

Zur Verbreitung und genetischen Diversität der Waldeidechse (*Zootoca vivipara*) im Raum Mittelostdeutschlands

WOLF-RÜDIGER GROSSE, SYLVIA HOFMANN, HEINZ BERGER Halle/Wiederoda

Die Waldeidechse (*Zootoca vivipara*) ist einer der häufigsten Vertreter der heimischen Reptilienfauna und bis auf wenige Ausnahmen in ganz Deutschland verbreitet. In weiten Teilen der stark agrarisch und industriegewerblich genutzten Regionen in der Mitte Sachsen-Anhalts und in West-Sachsen tritt sie jedoch nur vereinzelt auf, wahrscheinlich bedingt durch den Verlust und die Fragmentierung von Lebensraum.

Es wurde eine aktuelle Verbreitungskarte der Art für die Region des mittleren Sachsen-Anhalt und Teilen Westsachsens im Bereich der Leipziger Tieflandbucht erstellt, in welcher sowohl frühere Artnachweise (1964 - 1989) als auch die gegenwärtigen Vorkommen (1990 - 2000) vergleichend dargestellt wurden. Das Ergebnis ist erschreckend. Im ehemaligen sächsischen Teil des Untersuchungsgebietes beträgt der Rückgang der Art gemessen an den besetzten MTBQ 76 % und im sachsen-anhaltinischen Teil mindestens 60 % (die Vergleichsdaten vor 1989 sind hier nicht so umfangreich wie in Westsachsen). Momentan lassen sich über die Ursachen dieser Entwicklung nur Vermutungen anstellen, denn bei Einzelprüfungen von ehemals besetzten 40 MTBQ im Großraum zwischen Halle und Leipzig sind die ursprünglichen Habitate zu 80% der Fälle noch vorhanden.

Landschaftsfragmentierung kann zu einem Verlust genetischer Variabilität infolge genetischer Drift in kleinen Populationen führen und den Genfluß zwischen Populationen einschränken bzw. zum Erliegen bringen. Wir testeten diese Hypothese, indem die genetische Variabilität an sieben Mikrosatelliten-Loci in fünf sachsen-anhaltischen und sächsischen Populationen aus Gebieten mit höherem Fragmentierungsgrad sowie in zwei Kontrollpopulationen aus Gebieten mit Verbreitungsschwerpunkten (Ost-Harz, Mecklenburg-Vorpommern) verglichen wurde. Die Heterozygotieraten aller Populationen waren ähnlich hoch. Die Alleldiversitäten der Referenzpopulationen waren signifikant größer als jene der fragmentierten Populationen. Die genetische Distanz zwischen den Populationen ließ keinen eindeutigen Schluss zu, jedoch wird vermutet, dass die agrarische und industriegewerbliche Landnutzung als anthropogene Barriere wirkt und den Genaustausch zwischen westsächsischen und sachsen-anhaltischen Vorkommen im Bereich der Elster-Luppe-Aue verhindert. Inwieweit dieses eine Beispiel auf das gesamte Zentrum des Untersuchungsgebietes übertragbar ist, muss in weiteren Studien geklärt werden. Derzeit wird dazu das Ausbreitungspotenzial der Art und in dessen Folge die Verwandtschaftsverhältnisse der Vorkommen kleinster Lokalitäten untersucht.

WOLF-RÜDIGER GROSSE, SYLVIA HOFMANN: Institut für Zoologie, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Domplatz 4, D-06108 Halle.,
Email: s.hofmann@zoologie.uni-halle.de und wolf.grosse@zoologie.uni-halle.de
HEINZ BERGER: Siedlung 4, D-04779 Wiederoda