

Genetische Vielfalt und Naturschutz

Carolin BENDER

Einleitung

Die gravierenden Veränderungen in den Naturhaushalt durch menschlichen Eingriffe haben weitreichende Auswirkungen, die zu Habitatreduktion und -vernichtung, Verschlechterung der Habitatqualität oder zur Fragmentierung von Lebensräumen führen (z.B. WILCOVE et al. 1986). Der moderne Naturschutz benötigt Konzepte zur effektiven und nachhaltigen Sicherung von Biotopen und deren Tier- und Pflanzenarten. Dabei liegt ein besonderer Schwerpunkt auf dem Erhalt von Überlebensräumen gefährdeter und vom Aussterben bedrohter Arten.

In Deutschland besteht die derzeitige Praxis des Naturschutzes darin, z.B. durch Ausweisung von Schutzgebieten, Durchführung von Renaturierungen und Managementplänen, dieser Entwicklung entgegenzuwirken. Die Ziele des Naturschutzes stehen jedoch in Konkurrenz mit anderen öffentlichen Planungen (z.B. Straßenverkehr, Siedlungsentwicklung, Energie-Infrastruktur), deshalb ist die Naturschutzplanung gezwungen, schneller und effektiver zu handeln sowie schlagkräftige Argumente vorzubringen.

Ein praktikables und erfolgreiches Verfahren sind neben einer klaren Zielformulierung vor allem die Einbeziehung von Gefährdungsanalysen, die eine Prognose für den Erfolg, bzw. Mißerfolg der Maßnahme erlauben (z.B. HOVESTADT et al. 1991; MÜHLENBERG & HOVESTADT 1991). Insbesondere Populationsgefährdungsanalysen (PVA, *population vulnerability analysis*, GILPIN & SOULÉ 1986) bieten sich als objektive Prognoseverfahren an (siehe KAULE & HENLE 1991). Dafür werden in den meisten Fällen genauere Grundlagenkenntnisse über Populationsbiologie und -strukturen bedrohter Tier- und Pflanzenarten benötigt (MÜHLENBERG & HOVESTADT 1991).

Die genetische Vielfalt repräsentiert in diesem Zusammenhang das evolutionäre Potential einer Art und stellt die wesentliche Voraussetzung für die Anpassung von Tier- und Pflanzenpopulationen an sich ändernde Umweltbedingungen dar (z.B. MAYR 1963; LEWONTIN et al. 1981; TEMPLETON et al. 1990).

Die Zielsetzung naturschutzorientierter Konzeptionen muß daher auf den Erhalt möglichst großer genetischer Vielfalt zielen. Über den Schutz aktuell bedrohter Einzelbestände hinaus ist die langfristige Sicherung vernetzter Populationen erforderlich, die auf Metapopulationsebene demographische und genetische Vielfalt repräsentieren (HALLE 1996). Der Status quo in der Naturschutzforschung ist jedoch, daß bei den meisten Arten i.d.R. keine

Informationen über die Populationsstrukturen vorliegen, so daß die Auswirkungen von zunehmender Fragmentierung und Habitaterstörung auf eine übergeordnete Metapopulationsstruktur unbekannt sind (vgl. STORCH & SCHRÖDER 1996; SETTELE et al. 1996a). Damit steht der Naturschutz im Extremfall vor dem Problem, eine Vielzahl kleiner, verstreuter Populationen erhalten zu müssen.

Die Konzeption konkreter Schutzmaßnahmen erfordert grundlegende Kenntnisse über folgende Parameter:

- notwendige Populationsgrößen, um langfristiges Überleben zu sichern (Untersuchungen zur Demographie, wie Paarungssystem, Altersstruktur, natürliche Fluktuationen usw.),
- genetische Vielfalt (genetische Struktur von Populationen, Genflußraten zwischen Populationen),
- notwendige Flächengrößen der Biotope (Flächenbedarf von Individuen, bzw. Populationen; Bedeutung von Habitatqualität).

Im Rahmen von Populationsgefährdungsanalysen ermöglichen weder Populationsökologie, noch Populationsgenetik alleine umfassende Analysen. Erst die Kombination von Daten zur Populationsökologie, Populationsgenetik und Habitatgröße kann zu einem effektiven Schutz führen, wie z.B. bei der Umsetzung in Schutzstrategien (wie Größe und Anzahl von Schutzgebieten, Korridoren und Trittsteinbiotopen).

In Deutschland wurde 1993 ein Verbundprojekt des Bundesministeriums für Bildung und Forschung begonnen, das anhand ausgewählter Tier- und Pflanzenarten die Bedeutung von Isolation, Flächenbedarf und Biotopqualität für das Überleben in der Kulturlandschaft, am Beispiel von Trockenbiotopen untersucht (FIFB 1993; siehe SETTELE et al. 1996b). Im folgenden wird an zwei Fallbeispielen der Einfluß ökologischer und genetischer Populationsparameter vorgestellt und die sich aus den jeweiligen Basisdaten ergebenden Konsequenzen für die Konzeption von Schutzplanungen aufgezeigt.

Fallbeispiel: Zwergheideschnecke (*Trochoidea geyeri*)

Die Zwergheideschnecke, *Trochoidea geyeri*, (Helicidae, U.Fam. Helicellinae) bevorzugt kalkige Trockenstandorte wie Trockenrasen mit spärlicher Vegetation. Dieser Habitattyp wurde in Deutschland hauptsächlich durch landwirtschaftliche Nutzung geschaffen und erhalten, z.B. durch extensive Schafbeweidung und Weinanbau. Der Nutzungswandel der Landwirtschaft in den letzten Jahrzehnten führte entweder zur Aufgabe dieser

Flächen oder zur Umwandlung in intensiv genutzte Monokulturen (BAHL et al. 1996). Dadurch reduzierte sich Anzahl und Größe geeigneter Habitate, was dazu beigetragen hat, daß die Zwergheideschnecke heute selten ist und in einigen Bundesländern als ausgestorben aufgeführt wird. Die Art hat einen einjährigen Lebenszyklus mit der Eiablage im Frühjahr. Adulte Schnecken sterben im Laufe des Sommers und im Herbst erfolgt die Paarung der im Sommer geschlüpften Jungtiere.

Die Studien von PFENNINGER & BAHL (1997) sowie PFENNINGER et al. (1996, 1997) umfassen ökologische und genetische Untersuchungen an verschiedenen Standorten der Zwergheideschnecke. Im folgenden werden einzelne Aspekte der Untersuchungen der Schneckenpopulation eines alten, nicht mehr bewirtschafteten Weinbergs im oberen Kinzigtal (bei Schlüchtern, Hessen) sowie einer Population auf dem Montagne de Luberon (Trockenrasen mit Schafbeweidung; Provence, Frankreich) angeführt.

Die Größe der Flächen sowie die Populationsdichten von *T. geyeri* waren an beiden Standorten identisch (40.000 m², Dichte 6,89, 3,89 Ind./m²; nach PFENNINGER et al. 1996). Innerhalb der Populationen wurden an verschiedenen Sammelpunkten (Abstand 15 m) Individuen entnommen. Über eine Computersimulation wurde ein Dispersionspotential von 2,9-3,2 m über die gesamte Lebenszeit abgeschätzt. Dies weist darauf hin, daß für die untersuchten Populationen zufällige Paarung nicht anzunehmen ist, da die Fläche des Habitats um ein Vielfaches größer ist als die größtmögliche individuelle Dispersionsdistanz. Aus diesem Grund wurde das Neighbourhood-Konzept (WRIGHT 1946) zur Beschreibung der Populationsstruktur eingesetzt. Dieses Konzept beschreibt eine Population, bei der innerhalb eines Standortes die Wahrscheinlichkeit der Reproduktion von Individuen mit zunehmender Distanz kleiner wird und die dadurch räumlich strukturiert ist (SLATKIN 1993). Die Größe der Neighbourhoods wurde im Falle von *T. geyeri* auf 13-21 m² berechnet.

Die genetischen Unterschiede nahmen mit zunehmender geographischer Distanz innerhalb der Population in Deutschland signifikant zu (PFENNINGER et al. 1996). Die Population in Deutschland weist eine heterogene genetische Struktur auf, im Einzelnen unterscheiden sich hier die Tiere aus den verschiedenen Sammelpunkten sehr deutlich. Die Schnecken aus dem gleichen Sammelpunkt sind sich allerdings relativ ähnlich. In der französischen Population (Luberon) ist die Struktur dagegen völlig verschieden. Hier konnte man innerhalb der Sammelpunkte eine viel größere individuelle Variation nachweisen, zudem sind die genetischen Unterschiede zwischen den Sammelpunkten viel geringer als bei der deutschen Population.

Für die homogenere genetische Struktur der Schnecken aus Frankreich werden verschiedene Faktoren für eine zufällige Verdriftung und eine größere Durchmischung der Population diskutiert. Insbesondere wird von den Autoren ein passiver Transport der Schnecken durch Schafe vermutet (s.o., FISCHER et al. 1996). In beiden Populationen (Frankreich, Deutschland) konnten zwei völlig

verschiedene genetische Populationsstrukturen aufgedeckt werden. Ökologische Untersuchungen im Freiland erbrachten dagegen keine Hinweise auf unterschiedliche Strukturen.

Desweiteren wurde der Einfluß der Habitatgröße auf die Überlebenswahrscheinlichkeit von räumlich stark strukturierten Populationen analysiert. Es zeigte sich, daß die mittlere Überlebenszeit eher von der zugrundeliegenden Neighbourhood-Größe (also der Populationsdichte), als von der Gesamtfläche des Habitats abhängig ist.

Im Fall der Zwergheideschnecke ist für den Naturschutz von Relevanz, daß das Vorkommen dieser Art primär von einer guten Habitatqualität abhängig ist (PFENNINGER & BAHL 1997). Da *T. geyeri* aufgrund ihrer niedrigen Mobilität keine Möglichkeit hat, schnell in angrenzende gute Habitate abzuwandern, sind schnelle Habitatdynamiken für ihr Überleben gefährlich. Bei Arten mit vergleichbar niedrigem Dispersionspotential ist es von vorrangiger Bedeutung, die Habitatqualität zu erhalten und Vernetzung mit anderen geeigneten Habitaten durch Vektoren, wie z.B. Schafe, sicherzustellen.

Fallbeispiel: Mauereidechse (*Podarcis muralis*)

Die Mauereidechse, *Podarcis muralis* (Lacertidae), ist mediterranen Ursprungs und erreicht in Deutschland ihre nördliche Verbreitungsgrenze. Als xerotherme Art besiedelt sie trockene, warme Standorte, wie Geröllhalden, Felsen und Kiesbänke von Flüssen (GRUSCHWITZ & BÖHME 1986). In Deutschland war in den letzten Jahrhunderten eine Ausweitung der Weinanbaugebiete mit Trockensteinmauern und vielen Kleinstrukturen zu verzeichnen. Dadurch wurde die Verbreitung der Mauereidechse, die vorhandene Trockenmauern und deren Umfeld als Habitat nutzt, begünstigt (JÄTZOLD 1990; KONOLD 1980). Im 19ten Jahrhundert setzte eine massive Regulierung des Rheins ein, wodurch in der Folge viele natürliche Habitate zerstört wurden. Beginnend mit den 30er Jahren unseres Jahrhunderts bis heute wurden in den Weinanbaugebieten einschneidende Umstrukturierungen in Form von Flurbereinigungen durchgeführt, die zu einer starken Reduktion der typischen Trockenmauer-Habitate und damit auch der Mauereidechse führten (BLAB et al. 1994; KONOLD 1980; LICHT & BERNERT 1987). In den meisten Ländern Zentraleuropas sowie in einigen deutschen Bundesländern wird *P. muralis* daher heute als gefährdete oder vom Aussterben bedrohte Art eingestuft (BLAB et al. 1994; HONEGGER 1981).

Adulte Mauereidechsen haben eine maximale Lebensdauer von 12 Jahren und weisen ein ausgeprägtes Territorialverhalten auf, wobei die Größe ihrer Reviere zwischen 6 - 52 m² liegt (z.B. BOAG 1973; STRIJBOSCH et al. 1980).

Die Studien an *P. muralis* umfassen ökologische und genetische Untersuchungen an verschiedenen Standorten in Deutschland (BENDER 1995; BENDER et al. 1996). In der Untersuchungsregion variieren die Populationsgrößen der Mauereidechse zwischen 10 - 20 bis zu mehreren 1000 Individuen in wenigen großen Populationen. Eine isolierte Po-

pulation in der Nähe der Stadt Heilbronn (Baden-Württemberg) wurde als Hauptuntersuchungsgebiet ausgewählt, da hier wenige Jahre zuvor eine Flurbereinigung (1986/87) durchgeführt worden war. Vor der anstehenden Flurbereinigung wurden an einer alten Trockensteinmauer 120 Eidechsen abgefangen, die später in neu erbaute Trockenmauern eingesetzt wurden (als Ausgleichsmaßnahme; EHRL & WOLF 1987). In den folgenden Jahren 1988 bis 1990 wurden einmal jährlich Erfolgskontrollen durchgeführt (HENLE et al. 1990). Ab 1991 bis 1996 wurden jährlich zwei Populationsschätzungen durchgeführt (siehe BENDER et al. 1996). In der Abbildung 1 ist der Verlauf der Populationsentwicklung im Untersuchungszeitraum dargestellt. Nach dem Zusammenbruch der Population auf 32 Individuen (29–33, 90% Vertrauensbereich) im Jahre 1990, folgte ein langsamer Anstieg bis zu dem Spitzenwert von 154 Tieren im Herbst 1994.

Die Populationsgrößen-Schätzungen und Freilandbeobachtungen der Jahre 1990 bis 1992 bildeten, ergänzt durch Literaturangaben, die Basis zur Entwicklung eines Simulationsmodells, um eine PVA durchzuführen (HILDENBRANDT et al. 1995). Durch die Weiterführung der Freilandarbeiten in den folgenden Jahren 1993–1996 ergab sich die Möglichkeit, das Modell mit den Ergebnissen der Populationsschätzungen der Jahre 1993 bis 1996 zu testen (BENDER et al. 1996; HENLE et al. in Vorb.). Dabei stellte sich heraus, daß im Freiland eine größere Anzahl an Tieren nachgewiesen werden konnte, als das Modell vorausgesagt hatte. Eine Überprüfung der in das Modell eingegangenen Parameter ergab, daß ab dem Jahr 1993 in der direkten Umgebung der neuen Mauern eine Änderung der Bodenbearbeitung in den Rebflächen durchgeführt wurde. Die direkte Folge für die Eidechsenpopulation war, daß nun zusätzliche Habitatfläche als Jagdrevier und Ausweichmöglichkeit (für subadulte und juvenile Tiere) zur Verfügung

stand. Die PVA erbrachte detaillierte Prognosen für die durchschnittliche Überlebenswahrscheinlichkeit der Population (BENDER et al. 1996). Vor der Nutzungsänderung betrug die durchschnittliche Überlebenswahrscheinlichkeit nur 40 Jahre, danach erhöhte sie sich durch die zusätzliche Habitatfläche auf 444 Jahre. Ein weiteres Resultat war, daß sich das Aussterberisiko für diese Population erniedrigte. Im ersten Modell wurde es nach nur 100 Jahren auf 99% berechnet, durch die zusätzliche Habitatfläche sank das Aussterberisiko auf 20%. Mit dem erweiterten Modell wurden im folgenden verschiedene Managementstrategien geprüft, um anwendungsorientierte Empfehlungen abzugeben. Zur Verbesserung der Situation wurde in Betracht gezogen, die Gesamtfläche des Habitats zu verdoppeln, damit folgte eine Erhöhung der Überlebenszeit auf 4200 Jahre sowie einer Reduktion des Aussterberisikos auf 0,5%. Eine alternative Vorgehensweise in Form einer Bestandsstützung durch Einsetzen von Tieren, bzw. Immigration über Korridore oder Trittsteinbiotope, resultiert in der Zunahme der durchschnittlichen Überlebenszeit etwa um den Faktor 4 und einem Aussterberisiko von 5% (HENLE et al. in Vorb.).

An insgesamt fünf räumlich getrennten Populationen wurde die genetische Variation untersucht (BENDER 1995). Die Populationen unterscheiden sich in Größe sowie Dichte und sind an verschiedenen Standorten lokalisiert. Eine Analyse der Populationen führte zu dem Ergebnis, daß 85% der genetischen Variation innerhalb der Populationen nachzuweisen ist und etwa 15% auf Unterschiede zwischen den Populationen zurückzuführen ist (BENDER et al. 1996). Die genetische Variation zwischen den Populationen ist nicht mit den geographischen Distanzen korreliert, d.h. mit zunehmender Entfernung wurden keine größeren genetischen Distanzen nachgewiesen (BENDER et al., in Vorb.). Auch die unterschiedlichen Populationsgrößen und -dichten haben keinen nachweisbaren

Populationsgrößen 1987-96

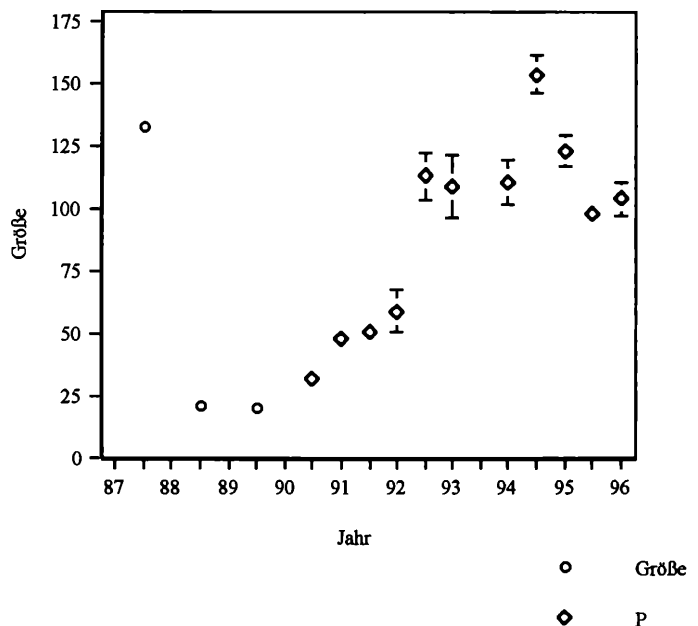


Abbildung 1

Die Punkte stehen für nachgewiesene Tiere in den Jahren 1987 bis 1989. Quadrate symbolisieren Populationsschätzungen mit 90% Vertrauensbereichen der Jahre 1990 bis 1996 (basierend auf Fang/Wiederfangfrequenzen; BENDER et al. 1996).

Einfluß auf die genetische Variation (Größenspanne: ca. 50 - 7500 Indiv.; Dichten: 18 - 103 Indiv./100m, siehe BENDER et al. 1996).

Eine mögliche Erklärung liegt im geschichtlichen Hintergrund der Mauereidechsen-Populationen in Deutschland. Mit den rapiden Landschaftsveränderungen, von Anfang der 30er Jahre bis heute, wurde die Zahl und Größe der Mauereidechsen-Habitate kontinuierlich reduziert. Allerdings entspricht die Zeitspanne von ca. 70 Jahren gerade 15 - 25 Eidechsen-Generationen. Dieser kurze Zeitraum war für die vorliegenden Untersuchungen nicht ausreichend, um eine Abnahme der genetischen Variation bei kleinen Populationen der Mauereidechse nachzuweisen.

Für den Naturschutz bedeutet das, daß Ausgleichsmaßnahmen (wie Bestandsstützungen oder Wiederansiedlung) nahezu unabhängig von der regionalen Herkunft der Tiere erfolgen können. Die Überlebensfähigkeit der rezenten *Podarcis muralis*-Populationen wird nicht primär durch deren genetische Variabilität beeinflusst, d.h. in näherer Zukunft werden kleine Populationen wahrscheinlich nicht aus genetischen Gründen aussterben, sondern eher aus demographischen oder stochastischen Gründen (z.B. untypische Altersstruktur, harte Winter, schlechte Reproduktion). Die Untersuchungen demonstrieren, daß der Erfolg von Ausgleichsmaßnahmen durch Populationsgefährdungsanalysen überprüfbar ist (Simulationsmodell). Darüberhinaus wird deutlich, welcher große Stellenwert Langzeituntersuchungen zukommt, wenn möglichst differenzierte Zukunftsprognosen für den Naturschutz erzielt werden sollen. Primäre Ursache für den Bestandsrückgang bei *Podarcis muralis* ist die völlige Zerstörung bzw. Reduktion geeigneter Habitate. Deshalb sollte für den Artenschutz die Sicherung großer Habitatflächen mit guter bis sehr guter Habitatqualität sowie der Erhalt bzw. die Schaffung von Trittsteinen zu anderen Populationen (um Wiederbesiedlung zu ermöglichen) im Vordergrund stehen.

Fazit

Die vorliegende Übersicht hat zum Ziel, die Bedeutung populationsgenetischer Untersuchungen für die Erstellung moderner Naturschutz-Konzepte hervorzuheben. Ausschlaggebend für einen effektiven Arten- und Biotopschutz sind grundlegende Kenntnisse der ökologischen Verknüpfungen der betreffenden Organismen. Nur so können die Auswirkungen von Landschaftsfragmentierung auf Populationsstrukturen und Artenvielfalt vorausgesagt und negative Einflüsse gegebenenfalls abgemildert werden. Populationsgefährdungsanalysen sind hier eines der wesentlichen Hilfsmittel zur Beurteilung der Überlebenswahrscheinlichkeit von Populationen unter den gegebenen Bedingungen (HILDENBRANDT et al. 1995; FRANK & BERGER 1996). Die Qualität einer PVA kann aber immer nur die Qualität ihrer Eingangsdaten widerspiegeln, so daß die notwendigen ökologischen Daten eine grundlegende Voraussetzung sind.

Naturschutz bedeutet immer auch die Aufrechterhaltung genetischer Vielfalt und dafür ist natürlich

die Kenntnis derselben unumgänglich (AVISE 1996). Für Schutzprogramme seltener oder bedrohter Tier- und Pflanzenarten sind damit Untersuchungen der genetischen Struktur eine notwendige Voraussetzung, um negative Effekte für die betreffende Population zu vermeiden.

Mit Hilfe genetischer Untersuchungen kann die Diversität von Populationen quantifiziert werden, z.B. durch Vergleich ihrer Strukturierung (z.B. *T. geyeri*; s.o.). Allerdings ist eine qualitative Bewertung vorhandener Unterschiede nicht möglich. Die direkte Konsequenz für den Naturschutz ist, daß genetische Vielfalt per se erhalten werden muß.

Der Nachweis zeitlicher und räumlicher Veränderungen der Vielfalt, so z.B. eine Abnahme der genetischen Variation in kleinen Populationen über längere Zeiträume, läßt sich ausschließlich über die Verwendung molekulargenetischer Methoden erbringen. Das Gleiche gilt für den Genfluß zwischen unterschiedlich isolierten Populationen innerhalb von Metapopulationen (z.B. VEITH & SEITZ 1995), ein wichtiges Kriterium für den Naturschutz zur Identifizierung von Korridoren oder Barrieren.

Zentrale Problemfelder wie die langfristige Überlebensfähigkeit und die genetische Vielfalt machen deutlich, daß sich im Zusammenhang mit Naturschutzbelangen kaum Verallgemeinerungen machen lassen. Wesentliche Erkenntnisse aus der Metapopulationsdynamik liegen gerade darin, daß jeder Einzelfall gesondert betrachtet und einer genauen Analyse unterzogen werden muß (HALLE 1996). Konkrete Untersuchungen sind unerlässlich, um anhand natürlicher Systeme zu Erkenntnissen über Struktur und Dynamik von Populationen, bzw. Arten, in fragmentierten Landschaften zu gelangen.

Die oben angeführten Beispiele können natürlich nicht alle Aspekte abdecken, sondern nur einzelne Teilbereiche hervorheben. Sie machen jedoch deutlich, daß die Populationsgenetik für die Anforderungen der praktischen Naturschutzarbeit potentiell eine wichtige, mitunter sogar entscheidende Rolle spielt. In beiden Fällen waren die Ergebnisse der genetischen Untersuchungen überraschend und aus ökologischen Forschungen nicht vorhersehbar bzw. abzuleiten. Die Kombination genetischer und ökologischer Untersuchungen sowie der Modellentwicklung führte bei beiden Arten zu einem wesentlich umfassenderen Gesamtbild, als dies mit der ausschließlichen Bearbeitung einzelner Teilaspekte möglich gewesen wäre. Selbst aus der Untersuchung solch unterschiedlicher Organismen, wie Zwergheideschnecke und Mauereidechse, mit sehr verschiedenartigen Ansprüchen resultieren doch ganz ähnliche Forderungen für deren Schutz.

In der Kombination mit anderen Methoden, wie demographischen Untersuchungen, Habitatanalysen, Populationsgefährdungsanalysen und historischen Daten zur Verbreitung und Abundanz von Arten, bzw. Populationen, führen genetische Analysen zu naturschutzrelevanten Zukunftsprognosen.

Danksagung

An dieser Stelle möchte ich mich herzlich bei allen Kollegen bedanken, die im Forschungsverbund FIFB (BMBF-Förderkennzeichen 0339625 A) eingebunden waren. Den Kollegen aus meiner Arbeitsgruppe möchte ich für viele fruchtbare Diskussionen und Anregungen zu diesem Themenbereich danken. Darüberhinaus danke ich den Regierungspräsidenten der Bundesländer Baden-Württemberg, Hessen und Rheinland-Pfalz für die Erteilung der notwendigen Genehmigungen.

Literatur

- AVISE, J.C. (1996):
Introduction: the scope of conservation genetics. S. 1-9, in: AVISE, J.C. & J.L. HAMRICK (Hrsg.): Conservation Genetics. – Chapman & Hall.
- BAHL, A.; M. PFENNINGER, H. BAMBERGER, M. FRYE & B. STREIT (1996):
Survival of snails in fragmented landscapes. S. 329-343, in: SETTELE, J.; C. MARGULES, P. POSCHLOD & K. HENLE (Hrsg.): Species Survival in Fragmented Landscapes. – Kluwer, Dordrecht.
- BENDER, C. (1995):
Demographische und populationsgenetische Grundlagen zum Schutz der Mauereidechse (*Podarcis muralis*). Verh. Ges. f. Ökol. 24: 187-191.
- BENDER, C.; H. HILDENBRANDT, K. SCHMIDT-LOSKE, V. GRIMM, C. WISSEL & K. HENLE (1996):
Consolidation of vineyards, mitigations, and survival of the common wall lizard (*Podarcis muralis*) in isolated habitat fragments. S. 248-261, in: SETTELE, J.; C. MARGULES, P. POSCHLOD & K. HENLE (Hrsg.): Species Survival in Fragmented Landscapes. – Kluwer, Dordrecht.
- BENDER, C. (1997):
Demography of a small population of the endangered common wall lizard *Podarcis muralis* (Lacertidae), in Western Germany. S. 27-34, in: BOHME, W.; W. BISCHOFF & T. ZIEGLER (Hrsg.). Herpetologica Bonnensis, Prague.
- BENDER, C.; B. STREIT & A. BAHL (in Vorb.):
Population structure of the common wall lizard as revealed by RAPDs.
- BLAB, J.; R. GÜNTHER & E. NOWAK (1994):
Rote Liste und Artenverzeichnis der in Deutschland vorkommenden Kriechtiere (Reptilia). S. 109-124, in: NOWAK, E.; J. BLAB & R. BLESS (Hrsg.): Rote Liste der gefährdeten Wirbeltiere in Deutschland. – Kilda, Greven.
- BOAG, D. A. (1973):
Spatial relationships among members of a population of wall lizards. – Oecologia 12: 1-13.
- EHRL, A. & M. WOLF (1987):
Zur Wiederansiedlung von Mauereidechsen im Gewann Ranzenberg bei Weinsberg, Landkreis Heilbronn. Unveröff. Gutachten i.A. des Regierungspräsidiums Stuttgart, BNL.
- FIFB (1993):
Bedeutung von Isolation, Flächengröße und Biotopqualität für das Überleben von Tier- und Pflanzenpopulationen in der Kulturlandschaft am Beispiel von Trockenstandorten. – Z. Ökologie u. Naturschutz 2: 58-60.
- FISCHER, S.; P. POSCHLOD & B. BEINLICH (1996):
Bedeutung der Wanderschäferrei für den Artenaustausch zwischen isolierten Schaftriften. – Beih. Naturschutz u. Landschaftspf. Baden-Württemberg 83, im Druck.
- FRANK, K. & U. BERGER (1996):
Metapopulation und Biotopverbund – eine kritische Betrachtung aus der Sicht der Modellierung. – Z. Ökologie u. Naturschutz 5: 151-160.
- GILPIN, M. E. & M. E. SOULÉ (1986):
Minimum viable populations: processes of species extinction. S. 19-34, in: SOULÉ, M.E. (Hrsg.): Conservation Biology. The Science of Scarcity and Diversity. – Sinauer Ass. Inc., Sunderland.
- GRUSCHWITZ, M. & W. BÖHME (1986):
Podarcis muralis (LAURENTI, 1768) – Mauereidechse. S. 155-208, in: BÖHME, W. (Hrsg.): Handbuch der Reptilien und Amphibien Europas. Bd. 2/II. Echsen III (*Podarcis*), Aula, Wiesbaden.
- HALLE, S. (1996):
Metapopulationen und Naturschutz – eine Übersicht. – Z. Ökologie u. Naturschutz 5: 141-150.
- HENLE, K.; C. BENDER & G. KUBACH (1990):
„Eidechsgarten“ Ranzenberg – Entwicklung der Mauereidechsenpopulation. – Unveröff. Gutachten i.A. des Regierungspräsidiums Stuttgart, BNL.
- HENLE, K.; C. BENDER, K. SCHMIDT-LOSKE, H. HILDENBRANDT, V. GRIMM & C. WISSEL (in Vorb.):
Future of wall lizards in Germany – impacts of consolidation measures on survival of small populations.
- HILDENBRANDT, H.; C. BENDER, V. GRIMM & K. HENLE (1995):
Ein individuenbasiertes Modell zur Beurteilung der Überlebenschancen kleiner Populationen der Mauereidechse (*Podarcis muralis*). – Verh. Ges. f. Ökol. 24: 207-214.
- HONEGGER, R. E. (1981):
Threatened Reptiles and Amphibians in Europe. Aula, Wiesbaden.
- HOVESTADT, T.; J. ROESER & M. MÜHLENBERG (1991):
Flächenbedarf von Tierpopulationen. – Berichte aus der ökologischen Forschung, Forschungszentrum Jülich, Jülich.
- JÄTZOLD, R. (1990):
Die Verbreitung und Zukunft der Riesling-Steillagen Deutschlands, insbesondere der noch terrassierten Hänge. – Mainzer Geographische Studien 34: 177-194.
- KAULE, G. & K. HENLE (1991):
Überblick über Wissenstand und Forschungsdefizite. S. 2-44, in: HENLE, K. & G. KAULE (Hrsg.): Arten- und Biotopschutzforschung für Deutschland. – Forschungszentrum Jülich, Jülich.
- KONOLD, W. (1980):
Zum Schutz anthropogener Ökosysteme am Beispiel aufgelassener Weinberge. – Verh. Ges. f. Ökol. 8: 175-184.
- LEWONTIN, R.C.; J.A. MOORE, W.B. PROVINCE & B. WALLACE (1981):
Dobzhansky's Genetics of Natural Populations. I-XLIII. – Columbia Univ. Press, New York.
- LICHT, W. & U. BERNERT (1987):
Untersuchungen zur Standortsökologie von Weinbergsmauern - ein Beitrag zur Praxis der Flurbereinigung. – Beitr. Landespflege Rheinland-Pfalz 11: 69-114.
- MAYR, E. (1963):
Animal Species and Evolution. – Harvard Univ. Press, Cambridge (USA).
- MÜHLENBERG, M. & T. HOVESTADT (1991):
Flächenanspruch von Tierpopulationen als Kriterien für Maßnahmen des Biotopschutzes und als Datenbasis zur Be-

urteilung von Eingriffen in Natur und Landschaft. S. 142-157, in: HENLE, K. & G. KAULE (Hrsg.): Arten- und Biotopschutzforschung für Deutschland. Forschungszentrum Jülich, Jülich.

PFENNINGER, M.; A. BAHL & B. STREIT (1996): Isolation by distance in a population of a small land snail *Trochoidea geyeri*: evidence from direct and indirect methods. – Proc. R. Soc. Lond. B 263: 1211-1217.

PFENNINGER, M. & A. BAHL (1997): Influence of habitat size on the viability of spatially structured populations of the landsnail *Trochoidea geyeri*. – Ges. f. Ökol., eingereicht.

PFENNINGER, M.; F. MAGNIN, A. BAHL & B. STREIT (1997): Different genetic structures within two continuous populations of the landsnail *Trochoidea geyeri*. – Acta Oecologica, eingereicht.

SETTELE, J.; K. HENLE & C. BENDER (1996a): Metapopulation und Biotopverbund: Theorie und Praxis am Beispiel von Tagfaltern und Reptilien. – Z. Ökologie u. Naturschutz 5: 187-206.

SETTELE, J.; C. MARGULES, P. POSCHLOD & K. HENLE (1996b): Species Survival in Fragmented Landscapes. – Kluwer, Dordrecht.

SLATKIN, M (1993): Isolation by distance in equilibrium and non-equilibrium populations. – Evolution 47: 264-279.

STORCH, I. & W. SCHRÖDER (1996): Das Metapopulationskonzept im Wildtiermanagement. – Z. Ökologie u. Naturschutz 5: 207-215.

STRIJBOSCH, H.; J.J.A.M. BONNEMAYER & P.J.M. DIETVORST (1980): The northernmost population of *Podarcis muralis* (Lacertilia, Lacertidae). – Amphibia-Reptilia 1: 161-172.

TEMPLETON, A.R.; K. SHAW, E. ROUTMAN & S.K. DAVIS (1990): The genetic consequences of habitat fragmentation. – Annals of the Missouri Botanical Gardens 77: 13-27.

VEITH, M. & A. SEITZ (1995): Anwendungsmöglichkeiten der Populationsgenetik für den Artenschutz. – Verh. Ges. f. Ökol. 24: 219-226.

WILCOVE, D.S.; C.H. MALELLAN & A.P. DOBSON (1986): Habitat fragmentation in the temperate zone. S. 237-256, in: SOULE, M.E. (Hrsg.): Conservation biology. – Sinauer Ass., Sunderland.

WRIGHT, S. (1946): Isolation by distance under diverse systems of mating. – Genetics 31: 39-59.

Anschrift des Verfassers:

Carolin Bender
Joh. W. Goethe-Universität Frankfurt
Zoologisches Institut
Abteilung Ökologie und Evolution
Siesmayerstr. 70
D-60054 Frankfurt

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Laufener Spezialbeiträge und Laufener Seminarbeiträge \(LSB\)](#)

Jahr/Year: 1998

Band/Volume: [2_1998](#)

Autor(en)/Author(s): Bender Carolin

Artikel/Article: [Genetische Vielfalt und Naturschutz 17-22](#)