



Die Ringelnatter im Schweizer Land- wirtschaftsgebiet

Einfluss unterschiedlich genutzter Landschaften
auf die genetische Populationsstruktur

Barbara Meister / Bruno Baur

Haupt



BRISTOL-STIFTUNG
Ruth und Herbert Uhl-Forschungsstelle
für Natur- und Umweltschutz

Bristol-Schriftenreihe Band 37



BRISTOL-STIFTUNG
Ruth und Herbert Uhl-Forschungsstelle
für Natur- und Umweltschutz

■ Haupt

Herausgeber
Ruth und Herbert Uhl-Forschungsstelle für Natur- und Umweltschutz,
Bristol-Stiftung, Zürich
www.bristol-stiftung.ch

Barbara Meister und Bruno Baur

Die Ringelnatter im Schweizer Landwirtschaftsgebiet

Einfluss unterschiedlich genutzter Landschaften
auf die genetische Populationsstruktur

! Haupt

Verantwortlich für die Herausgabe
Bristol-Stiftung. Stiftungsrat: Dr. René Schwarzenbach, Herrliberg;
Dr. Mario F. Broggi, Triesen; Prof. Dr. Klaus Ewald, Gerzensee; Martin Gehring, Zürich

Managing Editor
Dr. Ruth Landolt, WSL, Birmensdorf

Adresse der Autoren
Dr. Barbara Meister, Hornusserstrasse 7, CH-4600 Olten, barbara.meister@bluewin.ch

Prof. Dr. Bruno Baur, Institut für Natur-, Landschafts- und Umweltschutz (NLU), Universität
Basel, St. Johannis-Vorstadt 10, CH-4056 Basel, bruno.baur@unibas.ch

Layout
Jacqueline Annen, Maschwanden

Umschlag und Illustration
Atelier Silvia Ruppen, Vaduz

Zitierung
MEISTER, B.; BAUR, B., 2013: Die Ringelnatter im Schweizer Landwirtschaftsgebiet.
Einfluss unterschiedlich genutzter Landschaften auf die genetische Populationsstruktur.
Zürich, Bristol-Stiftung; Bern, Haupt. 112 S.

ISBN 978-3-258-07816-8 (Buch)
ISBN 978-3-258-47816-6 (E-Book)

Alle Rechte vorbehalten
Copyright © 2013 Haupt Bern
Jede Art der Vervielfältigung ohne Genehmigung des Verlages ist unzulässig.

www.haupt.ch

Abstract

The grass snake in agricultural areas of Switzerland Influence of differently used landscapes on the genetic population structure

In the past decades, natural habitats have been transformed to farmland and agricultural land use has been intensified in many regions of Europe. As a consequence, specialised species are restricted to remnants of original habitat, which are frequently isolated. This may lead to a genetic differentiation of the subpopulations. A lack of gene flow may also result in genetically impoverished subpopulations with an increasing risk of local extinction. As a result of pronounced changes in land use, the area actually occupied by the grass snake (*Natrix natrix*) in Switzerland is restricted to remnants of pristine habitats and the populations are declining in many regions.

Highly variable genetic markers were developed to examine the genetic structure of grass snakes sampled in remnants of pristine habitat embedded in an intensively used agricultural landscape and in a former floodplain in the Swiss lowlands, as well as in a rural valley in the Bernese Alps. The three study areas were 30–100 km apart, but were interconnected by the river Aare. At the local scale, no genetic differentiation was found in either of the *N. natrix* populations inhabiting the agricultural area or the alpine valley. However, two subpopulations in the former wetland area were genetically differentiated. This slight genetic differentiation can be explained by isolation by distance. At the regional scale, significant genetic differentiation between *N. natrix* populations inhabiting the three study areas was found. The genetic structure was highly related to isolation by distance with 85% of the among-population genetic variance explained only by the geographical distance between subpopulations. The present findings indicate regular gene flow between *N. natrix* subpopulations. Human activity and habitat alteration do not seem to reduce significantly the movements of grass snakes in the study areas. These results suggest that conservation actions in landscapes altered by humans should focus on the maintenance of a habitat mosaic with anuran breeding ponds and adequate oviposition sites.

Another aspect of this study was to investigate the occurrence and frequency of multiple paternity in the grass snake as a source of genetic diversity. Males can enhance their reproductive success through mating with multiple females. For females, however, one mating is usually sufficient to inseminate all their ova. Females may benefit from multiple mating by producing genetically more diverse offspring, and by having the opportunity to choose sperm of the genetically most compatible male. Two and more fathers were found to sire offspring in 27% of the 11 clutches investigated using a very conservative estimate. However, based on a maximum likelihood, multiple paternity occurred in 91% of the clutches with two to five contributing males per clutch. This is the first study demonstrating multiple paternity in a European natricine, with a frequency similar to those found in new world natricines.

Keywords: grass snake; *Natrix natrix*; natricinae; fragmentation; intensive agriculture; population genetic structure; isolation by distance; microsatellite DNA; paternity analysis; hybridisation

Vorwort

Von den 14 in der Schweiz vorkommenden Reptilienarten gelten nur deren vier als nicht gefährdet. Damit finden sich 79 Prozent der Reptilienarten auf der Roten Liste der gefährdeten und seltenen Arten. Auch die Barrenringelnatter – der Gegenstand der vorliegenden Untersuchung – findet sich in der Kategorie «verletzlich» auf dieser Liste. Das kann nicht verwundern, weil ihre Hauptnahrung – die Amphibien – ebenfalls seltener werden, viele Gewässer hinsichtlich der Strukturen naturfern ausgestaltet sind, die Feuchtgebiete als Lebensraum auch selten geworden sind und die Fragmentierung der Landschaft durch Verkehrswege weit fortgeschritten ist.

Die Bristol Stiftung hat in den letzten Jahren die Raumforschung und hier insbesondere Untersuchungen über die Fragmentierung der Landschaft durch Zersiedelung und Zerschneidung der Verkehrswege gefördert. Mit der vorliegenden Studie findet eine weitere Untersuchung im Themenbereich quasi 1:1 im Feld statt. Es wird dabei die häufigste Schlangenart der Schweiz – die Barrenringelnatter – in drei Untersuchungsräumen im Kanton Bern hinsichtlich ihrer allfälligen genetischen Unterschiede untersucht. Die drei Lebensräume sind landwirtschaftlich unterschiedlich intensiv genutzt und damit landschaftlich auch verschieden ausgestattet. Die unterschiedlichen Ausbreitungsmöglichkeiten bilden das Ausmass des Genflusses ab. Diese genetischen Untersuchungen lassen eine Beurteilung hinsichtlich ihrer genetischen Vielfalt respektive ihrer Isolation in den einzelnen Populationen zu.

Die Ringelnatter erweist sich gemäss der vorliegenden Untersuchung als recht robust hinsichtlich des Erhaltes ihrer genetischen Vielfalt und dies in zweierlei Hinsicht. Sie kann sich durch intensives Landwirtschaftsland bewegen und damit Populationen vernetzen und sie kennt das Prinzip der Mehrfachvaterschaften, das ebenfalls für die genetische Vielfalt von Vorteil ist. Und dennoch gilt die Art in der Schweiz als gefährdet, insbesondere im Schweizer Mittelland. Auch aus der Sicht der hier gewonnenen Erkenntnisse über die Ringelnatter ist der beschrittene Weg in der Agrarpolitik für vermehrten ökologischen Ausgleich zu sorgen der Richtige. Wir brauchen vielfältige Habitat-Mosaik, wir brauchen Feuchtgebiete für ihr Futterangebot. Geht es der Ringelnatter besser, so geht es insgesamt der Naturvielfalt wohl ebenso besser.

Wir danken der Autorin Barbara Meister für diese wertvolle Arbeit an einem gewiss nicht pflegeleichten Arbeitsgegenstand, der scheuen Schlange, wir danken dem Institut für Natur-, Landschafts- und Umweltschutz der Universität Basel. Ihr Institutsleiter Professor Bruno Baur betreute die in englischer Sprache verfasste Dissertation und ist Mitautor der deutschen gekürzten Fassung, die wir hier veröffentlichen. Möge diese Veröffentlichung ebenfalls den Weg in die Naturschutzpraxis finden.

Mario F. Broggi
Stiftungsrat Bristol-Stiftung, Zürich

Dank

Zuallererst bedanke ich mich, auch im Namen meines Mitautors, bei der Bristol-Stiftung für das mir entgegengebrachte Vertrauen. Ohne ihre finanzielle Unterstützung hätte ich dieses Forschungsprojekt in Form einer Dissertation nicht durchführen und das vorliegende Buch nicht erarbeiten und publizieren können. Ein besonderer Dank gebührt PD Dr. Mario Broggi für die Aufnahme des Buches in die Bristol-Schriftenreihe.

Danken möchte ich auch den nachfolgend aufgeführten Stiftungen für die finanzielle Unterstützung der molekulargenetischen Analysen: Basler Stiftung für biologische Forschung, Basler Stiftung für experimentelle Zoologie, Josef und Olga Tomcsik Stiftung, Stiftung Wald-Klima-Umwelt, Eduard Batschelet-Mader Stiftung und Freiwillige Akademische Gesellschaft, Basel. Des Weiteren danke ich Herrn Jörg Gensch, Landwirtschaft und Wald, Abteilung Natur und Landschaft, Kanton Luzern, für die Auftragserteilung und Finanzierung der Untersuchung zur genetischen Vermischung der eingeführten Ringelnattern im Kanton Luzern.

Ich danke Prof. Dr. Baur für die Betreuung und die Unterstützung während meiner Dissertation. Er gab mir die Möglichkeit, meine Dissertation am Institut für Natur-, Landschafts- und Umweltschutz (NLU) der Universität Basel durchzuführen und die Infrastruktur des Instituts zu nutzen. Dr. Sylvain Ursenbacher danke ich für die fachliche Betreuung, Dr. Ulrich Hofer für die Einführung in die Herpetologie und die Unterstützung und Zusammenarbeit zu Beginn meiner Dissertation und Dr. Georg F.J. Armbruster für die Einführung in die molekulargenetischen Techniken.

Danken möchte ich allen, die während ihren Feldarbeiten Proben von Ringelnattern gesammelt und mir zur Verfügung gestellt haben: Frau Christine Wisler Hofer, Herr Severin Erni, Dr. Ulrich Hofer, Herr Adrian Borgula, Herr Max Büttler und weiteren Herpetologen.

Ich danke Dr. Hans-Peter Rusterholz, Dr. Sandra Kupfernagel und Dr. Sylvain Ursenbacher für die Unterstützung im Labor während meiner Schwangerschaft. Dem LANAT, Amt für Landwirtschaft und Natur des Kanton Bern, und der karch, Koordinationsstelle für Amphibien- und Reptilienschutz in der Schweiz, danke ich für die Bewilligung, Ringelnattern einzufangen und eine Probe zu entnehmen. Des Weiteren danke ich Dr. Bernd Schildger für die Erlaubnis, Ringelnattern im Zoo «Dählhölzli» zu halten und Hans Triet für die Hilfe und Beratung in der Schlangenpflege und der Inkubation der Eier.

Ich bedanke mich bei Erwin Jörg, LANAT Amt für Landwirtschaft und Natur, Naturförderung (ANF), Schwand, Münsingen, für die Benutzung des GIS-Arbeitsplatzes und bei Lorenz Ruth, LANAT Amt für Landwirtschaft und Natur, Naturförderung (ANF), Schwand, Münsingen, für die Hilfe bei der Bearbeitung der Abbildungen der Untersuchungsgebiete. Der karch, Koordinationsstelle für Amphibien- und Reptilienschutz in der Schweiz, danke ich für die Erstellung der Verbreitungskarten der Ringelnatter, Dr. Matthias Nast für die Erlaubnis zur Verwendung der Grafiken und Abbildungen zur historischen Entwicklung im Grossen Moos, Dr. Sylvain Ursenbacher für die Unterstützung bei der Bearbeitung der Grafiken, Heidi und Urs Jost für das Foto der eingeführten Ringelnatter und Swisstopo sowie der Schweizerischen Nationalbibliothek und dem Kunstmuseum Winterthur für die Reproduktionsbewilligungen.

Dieses Buch basiert auf wissenschaftlichen Artikeln. Diese wurden vor ihrer Veröffentlichung in Fachzeitschriften von Redaktoren und anonymen Gutachtern überprüft und nach deren Vorschlägen verbessert. Frau Evelyn Meyer danke ich für die Unterstützung und das sorgfältige Gegenlesen des Manuskriptes.

Olten, im Oktober 2012
Barbara Meister

Inhalt

Abstract	5
Vorwort	7
Dank	8
1 Zielsetzung und Rahmenbedingungen	11
2 Bevölkerungswachstum und Flächenverbrauch	13
3 Lebensraumfragmentierung	15
4 Vernetzung von Lebensräumen	19
5 Die Ringelnatter	23
5.1 Verbreitung	23
5.2 Lebensraum	25
5.3 Biologie und Aussehen	29
5.4 Gefährdung	36
6 Genfluss, Ausbreitungsvermögen	37
6.1 Direkte Methoden	38
6.2 Indirekte Methoden	40
7 Populationsgenetik: Grundlagen und Arbeitstechniken	41
7.1 Probenahme bei der Ringelnatter	41
7.2 Molekulargenetische Analyse	44
7.3 Datenanalyse	48
8 Fallstudie 1: Die Ringelnatter im Grossen Moos	51
8.1 Landschaftswandel	51
8.2 Probenahme	58
8.3 Ergebnisse	59
8.3.1 Genetische Vielfalt	59
8.3.2 Genetische Struktur	59
8.4 Interpretation der Fallstudie	61
9 Fallstudie 2: Die Ringelnatter im Aaretal (Thun-Bern)	63
9.1 Landschaftswandel	63
9.2 Probenahme	70
9.3 Ergebnisse	70
9.3.1 Genetische Vielfalt	70
9.3.2 Genetische Struktur	71
9.4 Interpretation der Fallstudie	71

10 Fallstudie 3: Die Ringelnatter im Gadmental	73
10.1 Landschaftswandel	73
10.2 Probenahme	76
10.3 Ergebnisse	76
10.3.1 Genetische Vielfalt	76
10.3.2 Genetische Struktur	77
10.4 Interpretation der Fallstudie	78
11 Grossräumiger Ansatz: Vergleich der drei Fallstudien	79
11.1 Ergebnisse	79
11.1.1 Genetische Vielfalt	79
11.1.2 Genetische Struktur	79
11.2 Interpretation	84
12 Das Paarungsmuster beeinflusst die lokale Populationsstruktur	87
12.1 Probenahme	88
12.2 Ergebnisse	88
12.3 Interpretation	89
13 Vermischung mit eingeführten, standortfremden Ringelnattern	91
13.1 Beschreibung des Gebietes	91
13.2 Probenahme	94
13.3 Ergebnisse	95
13.4 Interpretation	97
14 Allgemeine Schlussfolgerungen und Empfehlungen für den praktischen Naturschutz	99
14.1 Ansprüche der Ringelnatter in der intensiv genutzten Kulturlandschaft	99
14.1.1 Lebensraumansprüche	99
14.1.2 Lebensraumqualität	99
14.1.3 Lebensraumvernetzung	99
14.2 Schutz- und Förderungsmassnahmen	100
14.3 Forschungsbedarf	101
15 Zusammenfassung	103
16 Glossar	105
17 Literatur	107
Portraits der Autoren	112