

Dissertation von Dr. Mareike Güth

Titel: „Vergleichende populationsgenetische Untersuchungen an Arthropoden an gestörten Offenlandschaften“

Vorgelegt an der Brandenburgischen Technischen Universität Cottbus im Frühjahr 2008

Zusammenfassung

Einleitung

Auch in den vom Menschen intensiv genutzten Landschaften können sich anthropogen entstandene Sekundärhabitats entwickeln, die wegen ihrer Größe, Unzerschnittenheit und extensiven oder fehlenden Nutzung Ökosysteme mit hohem naturschutzfachlichen Wert aufweisen (Bornkamm 1993, Donath 1994, Blumrich & Fromm 1995, Blumrich et al. 1998). Nach einer Störung besteht die Möglichkeit, dass diese Habitats, wie Bergbaufolgelandschaften, Truppenübungsplätze, aber auch Steinbrüche oder Brachen unter bestimmten Voraussetzungen naturnahe Biozönosen bilden (Bradshaw 1989). Indem sie einen großen Teil des in der Umgebung vorhandenen Artenpools aufnehmen können (Brändle et al. 2003), tragen sie zur Sicherung der biologischen Vielfalt des Landschaftsraumes bei. Infolge starker anthropogener Eingriffe, wie großflächige Bergbaumaßnahmen und Nutzungen als Truppenübungsplätze entstanden in der Niederlausitz große Offenlandschaften mit einer Gesamtfläche von über 100.000 ha (vgl. Felinks 2000, Wiegleb et al. 2000, Anders et al. 2004). Durch die Auswirkungen des Braunkohletagebaus verschwanden alle sozialen, infrastrukturellen und gewachsenen räumlichen Strukturen der Landschaft von den in Anspruch genommenen Flächen (Anders et al. 2007).

Die Bergbaufolgelandschaft bietet, wie kaum ein anderes Gebiet in Mitteleuropa die Möglichkeit, Wiederbesiedlungen auf den infolge von massiven Eingriffen in die Landschaft entstandenen Offenlandflächen zu beobachten und zu analysieren. Hier kann der Prozess der Primärsukzession großflächig untersucht werden, da zum Zeitpunkt der Verkipfung die verkippten Substrate weder Diasporen noch höhere Organismen enthalten (Prach 1987, Begon et al. 1996). Durch die Ablagerung von tertiären Sanden in den Bergbaufolgelandschaften der Niederlausitz weisen diese ausgedehnte Sandflächen auf, so dass Tier- und Pflanzenarten der Sandlebensräume hier besonders gute Ansiedlungsbedingungen vorfinden. Bergbaufolgelandschaften sind ideale Standorte für Untersuchungen zur Erstbesiedlung durch Arthropoden (Neumann 1971, Müller 1978, Dunger 1990, 1991, Wiegleb et al. 2000, Brunk 2007). Ähnlich große Offenlandflächen sind im Bereich ehemaliger Truppenübungsplätze vorhanden. Hier findet die Sukzession als Sekundärsukzession, nach permanenten Störungen, von nicht sterilen Substraten aus statt (Beier 2002, Brunk 2007).

Die Niederlausitz bietet die seltene Möglichkeit, Primär- und Sekundärsukzessionen großflächig in geographischer Nähe zueinander zu untersuchen und zu vergleichen. Die Schaffung neuer potenzieller Lebensräume, durch tief greifende oder permanente Störungen, beeinflusst die räumliche Struktur und die Überlebensfähigkeit von Populationen, indem Änderungen in der Habitatverfügbarkeit und den Umweltbedingungen auftreten. Nur wenn die genetische Diversität der Populationen der Sekundärhabitats ähnlich hoch ist, wie die benachbarter ungestörter oder natürlicher Standorte, sind diese Populationen in der Lage, sich an Veränderungen in der Landschaft und an Änderungen der Umweltbedingungen anzupassen (Amos & Balford 2001, Hansson & Westerberg 2002, Wang & Whitlock 2003). In neu zu besiedelnden Habitats finden häufig besonders in der Initialphase rasch ablaufende mikroevolutionäre Prozesse statt (Reznick & Ghalambor 2001). Solche Prozesse werden auch in Sekundärhabitats, wie Bergbauhalden (z.B. Wu et al. 1975), beobachtet. Über Änderungen der intraspezifischen genetischen Diversität im Verlauf der Sukzession in Bergbaufolgelandschaftsflächen ist bisher wenig bekannt.

Inhalt (mit Material und Methoden)

Mit der vorliegenden Arbeit werden zwei Fallstudien vorgestellt, anhand derer Rückschlüsse auf die Entwicklung der genetischen Variabilität in gestörten und fragmentierten Landschaften gezogen werden. Weiterhin werden Aussagen über das Besiedlungsgeschehen in der Lausitz in Bergbaufolgelandschaften und auf Truppenübungsplätzen, getroffen.

Durch genetische Analysen ist es möglich, Austauschprozesse innerhalb und zwischen Populationen zu untersuchen und mögliche Rückschlüsse auf die Besiedlung und die geographische Herkunft der untersuchten Arten zu ziehen. Aus den Informationen über die Entwicklung der genetischen Diversität einer Population im Verlauf der Sukzession kann auf unterschiedliche Besiedlungsmechanismen geschlossen und Rückschlüsse über das Besiedlungsgeschehen auch in großflächigem Maßstab gezogen werden (z.B. Black-Samuelson et al. 1997, Durka 1999). Auch auf kleiner räumlicher Skala sind durch den Einsatz hoch polymorpher genetischer Marker genetische Differenzierungen nachweisbar, die Rückschlüsse auf den Genfluss erlauben (Neuffer et al. 1999, Dietz et al. 1999). Der Austausch von Individuen ist von der Habitatpräferenz und von der Mobilität der Art abhängig (Wiens 2002, Brouat et al. 2003).

Auch Fragmentierung und das Vorhandensein bestimmter Habitattypen beeinflussen die räumliche Isolation einer Population und damit den genetischen Austausch (With 2004). An der **Laufkäferart** *Calathus erratus* (Sahlberg 1827) wurden populationsgenetische Untersuchungen mittels **Amplified Fragment Length Polymorphism** (AFLP, Voss et al. 1995) durchgeführt. Hierzu wurden Individuen von 13 Untersuchungsstandorten in Bergbaufolgelandschaften und von ehemaligen Truppenübungsplätzen populationsgenetisch analysiert.

Der Kenntnisstand zur Verbreitung der Laufkäfer und deren Faunistik in Mitteleuropa ist überdurchschnittlich gut (Desender et al. 1994, Niemelä 1996, Turin 1981, 2000, Köhler & Klausnitzer 1998). Ab Mitte der 1960er Jahre liegen verschiedene Arbeiten zu Laufkäfergemeinschaften in Bergbaufolgelandschaften, auch aus dem Lausitzer Braunkohlerevier vor (Brunk 2007). Für die vorliegende Analyse wurden Käferpopulationen anthropogen gestörter Standorte mit spontaner Vegetationsentwicklung (Bergbaufolgelandschaften - Primärsukzession) und stark gestörte unverkippte Standorte (ehemalige Truppenübungsplätze - Sekundärsukzession) verglichen. An euryöken abundanten Arten mit einer verringerten Ausbreitungsfähigkeit ist der Einfluss der Landschaftsstruktur auf die genetische Populationsstruktur gut nachweisbar.

Im Rahmen der zweiten Fallstudie wurden verschiedene Populationen des **Sandohrwurmes** *Labidura riparia* (Pallas 1773) genetisch mittels **Mikrosatelliten** analysiert. Die populationsgenetischen Untersuchungen erfolgten an 21 Populationen. Es wurden Sekundärhabitats (Bergbaufolgelandschaften, ehemalige Truppenübungsplätze und eine Kalihalde) sowie Primärhabitats (Ostseeküste, Binnendüne) beprobt. Bei dieser Analyse wurden Rückschlüsse über die Besiedlungswege in die Bergbaufolgelandschaft der Niederlausitz gezogen und Aussagen zum Herkunftsort der Tiere gezogen.

Der Sandohrwurm zählt zu den charakteristischen Arten offener Sandflächen der Niederlausitz. Unterschiede in der genetischen Diversität der Sandohrwurmpopulationen von Sekundärhabitats (Bergbaufolgelandschaften, Truppenübungsplätze) und der möglichen Ursprungshabitats (Küste, Binnendüne) wurden postuliert. Weiterhin wird angenommen, dass die postglaziale Wiederbesiedlung Mitteldeutschlands durch *Labidura riparia* aus dem Osten und Südosten in den nord- und mitteldeutschen Raum entlang der Flusstäler erfolgte (Harz 1957, Müller- Motzfeld et al. 1990, Adis & Junk 2002).

Ergebnisse

Im **Ergebnis** der Untersuchungen wurde gezeigt, dass Insekten als Pionierbesiedler relativ schnell großflächige, gestörte Offenlandbereiche im Gebiet der Lausitz besiedeln können. Der Sukzessionstyp (Primär- oder Sekundärsukzession), sowie das Alter der Flächen seit Beendigung des Störungsvorganges, spielten dabei nur eine untergeordnete Rolle. Wichtig für den Besiedlungsprozess ist das Vorhandensein geeigneter Habitatbedingungen, welche

besonders durch Standortfaktoren wie Vegetation und anderen strukturellen Komponenten beeinflusst werden.

Bei beiden Arten, dem Laufkäfer *Calathus erratus* und dem Sandohrwurm *Labidura riparia*, wurden hohe Gen-Diversitäten und eine starke genetische Ähnlichkeit der Populationen auch über größere geographische Entfernungen hinweg festgestellt.

Mit hoher Wahrscheinlichkeit fand bei beiden Untersuchungsarten im Gebiet der Lausitz kein einzelnes Besiedlungsereignis, sondern eine kontinuierliche Immigration von Individuen statt, bzw. findet immer noch statt. Flächen der Bergbaufolgelandschaften und der Truppenübungsplätze, auf denen die Arten rezent auftreten, können als Ausgangshabitate für die Kolonisation neuer Habitate in der Lausitz dienen.

Beide Arten weisen eine hohe Mobilität auf. So waren alle untersuchten Sandohrwürmer, bei denen ein Flügeldimorphismus vorliegen kann, geflügelt. Es ist von einem Flugvermögen auszugehen. Für die Laufkäferart *Calathus erratus* wurde ein hoher Anteil makropterer (voll geflügelter) Individuen überwiegend auf jungen Untersuchungsflächen in der Bergbaufolgelandschaft nachgewiesen und damit ein aktiver Kolonisationsprozess dokumentiert.

Weiterhin wiesen beide Arten eine geringe, auf eine räumliche Populationsstruktur zurückzuführende Populationsdifferenzierung auf.

Bei *Labidura riparia* traten in den untersuchten Populationen sowohl in den Bergbaufolgelandschaften als auch auf den Truppenübungsplätzen keine genetischen Flaschenhals-Effekte (bottlenecks) auf. Die Studie belegte, dass die Sandohrwurmpopulationen dieser Gebiete eine höhere Gen-Diversität und Allelzahl aufweisen, als die Populationen der Untersuchungsstandorte an der Küste und auf der Binnendüne. Ein Einfluss des Flächenalters oder Sukzessionstyps auf die Gen-Diversität der Populationen war nicht feststellbar. Die große genetische Ähnlichkeit zwischen den Sandohrwurmpopulationen, auch bei größeren geographischen Entfernungen zwischen den Untersuchungsstandorten, belegte die Mobilität der *Labidura riparia*-Individuen. Die Ähnlichkeit nahm mit zunehmender geographischer Entfernung ab, so dass im Gegensatz zu den untersuchten Käferpopulationen eine Populationsstruktur festgestellt wurde, die dem isolation-by-distance Modell folgte. Es zeigte sich eine signifikante genetische Differenzierung zwischen den Sandohrwurmpopulationen der beiden Primärhabitate Küste und Binnendüne und den Sandohrwurmpopulationen der Sekundärhabitate Bergbaufolgelandschaften und Truppenübungsplätze. Die Sandohrwurmindividuen der Sekundärhabitate wiesen dabei eine höhere Ähnlichkeit mit den Individuen der Binnendüne auf.

Schlussfolgerung und Aufzeigen von Forschungslücken

Bergbaufolgelandschaften und ehemalige Truppenübungsplätze verfügen über eine wichtige Habitatfunktion für Tierarten, die auf offene, sandige Habitate angewiesen sind. Diese Standorte sind besonders wegen ihrer Großflächigkeit als Refugialräume geeignet. Mit fortschreitender Sukzession wird sich der Anteil von Offenlandflächen in den Bergbaufolgelandschaften und auf Truppenübungsplätzen verringern.

Während der Laufkäfer *Calathus erratus* durch sein breiteres Habitatspektrum auch im Bereich von Ruderalfluren eine hohe Überlebenswahrscheinlichkeit hat, ist der Sandohrwurm *Labidura riparia* auf bestehende natürliche Standorte und anthropogen geschaffene Sekundärstandorte angewiesen. Beide Insektenarten sind jedoch in der Lage, eventuell neu entstehende Habitate zu besiedeln.

Die vorliegende Untersuchung an *Calathus erratus* bestätigte die Ergebnisse, von Studien an mobilen Laufkäferarten in fragmentierten Landschaften aus den letzten Jahren. Besonders der Nachweis hoher Anteile geflügelter Käfer im Bereich junger Bergbaufolgelandschaften ermöglicht Einblicke in das aktive Besiedlungsgeschehen. Weiterführende Untersuchungen an dieser Art, unter Einbeziehung von Untersuchungsstandorten in ungestörten Landschaftsbereichen, können zusätzliche differenziertere Aussagen zum

Besiedlungsgeschehen ermöglichen. Die Populationsstrukturuntersuchungen am Sandohrwurm *Labidura riparia* erbrachten neue Erkenntnisse zur Biogeographie der Art. Ein Glazialrelikt, die Binnendüne bei Dömitz ist mit hoher Wahrscheinlichkeit das Ausgangshabitat für die Besiedlung der Bergbaufolgelandschaften der Lausitz.

Populationsgenetische Untersuchungen an *Labidura riparia* wurden bisher nicht durchgeführt. Die für diese Art entwickelten Mikrosatelliten ermöglichen nun vielfältige Ansatzpunkte. Zukünftige genetische Untersuchungen zur Biogeographie des Sandohrwurmes sollten auf Osteuropa ausgeweitet werden. Im Rahmen der vorliegenden Untersuchung standen keine Tiere aus diesem Gebiet zur Verfügung.

Ausblick

Die Forschungen im Bereich Landschaftsökologie entwickeln sich zurzeit verstärkt in Richtung „Landscape Genetics“. Unter diesem Begriff werden die Studien zusammengefasst, die populationsgenetische Daten mit Daten zur Landschaftskomposition und -konfiguration (inklusive der Matrixqualität) kombinieren (Holderegger & Wagner 2006). Hierbei nimmt die Landschaft mit ihrer Komposition, räumlichen Konfiguration und Dynamik einen genauso hohen Stellenwert ein, wie die Genetik (Holderegger & Wagner 2006). Durch diese Form der Untersuchungen werden Ergebnisse erzielt, die realistischere Aussagen ermöglichen und natürliche Prozesse genauer widerspiegeln. Indem Analysen zur Landschaftsstrukturen mit populationsgenetischen Analysen verschnitten werden, ist es möglich, Prozesse in realen Landschaften zu quantifizieren (Manel et al. 2003). Als Ziel wird das Aufstellen „landschaftsgenetischer“ Theorien angesehen, die auf verschiedene Spezies übertragen werden können. Zur Zeit werden, wie auch im Rahmen dieser Arbeit, überwiegend Fallstudien an einigen wenigen Tier- und Pflanzenarten bearbeitet, die aber kaum auf andere Systeme oder Arten übertragen werden können. Analysen sollten prozessorientierter unter Einbeziehung der Qualität der Landschaft erfolgen (Holderegger et al. 2007). Erste landschaftsgenetische Studien an Insekten, z.B. von einer Grillen-Art (Holzhauer et al. 2006), liegen vor. Die Landschaft benötigt Zeit, um sichtbare Effekte in der genetischen Struktur von Population aufbauen zu können (Holzhauer et al. 2006). Der Nachweis dieses Effektes wird erschwert, wenn sich die Landschaft schneller verändert, als sich die genetische Struktur der Population an diese Änderungen anpassen kann. Landschaftsgenetik ermöglicht es durch die Analyse genetischer und landschaftsökologischer Daten abzuschätzen, wie Prozesse in der Natur tatsächlich ablaufen.