

## Szenario zum Schutz gefährdeter Schwanzlurche

Biogeographen wollen auf der Basis genetischer Untersuchungen Optionen entwickeln

Als vor vier Jahren im Süden Hollands ein Pilz als Auslöser eines Massensterbens von Feuersalamandern identifiziert wurde, läuteten bei Natur- und Artenschützern die Alarmglocken. Ein Jahr später wurde der vermutlich über den Handel mit Zootieren aus Asien eingeschleppte parasitische Salamander-Chytridpilz (kurz: Bsal) in weiteren Gebieten der Niederlande und in Belgien nachgewiesen. 2016 trat Bsal erstmals in Deutschland auf. Wissenschaftler halten den Pilz für eine ernsthafte Bedrohung für Populationen und ganze Arten von Schwanzlurchen (Molche und Salamander). Bsal ist auch Anlass eines neuen Forschungsvorhabens in der Biogeographie der Universität Trier. In dem von der Nikolaus Koch Stiftung geförderten Projekt untersuchen Dr. Joscha Beninde und Dr. Norman Wagner die Populations- und Landschaftsgenetik gefährdeter Schwanzlurche in der Südeifel. Auf der Basis einer Bestandserfassung wollen sie mehr über die rezente Ausbreitung des Pilzes erfahren, aber auch Szenarien für den Schutz von Molchen und Salamandern entwerfen.

Die bisherigen Nachweise sprechen dafür, dass sich Bsal schnell ausbreitet und auch Schwanzlurche in hiesigen Regionen stark gefährdet sind. Bislang ist der Pilz nur in der zu Nordrhein-Westfalen gehörenden nördlichen Eifel nachgewiesen. Die Fundorte liegen allerdings nur etwa 20 Kilometer von der Grenze zu Rheinland-Pfalz entfernt.

Eine aktuelle Studie aus der Fachzeitschrift „Nature“ unter Führung der Universität Gent zeigt auf, dass Bsal ein noch gefährlicheres Pathogen ist als bisher angenommen. Der Pilz breitet sich nicht nur von Tier-zu-Tier aus, sondern besitzt sowohl im Wasser frei bewegliche Zoosporen als auch Dauerstadien. Somit kann eine Ausbreitung über etwa den Menschen oder Wasservögel erfolgen. Zudem können sich wegen der Dauerstadien Tiere an Standorten, an die der Pilz einmal gelangte, noch lange Zeit infizieren, obwohl keine Wirte mehr vorhanden sind. In Belgien wurde etwa nachgewiesen, dass Feuersalamander mit dem Waldboden von einem Standort, an welchem Salamander aufgrund von Bsal

starben, noch nach zwei Jahren infiziert werden konnten.

Bei Salamandern wirkt eine Infektion anscheinend fast immer tödlich und es gibt bisher keinerlei Anzeichen für die Ausbildung von Resistenzen im Freiland. Beim Bergmolch führen starke Infektionen ebenfalls zum Tod, schwache Infektionen überleben die Tiere, werden so allerdings zu gefährlichen Reservoiren und Überträgern der Krankheit. Zudem konnte von der Universität Gent aufgezeigt werden, dass bestimmte (aber nicht alle) Bsal-Isolate selbst Froschlurche infizieren können, obwohl man bisher davon ausging, dass sich nur Schwanzlurche infizieren können. Die Infektionen verliefen bei Froschlurchen zwar ohne Ausbruch der Krankheit, jedoch sind diese deshalb ebenfalls Reservoire und Krankheitsüberträger. Die Wissenschaftler empfehlen als einzige zurzeit praktikable Maßnahme Erhaltungszuchten, um die regionale genetische Diversität von Salamandern und Molchen zu bewahren.

Vor diesem Hintergrund arbeiten Norman Wagner und Joscha Beninde in ihrem Projekt an einer Reihe höchst relevanter Forschungsfragen und -ziele. Zunächst wollen sie mit Hilfe von Probenahmen in den Habitaten der Schwanzlurche eine Bestandsaufnahme von Populationen in der südlichen Eifel erstellen. Diese Bestandserfassungen könnten künftig auch als Referenzgröße dienen, um Rück-



Die Analyse von DNA-Proben gibt Hinweise auf Verwandtschaftsverhältnisse. Fotos: Joscha Beninde

## Erfahrungen für Studierende

Studierende unterstützen im Rahmen von Abschlussarbeiten die Probenahme, die von März bis Juni in diesem und im kommenden Jahr durchgeführt wird. Dank einer von den Biogeographen der Universität umgesetzten Methode können die DNA-Untersuchungen nicht-invasiv mit Abstrichen der Haut vorgenommen werden. Im laufenden Jahr führt Florian Keltsch im Rahmen des Projekts seine Master-Abschlussarbeit durch, die sich auf den Bergmolch konzentriert.



gänge in den Populationen zu quantifizieren, falls der Pilz ganze Populationen dezimieren sollte.

Vorrangig interessieren sich die Trierer Forscher für die Strukturen der Populationen von Schwanzlurchen in der Südeifel sowie dem rheinland-pfälzischen Teil der Nordeifel. Sie wollen Daten und Informationen darüber gewinnen, in welchem Austausch Populationen und Arten stehen, ob und wie sie miteinander verbunden oder vernetzt sind, wo natürliche oder künstliche Barrieren den Austausch einschränken oder vollständig verhindern. Diese Fragen sind besonders von hoher Relevanz im Hinblick auf die Ausbreitung des Pilzes über die Molche. So könnte eine starke oder vollständige Isolation einer Population wie eine Schutzzone gegen Bsal wirken.

Der Frage der Vernetzung von Populationen nähern sich die Wissenschaftler mit Hilfe populationsgenetischer Verfahren. Von primär in Wald-Habitaten verbreiteten Bergmolchen nehmen sie DNA-Proben, die Analysen von Verwandtschaftsverhältnissen ermöglichen. Mittels dieser Verfahren lassen sich Einheiten identifizieren, innerhalb derer Schwanzlurche im genetischen Austausch stehen, in Abgrenzung zu Individuen anderer Einheiten. Für stark isolierte Einheiten kann daher von einem geringeren Infektionsrisiko ausgegangen werden.

Diese populationsgenetischen Parameter ergänzen die Trierer Biogeographen durch landschaftsgenetische Aspekte. Natürliche oder künstliche Barrieren wie Flüsse, Höhenzüge, Schluchten oder Straßen können solch genetisch messbaren Austausch von Individuen verhindern, andere Landschaftselemente können ihn begünstigen. „Am Ende dieser Teiluntersuchung steht quasi ein Ranking von Landschaftselementen und ihres Einflusses auf den genetischen Austausch“, erläutert Joscha Beninde das Ziel.

Die Identifizierung der Populationen in Verbindung mit der Kartierung und Beschreibung von landschaftsgenetischen Merkmalen kann neben der

reinen Bestandserfassung insbesondere dazu dienen, Szenarien für den Schutz der Schwanzlurche aufzuzeigen. Sollte sich der Pilz weiter ausbreiten, könnten diese Befunde als Grundlage von Naturschutzmaßnahmen herangezogen werden. Nach einem von Wagner und Beninde entworfenen Szenario könnten aus unterschiedlichen genetischen Einheiten Tiere entnommen und in Gefangenschaft gehalten werden. Eine Heilung von befallenen Individuen ist im Labor mit Hilfe von Wärmebehandlung und Fungiziden möglich. Da die Tiere aus verschiedenen Einheiten stammen, bliebe so die genetische Vielfalt innerhalb der Arten in der Region erhalten, auch wenn der Pilz die Freilandpopulationen befällt und eventuell völlig ausrottet. Falls der Pilz in Zukunft wieder aus der Umwelt eliminiert werden kann oder bekannt ist, wie lange die Dauerstadien überleben, könnten die Tiere in den ursprünglichen Habitaten wieder angesiedelt werden.

Peter Kuntz, Pressestelle

Kontakt:

Dr. Joscha Beninde  
Geowissenschaften/Biogeographie  
✉ beninde@uni-trier.de  
☎ 0651/201-4911



Studierende unterstützen die Forschergruppe bei der Probenahme.