



Rekonstruktion der historischen genetischen Diversität des Alpensteinbocks mittels aDNA

03.2018

Mathieu Robin^{1,2}, Giada Ferrari², Love Dalén³, Lukas F. Keller¹ und Christine Grossen¹

¹Institute of Evolutionary Biology and Environmental Studies, University of Zurich

²Institute of Evolutionary Medicine, University of Zurich

³Department of Bioinformatics and Genetics, Swedish Museum of Natural History, Stockholm

Hintergrund: Der Alpensteinbock (*Capra ibex*) wurde durch Überjagung an den Rand der Ausrottung gedrängt und galt im fast gesamten Alpenbogen, inklusive der Schweiz, ab der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts als ausgestorben. Überlebt hat nur eine kleine Population von weniger als 100 Tieren im Norden Italiens (heutiges Gebiet des Gran Paradiso Nationalparks). Nach der erfolgreichen Wiederansiedlung Anfang des 20. Jahrhunderts hat sich der Bestand weitgehend erholt, aber die gesamte Art zeigt heute eine tiefe genetische Diversität (Biebach and Keller, 2009, 2010, Grossen et al. 2017). Um zu klären, wie die genetische Diversität des Steinbocks vor der Fast-Ausrottung im Vergleich zu heute war, wurde eine Masterarbeit als Pilotstudie an der Universität Zürich lanciert. Die Ergebnisse dieser Studie liegen nun vor und sollen hier erläutert werden.

Methode: In Zusammenarbeit mit verschiedenen archäologischen und universitären Institutionen sowie privaten Stiftungen wurden entsprechende Präparate und Fundstücke ausfindig gemacht, beprobt und anschliessend mittels modernster *Next Generation Sequenzierung* analysiert. Wir konnten das mitochondrielle Genom von 11 Individuen aus zwei Zeiträumen erfolgreich rekonstruieren. Der erste Zeitraum umfasste 6 Individuen (ca. 8600 BP bis 1300 BP), welche aus Höhlen aus der Schweiz stammen und C¹⁴ datiert wurden. Die zweite Gruppe wurde uns von Museen zur Verfügung gestellt. Dabei handelte es sich überwiegend um Jagdtrophäen (zwischen ca. 255 BP und 75 BP), welche aus Italien und der Schweiz stammen. Diese Gruppen wurden untereinander und mit rezenten Alpensteinbockpopulationen sowie Individuen anderer Ziegenarten (Genus *Capra*) verglichen, um die Veränderung der genetischen Diversität über die Zeit und in Relation zu nah verwandten Arten anzuschauen.

Resultate: Auf mitochondrieller Ebene bestätigte sich, dass die rezenten Steinbockpopulationen die tiefste genetische Diversität

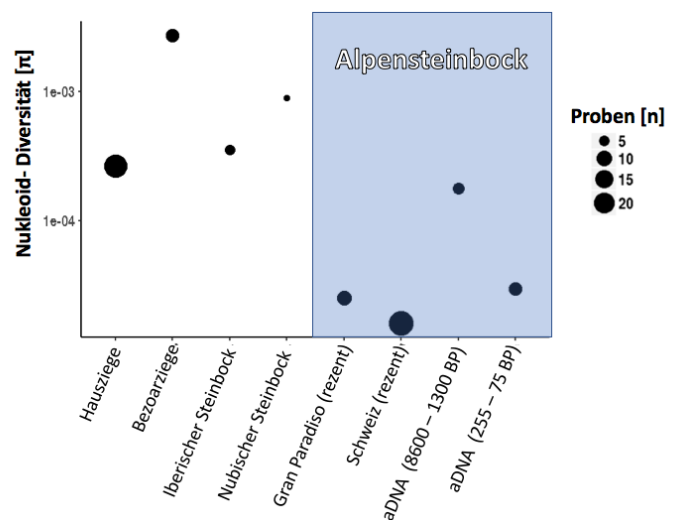


Abbildung 1. Nukleotid-Diversität verschiedener Ziegenarten (Genus *Capra*). Hier zeigen nur aDNA Proben von Alpensteinböcken aus dem Zeitraum von 8600 BP bis 1300 BP eine mit anderen Ziegen vergleichbare genetische Diversität. Jüngere Individuen aus dem Zeitraum von 255 BP bis 75 BP zeigen bereits eine erodierte genetische Diversität, welche ähnlich tief ist wie jene der heutigen Alpensteinböcke.

der untersuchten Ziegenarten haben. Weiter zeigte sich, dass die über tausend Jahre alten Individuen eine mit anderen Ziegenarten vergleichbare genetische Diversität aufweisen. Bei den jüngeren Proben (320 bis 140 Jahre) hingegen, fanden wir eine bereits erodierte Diversität (Abbildung 1). Diese Tatsache widerspiegelte sich auch in dem Haplotypen-Netzwerk (Abbildung 2). Jede Probe älter als 3300 Jahre BP bildete jeweils einen eigenen Haplotypen. Keiner davon wurde bei den rezenten Alpensteinböcken gefunden. Dies bedeutet, dass diese historischen Haplotypen vermutlich ausgestorben oder sehr selten geworden sind. Weiter wurden zwei historische Individuen Haplotypen zugeordnet, welche auch rezente Individuen beinhalten. Diese Individuen trugen also dieselben mitochondrialen Haplotypen wie die genetischen Vorfahren der heutigen Steinböcke.

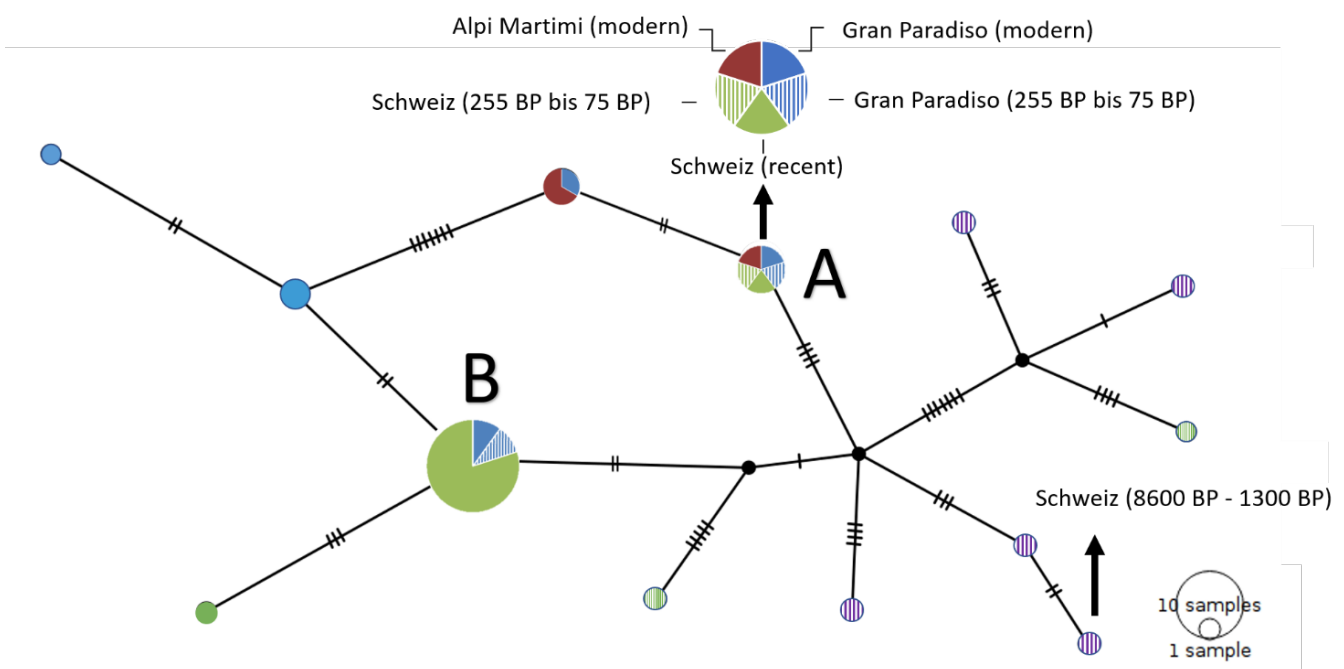


Abbildung 2. Haplotypen-Netzwerk, hergestellt mittels TCS Algorithmus. Haplotypen werden als Kreise dargestellt, wobei die Verbindungslinien die jeweils ähnlichsten Haplotypen miteinander verbinden. Kleine Querstriche repräsentieren die Anzahl Basen, welche die verbundenen Haplotypen voneinander unterscheiden. Als Beispiel wurde hier der diverseste Haplotyp [A] vergrößert. Er enthält rezente Individuen aus den Populationen Alpi Marttime und Gran Paradiso und der Schweiz sowie historische Proben aus dem Gran Paradiso und der Schweiz. Er bildet zusammen mit dem Haplotyp [B], welcher die meisten rezenten Steinböcke miteinbezieht, das Bindeglied zu den historischen Haplotypen, welche heute nicht mehr existieren.

Schlussfolgerung. Die vergleichsweise hohe Nukleotid-Diversität der alten Steinbockproben (8600 PB bis 1300 BP) im Gegensatz zu jüngeren Proben (255 BP bis 75 BP) lässt die Schlussfolgerung zu, dass ursprünglich eine mit anderen *Capra* Arten vergleichbare genetische Diversität vorhanden war. Erst als die intensivierete Bejagung ab dem 15. Jahrhundert zu einem rapiden Rückgang der Alpensteinbockpopulationen führte (Stüwe & Nievergelt, 1991), erodierte wie zu erwarten die genetische Diversität. Wir nehmen deshalb an, dass der Mensch und nicht Umwelteinflüsse zu der Reduktion der genetischen Diversität im Alpensteinbock geführt haben.

In seiner Doktorarbeit wird Mathieu Robin sich weiter der Erforschung historischer Steinbockpopulationen widmen.



Danksagungen. Wir möchte uns an dieser Stelle herzlich für die Unterstützung und das Engagement der folgenden Institutionen bedanken: **Naturerbe Karst und Höhlen Obwalden** (insbesondere Herrn Martin Trüssel), Archäologischer Dienst Graubünden, Naturhistorisches Museum Bern, Naturhistorisches Museum Winterthur, Natur-Museum Luzern, Naturhistorisches Museum Basel, Naturhistorisches Museum Freiburg, Naturmuseum Olten und Zoologisches Museum Zürich. Ohne ihre Unterstützung wäre diese Arbeit nicht möglich gewesen.

Finanziert wurde diese Arbeit durch einen Pilotprojektgrant "Evolution in Action" des URPP (University Research Priority Program) der Universität Zürich.

Literatur

Biebach, I. & Keller, L.F. (2009) A strong genetic footprint of the re-introduction history of Alpine ibex (*Capra ibex ibex*). *Molecular Ecology*, 18, 5046–5058.

Biebach, I. & Keller, L.F. (2010) Inbreeding in reintroduced populations: the effects of early reintroduction history and contemporary processes. *Conservation Genetics*, 11, 527–538.

Grossen, C., Biebach, I., Angelone-Alasaad, S., Keller, L. F., & Croll, D. (2017). Population genomics analyses of European ibex species show lower diversity and higher inbreeding in reintroduced populations. *Evolutionary Applications*, 58, 743.

Stüwe, M., Nievergelt, B., 1991. Recovery of alpine ibex from near extinction: the result of effective protection, captive breeding, and reintroductions. *Appl. Anim. Behav. Sci., Ungulate Behavior and Management* 29, 379–387

Links

- Institut für Evolutionsbiologie und Umweltwissenschaften <http://www.ieu.uzh.ch/de.html>
- Institut für Evolutionsmedizin <http://www.iem.uzh.ch/en.html>

Kontakt: Mathieu Robin, mathieu.robin@uzh.ch