



**Beiträge der
Hymenopterologen-Tagung in Stuttgart
(6.-8.10.2006)**

Herausgeber: Dr. Till OSTEN, Stuttgart

Genetische Differenzierung von *Andrena vaga*-Nistaggregationen (Hymenoptera: Andrenidae) in Nordwestdeutschland

Nina EXELER, Axel HOCHKIRCH & Anselm KRATOCHWIL

Universität Osnabrück, Fachbereich Biologie / Chemie, Fachgebiet Ökologie
Barbarastraße 11, D-49069 Osnabrück, E-Mail nina.exeler@biologie.uni-osnabrueck.de

Einleitung

Die genetische Variabilität innerhalb einer Population und die genetische Differenzierung zwischen Populationen einer Art werden durch verschiedene Faktoren wie z.B. Mutation, Selektion, genetische Drift, Separation und Fragmentierung von Populationen beeinflusst. Eine große Bedeutung für die genetische Differenzierung einzelner Populationen hat der Genfluss mit anderen Populationen. Eine geringe genetische Austauschrate bewirkt eine hohe Differenzierung einzelner Populationen. Entscheidend für einen hohen Genfluss sind das Ausbreitungsvermögen und das Fortpflanzungssystem der Art sowie die Struktur und Fragmentierung ihres Lebensraumes. Insbesondere bei ausbreitungsschwachen Organismen kann eine zunehmende geographische Entfernung zu einer zunehmenden genetischen Abgrenzung der einzelnen Populationen führen. Ein solcher positiver Zusammenhang zwischen genetischer Divergenz und geographischer Distanz wird als „isolation by distance“ (WRIGHT 1943) bezeichnet.

Die Sandbienenart *Andrena vaga* (Panzer, 1799) ist im nordwestdeutschen Tiefland weit verbreitet. Große Nistaggregationen mit bis zu 4000 Nestern sind vor allem dort zu finden, wo für diese oligolektische Bienenart sandige, offene Bodenstrukturen zur Anlage der Nester und Weidenbüsche (*Salix*-Arten) als Pollenquellen vorhanden sind. Die Entwicklung von Mikrosatelliten-Primern für *A. vaga* durch MOHRA et al. (2000) ermöglicht eine Untersuchung zahlreicher populationsgenetischer und -ökologischer Fragestellungen.

Folgende Fragen zur genetischen Populationsstruktur von *A. vaga* wurden analysiert:

1. Wie hoch ist die genetische Variabilität innerhalb einzelner Nistaggregationen?
2. Wie stark ist die genetische Differenzierung zwischen einzelnen Populationen?
3. Wie wirkt sich der Faktor Entfernung auf die genetische Differenzierung zwischen Populationen aus?

Methoden

Im Frühjahr 2002, 2003, 2005 und 2006 wurden 11 Nistaggregationen im Emsland, drei im Osnabrücker Raum, drei am Niederrhein und eine im Darmstädter Raum besammelt und jeweils 12 bis 25 weibliche Tiere entnommen. Die Isolation von DNA erfolgte aus Teilen des Thorax bzw. des Abdomens. Die einzelnen Nistaggregationen wurden mit Hilfe vier verschiedener Mikrosatelliten-Loci auf ihre genetische Struktur hin untersucht. Die genetische Variabilität, die erwartete und beobachtete Heterozygotie einzelner Populationen sowie die Zusammenhänge zwischen Populationen wurden mit Hilfe der Programme FSTAT (GOUDET 2000) und Arlequin Version 2000 (SCHNEIDER et al. 2000) berechnet.

Ergebnisse und Diskussion

Die geographische Distanz gilt als wichtigster Faktor für genetische Isolation (PACKER & OWEN 2001, HARPER et al. 2003). Der Grad der genetischen Differenzierung (Abgrenzung von

Teilpopulationen) ist bei *A. vaga* im gesamten Untersuchungsraum gering; erst bei zunehmender Entfernung (> 100 km) ist ein Einfluss durch geographische Distanz festzustellen.

Die genetischen Distanzen zwischen den Populationen im nordwestdeutschen Tiefland (Emsland) deuten auf eine sehr hohe Vernetzung und ein hohes Maß an Genfluss hin. Sogar die Populationen im Osnabrücker Raum weisen große genetische Übereinstimmungen mit den Populationen im Emsland auf. Eine Ausnahme bilden einige Populationen im Bereich der Ems, die genetisch stärker abgegrenzt sind. (Naturschutzgebiete „Meppener Kuhweide“ und „Borkener Paradies“). Regionale Unterschiede im Differenzierungsgrad sind zum einen auf landschaftliche Barrieren (hoher Waldanteil) zurückzuführen, können aber auch mit dem Alter der Populationen und ihrer Lebensräume zusammenhängen.

Die genetische Variabilität innerhalb der Populationen zeichnet sich durch einen hohen Allelreichtum und eine hohe Gendiversität aus. Bei einem Vergleich von erwarteten und beobachteten Heterozyotiegraden (Hardy-Weinberg-Gleichgewicht), fällt ein signifikantes Abweichen der beobachteten von den erwarteten Werten bei fast allen analysierten Loci auf. Mit verantwortlich für diese geringe Anzahl heterozygoter Tiere ist wahrscheinlich die Tatsache, dass die Männchen der Hymenopteren haploid sind (PAMILO & CROZIER 1981).

- Goudet, J. 2000: Fstat, A Programm to Estimate and Test Gene Diversities and Fixiation Indices, Version 2.9.1. — Available from <http://www.unil.ch/izea/softwares/fstat.html>.
- HARPER, G.L., MACLEAN, N. & GOULSON, D. 2003: Microsatellite markers to assess the influence of population size, isolation and demographic change on the genetic structure of the UK butterfly *Polymnatus bellargus*. — *Molecular Ecology* 12: 3349-3357.
- MOIRA, C., FELLENDORF, M., SEGELBACHER, G. & PAXTON, R.J. 2000: Dinucleotide Microsatellite loci for *Andrena vaga* and other Andrenid Bees from non-enriched and CT-enriched libraries. — *Molecular Ecology* 9: 2155-2234.
- PACKER, L. & OWEN, R. 2001: Population Genetic Aspects of Pollinator Decline. — *Conservation Ecology* 5: 4. [online] URL:<http://www.consecol.org/vol5/iss1/art4/>
- PAMILO, P. & CROZIER, R.H. 1981: Genetic Variation in Male Haploids under Deterministic Selection. — *Genetics* 98: 199-214.
- SCHNEIDER, S., ROESSLI, D. & EXCOFFIER, L. 2000: Arlequin, Version 2.000: A Software for Population Genetics Data Analysis. — Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland.
- WRIGHT, S. 1943: Isolation by distance. — *Genetics* 28: 114-138.