

„Hecke“. Während ein totaler Reproduktionsausfall in 1993 und 1996 alle drei Gebiete gleichermaßen betraf, konnten in den anderen Jahren (1992, 1994, 1995) eine niedrigere Reproduktionsrate in den isolierten Arealen festgestellt werden.

Die Wiederfangrate über den Winterschlaf war im Vergleich im Gebiet „Wald“ am niedrigsten (weniger als 20 %). In den isolierten Gebieten „Gebüsch“ und „Hecke“ lag die Wiederfangrate nach dem Winterschlaf zwischen 42,2 % und 80 %. Auswertung der durchschnittlichen Lebenszeit und Wiederfangraten innerhalb einer Aktivitätssaison (Mai–Oktober) zeigten keine Unterschiede zwischen den Gebieten. Zusammen mit Daten von Tieren, die zwischen den Gebieten wanderten, können wir nachweisen, dass Siebenschläfer ihr Geburtsareal bevorzugt im ersten Lebensjahr verlassen. Einmal etablierte Tiere (nach dem ersten Winterschlaf mehrfach im selben Areal wiedergefangen) scheinen langfristig in diesem Areal zu verbleiben.

Auswertungen des Körpergewichtes als Maß für die Kondition der Tiere zeigten keinen Unterschied zwischen den Fangflächen.

Abschließend können wir feststellen, dass der „Wald“ anscheinend ein hoch produktives *source*-Areal ist, wohingegen die isoliert liegenden Flächen „Gebüsch“ und „Hecke“ als weniger produktive *sink*-Areale angesehen werden müssen. Diese beiden Gebiete scheinen, wie Wanderungen der Siebenschläfer untermauerten, aus den „Überschüssen“ der Waldpopulation versorgt zu werden. Im Gebiet „Hecke“ konnte während unserer Untersuchung ein totales Aussterben der Population beobachtet werden. Im nächsten Jahr wurde durch Einwanderungen von Siebenschläfern aus den Gebieten „Wald“ und „Gebüsch“ eine neue Population gegründet. Auf kleinen Flächen haben Siebenschläfer offensichtlich Probleme eine eigenständige Population zu etablieren.

Konsequenzen von Habitatfragmentierung auf die genetische Konstitution von Kleinsäugetern

Dr. Simone Sommer, Julia Quast, Meike Stoverrock, Dr. Jörg U. Ganzhorn
Zoologisches Institut und Museum, Universität Hamburg

Die Mehrzahl genetischer Arbeiten nutzen selektionsneutrale Marker, um die Konsequenzen von Habitatfragmentierung und damit verbundener erhöhter Wahrscheinlichkeit für das Auftreten genetischer Drift und Inzuchterscheinungen, die häufig zu einem Verlust genetischer Variabilität führen, zu analysieren. Nur kodierende Gene reflektieren aber letztlich adaptive

Prozesse und evolutionsrelevante Ereignisse. Für vergleichende Untersuchungen zur genetischen Diversität von Tierarten und der möglichen Konsequenzen des Verlusts genetischer Diversität gewinnen Untersuchungen an funktionellen Genen aus dem Haupthistokompatibilitätskomplex (engl. Major Histocompatibility Complex, MHC-Complex) aufgrund ihrer vielfältigen Funktionen, insbesondere im Immunsystem, zunehmend an Bedeutung. Die MHC-Moleküle binden kurze Peptide (Antigene) abgebauter Eigen- (Viren, Krebszellen) oder Fremdproteine (Parasiten) an der Zelloberfläche, die durch T-Lymphocyten erkannt werden und somit die Abwehrreaktion einleiten. Die Variabilität der MHC-Moleküle (= Anzahl der Allele) ist dabei mit dem Diversitätsgrad der T-Lymphocytenrezeptoren korreliert, der wiederum die Reaktionsmöglichkeiten eines Organismus auf Krankheiten und Parasiten determiniert. Ferner zeigten jüngere Arbeiten, dass MHC-Gene den individuellen Geruch beeinflussen, der bei der Partnerwahl, Verwandtenerkennung und somit Inzuchtvermeidung von Bedeutung ist. Untersuchungen an polymorphen, funktionellen Genen des MHCs gewinnen daher in Schutzprogrammen zunehmend an Bedeutung.

Die Konsequenzen von Habitatfragmentierung auf die genetische Konstitution von Kleinsäu- gern wurde am Beispiel von Haselmaus, Gelbhals- und Rötelmaus in Waldgebieten in Schleswig-Holstein untersucht. Dazu wurde die genetische Variabilität selektionsneutraler mitochondrialer Abschnitte und kodierender MHC-Gene analysiert und der Parasitenbefall durch Quantifizierung und Qualifizierung der Endoparasiten im Kot (vorwiegend Nematoden- und Cestodeneier) bestimmt. Haselmäuse wiesen sowohl in nicht kodierenden mitochondrialen Bereichen wie auch in funktionell bedeutsamen Immungenen des MHCs eine deutlich geringere genetische Diversität auf als die in den gleichen genetischen Bereichen untersuchten Gelbhals- und Rötelmäuse. Hingegen war die Parasitenbelastung durch Cestoden und Nematoden bei Gelbhals- und Rötelmäusen signifikant höher als bei Haselmäusen. Mögliche soziobiologische, ökologische und phylogenetische Ursachen sind Gegenstand künftiger Untersuchungen.

Merkmale einer Haselmauspopulation in Schleswig-Holstein

Julia Quast, Dr. Veit Hennig, Imke Oncken, Dr. Simone Sommer und Dr. Jörg U. Ganzhorn
Zoologisches Institut und Zoologisches Museum, Universität Hamburg

Ziel der vorliegenden Arbeit war es, Grundkenntnisse zur Biologie von Haselmäusen (*Muscardinus avellanarius* L.) am nördlichen Rand ihres Verbreitungsgebiets zu erarbeiten.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Maus - Mitteilungen aus unserer Säugetierwelt](#)

Jahr/Year: 2002

Band/Volume: [10](#)

Autor(en)/Author(s): Sommer Simone, Quast Julia, Stoverock Meike, Ganzhorn Jörg

Artikel/Article: [Konsequenzen von Habitatfragmentierung auf die genetische Konstitution von Kleinsäugetern 12-13](#)