

Untersuchungen zu Ausbreitungspotenzial, Konnektivität und Verbreitung des Kammmolchs (*Triturus cristatus* LAURENTI, 1768) in Sachsen-Anhalt

Wolf Rüdiger GROSSE und Susanne MEYER

3 Abbildungen und 7 Tabellen

Abstract

GROSSE, W.-R.; MEYER, S: Investigations of the potential of expansion, distances between populations and distribution of the great crested newt (*Triturus cristatus*) in Saxony-Anhalt. – *Hercynia N.F.* 41 (2008): 121–134.

A great crested newt population was studied at the former military airport in Merseburg in 2001 to 2002. Data on population size and genetic differentiation were collected. With about 5000 individuals this study site has the largest *T. cristatus* populations in the federal state Saxony-Anhalt. In the Merseburg region studied only two out of five studied populations were within Hardy-Weinberg equilibrium. Number of alleles ranged from 2 to 9. For the population of Merseburg the values of heterozygosity (H_e) were in a moderate state from 0.53 to 0.65. Low values of F_{ST} between 0.003 and 0.092 indicated a high gene flow and a low genetic differentiation between populations. Isolation due to distance could not be detected in this area.

Germany is the centre of distribution of the great crested newt in Europe. The distribution pattern is very heterogenous in Saxony-Anhalt mainly caused by large landscape units: 42.5 % of the known populations are associated with only 16 distribution hotspots. In contrast great crested newt is evenly distributed in nearby regions such as the Ohre-Niederung, the Drömling and the northern edge of the Ohre-Aller-Hügelland.

Key words: Urodela, *Triturus cristatus*, distribution, microsatellite analysis, population

1 Einleitung

Abgesehen von einigen größeren Verbreitungslücken ist der Kammolch in ganz Deutschland anzutreffen (GROSSE & GÜNTHER 1996). Da Deutschland einen beträchtlichen Teil des Gesamtareals der Art abdeckt und im Arealzentrum liegt, wird eine starke Verantwortlichkeit für die Erhaltung des Kammolchs postuliert (STEINICKE et al. 2002). Aufgrund des europaweiten Rückganges unterliegt die Art den verschärften EU-rechtlichen Schutzbestimmungen durch die Fauna-Flora-Habitatrichtlinie. Der Kammolch wird im europäischen Maßstab im Anhang II der FFH-Richtlinie als besonders schutzwürdig eingestuft. Unter diesem Gesichtspunkt ist die Verbreitung der Art in Sachsen-Anhalt besonders interessant, da hier großflächige Verbreitungslücken existieren (SCHIEMENZ & GÜNTHER 1994, GROSSE & GÜNTHER 1996), deren Ursachen unbekannt sind.

Der Beitrag soll die Frage klären, kann der Kammolch solche Verbreitungslücken schließen? Wie verhält sich eine Population, wenn neue Gewässer entstehen? Über die Wanderungen der Art ist wenig bekannt (KUPFER & KNEITZ 2000, STOEFFER & SCHNEEWEISS 2001). Deshalb sollen die räumlichen und zeitlichen Lagebeziehungen zwischen benachbarten Gewässern anhand einer Modellpopulation untersucht werden. Als Ergebnis der populationsbiologischen Untersuchungen sind Aussagen zum Individuenaustausch, der genetischen Distanz und der Konnektivität der Populationen der Modellgewässer zu erwarten.

Aus einem flächendeckenden Erfassungsprojekt (MEYER et al. 2004) zu den Amphibien und Reptilien in Sachsen-Anhalt in den Jahren 1990 bis 2000 liegen Daten vor, mit denen die Lage der Kammolchvorkommen Sachsens-Anhalts in Hinblick auf ihre Konnektivität abgeschätzt werden kann. Dabei erweisen sich in der Kulturlandschaft häufig isoliert liegende Vorkommen als besonders problematisch, da hier kein

Individuenaustausch zwischen den Populationen erfolgt. Aus den Aussagen zu Ausbreitungspotenzial, Konnektivität und Verbreitung des Kammmolchs leiten sich weitreichende Schlussfolgerungen für die Notwendigkeit und den Sinn von Artenschutzmaßnahmen zum langfristigen Erhalt dieser Art in hochrangigen Schutzgebieten wie in kleinen Einzelvorkommen ab.

2 Untersuchungsmethoden und -gebiet

2.1 Untersuchungsgebiet Kammolchvorkommen Merseburg

Zur Abschätzung des lokalen Ausbreitungspotenzials und der Populationsgröße wurde als Modellpopulation das isoliert liegende Kammolch-Vorkommen am Rande der Stadt Merseburg (Saalekreis, Sachsen-Anhalt) gewählt (Abb. 1). Das Untersuchungsgebiet ist ca. 315 ha groß und liegt im Westen der Stadt. Es wurde von 1935 bis 1991 von der Deutschen Wehrmacht bzw. von Sowjetischen/GUS-Truppen als Militärflugplatz genutzt. Seit der Aufgabe des Flugplatzes 1991 durch die Sowjetischen Truppen liegt das Gelände brach und wird z.T. als Flugplatz für Privatmaschinen genutzt. Ein Rahmenplan der Stadt Merseburg weist für dieses Gebiet langfristig eine Nutzung als Gewerbegebiet aus.

Auf dem Gelände liegen fünf Gewässer (M1-M5), die alle anthropogenen Ursprungs sind (Abb. 1). Über das Alter der Gewässer lassen sich keine genauen Angaben machen. Die Gewässer M1 und M2 sind wohl erst durch Sprengung eines ehemaligen Munitionslagers entstanden, so dass die Gewässer im heutigen Ausmaße frühestens seit den 1950/60er Jahren bestehen. Die Gewässer M3 und M5 sind ehemalige Gräben, die von den sowjetischen Truppen in den 1980er Jahren angelegt wurden. Das Gewässer M4 befindet sich im Bereich einer ehemaligen Deponie innerhalb einer Tongrube. Aus der Senke in der ehemaligen Tongrube ist in den 1990er Jahren das Gewässer M4 entstanden (Consulting-Gesellschaft für Umwelt und Infrastruktur MbH 1992, mdl. Frau WINTER-SCHULZ 2004). Die durchschnittliche Entfernung der Gewässer zueinander beträgt 1,45 km (0,11 – 2,83 km). Die Entfernungen der Gewässer wurden mit dem Programm ArcView (ESRI) bestimmt.

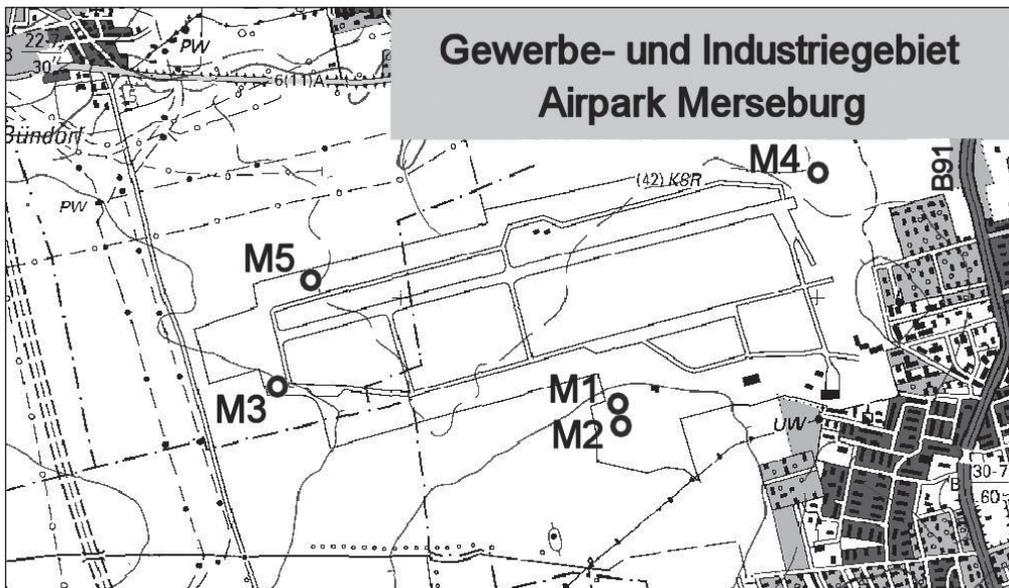


Abb.1 Lage der Gewässer M1 - M5 im Untersuchungsgebiet Merseburg (verändert, Kartengrundlage TK 1 : 50000).

Fig. 1 Distribution of the spawning sites M1-M5 in the investigation area Merseburg

2.2 Fang-Wiederfang-Studie zur Berechnung der Populationsgröße und zur Abschätzung des Ausbreitungspotenzials der Modelpopulationen

Da aus verschiedenen Gründen eine Abzäunung aller fünf zu untersuchenden Gewässer nicht möglich war, entschieden wir uns zum Einsatz der Fang-Wiederfang-Methode. Die Fangserien wurden so konzipiert, dass die Merseburger Gewässer drei Tage hintereinander pro Fangwoche beprobt wurden. Im Untersuchungs-jahr 2001 lag der Fangzeitraum zwischen dem 3. April und dem 31. Mai, was 8 Fangwochen entspricht. Im Jahr 2002 wurden die Gewässer zwischen dem 3. April und dem 27. Juni über 12 Fangwochen lang befangen. Die Tiere wurden mit Trichterfallen verschiedenen Typs (BERGER 2000, GLANDT 2000, KRONE & KÜHNEL 1997, MÖLLE & KUPFER 1998) gefangen, vermessen und nach der fotografischen Dokumentation sofort wieder freigelassen.

Zur Schätzung der Populationsgröße (N) der einzelnen Gewässer des UG Merseburg wurde das Programm CAPTURE verwendet (WHITE & BURNHAM 1999). Dieses Programm basiert auf Fang-Wiederfang-Serien geschlossener Populationen. Innerhalb dieses Programms gibt es verschiedene Modelle, die die Schätzung der Populationsgröße ermöglichen, auch wenn keine konstante Fangwahrscheinlichkeit der Tiere gegeben ist (SETTELE et al. 1999).

Im vorliegenden Fall wird der Terminus „Population“ für den Kammolchbestand eines Gewässers benutzt. Wenn zwischen den Gewässern innerhalb einer Periode kein Austausch adulter Tiere nachgewiesen werden kann, ist bei den Schätzungen der Populationsgröße von in sich geschlossenen Populationen auszugehen.

2.3 Populationsgenetische Untersuchungen

Mit der Methodik der Typisierung des Genoms ist auf der Basis der verwandtschaftlichen Strukturen von Populationen innerhalb eines Gebietes eine Abschätzung vom Verlauf von Besiedlungsvorgängen möglich. Das soll am Beispiel des Vorkommens des Kammolchs bei Merseburg versucht werden. Deshalb wurden im Jahr 2001 den Tieren Gewebeprobe(n) (ca. 5 mm Schwanzspitze) abgenommen und gefrostet aufbewahrt. Insgesamt konnten 259 adulte Tiere genotypisiert werden. Für die nachfolgenden genetischen Untersuchungen wurden vier polymorphe Primer verwendet: Tcr1 29, Tcr1 35, Tcr1 43 und Tcr1 46 (KRUPA et al. 2002).

Die DNA-Extraktion erfolgte mittels Phenol-Chloroform-Extraktion nach SAMBROOK et al. (1989). Die PCR wurde leicht geändert nach der Methode von KRUPA et al. (2002) durchgeführt. Nach der PCR wurden die Proben mit je 12 μ l Formamid und 0,5 μ l TAMRA für die Genotypisierung vorbereitet, die in einem Gerät der Firma ABI Prism 310 Genetic Analyzer erfolgte. Danach wurden die Daten mit Hilfe des Programms Genotyper 2.0 ausgewertet. Eine detaillierte Darstellung des Analyseverfahrens findet sich bei MEYER (2005).

Alle untersuchten Populationen wurden auf Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (HWG) und auf *linkage disequilibrium* mit dem Programm GenePop v3.4 (RAYMOND & ROUSSET 1995) getestet. Die Abweichung vom HWG wurde mittels des *exact test* für multiple Allele berechnet (GUO & THOMPSON 1992).

Die *allelic richness*, Allelfrequenzen und Gendiversität nach NEI (1987) sowie die beobachtete (H_o) und erwartete Heterozygotie (H_e) nach LEVENE (1949) wurden mit den Programmen FSTAT v2.9.3.2. (GOUDET 2001) und Popgene v1.31 (YEH et al. 1999) bestimmt. Die F-Statistik (F_{ST}) wurde ebenso mit dem Programm FSTAT berechnet.

Ob die einzelnen Populationen und Loci durch einen rezenten genetischen Flaschenhals gegangen sind und im Mutations-Drift-Gleichgewicht sind, wurde mit dem Programm BOTTLENECK v1.2.02 (CORNUET & LUKART 1996) getestet. Ein Anzeichen für einen genetischen Flaschenhals ist der Heterozygotieexzess bei der Mehrheit der vorhandenen Loci einer Population, d. h. die beobachtete Heterozygotie ist größer als die nach der Anzahl der Allele erwartete Heterozygotie. Da bei Mikrosatelliten keine reine SMM-Mutation vorliegt wurde analog JEHLE & ARNTZEN (2002) ein Verhältnis von 95 % SMM und 5 % IAM (TPM-Modell) zur Berechnung angenommen.

Ob sich die F_{ST} -Werte mit zunehmender geographischer Distanz zwischen den Populationen unterscheiden (isolation-by-distance), wurde mit dem Programm IBD (BOHONAK 2002) berechnet. Wenn isolation-by-distance auftrat, wurde mittels des partiellen Mantel-Tests getestet, ob die geographische Distanz oder die Umwelt (optimales oder suboptimales Habitat) einen größeren Einfluss auf die genetische Diversität der Populationen hat.

2.4 Verbreitung und Konnektivität des Kammmolchs in Sachsen-Anhalt

Anhand der Auswertung einer Fundpunktdatei (MEYER et al. 2004) konnte die Verbreitung und die Biotopwahl der sachsen-anhaltinischen Kammmolchpopulationen untersucht werden. Ein Schwerpunkt der Auswertungen galt dem Grad der Konnektivität der Vorkommen und deren Bezüge zur Landschaftsstruktur. Ausgangspunkt der Betrachtungen war dabei die Annahme, dass mehrere miteinander in Verbindung stehende Populationen einem geringeren Risiko des Aussterbens unterliegen als isolierte Populationen (VEITH & KLEIN 1996). Die Fundpunkte des Kammmolches in Sachsen-Anhalt ($n = 614$) wurden auf digitalisierten Karten (MTB 1 : 25.000) in Zusammenarbeit mit dem Landesamt für Umweltschutz Sachsen-Anhalt in das WINART/WT 2.2 übertragen (Methodik in MEYER et al. 2004) und auf ihre gegenseitige Lagebeziehung und ihren Abstand untereinander überprüft. Als Verbreitungsschwerpunkt wurde eine Anhäufung von Fundpunkten bestimmt, die etwa dem doppelten Migrationsradius von *Triturus cristatus* (GROSSE & GÜNTHER 1996, THIESMEIER & KUPFER 2000, KRONE 2001) entspricht. Die Abstände der Vorkommen innerhalb der Verbreitungsschwerpunkte (VSP, spots) oder Landschaftseinheiten wurden mit ArcView (ESRI) bestimmt.

3 Ergebnisse

3.1 Schätzung der Populationsgröße im Untersuchungsgebiet Merseburg

Zwischen den Gewässern konnte mit Fang-Wiederfang-Experimenten innerhalb eines Jahres und zwischen den beiden Fangjahren kein Austausch adulter geschlechtsreifer Tiere nachgewiesen werden. Die fortpflanzungsbereiten Tiere erwiesen sich als absolut gewässertreu. Genetischer Austausch kommt somit ausschließlich durch wandernde Juvenes zustande. Das trifft auch auf die Besiedlung neuer Gewässer zu.

Tab. 1 Fangzahlen (Fz) und geschätzte Populationsgröße (N) der männlichen (m), weiblichen (w) und aller Tiere des Untersuchungsjahres 2001 – Zahlen in Klammern 95 % - Konfidenzintervalls

Table 1 Catch numbers (Fz) of the male (m), female (w) and population size valued (N) of the investigation year 2001, numbers in brackets 95% interval confidence

Gebiet	M1	M2	M3	M4	M5
Fz	220	69	133	292	137
Fz_m	140	27	73	183	79
Fz_w	80	42	60	109	58
N	1026 (698 - 1579)	156 (110 - 254)	205 (174 - 259)	3238 (1837 - 5910)	579 (371 - 972)
N_m	495 (332 - 796)	45 (33 - 83)	95 (83 - 121)	1835 (950 - 3746)	489 (240 - 1124)
N_w	396 (223 - 783)	131 (76 - 280)	115 (85 - 181)	1131 (490 - 2853)	159 (101 - 292)

Im Untersuchungsjahr 2001 variierten die Schätzungen der Populationsgrößen auf der Basis von Fang-Wiederfang-Experimenten zwischen 156 und 3238 Tieren (Summe 5204 Tiere, Tab. 1), wobei hier mindestens 3190 und höchstens 8974 Tiere für das gesamte Untersuchungsgebiet geschätzt wurden. Die zwei größten und stetigen Gewässer M1 und M4 besaßen die höchsten geschätzten Populationszahlen.

Im Untersuchungsjahr 2002 lag die geschätzte Populationsgröße der drei untersuchten Gewässer M1, M3 und M4 zwischen 254 und 1879 Tieren (Tab. 2). Die geschätzten Populationsgrößen lagen 2002 in den Gewässern M1 und M3 höher als im Untersuchungsjahr 2001 ($p < 0,05$, Chi²-Test), was nicht auf den verlängerten Fangzeitraum zurückzuführen war. Nur für das Gewässer M4 wurden im Jahr 2002 mit 1879 deutlich weniger Tiere geschätzt als 2001 mit ca. 3200 Tieren ($p < 0,001$, Chi²-Test).

Tab. 2 Fangzahlen (Fz) und geschätzte Populationsgröße (N) der männlichen (m), weiblichen (w) und aller Tiere des Untersuchungsjahres 2002 – Zahlen in Klammern 95 % - Konfidenzintervall

Table 2 Catch numbers (Fz) of the male (m), female (w) and population size valued (N) of the investigation year 2002, numbers in brackets 95% interval confidence

Gebiet	M1	M3	M4
Fz	195	122	207
Fz _m	134	66	84
Fz _w	61	56	123
N	1232 (771 - 2063)	254 (195 - 360)	1879 (1069 - 3451)
N _m	817 (475 - 1500)	140 (100 - 231)	804 (348 - 2052)
N _w	344 (169 - 802)	107 (78 - 173)	934 (490 - 1920)

3.2 Populationsgenetische Untersuchung der Vorkommen des Kammolchs im UG Merseburg

Betrachtet man die Diversität innerhalb der Population, befanden sich nur zwei der untersuchten Populationen in Merseburg innerhalb des Hardy-Weinberg-Gleichgewichts (Tab. 3). Keiner der untersuchten Genorte (Loci) zeigte eine signifikant unterschiedliche Abweichung vom HWG (MEYER & GROSSE 2007). Die Zahl der Allele pro Locus schwankte zwischen 2 und 9 (MEYER 2005). Die Heterozygotiewerte (H_c) der Populationen des Merseburger Kammolchvorkommens lag mit Werten zwischen 0,53 (M5) und 0,65 (M2) für alle Loci im moderaten Bereich. Beim Locus Tcri 29 lag der Heterozygotiegrad mit durchschnittlich 0,34 deutlich unter dem der anderen Loci (Tab. 4). Im Durchschnitt lagen alle Merseburger Populationen bei 60 % der genetischen Diversität. Ein rezenter Flaschenhals konnte für keine Population nachgewiesen werden, d. h. kein Locus zeigte signifikanten Heterozygotieexzess.

Die Diversität zwischen den Populationen auf der Basis der F_{st} -Werte zwischen 0,003 und 0,092 weist auf einen hohen Genfluss hin (geringe genetische Differenzierung zwischen den Populationen, Tab. 5). Ein hoher Austausch war zwischen den Populationen M1-M3 mit 0,007 sowie M3-M5 mit 0,003 festzustellen. Beide liegen etwa 1 km auseinander. Innerhalb des Merseburger Gebietes war die Population M2-M4 und M2-M5 (beide 0,092) deutlich differenzierter. Die Entfernungen betragen 1,9 bzw. 1,2 km.

Aufgrund der geographischen Entfernung der Populationen und der geringen Migrationsfähigkeit der Molche war eine positive Korrelation zwischen geographischer und genetischer Distanz zu erwarten. Innerhalb des Untersuchungsgebietes Merseburg ließ sich jedoch ein solcher Effekt nicht nachweisen (MEYER 2005, MEYER & GROSSE 2007). Die Korrelation zwischen geographischer und genetischer Distanz ($r = 0,114$) war zwar positiv, aber statistisch nicht signifikant ($p > 0,05$, Mantel-Test).

Tab. 3 Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (GUO & THOMPSON 1992)

Table 3 Deviation of the Hardy-Weinberg-balance (GUO & THOMPSON 1992)

Locus / Population	Tcri 29	Tcri 35	Tcri 43	Tcri 46	alle Loci
Merseburg					
M1	< 0,001	0,32	0,65	0,50	< 0,01
M2	< 0,05	0,51	< 0,01	0,32	< 0,01
M3	0,14	0,20	0,24	0,15	0,09
M4	0,08	0,45	0,31	0,34	0,21
M5	1,00	< 0,01	0,66	< 0,05	< 0,01

Tab. 4 Beobachtete (H_o) und erwartete Heterozygotie (H_e) pro Locus und Population – H_e nach LEVENE (1949)Table 4 Watched (H_o) and expected heterozygoty (H_e) per locus and population - H_e to LEVENE (1949)

Locus / Population	Tcri 29		Tcri 35		Tcri 43		Tcri 46	
	H_o	H_e	H_o	H_e	H_o	H_e	H_o	H_e
Merseburg								
M1	0,177	0,263	0,705	0,783	0,639	0,635	0,579	0,591
M2	0,333	0,742	0,733	0,772	0,400	0,543	0,517	0,522
M3	0,143	0,182	0,724	0,771	0,685	0,644	0,628	0,697
M4	0,167	0,304	0,765	0,789	0,638	0,753	0,577	0,588
M5	0,208	0,194	0,646	0,760	0,488	0,564	0,521	0,592

Tab. 5 F_{st} -Werte nach WEIR & COCKERHAM (1984) (unten diagonal) und geographische Distanz [km] (oben diagonal) der Populationen in MerseburgTable 5 F_{st} -results to WEIR & COCKERHAM (1984) (below diagonal) and geographical distance [km] (above diagonal) of the populations in Merseburg

	M1	M2	M3	M4	M5
M1	---	0,11	1,02	1,86	1,14
M2	0,032	---	1,06	1,87	1,23
M3	0,007	0,069	---	2,83	0,82
M4	0,052	0,092	0,038	---	2,53
M5	0,024	0,092	0,003	0,042	---

3.3 Verbreitung und Konnektivität in Sachsen-Anhalt

Der Kammolch besitzt in Sachsen-Anhalt eine lückige Verbreitung (GROSSE 2004). Er kommt in allen sieben Großlandschaften Sachsens vor, in deren Besiedlung durch den Kammolch aber z. T. erhebliche Unterschiede bestehen (Abb. 2). Die Messtischblattpräsenz von 70 % täuscht allerdings über das weitläufige Verbreitungsbild der Art hinweg (ZUPPKE 1995, MEYER et al. 2004). Eine deutliche Präferenz zeigte sich für die Landschaften am Südrand des Tieflandes (43 %). In abnehmender Häufigkeit folgen die Hügelländer (20 %), die Flusstäler und Niederungslandschaften (18 %), die Ackerebenen (12 %),

die Schichtstufen- und Mittelgebirgsländer (5 %) und die Bergbaufolgelandschaften (3 %). Die Höhenverteilung in Sachsen-Anhalt weist den Kammolch eindeutig als planar-colline Art aus (BLAB 1986, NÖLLERT & NÖLLERT 1992, GROSSE & GÜNTHER 1996). Das höchstgelegene Vorkommen liegt in Stiege (Harz) in einer Höhe von 480 m NN. Die walddarmen Offenlandschaften mit hohem Siedlungs- und/oder Bergbauflächen und die Ackerebenen werden gemieden und weisen deutlich weniger Fundpunkte auf. Ein positiver Zusammenhang deutet sich zwischen der Anzahl der Fundpunkte und dem Anteil natürlicher Landschaftselemente an. Hier wurden nach KUGLER et al. (2002) Flächen als naturnah betrachtet, die einen Anteil naturnaher Landschaftsteile an den Landschaftseinheiten von mindestens 10 % haben. Die Korrelation ist positiv ($r=0,76$), d. h. naturnahe Landschaften werden von *T. cristatus* bevorzugt besiedelt (Spearman Korrelation $p=0,08$, nicht signifikant).

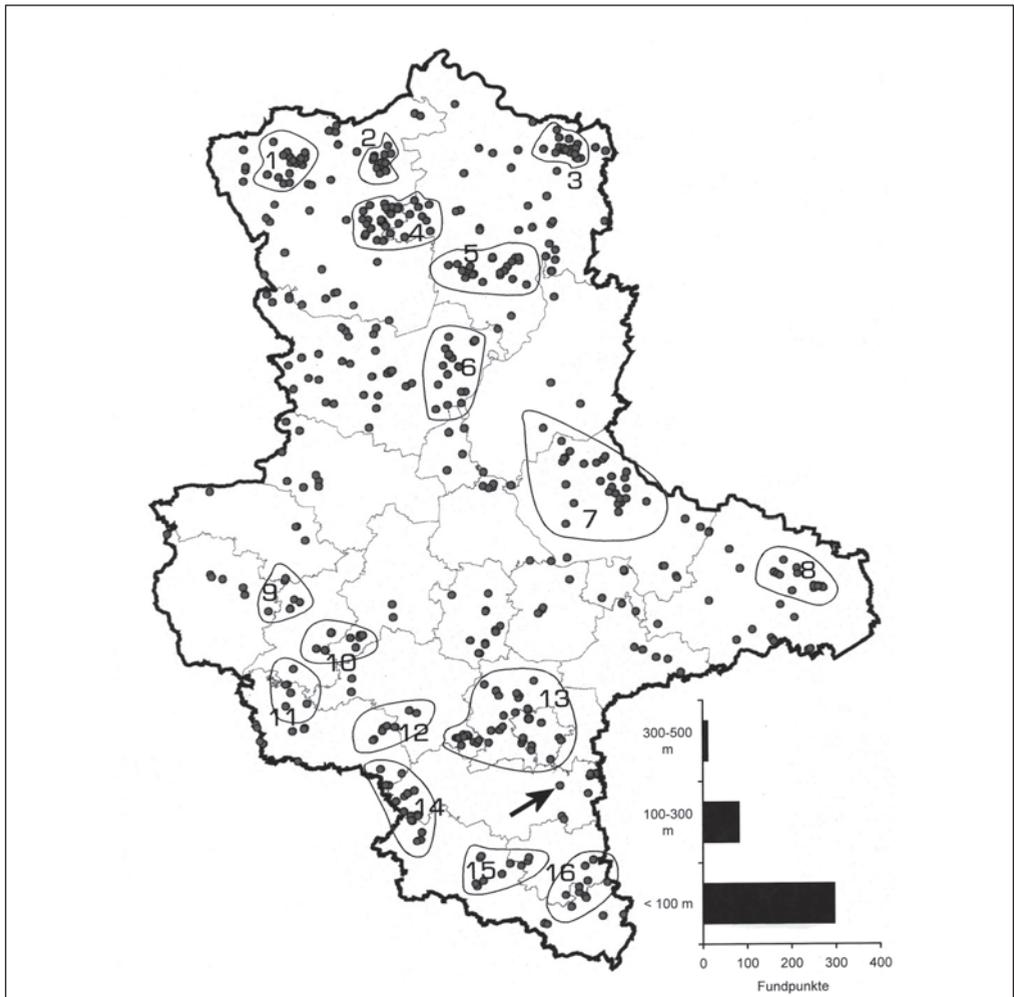


Abb. 2 Verbreitungsschwerpunkte (VSP) 1–16 und Höhenverbreitung des Kammolchs in Sachsen-Anhalt, Schwarzer Pfeil – Vorkommen Untersuchungsgebiet Merseburg

Fig. 2 Distribution of the spots (VSP) 1–16 and height distribution of the great crested newt in the country Saxony-Anhalt, black arrow – position investigation area Merseburg

Anhand der Fundpunktkarte für Sachsen-Anhalt konnten insgesamt 16 Verbreitungsschwerpunkte für den Kammolch ermittelt werden. Auf diese Weise ordneten sich immerhin 42,5 % der Fundpunkte ($n = 261$) einem Verbreitungsschwerpunkt (VSP) zu (Abb. 3). Da nicht alle Verbreitungsschwerpunkte eindeutig einer bestimmten Großlandschaft zuzuordnen waren, wurde der VSP zu der Landschaftseinheit mit der höchsten Anzahl an Fundpunkten gestellt. So sind z. B. im VSP 13 sowohl Fundpunkte im Halleschen Ackerland als auch im Östlichen Harzvorland zu finden, Letzteres mit mehr Fundpunkten. Also wurde VSP 13 zu den Hügelländer, Schichtstufen- und Mittelgebirgsvorländern gerechnet. Innerhalb der Verbreitungsschwerpunkte gab es zum Teil große Unterschiede in der Anzahl der Fundpunkte pro VSP. Die Zahlen schwanken zwischen 6 (VSP 9 und 11) und 41 (VSP 13) Fundpunkten (Abb.2).

Analog der Fundpunktverteilung ist eine Präferenz für die naturnahen Landschaften ($r = 0,76$) und auch für die wärmeren Klimazonen des Landes zu beobachten. Die trockenwarmen Klimate des mittleren Sachsen-Anhalts und die mäßig trockenwarme Klimaregion der nordwestlichen Altmarkplatten beherbergen zusammen immerhin 70 % der Vorkommen. Allerdings ist keine dieser Korrelationen signifikant (Spearman Korrelation $p > 0,05$). Die Art fehlt in den kühlen und feuchten Klimaten des Harzes. Damit bestätigt sich die Dominanz für Flachlandhabitats (Abb. 2). Die Entfernung der Fundpunkte innerhalb der Verbreitungsgebiete variiert mit 19 m und 19 km beträchtlich (siehe Tab. 6). Im Mittel liegen die Fundpunkte fünf km auseinander.

Tab. 6 Anzahl der Vorkommen ($n=613$) sowie Anzahl (n) und Größe der Distanzen der Fundpunkte untereinander in Meter innerhalb der Großlandschaften –
 n = Anzahl der vermessenen Fundpunkte, MW = Mittelwert, SE = Standardabweichung
 min = Minimalwert, max = Maximalwert. LST - Landschaften am Südrand des Tieflandes, FNL - Flusstäler und Niederungslandschaften, HSM – Hügel-, Schichtstufenländer und Mittelgebirgsvorländer, MG – Mittelgebirge, BLS – Bergbaulandschaften.

Table 6 Number of the occurrence ($n = 613$), number (n) and distance between of the occurrence at the big landscapes (distances in m), MW = mean, SE = standard deviation, min = minimum, max = maximum. LST - landscapes on the south edge of the lowlands, FNL - meadow and lowland landscapes, HSM – hill countries, layer step countries and low mountain range pre-countries, MG - low mountain ranges, BLS – landscapes after mining industry

	LST	HSM	MG	FNL	BLS
Vorkommen	268	157	29	140	19
n	695	411	94	86	32
MW	4983,7	6988,1	4998,4	3247,4	4977,3
SE	2969,1	4368,8	3205,1	2495,6	2296,4
min	41	37	19	75	577
max	14399	19092	11983	12672	11181

Neben diesen rein distanzbezogenen Interpretationen der Fundpunktverteilung muss noch die beinahe gleichmäßige flächenhafte Verteilung der Fundpunkte in der Ohre-Niederung, dem Drömling und dem Nordrand des Ohre-Aller-Hügellandes (GROSSE 2004) erwähnt werden. In diesen außerordentlich gewässerreichen Landschaften ist der Kammolch landesübergreifend flächendeckend verbreitet.

4 Diskussion

Für Sachsen-Anhalt liegen bisher kaum Angaben zu Populationsgrößen für den Kammolch vor (GROSSE 2004). Mit geschätzten 3200 Tieren (2001) gehört das Gewässer M4 sicher zu den individuenreichsten

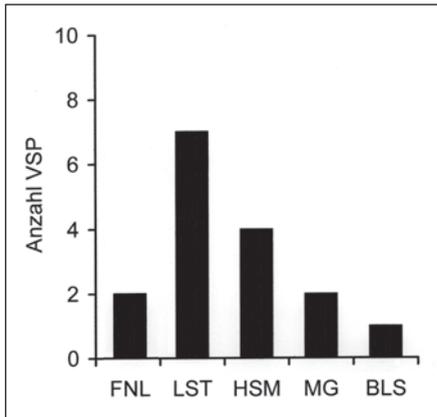


Abb. 3 Zuordnung der Verbreitungsschwerpunkte zu den Großlandschaften Sachsen-Anhalts (n = 16). LST - Landschaften am Südrand des Tieflandes, FNL - Flusstäler und Niederungslandschaften, HSM - Hügel-, Schichtstufenländer und Mittelgebirgsvorländer, MG - Mittelgebirge, BLS - Bergbaulandschaften.

Fig. 3 Distribution of the spots to the big landscapes Saxony-Anhalt (n = 16). LST - landscapes on the south edge of the lowlands, FNL - meadow and lowland landscapes, HSM - hill countries, layer step countries and low mountain range pre-countries, MG - low mountain ranges, BLS - landscapes after mining industry

Populationen in Sachsen-Anhalt. Das flachere und ca. 1000 m² große Gewässer M1 besitzt mit etwa 1200 geschätzten Tieren ebenfalls eine sehr individuenstarke Population. Damit gehört das Vorkommen Merseburg mit seinen fünf Gewässern mit rund 5000 geschätzten Tieren (für 2001) sicherlich zu den größten des Landes Sachsen-Anhalt. Ähnlich hohe Fangzahlen erzielte nur noch STOEGER (1997), der im Barnim (Brandenburg) Untersuchungen mit Fangzäunen an mehreren Gewässern durchführte. Untersuchungen, die ebenfalls auf Fang-Wiederfang-Studien beruhen, schwanken zwischen einzelnen und mehreren hundert bis tausend Tieren (u. a. ARNTZEN & TEUNIS 1993, BAKER 1999, ELLINGER & JEHLE 1997, GLANDT 1982, HAGSTRÖM 1979, KUPFER & KNEITZ 2000, STOEGER & SCHNEEWEISS 2001, BÜLOW 2001, WENZEL et al. 1995). Weiterhin können die Individuenzahlen für ein Gewässer zwischen den Untersuchungsjahren beträchtlich schwanken. Für das Gewässer M 4 in Merseburg wurden 2001 ca. 3200 und ein Jahr später nur 1800 Individuen geschätzt. Zumindest für den Untersuchungszeitraum war eine Abwanderung der Adulttiere in andere Gewässer auszuschließen. Denkbar ist auch, dass nicht jedes Jahr alle geschlechtsreifen Tiere am Laichgewässer erscheinen. Ähnliche Erhebungen geben europaweit kein einheitliches Bild. JEHLE (1997) nimmt an, dass vor allem der juvenile Anteil an der Population zwischen den Jahren schwankt. Es finden sich aber begründete Hinweise, dass diese Schwankungen auch bei den adulten Tieren auftreten können (ARNTZEN & TEUNIS 1993, BAKER 1999, BLAB & BLAB 1981, HAGSTRÖM 1979, GLANDT 1982, KNEITZ 1998, JEHLE et al. 2001, STOEGER & SCHNEEWEISS 2001). JEHLE (1997) begründet die geringen Schwankungen in der von ihm untersuchten Adultpopulation über neun Untersuchungsjahre damit, dass es sich bei dem untersuchten Endelteich bei Wien um ein anthropogen geschaffenes Habitat handelt, welches jedes Jahr künstlich auf dem Status quo gehalten wird.

In der genetischen Untersuchung der Merseburger Kammolchpopulationen war in erster Linie ein Heterozygotiedefizit in den einzelnen Populationen festzustellen, wobei der WAHLUND-Effekt (Verhinderung der vollständigen genetischen Durchmischung der Gesamtpopulation) als Ursache sicherlich nicht völlig auszuschließen ist. HEDGECOCK (1978) und KALEZI & HEDGECOCK (1980) führten bei ihren Untersuchungen an *Taricha* bzw. *Triturus* ebenso den WAHLUND-Effekt als Grund für Abweichungen vom HWG an.

Innerhalb Sachsen-Anhalts können die Populationen in Merseburg-West als isoliert betrachtet werden. Das nächste nachgewiesene Vorkommen von *T. cristatus* befindet sich mehr als 4 km östlich des Untersuchungsgebietes. In anderen Richtungen sind die Distanzen mit 6–10 km sogar noch größer. Diese Distanzen liegen deutlich oberhalb der für *T. cristatus* angegebenen Migrationsrate von etwa 1 km pro Jahr (THIESMEIER & KUPFER 2000, STOEGER & SCHNEEWEISS 2001, JEHLE & SINSCH 2007). Zudem liegt in der östlichen Richtung zwischen den nächstgelegenen Vorkommen die Stadt Merseburg, die als Migrationshindernis betrachtet werden muß. JEHLE et al. (2001) haben in West-Frankreich über mehrere Jahre verschiedene Populationen untersucht und dabei Heterozygotiewerte ähnlich unseren (0,53 und 0,65) (H_e) zwischen 0,52 (Tcri 46) und 0,68 (Tcri 43) ermittelt. JEHLE et al. (2001) und KRUPA et al. (2002) geben an, dass der Locus Tcri

46 ein signifikantes Heterozygotiedefizit zeigt (vermutlich Null-Allele), was durch unsere Untersuchungen nicht bestätigt werden konnte. Ein rezenter genetischer Flaschenhals konnte bei keiner der untersuchten Populationen nachgewiesen werden. In Merseburg lässt sich der Verlust der genetischen Diversität neben der genetischen Isolierung vor allem mit der Besiedlungsgeschichte der Gewässer erklären. Die Besiedlung der in den 1980er Jahren angelegten Gewässer M3 bis M5 erfolgte von den Gewässern M1 und M2 aus, die seit etwa 1950 dokumentiert die ältesten Gewässer mit Vorkommen des Kammmolchs in diesem Gebiet sind. Da wahrscheinlich keine Immigration von anderen Gewässern außerhalb des Untersuchungsgebietes möglich ist, sind die Individuen der Populationen M1 und M2 die Vorfahren der jüngeren Populationen M3 bis M5. Von den Gewässerpaaren M1/M2 und M3/M5 erfolgte wahrscheinlich die Besiedlung des erst in den 1990er Jahren entstandenen Gewässers M4. Die hohe genetische Homogenität (niedrige F_{ST} -Werte) deutet sehr auf eine Kolonisierung ohne Immigration von Individuen außerhalb des Untersuchungsgebietes hin. Die Entstehung derartig individuenreicher Populationen in Merseburg muss folglich vor etwa 50 Jahren begonnen haben. Dagegen ist die Population im Gewässer M4 nicht älter als 15 Jahre. Im Untersuchungsgebiet hat die Art mehr als jede andere alle entstandenen Sekundärstandorte besiedelt und große Populationen aufgebaut. Wir haben es beim Kammmolch wohl eher mit einem Kulturfolger als mit einer hoch spezialisierten und daher durch Verlust natürlicher Habitate gefährdeten Art zu tun. Der Kammmolch erweist sich besonders in der Jugendphase bis zum ersten Abbläuen als kolonisierungsfähige Art. Wanderwege zwischen 800 m und 1290 m sind belegt, was für die Art gerade im intensiv genutzten Kulturland von Vorteil ist (STOEGER 1997, KUPFER 1998, THIESMEIER & KUPFER 2000, STOEGER & SCHNEEWEISS 2001, SINSCH et al. 2003). Der Zusammenhang zwischen der Heterozygotie und Populationsparametern wie Fertilität, Wachstumsrate, Alter und Überlebensfähigkeit ist heutzutage umstritten (ROWE et al. 1999, HANSSON & WESTERBERG 2002, REED & FRANKHAM 2003). Gegen einen negativen Zusammenhang des niedrigeren Heterozygotiegrades der Populationen des UG Merseburg mit der Fitness sprechen die populationsbiologischen Daten (MEYER 2005, MEYER & GROSSE 2006, 2007). Es wäre sicherlich interessant zu untersuchen, ob im Vergleich zu Anuren (Nachkommen meist nur von einem Vater) multiple Vaterschaft bei *T. cristatus* die Fitness der Nachkommen signifikant verbessert?

In West- und Mitteleuropa ist der Kammmolch eine typische Flachlandart (FELDMANN 1981, GROSSE & GÜNTHER 1996, THIESMEIER & KUPFER 2000). In diesem Bereich ist die Art bei hinreichendem Gewässerangebot meist flächendeckend vertreten, in Sachsen-Anhalt aber häufig nur in isolierten Einzelvorkommen. Die Konnektivität der Vorkommen ist nur in den Verbreitungsschwerpunkten im Norden und Süden des Landes besonders ausgeprägt. Einige Vorkommen an der Landesgrenze stehen aufgrund der geringen Entfernung wahrscheinlich mit Populationen in Niedersachsen, Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg, Sachsen und Thüringen in Verbindung (KRONE et al. 2001, MEYER et al. 2001, PODLOUCKY & FISCHER 1991). In der Einschätzung erscheinen sie als wenig gefährdet. Dabei sind in Sachsen-Anhalt die trennenden Elemente vor allem anthropogener Natur: riesige Ackerebenen, Siedlungsflächen und Verkehrsstrassen, die für den Kammmolch unüberwindbar sind (MEYER et al. 2004). Betrachtungen dieser Art sollten nur für Teilflächen vorgenommen werden, deren Zusammengehörigkeit durch mehrere Merkmale begründet erscheint (SY & MEYER 2004).

Derzeit werden in Sachsen-Anhalt weniger als die Hälfte der Vorkommen über Schutzgebiete abgesichert (MEYER & SY 2001, LANDESAMT FÜR UMWELTSCHUTZ SACHSEN-ANHALT 2008; Tab. 7). STEINICKE et al. (2002) sehen für Deutschland eine starke Verantwortlichkeit für die Art, so dass allein durch Naturschutzgebiete sicher keine flächendeckende Bestandserhaltung möglich ist. Die Konnektivität ist in den Naturschutzgebieten des Landes mit durchschnittlich 0,9 km besonders günstig. Die FFH-Gebiete erscheinen rein formal auf Grund ihrer größeren Flächen mit einer Konnektivität von 2,8 km als nicht so günstig. Da sie aber den Verbreitungsschwerpunkten des Kammmolchs zuzuordnen sind, erfüllen sie die notwendigen Prioritäten für den Schutz der Art im Rahmen der FFH-Richtlinie.

Die direkten Habitatbezüge weisen für den Kammmolch landesweit Lebensräume mit anthropogenen Einfluss als sehr bedeutend aus (GROSSE 2004). Gewässerseitig sind das Teiche, Abtragungsgewässer, Gräben und Betonbecken (GROSSE & GÜNTHER 1996, SCHIEMENZ & GÜNTHER 1994, KNEITZ 1998, THIESMEIER & KUPFER 2000, MEYER et al. 2004). Unter den Landlebensräumen dominieren zwar die

Tab. 7 Anzahl der Vorkommen und Konnektivität in den Schutzgebieten

Table 7 Number of the occurrences and connection in the protectorates

Gebiet	Vorkommen	Abstand (m)			
		MW	SD	Max.	Min
Biosphärenreservat	12	10605	7132	23562	373
FFH-Gebiet linienhaft	32	3572	1735	5653	34
Naturschutzgebiete	45	982	1178	5859	77
FFH-Gebiet flächig	89	1964	1688	5871	47

Wälder, danach folgen aber Kulturlandhabitate wie Gärten, Wiesen, Abgrabungen, Ruderalflächen und Parkanlagen. Da fast 60 % der Vorkommen in Sachsen-Anhalt unter die Kategorie Kulturland fallen, ist aus naturschutzfachlicher Sicht hier Handlungsbedarf gegeben. Das Vorkommen in Merseburg zeigt die Anpassungsfähigkeit dieser Art als Kulturfolger. Möglicher Weise sind die Verbreitungslücken im zentralen und südlichen Sachsen-Anhalt lediglich auf ein Gewässerdefizit in der intensiv genutzten Landschaft zurückzuführen (KRONE et al. 2001, MEYER et al. 2004).

5 Zusammenfassung

GROSSE, W.-R.; MEYER, S.: Untersuchungen zu Ausbreitungspotenzial, Konnektivität und Verbreitung des Kammolchs (*Triturus cristatus* LAURENTI, 1768) in Sachsen-Anhalt. – *Hercynia N.F.* 41 (2008): 121–134.

Beispielhaft für Vorkommen des Kammolchs in der Kulturlandschaft wurden in den Jahren 2001 und 2002 auf einem ehemaligen Militärflughafen in Merseburg Untersuchungen zur Gewässerbesiedlung, Populationsgröße und genetischen Diversität des Kammolchs durchgeführt. Mit rund 5000 geschätzten Tieren für das gesamte Untersuchungsgebiet gehört es sicherlich zu den individuenreichen Vorkommen in Sachsen-Anhalt. Von den fünf untersuchten Populationen waren aufgrund genetischer Analysen nur zwei innerhalb des Hardy-Weinberg-Gleichgewichts einzustufen. Die Zahl der Allele lag zwischen 2 und 9. Die Heterozygotiewerte (H_e) der Merseburger Populationen lag mit Werten zwischen 0,53 und 0,65 für alle Loci im moderaten Bereich. Die geringen F_{st} -Werte zwischen 0,003 und 0,092 zeigten einen hohen Genfluß und eine geringe genetische Differenzierung zwischen den Populationen an. Isolation-by-distance konnte im Untersuchungsgebiet nicht nachgewiesen werden.

Deutschland liegt im zentralen Verbreitungsgebiet des Kammolches. Er weist in Sachsen-Anhalt ein sehr wechselhaftes Verbreitungsmuster auf, was im Wesentlichen durch das Habitatangebot in den Großlandschaften bestimmt wird. Auf der Basis der Verteilung der Fundpunkte konnte neben isolierten Einzelvorkommen 16 Verbreitungsschwerpunkte ermittelt werden, die immerhin 42,5 % der Vorkommen umfassen. Daneben ist die Art flächenhaft in der Ohre-Niederung, dem Drömling und dem Nordrand des Ohre-Aller-Hügellandes verbreitet. Die Konnektivität ist in den Naturschutzgebieten des Landes mit durchschnittlich 0,9 km besonders günstig. Die Vorkommen in FFH-Gebieten korrespondieren mit den Verbreitungsschwerpunkten der Art.

Für den Kammolch konnte aufgrund genetischer und populationsökologischer Untersuchungen ein beträchtliches Ausbreitungspotenzial in der Kulturlandschaft Sachsen-Anhalts festgestellt werden. Der Kammolch rückt damit wohl eher in die Reihe der Kulturfolger, er entspricht nach unseren Untersuchungen weniger einer hoch spezialisierten und daher durch Verlust natürlicher Habitate gefährdeten Art.

6 Danksagung

Für die Bereitstellung der Verbreitungsdaten danken wir dem Landesfachausschuss Feldherpetologie des Naturschutzbundes Deutschlands, der Unteren Naturschutzbehörde und dem Stadtplanungsamt der Stadt Merseburg und dem Landesamt für Umweltschutz Sachsen-Anhalt. Des Weiteren sei Prof. Dr. R. Moritz, PD Dr. P. Neumann und Fr. P. Leibe für die Hilfe bei den Arbeiten zur Populationsgenetik gedankt. Herrn Dr. R. Jehle und Herrn A. Krupa danken wir für die hilfreichen Diskussionen, Prof. D. H.J. Ferenz für die Durchsicht des Abstract, und Herrn H. Altner und J. Händel für die Bearbeitung der Karten. Das Land Sachsen-Anhalt hat die Untersuchungen dankenswerter Weise mit einem Förderprojekt (Thema: Untersuchungen zur Überlebensstrategie der Kammolchpopulationen in der Kulturlandschaft Sachsen-Anhalts – Gefährdung und Schutz. FKZ 3195A/0020B des Kultusministeriums Sachsen-Anhalts) unterstützt.

7 Literatur

- ARNTZEN, J.W.; TEUNIS, S.F.M. (1993): A six year study on the population dynamics of the crested newt (*Triturus cristatus*) following the colonization of a newly created pond. – *Herpetol. J.* **3**: 99-110.
- BAKER, J.M.R. (1999): Abundance and survival rates of great crested newts (*Triturus cristatus*) at a pond in central England: monitoring individuals. – *Herpetol. J.* **9**: 1-8.
- BERGER, H. (2000): Erfahrungen beim Nachweis von Molchen mit einfachen Trichterfallen. – *J.schr. Feldherpetol. und Ichthyofaunistik Sachsen* **6**: 111-116.
- BLAB, J. (1986): Biologie, Ökologie und Schutz von Amphibien. 3. erw., neubearb. Aufl. – (Kilda-Verlag) Bonn.
- BLAB, J.; BLAB, L. (1981): Quantitative Analysen zur Phänologie, Erfäßbarkeit und Populationsdynamik von Molchbeständen des Kottenforstes bei Bonn. – *Salamandra* **17** (3/4): 147-172.
- BOHONAK, A. J. (2002): IBD (Isolation by Distance): a program for analyses of isolation by distance. – *J. Heredity* **93**: 153-154.
- BÜLOW, B. von (2001): Kammolch-Bestandserfassung mit dreijährigen Reusenfängen an zwei Kleingewässern Westfalens und fotografischer Wiedererkennung der Individuen. – In: KRONE, A. (Hrsg.): Der Kammolch (*Triturus cristatus*) Verbreitung, Biologie, Ökologie und Schutz. – *Rana, Sonderheft 4*: 145-162.
- CORNUET, J.M.; LUIKART, G. (1996): Description and Power Analysis of Two Tests for Detecting Recent Population Bottlenecks From Allele Frequency Data. – *Genetics* **144**: 2001-2014.
- ELLINGER, N.; JEHL, R. (1997): Struktur und Dynamik einer Donaukammolch-Population (*Triturus dobrogicus*, KIRITZESCU 1903) am Endelteich bei Wien: Ein Überblick über neun Untersuchungsjahre. – In: HÖDL, W.; JEHL, R.; GOLLMANN, G. (Hrsg.): Populationsbiologie von Amphibien – Eine Langzeitstudie auf der Wiener Donauinsel. – *Stapfia* **51**: 133-150.
- FELDMANN, R. (Hrsg.) (1981): Die Amphibien und Reptilien Westfalens. – *Abh. Landesmus. für Naturk. Westfalen* **43**: 1-161.
- GLANDT, D. (1982): Abundanzmessung an mitteleuropäischen *Triturus* – Populationen (Amphibia, Salamandridae). – *Amphibia-Reptilia* **4**: 317-326.
- GLANDT, D. (2000): An efficient funnel trap for capturing Amphibians during their aquatic phase. – *Metelener Sch. R. Naturschutz* **9**: 129-132.
- GOUDET, J. (2001): FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3).
- GROSSE, W.-R.; GÜNTHER, R. (1996): Kammolch - *Triturus cristatus* (LAURENTI, 1768). – In: GÜNTHER, R. (Hrsg.): Die Amphibien und Reptilien Deutschlands. – Gustav Fischer, Jena: 120 - 141.
- GROSSE, W.-R. (2004): Kammolch. - In: MEYER, F.; BUSCHENDORF, J.; ZUPPKE, U.; BRAUMANN, F.; SCHÄDLER, M.; GROSSE, W.-R. (Hrsg.): Die Lurche und Kriechtiere Sachsen-Anhalts. Verbreitung, Ökologie, Gefährdung und Schutz. – (Laurenti) Bielefeld.
- GUO, S.W.; THOMPSON, E.A. (1992): Performing the Exact Test of Hardy-Weinberg Proportion for Multiple Alleles. – *Biometrics* **48**: 361-372.
- HAGSTRÖM, T. (1979): Population ecology of *Triturus cristatus* and *T. vulgaris* (Urodela) in SW Sweden. – *Holarctic Ecology* **2**: 108-114.
- HANSSON, B.; WESTERBERG, L. (2002): On the correlation between heterozygosity and fitness in natural populations (Invited Review). – *Mol. Ecol.* **11**: 2467-2474.
- HEDGECOCK, D. (1978): Population subdivision and genetic divergence in the red-bellied newt, *Taricha rivularis*. – *Evol.* **32**: 271-286.

- JEHLE, R. (1997): Langzeitstudien zur Dynamik von Amphibienpopulationen: ein Überblick. – In: HÖDL, W.; JEHLER, R.; GOLLMANN, G. (Hrsg.): Populationsbiologie von Amphibien – Eine Langzeitstudie auf der Wiener Donauinsel. – *Stapfia* **51**: 73–83.
- JEHLE, R.; ARNTZEN, J.W. (2002): Review: Microsatellite markers in amphibian conservation genetics. – *Herpetol. J.* **12**: 1–9.
- JEHLE, R.; ARNTZEN, J.W.; BURKE, T.; KRUPA, A.P.; HÖDL, W. (2001): The annual number of breeding adults and the effective population size of syntopic newts (*Triturus cristatus*, *T. marmoratus*). – *Mol. Ecol.* **10**: 839–850.
- JEHLE, R.; SINSCH, U. (2007): Wanderleistung und Orientierung von Amphibien: eine Übersicht. – *Z. Feldherpetol.* **14**: 137–152.
- KALEZI, M.L.; HEDGECOCK, D. (1980): Genetic variation and differentiation of three common European newts (*Triturus*) in Yugoslavia. – *British J. Herpetol.* **6**: 49–57.
- KNEITZ, S. (1998): Untersuchungen zur Populationsdynamik und zum Ausbreitungsverhalten von Amphibien in der Agrarlandschaft. – (Laurenti) Bochum.
- KRONE, A. (Hrsg.) (2001): Der Kammmolch (*Triturus cristatus*) Verbreitung, Biologie, Ökologie und Schutz. – RANA, Sonderheft 4, Natur & Text, Brandenburg.
- KRONE, A.; KÜHNEL, K.D. (1997): Erfahrungen mit dem Einsatz von Lichtfallen beim Nachweis von Molchen und Amphibienlarven. – In: HENLE, K.; VEITH, M. (Hrsg.): Naturschutzrelevante Methoden der Feldherpetologie. – *Mertensiella* **7**: 29–33.
- KRONE, A.; KÜHNEL, K.-D.; BECKMANN, H.; BAST, H.D. (2001): Verbreitung des Kammmolches (*Triturus cristatus*) in den Ländern Berlin, Brandenburg und Mecklenburg-Vorpommern. – In: KRONE, A. (Hrsg.): Der Kammmolch (*Triturus cristatus*) Verbreitung, Biologie, Ökologie und Schutz. – RANA, Sonderheft 4: 63–70
- KRUPA, A.P.; JEHLER, R.; DAWSON, D.A.; GENTLE, L.K.; GIBBS, M.; ARNTZEN, J.W.; BURKE, T. (2002): Microsatellite loci in the crested newt (*Triturus cristatus*) and their utility in other taxa. – *Conserv. Gen.* **3**: 87–89.
- KUGLER, H.; NAGEL, H.; SZEKELY, S. (2002): Kennzeichnung und Typisierung der Landschaftseinheiten Sachsen-Anhalts auf der Grundlage von Satellitendaten. – *Naturschutz im Land Sachsen-Anhalt* **39** (2): 31–40
- KUPFER, A.; KNEITZ, S. (2000): Population ecology of the great crested newt (*Triturus cristatus*) in an agricultural landscape: dynamics, pond fidelity and dispersal. – *Herpetol. J.* **10**: 165–171.
- LANDESAMT FÜR UMWELTSCHUTZ SACHSEN-ANHALT (2008): FFH-Gebiete Sachsen-Anhalts. <http://www.mu.sachsen-anhalt.de/start/fachbereich04/natura2000/gebietslisten/main.htm>.
- LEVENE, H. (1949): On a matching problem in genetics. – *Ann. Math. Stat.* **20**: 91–94.
- MEYER, S. (2005): Untersuchung zur Überlebensstrategie der Kammmolchpopulationen (*Triturus cristatus* LAURENTI, 1768) in der Kulturlandschaft Sachsen-Anhalts. – Diss. Univ. Halle-Wittenberg.
- MEYER, F.; BUSCHENDORF, J.; ZUPPKE, U.; BRAUMANN, F.; SCHÄDLER, M.; GROSSE, W.-R. (Hrsg.) (2004): Die Lurche und Kriechtiere Sachsen-Anhalts. – *Suppl. Z. Feldherpetologie* **3** – Laurenti, Bielefeld.
- MEYER, F.; MEHNERT, J.; NÖLLERT, A. (2001): Verbreitung und Situation des Kammmolches (*Triturus cristatus*) in den Ländern Sachsen-Anhalt, Sachsen und Thüringen. – In: KRONE, A. (Hrsg.): Der Kammmolch (*Triturus cristatus*) Verbreitung, Biologie, Ökologie und Schutz. – RANA, Sonderheft **4**: 71–82
- MEYER, F.; SY, T. (2001): Amphibia und Reptilia (Lurche und Kriechtiere). – *Naturschutz im Land Sachsen-Anhalt*, Sonderheft: Die Tier- und Pflanzenarten nach Anhang II der Fauna-Flora-Habitatrichtlinie im Land Sachsen-Anhalt: 71–77.
- MEYER, S.; GROSSE, W.-R. (2006): Zur Morphologie und Altersstruktur des Kammmolchs (*Triturus cristatus*) im Raum Halle (Saale) und Ostharz. – *Hercynia N.F.* **39**: 269–281.
- MEYER, S.; GROSSE, W.-R. (2007): Populationsgröße, Altersstruktur und genetische Diversität einer Metapopulation des Kammmolches (*Triturus cristatus*) in der Kulturlandschaft Sachsen-Anhalts. – *Z. Feldherpetologie* **14** (1): 9–24.
- MÖLLE, J.; KUPFER, A. (1998): Amphibienfang mit der Auftauchfalle: Methodik und Evaluierung im Freiland. – *Z. Feldherpetologie* **5**: 219–227.
- NEI, M. (1987): *Molecular evolutionary genetics*. – New York (Columbia University Press).
- NEWMAN, R.A.; SQUIRE, T. (2001): Microsatellite variation and fine-scale population structure in the wood frog (*Rana sylvatica*). – *Mol. Ecol.* **10**: 1087–1100.
- NÖLLERT, A.; NÖLLERT, C. (1992): *Die Amphibien Europas*. – Franckh–Kosmos, Stuttgart.
- PODLOUCKY, R.; FISCHER, C. (1991): Zur Verbreitung der Amphibien und Reptilien in Niedersachsen. Zwischenauswertung mit Nachweiskarten von 1981–1989. – *Arbeitsmaterial Niedersächsisches Verwaltungsamt, Hannover*.
- RAYMOND, M.; ROUSSET, F. (1995): GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact test and ecumenism. – *J. Heredity* **86**: 248–249.
- REED, D.H.; FRANKHAM, R. (2003): Correlation between Fitness and Genetic Diversity. – *Conserv. Biol.* **17** (1): 230–237.

- ROWE, G.; BEEBEE, T.J.C.; BURKE, T. (1999): Microsatellite heterozygosity, fitness and demography in natterjack toads *Bufo calamita*. – Anim. Conserv. **2**: 85-92.
- SAMBROOK, J.; FRITSCH, E.; MANIATIS, T. (1989): Molecular Cloning. A Laboratory Manual. – Laboratory Press Cold Spring Harbor, NY.
- SCHIEMENZ, H.; GÜNTHER, R. (1994): Verbreitungsatlas der Amphibien und Reptilien Ostdeutschlands (Gebiet der ehemaligen DDR). – Natur & Text, Rangsdorf.
- SETTELE, J.; FELDMANN, R.; HENLE, K.; KOCKELKE, K.; POETHKE, H.-J. (1999): Populationsgrößenschätzung bei Tieren. – Internet-Version 1999.
- SINSCH, U.; LANG, V.; WIEMER, R.; WIRTZ, S. (2003): Dynamik einer Kammolch-Metapopulation (*Triturus cristatus*) auf militärischem Übungsgelände (Schmittenhöhe, Koblenz): 1. Phänologie, Wettereinfluss und Ortstreue. – Z. Feldherpetologie **10**: 193-210.
- STEINICKE, H.; HENLE, K.; GRUTTKE, H. (2002): Bewertung der Verantwortlichkeit Deutschlands für die Erhaltung von Amphibien- und Reptilienarten. – Bundesamt für Naturschutz, Bonn, Bad Godesberg.
- STOEFER, M. (1997): Populationsbiologische Untersuchung an einer Kammolchpopulation (*Triturus cristatus* LAURENTI, 1768) im Barnim (Brandenburg). – Dipl.arb. Univ. Potsdam.
- STOEFER, M.; SCHNEEWEISS, N. (2001): Populationsdynamik von Kammolchen (*Triturus cristatus*) in einer Agrarlandschaft Nordost-Deutschlands. – In: KRONE, A. (Hrsg.): Der Kammolch (*Triturus cristatus*) Verbreitung, Biologie, Ökologie und Schutz. – RANA, Sonderheft **4**: 225-238.
- SY, T.; MEYER, F. (2004): Bestandssituation und Schutz der Rotbauchunke in Sachsen-Anhalt. – Ber. Landesamt für Umweltschutz Sachsen-Anhalt, Sonderheft 3/2004.
- THIESMEIER, B.; KUPFER, A. (2000): Der Kammolch: ein Wasserdrache in Gefahr. – Laurenti, Bochum.
- VEITH, M.; KLEIN, M. (1996): Zur Anwendung des Metapopulationskonzepts auf Amphibienpopulationen. – Z. Ökol. und Natursch. **5**(3/4): 217-228.
- WEIR, B.S.; COCKERHAM, C.C. (1984): Estimating *F*-Statistics for the analysis of population structure. – Evol. **38** (6): 1358-1370.
- WENZEL, S.; JAGLA, W.; HENLE, K. (1995): Abundanzdynamik und Laichplatztreue von *Triturus cristatus* und *Triturus vulgaris* in zwei Kleingewässern einer Auskiesung bei St. Augustin (Nordrhein-Westfalen). – Salamandra **31** (4): 209-230.
- WHITE, G.C.; BURNHAM, K.P. (1999): Program MARK: Survival estimation from populations of marked animals. – Bird Study **46** Supplement: 120-138.
- YEH, F.C.; YANG, R.-C.; BOYLE, T. (1999): POPGENE Version 1.31.
- ZUPPKE, U. (1995): Die aktuelle Situation der Amphibienfauna des Naturparks Drömling (Sachsen-Anhalt). – Beitr. Naturkunde Niedersachsens **48** (2): 89-105.

Manuskript angenommen: 20. März 2008

Anschrift der Autoren:

PD Dr. Wolf-Rüdiger Grosse und Dr. Susanne Meyer, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Biologie/Bereich Zoologie, Domplatz 4, D-06099 Halle/Saale.
E-Mail: wolf.grosse@zoologie.uni-halle.de und suse-meyer@web.de