Die Bedeutung von Habitatqualität und Isolation für genetische und demographische Parameter von *Trochoidea geyeri*

Markus Pfenninger und Andreas Bahl

Synopsis
Trochoidea geyeri (Helicellinae) is a small endangered landsnail, inhabiting dry and gappy grassland in a patchy distribution in the western part of Europe. In this report we display the current state of our work. A habitat analysis and motion study of *T. geyeri* indicate, that this snail species has low dispersal ability and high vegetation cover may function as dispersal barrier. The RAPD analyses of *T. geyeri* show a high degree of polymorphisms and resulted in characteristic banding patterns within each sample site. In comparison, some patterns showed high similarity to neighbouring sites, indicating gene flow between the sample sites.

Zwerg-Heideschnecke, RAPD-Analyse, Bewegungsprofil, Habitatqualität,

Trochoidea geyeri, RAPD-Analysis, Motion study, Habitat-Analysis.

1. Einleitung

Die Zwergheideschnecke (*Trochoidea geyeri*, Soós, (1926)) kommt in Deutschland auf südexponierten, offenen Trockenrasen auf kalkigem Untergrund mit geringem Bodenbedeckungsgrad vor (KERNEY & al. 1983). Über ihre Verbreitung existieren aufgrund der leichten Verwechselbarkeit mit optisch ähnlichen Arten (*Helicopsis striata* und *Candidula unifasciata*) nur ungenaue Angaben (MAGNIN 1989).

Die Art ist wegen der veränderten Bewirtschaftung, Fragmentierung, und Zerstörung ihrer Habitate stark gefährdet. Die Auswirkung dieser zunehmenden Isolation auf die genetische Struktur von Populationen und der sich daraus ergebenden Konsequenzen für die Fitness wurde bisher nur unzureichend untersucht (SCHONEWALD 1983). Im Rahmen des BMFT-Projektes »Bedeutung von Isolation, Flächenbedarf und Biotopqualität für das Überleben von Tier- und Pflanzenpopulationen in der Kulturlandschaft am Beispiel von Trockenstandorten (FIFB)« sollen molekulargenetische Methoden (RAPD-Fingerprinting) mit Freilanduntersuchungen verknüpft und effektive Artenschutzvorschläge erarbeitet werden.

Als Untersuchungsgebiet wurde der Hohenzeller Weinberg in Schlüchtern/Hessen gewählt. Dieser Standort liegt im Muschelkalkgebiet des Schlüchterner Landrückens, im Norden des Spessarts. Auf diesem aufgelassenen Weinberg findet man verschieden große Flächen, die aufgrund der geringen Mobilität und der Habitatpräferenz der Schnecken in unterschiedlichem Maße voneinander isoliert sind.

2. Methoden

Freilanduntersuchungen:
Auf jeweils 25 qm großen Untersuchungsflächen in den vermutlich reproduktiv voneinander getrennten Populationen wurden alle gefundenen Schnecken für «mark-recapture«-Methoden individuell markiert und ihr Fundort exakt in eine Rasterkarte eingetragen.

Eine vorläufige Habitatanalyse wurde anhand eines Transekt von 14 m Länge und 20 cm Breite erstellt, daß sich aus dem Trockenrasenbereich hinein in den umgebenden Waldsaum erstreckte.

Molekulargenetische Untersuchungen:
Für die populationsgenetischen Analysen wurden Tiere nach der Methode des «hierachical sampling« (McDONALD & MARTINEZ 1990) unter Berücksichtigung der Ergebnisse der Freilanduntersuchungen entnommen. Die DNA einzelner Individuen wurde isoliert und mittels RAPD-Fingerprinting analysiert. Die Methode beruht auf der Amplifikation von polymorphen, anonymen Loci des zu untersuchenden Genoms mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (WILLIAMS & al. 1990).

DNA-Isolation:
Die DNA ganzer Schnecken (inkl. Gehäuse) wurden nach SAMBROOK & al. (1989) extrahiert und über Nacht mit Proteinase K verdaut. Nach Phenol/Chloroform/Isoamylalkohol- sowie Chloroform/Isoamylalkohol-Extraktion wurde die DNA aus der wässrigen Phase mit 1 Vol Ethanol und 0.1 Vol 3 M Natriumacetat über Nacht bei -20° C präzipitiert. Die DNA wurde nach Zentrifugation und zweimaligen waschen in 70% Ethanol getrocknet und in Tris-EDTA-Puffer (pH 8.0) resuspendiert.

RAPD-Bedingungen:
Für die PCR-Reaktion wurden jeweils 5 bis 10 ng DNA als Templat eingesetzt. Die Reaktion erfolgte in

12.5 µL Volumen im Thermozykler PTC-100 (*Biozym*). Reaktionsgemisch: 1 x Amplifikationspuffer (*Eurogentec*), 0.1 mM jedes dNTP, 3 pmol Primer (*Operon*, USA), 0.3 U Taq-Polymerase (Goldstar, *Eurogentec*). PCR-Programm: 85° C / 2.30 min, 40 Zyklen je 92° C / 20 s, 40° C / 15 s, 72° C / 30 s (ramp: 3 s / 1° C).

3. Ergebnisse:

Die «mark-recapture« Versuche, die Anfang Mai begonnen wurden, brachten folgende Ergebnisse: Die Populationsdichte war zu Beginn der Untersuchung auf den einzelnen Untersuchungsflächen stark unterschiedlich und schwankte von 0,3 bis 3,3 Individuen/qm. Die Zahl der lebend wiedergefundenen Schnecken ging in den folgenden Wochen auf allen Flächen kontinuierlich zurück. Anfang Juli konnten auf keiner der Flächen mehr lebende *T. geyeri* nachgewiesen werden .

Durch die Kartierung der Wiederfunde von markierten Schnecken konnte ein Bewegungsprofil erarbeitet werden (Abb. 1). Die Individuen bewegten sich im Laufe der Untersuchung durchschnittlich 1,34 m (Sd = 0,98) von ihrem Erstfundort weg.

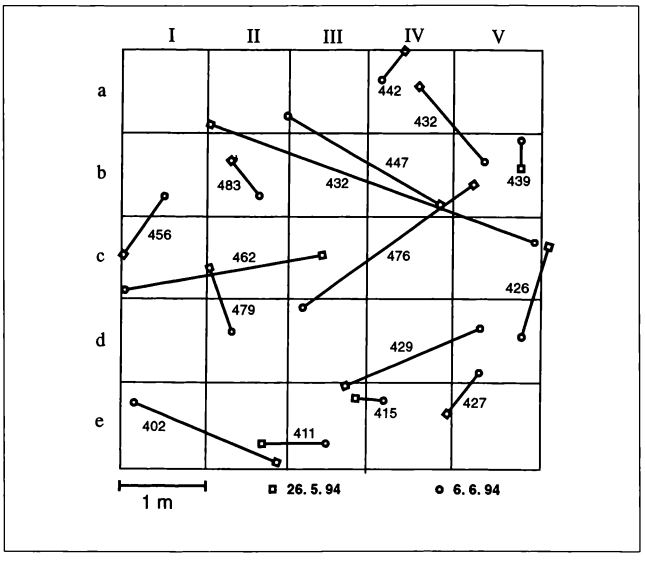

Abb. 1
Erfassung der Bewegung von *T. geyeri* auf einer Untersuchungsfläche von 25 qm. Dargestellt ist der jeweilige Fundort zu Beginn und am Ende des Untersuchungszeitraums von 12 Tagen (21. 5. – 6. 6. 1994).

Fig. 1
Motion study of *T. geyeri*. The movement of individual snails was examined within an area of 25 m². The graph represents the location of individual snails at the beginning and the end of the study, respectively (12 days, 21. 5. – 6. 6. 1994).

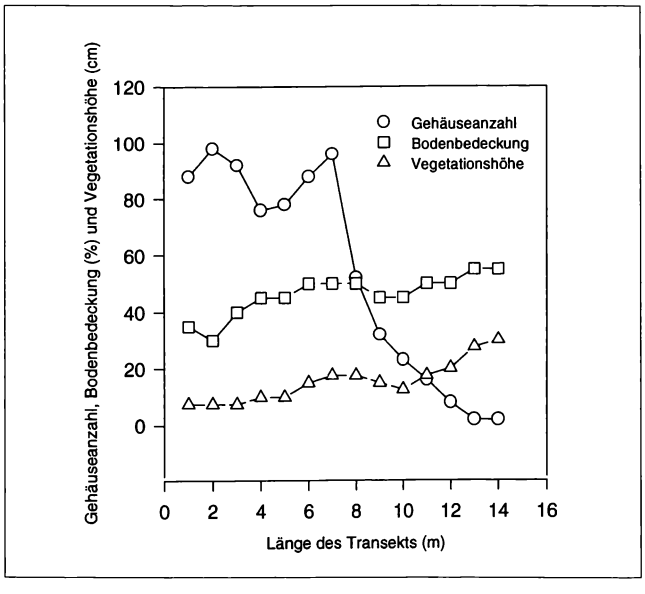

Abb. 2
Habitatanalyse von *T. geyeri*. Das Transekt wies eine Länge von 14 m und Breite von 20 cm auf und erstreckte sich aus dem Trockenrasenbereich hinein in einen umgebenden Waldsaum. Die Anzahl der gefundenen Gehäuse nimmt mit zunehmender Bodenbedeckung und Vegetationshöhe ab.

Fig. 2
Habitat analysis of *T. geyeri*. Shells of *T. geyeri* were collected at a dry grass area of 14 m x 0.2 m adjacent to a woodland. A decline in the number of shells could be observed in parallel with increasing level of vegetation.

Für eine erste Habitatanalyse mußten aufgrund der mangelnden Verfügbarkeit von lebenden Tieren die Gehäuse von toten Schnecken herangezogen werden. Aufgrund der geringen Mobilität der Schnecken erscheint dies unproblematisch. Weiterhin wurden auf den Abschnitten des Transekts Gehäuse aller Größenordnungen gefunden, was darauf hinweist, daß *T. geyeri* während ihrer gesamten Entwicklung nicht das Habitat wechselt. Die Transektuntersuchung bestätigte die in der Literatur (s. Einleitung) angegebene Habitatpräferenz (Abb. 2).

Aus der beobachteten Mobilität ergeben sich auch Anhaltspunkte für einen sinnvollen Abstand der Sammelorte für die molekulargenetischen Untersuchungen, während die Untersuchungen zur Populationsdichte einen Hinweis auf eine geeignete Probenzahl lieferte.

Die Ergebnisse der RAPD-Analyse von Tieren aus den unterschiedlichen Flächen zeigen, daß sich mit allen getesteten Primern ein hoher Grad von Polymorphismen aufzeigen läßt. Dabei weisen Tiere räumlich benachbarter Standorte teilweise Ähnlichkeiten in ihrem Bandenmuster auf, was auf einen genetischen Austausch hinweist. Mit dem Primer OPP-15 wurde die genetische Variabilität von Individuen in einem Radius von etwa 25 m untersucht (Abb 3). Für jeden der drei Sammelorte wurde ein charakteristisches Bandenmuster gefunden. Einige Individuen zeigen jedoch auch Gemeinsamkeiten mit den jeweiligen benachbarten Fundorten (s. Abb. 3). Ähnliche Ergebnisse ergaben sich auch für die anderen Sammelorte. Interpopulationsspezifische Variationen in Form bestimmter populationsdiagnostischer RAPD-Marker zwischen den Individuen von *T. geyeri* wurden bisher nicht gefunden. Allerdings konnten, mittels einer vorläufigen Clusteranalyse aus den generierten RAPD-Markern von 40 Individuen, zwei Populationen definiert werden, die durch einen Waldsaum voneinander getrennt sind.

4. Diskussion

Unsere Ergebnisse zeigen, daß schon eine geringe Vergrößerung der Vegetationsdichte und -höhe gegenüber dem auf dem Trockenrasen vorherrschenden Maß eine Barriere für *T. geyeri* darstellen kann. Ein Grund dafür könnte, neben sich verändernden mikroklimatischen Parametern, die verstärkte dreidimensionale Strukturierung der von *T. geyeri* genutzten Fläche sein. Diese stärkere fraktale Strukturierung und die geringe Ausbreitungsfähigkeit der Schnecken, die zudem ungerichtet erfolgt, wirken sich offenbar negativ auf die effektive Schneckendichte am Rande solcher Barrieren (z.B. Waldsaum) aus. Die Ergebnisse zeigen, daß freilandökologische Daten als Grundlage für das Planen populationsgenetischer Studien benutzt werden sollten. Im Gegensatz zu morphologischen Polymorphismen, wie Farbe oder Bänderung der Schneckengehäuse, lassen sich durch RAPD-Fingerprints nicht nur Tiere individualisieren und damit die genetische Variabilität innerhalb von Populationen klären, sondern auch die genetische Beziehung zwischen Populationen auf mikrogeographischer Ebene untersuchen.

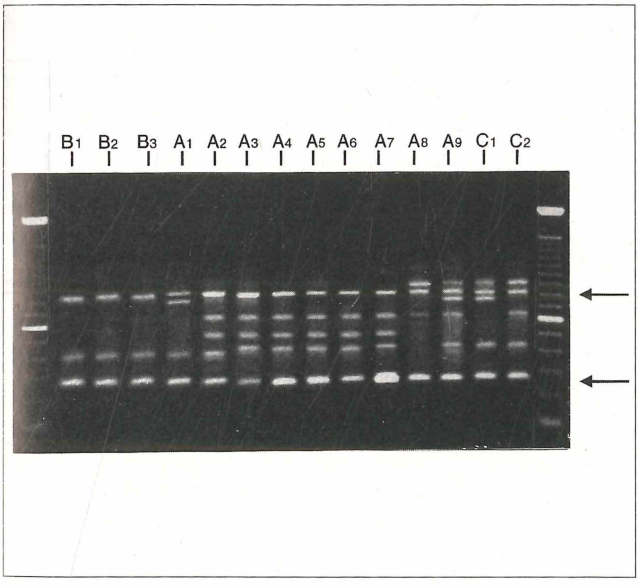

Abb. 3
RAPD-Analyse von *T. geyeri*. Einzelne Individuen von *T. geyeri* wurden innerhalb eines Radius von 25 m gesammelt. Der Primer OPP-15 liefert ein für die Standorte A und B charakteristisches Bandenmuster. Die beiden Individuen des Sammelorts C weisen dagegen Ähnlichkeiten mit Tieren von Standort A auf (vgl. A8 – C2 u. A9 – C1). Pfeile kennzeichnen die für alle Individuen monomorphe Banden.

Fig. 3
RAPD analysis of *T. geyeri*. Individual snails were collected at three locations within a radius of 25 m. The amplification with the primer OPP-15 resulted in a characteristic banding pattern for locations A and B, whereas the pattern of snails collected from C showed high similarity to those of site A (see A8 – C2 u. A9 – C1). Arrows indicate two amplification fragments monomorphic for all individual snails.

5. Literatur

KERNEY, M.P., CAMERON, R.A.D., & J.H. JUNGBLUTH, 1983: Die Landschnecken Nord- und Mitteleuropas Verlag. – Paul Parey, Hamburg, Berlin.

MAGNIN, F., 1989: Les distributions pléistocène et actuelle de *Trochoidea (Xeroclausa) geyeri* (Soós, 1926) (Gastropoda, Helicidae) dans le Sud-Est de al France: un exemple de disjunction d«aire liée au réchauffement post-glacier. Bull. Soc. géol. France, t.v., n° 4, 4 pp. 779–786.

MCDONALD, B.A. & J.P. MARTINEZ, 1990: DNA restriction fragment length polymorphisms among *Mycosphaerella graminicola* (anamorph *Septoria tritici*) isolates collected from a single wheat field. – Phytopathol., 80: 1368–1373.

SAMBROOK, J., FRITSCH, R.F. & T. MANIATIS, 1989: Molecular Cloning: A Laboratory Manual. – Cold Spring Habour, New York.

SCHONEWALD, C.M., CHAMBERS, S.M., MCBRYDE, B. & L. THOMAS, 1983: Genetics and conservation. – Benjamin/Cummings, Menlo Park.

WILLIAMS, J.G.K., KUBELIK, A.R., RAFALSKI, J.A. & S.V. TINGEY, 1990: DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucl. Acids Res., 18: 6531 –6535.

Adresse

Dipl.-Biol. Markus Pfeninnger, Dr. Andreas Bahl
Abt. Ökologie, Zoologisches Institut
JW Goethe-Universität, Siesmayerstr. 70
D-60054 Frankfurt am Main.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie

Jahr/Year: 1995

Band/Volume: 24_1995

Autor(en)/Author(s): Bahl Andreas, Pfenninger Markus

Artikel/Article: Die Bedeutung von Habitatqualität und Isolation für genetische und demographische Parameter von Trochoidea geyeri 215-218