

## Phylogenie und Biogeographie der Mauereidechse (*Podarcis muralis*, LAURENTI 1768)

---

SILKE SCHWEIGER<sup>1</sup>, WERNER MAYER<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Naturhistorisches Museum Wien, Herpetologische Sammlung

Burgring 7

A - 1010 Wien

silke.schweiger@nhm-wien.ac.at

<sup>2</sup> Naturhistorisches Museum Wien, Molekulare Systematik

Burgring 7

A - 1010 Wien

werner.mayer@nhm-wien.ac.at

Die heutige Verbreitung der Mauereidechse (*Podarcis muralis*) in Mitteleuropa wird als Ergebnis nacheiszeitlicher, also verhältnismäßig junger Ausbreitungsvorgänge aus glazialen Refugialräumen gedeutet. Die rezente Verbreitung der Mauereidechse erstreckt sich von Nord- und Zentralspanien im Westen über Mitteleuropa, die Apenninen- und Balkanhalbinsel bis Nordwest-Anatolien im Osten. Mit Hilfe genetischer Methoden wurde versucht, glaziale Refugien zu lokalisieren und postglaziale Wiederbesiedelungswege zu rekonstruieren. Insgesamt wurden 219 Individuen aus dem gesamten Verbreitungsgebiet untersucht. Für alle Proben wurde ein Fragment (insgesamt 887 bp) des mitochondrialen Gens, das für Cytochrom b codiert, mittels PCR amplifiziert und anschließend sequenziert. Zur Präzisierung der daraus resultierenden genetischen Großgruppen wurden bei 54 Proben zusätzlich Abschnitte der 12S und der 16S rRNA Gene (insgesamt 970 bp) sequenziert. Die statistische Auswertung der Ergebnisse führte zu 4 Großgruppen (H1-H4) mit insgesamt 22 Untergruppen. Zwischen diesen Untergruppen besteht vor allem im Gebiet der Balkan- und der Apenninenhalbinsel eine hohe genetische Diversität. Die erzielten Ergebnisse stimmen mit dem derzeitigen Unterartkonzept der Mauereidechse nicht überein.