

Evolution genetischer Strukturen in Metapopulationen

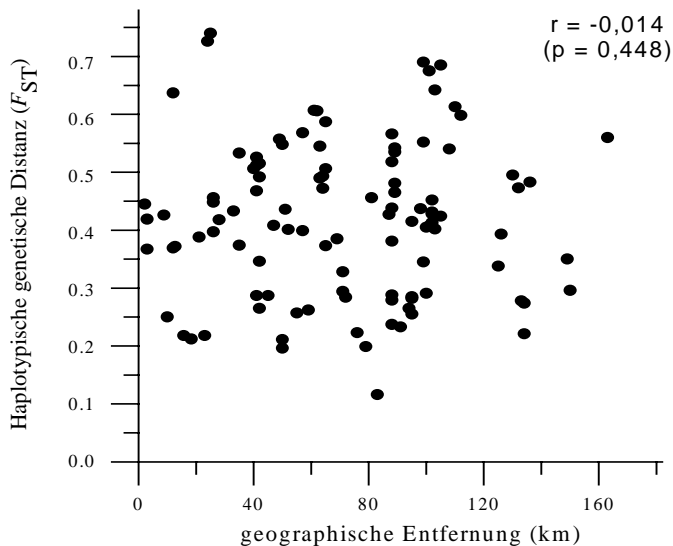
Insgesamt wurden 307 Hasen aus 21 Populationen hinsichtlich ihrer genetischen Vielfalt und Struktur untersucht. Die Analyse erfolgte auf der Grundlage von 5 Mikrosatelliten-Loci sowie der mitochondrialen Kontroll-Region (Haplotypen).

Der durchschnittliche F_{ST} -Wert im paarweisen Vergleich der Populationen untereinander lag bei 0,31 ($p < 0,001$), was auf eine klare matrilineare Strukturierung der Hasenmetapopulation hindeutet. Hinsichtlich der Verteilung der Mikrosatelliten-Allele gab es keine Unterschiede zwischen beiden Populationen ($F_{ST} = 0,054$, nicht signifikant).

Da mitochondriale DNA nur mütterlicherseits vererbt wird, die Weitergabe der Mikrosatelliten aber Mendel'schen Regeln folgt, läßt die Haplotypenverteilung den Schluß zu, daß Häsinnen nur in geringem Maße am genetische Austausch beteiligt sind, während die Vermischung der Mikrosatelliten-Allele auf die Rammler zurückzuführen ist (männlich verschobener Genfluß). Die Gründe dafür können einerseits im philopatrischen (Nesttreue) Verhalten der Häsinnen oder/und in einem höheren Abwanderungsgrad bzw. einem größeren Einzugsgebiet der Rammler liegen.

Eine weitere wesentliche Erkenntnis unserer Untersuchungen ist, daß die genetische Struktur der die Metapopulation ausmachenden Einzelpopulationen stärker durch genetische Drift als durch Migration zwischen den Populationen geprägt wird (Fig. 1).

Fig. 1: Genetische *versus* geographische Distanzen zwischen *Lepus europaeus*-Populationen in Nordrhein-Westfalen.



Legende:

Gegeneinander aufgetragen sind die paarweisen genetischen (angegeben als F_{ST} -Werte) und geographischen Distanzen (angegeben als Abstand in km) zwischen 21 *Lepus europaeus*-Populationen in Nordrhein-Westfalen.