

Anwendungsmöglichkeiten der Populationsgenetik für den Artenschutz

Michael Veith und Alfred Seitz

Synopsis

Population genetics has become an important tool for conservation biology, especially under the aspect of an increasing effect of genetic stochasticity on population vulnerability with decreasing population size. Population genetic analyses can contribute to problems of spatial distribution of genetic variability, correlation between genetic variability of populations and intrinsic and extrinsic parameters, and estimation of gene flow (strength, direction, isolation barriers).

Population genetic analyses can estimate parameters of population interaction that can not or hardly be estimated by means of population ecological techniques. Thus population genetics can contribute significantly to population vulnerability analyses (PVAs).

Populationsgenetik, Artenschutz, genetische Diversität, Genfluß

population genetics, species conservation, genetic diversity, gene flow

1. Einleitung

Der weltweite Artenrückgang in den letzten Jahrhunderten ist hauptsächlich auf direkte Verfolgung durch den Menschen, die Einführung gebietsfremder Arten sowie Habitatzerstörung zurückzuführen (siehe z.B. ZISWILLER 1967). Der Artenschutz versucht diesem Trend entgegenzuwirken. Obwohl politische, ökonomische und gesellschaftliche Zwänge maßgeblich die Entscheidungen im Artenschutz prägen, ist ein vernünftiger wissenschaftlicher Hintergrund, wie z.B. die Erkenntnisse aus der 'Naturschutzgenetik', eine wichtige Voraussetzung, um planungsrelevante Informationen ableiten zu können. So können die Erkenntnisse aus populationsgenetischen Untersuchungen genutzt werden, weiterer Aussterbeprozesse zu minimieren, auch wenn vielfach demographische Parameter eine größere, die genetischen Prozesse überlagernde Rolle spielen.

SHAFFER (1981) formulierte eine umfassende Perspektive der Extinktionsprozesse und stellte extrinsische den intrinsischen und stochastische den deterministischen Gefährdungsfaktoren gegenüber:

extrinsische Faktoren:

- **Umweltstochastizität** (Prädatoren, Konkurrenz, Krankheiten etc.)
- **Katastrophen** (Feuer, Flut, Trockenheit etc.)

intrinsische Faktoren:

- **demographische Stochastizität** (z.B. Veränderung des Geschlechterverhältnisses, Variation in Geburten- und Sterberate etc.)
- **genetische Stochastizität** (z.B. genetische Drift, Heterozygotieverlust, Inzuchtdepression etc.)

Die genetische Stochastizität kann insbesondere in kleinen, isolierten Populationen – und gerade solche sind meist das Ergebnis einer zunehmenden Landschaftsfragmentierung und somit Ziel von Schutzkonzepten bzw. -bemühungen – deren genetische Struktur rasch verändern und zum Verlust genetischer Variation führen. Die Möglichkeiten synergistischer Wirkungen unterschiedlicher Gefährdungsfaktoren kann zudem die Bedeutung der genetischen Stochastizität für die Überlebensfähigkeit der Populationen noch erhöhen.

Als Ziel des Artenschutzes läßt sich somit formulieren:

Erhalt evolutionsfähiger Populationen, deren genetisches Potential es ihnen erlaubt, auf Umweltveränderungen zu reagieren.

(vgl. z.B. LOESCHCKE 1988)

Diese Definition impliziert, daß wir (1) das genetische Potential abschätzen können, und (2) genetisches Potential und Reaktionspotential korreliert sind.

In Form der Erfassung und Bewertung der oben genannten Gefährdungsfaktoren und ihrer interaktiven Wirkung auf Populationen wurde von GILPIN & SOULÉ (1986) das Instrument der Populations-Gefährdungs-Analyse ('population vulnerability analysis, PVA') eingeführt. Sie soll unter Einbeziehung auch der genetischen Komponente eine Überlebenswahrscheinlichkeit von Populationen und der durch sie repräsentierten genetischen Diversität einer zu schützenden Art unter bestimmten Vorgabeparametern und für einen zu definierenden Zeitraum abschätzen.

Die Abschätzung des genetischen Potentials erfolgt über die Analyse von Genen (DNA-Analysen) bzw. deren Produkten (Allozymelektrophorese). Die zum Einsatz kommenden molekularen Methoden sind unter anderem die Allozymelektrophorese, DNA-Fingerprinting, DNA-Sequenzierung, PCR-RAPD (RADP = random amplified polymorphic DNA) (vgl. auch HEDRICK & MILLER 1992).

Bei all diesen Untersuchungen wird lediglich die genetische Variation einer begrenzten Zahl an Genorten untersucht. Andere Genorte können durchaus auch andere Differenzierungsmuster aufweisen. Der Adaptivwert der hierbei beschriebenen genetischen Varianten ist zudem in der Regel nicht bekannt. Allgemein geht man jedoch davon aus, daß zum Beispiel Allozyme selektions-neutral sind und somit ein Spiegelbild der gesamten individuellen genomischen Diversität eines Organismus' darstellen. Allerdings gibt es in der Debatte um die Selektionsneutralität der Allozym-Genorte bis heute keinen Konsens (vgl. z.B. KIMURA 1983, ZOUROS & FOLTZ 1987). Es gibt sogar eine Reihe von Hinweisen darauf, daß in bestimmten Fällen Allozympolymorphismen mit Fitneß-Parametern direkt korreliert sind.

Für die positive Korrelation von individueller Heterozygotität mit Fitness-Parametern gibt es in der Literatur zahllose Beispiele (siehe z.B. Übersichten bei ALLENDORF & LEARY 1986, LEDIG 1986). Diese rechtfertigen die Einbeziehung genetischer Untersuchungen in Populations-Gefährdungs-Analysen.

Aus dem bisher gesagten und der populationsgenetischen Theorie läßt sich unter genetischen Gesichtspunkten eine Präzisierung der oben genannten Ziele des Artenschutzes ableiten:

Erhalt möglichst großer Populationen mit größtmöglicher genetischer Diversität.

2. Arbeitsfelder der Populationsgenetik im Artenschutz

Die Populationsgenetik kann zu zahlreichen, im Rahmen einer PVA relevanten Fragen Antworten und Abschätzungen liefern, von denen einige nur schwer oder gar nicht durch populationsökologische Untersuchungen abgedeckt werden können:

- (1) Genetische Struktur von Populationen (Beschreibung und Analyse)
- (2) Adaptivwert genetischer Variation (Selektion auf Varianten)

- (3) Bedeutung von Heterozygotie (Heterozygotie und Fitneß)
- (4) Genfluß zwischen Populationen
- (5) Inzucht- und Auszucht-Depression (Effektive Populationsgröße, Populationszusammenbruch durch Hybridisierungen, etc.)

Im Rahmen des BMFT-Forschungsverbundes »Zur Bedeutung von Isolation, Flächengröße und Biotoptqualität für die Überlebensfähigkeit von Tier- und Pflanzenpopulationen in der Kulturlandschaft am Beispiel von Trockenstandorten« (siehe FIFB 1993)) führt die Abteilung Populationsbiologie der Johannes Gutenberg-Universität Mainz populationsgenetische Untersuchungen an ausgewählten Zielarten durch (Teilprojekt VIII: Genetische Analyse). Da die genetischen Analysen im Rahmen dieses Projektes erst angelaufen sind, wird sich die vorliegende Publikation vorwiegend auf Beispiele aus anderen Forschungsprojekten stützen müssen. Bedingt durch die Gesamtkonzeption dieses Verbundprojektes liegt der Arbeitsschwerpunkt eindeutig auf den Fragenkomplexen (1) und (4). Informationen zu Punkt (5) sind nur als Beiprodukte zu erwarten.

Im folgenden werden einige Fragen formuliert, welche im Rahmen populationsgenetischer Untersuchungen von Populationsverbundsystemen zu den voranstehend genannten Themenkomplexen (1) und (4) gestellt werden können. Anhand konkreter Beispiele werden Antworten auf diese Fragen gegeben.

2.1 Welche genetischen Varianten gibt es, und wie sind sie auf die Populationen einer Zielart verteilt ?

Bei Untersuchungen zur Allelverteilung an 14 Allozym-Genorten des Feuersalamanders (*Salamandra salamandra*) in der Bundesrepublik Deutschland (Untersuchung von 14 Gebirgszügen) fand VEITH (1992a) weitgehend congruente Verteilungsmuster der Allele an den beiden polymorphen Genorten Phosphoglucomutase (Pgm) und Kreatinkinase (Ck-1) (vgl. Abb.1). Die jeweiligen Mischregionen liegen im Westen des Untersuchungsgebietes. Das gefundene Verteilungsmuster beschreibt eine Zone sekundären Kontaktes zweier postglazial immigrierender Salamander-Formen, deren westliche Intergradationszonen-Grenze im Rheinischen Schiefergebirge liegt.

Die schützenswerte genetische Diversität des Feuersalamanders in der BRD verteilt sich somit auf zwei Unterarten, wobei Detailuntersuchungen im und Schutzkonzeptionen für den westlichen Bereich des Landes die dortige Situation aktueller Intergradation zweier distinkter evolutiver Linien berücksichtigen müssen.

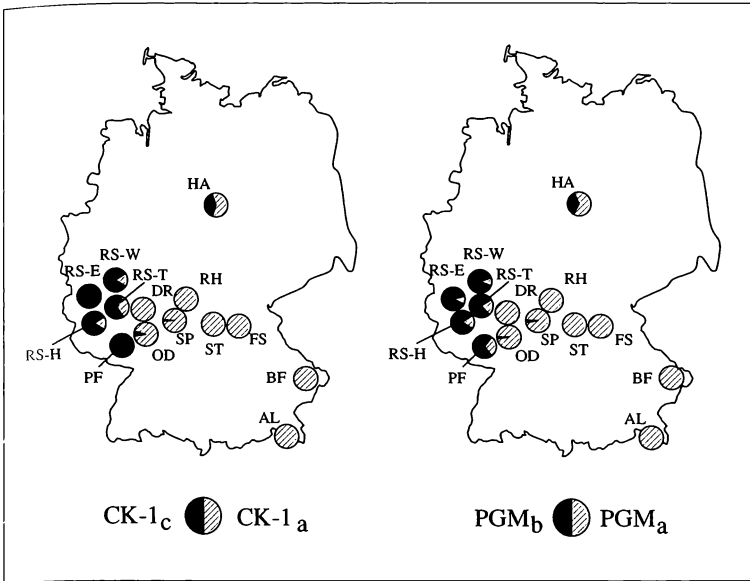


Abb. 1
Räumliche Verteilung der Allele zweier polymorpher Gene Pgm und Ck-1 auf Populationen des Feuersalamanders (*Salamandra salamandra*) in 14 Gebirgszügen der Bundesrepublik Deutschland (aus Veith 1992a; Abkürzungen siehe dort).

Fig. 1
Spatial allele distribution at two polymorphic loci Pgm and Ck-1 in populations of *Salamandra salamandra* from 14 mountain ranges in Germany (from Veith 1992a).

2.2 Wie variabel sind die Populationen meiner Zielart, und von welchen Parametern hängt diese Variabilität ab ?

NICKLAS (unveröffentlicht) untersuchte detailliert die von VEITH (1992a) beschriebene Grenze der Intergradationszone des Feuersalamanders im Hunsrück (Rheinisches Schiefergebirge). Den Heterozygotiegrad der von ihr untersuchten 43 Populationen fand sie auf dem 5%-Niveau signifikant korreliert mit der Dichte der Feuersalamanderlarven (hier als Schätzmaß für die Populationsgröße gewählt) in den untersuchten Bachabschnitten.

Im Rahmen einer zielarten- und landschaftbezogenen PVA ist es wichtig, die Ursachen für eine nachgewiesene genetische Monomorphie von Populationen soweit wie möglich abzuschätzen. Die oben beschriebene positive Korrelation zwischen Heterozygotiegrad und Populationsgröße entspricht der populationsgenetischen Theorie und stellt eine detektierbare Möglichkeit des kausalen Zusammenhanges dieser beiden Größen dar.

Neben der Populationsgröße selbst kann bei kleinen Populationen der Genfluß zwischen Populationen die Heterozygotie signifikant beeinflussen. Am Beispiel des Grasfrosches (*Rana temporaria*) konnten REH & al. (1992) zeigen, daß der mittlere Heterozygotiegrad stark isolierter Populationen signifikant geringer ist als der mittel bis gering isolierter Populationen.

Tab. 1
Mittlerer allozymatischer Heterozygotiegrad von Grasfroschpopulationen (*Rana temporaria*) in der Saarpfälzischen Moorniederung, gruppiert nach dem Isolationsgrad der Populationen (aus REH & al. 1992); die Unterschiede zwischen stark und mittel isoliert, bzw. stark und gering isoliert sind signifikant ($p < 5\%$).

Tab. 1
Mean heterozygosity of *Rana temporaria* populations in the 'Saarpfälzische Moorniederung'; populations are grouped according to their degrees of isolation (from REH & al. 1992); the differences between strong and intermediate degrees of isolation and strong and weak degrees of isolation, respectively, are significant ($p < 5\%$).

Isolationsgrad	Mittelwert	Varianz	Anzahl Werte
stark isoliert	0,031	1,1 x 10 ⁴	12
mittel isoliert	0,040	2,2 x 10 ⁴	27
gering isoliert	0,042	2,0 x 10 ⁴	11

2.3 Gibt es eine genetisch nachweisbare Subpopulationsstruktur ?

Einschränkungen des Genflusses zwischen Teilpopulationen im weitesten Sinne können zu einer genetisch nachweisbaren Strukturierung einer Gesamtpopulation führen. Die hierfür verantwortlichen Iso-

lationsfaktoren können genetischer (z.B. reduzierte Kompatibilität der Genome), morphologischer (z.B. unterschiedliche Paßgenauigkeit von Begattungsorganen) ökologischer (z.B. Wirtspflanzenwahl bei phytophagen Insekten), ethologischer (z.B. bei Vorliegen von Verwandtenselektion), temporaler (z.B. bei Vorliegen zeitlich getrennt aufeinanderfolgender und nur bedingt überlappender Subpopulationen) oder physikalischer (räumliche Isolation) Natur sein.

Mittels der hierarchischen F-Statistik nach WRIGHT (1978; Insel-Modell) oder WEIR & COCKERHAM (1984; stepping stone-Modell) lassen sich Inzuchtkoeffizienten für den Vergleich der drei Ebenen 'Individuum (I)', 'Subpopulation (S)' und 'Totalpopulation (T)' berechnen. Die Strukturierung einer Gesamtpopulation in mehr oder weniger voneinander isolierte Teilpopulationen wird hierbei durch den Wert F_{ST} beschrieben. Diese populationsgenetische Maßzahl liegt aufgrund vorläufiger und nur bei relativ wenigen Populationen durchgeführter Untersuchungen an der Berghexe (*Chazara briseis*) im Porphyrkuppengebiet bei Halle, dem Hauptuntersuchungsgebiet des FIFB-Projektes, an allen untersuchten Genorten relativ niedrig (vgl. Tab.2) und weist somit auf eine gering ausgeprägte Subpopulationsstruktur dieser Schmetterlingsart in diesem Landschaftsraum hin, d.h. der Genfluß zwischen den Teilpopulationen scheint offenbar gut zu funktionieren.

2.4 Wie stark ist der Genfluß zwischen den Populationen ?

Vor dem Hintergrund verstärkter Diskussionen über 'Vernetzte Biotopsysteme' bzw. 'Biotopverbundsysteme' hat das Stichwort 'Genfluß' einen hohen Stellenwert erhalten. Leider jedoch ist dieser Begriff vielfach zur inhaltsleeren Floskel verkommen, da aktuell wirkender bzw. nicht wirkender Genfluß in den meisten Fällen aus der subjektiven, anthropozentrischen Betrachtung eines Landschaftsraumes abgeleitet wird, ohne auch nur ansatzweise den Versuch einer sinnvollen Genfluß-Abschätzung zu unternehmen.

Genfluß setzt nicht nur eine Ortsveränderung von Individuen oder Gameten voraus, sondern auch, daß die immigrierten Gene in die Population aufgenommen werden. Im Falle von Tierpopulationen kann der Nachweis von Genfluß nur geführt werden, wenn bewiesen wurde, daß (1) Individuen von einer Population in die andere gewandert sind, und (2) die eingewanderten Individuen reproduktiv erfolgreich sind.

Eine Bestimmung des Ausmaßes des Genflusses ist nur möglich, wenn (3) alle in eine Population immigrierenden Individuen erfaßt wurden und ihr reproduktiver Erfolg bestimmt wurde. Diese Beweise sind im Rahmen populationsökologischer Untersuchungen kaum führbar.

Tab. 2

Hierarchische F-Statistik nach WEIR & COCKERHAM (1984) für fünf Populationen der Berghexe (*Chazara briseis*) aus dem Porphyrkuppengebiet bei Halle/Saale (JOHANNESSEN, unveröffentlicht).

Tab. 2

Hierarchical F-statistics of WEIR & COCKERHAM (1984), calculated for five populations of *Chazara briseis* from Halle (JOHANNESSEN, unpublished data).

Locus	F_{IT}	F_{IS}	F_{ST}
Acon-1	0,216	0,079	0,149
Acon-2	0,116	0,104	0,013
Ak	-0,007	0,024	0,000
Apk-2	-0,048	-0,099	0,047
Got-1	-0,156	-0,147	0,000
Got-2	0,141	0,114	0,031
G-6-pdh	0,304	0,272	0,043
Hk	-0,062	-0,046	0,000
Idh	-0,073	-0,106	0,029
Mpi	0,002	0,017	0,000
Pep-A	-0,095	-0,093	0,000
Pep-B	0,356	0,351	0,007
Pep-C	0,100	0,083	0,018
Pgi	0,188	0,192	0,000
Pgm	0,239	0,176	0,077
alle Loci	0,102	0,084	

Populationsgenetische Methoden bieten die Möglichkeit, Genfluß zwischen Populationen zu schätzen. Solche Schätzungen stellen ein Integral über Raum und Zeit dar, da sie (1) das Produkt aller innerhalb des untersuchten Populationsverbundes stattfindenden reproduktiv erfolgreichen Austauschprozesse schätzen, und (2) auch das Ergebnis historischer genetischer Austauschprozesse widerspiegeln. Es gibt mehrere Methoden und Parameter der Genfluß-Abschätzung, auf die hier nicht näher eingegangen werden soll.

Den Genfluß-Schätzparameter ' $N_e m$ ' (= Produkt aus der effektiven Populationsgröße N_e und der Migra-

Tab. 3
Mittlere geographische (D_G) und mittlere genetische (D_N) Distanzen sowie Genfluß-Schätzparameter $N_{e,m}$ zwischen Populationen von *Salamandra salamandra* in unterschiedlich dimensionierten und strukturierten Untersuchungsgebieten (nach Daten von VEITH 1991, 1992b).

Tab. 3
Mean geographical distances (D_G), mean genetic (D_N) distances, and gene flow estimates ($N_{e,m}$) between populations of *Salamandra salamandra* in study areas of different size and structure (data from VEITH 1991, 1992b).

Region	n_{pop}	D_G [km]	F_{ST}	D_N	$N_{e,m}$
Boppard	13	1,76	0,019	0,0009	13,26
West-Pyrenäen	13	17,6	0,093	0,0026	2,44
Rh. Schiefergeb.	30	37,3	0,049	0,0037	4,89

tionsrate m) schätzte VEITH (1991) für Feuersalamander-Populationen nach der Beziehung $F_{ST} = 1/(4N_{e,m}+1)$ (siehe z.B. NEI 1975) in unterschiedlich großen Untersuchungsgebieten (Rheinisches Schiefergebirge, Westpyrenäen; vgl. Tab. 3). Hierbei sind weniger die Absolut-, als vielmehr die Relativwerte interessant. Sie zeigen deutlich, daß in der kleinräumig untersuchten Region um die Stadt Boppard (Mittelrheintal, Rheinisches Schiefergebirge, BRD) der Genfluß am größten ist. In den Westpyrenäen ist der Genfluß trotz geringerer durchschnittlicher Entfernung der untersuchten Populationen zueinander geringer als im Rheinischen Schiefergebirge, da hier die zwischen den Populationen liegenden Bergrücken bedeutend trockener und damit dispersionshemmender sind als im Rheinischen Schiefergebirge.

2.5 Können wir die Hauptwege des Genflusses in der Natur beschreiben ?

Genfluß zwischen benachbarten Bachpopulationen des Feuersalamanders kann über zwei prinzipielle Wege erfolgen: (1) entlang der die Populationen verbindenden Fließgewässer und (2) senkrecht zu den Gewässern, d.h. über die trennenden Wasserscheiden hinweg. Aufgrund multivariater Analysen der genetischen Differenzierung von Salamander-Populationen in Abhängigkeit von der geographischen Distanz derselben sowohl entlang der Gewässer als auch über die Wasserscheiden hinweg konnten REH & al. (1992) ein Schema des Individuenaustausches zwischen zwei Populationen entwickeln (Abb. 2), das die Dominanz der Migration/Dispersion über Land widerspiegelt.

2.6 Welche Landschaftstrukturen behindern den Genfluß ?

Diese Frage ist im Rahmen des FIFB-Projektes sowie auch für PVAs von besonderem Interesse, da hiermit das Problem der Quantifizierung der Isolationswirkung natürlicher und anthropogener Landschaftselemente angesprochen wird.

REH (unveröffentlicht) setzte im Rahmen seiner populationsgenetischen Studien am Grasfrosch (*Rana temporaria*) die zwischen den Populationen paarweise errechneten genetischen Distanzen in Beziehung zu den Landnutzungsformen zwischen ihnen. Hierbei filterte er die Kilometerbereiche als 'Fenster' heraus, in denen zwischen der genetischen Differenzierung der Populationen und der Häufigkeit einer bestimmten Landnutzungsform im Interhabitatraum eine signifikante Korrelation bestand. Bei stark trendenden Faktoren sollten hierbei die Fenster sehr schmal sein, bei verbindenden Faktoren hingegen sollten sie relativ breit sein.

Autobahnen erwiesen sich als Landschaftselemente mit relativ starker Trennwirkung (Fensterbreite 3–4 km), während wassergefüllte Gräben in verschiedenen Fenstern zwischen 5 und 40 km signifikante Korrelationen zuließen und somit als vernetzende Strukturen angesehen werden können (Tab.4).

3. Schlußbetrachtung

Die voranstehend beschriebenen Beispiele beantworteten an ausgewählten Arten Fragen, die im Rahmen von PVAs relevant sind und von seiten des Artenschutzes sowie der Populationsökologie an die Populationsgenetik gerichtet werden. Sie lassen sich,

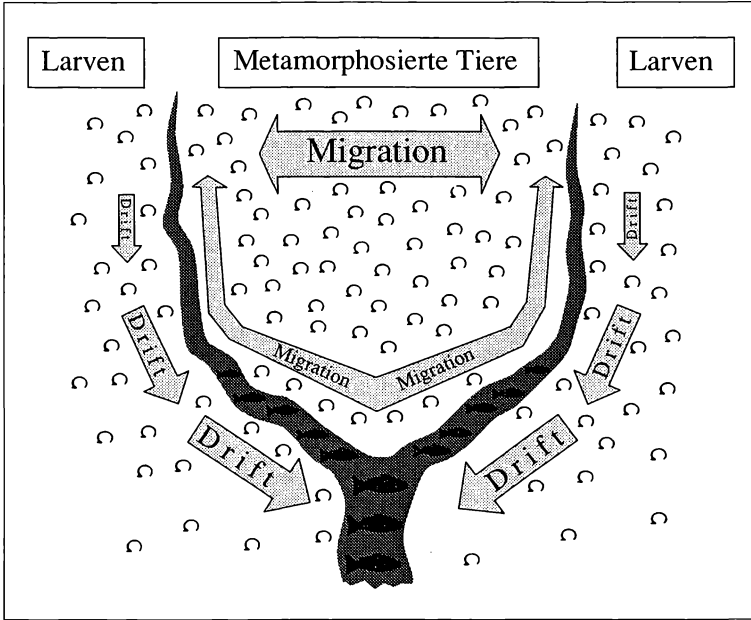


Abb. 2
Schema des Individuenaustausches zwischen zwei benachbarten Populationen des Feuersalamanders in den Oberläufen zweier Mittelgebirgsbäche; die Breite der Pfeile spiegelt, allerdings nicht maßstabsgetreu, die relative Bedeutung der Austauschwege wider (aus REH & al. 1992).

Fig. 2
Exchange of individuals between neighbouring populations of *Salamandra atra* in the upper parts of two mountain brooks; the width of the arrows indicates the relative importance of the different ways of specimen translocation (from REH & al. 1992).

Tab. 4
Kilometer-Bereiche signifikanter Korrelationen zwischen der genetischen Differenzierung von Grasfroschpopulationen (*Rana temporaria*) und den zwischen ihnen liegenden Landschaftstrukturen (REH, unveröffentlicht).

Tab. 4
Distance ranges of significant correlations between the genetic differentiation of common frog populations (*Rana temporaria*) and the land use in between (REH, unpublished data).

km-Bereich	Fächennutzung	p
< 3	Autobahn	0,03
< 4	Bahnlinie	0,03
< 5	Grünland	< 0,001
< 8	Grünland	< 0,001
< 10	Grünland	< 0,001
< 15	Gräben	0,01
< 40	Gräben	0,01
2-5	Grünland	0,01
2-7	Grünland	< 0,001
3-7	Grünland	0,01
3-7	Bahnlinie	0,01
5-10	Gräben	< 0,001
10-30	Gräben	0,03

ergänzt durch einige weitere, jedoch nur in speziellen Fällen einsetzbare Aspekte, in einer abschließenden Übersicht wie folgt zusammenfassen:

- Beschreibung der Verteilung genetischer Variation in natürlichen Populationen der Zielarten
 - Allel-/Variantenverteilung
 - Genotypverteilung
 - Verteilung von Multilocus-Genotypen
- Analyse der Verteilung genetischer Variation in natürlichen Populationen der Zielarten
 - Heterozygotiegrade
 - F-Statistik
 - linkage disequilibrium
- Genfluß-Analyse
 - Stärke des Genflusses
 - Wege des Genflusses
 - Detektion und Quantifizierung von Isolationsfaktoren

Nicht alle Aspekte lassen sich bei allen Arten sinnvoll bearbeiten. Zudem erfordern einige Betrachtungen die Bearbeitung sehr großer Stichproben (z.B. Multilocus-Genotypen, 'linkage disequilibria'). Eine so eindeutige Beantwortung der gestellten Fragen wie in den genannten Beispielen ist selbstverständlich trotz sorgfältiger Planung des Untersuchungsdesigns nicht immer möglich.

Es muß im Rahmen angestrebter Untersuchungen sichergestellt werden, daß Individuen der zu untersuchenden Arten in ausreichender Stichprobengröße an einer ausreichenden Zahl von Standorten gefangen und gegebenenfalls auch entnommen werden können. Solche Untersuchungen würden sich allerdings *ad absurdum* führen, wenn hierbei die Populationen der untersuchten und gegebenenfalls schutzbedürftigen Arten nachhaltig geschädigt würden. Zudem müssen diese ausreichend polymorph sein, um bei einer populationsgenetischen Analyse sinnvolle Aussagen zuzulassen (allgemeingültige Polymorphiegrenzen lassen sich jedoch nicht formulieren).

Im Rahmen einer PVA können weder die Populationsgenetik noch die Populationsökologie für sich genommen den Anspruch erheben, eine umfassende Analyse der Populationsgefährdung durchführen zu ermöglichen. Beide Disziplinen der Populationsbiologie müssen interaktiv und auf der Basis einer fundierten landschaftsökologischen Analyse die Charakteristika der Populationen und ihrer Interaktionen beschreiben und analysieren, um über eine abschließende Modellierung des fraglichen Populationsverbundes Überlebenswahrscheinlichkeiten bei unterschiedlichen Eingriffs- und Entwicklungsszenarien und unter Wahrung ihrer genetischen Diversität abschätzen zu können.

4. Zusammenfassung

Die Bedeutung der Populationsgenetik für den Artenschutz ergibt sich aus der Tatsache, daß genetische Stochastizität ein wesentlicher Gefährdungsfaktor insbesondere in kleinen, isolierten Populationen darstellt. Anhand konkreter Beispiele werden Analyse-möglichkeiten zu den Themenbereichen 'Beschreibung und Analyse der räumlichen Verteilung genetischer Variation', 'Abhängigkeit der genetischen Variabilität der Populationen von intrinsischen und extrinsischen Faktoren', 'Populations-Strukturierung' sowie 'Abschätzung von Stärke, Richtung und Behinderung/Förderung des Genflusses zwischen Populationen' vorgestellt.

Gemeinsam mit der Populationsökologie und der Modellierung stellt die Populationsgenetik eine wesentliche Teildisziplin bei einer sinnvollen Durchführung von Populations-Gefährdungs-Analysen (PVAs) dar.

Literatur

- ALLEN DORF, F. W. & R. F. LEARY, 1986: Heterozygosity and fitness in natural populations of animals. – In: SOULÉ, M. (Ed.): Conservation biology – the science of scarcity and diversity. – Sinauer, Sunderland: 57–76.
- FIFB (1983): Bedeutung von Isolation, Flächengröße und Biotopqualität für das Überleben von Tier- und Pflanzenpopulationen in der Kulturlandschaft am Beispiel von Trockenstandorten. – Z. Ökol. Naturschutz 2:58–60.
- GILPIN, M. E. & M. E. SOULÉ, 1986: Minimum viable populations: Processes of species extinction. – In: SOULÉ, M. (Ed.): Conservation biology – the science of scarcity and diversity. – Sinauer, Sunderland: 19–34.
- HEDRICK, P. W. & P. S. MILLER, 1992: Conservation genetics: Techniques and fundamentals. – Ecol. Appl. 2(1):30–46
- KIMURA, M., 1983: The neutral theory of molecular evolution. – In: NEI, M. & R. K. KOEHN (Eds.), Evolution of genes and proteins. – Sinauer, Sunderland: 208–233.
- LEDIG, F. T., 1986: Heterozygosity, heterosis, and fitness in outbreeding plants. – In: SOULÉ, M. (Ed.): Conservation biology – the science of scarcity and diversity. – Sinauer, Sunderland: 77–104.
- LOESCHCKE, V., 1988: Populationsgenetik und Artenschutz. – Naturwiss. Rundschau 41(8): 310–314.
- NEI, M., 1975: Molecular population genetics and evolution. – North Holland Publ. Co, Amsterdam.
- REH, W., VEITH, M. & A. SEITZ, 1992: Zur Auswirkung natürlicher und anthropogener Landschaftsstrukturen auf Amphibienpopulationen. – In: BITZ, A. & M. VEITH (Eds.), Herpetologie in Rheinland-Pfalz – Faunistik, Schutz und Forschung. Nassau: 135–145.
- SHAFFER, M. L., 1981: Minimum population sizes for species conservation. – BioScience 31:131–134
- VEITH, M., 1991: Genetische und morphologische Differenzierung von Populationen des Feuersalamanders (*Salamandra salamandra* L., 1758) auf unterschiedlich dimensionierten räumlichen Niveaus. – Dissertation, Mainz.
- VEITH, M., 1992a: The fire salamander (*Salamandra salamandra* L., 1758) in Central Europe – subspecies distribution and intergradation. – Amph. Rept. 13:297–313.
- VEITH, M., 1992b: Genetic variation of *Salamandra salamandra* (L., 1758) in the eastern Pyrenees. – In: KORSÓZ, Z. & KISS, I. (eds.), Proceedings of the 6th ordinary general meeting of the Societas Herpetologica Europaea. – Budapest: 461–466.
- VRIJENHOEK, R. C., 1994: Genetic diversity and

- fitness in small populations. – In: LOESCHCKE, V., TOMIUK, J. & K. JAIN (Eds.), Conservation genetics. – Birkhäuser, Basel: 37–53.
- WEIR, B. S. & C. C. COCKERHAM (1984): Estimating F-statistics for the analysis of population structure. – *Evolution* 38: 1358–1370.
- WRIGHT, S., 1978: Evolution and the genetics of populations, Vol. 4: Variability within and among natural populations. – University of Chicago Press, Chicago.
- ZISWILLER, V., 1967: Extinct and vanishing animals. – Springer, New York.
- ZOUROS, E. & D. W. FOLTZ, 1987: The use of allelic isozyme for the study of heterosis. – In: RATTAZZI, M. C., SCANDALIOS, J. G. & G. S. WHITT (Eds.), Isozymes: current topics in biological and medical research, vol. 13. – Alan R. Liss, New York: 1–59.

Danksagung

Herr Dipl.-Biol. Jes JOHANNESSEN stellte uns unveröffentlichte Zwischenergebnisse zu *Chazara briseis* vor. Die von ihm untersuchten Individuen wurden von Herrn Dipl.-Biol. Wolfgang SEUFERT gesammelt. Frau Dipl.-Biol. Birgit NICKLAS und Herr Dr. Wolfgang REH gestatteten uns, unveröffentlichte Ergebnisse aus ihren Diplomarbeiten zu zitieren. Allen sei an dieser Stelle herzlich gedankt.

Die Untersuchungen werden im Rahmen des Forschungsverbundes FIFB durchgeführt und vom BMBF unter der Projektnummer 0339519A gefördert.

Adresse

Dr. Michael VEITH
Prof. Dr. Alfred SEITZ
Institut für Zoologie
Abt. Populationsbiologie
Universität Mainz
Saarstraße 21, D-55099 Mainz.

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): Veith Michael, Seitz Alfred

Artikel/Article: [Anwendungsmöglichkeiten der Populationsgenetik für den Artenschutz 219-226](#)