

Wie weit wandern Amphibien? Verhaltensbiologische und genetische Schätzung der Konnektivität zwischen Lokalpopulationen

Ulrich Sinsch

Institut für Integrierte Naturwissenschaften, Abteilung Biologie, Universität Koblenz-Landau,
Universitätsstr. 1, D-56070 Koblenz, sinsch@uni-koblenz.de

How far disperse amphibians? Behavioural and genetic estimates of connectivity among local populations

The migratory range of amphibians as shaped by a small number of disperser determines the magnitude of gene flow among local populations. Genetic estimates (isozymes, microsatellites) for the maximum dispersal range of native pond-breeding species often exceed those observed in field studies 4–10-fold. The incongruence between behavioural and genetic estimates is demonstrated using data on natterjack populations as an example. This review aims to identify the causes for diverging estimates and proposes a probabilistic method based on field data to close the gap. As the magnitude of connectivity among neighbouring populations determines levels of gene flow and the potential for colonization of suitable habitats, the consequences of resulting population structures for informed conservation management are discussed.

Key words: Movement capacity, dispersal, gene flow, *Epidalea calamita*, metapopulation, patchy population, pond breeder, landscape resistance.

Zusammenfassung

Der Aktionsradius der Mitglieder einer Amphibien-Population, insbesondere die Reichweite und die Anzahl der Langstreckenwanderer bestimmen den Individuenaustausch und damit den Genfluss zwischen benachbarten Lokalpopulationen. Genetische Schätzwerte (Isoenzyme, Mikrosatelliten) für die maximalen Wanderdistanzen bei einheimischen tümpellaichenden Arten übertreffen feldherpetologische häufig um Faktor 4–10. Diese Diskrepanz wird am Beispiel der zahlreichen Untersuchungen an Kreuzkröten-Populationen aufgezeigt. Dieser Übersichtsartikel identifiziert die Ursachen für die unterschiedlichen Schätzwerte und stellt eine probabilistische Methode basierend auf Freilanddaten vor, die die Lücke zwischen beiden Typen von Schätzwerten schließt. Da die Konnektivität zwischen Nachbarpopulationen neben der Größenordnung des Genflusses auch das Potenzial für Wieder- und Neubesiedlungen geeigneter Lebensräume bestimmt, werden abschließend die Konsequenzen der resultierenden Populationsstruktur für die schutzbedürftige Raumeinheit im Artenschutz diskutiert.

Schlüsselbegriffe: Ausbreitungskapazität, Auswanderung, Genfluss, *Epidalea calamita*, Metapopulation, fragmentierte Population, Tümpellaicher, Landschaftswiderstand.