RANA	Heft 14	20–28	Rangsdorf 2013

Studie zum Verwandtschaftsverhältnis einer isolierten Population des Laubfrosches (*Hyla arborea* L.) in der Elster-Luppe-Aue bei Ermlitz/Sachsen-Anhalt

Astrid Krug & Wolf Rüdiger Grosse

1 Einleitung

Als Ergebnis einer erfreulichen Entwicklung der naturnahen Reste der Elster-Luppe-Aue zwischen Leipzig und Halle konnte in den 1990er Jahren festgestellt werden, dass innerhalb von 10 Jahren nach Beendigung der Einleitung giftiger Industrieabwässer in die Flusssysteme der Leipziger Auen der Laubfrosch sich wieder an vielen Orten eingebürgert hat (Grosse 2001a, 2004). Durch die Eingriffe des Menschen wurden seit den 1930er Jahren die Populationen des Laubfrosches zwischen Halle und Leipzig immer wieder beeinträchtigt (Kanalisierung der Luppe, Bau der Autobahn A 9 München–Berlin, Braunkohlentagebaue Merseburg Ost). Deshalb sollten im Rahmen einer Studie des NABU Sachsen-Anhalt zwei räumlich deutlich getrennte Populationen in der Elster-Luppe-Aue auf ihr Verwandtschaftsverhältnis untersucht und die folgenden Fragestellungen beantwortet werden. Stammen die Tiere aus Sachsen-Anhalt (Ermlitzer Elsteraue) von den Populationen aus dem benachbarten Sachsen (NSG „Luppeaue bei Schkeuditz“) ab? Hat die Autobahn A9 eine Barrierewirkung? Wie groß sind zwischenzeitlich die genetischen Unterschiede zwischen den Populationen? Hat ein Flaschenhals-Effekt zur Verarmung der genetischen Vielfalt und damit zur Verringerung der Anpassungsfähigkeit an die Umwelt geführt?

2 Kurzcharakteristik des Untersuchungsgebietes

Südlich des Autobahnkreuzes Schkeuditz liegt an der Westseite der Autobahn A 9 der Ermlitzer Auwaldrest (Abb. 1). Die Fläche ist als Naturschutzgebiet (NSG-Code 0323 des Landes Sachsen-Anhalt) ausgewiesen. Das Gebiet ist Teil eines Europäischen Vogelschutzgebietes (SPA 21 - Elster-Saale-Aue) südlich Halle und Teil eines Fauna-Flora-Habitat-Gebietes FFH 143LSA mit einer Gesamtgröße von 549 ha. Das NSG „Elsteraue bei Ermlitz“ ist 152 ha groß und umfasst vorwiegend Restwald der Elsteraue und landwirtschaftlich genutztes Acker- und Grünland. An verschiedenen Stellen sind unterschiedliche Sukzessionsstadien ehemals mäandernder Altarme der Luppe erkennbar. Sie entstammen der Flußdynamik der seit 1938 stillgelegten Alten Luppe, die noch als Flusslauf in Richtung Merseburg erkennbar ist. Die Ermlitzer Aue wird nach Westen vom Raßnitzer See begrenzt, der in Folge des Abbaues der Braunkohle von 1971-1991 im Revier Merseburg-Ost entstanden ist. Durch den Abbau der Braunkohle ist die Ermlitzer Aue als ein kleines extrem isoliertes Gebiet zwischen dem Raßnitzer See im Westen und der Autobahn A 9 im Osten erhalten geblieben. Die Autobahn wurde Anfang der 1930er Jahre als Direktverbindung zwischen Berlin und Nürnberg

zweispurig angelegt und nach 1990 schrittweise dreispurig erweitert. Seitdem ist die Ermlitzer Aue von der östlich der Autobahn liegenden Schkeuditz-Leipziger Elster-Luppe-Aue getrennt.

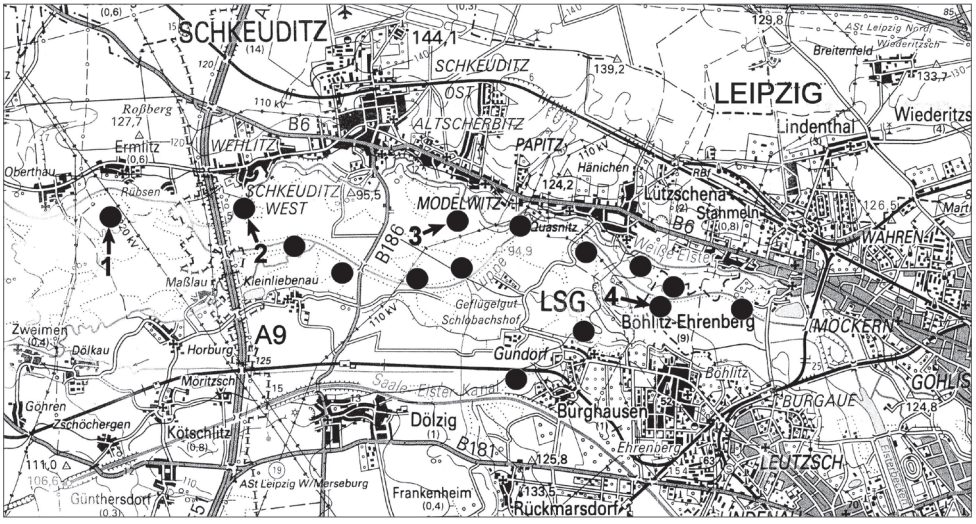

Abb. 1: Lage des Untersuchungsgebietes, Probenstellen 1 bis 4 und Kartierung der Populationen des Laubfrosches (volle Kreise) (Gen.Nr. DN S88/00 LVA Sachsen). Probestellen: 1 NSG „Ermlitz", 2 NSG „Luppeaue West", 3 NSG „Luppeaue Mitte", 4 NSG „Luppeaue Ost".

Das Naturschutzgebiet „Luppeaue" liegt zwischen Weißer Elster und Neuer Luppe südlich Schkeuditz und zieht sich nach Osten bis in die Leipziger Vororte. Es umfasst 598 ha (Grosse 1969, Sauerstein & Zitschke 1996). Das NSG wird im Norden von einem Elster-Nebenarm und im Süden von der Heuwegluppe (einem Luppe-Altarm) begrenzt. Die Einbettung aller Laubfroschgewässer in den geschlossenen Auwaldgürtel schafft eine klimatisch begünstigte Lage für viele Amphibienarten (Grosse & Zitschke 1995, Grosse 1996, 2001a, b).

Historische Aspekte zur Landschaftsökologie

Die Auenwaldnutzung im Bereich Leipzig - Schkeuditz - Halle hat eine lange Tradition (Grosse 2001a). Seit dem Mittelalter bis in die Gegenwart veränderten sich die Landschaftsstrukturen ständig. Durch das von der Stadt Leipzig 1930 in Angriff genommene und mit dem Bau der Neuen Luppe 1938 vollendete Luppe-Regulierungsprojekt wurde die vollständige Überflutung der Elsteraue Aue bei Hochwasser verhindert. Der Bau und Ausbau der Autobahnen und die Einrichtung großer Tagebaufelder Delitzsch-Südwest im Nordosten und Merseburg-Ost im Südwesten führten zu gravierenden und teils irreversiblen Veränderungen des Wasserhaushaltes der gesamten Aue.

3 Untersuchungsmethoden

Feldbiologische Untersuchungen

Im Rahmen der Kartierungsarbeiten zur Erfassung der Herpetofauna Sachsens und Sachsen-Anhalts wurden im Zeitraum 2000 bis 2011 alle Laubfroschvorkommen in der Elster-Luppe-Aue kartiert, woraus sich aktuell 15 Populationen ableiten lassen (Abb. 1). Die Kontrollen erfolgten jährlich dreimal: im Frühjahr in der Phase der Paarung (Kontrolle der Rufe am Laichgewässer), im Juni im Bereich der Gewässer auf das Vorhandensein von Larven des Laubfrosches und im Frühherbst auf Juvenes im Umfeld der Gewässer und auf rufende adulte Männchen im Umfeld (Grosse 2009). Wurden alle drei Kriterien erfüllt, wurde der Nachweis als eigenständiges Vorkommen angesehen und als Population bezeichnet.

Genetische Untersuchungen zur Charakterisierung der Populationen

Für die Untersuchungen wurden in den Jahren 2007 bis 2009 insgesamt 144 Gewebeproben gesammelt (Tab. 1). Das Probenmaterial stammt von den Standorten NSG „Elsteraue bei Ermlitz“, NSG „Luppeaue“ und von einem Gartenteich in der Muldenaue bei Wurzen. Die Proben aus der Muldenaue bei Wurzen dienten als Außengruppe. Aufgrund der Größe der Population im NSG „Luppeaue“ wurden die Proben fraktioniert nach Ostrand (Waldspitze Richtung Osten, Leipzig), Zentrum NSG „Luppeaue“ (Wiesensenke) und Westrand (Wehlitz Dammwiese, an der Autobahn A 9) gesammelt. Die Gewebeproben wurden durch Amputation der dritten Zehe der rechten Hinterextremität bei juvenilen und adulten Laubfröschen oder der Schwanzspitze bei Larven gewonnen. Zu den Arbeiten wurde eine mit Alkohol sterilisierter Schere verwendet. Die verletzte Zehe der Laubfrösche wurde mit Sepso-Tinktur getränktem Zellstoff abgewischt. Die Artenschutz- und tierexperimentellen Genehmigungen der sachsen-anhaltinischen und sächsischen Behörden lagen für die Untersuchungen vor.

Probenstelle	Datum/Probe (n) Larve	Datum/ Probe (n) Zehe	Habitat	Entfernung zu NSG „Ermlitz“
Nr. 1 NSG „Ermlitz“		14.6.07/4 7.9.08/14 15.7.09/4	Altarm	-
Nr. 2 NSG „Luppeaue“ West	10.6.09/2	-	Flutungswiese	2.200 m
Nr. 3 NSG „Luppeaue“ Mitte	10.6.09/15 14.6.07/36	-	Wiesensenke	5.500 m
Nr. 4 NSG „Luppeaue“ Ost	14.6.08/34	14.6.08/4	Lehmgrube	8.600 m
Nr. 5 Wurzen	25.6.08/31	-	Gartenteich	etwa 50 km

Tab. 1: Übersicht zu den Gewebeproben.

Methodik der genetischen Untersuchungen

Die DNA wurde aus den Gewebeproben mit Hilfe einer Phenol-Chlorophorm-Extraktion isoliert und in 100µl Low TE-Puffer gelöst. Bis zur weiteren Verwendung wurde die DNA bei -20°C gelagert.

Für die populationsgenetischen Analysen wurden je Probestelle bis zu 20 Individuen und acht artspezifische Mikrosatellitenloci verwendet (WHA1-9, WHA1-20, WHA1-25, WHA1-60, WHA1-67, WHA1-103, WHA1-104, WHA1-140) (Arens et al. 2000). Die mittels Polymerase-Kettenreaktion (PCR) amplifizierten Mikrosatelliten wurden nach Angaben des Herstellers an dem Kapillarsequenzierer MegaBACE 1000 (Amersham Bioscience) genotypisiert. Die Fragmentgrößen wurden anschließend mit der dazugehörigen Software (Genetic Profiler, Amersham Bioscience) auf ein Basenpaar genau berechnet und analysiert.

Genetische Variation

Mit dem Programm Microchecker 2.2.3 (Van Oosterhout et al. 2004) wurde auf das Vorhandensein von Nullallelen getestet. Zur Ermittlung der genetischen Diversität wurde der Allelreichtum (A_R) mit dem Programm Fstat v. 2.9.3 (Goudet 1995) berechnet. Die Probestelle Luppeaue West wurde hierbei auf Grund der geringen Probengröße nicht berücksichtigt. Beobachtete Heterozygotie (H_o) und Erwartete Heterozygotie (H_e) sowie Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht wurden mit dem Programm Arlequin 3.11. (Excoffier et al. 2005) ermittelt. Mit dem Programm Bottleneck (Luikart & Cornuet 1998) wurde auf einen potentiellen kürzlich erfahrenen genetischen Flaschenhals in den jeweiligen Vorkommen getestet. Die Berechnung wurde mit dem Wilcoxon signed-rank Test unter Annahme des TPM (Two-phased model of mutation) mit einem Anteil von 95% SMM (Stepwise Mutation Model) sowie einer Varianz von 12 für die Mutationsgröße durchgeführt. Der Inzuchtkoeffizient wurde wiederum mit dem Programm Fstat ermittelt.

Genetische Struktur

Die Populationsstruktur der Vorkommen wurde durch eine Bayessche Analyse mit dem Programm Structure 2.31 (Pritchard et al. 2000) ermittelt. Die Berechnungen wurden unter der Verwendung des Modells von korrelierten Allelfrequenzen (CAF) für die Annahme von ein bis vier genetischen Cluster, in 20 unabhängigen Läufen durchgeführt. Die Burnin-Länge eines jeden Laufes betrug 50.000 Schritte gefolgt von 50.000 Markov Chain Monte Carlo Schritten. Zur Bestimmung der wahrscheinlichsten Anzahl genetischer Cluster (K) wurde die Berechnungen nach Evanno et al. (2005) durchgeführt. Die F_{ST}-Werte (Weir & Cockerham 1984), welche ein Maß für die genetische Differenzierung zwischen den Vorkommen sind, wurden mit dem Programm Arlequin 3.5 ermittelt. Der F_{ST}-Wert kann Werte zwischen 0 und 1 annehmen, wobei 0 keine und 1 eine maximale Differenzierung zwischen Populationen bedeutet. Das gleiche Programm wurde verwendet, um mit einem Mantel-Test auf eine Korrelation zwischen den genetischen (F_{ST}-Werte) und den geografischen Distanzen zu testen (Isolation durch Distanz, IBD). Alle Ergebnisse, multipler Paarvergleiche wurden zur Ermittlung der Signifikanz einer sequentiellen Bonferroni-Korrektur (Rice 1989) unterzogen.

4 Ergebnisse

Verbreitung des Laubfrosches in der Elster-Luppe-Aue

Das Vorkommen des Laubfrosches westlich der Autobahn A 9 (Abb. 1/Probestelle 1) beschränkte sich auf den zentralen Wiesenbereich des NSG „Elsteraue“ bei Ermlitz. Die Zahl der Rufer im August schwankte zwischen 34 Männchen im Jahr 2002 und zehn Männchen 2009. Im Jahr 2011 wurden keine Larven und Jungtiere gefunden und nur drei Männchen riefen.

Östlich der Autobahn A 9 liegt das sächsische Verbreitungsgebiet des Laubfrosches im NSG „Luppeaue“. Hier wurden 14 Populationen (Vorkommen, s. Meth.) lokalisiert. Sie reichen im Norden des NSG von der Wehlitzer Elsterschleife (Dammwiesen) entlang der Weißen Elster bis Lützschena (Waldspitze) und tangiert hier das NSG „Burgaue“ in Leipzig (Abb. 1). Weiter verläuft die Verbreitungsgrenze des Laubfrosches vom Südosten bei Gundorf über die Domholzschänke, Klein-Liebenau bis an den Autobahnsee zur A 9. Die Weiße Elster im Norden des Verbreitungsgebietes wurde vom Laubfrosch nur bei Modelwitz und Lützschena überschritten. Im Süden gelang der Nachweis von Rufern bis an die Stadtgrenze von Leipzig-Wahren und im Westen bis an die Autobahn A 9 soweit die Trasse zur Kontrolle begehbar war.

Genetische Untersuchungen zur Isolation der Laubfroschpopulationen NSG „Elsteraue“ bei Ermlitz und des NSG „Luppeaue“

Die acht untersuchten Mikrosatellitenloci zeigten sich polymorph mit 57 Allelen über alle Vorkommen und Loci hinweg und drei bis zehn Allelen je Locus. Der Test auf Nullallele ergab keinen Nachweis. Die Überprüfung des Hardy-Weinberg-Gleichgewichts der einzelnen Vorkommen zeigte keine signifikanten Abweichungen. Die Werte der Erwarteten Heterozygotie liegen zwischen 0,51 und 0,63. Der Allelreichtum (A_R) zeigte ähnlich hohe Werte an den einzelnen Probestellen an Elster und Luppe und weist im Vergleichsvorkommen bei Wurzen den niedrigsten Wert auf. Die Werte des Inzuchtkoeffizienten (F_{IS}) liegen in allen Vorkommen im negativen Bereich, weisen also auf keinen Inzuchteffekt hin. Der Test auf potenzielle kürzlich erfahrene genetische Flaschenhälse ergab keinen signifikanten Hinweis. Die Bayessche Analyse zur Populationsstruktur ergab die höchste Wahrscheinlichkeit zur Unterteilung der Vorkommen in zwei genetische Gruppen. Die Probestelle Ermlitz und die drei Probestellen in der Luppeaue bilden eine gemeinsame Gruppe und die Probestelle Wurzen bildet die zweite Gruppe. Die genetischen Distanzen (F_{ST}-Werte) zeigen relativ hohe Unterschiede zwischen dem Vorkommen Wurzen und den beprobten Vorkommen in der Elster- und Luppeaue und damit eine eindeutige Trennung. Die Vorkommen innerhalb der Luppeaue zeigen keine signifikanten Unterschiede zueinander auf. Zwischen Ermlitz und Luppeaue Mitte und Ost sind zwar signifikante, aber relativ geringe Unterschiede zu finden.

Der Mantel-Test zum Test auf Isolation durch Distanz ergab eine deutliche Korrelation von $R = 0{,}994$ ($p = 0{,}006$).

Probestelle	1	2	3	4	5
Ermlitz	0				
Luppeaue West	0,005	0			
Luppeaue Mitte	0,023	-0,025	0		
Luppeaue Ost	0,067	0,011	0,021	0	
Wurzen	0,323	0,306	0,281	0,259	0

Tab. 2: Ergebnisse für die genetischen Distanzen (F_{ST}-Werte) zwischen den Vorkommen; signifikante Werte fett gedruckt.

Probestelle	Mittelwert H_o ± SD	Mittelwert H_e ± SD	F_{IS}	A_R	N
Ermlitz	0,563 ± 0,325	0,539 ± 0,316	-0,046	4,35	20
Luppeaue West	0,500 ± 0,463	0,563 ± 0,377	*	*	2
Luppeaue Mitte	0,638 ± 0,223	0,628 ± 0,211	-0,016	4,48	20
Luppeaue Ost	0,669 ± 0,237	0,633 ± 0,199	-0,057	4,46	20
Gesamt Cluster 1	*0,619 ± 0,252*	*0,14 ± 0,34*	*-0,008*	*4,62*	*62*
Wurzen	0,614 ± 0,292	0,514 ± 0,247	-0,201	3,49	20

Tab. 3: Übersicht zur genetischen Diversität. H_o: Beobachtete Heterozygotie, H_e: Erwartete Heterozygotie, SD: Standartabweichung, F_{IS}: Inzucht Koeffizient, A_R: mittlerer Allelreichtum über alle Loci, * Aufgrund geringer Probengröße nicht berechnet, N: Anzahl beprobter Individuen.

5 Diskussion

In der Region Leipzig-Halle sind durch die Eingriffe des Menschen die Populationen des Laubfroschs seit den 1950er Jahren immer stärker isoliert worden (Zitschke 1998). Mit der finanziellen Unterstützung der dem NABU nahe stehenden Stiftung Umwelt, Natur- und Klimaschutz des Landes Sachsen-Anhalt konnte die genetischen Struktur (Flaschenhalseffekt?) der kleinen, gefährdeten Randpopulation im NSG „Ermlitz“ untersucht werden. Die Werte der Erwarteten Heterozygotie liegen zwischen 0,51 und 0,63. Dies ist zum Teil niedriger, als direkt vergleichbare Werte in niedersächsischen Vorkommen mit einem Mittelwert von 0,72 (unveröffentlichte Daten Astrid Krug, Krug 2007). Jedoch liegen die Werte noch nicht so niedrig, wie in einem dänischen Untersuchungsgebiet auf Lolland, in welchem bereits reduzierte Fitness und eine hohe Larvalmortalität beobachtet werden konnte (Andersen et al. 2004). Bekannte Werte aus der größten zusammenhängenden Metapopulation in der Schweiz am See Neuchâtel liegen bei 0,64 (Dubey et al. 2009) (Tab 4).

Der Allelreichtum der einzelnen Probestellen ist vergleichbar mit den im Raum Hannover ermittelten Werten von 3,72 bis 5,58 (Krug 2006). Insgesamt weist die genetische Variabilität keine bedenklichen Werte auf. Die im Vergleich zu anderen bekannten Untersuchungsgebieten teilweise niedrigeren Werte sind vermutlich mit den starken Bestandsrückgängen und lokalen Bestandsschwankungen in der Vergangenheit zu erklären.
Die geringen F_{ST}-Werte zwischen den Vorkommen innerhalb der Luppeaue weisen auf einen guten Genfluss innerhalb dieses Gebietes hin. Die Unterschiede zwischen Ermlitz und Luppeaue Mitte und Ost sind zwar signifikant, aber relativ gering. So können, gemeinsam mit dem Ergebnis der Bayesschen Analyse, die Vorkommen an Elster- und Luppeaue als eine große Matapopulation betrachtet werden. Auch die deutliche Korrelation des Mantel-Tests ist ein Hinweis dafür, dass die genetischen Distanzen durch die Entfernung der untersuchten Vorkommen zueinander entstanden sind und die Individuen nicht durch eine größere Barriere isoliert wurden. Die Barrierewirkung der Autobahn A 9 ist in diesem Fall als relativ gering einzustufen.

H_e	Land	Gebiet	Autor
0,51 - 0,63	D	Halle/Leipzig	diese Studie
0,58 - 0,72	D	Hannover	Krug 2006
0,60 - 0,80	D	Niedersachsen	Krug unveröffentlichte Daten
0,39 - 0,59	NL	Gelderland, Achterhoek area	Arens et al. 2006
0,51 - 0,53	DK	Jutland	Andersen et al. 2004
0,35 - 0,50	DK	Lolland (reduzierte Fitness, hohe Larvalmortalität)	Andersen et al. 2004
0,62	CH	Reuss-Tal	Angelone & Holderegger 2009
0,68	CH	Thur-Tal	Angelone & Holderegger 2009
0,54	CH	Genfer See (fragmentierte Landschaft)	Dubey et al. 2009
0,64	CH	See Neuchâtel (größte zusammenhängende Metapopulation in CH)	Dubey et al. 2009

Tab. 4: Vergleich der Werte für die Erwartete Heterozygotie (H_e) beim Europäischen Laubfrosch.

Danksagung

Das Projekt wurde freundlicher Weise von der Stiftung Umwelt, Natur- und Klimaschutz des Landes Sachsen-Anhalt (SUNK) unterstützt (FKZ-Nr. 6014/09), wofür wir uns bedanken. Ein besonderer Dank gilt weiterhin Herrn Roland Zitschke vom Regionalverband Leipzig des NABU-Sachsen.

Literatur

Andersen, L. W., K. Fog & C. Damgaard (2004): Habitat fragmentation causes bottlenecks and inbreeding in the European tree frog (*Hyla arborea*). – The Royal Society 271: 1293-1302.

Angelone, S. & R. Holderegger (2009): Population genetics suggests effectiveness of habitat connectivity measures for the European tree frog in Switzerland. – Journal of Applied Ecology 46: 879-887.

Arens, P., W. V. T. Westende, R. Bugter, M. J. M. Smulders & B. Vosman (2000) Microsatellite markers for the European tree frog *Hyla arborea*. – Molecular Ecology 9: 1944-1946.

Dubey, S., S. Ursenbacher, J. Pellet & L. Fumagalli (2009): Genetic differentiation in two European tree frog (*Hyla arborea*) metapopulations in contrasted landscapes of western Switzerland. – Amphibia-Reptilia 30: 127-133.

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

Excoffier, L., G. Laval & S. Schneider (2005) Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis. – Evolutionary Bioinformatics 1: 47-50.

Goudet, J. (1995) FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-statistics. – Journal of Heredity 86: 485-486.

Grosse, W.-R. (1969): Die Verbreitung von Lurchen und Kriechtieren im nördlichen Leipziger Auwald. – Aquar. Terrar. 16: 382-383.

Grosse, W.-R. (1996): Zur Methodik der Erfassung der Laubfroschbestände in der Elster-Luppe-Aue. – Jahresschrift Feldherpetologie und Ichthyofaunistik 3: 53-61.

Grosse, W.-R. (2001a): Die Elster-Luppe-Aue bei Schkeuditz (Sachsen): historische Entwicklung und Konsequenzen für die Amphibienfauna. – Zeitschrift für Feldherpetologie 8: 215-226.

Grosse, W.-R. (2001b): Körpergröße und -gewicht juveniler Laubfrösche, *Hyla arborea* (Linnaeus , 1758), in Sachsen im Herbst. – Salamandra 37: 71-72.

Grosse, W.-R. (2004): Zur Ökologie des Laubfrosches, *Hyla arborea*, im Somerhabitat in der Elster-Luppe-Aue zwischen Leipzig (Sachsen) und Halle (Sachsen-Anhalt): Wanderungen, Wachstum, Sitzwarten und Gefährdung. – In: Glandt, D. & A. Kronshage (Hrsg.): Der Europäische Laubfrosch (*Hyla arborea*) – Biologie – Schutzmaßnahmen – Effizienzkontrollen. – Zeitschrift für Feldherpetologie, Supplement 5: 119-131.

Grosse, W.-R. (2009): Der Laubfrosch. – Die Neue Brehm-Bücherei, H. 615, 2. Auflage, (Westarp Wissenschaften) Hohenwarsleben.

Grosse, W.-R. & R. Zitschke (1995): Übersicht zu den Amphibien und Reptilien der Papitzer Lehmlachen im NSG Luppeaue (Regierungsbezirk Leipzig). – Jahresschrift Feldherpetol. Ichthyofaunistik 2: 40-44.

Krug, A. (2006): Naturschutzgenetik bei Europäischen Laubfröschen (*Hyla arborea*) in der Region Hannover. – Diplomarbeit Univ. Hannover.

Krug, A. (2007): Naturschutzgenetik einer fragmentierten Laubfroschpopulation (*Hyla arborea*). – Abstr. Jahrestagung der DGHT 2007, S. 9.

Luikart, G. & J. M. Cornuet (1998): Empirical Evaluation of a Test for Identifying Recently Bottlenecked Populations from Allele Frequency Data. – Conservation Biology 12: 228-237.

Pritchard, J. K. M. Stephens & P. Donnelly (2000): Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. – Genetics 155: 945-959.

Rice, W. R. (1989): Analyzing Tables of Statistical Tests.– Evolution 43: 223-225.

Sauerstein, U. & R. Zitschke (1996): Das nordwestliche Auengebiet. Lage, Geologie Klima, Wasserverhältnisse. – In: Nabu Kreisverband Leipzig (Hrsg.): Natur und Naturschutz im Raum Leipzig 2: 22-25.

Van Oosterhout, C., W. F. Hutchinson, D. P. M. Wills & P. Shipley (2004) MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. – Molecular Ecology Notes 4: 535-538.

Weir, B. S. & C. C. Cockerham (1984): Estimating F-Statistics for the Analysis of Population-Structure. – Evolution 38: 1358-1370.

Zitschke, R. (1998): 60 Jahre Neue Luppe – wie weiter mit der vernutzten Landschaft? – In: Nabu Kreisverband Leipzig (Hrsg): Natur und Naturschutz im Raum Leipzig 4: 107-119.

Verfasser

Dipl. Biol. Astrid Krug
Tierärztliche Hochschule Hannover,
Institut für Zoologie
Wolffstr. 1, 30179 Hannover
E-Mail: astrid.krug@web.de

Dr. Wolf-Rüdiger Grosse
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg,
Zentralmagazin Naturwissenschaftliche Sammlungen
Domplatz 4, 06099 Halle/Saale
E-Mail: wolf.grosse@zoologie.uni-halle.de

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: RANA

Jahr/Year: 2013

Band/Volume: 14

Autor(en)/Author(s): Krug Astrid, Große [Grosse] Wolf-Rüdiger

Artikel/Article: Studie zum Verwandtschaftsverhältnis einer isolierten Population des Laubfrosches (Hyla arborea L.) in der Elster-Luppe-Aue bei Ermlitz/Sachsen-Anhalt 20-28