (2009). Predicting the potential distribution of invasive ring-necked parakeets Psittacula krameri in northern Belgium using an ecological niche modelling approach. Biological Invasions 11(3), 497–513.

Waits LP, Paetkau D (2005). Non invasive genetic sampling tools for wildlife biologists: a review of applications and recommendations for accurate data collection. Journal of Wildlife Management 69(4), 1419–1433.

ZUSAMMENFASSUNG
-
SUMMARY

ZUSAMMENFASSUNG

Im Fokus der Ursachenanalyse der zunehmenden Homogenisierung von Biozönosen und des weltweiten Artenverlustes steht neben dem Flächennutzungs- und Klimawandel vorrangig auch die durch den Menschen verursachte Einbringung gebietsfremder, invasiver Arten. Aufgrund ihrer Charakteristika bilden diese Arten einen wichtigen Schnittpunkt von Ökologie, Ökonomie und Soziologie in Theorie und Praxis und erfahren folglich im Zuge der weltweit steigenden Anzahl von biologischen Invasionen zunehmend eine rechtliche Regulierung. Eine grundsätzliche Herausforderung in der Invasionsforschung liegt in der Identifikation von Faktoren, die Verbreitung, Dynamik und Erfolg der Arten erklären, um anhand dieses Wissens ihr Risiko für das Ökosystem als auch hinsichtlich ökonomischer und gesundheitlicher Aspekte abschätzen zu können. Eine Einschätzung der Invasivität der Art zur Ableitung von Handlungsstrategien und zur rechtlichen Einstufung erfolgt anhand von Risikoanalysen, deren kriterienbasierte Bewertung eine Reihe wissenschaftlicher Fakten voraussetzen.

Um mögliche Ausbreitungswege- und barrieren zu identifiziert und Faktoren herauszustellen, welche die erfolgreiche Etablierung und Ausbreitung des Nordamerikanischen Waschbären in Deutschland und Europa erklären, wird in dieser Dissertation unter Verwendung populationsgenetischer Methoden die Ausbreitung der Art rekonstruiert. Darüberhinaus wird in dieser Arbeit die Bedeutung von Verbreitungsmodellen als Analyse- und Präventions-Instrument in der naturschutzfachlichen Risikoabschätzung verdeutlicht und zudem die Problematik einer Risikoabschätzung auf Grundlage einer lückenhaften Wissensbasis erläutert. Der rechtliche Schwerpunkt der Dissertation widmet sich der Regulierung der Haltung von IAS, die als ein aktiver und dominanter Einbringungsweg insbesonders für gebietsfremde Wirbeltierarten zählt und für die hier betrachtete Modellart nachweislich von hoher Bedeutung ist.

Die gewonnenen Erkenntnisse geben Hilfestellung zur Einstufung der Invasivität der Art und zur Beurteilung eines Handlungsbedarfes.

SUMMARY

Beside changes in land use and climate, invasive, alien species are of major concern when identifying reasons for the increased homogenization of biological communities and the global loss of biodiversity. Based on their characteristics, invasive species represent an important intersection of ecology, economy and sociology in theory and in practice. Today they mark an increasingly important subject of legal regulation due to the increasing number of biological invasions worldwide. A major challenge in invasion research lies in determining factors explaining the spread, dynamic and success of the species in order to specify their damage potential on the ecosystem but also their risk on economy and human health. The knowledge of scientific facts is crucial to meet all requirements of a risk assessment and to specify the species invasiveness. Moreover it is needed to imply action strategies and to constitute the evaluation of a legislative basis concerning the species.

In my studies I reconstructed the dispersal of the model species by using a genetic monitoring. By this I aimed for the identification of dispersal pathways and barriers, as well as factors explaining the successful invasion of the North American raccoon in Germany and Europe. Furthermore, the relevance of species distribution models as instruments of understanding and prevention within an ecological risk assessment is demonstrated in my thesis. In addition scientific uncertainties and an incomplete scientific knowledge are pointed out to be a problem in risk assessments. The keeping of wild animals is known to be one of the main active and potential pathways of invasion, leading to the jurisprudential part of my thesis, which discuss legal aspects in animal husbandry. Additionally, since I was able to show that the dispersal of the racoon did capitalize particularly from multiple releases, legal assessment in dealing with this upcoming Neozoa is of imminent importance.

This newly gained scientific knowledge will support the risk assessment in regard of the invasiveness of the raccoon and refine the upcoming questions if a need of action will be required for this species and what degree of human interference will be adequate.

LEBENSLAUF

PROMOTION

01/2012 bis 12/2015	Promotion im Rahmen des DFG-Graduiertenkolleg „Verbesserung von Normsetzung und Normanwendung im integrierten Umweltschutz durch rechts- und naturwissenschaftliche Kooperation“ des Instituts für Umwelt- und Technikrecht (IUTR) an der Universität Trier, Fachbereich Raum- und Umweltwissenschaften – am Institut für Biogeographie Dissertation: „Besiedlungsprozesse und Auswirkungen des Waschbären (*Procyon lotor* L., 1758) in Deutschland“

STUDIUM

10/2005 bis 05/2010	Studium mit Abschluss Diplom-Biologie an der Technische Universität in Kaiserslautern mit Studienschwerpunkten Pflanzenphysiologie, Experimentelle Ökologie und Lebensmittelchemie/Umwelttoxikologie Diplomarbeit: „Physiologische Untersuchungen von Nukleosid-Hydrolasen anhand entsprechender *Arabidopsis thaliana*-Mutanten“

BERUFSERFAHRUNG

03/2011 bis 12/2011	Anstellung als wissenschaftliche Mitarbeiterin in der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft (FAWF), Landesforsten Rheinland-Pfalz in Trippstadt in der vom damaligen Ministerium für Umwelt und Forsten Rheinland-Pfalz in Auftrag gegebenen Pilotstudie zur Etablierung des Waschbären in Rheinland-Pfalz und im Projekt „Grünbrückenmonitoring Wattenheim“
04/2011	Referententätigkeit in einer Amphibienexkursion der Umweltberatung der Stadt Kaiserslautern
09/2010 bis 12/2010	Praktikum und Mitarbeit im Landschaftsbüro ÖKO-LOG Freilandforschung in Parlow
07/2010 bis 09/2010	Volontariat im Zoologischen Garten Landau
2009, 2008	Hilfswissenschaftlertätigkeiten in den Arbeitsgruppen Pflanzenphysiologie und Experimentelle Ökologie an der Technischen Universität Kaiserslautern

WEITERBILDUNG/ INNER- UND AUßERUNIVERSITÄRE TÄTIGKEITEN	
05/2014	Interdisziplinärer Workshop 2014 „Umweltrechtliche Fragestellungen aus wissenschaftsphilosophischer Perspektive, der Umgang mit naturwissenschaftlichen Unsicherheiten in der täglichen Arbeit“ Mitorganisation und Teilnahme an Webseminar und Workshop mit Kurzreferaten zum Thema Risikobewertung (unter Leitung von Prof. Dr. phil. Gregor Betz)
04/2014	Seminar Gesprächsführung und Kommunikation: Konstruktive Gespräche führen – überzeugen statt überreden (Trainerin Viola Moritz)
09/2012	Zweitägiger interdisziplinärer Workshop 2012 „Anthropogene Störung mariner Ökosysteme in Deutschland – eine natur- und rechtswissenschaftliche Bewertung“ Mitorganisation und Teilnahme
03/2012	Dreitägiger GIS-Workshop der DZG-Fachgruppe Ökologie „Einführung in die Analyse und Visualisierung von Umweltdaten mit GIS“ an der Universität Trier
07/2012, 08/2012 und 08/2013	HBCD-Probenahme im Projekt „Europaweites Monitoring des bromierten Flammschutzmittels Hexabromcyclododecan (HBCD)“ - Analyse in Fischen aus River Tees und Mersey in England, Göta älv in Göteborg (Schweden), Rhone in Arles (Frankreich), See Belau (Deutschland) und Western Scheldt (Niederlande) nach den kontaminationsfreien Probenahmebedingungen der Umweltprobenbank des Bundes (UPB) in Trier
04/2011 bis 04/2012	Jagdschein beim Landesjagdverband Rheinland-Pfalz, Kreisgruppe Kaiserslautern mit abgelegter Jägerprüfung
10/2011	Immobilisation von Wildtieren - Sachkundenachweis Fernapplikationswaffeninklusiv entsprechender Kenntnisse auf veterinärmedizinischem Gebiet (DAMWILD farming e.V., Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, Bezirksverband Pfalz)
07/2010 bis 12/2011	Mitarbeit im BUND der Kreisgruppe Kaiserslautern

08/2009	Kurs Wissenschaftsjournalismus im Rahmen des Studium Integrale der Technischen Universität Kaiserslautern
09/2004 bis 12/2004	Tauchschein PADI Open Water/ Advanced Open Water (Phangan Fun Factory, Koh Phangan, Thailand)

TAGUNGSTEILNAHME UND BEITRÄGE

05/2015	„Ein Einwanderer aus Übersee erobert die Welt – Rekonstruktion der Besiedlungsdynamik und Prognose zur Ausbreitung des Nordamerikanischen Waschbären (*Procyon lotor* L., 1758) in Deutschland“, Posterpräsentation zur Jahrestagung des Arbeitskreises Biogeographie (VGDH) Basel, Switzerland, (Poster).
04/2014	“Reconstruction of the colonization dynamics of the invasion of the North American raccoon (*Procyon lotor* L., 1758) in Germany”, Posterpräsentation zur Tagung Science for the new Regulation, Benelux conference on invasive Species, Ghent, Belgium (Poster).
09/2013	“Reconstructing the invasion of the North American raccoon (*Procyon lotor* L., 1758) in Germany”, Vortrag im Rahmen der 20th International Conference on Environmental Indicators (ICEI 2013), Trier, Germany (Vortrag).
09/2013	29. Trierer Kolloquium zum Umwelt- und Technikrecht „Energiewende in der Industriegesellschaft“ vom Institut für Umwelt und Technikrecht der Universität Trier (IUTR), Trier, Deutschland (Teilnahme).
03/2013	“Distribution of alien mammals in Germany, hunting bag of raccoon, raccoon dog and mink”, Posterpräsentation zur Wild musteloid conference, the biology and conservation of wild mustelids, skunks, procyonids and red panda, Wildlife conservation Research Unit (WILDCRU), Zoology, Oxford, England (Poster).
10/2012	„Maskierte Langfinger: Sympathieträger oder Plagegeist, Rechtliche Vorgaben zum Umgang mit invasiven, gebietsfremden Arten am Beispiel des Waschbären“, Vortrag im Rahmen der Informationsveranstaltung „Maskierte Langfinger – Waschbären in

	Deutschland und im Pfälzerwald“ im Haus der Nachhaltigkeit, Trippstadt, Deutschland (Vortrag).
09/2012	7th European Conference on Biological Invasions, NEOBIOTA 2012, Pontevedra, Spain (Teilnahme).
09/2012	86th Annual Conference of the German Society of Mammalogy, The Past Present and Future of Mammalian Diversity, Senckenberg Frankfurt (a.M.), Germany (Teilnahme).
04/2012	Vortragsreihe: Neozoen in Hessen, Naturschutz-Akademie Hessen (NAH), Wetzlar, Deutschland (Teilnahme).
09/2011	“Pilot study on the immigration of the raccoon (*Procyon lotor* L., 1758) into Rhineland-Palatinate”, Vortrag auf der Tagung 85th Annual Meeting of the German Society of Mammalogy, Luxembourg, Luxembourg (Vortrag).

PUBLIKATIONEN

2016	Fischer ML, Salgado García I, Klein R, Frantz AC, Heddergott M, Cullingham C, Kyle C, Hochkirch A (2015). Pathways of the invasion of the raccoon (*Procyon lotor*) in the non-native range in Europe (submitted).
2015	Fischer ML, Sullivan MJP, Greiser G, Guerrero-Casado J, Heddergott M, Hohmann U, Keuling O, Lang J, Martin I, Michler FU, Winter A, Klein R (2015a). Assessing and predicting the spread of non-native raccoons in Germany using hunting bag data and dispersal weighted models. Biological Invasions, 1–15.
	Beninde J, Fischer ML, Hochkirch A, Zink A (2015). Ambitious advances of the European Union in the legislation of invasive alien species. Conservation Letters 8 (3), 199–205.
	Fischer ML, Hochkirch A, Heddergott M, Schulze C, Anheyer-Behmenburg HE, Lang J, Michler FU, Hohmann U, Ansorge H, Hoffmann L, Klein R, Frantz AC (2015). Historical Invasion Records Can Be Misleading: Genetic Evidence for Multiple Introductions of Invasive Raccoons (*Procyon lotor*) in Germany. PLoS ONE 10(5), 1–17.

Daumann M, Fischer M, Niopek-Witz S, Girke C, Möhlmann T (2015). Apoplastic Nucleoside Accumulation in Arabidopsis Leads to Reduced Photosynthetic Performance and Increased Susceptibility Against *Botrytis cinerea*. Frontiers in Plant Science 6, 1158.

2013

Beninde J, Hänsch M, Hiery M, Kinitz T, Kirschey J, Matenaar D, Rohde K, Stöfen A, Wagner N, Zink A (2013). Workshop-Bericht: „Anthropogene Störung mariner Ökosysteme in Deutschland – eine natur- und rechtswissenschaftliche Bewertung“, Natur und Recht, 35(6), 410–412, Springer Verlag.

Hochkirch A, Schmitt T, Beninde J, Hiery M, Kinitz T, Kirschey J, Matenaar D, Rohde K, Stöfen A, Wagner N, Zink A, Lötters S, Veith M, Proelss A (2013). Europe needs a new vision for a Natura 2020 network. Conservation Letters 6(6), 462–467.

Hochkirch A, Schmitt T, Beninde J, Hiery M, Kinitz T, Kirschey J, Matenaar D, Rohde K, Stöfen A, Wagner N, Zink A, Lötters S, Veith M, Proelss A (2013). How much biodiversity does Natura 2000 cover? Conservation Letters 6(6), 470–471.

ERKLÄRUNG

ERKLÄRUNG

Hiermit erkläre ich, dass die vorliegende Doktorarbeit mit dem Titel „Besiedlungsprozesse und Auswirkungen des Waschbären (*Procyon lotor* L., 1758) in Deutschland“ selbstständig von mir verfasst wurde und bisher weder im Ganzen noch in Teilen in dieser Fakultät oder in einer anderen akademischen Institution eingereicht worden ist. Die Promotionsordnung ist mir in der derzeit gültigen Form bekannt. Alle benutzten Quellen und Hilfsmittel wurden benannt und die Ergebnisse anderer Beteiligter, sowie anderer Autoren oder Mitautoren klar gekennzeichnet. Die Einzahlung der Promotionsgebühr weise ich nach.

_____ _____

Ort, Datum Marietta Fischer