

[Ökologie des Onager (*E.h.onager*) im Iran:  
Wanderbewegung, Habitatnutzung und  
Populationsgenetik.]



Mohamoud-Reza Hemami<sup>1</sup> und Chris Walzer<sup>2</sup>

1) Isfahan Universität für Technologie

2) Forschungsinstitut für Wildtierkunde und Ökologie der  
Vet. Med. Univ. Wien

**Titel: Ökologie des Onager (*E.h.onager*) im Iran: Wanderbewegung, Habitatnutzung und Populationsgenetik.**

**Projektpartner:**

Dr. Mohamoud-Reza Hemami; Abteilung für natürliche Ressourcen; Isfahan Universität für Technologie, Isfahan, Iran

Prof. Dr. Chris Walzer, Dr Petra Kaczensky Forschungsinstitut für Wildtierkunde und Ökologie, Vet. Med. Univ. Wien, Österreich

Onager EEP (EAZA) Dr. Stephan Hering-Hagenbeck  
Iranian Cheetah Society (ICS) and Plan for the Land (Conservation NGOs)

**Projektbeschreibung**

Von den acht existierenden Arten innerhalb der Familie der Equidae gilt eine Art als 'ausgestorben' (*Equus quagga*), eine zweite ist vor kurzem in der Wildnis ausgestorben (*E. ferus*) und vier weitere Arten, inklusive dem Asiatischen Wildesel sind als 'bedroht' eingestuft (IUCN, 2007).

Sowohl das Verbreitungsgebiet als auch die Anzahl der Asiatischen Wildesel (*Equus hemionus*) hat sich in den letzten Jahren konstant verringert. Waren dieselben früher von China bis zur Türkei und von Indien bis nach Kasachstan verbreitet, findet man diese Art heute nur noch in bestimmten Gebieten Chinas, Indiens, der Mongolei, Kasachstans, Turkmenistans und dem Iran. Als eine von sechs Unterarten des asiatischen Wildesels ist der Onager (*E.h.onager*) als vom Aussterben bedrohtes Taxon (CR, C1) eingestuft. Mit Ausnahme des Syrischen Wildesels (*E. h. hemippus*), welcher bereits ausgestorben ist, sind auch alle weiteren Unterarten als stark gefährdet eingestuft.

Im Iran leben die letzten Populationen der Onager in zwei verbliebenen Schutzgebieten (Bahram-e Goor und Touren). Über die Ökologie der verbliebenen Populationen ist allerdings kaum etwas bekannt. Die Populationsgröße der beiden bestehenden Populationen wird von DoE Mitarbeitern auf 200-300 Tiere geschätzt. Eines der Hauptaugenmerke hinsichtlich des Schutzes der Onager-Population in Bahram-e Goor P.A. liegt auf der saisonalen Emigration einer unbestimmten, aber beachtlichen Anzahl an Tieren. Sichtungen, sowie Berichte über tote Onager wurden im Nordosten (Shahrbabak-Ebene), Südosten (Nördlich von Hadjiabad), und Norden (Ghratapeh, Herat) von Bahram-e Goor P.A. dokumentiert. Das Schicksal der

Tiere ist ungewiss da nicht bekannt ist ob die Tiere während der Migration von Wilderern getötet werden oder ob sie in das Schutzgebiet zurückkehren. Aufgrund der einst weiten Verbreitung von Onager und Khulan könnte es während der saisonalen Migrationen der Populationen der beiden Unterarten zum Genaustausch zwischen den Populationen innerhalb und zwischen den Unterarten gekommen sein. Dementsprechend könnten genetische Studien Aufschluss über das Ausmaß des einstigen Genaustausches zwischen den verbliebenen Populationen geben.

Das Wissen über die Abundanz und das Verständnis der räumlichen und zeitlichen Formen der Habitatnutzung von Wildtieren bildet die Basis für adaptives Management derselben. Im Falle der Onager existieren vor allem Wissenslücken über Abundanz, Habitatbindung und die Wanderbewegungen in den beiden verbliebenen Habitaten im Iran. Diese Studie ist darauf ausgelegt, einige dieser grundlegenden Fragen zu beantworten.

Wie bereits beschrieben, sind die Populationen des Asiatischen Wildesels verstreut über Zentral-, Süd- und Südwestasien mit mehreren, nach morphologischen Aspekten unterschiedenen Unterarten, einschließlich *hemionus* in der Mongolei, *khur* in Indien und Pakistan, *kiang* in China, Tibet, Indien, Nepal und Sikkim, *kulan* in Turkmenistan und Kasachstan sowie *onager* im Iran (Groves 1974). Heutzutage stimmt man überein, dass diese Art an einem gravierenden Rückgang leidet und die meisten der Unterarten nur noch in Restpopulationen von wenigen hundert Tieren existieren (zB. Titan 2003). Im Gegensatz zu den klar unterschiedenen Pferdearten, sind deren Unterarten sowie deren evolutionäre Bedeutung noch unzulänglich beschrieben. Demzufolge ist die genetische Differenzierung der Unterarten von vorrangigem Interesse für den Artenschutz von Pferden und die praktische Relevanz für Schutzmaßnahmen von gefährdeten, fragmentierten Pferdepopulationen, wie zum Beispiel des Wildesels, im speziellen des *Equus hemionus onager* und *E. hemionus kulan* unbestritten.

Basierend auf Daten geographischer Verbreitung, Morphologie und Fellfarbe, sind *E. h. onager* und *E. h. kulan* derzeit als zwei separate Unterarten klassifiziert (Groves und Mazák 1967). Untersuchungen der genetischen Vielfalt innerhalb der Art haben aber gezeigt, dass sich diese zwei Unterarten erst vor kurzem herausgebildet haben und sich unter Umständen nicht ausreichend unterscheiden um als zwei separate Unterarten klassifiziert zu werden (Schreiber *et al.* 1996 und Oakenfull *et al.* 2000). Des Weiteren wird angedacht, dass es kürzlich erneut zu einem Genfluss zwischen *E. h. onager* und *E. h. kulan* gekommen sein könnte. Zwei weitere Studien über RAPD (random amplified polymorphic DNA) und über Unterschieden in der Schädelmorphologie fanden eine große Überlappung der Variationen von *kulan* und *onager* (Eisenmann und Shah 1996; Schreiber *et al.* 1996). Allerdings konnten weder die RAPD-Analysen (liefern keine Auskunft über die allelische Identität oder die Häufigkeiten in verschiedenen Populationen) noch die morphologischen Charakterisierungen zufriedenstellende Ergebnisse hinsichtlich der Evolution dieser Unterarten liefern. Dementsprechend ist die Klärung der Bedeutung der beiden Unterarten in der

Evolution unabdingbar für adäquate Schutzmaßnahmen und potentielle Zuchtprogramme in Gefangenschaft.

Neben anderen Bedrohungen für das Weiterbestehen der Onager (Tatin *et al.* 2003), könnte geographische Isolation die Ursache für den Verlust der genetischen Varianz in den zwei relativ kleinen verbliebenen Populationen und deren erhöhte Anfälligkeit für potenzielle Auswirkungen stochastischer Ereignisse wie Dürre oder Krankheit sein. Da bisher keine Studie die genetische Variation und Populationsstruktur dieser Populationen untersucht hat, ist das Ziel dieser Studie die Evaluierung der genetischen Variation sowie der Populationsstruktur der derzeit bestehenden Populationen der Onager. Zur Untersuchung der genetischen Vielfalt und der Populationsstruktur der beiden persischen Populationen wird eine Kombination der mitochondrialen DNA und variabler Marker der Mikrosatelliten verwendet. Des Weiteren wird anhand der genetischen Diversität erhoben, ob und zu welchem Grad eine Differenzierung zwischen Onager und Khulan besteht. Anhand dessen kann man auf einen eventuellen Genfluss zwischen den beiden Populationen rückschließen.

### **Untersuchungsgebiet**

Während der ersten Phase des Forschungsprojektes beschränken sich die Aktivitäten auf das Bahram-e Goor Schutzgebiet. Dieses Schutzgebiet befindet sich im südlichen Teil des Iranischen Plateaus (Breitengrad: 28° 53' bis 29° 44' und Längengrad: 48° 21' bis 49° 22'), umfasst ein Gebiet von 409397 ha und ist seit 1972 unter Schutz gestellt.

Bahram-e Goor hat temperiertes, trockenes Klima mit einer mittleren Jahrestemperatur von 15°C und einem durchschnittlichen Niederschlag von 150mm. Die Meereshöhe reicht von 1580 bis 2840 Metern. Die Vegetation setzt sich aus verschiedenen mehrjährigen Strauch- und Baumarten, wie zum Beispiel die Wildmandel *Amygdalus horrida* und die Atlantischen Terebinthe *Pistacia atlantica*, zusammen. Gefährdete Arten wie Wildesel, Indische Gazelle *Gazella bennettii*, Wildschaf *Ovis orientalis*, Bezoarziege *Capra aegagrus* und Kragentruppe *Chlamydotis maqueenii* sind ebenfalls im Forschungsgebiet vertreten.

### **Hauptziele der Studie**

- 1- Untersuchung der Wander- und Migrationsmuster der Onager in und außerhalb von Bahram-e Goor.
- 2- Bestimmung des Schicksals des Migrationsanteils der Population und im Falle von tot aufgefundenen Tieren die Klärung der Todesursache.
- 3- Bestimmung der Habitatnutzung und bevorzugter Aufenthaltsorte der Onager. In Folge Feststellung der für Onager wichtigen Habitatstrukturen und Aufenthaltsorte innerhalb des Forschungsgebietes.
- 4- Beurteilung von Abundanz und Demographie der Onager in Bahram-e Goor und Touran.
- 5- Vergleich des genetischen Status der Onager in Bahram-e Goor mit denen in Touran und mit Kulanen in Turkmenistan.

- 6- Untersuchung des Ausmaßes des Genflusses zwischen Khulan und Onager.
- 7- Bestimmung der Hauptgefährdungen für das zukünftige Fortbestehen der Onager in Bahram-e Goor und Bereitstellung grundlegender Daten für das Fortbestehen der Population.

### **Nebenziele**

- 1- Vergleich unabhängiger Methoden für die Beurteilung von Abundanz und Habitatnutzung anhand der Analyse unterschiedlicher Strukturen.

### **Methodik**

Für das Projekt veranschlagen wir eine Laufzeit von zwei Jahren.

Zehn Onager (vorzugsweise fünf weibliche und fünf männliche) werden in Bahram-e Goor P.A. gefangen und mit GPS-Satellitentransmittern besendet. Alle Sender basieren auf GPS, allerdings sind 6-8 der Halsbänder vom Typ 'store on board' (GPS-SOB) und 2-4 werden gekoppelt mit Datenübertragung durch Satelliten, ARGOS-GPS. Die Sender mit Satellitenübertragung werden Echtzeitdaten übertragen und ermöglichen somit eine tatsächliche Überwachung der Tiere. Das Abrufen der Daten der Sender vom Typ GPS-SOB erfolgt periodisch oder wenn das Telemetrie-Halsband geborgen wird. Durch Verwendung einer zeitverzögerten 'Abwurf-Einrichtung' wird es möglich sein, die Halsbänder zu einem festgelegten Zeitpunkt zu bergen.

Zur Untersuchung der genetischen Vielfalt und der Struktur der beiden Populationen wird eine Kombination von mitochondrialer DNA und Markern von Mikrosatelliten gewählt. Zwei mtDNA Gene und 12S rRNA wurden bereits zur Bestimmung der genetischen Diversität innerhalb und zwischen verschiedenen Pferdearten angewandt. Die Kontrollregion der mtDNA von Säugern ist bekannt dafür sich schnell zu entwickeln und ist bewiesenermaßen gut anwendbar für Untersuchungen bei nahe verwandten Pferden (Ishida et al. 1995; Oakenfull *et al.* 2000). Mikrosatelliten wurden erfolgreich bei der Bestimmung der genetischen Distanz nahverwandter Populationen angewendet (Takezaki und Nei 1996). Die hohe Genauigkeit der einfachen Typisierung zusammen mit dem hohen Grad an Polymorphismen und der Streuung im Genom, machen Mikrosatelliten-Loci zu einer potentiellen Quelle für Informationen über die Bestandsentwicklung und evolutionäre Prozesse. Diese Marker wurden demzufolge gewählt um die Klärung der Fragen hinsichtlich des Schutzes von *Onager* und *Kulan* zu ermöglichen.

Proben für DNA-Analysen können auf verschiedenste Arten gesammelt werden. Haarwurzeln, getrocknete Haut und Kotproben sind potentielle Quellen für DNA und können leicht in trockenem Zustand zum Labor transportiert werden. Frische Gewebeproben können von gefangenen Tieren erworben und in Alkohol konserviert werden.

Für die Erstanalysen der Populationen wird die Kontrollregion amplifiziert und unter der Verwendung von den Primern L15926 und H16498, nach dem Protokoll von Oakenfull *et al.* (2000), sequenziert. Die Anzahl und Vielfalt der Haplotypen, die Diversität der Nukleotide und intraspezifische Divergenzen in der Sequenz werden untersucht. Die Daten werden mit Programmen wie ARLEQUIN und STRUCTURE auf die vorhandene genetische Struktur getestet. Dieser Teil der Studie kann im Iran durchgeführt werden.

Eine Gruppe von 7 bis 10 Mikrosatelliten-Loci wird auf der Grundlage ihrer Polymorphismen (Krüger *et al.* 2005) gewählt um weitere Untersuchungen bezüglich der genetischen Diversität und der Differenzierung der Populationen durchzuführen. Die tatsächliche und erwartete Heterozygotie werden für jede Population, unter Verwendung von Programmen wie POPGENE, berechnet. Allelische Vielfalt (durchschnittliche Anzahl der Allele pro Locus), allelischer Reichtum (allelische Vielfalt korrigiert für die Stichprobengröße) und Grad der Inzucht ( $F_{IS}$ ) werden für alle Populationen bestimmt. Um die Unterschiede in der genetischen Variabilität zwischen den Populationen zu ermitteln, wird eine hierarchische Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) verwendet und paarweise Schätzungen der  $F_{ST}$  zwischen den Populationen verglichen. Da die Verwendung von Mikrosatelliten eine bestimmte Laborausstattung voraussetzt, ist unsere Überlegung diese Analysen in Österreich durchzuführen.

Um die Habitats nach Typ und Struktur zu definieren werden die Pflanzengesellschaften und Typen bestimmt und kartiert. Die Abgrenzung der Habitattypen wird durch verschiedene Fernerkundungsmethoden erweitert. Sämtliche Daten werden im GIS zusammengeführt.

Standardisierte, permanente Untersuchungsflächen werden in den verschiedenen Habitattypen angelegt. Alle existierenden Losungshaufen werden von den Untersuchungsflächen als Vorbereitung der saisonalen Losungszählungen entfernt. In Folge werden alle drei Monate die akkumulierten Losungen gezählt und von den Untersuchungsflächen entfernt. Die erhobenen Daten dienen dann als Basis für die Analyse des Musters der Lebensraumnutzung. Zur Bestimmung der Habitatbindung werden weitere, mit den Untersuchungsflächen verbundene, Habitat-Variablen auf die Dichten der Losungshaufen mit GLMs bezogen. Zusätzliche Techniken der Verhaltensbeobachtung werden neben den Losungszählungen verwendet um die Habitatnutzung der Onager zu quantifizieren, so unter anderem Bestandserhebungen bei Tageslicht und nachts (Scheinwerfertextation) und die Applikation der über Satelliten erhobenen Daten von den besenderten Tieren der Population.

Die Populationsdichte wird anhand von Streifentaxation und über die Losungszählungen erhoben. Um über die Losungsdichte auf die Individuendichte rückschließen zu können, wird die tägliche Defäkationsrate der Onager benötigt. Diese kann in einer separaten Studie in der Yazd Provinz, wo Onagers in Gefangenschaft gehalten werden, ermittelt werden.

Sowohl natürliche als auch vom Menschen ausgehende Bedrohungen für das Überleben der Onager werden anhand gesammelter Daten von

Naturkatastrophen, sozioökonomischen Beziehungen und Landnutzungsformen der ländlichen Bevölkerung eingeschätzt. Ein Ansatz für eine schnelle Beurteilung der örtlichen Gegebenheiten ('rapid rural assessment' - RRA) wird für diese Studien angestrengt.

## Zeitplan:

Jede Nummer steht für eine Periode von drei Monaten

Aktivität	Laufzeit									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Vorstudie und Installation der GPS- Transmitter	x									
Fang und Besenderung der Onager		x								
Vegetationserhebung		x	x							
Etablierung von konstanten Untersuchungsgebieten		x								
Losungszählungen			x	x	x	x				
Aufnahme der Tagesaktivität der Onager anhand direkter Verhaltensbeobachtung			x	x	x	x				
Genetische Studien				x	x	x	x			
Dokumentation des Gefahrenpotentials				x	x	x	x			
Datenanalyse und Berichterstellung								x	x	x

## Kostenaufstellung:

	Anzahl	DOE	Isfahan Univ. Techno.	Vet. Med. Univ. Wien	EEP/EAZA
Halsbandsender	10 / 2J			40,000	
Software	1/ 2J			2000	
Fang-Material	1/2J			4000	
Telemetrie-Material					2500
Reisekosten (Int.)	3 Flüge/J				3000
Reisekosten (lokal)		x	x		
Kost und Logie		x	x		
Fahrzeuganmietung (lokal)		x	x		
Treibstoff / Erhaltungskosten		x	x		
Personalkosten	2 /Jahr	x	x		x
Gemeinnützige Arbeit		x	x		x
Kosten - Genetik		x	x	?	



Verschiedenes					
---------------	--	--	--	--	--

## Referenzen

Eisenmann V, Shah N (1996) Some craniological observations on the Iranian, Transcaspian, Mongolian and Indian hemionines. In: *EEP Yearbook 1995/96* (eds. Rietkerk F, Brouwer K, Smits S), pp. 396–399. EAZA Executive Office, Amsterdam.

Groves, C.P. (1974). *Horses, Asses and Zebras in the Wild*. Ralph Curtiss Books. Hollywood, Fla.

Groves C.P, Mazák V (1967) On some taxonomic problems of Asiatic wild asses; with the description of a new subspecies (Perissodactyla; Equidae). *Z. Säugetierkunde.*, **32**, 321–355.

Ishida, N., Oyunsuren, T., Mashima, S., Mukoyama, H. and Saitou, N. 1995. Mitochondrial DNA sequences of various species of the genus *Equus* with special reference to the phylogenetic relationship between Przewalski's wild horse and domestic horse. *Journal of Molecular Evolution*, 41, 180–188.

Krüger K, Gaillard C, Stranzinger G and Rieder, S (2005) Phylogenetic analysis and species allocation of individual equids using microsatellite data, *Anim Breed Genet*, 1:78-86

Oakenfull E. A, Lim HN, Ryder OA (2000) A survey of equid mitochondrial DNA: implications for the evolution, genetic diversity and conservation of equids. *Conservation Genetics* 1: 341-355.

Schreiber A, Fakler P, Zimmermann W (1996) Onager and kulan: efforts to resolve a 'subspecies problem'. In: *EEP Yearbook 1995/96* (eds. Rietkerk F, Brouwer K, Smits S), pp. 400–402. EAZA Executive Office, Amsterdam.

Takezaki N and Nei M, 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics* 144:389–399.

Tatin L. Darreh-Shoori B. F., Tourenq C and Azmayesh B (2003) The last populations of the Critically Endangered onager *Equus hemionus onager* in Iran: urgent requirements for protection and study, *Oryx* 37: 488-491

**Für weitere Informationen kontaktieren Sie:**

**Univ. Prof. Dr. Chris Walzer**

**Forschungsinstitut für Wildtierkunde und Ökologie**

**Veterinärmedizinische Universität Wien**

**Savoyenstrasse 1; 1160 Wien; Austria**

**Tel. +43 664 1054967**

**Email: [chwalzer@eunet.at](mailto:chwalzer@eunet.at)**

**Für weitere Informationen bezüglich der Arbeiten über Przewalskipferde  
und Wildesel siehe:**

**[www.takhi.org](http://www.takhi.org)**

**[www.wildvet.at](http://www.wildvet.at)**

**[www.khulan.eu](http://www.khulan.eu)**