

Zur Populationsgenetik der Rotbauchunke

Günter Gollmann

Einleitung

Im Naturschutz wird immer häufiger von „Genetischen Ressourcen“ gesprochen und von der Notwendigkeit, die genetische Diversität einer Art zu erhalten. Darin spiegelt sich zunehmendes Verständnis für die Dynamik der Evolutionsprozesse wider: Arten sollen nicht nur museal erhalten werden, sondern auch ihre Anpassungsfähigkeit bewahren können. Dies ist angesichts der gegenwärtigen Veränderungen ihrer Umwelt, von kleinräumiger Landschaftsumgestaltung bis zu möglichen globalen Klimaänderungen, von vitaler Bedeutung. Allerdings bleiben solche Diskussionen, mangels genauer Kenntnisse, oft auf allgemeine Phrasen beschränkt.

Über die genetische Variabilität der Rotbauchunke liegen Daten vor, die größtenteils im Zusammenhang mit Untersuchungen der natürlichen Hybridisierung von Rotbauch- und Gelbbauchunke erhoben wurden. Im folgenden wird ein knapper Überblick über diese Ergebnisse geboten, die Grenzen ihrer Aussagekraft werden diskutiert.

Die genetische Variabilität einer Population oder einer Art bestimmt deren evolutionäres Potential, also ihre Fähigkeit, sich geänderten Umweltbedingungen durch Veränderungen im Genpool (der Gesamtheit ihrer Erbanlagen) anzupassen. Wie kann man nun diese Variabilität messen? Einen möglichen Zugang bietet die Analyse der morphologischen Variabilität. Bei der Rotbauchunke wurde die Variation in der Färbung, besonders des Zeichnungsmusters der Körperunterseite, bisher am besten untersucht (STUGREN, 1980; PIALEK, 1992; GOLLMANN et al., 1993; und dort zitierte Arbeiten). Das Zeichnungsmuster ist so variabel, daß es sich zur Erkennung von Individuen eignet. Seine geographische Variation zeigt manchmal kleinräumige Differenzierung von Populationen, die Variabilität innerhalb der Populationen ist aber stets groß. Andere quantitativ erfaßbare Merkmale, wie Körperproportionen oder Parameter der Fortpflanzungsbiologie (Eigröße, Fekundität), sind in ihrer Variabilität noch ungenügend beschrieben. Die Ausprägung aller dieser Merkmale hängt sowohl von ihrer genetischen Grundlage als auch von Umwelteinflüssen ab, die Verschränkung dieser Faktoren wurde bei der Rotbauchunke noch nicht hinreichend untersucht.

Die schnellste und billigste Methode der Beschreibung genetischer Variabilität ist die elektrophoretische Auftrennung von Eiweißstoffen (Proteinen). Dabei werden Rohextrakte von Proteinen, die sich aus Zehenspitzen oder Blutproben auch ohne Tötung oder nachhaltige Beeinträchtigung der Tiere gewinnen lassen, in ein Trägergel eingebracht, an das ein elektrisches Feld angelegt wird; nach spezifischen Enzymnachweisen können dann Allele einzelner Gene durch verschiedene Wanderungsweiten der Proteine im Gel unterschieden

werden. Diese Methode untersucht zwar keine Zufallsstichprobe von Genen (was aus theoretischer Sicht am besten wäre), die für das Ausmaß der Variabilität mitentscheidenden Effekte von Inzucht und Zufallsdrift betreffen alle Gene gleichermaßen.

Bei der Analyse genetischer Variation sind zwei Aspekte zu unterscheiden:

- Variabilität innerhalb der Populationen, die am besten durch den Heterozygotiegrad beschrieben wird, also durch den Anteil der untersuchten Gene, die in mischerbigen Genotypen auftreten. Diese Variabilität ist die Voraussetzung für Selektion (gerichtete Genfrequenzänderungen) und damit auch für eine mögliche Anpassung einer Population an geänderte Umweltbedingungen.

- Diversität zwischen Populationen, also geographische Variation von Allelhäufigkeiten. Sie bestimmt das evolutionäre Potential des ganzen Populationsystems, da für die einzelnen Populationen Genfluß als Quelle neuer genetischer Variabilität wahrscheinlich wichtiger als Mutation ist.

Genetische Variabilität der Rotbauchunke

Bei der Rotbauchunke ist die genetische Variabilität innerhalb der Populationen sehr gering, auch die geographische Differenzierung ist eher schwach ausgeprägt (GOLLMANN et al., 1993; SZYMURA 1993). Ihr Verbreitungsgebiet wird durch die Karpaten in zwei Teile getrennt (ARNTZEN 1978). Im Norden (Polen) konnte mit Protein-Elektrophorese bisher überhaupt keine Variation festgestellt werden; im Süden (Donaubecken) wurden drei variable Genorte an zahlreichen Populationen untersucht. Dabei trat jeweils das im Norden fixierte Allel auch hier in hohen Frequenzen auf. Bei der Laktat-Dehydrogenase hat das seltene Allel *Ldh-1^M* am Unterlauf der Donau relativ hohe Häufigkeiten (bis 33 %), die nach Nordwesten hin rasch abfallen. Bei der Glukosephosphat-Isomerase und der Kreatinkinase besitzen die Rotbauchunken im Donauroum neben den „arttypischen“ auch die bei der Gelbbauchunke vorherrschenden Allele (*Gpi^S*, *Ck^F*). Der Übergang zwischen den nördlichen und südlichen Populationsgruppen in der Ukraine und in Rußland ist kaum untersucht, über die genetische Variabilität im Südosten des Verbreitungsgebiets ist nichts bekannt.

Welche Beziehung besteht zwischen genetischer Variation und Ausbreitungsgeschichte? Während der Eiszeiten waren große Teile ihres jetzigen Verbreitungsgebiets für die Rotbauchunke nicht bewohnbar, ihre Refugien lagen wahrscheinlich im Schwarzmeergebiet (ARNTZEN 1978). Bei der Variabilität der Populationen im Donauroum könnte es sich um alte Polymorphismen handeln, die von den nördlichen Populationen erst im Zug der nacheiszeitlichen Ausbreitung verloren wurden. Populationen in Refugialgebieten sind oft variabler als solche in erst relativ kurz besiedelten Landschaften, dies ist zum Beispiel auch bei der Gelbbauchunke der Fall (SZYMURA 1993). Eine

alternative Erklärungsmöglichkeit für die Polymorphismen von *Gpi* und *Ck* ist Introgression von Genen der Gelbbauchunke, also Genfluß durch die Hybridzone der beiden Unkenarten.

Die Rotbauchunken in Böhmen nehmen eine Zwischenstellung zwischen den nördlichen und südlichen Populationen ein: auch sie besitzen die Allele *Gpi*^S und *Ck*^F, allerdings in geringer Häufigkeit (PIALEK 1992; GOLLMANN et al., 1993); möglicherweise erfolgte die Besiedlung Böhmens aus beiden Richtungen. In einigen Randgebieten ihres Areals wie Böhmen und dem niederösterreichischen Waldviertel wurde die Ausbreitung der Rotbauchunke in historischer Zeit durch Rodungen und das Anlegen von Teichen begünstigt. In jüngerer Vergangenheit sind durch menschlichen Einfluß aber viele Lebensräume verloren gegangen, die Grenzen ihres Verbreitungsgebiets weichen wieder zurück (z. B. in der Slowakei, GOLLMANN et al., 1988).

Schlußfolgerungen

Welche Folgerungen lassen sich aus der geringen genetischen Variabilität der Rotbauchunke ziehen? Ist es um ihre Anpassungsfähigkeit, und damit um ihre evolutionäre Zukunft, schlecht bestellt? Diese Frage läßt sich nicht beantworten. Es ist unklar, in welchem Ausmaß die Variation quantitativer Merkmale parallel zu der elektrophoretisch erfassbarer Gene verteilt ist. Die genetischen Grundlagen des Zeichnungsmusters sind ebenso unbekannt wie die genetische Variabilität von für die Anpassungsfähigkeit wichtigen Eigenschaften der Fortpflanzungsbiologie und des Verhaltens. Zwei Schlußfolgerungen aus den vorliegenden Ergebnissen scheinen jedoch angebracht:

Zur Untersuchung kleinräumiger genetischer Variation der Rotbauchunke ist Protein-Elektrophorese kaum geeignet, da die erfassbare Variabilität zu gering ist. Für solche Studien ist der Einsatz von Methoden zur Analyse hochvariabler DNA-Sequenzen erforderlich.

Projekte zur „Biotopvernetzung“ von Lebensräumen der Rotbauchunke sollten mit demographischen Argumenten, deren Bedeutung unbestreitbar ist (vgl. GILPIN und HANSKI, 1991), begründet werden, und nicht mit dem Hinweis auf die Erhaltung der genetischen Variabilität, der zur Zeit nicht mit entsprechenden Daten untermauert werden kann.

Literatur

ARNITZEN, J. W. (1978): Some hypotheses on postglacial migrations of the fire-bellied toad, *Bombina bombina* (Linnaeus) and the yellow-bellied toad, *Bombina variegata* (Linnaeus). - J. Biogeogr. 5: 339-345.

GILPIN, M., HANSKI, I., Hrsg. (1991): Metapopulation dynamics: empirical and theoretical investigations. - London (Academic Press)

GOLLMANN, G., BORKIN, L. J., ROTH, P. (1993): Genic and morphological variation in the fire-bellied toad, *Bombina bombina* (Anura, Discoglossidae). - Zool. Jb. Syst. 120: 129-136.

GOLLMANN, G., ROTH, P., HÖDL, W. (1988): Hybridization between the fire-bellied toads *Bombina bombina* and *Bombina variegata* in the karst regions of Slovakia and Hungary: morphological and allozyme evidence. - J. Evol. Biol. 1: 3-14.

PIALEK, J. (1992): Revize rodu *Bombina* (Anura, Discoglossidae) v Československu. Dissertation, Brno.

STUGREN, B. (1980): Geographical variation of the Fire Bellied Toad (*Bombina bombina* (L.)) in the USSR. - Zool. Abh. Mus. Tierk. Dresden 36: 101-115.

SZYMURA, J.M. (1993): Analysis of hybrid zones with *Bombina*. In: HARRISON, R. G. (Hrsg): Hybrid zones and the evolutionary process - New York (Oxford University Press): 261-289.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Günter Gollmann

Institut für Zoologie, Universität Wien

Althanstraße 14

A-1090 Wien

Österreich

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [RANA](#)

Jahr/Year: 1993

Band/Volume: [SH_1](#)

Autor(en)/Author(s): Gollmann Günter

Artikel/Article: [Zur Populationsgenetik der Rotbauchunke 47-50](#)