

Vernetzung und Genetik der Gams im Alpenraum

Flurin Leugger

Forschungsgruppe für Ökosysteme und Landschaftsevolution ETH / WSL



Fallstudie Gämsen im Alpenraum

- ▶ Gämsen bevorzugen steiles Gelände, z.B. um vor Prädatoren zu flüchten
 - ▶ Natürlicherweise fragmentiertes Habitat
 - ▶ Genfluss wird voraussichtlich begrenzt sein
- ▶ Im Vergleich zu Rothirsch und Steinbock weniger starker genetischer Flaschenhals, da nicht grossräumig ausgerottet

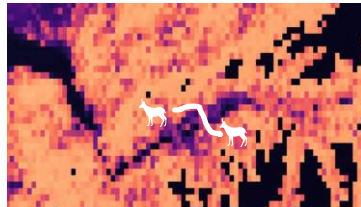


Blick in das Erbgut

- ▶ Genetische Daten liefern Informationen über die Populationen
 - ▶ Je weniger genetische Unterschiede zwischen zwei Individuen bestehen, desto näher verwandt sind sie
 - ▶ Je mehr Austausch es zwischen zwei Populationen gibt, desto weniger genetische Unterschiede weisen sie auf



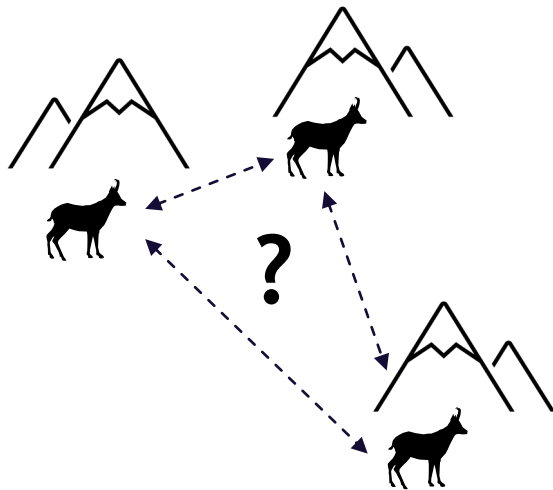
	Ind 1	Ind 2	Ind 3	Ind 4
Ind 1	-	0.01	0.5	0.53
Ind 2		-	0.49	0.51
Ind 3			-	0.02
Ind 4				-



	Ind 1	Ind 2	Ind 3	Ind 4
Ind 1	-	0.1	0.5	0.6
Ind 2		-	0.4	0.5
Ind 3			-	0.1
Ind 4				-

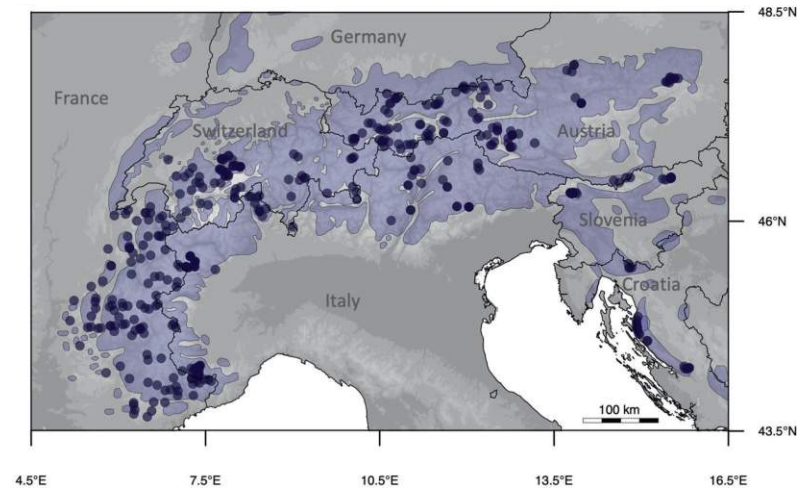
Populationsgenetik der Gämssen

- ▶ Populationsgenetik im gesamten Alpenraum
 - ▶ Wie viele Populationen können wir unterscheiden?
 - ▶ Wie stark unterscheiden sie sich genetisch?



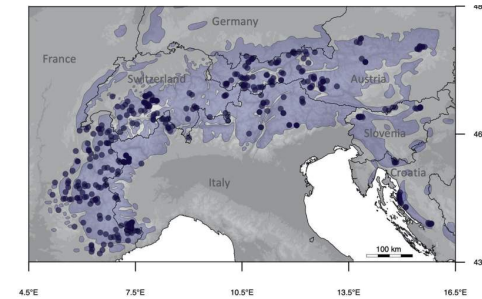
Grundlage der genetische Daten

- ▶ 449 Gamsproben aus dem gesamten Alpenraum
 - ▶ Dank Mithilfe von Jagdverbänden und Naturschutzorganisationen 🙏



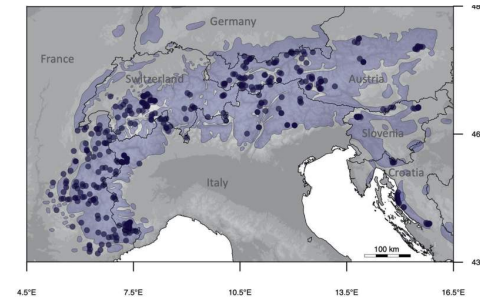
Grundlage der genetische Daten

- ▶ 449 Gamsproben aus dem gesamten Alpenraum
- ▶ ddRADSeq (Double digest restriction-site associated DNA sequencing)



Grundlage der genetische Daten

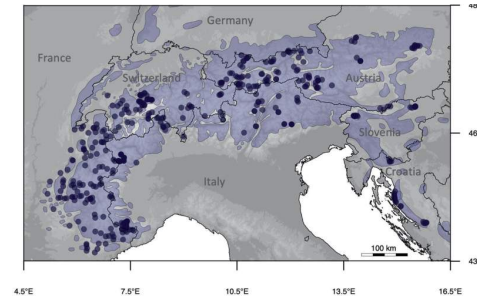
- ▶ 449 Gamsproben aus dem gesamten Alpenraum
- ▶ ddRADSeq (Double digest restriction-site associated DNA sequencing)



Ind	SNP 1	SNP 2	SNP 3
1	A	A	A
2	A	G	G
3	G	G	G

Analyse der genetische Daten

- ▶ 449 Gamsproben aus dem gesamten Alpenraum
- ▶ ddRADSeq (Double digest restriction-site associated DNA sequencing)



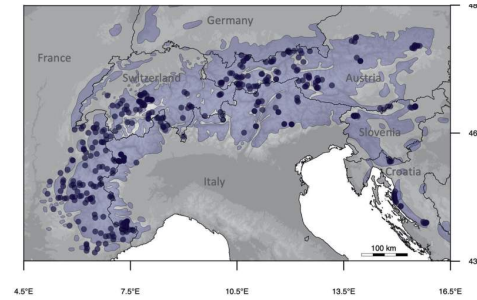
Ind	SNP 1	SNP 2	SNP 3
1	A	A	A
2	A	G	G
3	G	G	G

Genetische
Distanzen
→

Ind	1	2	3
1	-	2	3
2		-	1
3			-

Analyse der genetische Daten

- ▶ 449 Gamsproben aus dem gesamten Alpenraum
- ▶ ddRADSeq (Double digest restriction-site associated DNA sequencing)



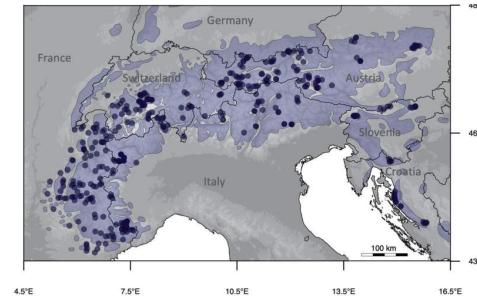
Ind	SNP 1	SNP 2	SNP 3
1	A	A	A
2	A	G	G
3	G	G	G

Genetische
Distanzen
→

Ind	1	2	3
1		2	3
2		-	1
3			-

Analyse der genetische Daten

- ▶ 449 Gamsproben aus dem gesamten Alpenraum
- ▶ ddRADSeq (Double digest restriction-site associated DNA sequencing)



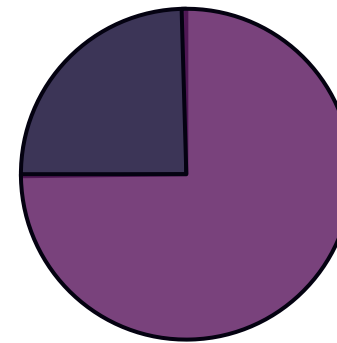
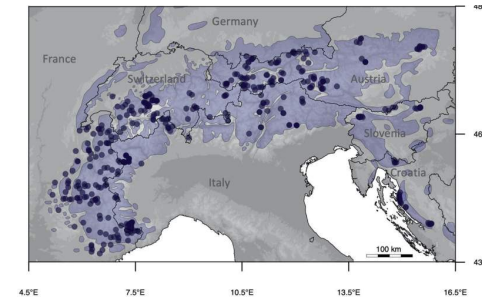
Ind	SNP 1	SNP 2	SNP 3
1	A	A	A
2	A	G	G
3	G	G	G

Genetische
Distanzen
→

Ind	1	2	3
1	-	2	3
2		→	1
3			-

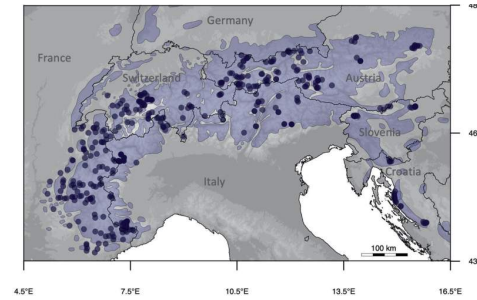
Analyse der genetische Daten

- ▶ 449 Gamsproben aus dem gesamten Alpenraum
- ▶ ddRADSeq (**D**ouble **d**igest restriction-site associated **DNA sequencing**)
- ▶ Verwandtschaftsanalysen
 - ▶ Welche Individuen sind nah miteinander verwandt?
 - ▶ Welcher Population können die Individuen zugeordnet werden?

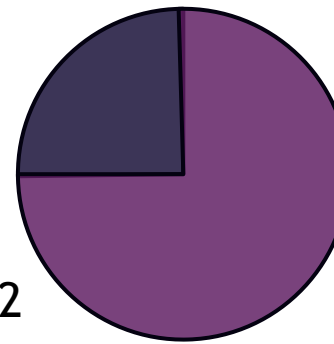


Analyse der genetische Daten

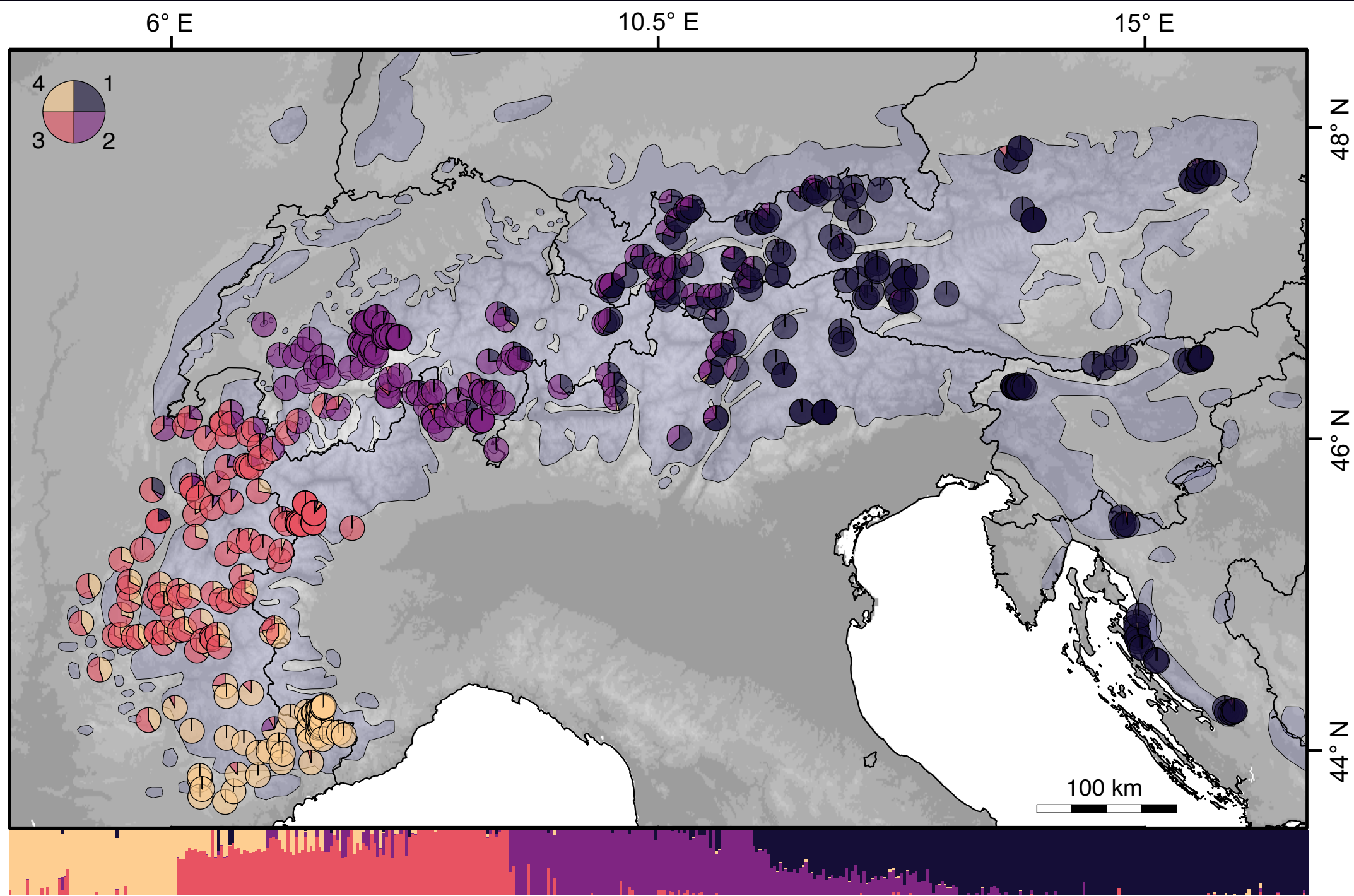
- ▶ 449 Gamsproben aus dem gesamten Alpenraum
- ▶ ddRADSeq (**D**ouble **d**igest restriction-site associated **DNA sequencing**)
- ▶ Verwandtschaftsanalysen
 - ▶ Welche Individuen sind nah miteinander verwandt?
 - ▶ Welcher Population können die Individuen zugeordnet werden?



25% Population 1

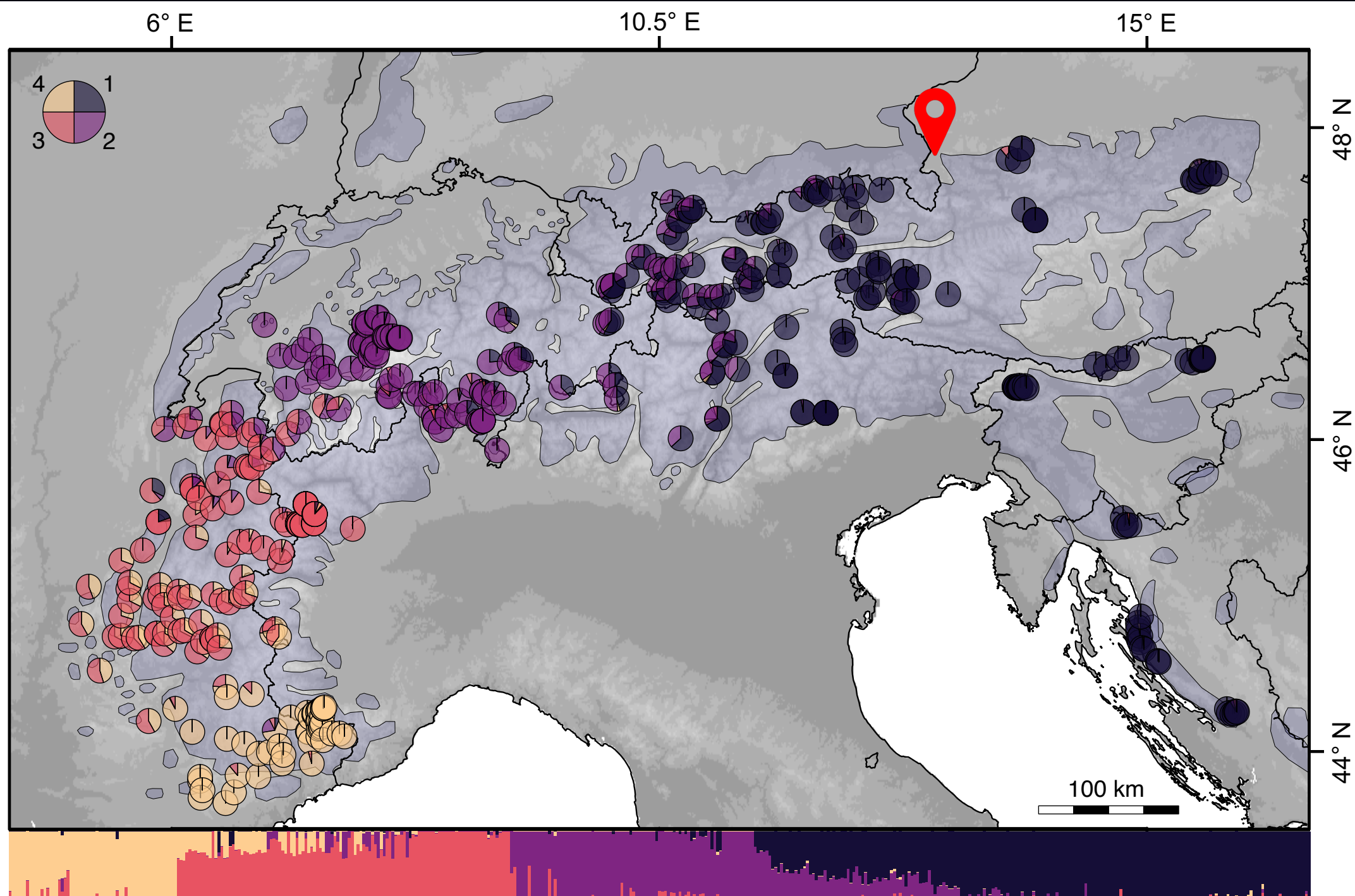


75% Population 2



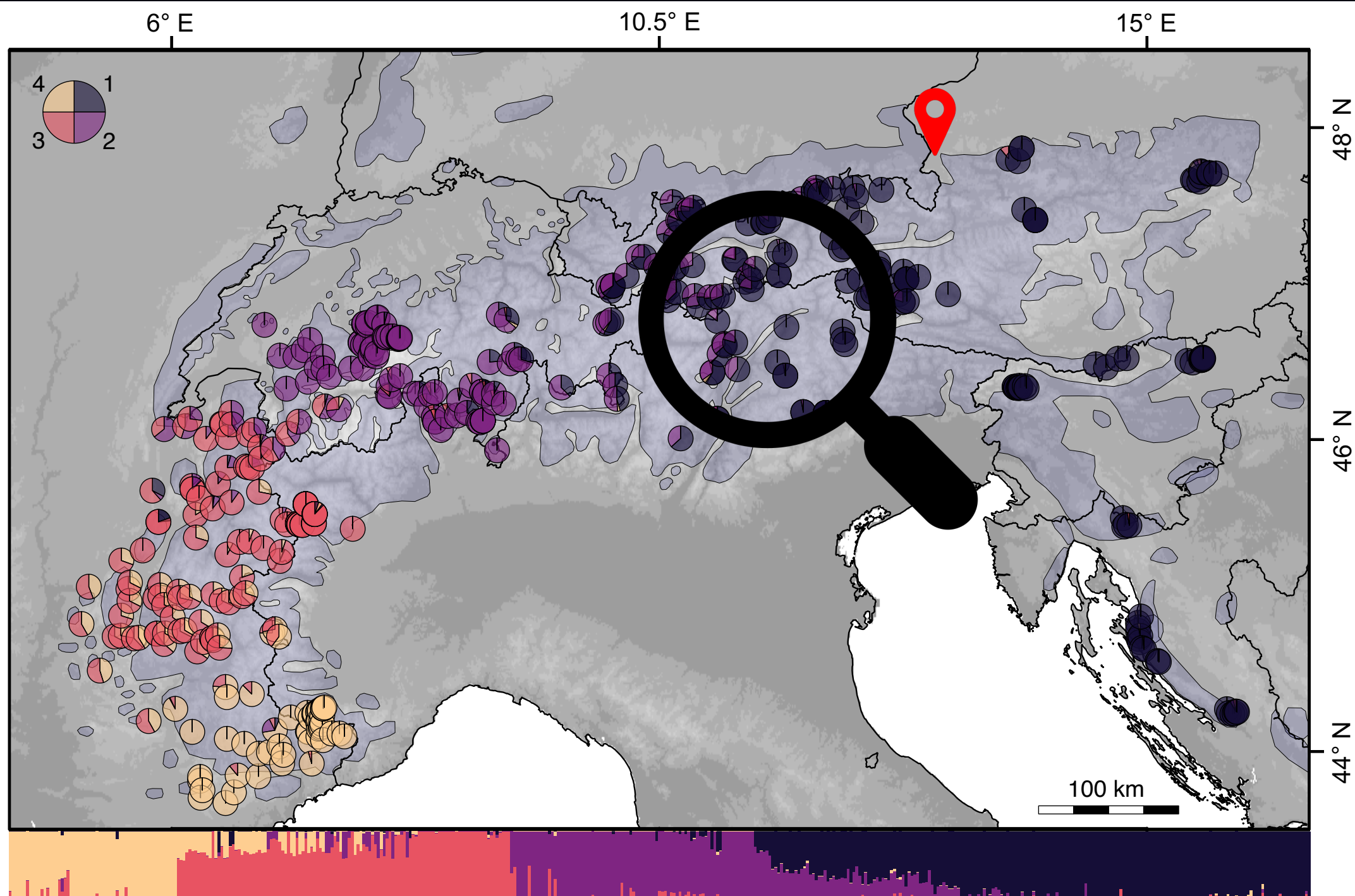
Axis 2 (8.4%)





Axis 2 (8.4%)

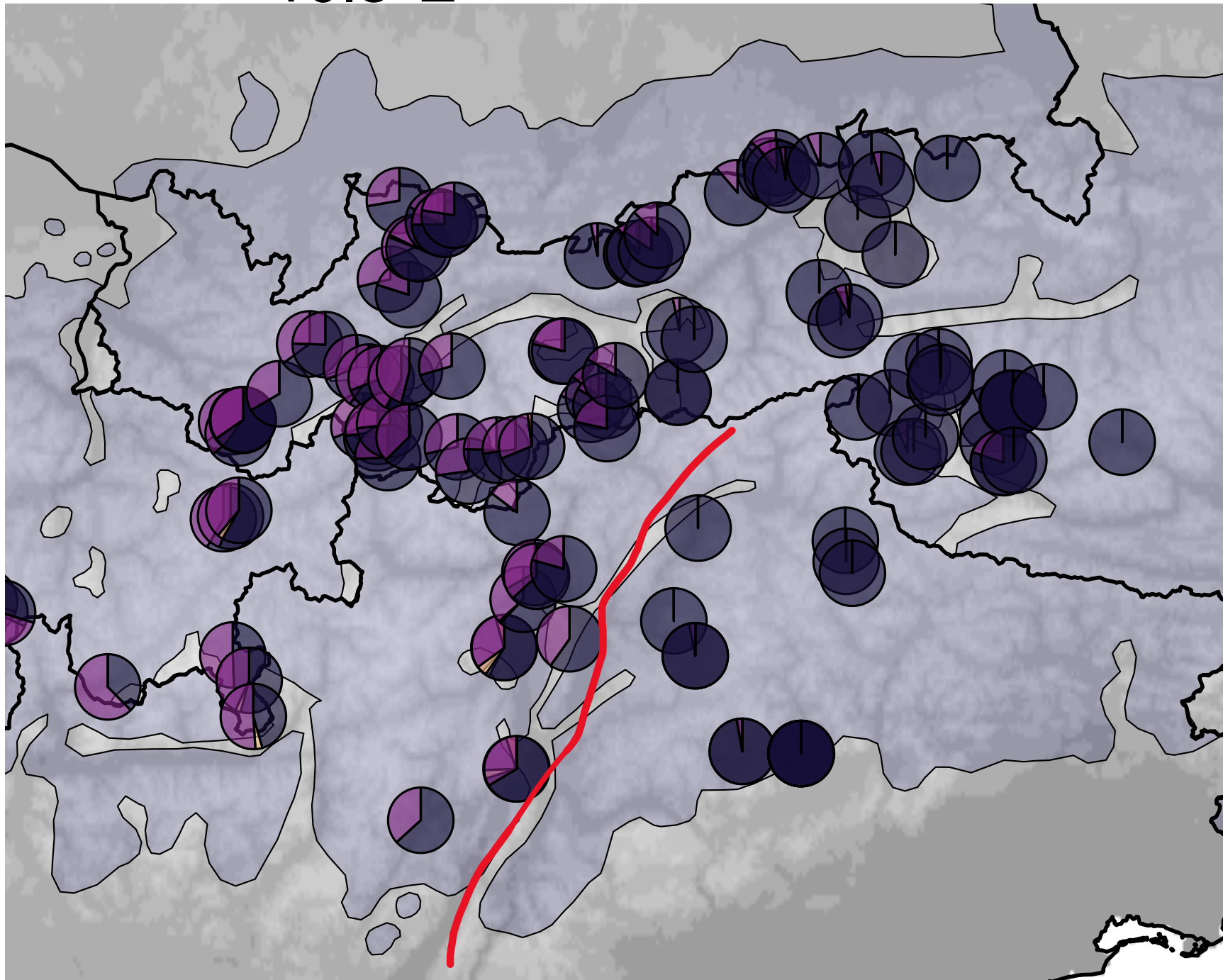


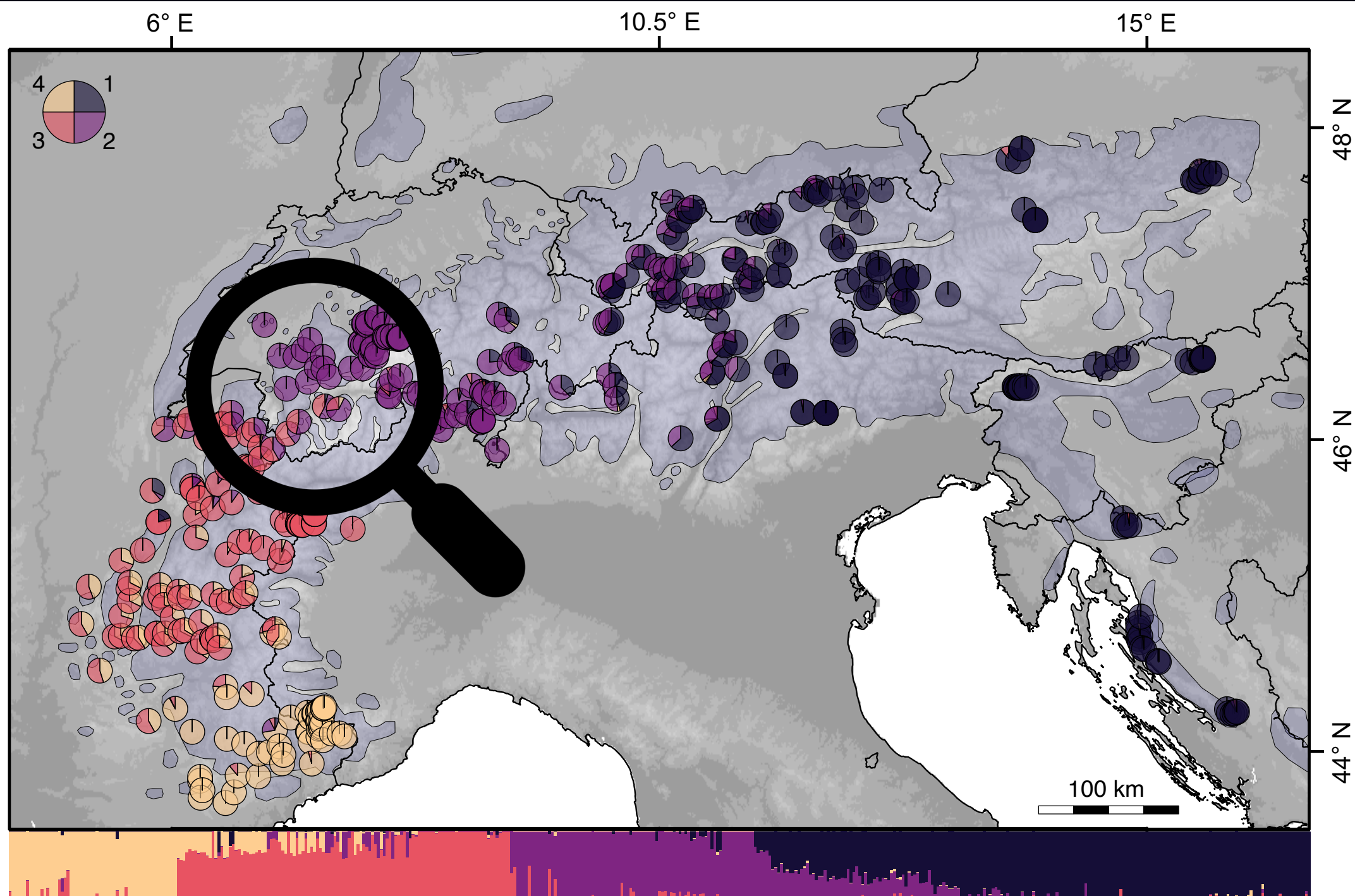


Axis 2 (8.4%)



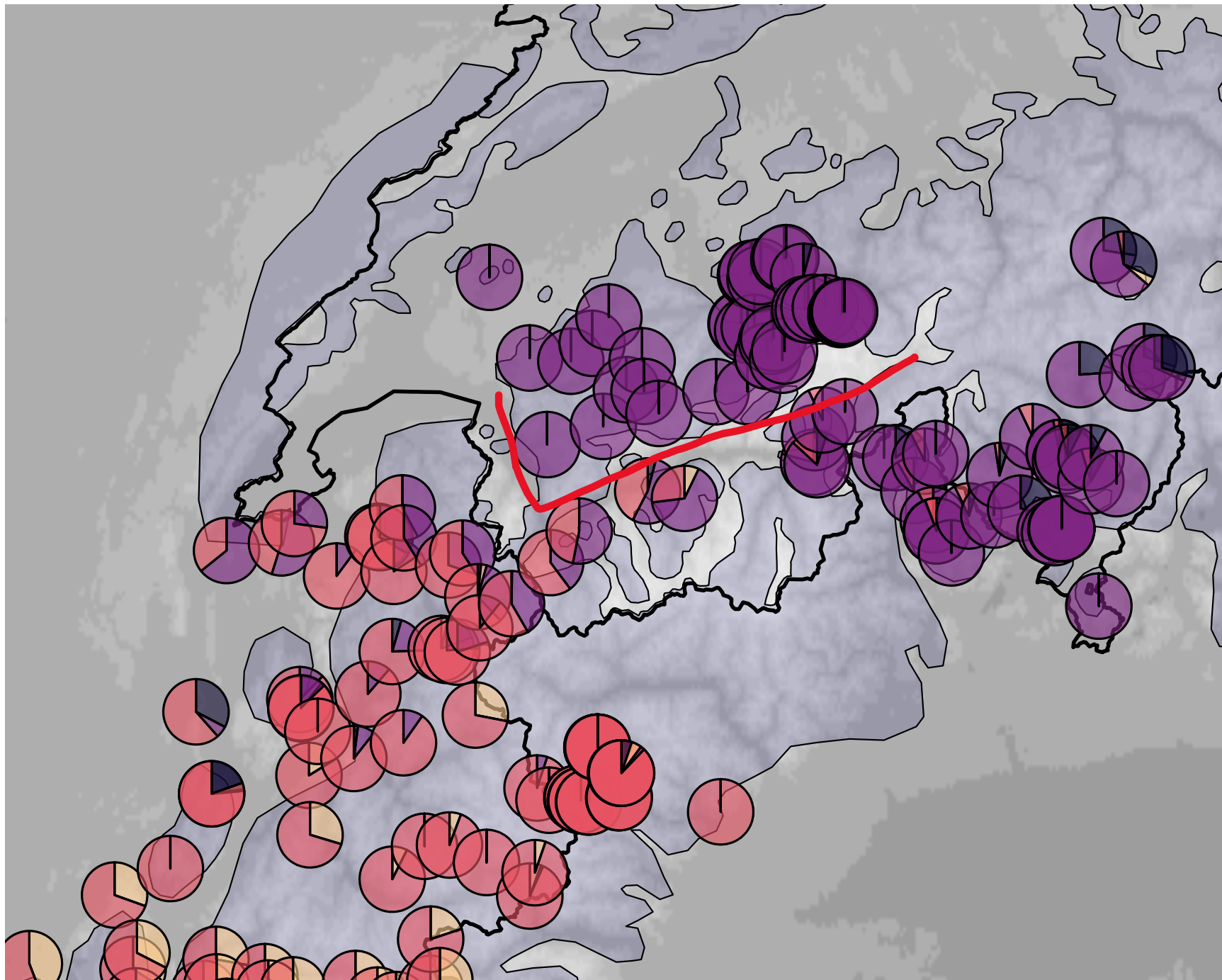
10.5 L





Axis 2 (8.4%)



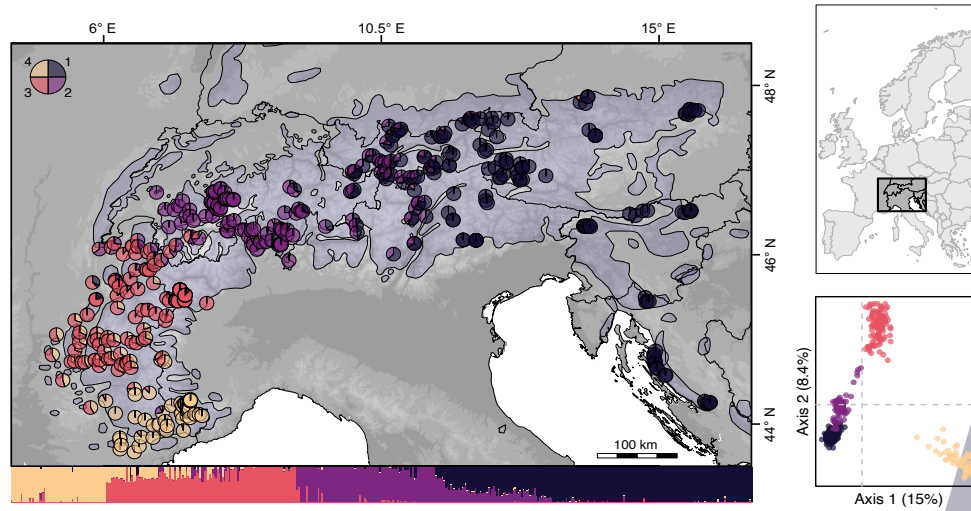
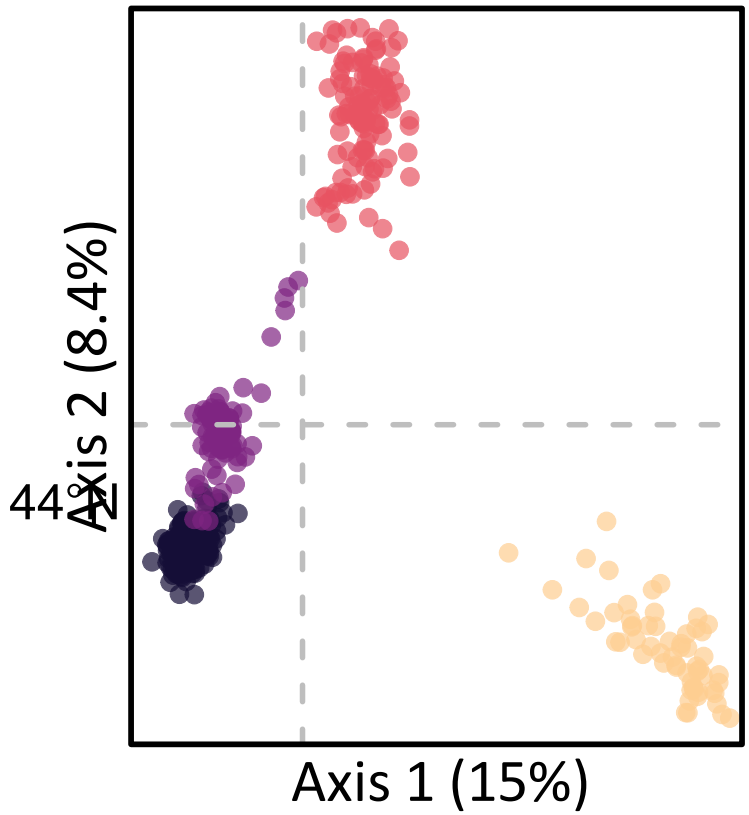


Popu

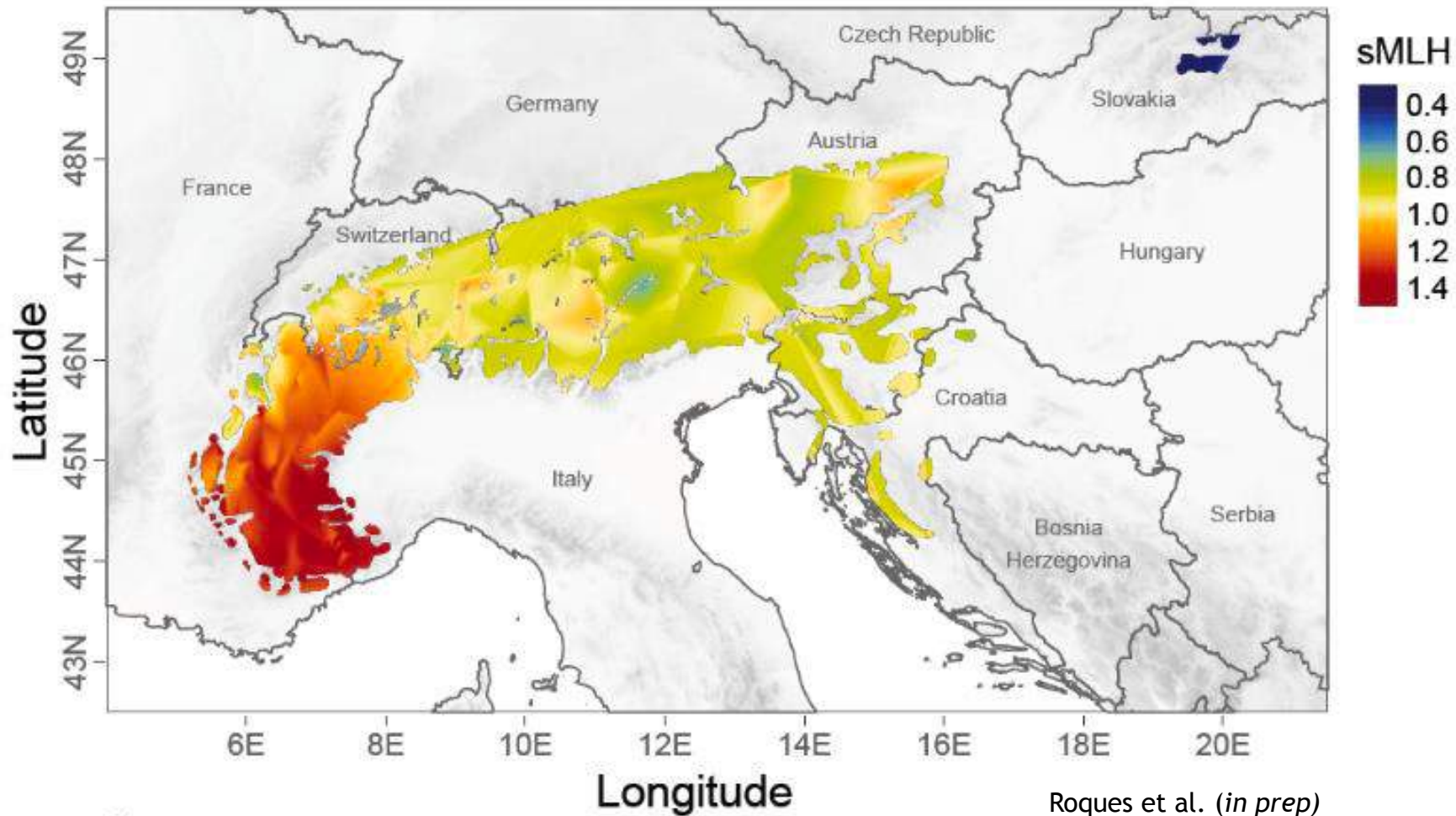
r

46°N
Discr

Components (DAPC)

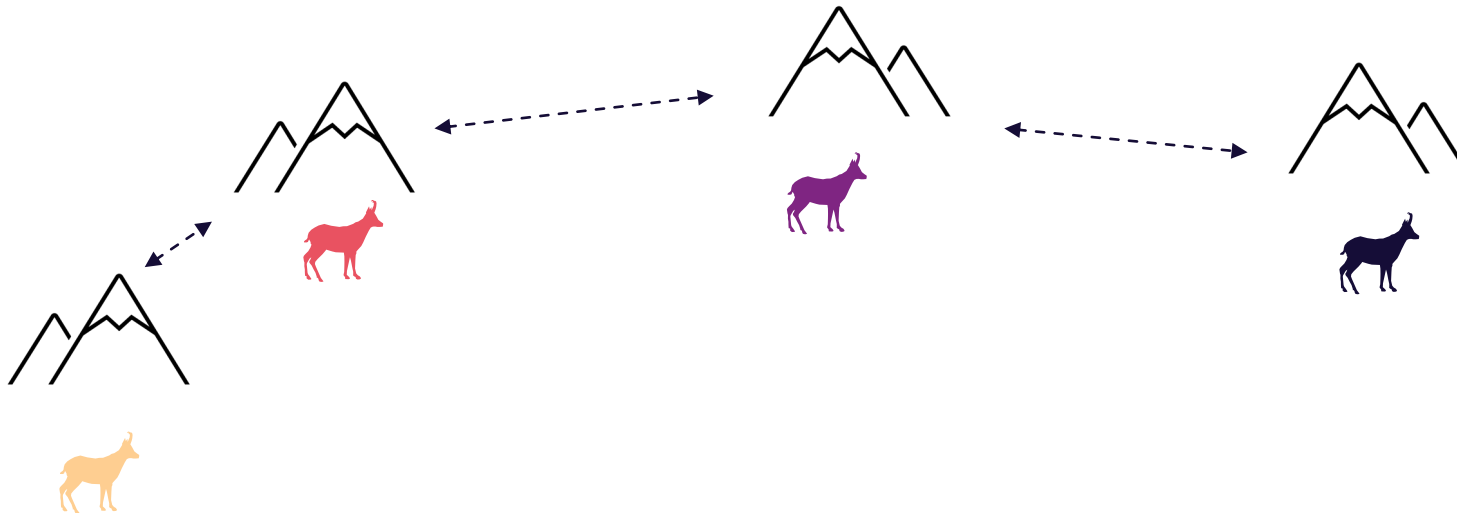


Genetische Vielfalt



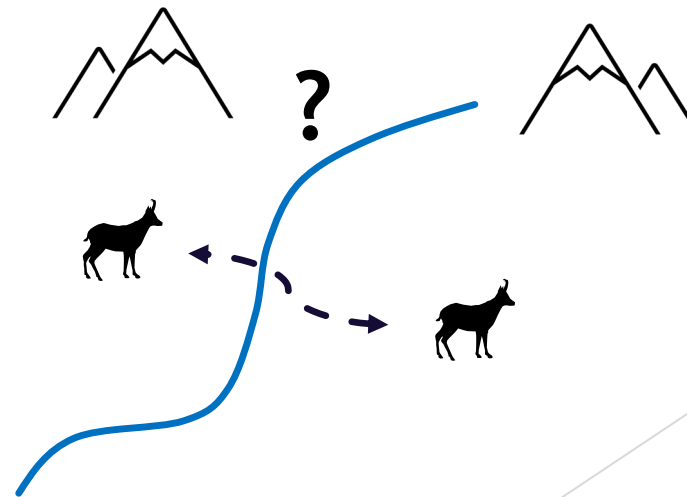
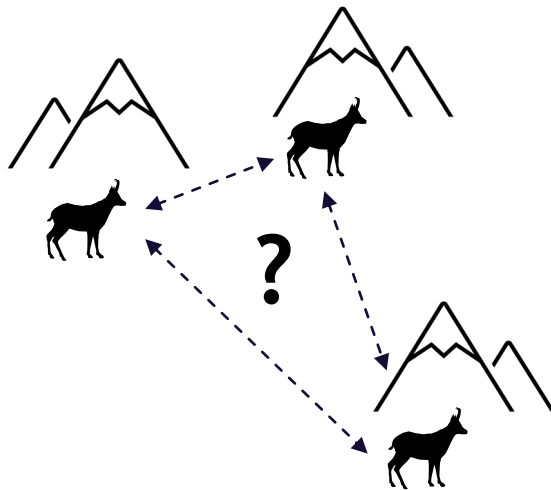
Fazit - Populationsgenetik der Gämse

- ▶ Grösste genetische Vielfalt im Südwesten
- ▶ Starke genetische Populationsstruktur
 - ▶ Grosse Cluster, v.a. im Osten (Österreich)
 - ▶ Trennung entlang von grossen Tälern ersichtlich



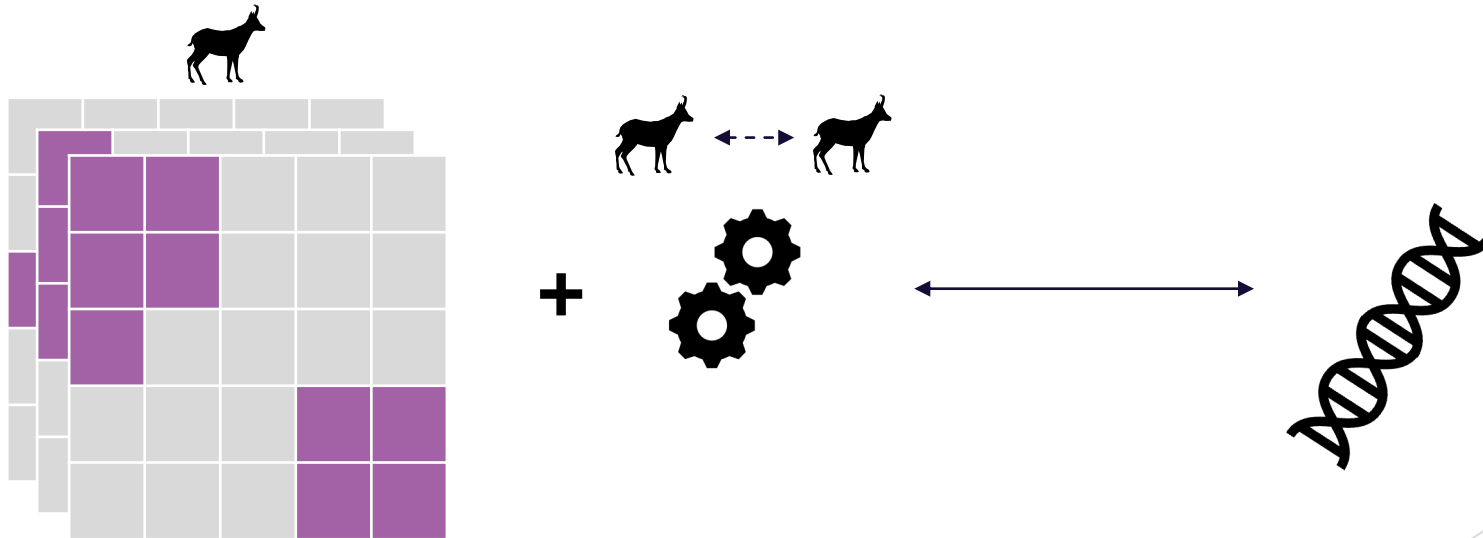
Gämsen seit der letzten Eiszeit

- ▶ Populationsgenetik im gesamten Alpenraum
- ▶ Wie kann die vorgefundene Struktur erklärt werden?
 - ▶ Wie besiedelten die Gämsen die Alpen nach der letzten Eiszeit (vor 20'000 Jahren)?
 - ▶ Stellen grosse Flüsse / Täler ein Ausbreitungshindernis für Gämsen dar?



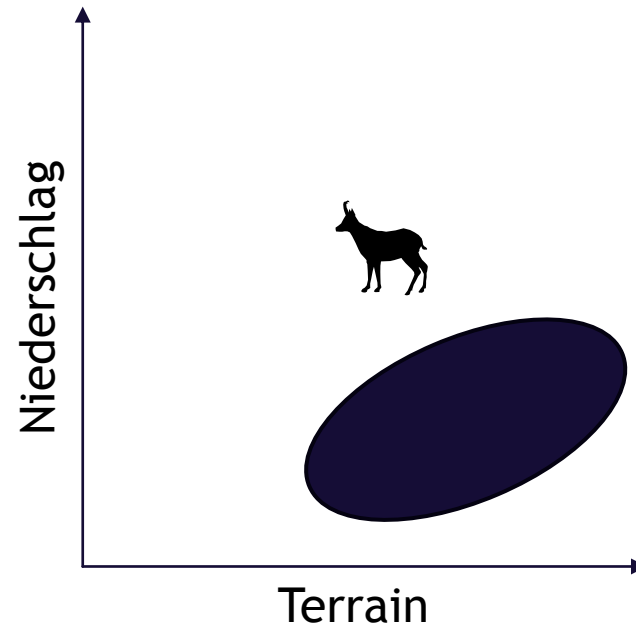
Anwendung von Simulationen

- ▶ Kombination von Habitategignungsmodellen, prozess-basierten Modellen und genetischer Daten, um:
 - ▶ Wichtige biologische Merkmale wie Ausbreitungsfähigkeit zu simulieren
 - ▶ Ausbreitungsbarrieren und Landschaftselemente zu untersuchen
 - ▶ Mögliche Auswirkungen des Klimawandels auf die Gämsen vorherzusagen



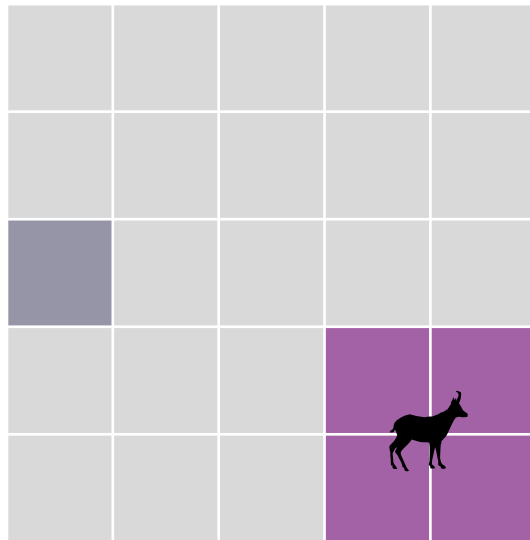
Modellieren der Gamsverbreitung

- Mögliche Verbreitung der Art vorhersagen mittels Habitateignungsmodellen

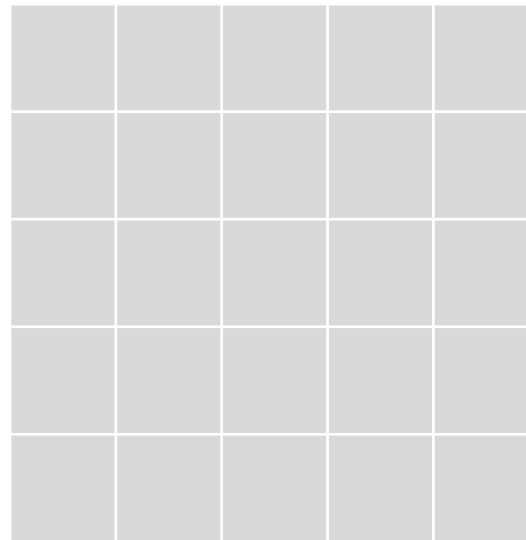


Modellieren der Gamsverbreitung

- ▶ Mögliche Verbreitung der Art vorhersagen mittels Habitataignungsmodellen
 - ▶ In Kombination mit Ausbreitung, um Verbreitungsdynamiken zu simulieren



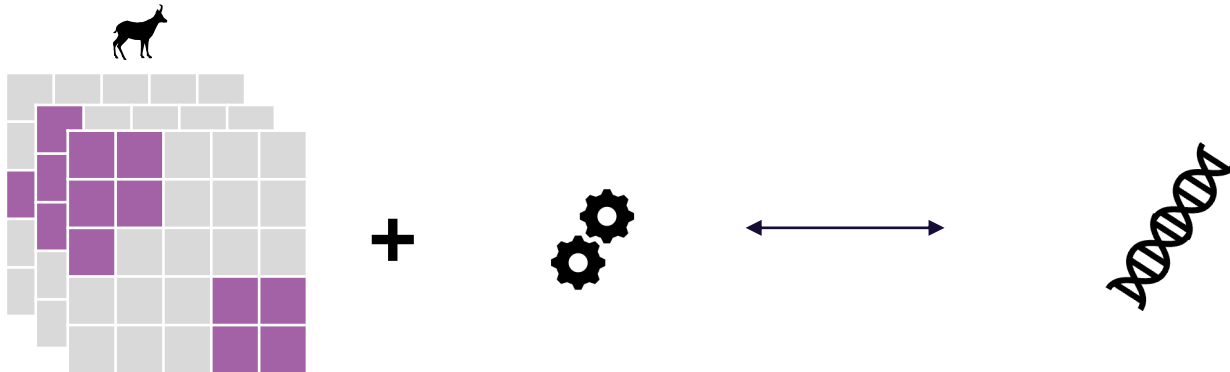
t_1



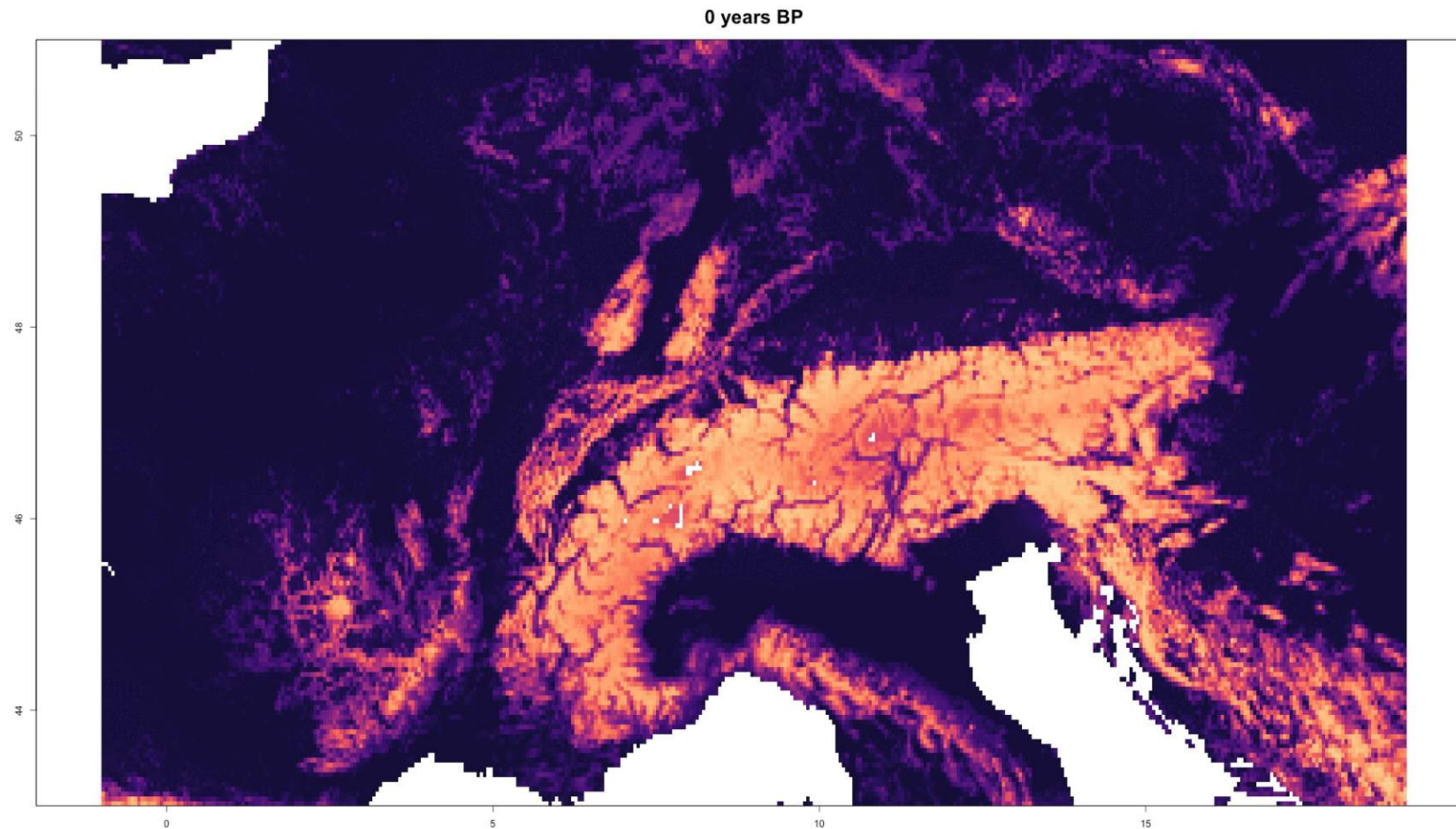
t_2

Simulation genetischer Distanz

- ▶ Verfolgen der Verbindung zwischen Populationen als Annäherung für genetische Differenzierung seit der letzten Eiszeit (vor 20'000 Jahren)
- ▶ Vergleich der simulierten Distanzen zu den wirklichen genetischen Distanzen

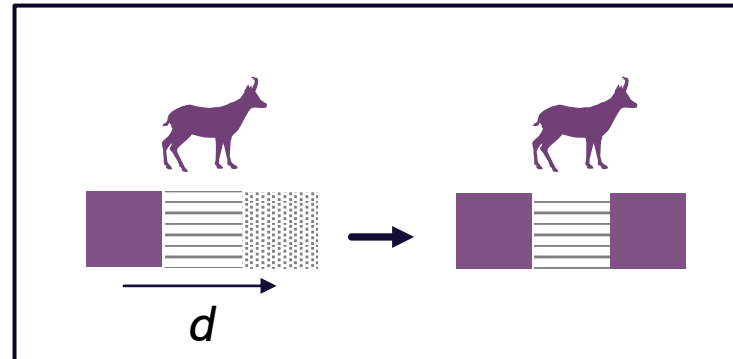


Modellierung der Habitateignung



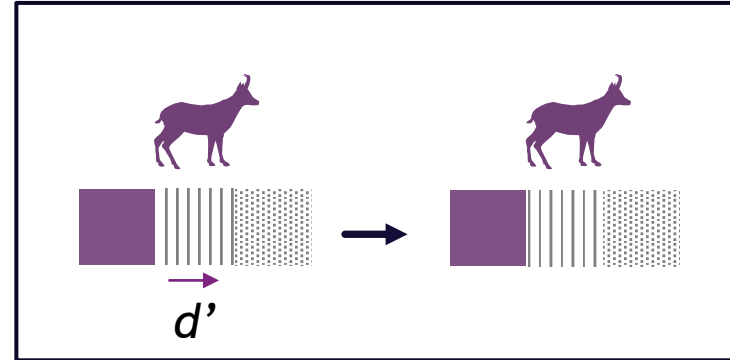
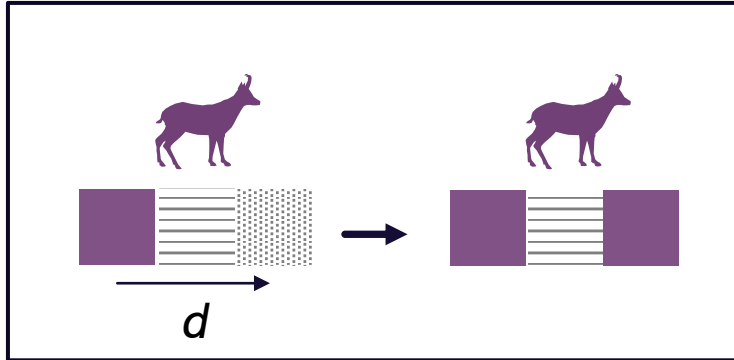
Simulation der Populationen

- ▶ Kolonisierung des geeigneten Habitats
 - ▶ Hängt von der Ausbreitungsdistanz d und dem kostengünstigsten Pfad zwischen bewohnter und geeigneter Zelle ab



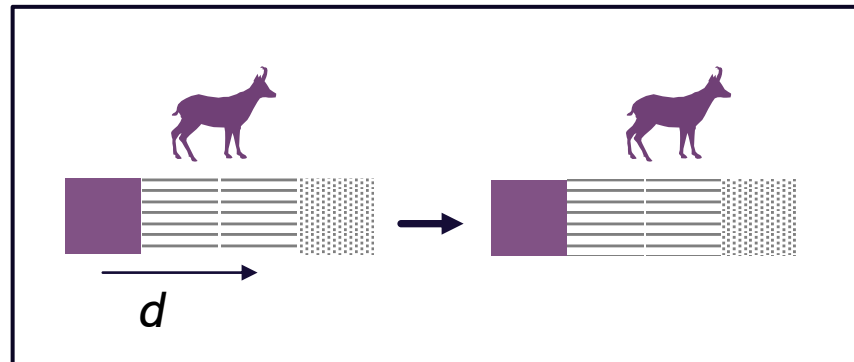
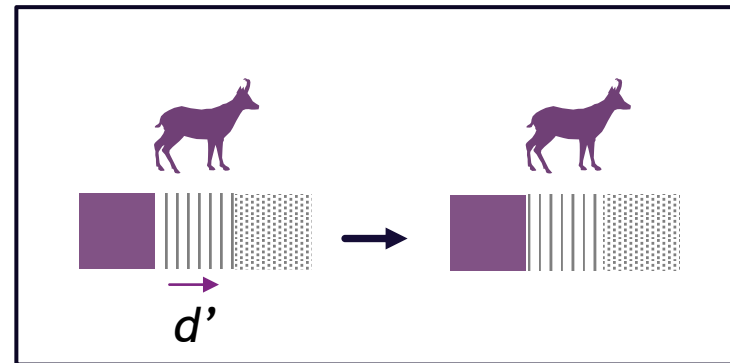
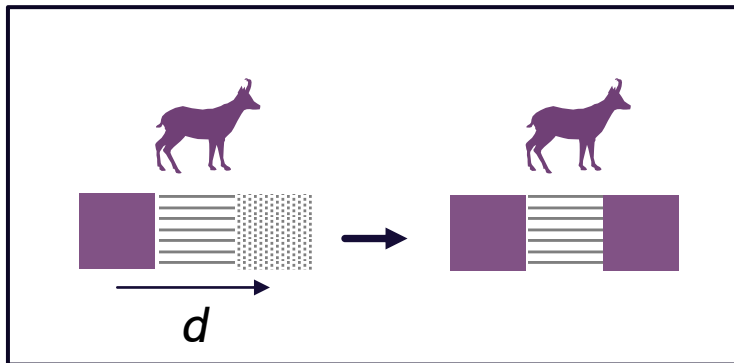
Simulation der Populationen

- ▶ Kolonisierung des geeigneten Habitats
 - ▶ Hängt von der Ausbreitungsdistanz d und dem kostengünstigsten Pfad zwischen bewohnter und geeigneter Zelle ab



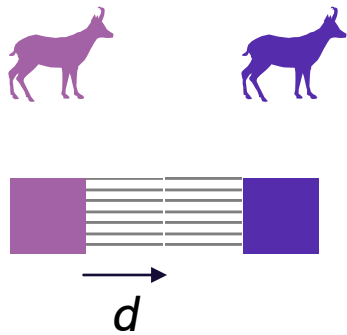
Simulation der Populationen

- ▶ Kolonisierung des geeigneten Habitats
 - ▶ Hängt von der Ausbreitungsdistanz d und dem kostengünstigsten Pfad zwischen bewohnter und geeigneter Zelle ab



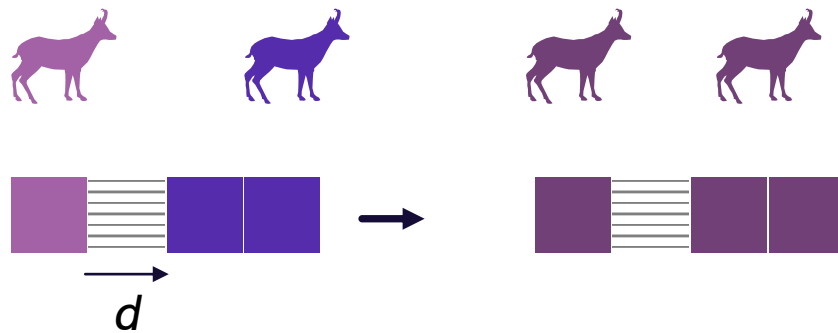
Simulation der Populationen

- ▶ Verfolgen der Divergenz zwischen zwei Populationen
 - ▶ Zeitschritte, bei denen die Populationen nicht verbunden sind



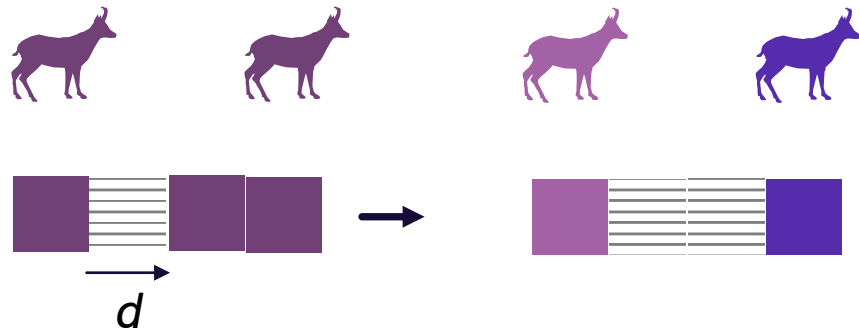
Simulation der Populationen

- ▶ Verfolgen der Divergenz zwischen zwei Populationen
 - ▶ Zeitschritte, bei denen die Populationen nicht verbunden sind
 - ▶ Neu verbundene Populationen: Reduzieren Divergenz («genetische» Distanz) zwischen ihnen pro Zeitschritt (mit Verbindung zueinander)



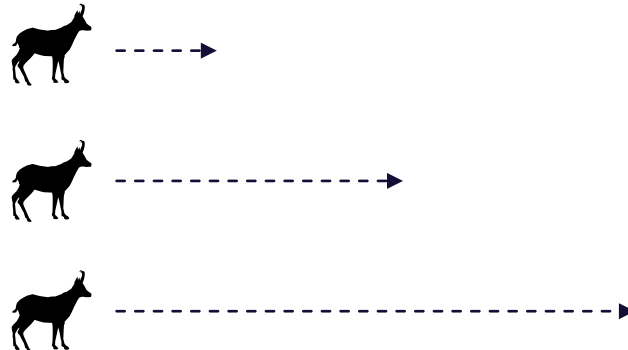
Simulation der Populationen

- ▶ Verfolgen der Divergenz zwischen zwei Populationen
 - ▶ Zeitschritte, bei denen die Populationen nicht verbunden sind
 - ▶ Neu getrennte Populationen: Erhöhen der Divergenz zwischen den Populationen



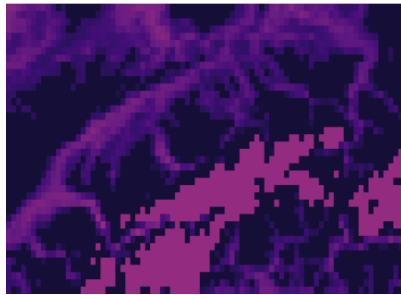
Simulation der Populationen

- ▶ Populationen simulieren und kumulative Divergenz verfolgen
 - ▶ Ausbreitungsfähigkeit d und kostengünstige Pfade
 - ▶ Verfolgen der kumulativen Distanz
- ▶ Test von unterschiedlichen Ausbreitungsfähigkeiten
 - ▶ Sehr kurz bis zu langen Distanzen (0.34 - 4.31 km/Generation)
 - ▶ Unterschiedliche Landschafts-Szenarien
 - ▶ 1,440 Simulationen insgesamt



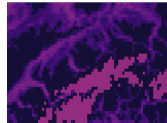
4 Landschafts-Szenarien

- Szenario 1: Habitateignung HE

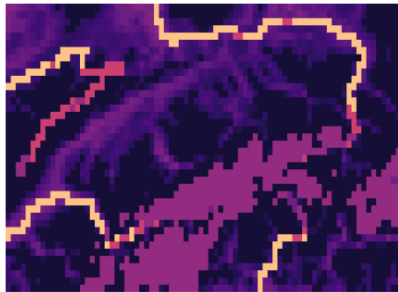


4 Landschafts-Szenarien

- Szenario 1: Habitateignung HE

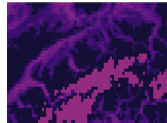


- Szenario 2: HE + Grosse Flüsse / Täler

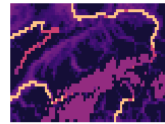


4 Landschafts-Szenarien

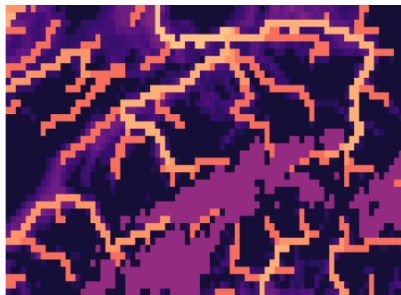
- Szenario 1: Habitateignung HE



- Szenario 2: HE + Grosse Flüsse / Täler

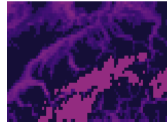


- Szenario 3: HE + Grosse + mittlere Flüsse / Täler

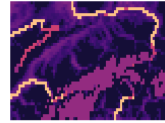


4 Landschafts-Szenarien

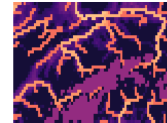
- Szenario 1: Habitateignung HE



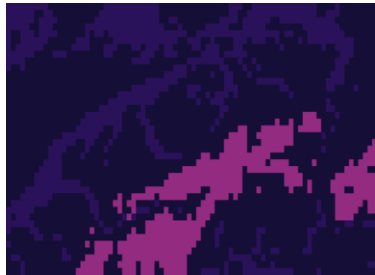
- Szenario 2: HE + Grosse Flüsse / Täler



- Szenario 3: HE + Grosse + mittlere Flüsse / Täler

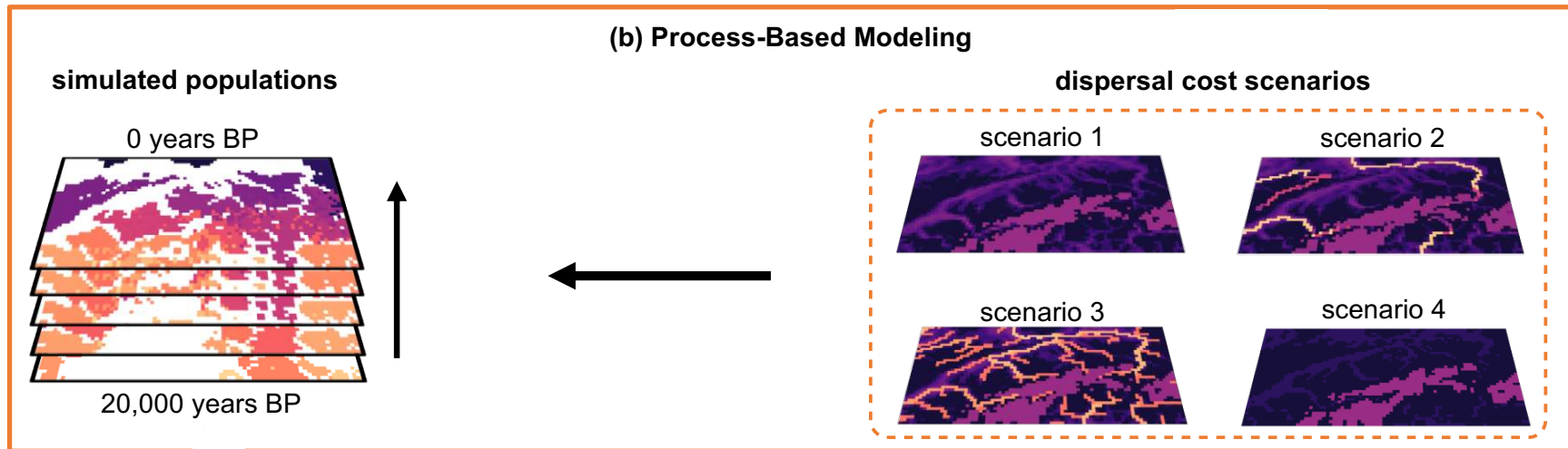


- Szenario 4: (Hauptsächlich) Geographische Distanz

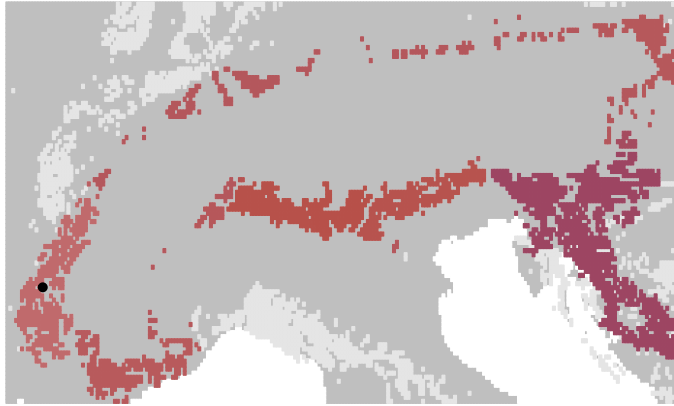


Simulation der Populationen

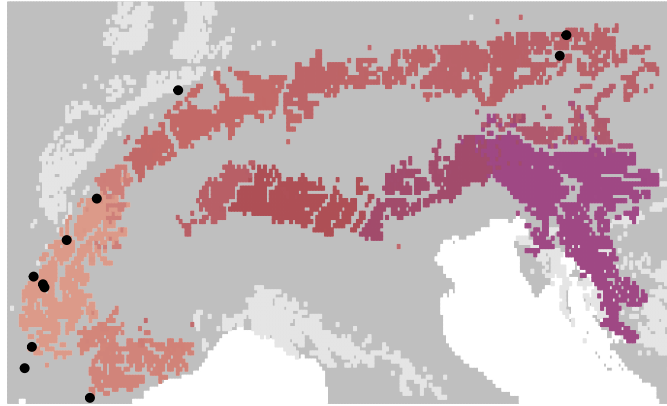
- ▶ Von der letzten Eiszeit (20'000 Jahre) bis heute
- ▶ Verfolgen der kumulativen Distanzmatrix zwischen Populationen (Zeitschritte von 100 Jahren)



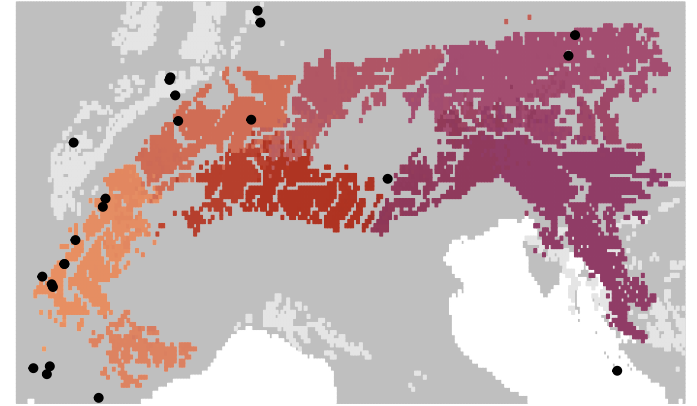
(a) 20k years BP



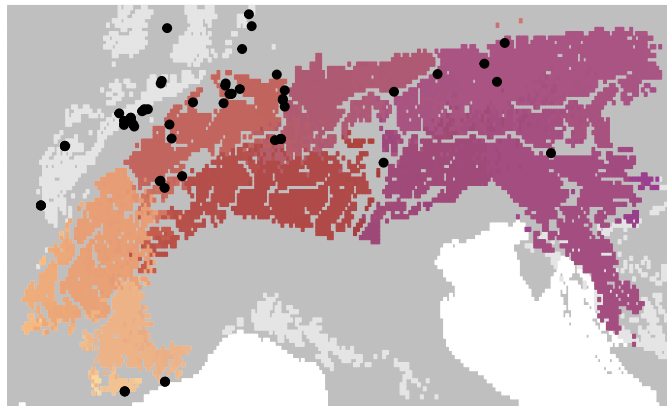
(b) 15k years BP



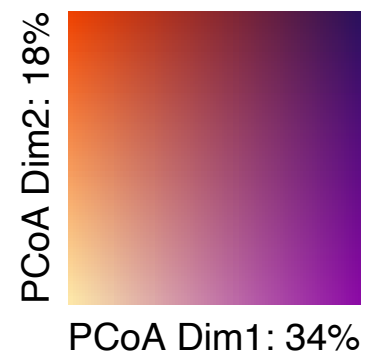
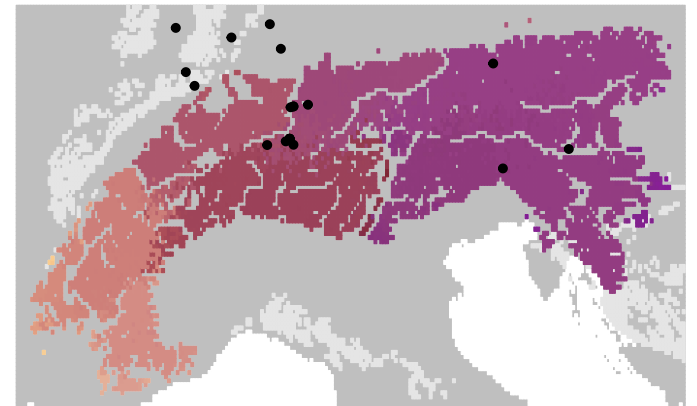
(c) 10k years BP



(d) 5k years BP

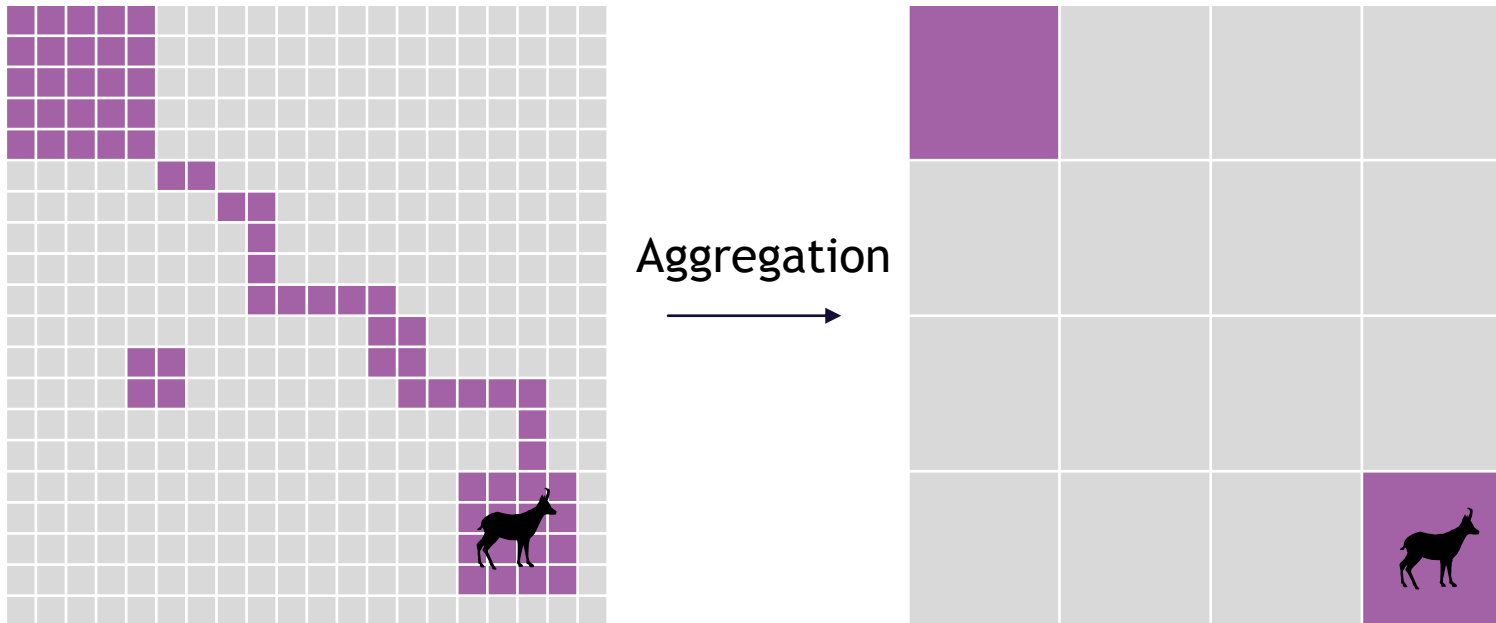


(e) present



Einschränkungen

- ▶ Vereinfachung aufgrund Limitierung der Computerfähigkeiten
 - ▶ Evolutionäre Prozesse nur ungefähr modelliert
 - ▶ Details in der Landschaft gehen verloren, Zellgrösse des Rasters ~35 grösser als Revier der Gämse

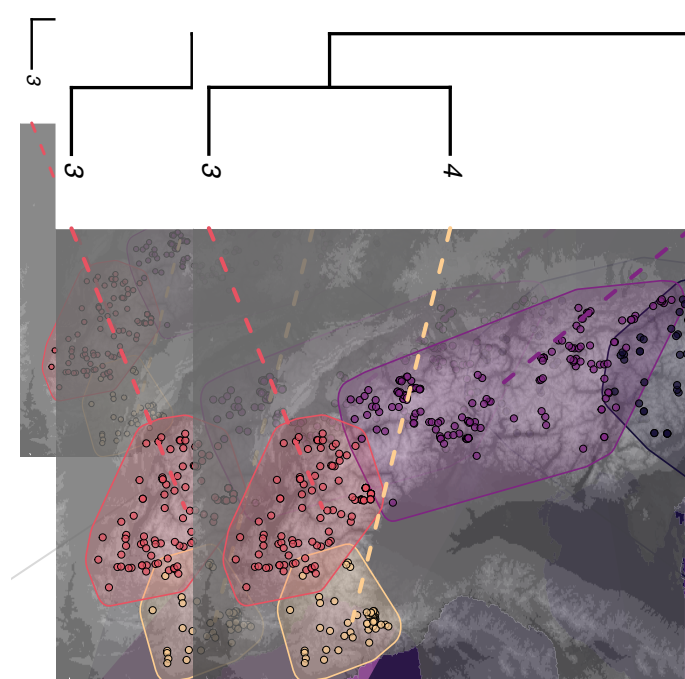
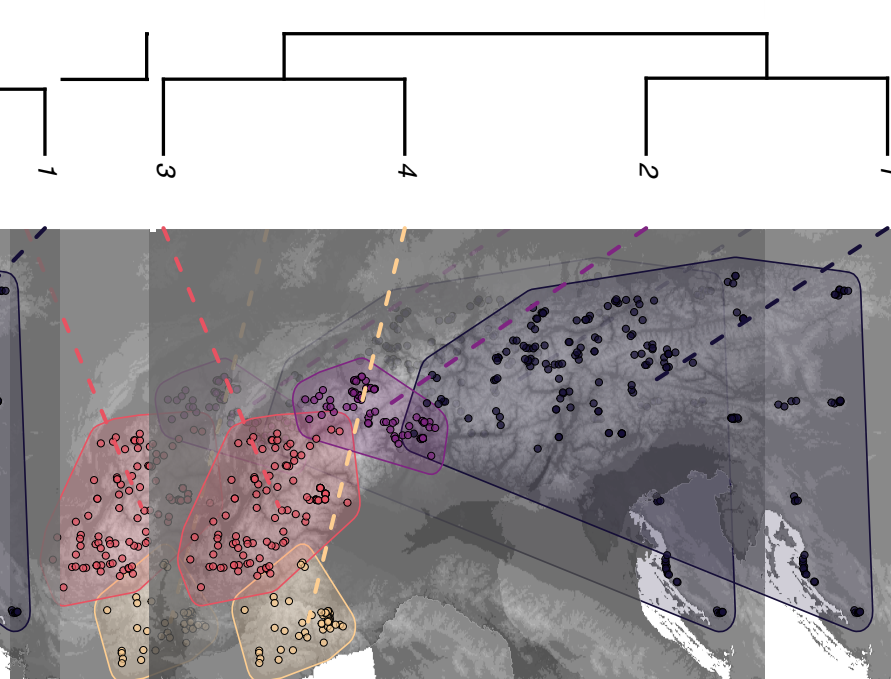
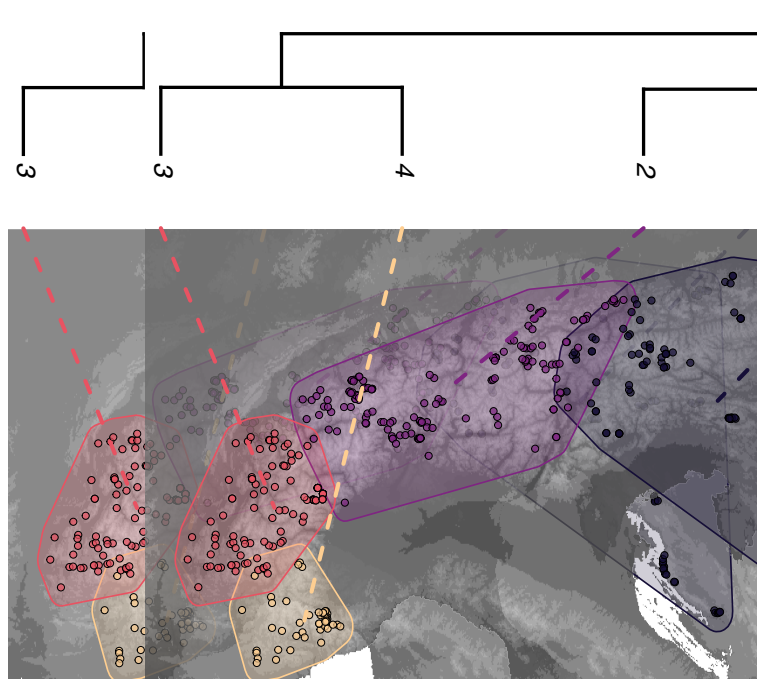
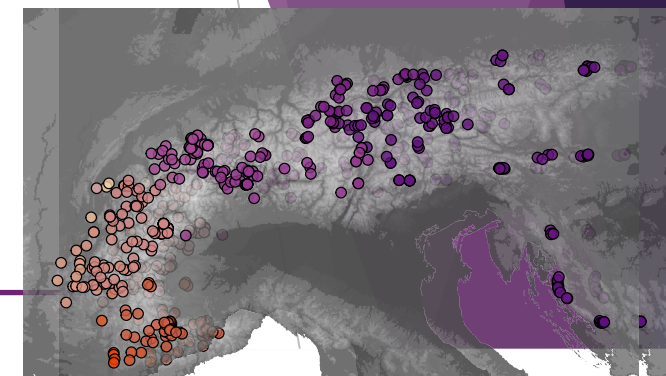
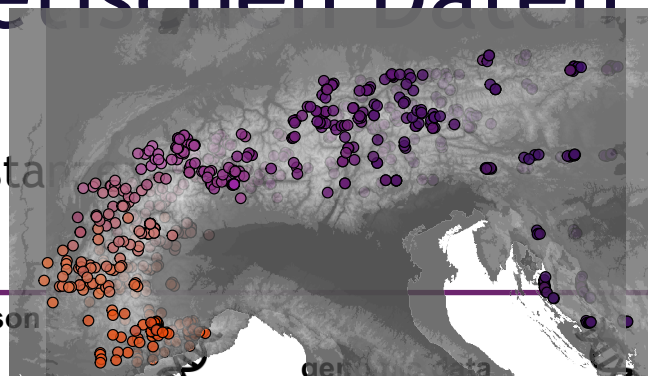
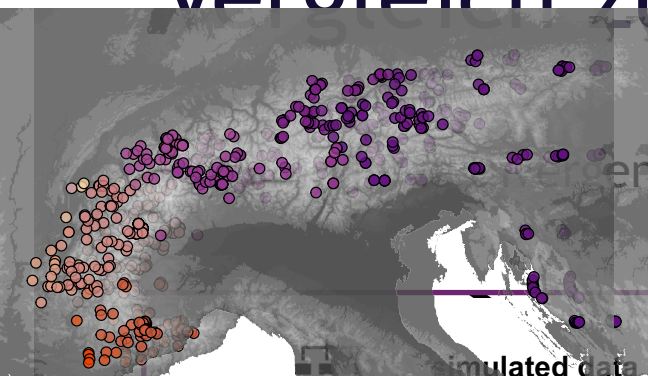


B)B)

Veroleich zu den genetischen Daten

A)A)

B)B)

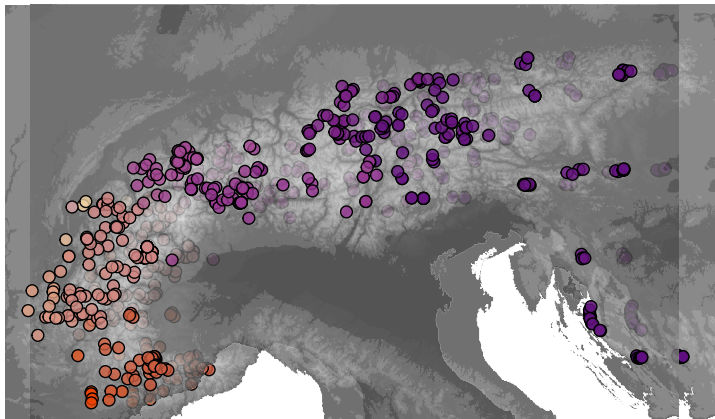


Vergleich zu den genetischen Daten

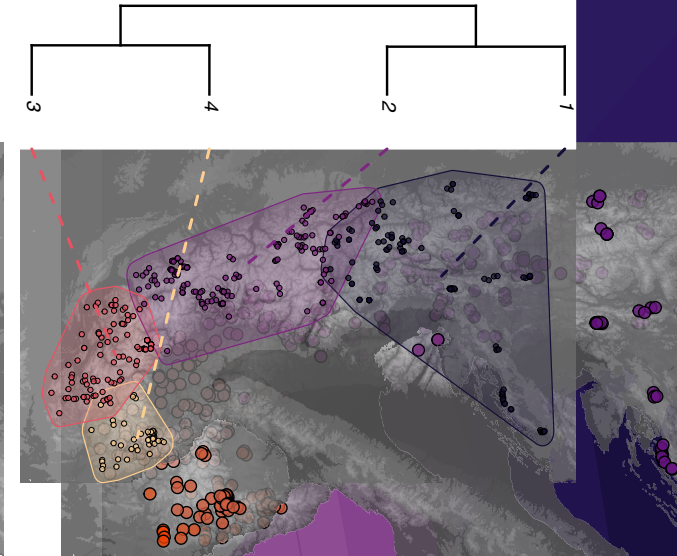
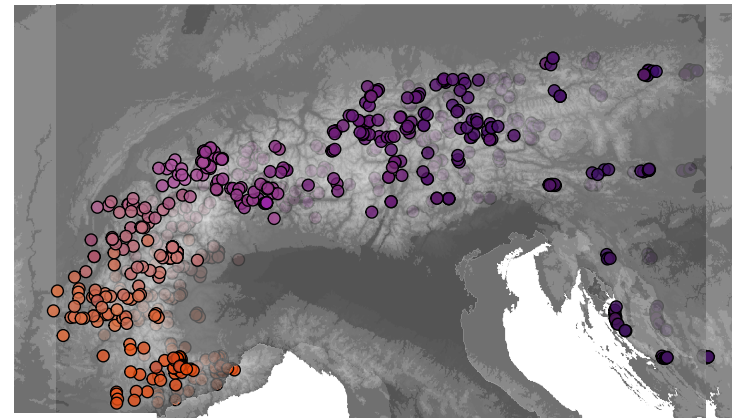
► Simulierte Divergenz vs. genetische Distanzen



B)



A)



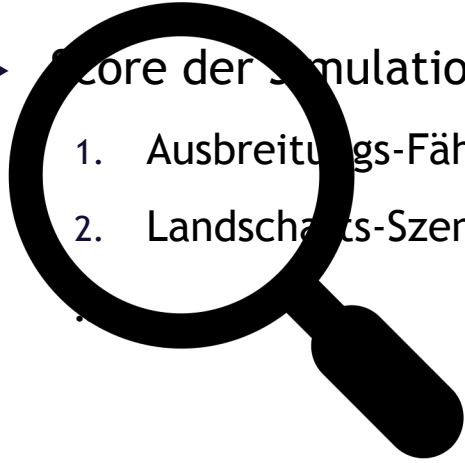
Wichtige Parameter

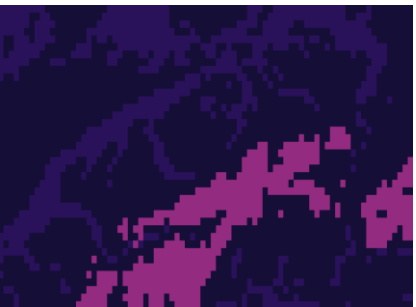
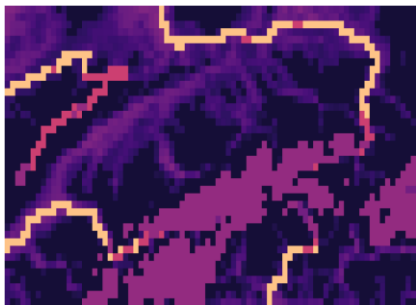
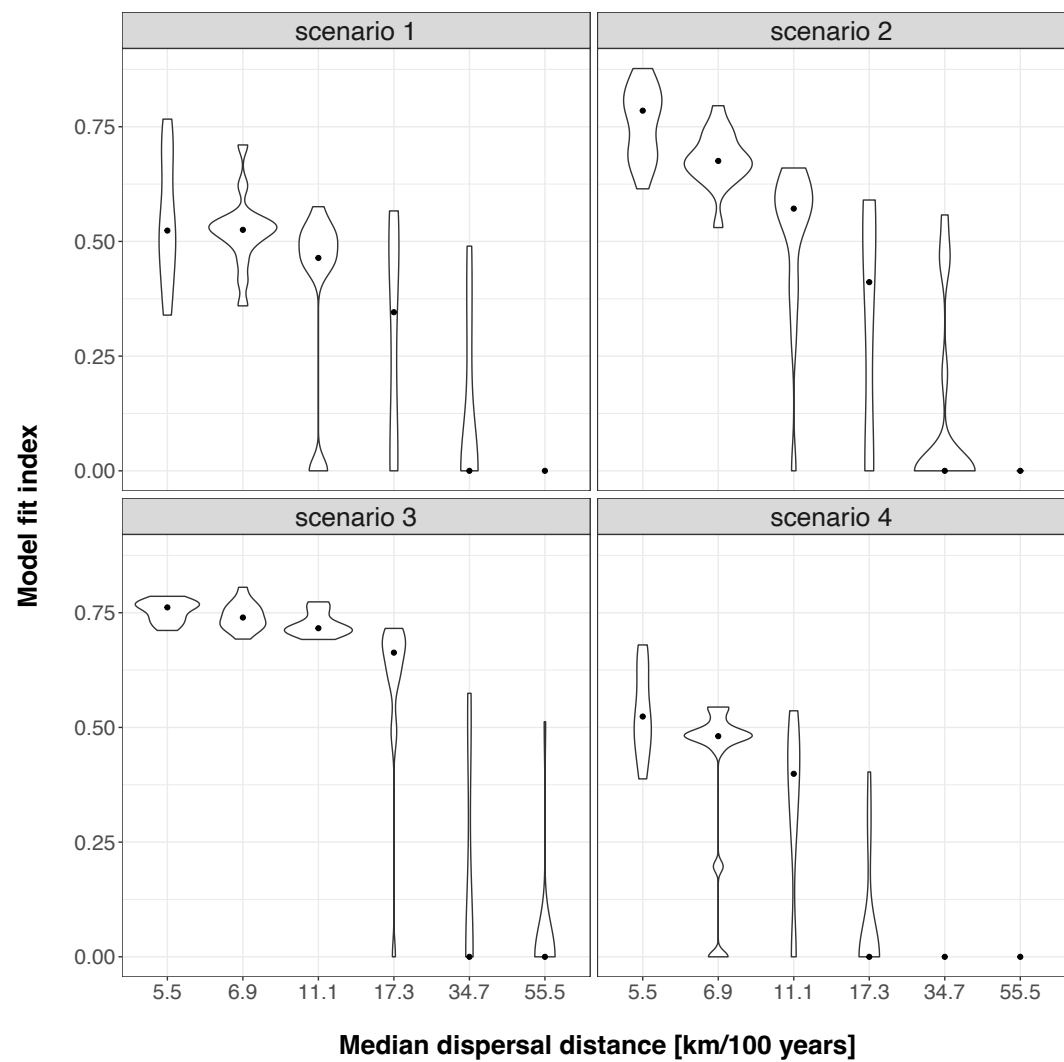
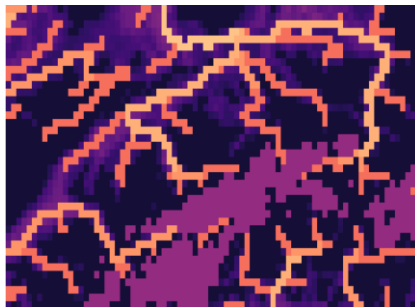
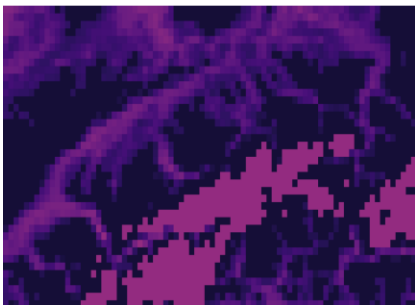
- ▶ Score der Simulationen: Wichtigkeit der Parameter
 1. Ausbreitungs-Fähigkeit (D^2 -value: 0.43)
 2. Landschafts-Szenarien (D^2 -value: 0.11)
- ...

Wichtige Parameter

► Score der Simulationen: Wichtigkeit der Parameter

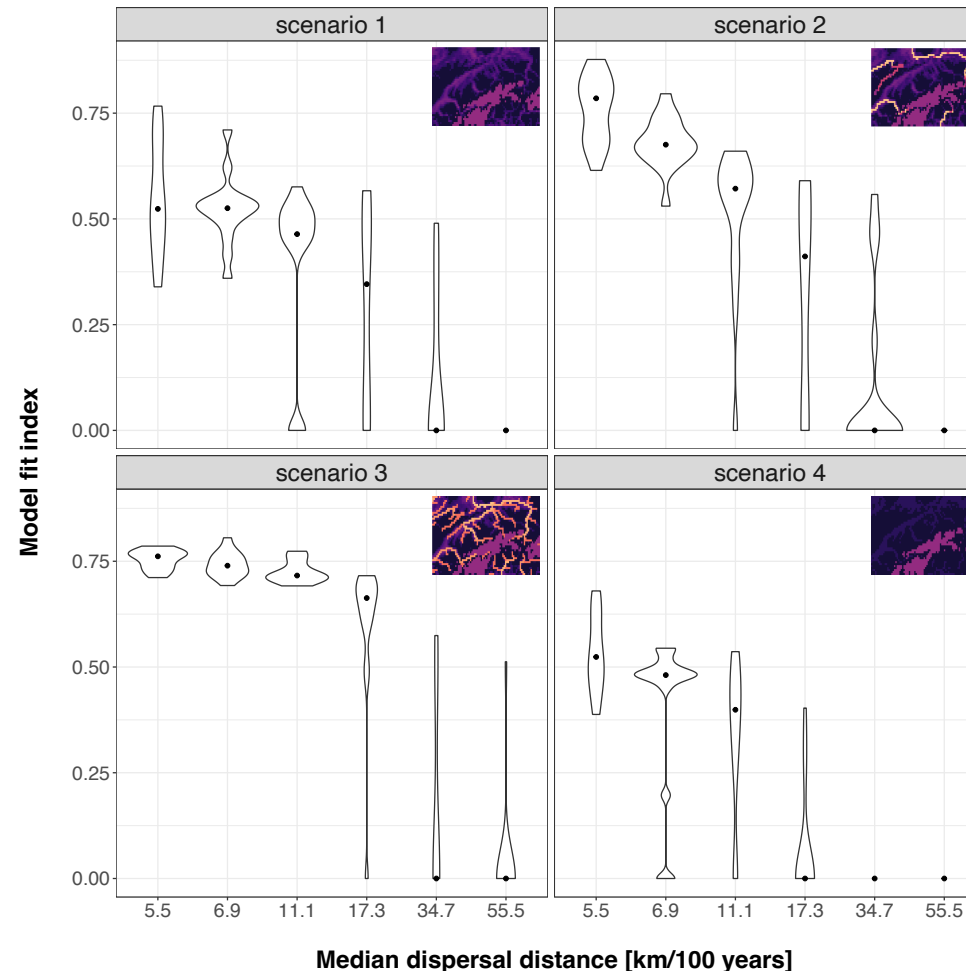
1. Ausbreitungsfähigkeit (D^2 -value: 0.43)
2. Landschafts-Szenarien (D^2 -value: 0.11)





Ausbreitung und Landschafts-Szenarien

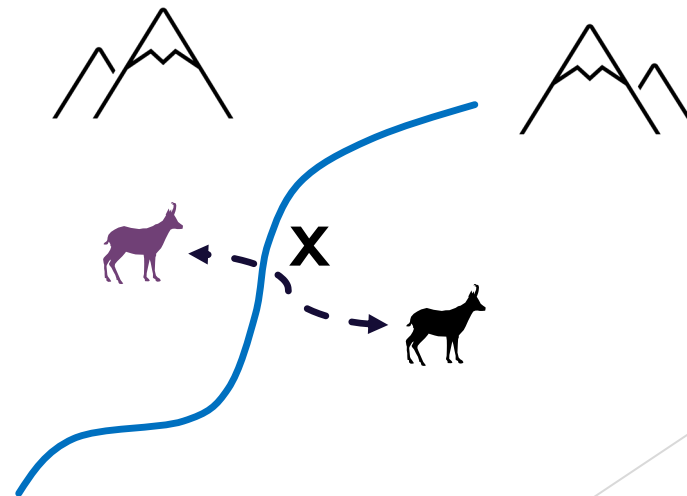
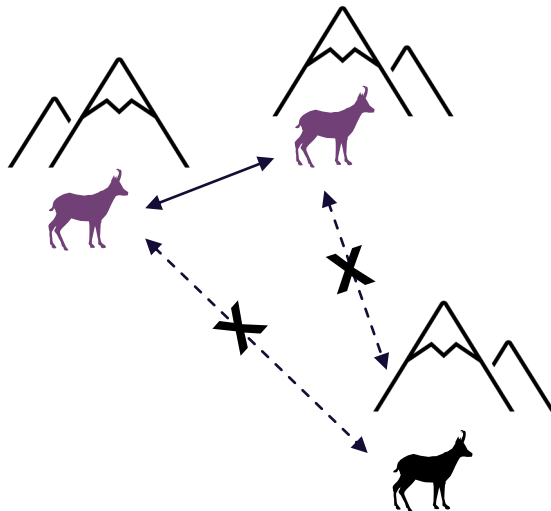
- ▶ Modelgüte bestimmt durch:
 - ▶ Geringe Ausbreitungsfähigkeit
 - ▶ Am unteren Rand der in der Literatur beschriebenen Distanzen
 - ▶ Flüsse/Täler als Barrieren (Szenario 2 und 3)
 - ▶ Variabilität in Ausbreitungsfähigkeit
 - ▶ Wenige Ausbreitungen über lange Distanzen: Ortstreue Geissen?



Fazit - Gämsen seit der Eiszeit

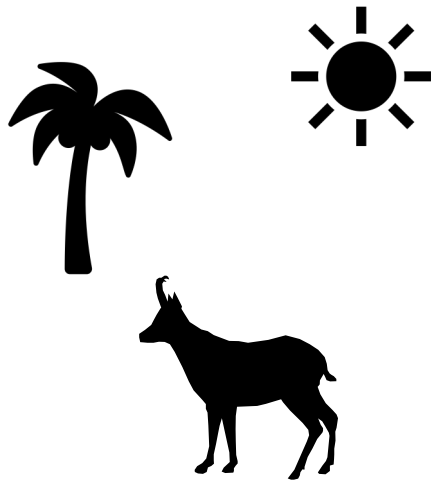
► Gämsen

- Sind ortstreu: Mit zunehmender Ausbreitungsfähigkeit sinkt die Modellgüte
- Meiden Flüsse/Täler: Szenarien basierend auf geografischen Distanzen oder der Habitatseignung alleine genügen nicht, um die vorhandene Populationsstruktur zu erklären



Gämse und Klimawandel: Quo vadis?

Sind die Gämsen in den Alpen an unterschiedliches Klima angepasst?

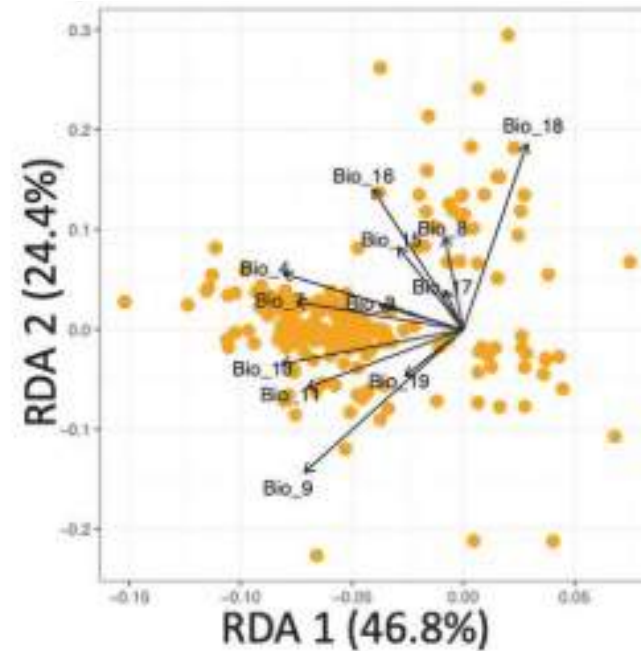


VS



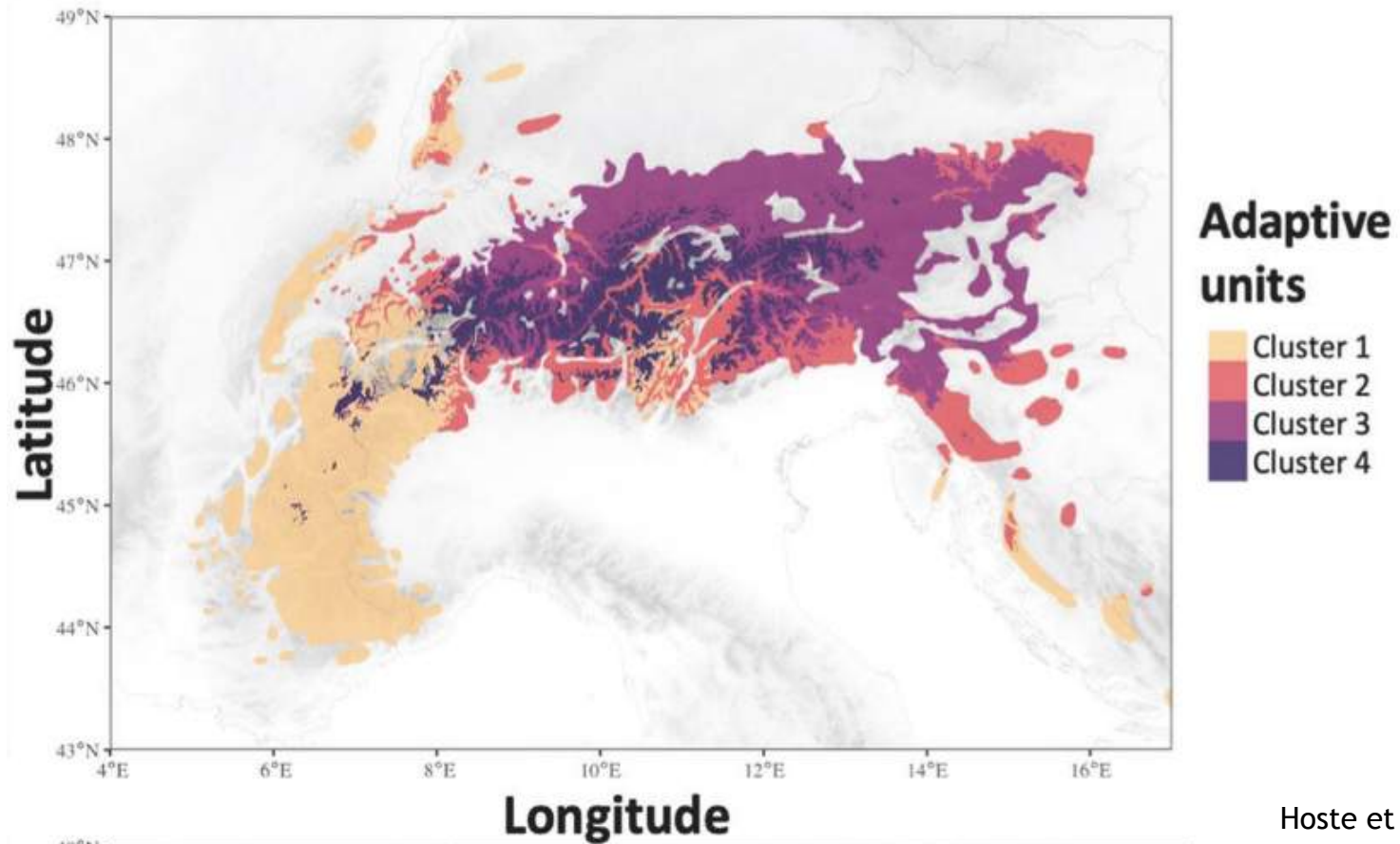
Adaptionen an unterschiedliches Klima

- ▶ Gewisse Assoziationen sind erkennbar
- ▶ V.a. Sommermonate entscheidend
 - ▶ Temperatur
 - ▶ Niederschlag



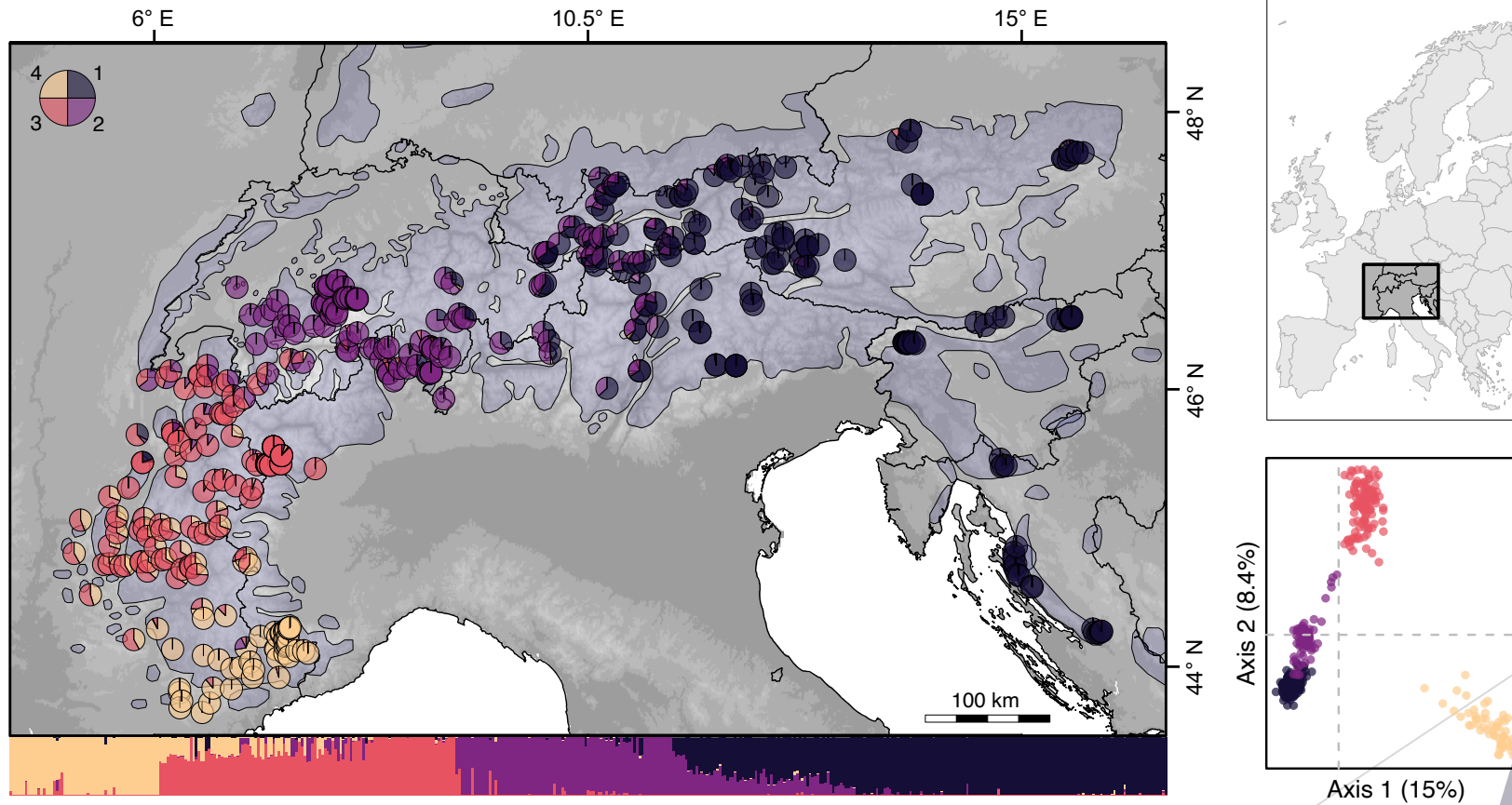
Hoste et al. 2024 *Heredity*

Adaptionen an unterschiedliches Klima

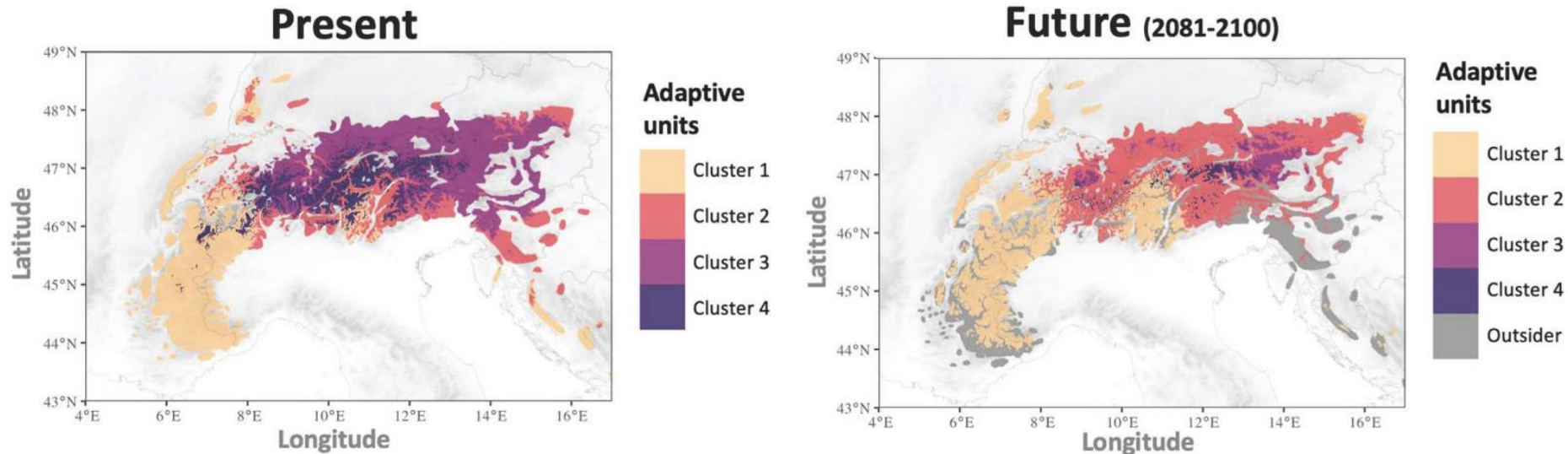


Hoste et al. 2024 *Heredity*

Adaptionen an unterschiedliches Klima



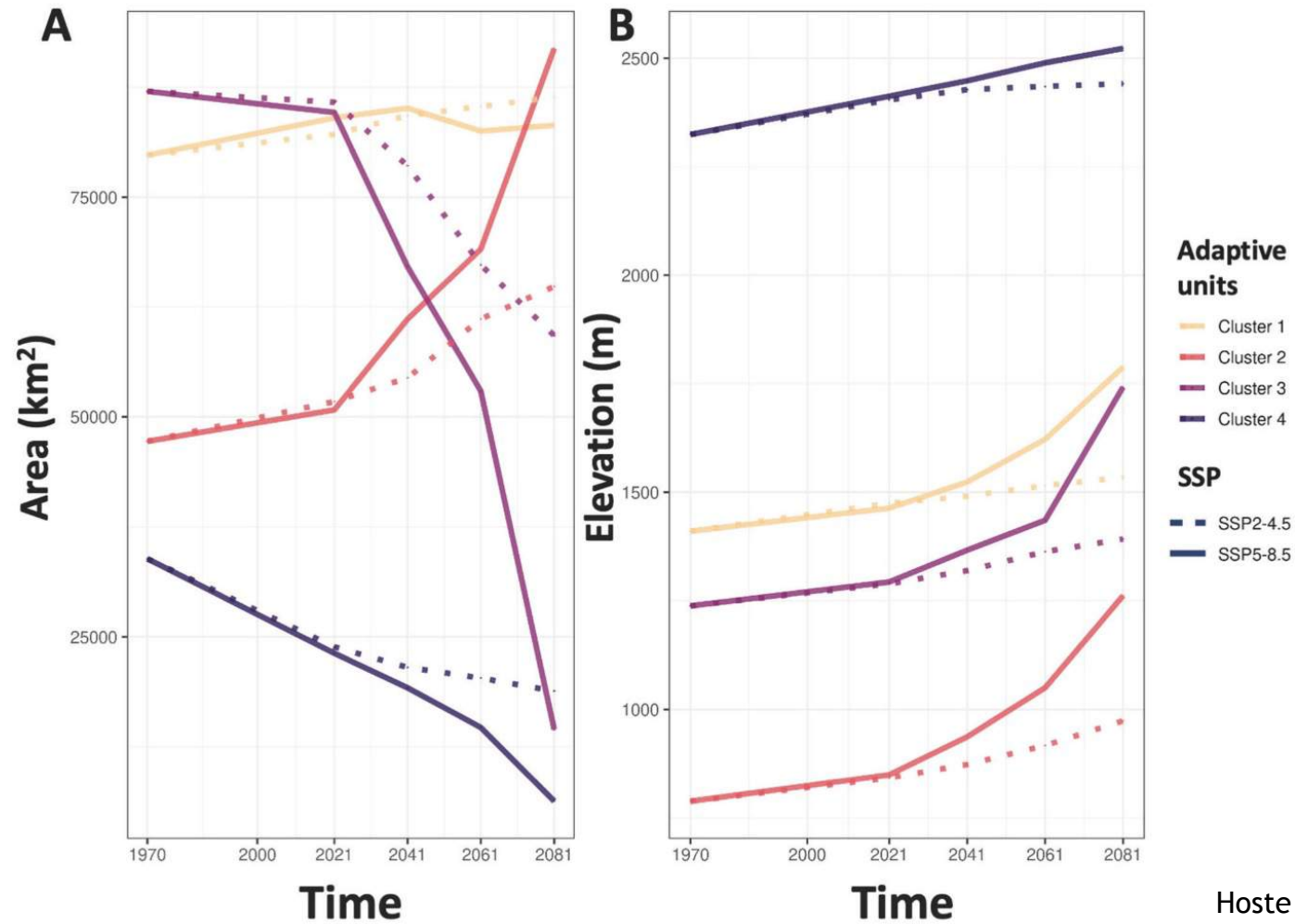
Prognostizierte Veränderungen



Hoste et al. 2024 *Heredity*

- ▶ An Wärme angepasste Populationen dürften sich ausbreiten
 - ▶ Vernetzung wichtig
- ▶ Neue klimatische Bedingungen am südlichen Rand
 - ▶ Bedeutet aber nicht, dass die Gämsen dort aussterben werden

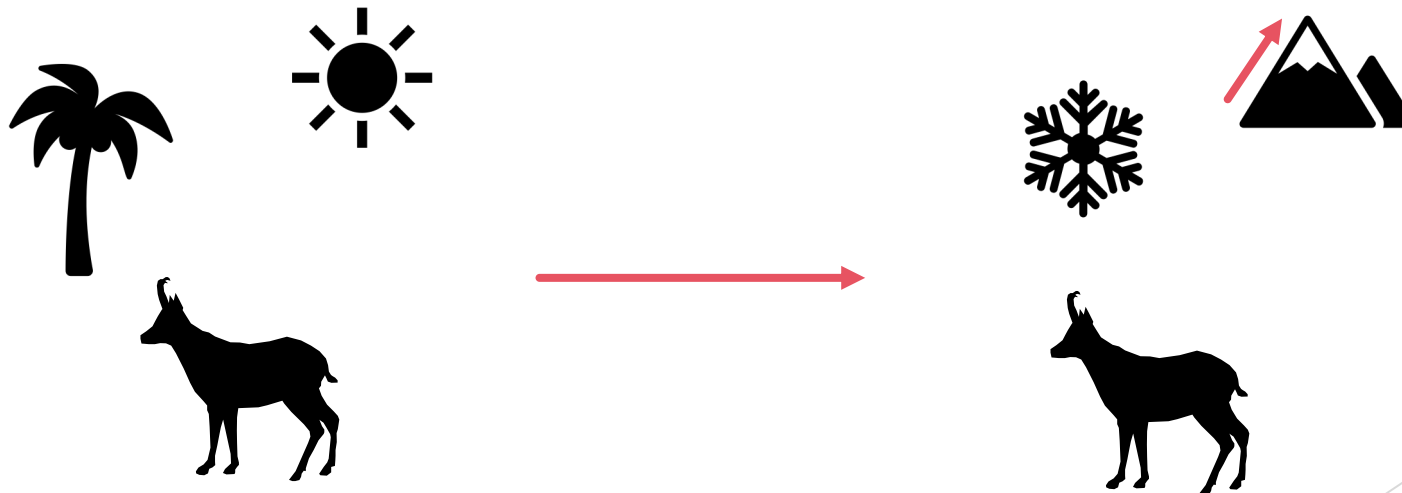
Veränderungen in der Verbreitung



Hoste et al. 2024 *Heredity*

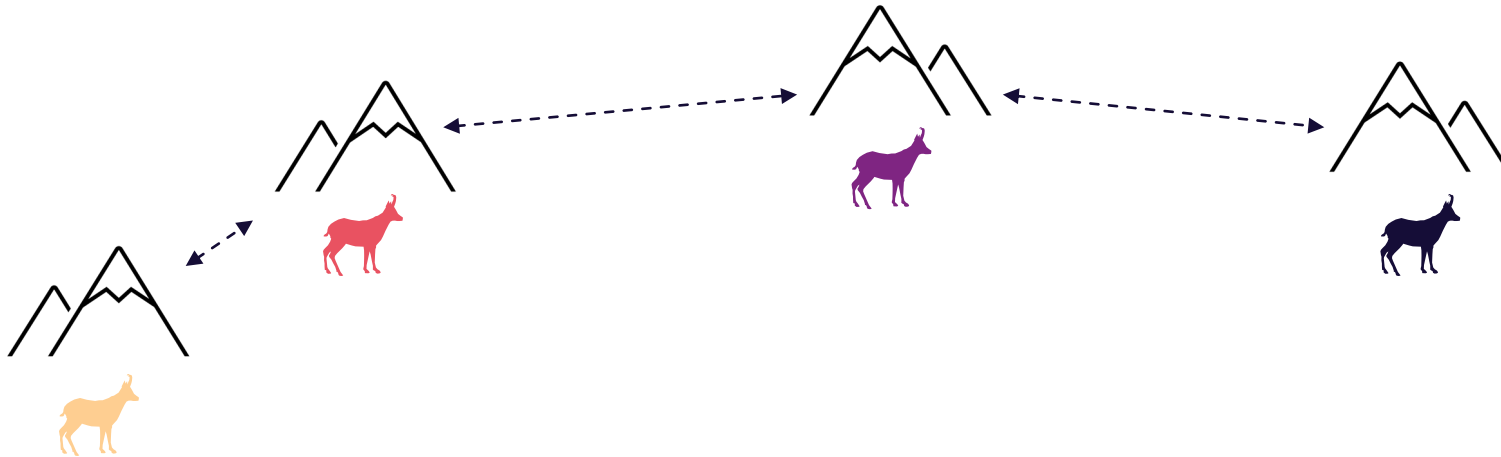
Fazit - Gämse und Klimawandel

- ▶ Lokale Anpassungen v.a. für Sommermonate vorhanden
 - ▶ Wärme-angepasste Populationen im Südwesten der Alpen
- ▶ Verbreitungsgebiet der an Kälte angepassten Populationen wird kleiner
- ▶ Genereller Trend zu höheren Lagen



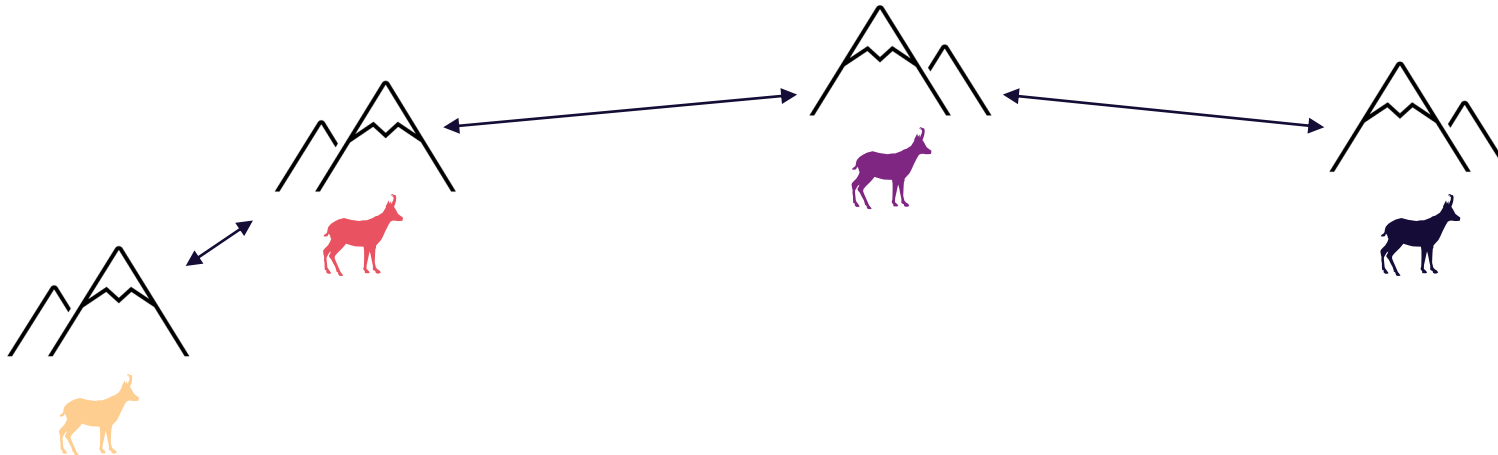
Implikationen für das Gams-Management

- ▶ Ausbreitung der Gämsen ermöglichen
 - ▶ Natürlicher Austausch zw. den Populationen
 - ▶ Migration aufgrund Klimawandel
 - ▶ An Wärme angepasste Gämsen sollen sich ausbreiten können



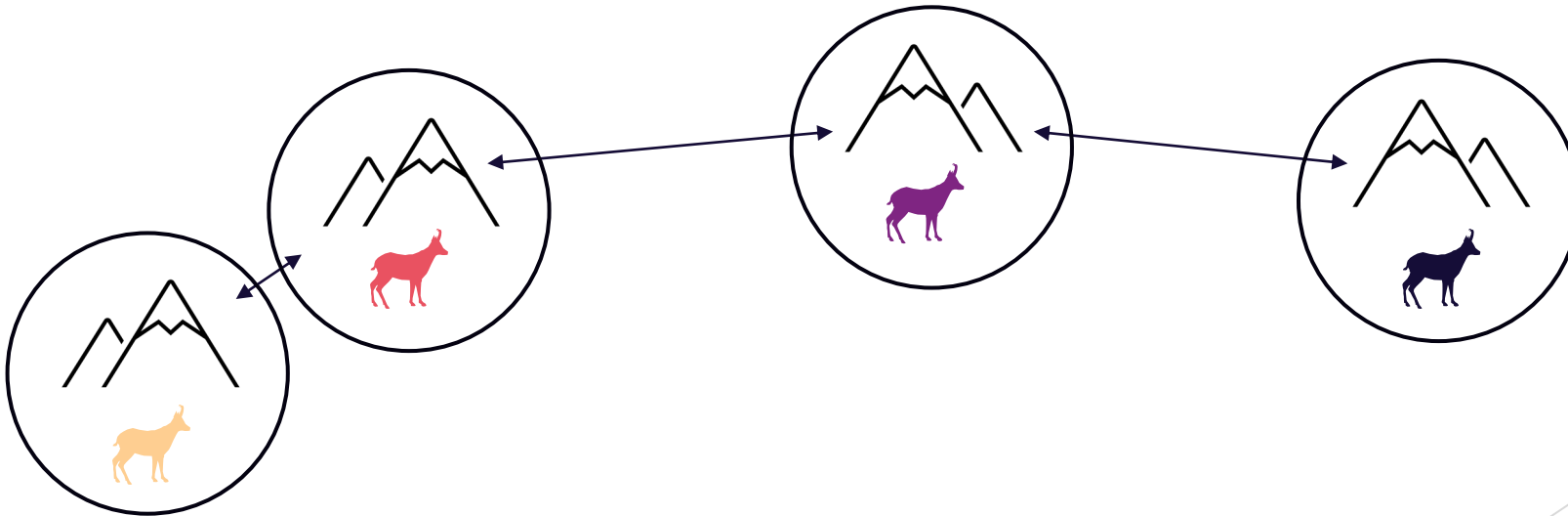
Implikationen für das Gams-Management

- ▶ Ausbreitung der Gämsen ermöglichen
 - ▶ Natürlicher Austausch zw. den Populationen
 - ▶ Migration aufgrund Klimawandel
 - ▶ An Wärme angepasste Gämsen sollen sich ausbreiten können



Implikationen für das Gams-Management

- ▶ Ausbreitung der Gämsen ermöglichen
 - ▶ Natürlicher Austausch zw. den Populationen
 - ▶ Migration aufgrund Klimawandel
 - ▶ An Wärme angepasste Gämsen sollen sich ausbreiten können
- ▶ Management in Wildräumen
 - ▶ Grenzen entlang natürlicher Barrieren (wie Täler/Flüsse)



Mehr Informationen



ETH zürich



- ▶ QR Code scannen
 - ▶ Link zur Publikation (English)
 - ▶ Link zum Gams Flyer (Zusammenfassung auf Deutsch)

ETH zürich



Die versteckte genetische
Struktur der Gämsen in
den Alpen