

Extended Abstract

Zur Bestandssituation von Donaukammolch und Rotbauchunke in der Wiener Lobau

Janis Czurda, Christian Baranyi, Costa Anton Pircher,
Daniel Philippi, Günter Gollmann

Donaukammolch, *Triturus dobrogicus*, und Rotbauchunke, *Bombina bombina*, sind im Anhang II der FFH-Richtlinie enthalten und daher unter den Amphibien der Lobau von besonderem Interesse. Beide Arten leben in Wien nahe der Westgrenze ihrer Areale im Donautiefland. Im Wienerwald kommen die verwandten Arten Alpenkammolch, *Triturus carnifex*, und Gelbbauchunke, *Bombina variegata*, vor, wobei durch die Verbauung des Stadtgebiets kein direkter Kontakt mit den Schwesterarten mehr möglich ist.

Durch Fang-Wiederfang Auswertungen mit fotografischer Registrierung von Individuen wurde in den Jahren 2015/16 die Populationsgröße des Donaukammolchs in der Oberen Lobau mit etwa 2500 Tieren ermittelt, in der Unteren Lobau erlaubte die Datenlage keine verlässlichen Schätzungen (Gollmann 2016). Im Jahr 2021 wurden 74 Molche an vier Fundorten in der Lobau mit Keschern gefangen; von ihnen wurden Mundhöhlen-Abstriche zur DNA-Extraktion genommen und standardisierte Fotos für morphometrische Auswertungen angefertigt. Ein mitochondriales Gen (NADH Dehydrogenase Subunit 4) und neun nukleäre Marker (180 bp UTR; Wielstra et al. 2014), die zwischen *T. carnifex* und *T. dobrogicus* differenzieren, wurden amplifiziert und sequenziert. Zum Vergleich wurden morphometrische Daten auch von einer *T. dobrogicus* Referenzpopulation und mehreren *T. carnifex*-Vorkommen im Wienerwald erhoben (Czurda 2022).

Die Donaukammolche aus der Lobau waren kräftiger gebaut als jene der Referenzpopulation aus Hohenau an der March; im Wolterstorff Index (Verhältnis von Vorderbeinlänge zum Abstand zwischen den Extremitäten) lagen sie zwischen typischen *T. dobrogicus* und *T. carnifex* (Abb. 1). Von den Kammolchen der Lobau besaßen vier mtDNA-Haplotypen, die von *T. carnifex* stammen, während 67 vielfältige typische *T. dobrogicus*-Haplotypen hatten (Daten von drei Molchen fehlen). Bei den nukleären Markern traten von *T. carnifex* stammende Allele mit einer Häufigkeit von ca. 25 % auf, Allele von *Triturus cristatus* wurden in niedrigen Frequenzen an drei Loci gefunden. In der Structure Analyse (Pritchard et al. 2000) wurden alle Kammolche der Lobau *T. dobrogicus* zugeordnet, der genetische Beitrag von *T. carnifex* zeigte eine relativ homogene Verteilung in den Fundorten.

Zur Untersuchung ihrer morphologischen Variation wurden Kammolchlarven in der Lobau sowie in Referenzpopulationen beider Arten gefangen. Eine geometrisch-morphometrische Analyse von Fotos in Seitenansicht ergab große Ähnlichkeit der zwei Arten, bei geringen Unterschieden in der Form des Flossensaums. Während die Variation der Larven aus der Unteren Lobau mit der Referenz für *T. dobrogicus* übereinstimmte, zeigte sich in der Oberen Lobau eine höhere Variabilität.

Seit 2016 wurden in einem Projektpraktikum der Universität Wien in zwei Gebieten der Oberen Lobau Fang-Wiederfang-Untersuchungen an Rotbauchunken durchgeführt. Während im Bereich der Seeschlacht die Adulten überwogen, waren bei der größeren Population in den temporären Gewässern am Königshaufen zahlreiche Jungtiere und Subadulte anzutreffen, wie auch schon im Jahr 2008 (Philippi & Gollmann 2014). Diese unterschiedliche Populationsstruktur lässt sich durch größeren Fortpflanzungserfolg am Königshaufen und höhere Überlebensraten in der Seeschlacht erklären. Die Schätzwerte der Populationsgröße (Abb. 2) könnten für 2020 und 2021 durch die wegen der COVID-19 Pandemie eingeschränkte Dauer der Datenerhebung verzerrt sein. Donaukammolche und Rotbauchunken werden in der Lobau meist mit 2 Jahren geschlechtsreif. Wegen der kurzen Generationszeit und der von Jahr zu Jahr unterschiedlichen Habitatbedingungen ist zu erwarten, dass die Populationsgrößen deut-

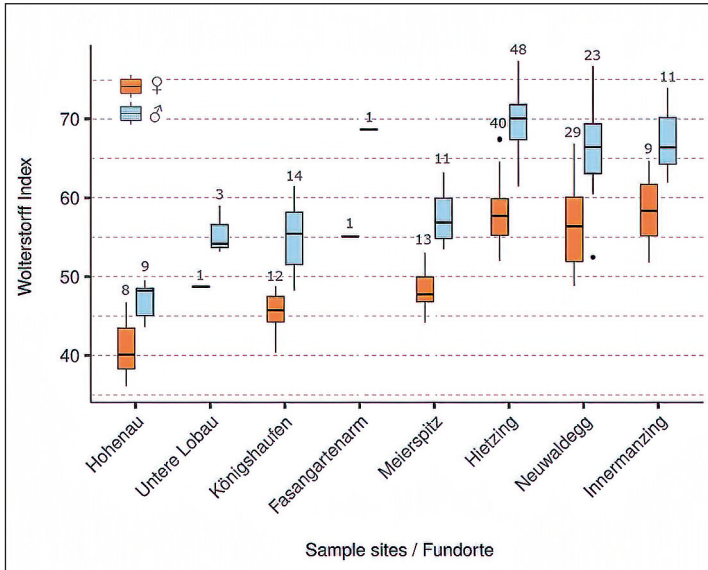


Abb. 1: Verteilung des Wolterstorff Index in beiden Geschlechtern in den Kammolch-Vorkommen. Die Box-Plots zeigen jeweils Median (waagrechter Balken), Quartilen (Rechteck), Variationsbreite (senkrechte Linie) und Ausreißer (Punkte), die Zahlen geben die Stichprobengrößen an. Hohenau: Referenz für *T. dobrogicus*; Untere Lobau, Königshaufen, Fasangartenarm, Meierspitz: Fundorte in der Lobau; Hietzing, Neuwaldegg: Fundorte von *T. carnifex* in Wien; Innermanzing: Referenz für *T. carnifex*. – Fig. 1: Distribution of Wolterstorff Index values for both sexes in samples of *Triturus*. Box plots show median (horizontal bar), quartiles (rectangle), range (vertical line) and outliers (dots), numbers indicate sample sizes. Hohenau: reference sample for *T. dobrogicus*; Untere Lobau, Königshaufen, Fasangartenarm, Meierspitz: sample sites in Lobau; Hietzing, Neuwaldegg: sample sites of *T. carnifex* in Vienna; Innermanzing: reference sample for *T. carnifex*.

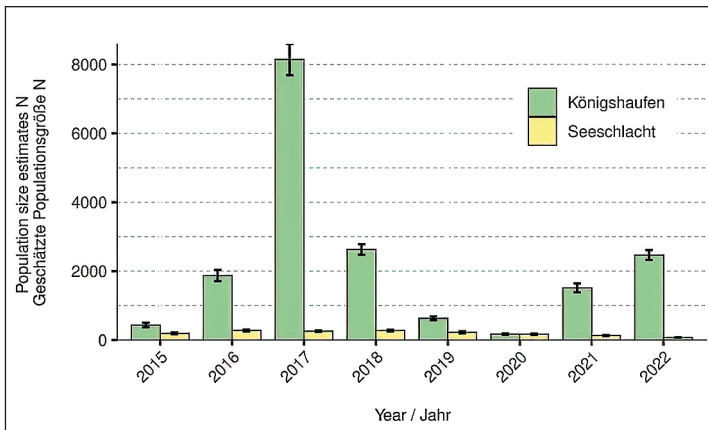


Abb. 2: Geschätzte Populationsgrößen (Lincoln-Petersen Index modifiziert nach Chapman) der Rotbauchunke in zwei Untersuchungsgebieten in der Oberen Lobau. Die Balken zeigen Mittelwerte und Standardabweichungen. – Fig. 2. Population size estimates (Chapman modification of the Lincoln-Petersen index) of *B. bombina* in two study areas in Obere Lobau. Bars show means with standard deviations.

lichen Schwankungen unterliegen. Über Bewegungen der Tiere und die Konnektivität der Teilpopulationen ist wenig bekannt. Für den Bestand dieser Arten sind produktive „Quellenhabitate“ in dynamischen temporären Gewässern, wie den großen Tümpeln am Königshaufen, von großer Bedeutung (Gollmann et al. 2013).

Czurda J, Baranyi C, Pircher CA, Philippi D, Gollmann G (2023) On the status of *Triturus dobrogicus* and *Bombina bombina* (Amphibia) in Lobau, Vienna, Austria.

Among the amphibians of Lobau, *Triturus dobrogicus* and *Bombina bombina* are of special conservation interest, as they are included in annex II of the Habitats Directive. In Vienna, both species live close to the western margins of their distribution areas in the Danubian lowlands. In the Vienna Woods the closely related species *Triturus carnifex* and *Bombina variegata* occur, but due to urban development direct contact between the sister species is no longer possible.

A recapture study using photographic identification of individuals estimated the population size of *T. dobrogicus* in Obere Lobau with about 2500 animals in the years 2015/16, for Untere Lobau no reliable estimate was possible (Gollmann 2016). In 2021, 74 newts were captured by dipnetting at four study sites in Lobau; oral swabs were collected for DNA extraction and standardized photographs were taken for morphometry. One mitochondrial gene (NADH dehydrogenase subunit 4) and nine nuclear markers (180 bp untranslated regions; Wielstra et al. 2014), selected to discriminate between *T. carnifex* and *T. dobrogicus*, were amplified and sequenced. For comparison, morphometric and genetic data were obtained from a *T. dobrogicus* reference sample and several *T. carnifex* populations in the Vienna Woods (Czurda 2022).

Triturus dobrogicus in Lobau were more robust than those from the reference sample Hohenau (at river Morava); in the Wolterstorff Index (the ratio of forelimb length to interlimb distance) they appeared intermediate between typical *T. dobrogicus* and *T. carnifex* (Fig. 1). Among *T. dobrogicus* from Lobau, four newts carried mtDNA haplotypes derived from *T. carnifex* whereas 67 had a variety of haplotypes typical for *T. dobrogicus* (data missing for three newts). At the nuclear markers, alleles derived from *T. carnifex* were present at frequencies of about 25% in the Lobau samples, alleles of *Triturus cristatus* were found in low frequencies at three loci. Structure analysis (Pritchard et al. 2000) assigned all newts from Lobau to *T. dobrogicus*, with genetic admixture from *T. carnifex* distributed fairly homogeneously among the study sites (Czurda 2022).

To study their morphological variation, *Triturus* larvae were captured by dipnetting in Lobau and in reference populations of both species. Geometric morphometric analysis of photographs in lateral view indicated great similarity of the two species, with slight differences in shape of the tail fin. Whereas variation in larvae from Untere Lobau matched that of the reference for *T. dobrogicus*, the sample from Obere Lobau showed higher variability.

Since 2016 recapture studies on *B. bombina* have been carried out by students of the University of Vienna in two areas of Obere Lobau. In the Seeschlacht area, adult toads dominated, while in the larger population at Königshaufen many juveniles and subadults were encountered, as had already been the case in 2008 (Philippi & Gollmann 2014). These contrasting population structures can be explained by greater reproductive success at Königshaufen and higher survival rates in Seeschlacht. Estimates of population sizes (Fig. 2) may be biased downwards for 2020 and 2021, when sampling effort was reduced by movement restrictions due to the COVID-19 pandemic.

Both *T. dobrogicus* and *B. bombina* usually reach sexual maturity at the age of 2 years in Lobau. Marked fluctuations of population sizes are expected due to this short generation time and variation of habitat conditions among years. Little is known about movements of the animals and connectivity among subpopulations. Productive source habitats, such as the temporary ponds at Königshaufen, are of great importance for the survival of these species (Gollmann et al. 2013).

Keywords: Amphibia, Vienna, Austria, conservation, introgression, morphometrics, population dynamics, recapture.

Literatur

- Czurda J (2022) Genetic population structure in the crested newt contact zone in Vienna. Master's Thesis, Universität Wien, 45 pp.
- Gollmann G (2016) Erhebung der Populationsgröße des Donaukammolches (*Triturus dobrogicus*) in der Lobau in den Jahren 2015 und 2016. Wiener Umweltschutzabteilung, MA 22. https://www.zobodat.at/pdf/MA22-Wien_116_0001-0023.pdf
- Gollmann G, Schedl H, Philippi D, Reckendorfer W, Waringer-Löschenkohl A (2013) Frogs in the city: problems of research and conservation of amphibians in Lobau (Vienna, Donau-Auen National Park). In: 5th Symposium for Research in Protected Areas, Mittersill, 227–230. http://www.parcs.at/npa/pdf_public/2018/35916_20180315_072406_NP_Hohe_Tauern_Conference_5_0227-0230.pdf
- Philippi D, Gollmann G (2014) On the status of the fire-bellied toad, *Bombina orientalis*, in Lobau (Vienna, Donau-Auen National Park). *Acta ZooBot Austria* 151/152, 25–32
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945–959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>
- Wielstra B, Duijm E, Lagler P, Lammers Y, Meilink W R M, Ziermann J M, Arntzen J W (2014) Parallel tagged amplicon sequencing of transcriptome-based genetic markers for *Triturus* newts with the Ion Torrent next-generation sequencing platform. *Molecular Ecology Resources* 14(5), 1080–1089. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12242>

Eingelangt: 2022 10 11

Anschriften:

Janis Czurda, E-Mail: j.czurda@gmail.com

Christian Baranyi, E-Mail: christian.baranyi@univie.ac.at,
ORCID 0000-0003-3118-2145

Costa Anton Pircher, E-Mail: Pco@gmx.at

Günter Gollmann, E-Mail: guenter.gollmann@univie.ac.at;
ORCID 0000-0002-9769-6360 (Corresponding author)

Department für Evolutionsbiologie, Universität Wien, Djerassiplatz 1, A-1030 Wien.

Daniel Philippi, E-Mail: daniel.philippi@univie.ac.at

SSC Lebenswissenschaften, Universität Wien, Djerassiplatz 1, A-1030 Wien.