

## Naturschutzgenetische Untersuchungen von Populationen der Gelbbauchunke (*Bombina v. variegata*) im südlichen Niedersachsen

FRANK WEIHMANN<sup>1,4</sup>, RICHARD PODLOUCKY<sup>2</sup>, SUSANNE HAUSWALDT<sup>3</sup> & HEIKE PRÖHL<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Institut für Zoologie, Karl-Franzens-Universität Graz, Universitätsplatz 2, A-8010 Graz, frank.weihmann@uni-graz.at

<sup>2</sup>Niedersächsischer Landesbetrieb für Wasserwirtschaft, Küsten- und Naturschutz (NLWKN), Geschäftsbereich Naturschutz, Göttinger Chaussee 76 A, D-30453 Hannover, richard.podloucky@nlwkn-h.niedersachsen.de;

<sup>3</sup>Zoologisches Institut TU Braunschweig Spielmannstraße 8, D-38106 Braunschweig, s.hauswaldt@tu-braunschweig.de

<sup>4</sup>Institut für Zoologie, Tierärztliche Hochschule Hannover, Bünteweg 17, D-30559 Hannover, heike.proehl@tiho-hannover.de

### Conservation genetic analyses of yellow-bellied toads (*Bombina v. variegata*) in southern Lower Saxony

The aim of this study was to investigate the genetic structure and genetic diversity of populations of the yellow-bellied toad in southern Lower Saxony, Germany. From eleven sites a total of 150 individuals were surveyed by applying ten highly variable molecular markers (microsatellites). We found a mean of 8.6 alleles per locus. Genetic diversity as measured by allelic richness and level of heterozygosity was lower than in European tree frog (*Hyla arborea*) populations. The eleven locations were assigned to five genetic populations. The genetic difference (mean  $F_{ST} = 0.27$ ) was (very) high between the two largest populations. Here, migration between subpopulations and population growth were detected. For one population (Ochtersum), in which toads had been introduced, the source population of the introduced toads could be identified. No bottleneck could be detected in any population. The results are discussed in light of conservation management for this endangered species.

**Key words:** Species conservation, population genetics, population structure, yellow-bellied toads, *Bombina variegata*.

### Zusammenfassung

Ziel dieser erstmals an Gelbbauchunken durchgeführten Untersuchung war es, die niedersächsischen Unkenpopulationen mit Hilfe von molekularen Markern auf ihre genetische Strukturierung und Diversität zu untersuchen. Es wurden 150 Gelbbauchunken (*Bombina variegata*) aus elf verschiedenen Vorkommen mit zehn Mikrosatelliten untersucht. Dabei wurden durchschnittlich 8,6 Allele pro Locus gefunden. Die genetische Diversität (Allelreichtum, Heterozygotiegrad) ist geringer als beim Laubfrosch (*Hyla arborea*). Die elf Vorkommen konnten fünf verschiedenen genetischen Gruppen zugeordnet werden. Zwischen den Unken der beiden größten Vorkommensgebiete besteht eine große bis sehr große genetische Differenzierung (durchschnittlicher  $F_{ST} = 0,27$ ). Für diese Vorkommensgebiete, die von mehreren Subpopulationen besiedelt werden, konnte Migration zwischen den Populationen und Populationswachstum nachgewiesen werden. Für eine Population in Hildes-

heim (Ochtersum), bei der es zu Aussetzungen aus anderen Vorkommen kam, konnte die Ursprungspopulation der eingebrachten Tiere ermittelt werden. In keiner Population gab es Anzeichen für einen rezenten genetischen Flaschenhals. Basierend auf diesen Ergebnissen werden Artenschutzmaßnahmen diskutiert.

**Schlüsselbegriffe:** Artenschutz, Populationsgenetik, Populationsstruktur, Gelbbauchunke, *Bombina variegata*.