



# Pressemitteilung

## Riesenhirsche lebten nach der Eiszeit noch in Süddeutschland

**Tübinger Forscher rekonstruieren DNA des Megaloceros aus Höhlenfunden der Schwäbischen Alb und finden mögliche Ursachen für sein späteres Aussterben**

**Dr. Karl Guido Rijkhoek**  
Leiter

**Janna Eberhardt**  
Forschungsredakteurin

Telefon +49 7071 29-76788  
+49 7071 29-77853

Telefax +49 7071 29-5566  
karl.rijkhoek[at]uni-tuebingen.de  
janna.eberhardt[at]uni-tuebingen.de

[www.uni-tuebingen.de/aktuell](http://www.uni-tuebingen.de/aktuell)

Tübingen, den 08.06.2015

Das große Massensterben am Ende der letzten Eiszeit führte zum Verschwinden vieler Tierarten, darunter das Mammut, das Wollnashorn, die Höhlenbären und der bis zu 1,5 Tonnen schwere Megaloceros, auch Riesenhirsch oder Irischer Elch genannt. Die genauen Gründe für das Aussterben vieler Arten sind ungeklärt, wahrscheinlich ist dafür eine Kombination aus dem Klimawandel und der Bejagung durch den Menschen verantwortlich. Einige Tierarten überdauerten jedoch das Ende der letzten großen Kaltzeit etwas länger als andere. Zu diesen gehört der Riesenhirsch, der während der Eiszeit große Teile Eurasiens besiedelte. Er war auch nach der Eiszeit noch in Teilen Nordwesteuropas zu finden, bevor er vor rund 7.000 Jahren endgültig von der Bildfläche verschwand. Forschern der Universität Tübingen gelang es nun, mitochondriale Genome (mtDNA) aus 12.000 Jahre alten Hirschknochen von der Schwäbischen Alb zu isolieren und dadurch Details zu ihrer Verbreitung im Süden Deutschlands zu klären.

Die untersuchten Hirschknochen konnten bei Ausgrabungen in den Höhlen Hohle Fels und Hohlenstein-Stadel auf der Schwäbischen Alb geborgen werden. Der Riesenhirsch galt in dieser Gegend sowie in ganz Zentraleuropa seit dem Höhepunkt der letzten großen Kaltzeit vor 20.000 Jahren als ausgestorben. Wissenschaftler hielten die Funde zunächst für Elchknochen, da Elche zu der Zeit in Süddeutschland weit verbreitet waren. Die Rekonstruktion der mitochondrialen Genome durch das Forscherteam unter der Leitung von Johannes Krause vom Institut für Naturwissenschaftliche Archäologie und die anschließende genetische Analyse der DNA zeigten jedoch, dass es sich bei den Funden um Knochen der Riesenhirschart *Megaloceros giganteus* handelt. „Es ist nicht leicht, Elch und Riesenhirsch anhand der Form kleiner Knochenfragmente zu unterscheiden. Es könnte durchaus noch mehr Knochen geben, die bis-

her dem Elch zugeordnet wurden, aber vom Riesenhirsch stammen“, sagt Johannes Krause.

Weiterhin kamen bisherige Studien zu keinem klaren Ergebnis, mit welchen heutigen Hirschen der Riesenhirsch am engsten verwandt war. Die Tübinger Forscher erstellten einen Datensatz aus der DNA 44 moderner Hirsche und der beiden späteiszeitlichen Riesenhirsche, um daraus einen Stammbaum zu rekonstruieren. Dabei erwies sich der Damhirsch als der engste lebende Verwandte des Riesenhirsches. Diese Spezies ist in Vorderasien heimisch und wurde in Europa erst zu Zeiten des Absolutismus im 17. Jahrhundert als Jagdwild eingeführt. „Anhand des Körperbaus wurde spekuliert, ob der Rothirsch am nächsten mit dem Riesenhirsch verwandt sei, dies können wir in unserer Studie klar widerlegen“, sagt Alexander Immel aus der Arbeitsgruppe Krause.

Die Forscher untersuchten zusätzlich die Verhältnisse der stabilen Isotope des Kollagens, einem Strukturprotein, das einen wesentlichen Bestandteil der Knochen bildet. Sie verglichen die Kohlenstoff-13- und Stickstoff-15-Werte der Riesenhirschknochen aus den schwäbischen Höhlen mit denen von Rothirschen, weiteren Riesenhirschen und Rentieren, die zum Beginn und zum Ende der letzten Kaltzeit lebten. „Vor der letzten Kaltzeit unterschieden sich die Werte von allen drei Arten, danach zeigte sich eine klare Übereinstimmung – das deutet auf einen kleiner werdenden Lebensraum hin oder auf eine sich überschneidende Ernährungsweise der Hirscharten“, meint Dorothee Drucker aus der Biogeologie, die das Kollagen untersuchte.

Die Forscher spekulieren, dass sich die Riesenhirsche nach der letzten Kaltzeit den Lebensraum und die Nahrung mit anderen Hirscharten teilen mussten. Zudem war ihr bis zu 3,40 Meter spannendes Geweih wenig geeignet für das Leben im zunehmend bewaldeten Europa. Wahrscheinlich setzten dem Riesenhirsch die Konkurrenz mit anderen Arten sowie eine mögliche Überjagung durch Menschen zu, was letztlich zum Aussterben dieser imposanten Hirsche führte.



(A) Schienbeinfragment eines Riesenhirschs aus der Höhle Hohlenstein-Stadel nahe Asselfingen. Foto: Tina K. Jahnke



(B) Fragment eines Mittelfußknochens von einem Riesenhirsch aus der Höhle Hohle Fels nahe Schelklingen. Foto: Susanne C. Münzel



(C) Vergleich der Schienbeine eines Elchs (unten), eines Riesenhirschs (Mitte) und des Riesenhirsch-Schienbeinfragments (oben) aus der Hohlenstein-Stadel-Höhle. Foto: Alexander Immel (D) Riesenhirschskelett. Foto: Cosimo Posth

**Originalpublikation:**

Alexander Immel, Dorothée G. Drucker, Marion Bonazzi, Tina K. Jahnke, Susanne C. Münzel, Verena J. Schuenemann, Alexander Herbig, Claus-Joachim Kind, und Johannes Krause: Mitochondrial Genomes of Giant Deers Suggest their Late Survival in Central Europe. *Scientific Reports*, srep10853, 8. Juni 2015, <http://www.nature.com/scientificreports>.

**Kontakt:**

Prof. Dr. Johannes Krause  
Universität Tübingen  
Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät  
Institut für Naturwissenschaftliche Archäologie (INA)  
Telefon +49 7071 29-74089  
[johannes.krause\[at\]uni-tuebingen.de](mailto:johannes.krause[at]uni-tuebingen.de)

Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte  
Kahlaische Str. 10  
07745 Jena  
Telefon +49 3641 686-600