

## Genetische Unterschiede zwischen rechts- und linksrheinischen Waldmäusen (*Apodemus sylvaticus*)<sup>1)</sup>

von

HUBERT GEMMEKE

Zoologisches Institut der Universität Bonn

### Einleitung

Wie weit große Flüsse die Ausbreitung von Säugetieren hemmen und den Genaustausch benachbarter Populationen beschränken, ist wenig geklärt. Die Verbreitungskarten der meisten Arten lassen keinen Einfluß erkennen. Gewöhnlich ist eine Art beiderseits und gleich weit nach Norden vorhanden. Ausnahmen sind im Rheinland der Siebenschläfer (*Glis glis*), der bei Bonn nur rechtsrheinisch vorkommt, der Gartenschläfer (*Eliomys quercinus*), der hier nur linksrheinisch festzustellen ist, und der Hamster (*Crice-tus cricetus*), der hier ebenfalls von Westen her bis zum Rhein geht, auf der Gegenseite am Niederrhein aber fehlt (Niethammer 1961; Niethammer & Krapp 1981). In keinem Fall wirkt der Rhein so sehr als Schranke, daß er dadurch zur Grenze zwischen anerkannten Unterarten bei Säugetieren geworden wäre.

Um dennoch die Schrankenwirkung des Rheins abschätzen zu können, müssen genetische Unterschiede zwischen beiderseits lebenden Populationen derselben Art ermittelt werden. Sind sie nicht größer als entsprechende Abstände zwischen ähnlich weit entfernten Populationen, die kein Fluß trennt, so hätte der Rhein keine nennenswert trennende Wirkung. Je höher der genetische Unterschied zwischen den Populationen rechts und links des Rheins ausfällt, um so mehr muß eine den Genaustausch behindernde Wirkung des Flusses angenommen werden.

Diese Frage soll hier mit Hilfe der Schätzung genetischer Abstände über elektrophoretische Proteinunterschiede behandelt werden.

---

<sup>1)</sup> Mit Unterstützung der Deutschen Forschungsgemeinschaft

### Material und Methode

Ich verglich drei Populationen der Waldmaus (*Apodemus sylvaticus*) (Abb. 1), von denen zwei einander räumlich nahe, aber durch den Rhein getrennt sind (1 und 2), während die dritte (3) weiter entfernt, aber von der rechtsrheinischen Population 2 durch keine größere Flußschranke separiert ist.

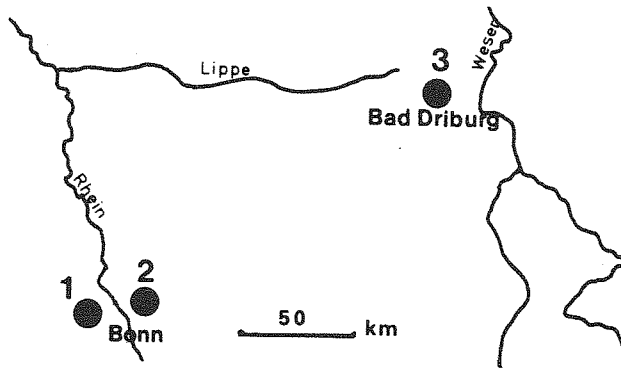


Abb. 1: Fangorte der drei Waldmauspöpopulationen. — 1 (linksrheinisch): Bonn, am Rande des Kottenforstes; 2 (rechtsrheinisch): Beuel und Hennef, an Feldrändern und in der Nähe des Waldes; 3 (rechtsrheinisch): Bad Driburg (Ostwestfalen), ca. 200 km von Bonn, in der Nähe des Waldes.

An diesen Waldmäusen wurden gelelektrophoretisch 15 Proteine untersucht, die durch 16 Gene kodiert werden:

- Lactat-Dehydrogenase 1 (LDH<sub>1</sub>) aus Herz
- Lactat-Dehydrogenase 2 (LDH<sub>2</sub>) aus Leber
- Malat(NAD)-Dehydrogenase (MDH[NAD]) aus Leber
- Malat(NADP)-Dehydrogenase (MDH[NADP]) aus Leber
- NADP-Isocitrat-Dehydrogenase 1 (IDH<sub>1</sub>) aus Leber
- NADP-Isocitrat-Dehydrogenase 2 (IDH<sub>2</sub>) aus Herz
- $\alpha$ -Glycerophosphat-Dehydrogenase ( $\alpha$ -GPD) aus Leber
- 6-Phosphogluconat-Dehydrogenase (6-PGD) aus Leber
- Glucose-6-Phosphat-Dehydrogenase (G-6-PD) aus Leber
- Hexose-6-Phosphat-Dehydrogenase (H-6-PD) aus Leber
- Glutamat-Oxalacetat-Transaminase 1 (GOT<sub>1</sub>) aus Leber
- Glutamat-Oxalacetat-Transaminase 2 (GOT<sub>2</sub>) aus Leber
- Indophenol-Oxidase (IPO) aus Leber
- Albumin (Al) aus Leber
- Post-Albumin (PA) aus Plasma
- Transferrin (Tf) aus Plasma

Aus den Allelen und ihren Frequenzen in den 3 Populationen (Tab. 1) wurden die Ähnlichkeitskoeffizienten nach Rogers (1972) berechnet. Daraus wurde ein Dendrogramm abgestufter Ähnlichkeit mit Hilfe der „ungewichteten Paargruppenmethode“ (UPGMA) nach Sokal & Sneath (1973) erstellt.

Tabelle 1: Polymorphe Genloci und ihre Genotypen in 3 Waldmauspopulationen

Population	n	Genotypen	Allelfrequenz
<b>Post-Albumin</b>			
		aa bb cc dd ee ab ad bc bd be cd ce de 100 98 96 95 93	a b c d e
Bonn	20	1 11	0,08 0,67 0,08 0,08 0,09
Hennef	28	13 1 3 3 5 1 1 1	0,05 0,66 0,09 0,16 0,04
Bad Driburg	26	17 2 6 1 1	0,04 0,81 0,00 0,13 0,02
<b>Transferrin</b>			
		aa bb ab 100 92	a b
Bonn	20	16 4	0,90 0,10
Hennef	28	27 1	0,98 0,02
Bad Driburg	26	26	1,00 0,00
<b><math>\alpha</math>-Glycerophosphat-Dehydrogenase</b>			
		aa bb cc ab bc 100 90 75	a b c
Bonn	20	19 1	0,03 0,97 0,00
Hennef	28	22 5 1	0,09 0,89 0,02
Bad Driburg	26	23 3	0,07 0,93 0,00
<b>Hexose-6-Phosphat-Dehydrogenase</b>			
		aa bb cc dd ac ad bd 100 95 91 86	a b c d
Bonn	20	3 7 10	0,15 0,35 0,50 0,00
Hennef	28	1 18 6 1 1 1	0,06 0,65 0,23 0,06
Bad Driburg	26	8 10 5 1 2	0,31 0,42 0,19 0,08
<b>Malat (NADP)-Dehydrogenase</b>			
		aa bb ab 100 90	a b
Bonn	20	19 1	0,97 0,03
Hennef	28	28	1,00 0,00
Bad Driburg	26	26	1,00 0,00

### Ergebnisse

Nur die 5 in Tabelle 1 aufgeführten Gene sind polymorph und zeigen Unterschiede zwischen den untersuchten Populationen. Die Zahlen unter den

homozygoten Genotypen geben die Wanderstrecken des Proteins auf dem Elektrophoresegel, bezogen auf die am weitesten gewanderte Bande, wieder. Darunter finden sich die Genotyp-Häufigkeiten, in der rechten Spalte die Allelfrequenzen (1,00 = 100%).

Aus der Tabelle geht hervor, daß die Unterschiede zwischen der rechtsrheinischen und der linksrheinischen Population größer sind als zwischen den beiden rechtsrheinischen. So kommt das Allel  $\alpha$ -GPD<sub>a</sub> rechtsrheinisch häufiger vor als linksrheinisch, und das Allel H-6-PD<sub>d</sub> findet man nur rechtsrheinisch. Klarer lassen das gleiche die genetischen Abstandskoeffizienten (1-Ähnlichkeitskoeffizienten) erkennen (0 = Übereinstimmung, 1 = keine Übereinstimmung): Bonn – Hennef 0,034, Bonn – Bad Driburg 0,035, Hennef – Bad Driburg 0,026. Dasselbe zeigt graphisch das Dendrogramm der Abstandskoeffizienten (Abb. 2).

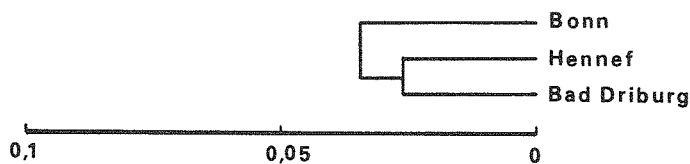


Abb. 2: Dendrogramm der Abstandskoeffizienten der drei Waldmauspopulationen.

### Diskussion

Der Rhein behindert, wie das Ergebnis zeigt, den Genaustausch zwischen benachbarten Populationen stärker als ein 200 km weiter geographischer Abstand, aber weniger als ein 800 km entfernter (Bad Driburg – Neusiedler See, Abstandskoeffizient 0,084, Gemmeke 1980). Ein unbehinderter Zusammenhang zwischen rechts- und linksrheinischer Population besteht einmal über das Quellgebiet des Rheins. Wäre dies der einzige Kommunikationsweg, müßte der gefundene genetische Abstand noch größer sein. Seine Verringerung dürfte auf das Konto beschränkter direkter Übergänge von einem zum anderen Ufer gehen.

### Zusammenfassung

Genetische Unterschiede zwischen drei Waldmauspopulationen (*Apodemus sylvaticus*) wurden mit Hilfe des Isoproteinvergleichs bestimmt. Zwei der Populationen sind benachbart, aber durch den Rhein getrennt (Bonn – Hennef). Die dritte ist von diesen 200 km entfernt, aber von der Population aus Hennef nicht durch einen größeren Fluß geschieden. Ein Vergleich der Abstandskoeffizienten (Rogers 1972) hat gezeigt, daß der genetische Abstand zwischen den beiden nur durch den Fluß getrennt-

ten Populationen größer ist als zwischen den beiden 200 km entfernt vorkommenden von Hennef und Bad Driburg. Dies deutet darauf hin, daß der Rhein den Genaustausch zwischen benachbarten Waldmauspopulationen erheblich einschränkt.

### Summary

Genetic differences between three populations of the long-tailed field mouse (*Apodemus sylvaticus*) were determined by electrophoretic variations of isoproteins. Two of the populations are neighbouring, but separated by the Rhine (Bonn – Hennef). The third is living in a distance of 200 km from the population of Hennef, but not separated by a stream. Comparing the similarity coefficient (Rogers 1972), it shows that the genetic distance of the populations in the right and left of the Rhine is bigger than between the two populations which are living in a distance of 200 km. It is concluded that the Rhine limited the genetic interchange between neighbouring populations of the long-tailed field mouse.

### Literatur

- Gemmeke, H. (1980): Proteinvariation und Taxonomie in der Gattung *Apodemus* (Mammalia, Rodentia). — Z. Säugetierk. 45: 348–365.
- Niethammer, J. (1961): Verzeichnis der Säugetiere des mittleren Westdeutschlands. — Decheniana 144: 75–98.
- & F. Krapp (1981): Handbuch der Säugetiere Europas, Bd. 2. — Akademische Verlagsgesellschaft, Wiesbaden.
- Rogers, J. S. (1972): Measure of genetic similarity and genetic distance. Studies in genetics VII. — Univ. Tex. Publ. 7213: 145–153.
- Sokal, R. R., & P. H. A. Sneath (1973): Principles of numerical taxonomy. — Freeman, San Francisco.

Anschrift des Verfassers: Dr. Hubert Gemmeke, Zoologisches Institut der Universität, Poppelsdorfer Schloß, 5300 Bonn 1.