

Einfluss von Flächennutzung auf die genetische Variabilität und genetische Populationsstruktur von *Arion lusitanicus* Mabilie (Gastropoda, Pulmonata)

Ziel dieser Arbeit war es, den Einfluss der Landbewirtschaftung und Flächennutzung auf die genetische Variabilität und genetische Populationsstruktur des Neozoen *Arion lusitanicus* zu untersuchen. *Arion lusitanicus* ist eine ihr Areal schnell ausweitende Nacktschneckenart. Diese Art wurde ausgewählt, da sie aufgrund ihrer geringen Mobilität gut einzelnen Parzellen zugeordnet werden kann und sie den Umwelt- und Bewirtschaftungseinflüssen gegenüber besonders exponiert ist. Darüber hinaus ist das Alter der recht jungen Population in Herl gut bekannt, so dass genetische Veränderungen rezent wirkenden Umwelt- und Bewirtschaftungseinflüssen zugeordnet werden können. Um kleinräumliche Effekte der verschiedenen Bewirtschaftungssysteme untersuchen zu können, wurden in der Hunsrück-Gemeinde Herl zehn, größtenteils landwirtschaftlich genutzte Untersuchungsflächen ausgewählt. Darunter fielen vier ökologisch und vier konventionell bewirtschaftete Flächen mit teilweise unterschiedlicher Flächennutzungsdynamik. Darüber hinaus wurden eine langjährige Brachfläche und eine Dauergrünlandfläche mit in die Untersuchung einbezogen. Als Referenzgebiete wurden Wahlen im Nordsaarland und Belm im südlichen Niedersachsen ausgewählt. Zum Einsatz kamen zwei grundsätzlich unterschiedliche, PCR-basierte, molekulargenetische Analysemethoden. Die RAPD-Analyse (randomly-amplified-polymorphic DNA) und die Mikrosatellitenanalyse. Da für *A. lusitanicus* bisher keine Mikrosatellitenprimer bekannt waren, wurden Primer anderer Molluskenarten erfolgreich getestet. Zwei Mikrosatellitenloci zeigten auswertbare Ergebnisse. So konnten fünf Allele bei insgesamt 360 Individuen ausgewertet werden. In der RAPD-Analyse sind 94 polymorphe Marker ausgewertet worden. Im Vergleich der konventionell und biologisch bewirtschafteten Parzellen konnte mit beiden molekulargenetischen Methoden kein signifikanter Unterschied hinsichtlich der analysierten Parameter (genetische Diversität, genetische Distanzen und Populationsstrukturierung) gefunden werden. Insbesondere die RAPD-Analyse zeigte im Untersuchungsgebiet eine Populationsunterteilung, die aufgrund reduzierten Genflusses und Gendrift durch umweltstochastische Einflüsse zustande kommen kann. Ein Teil der Populationsstrukturierung kann durch „Isolation by distance“ erklärt werden. Bei „Isolation by distance“ nimmt die Ähnlichkeit zwischen Populationen mit zunehmender Entfernung ab. Obwohl eine Regressionsanalyse einen statistisch signifikanten Zusammenhang zwischen der Geländehöhe ü. NN und der genetischen Diversität der einzelnen Stichproben nachweisen konnte ($p=0,029$), fällt es schwer, funktionelle Zusammenhänge herzustellen. Dennoch ist es wahrscheinlich, dass abiotische Faktoren wie Temperatur, Luftfeuchtigkeit und Bodenfeuchte einen Einfluss auf die Mortalität und Vitalität und damit auf die genetische Struktur von Schneckenpopulationen haben. Hinsichtlich der Bewirtschaftung zeigten drei Schneckenpopulationen in Herl besonders geringe genetische Diversitäten. Dies waren eine Brachfläche, eine Wiese und eine Fläche, die bis zum Jahr 2001 lange brach gelegen hatte. Der Unterschied zwischen diesen drei Flächen und den restlichen ackerbaulich genutzten Flächen war auf Basis der Daten beider Mikrosatellitenloci signifikant (Ari1: U-Test, $p=0,033$; HA-7: $p=0,017$). Bei der RAPD-Analyse zeigten die Flächen „Konv1“ und „Wiese“ höhere Diversitäten, die Fläche „Brache“ lag ebenfalls hinsichtlich der Diversität im oberen Bereich. Da bei der RAPD-Analyse 94 Genorte analysiert wurden, während es bei der Mikrosatellitenanalyse nur zwei Loci waren, sind die RAPD-Ergebnisse vertrauenswürdiger. Diese Ergebnisse können möglicherweise als Hinweis darauf gedeutet werden, dass Flächennutzung, unabhängig von biologischer oder konventioneller Bewirtschaftung, einen Einfluss auf die genetische Diversität von *Arion lusitanicus* haben kann.