

Gene erzählen die Geschichte vom Steinwild

Autor(en): **Biebach, Iris / Keller, Lukas**

Objektyp: **Article**

Zeitschrift: **Mitteilungen der Naturforschenden Gesellschaft in Bern**

Band (Jahr): **68 (2011)**

PDF erstellt am: **14.08.2024**

Persistenter Link: <https://doi.org/10.5169/seals-324188>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.

Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.

Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

IRIS BIEBACH & LUKAS KELLER¹

Gene erzählen die Geschichte vom Steinwild

Zusammenfassung

Ebenso wie viele andere grosse Säugetiere wurde das Steinwild nahezu ausgerottet. Dank einem erfolgreichen Wiederansiedlungsprojekt kommt es heute wieder beinahe im gesamten Alpenbogen vor. Während den Wiederansiedlungen sind die Populationen aber durch mehrere Flaschenhälse gegangen, das heisst die Populationsgrösse wurde mehrmals reduziert. Probleme, die Flaschenhälse mit sich bringen, sind der Verlust an genetischer Vielfalt und negative Folgen von Inzucht.

In der vorliegenden Arbeit untersuchen wir die genetische Vielfalt und das Ausmass der Inzucht bei Schweizer Steinwildpopulationen sowie den Einfluss verschiedener Parameter der Steinwildgeschichte auf die Genetik.

Es zeigt sich, dass die Aussetzungsgeschichte deutliche Spuren in der Genetik des Steinwildes hinterlassen hat. Schweizer Steinwildpopulationen lassen sich in drei genetische Gruppen einteilen, die auf die drei früh gegründeten Populationen (Mont Pleureur, Piz Albris, Briener Rothorn) zurückgehen, die dann Tiere für viele weitere Ansiedlungen lieferten. Im Allgemeinen ist die genetische Vielfalt gering und die Inzucht hoch. Unterschiede in der genetischen Vielfalt und der Inzucht zwischen den Populationen lassen sich teils durch die Anzahl Tiere in der Gründerpopulation und die Gründerzusammensetzung erklären. Neben den genetischen Markern für die Inzuchtberechnungen wurde auch noch ein wichtiger Genort des Immunsystems untersucht. Je mehr Genvarianten eine Population an dem MHC hat, umso besser kann sie im Allgemeinen Krankheiten überleben. Während Rinder an diesem Genort 68 Varianten besitzen, hat das Steinwild nur deren zwei. Eines der beiden Allele ist das gleiche wie bei der Hausziege. Wahrscheinlich ist das **Ziegen-Gen** vor vielen Jahren durch Kreuzungen zwischen der Hausziege und Steinwild im Gran-Paradiso-Gebiet in das Erbgut gelangt.

Einleitung

Viele grosse Säugetiere sind durch den Menschen in lokalen Gebieten ausgerottet worden. Einige dieser Arten konnten durch Aussetzungen in Gebieten mit ehe-

¹ Universität Zürich, Institut für Evolutionsbiologie und Umweltwissenschaften
Winterthurerstrasse 190, 8057 Zürich, iris.biebach@ieu.uzh.ch, Telefon 044 635 49 72

maligem Vorkommen wieder angesiedelt werden. Auch das Steinwild ist eine solche Tierart, die wieder beinahe im ganzen Alpenbogen anzutreffen ist, nachdem sie Ende des 19. Jahrhunderts nur noch im Gran-Paradiso-Gebiet anzutreffen war.

Solche Wiederansiedlungen bringen es mit sich, dass nur relativ wenige Tiere den Grundstock einer neuen Population bilden. Dies führt zu Flaschenhälsen, starken Reduktionen in der Populationsgrösse, die auch Konsequenzen für die Genetik der Populationen haben. Zum einen geht genetische Vielfalt durch genetische Drift verloren und zum anderen kommt es zu Inzucht, der Verpaarung von verwandten Individuen. Wie genetische Vielfalt durch genetische Drift verloren gehen kann, zeigt die Darstellung der vier Flaschenhälse in der Geschichte der Schweizer Alpensteinböcke (Abb. 1). Zunächst gab es im gesamten Alpenraum eine grosse Steinwildpopulation mit hoher genetischer Vielfalt, die hier als verschiedene Muster grafisch dargestellt ist. Anfang des 19. Jahrhunderts gab es nur noch weniger als 200 Steinböcke im heutigen Gran-Paradiso-Gebiet. Bereits hier sind einige Genkombinationen wie z.B. die gestreiften verloren gegangen. Während der folgenden Flaschenhälse sind weitere Genvarianten verloren gegangen und andere (im Beispiel weisse, schwarze und graue Genkombinationen) kommen in den wiederangesiedelten Populationen durch genetische Drift häufiger vor als in der ursprünglichen Gran-Paradiso-Population. So ist es Zufall, dass vor allem Steinwild mit der schwarzen Gen-Zusammensetzung im Piz-Albris-Gebiet ausgesetzt wurde und in der Folge die Nachkommen auch die schwarzen Genvarianten tragen. Verlust von genetischer Vielfalt kann auf lange Sicht zu Problemen in der Anpassungsfähigkeit an veränderte Umweltbedingungen führen.

Bei der Verpaarung von verwandten Tieren kommt es zu Inzucht. Weshalb solche Verpaarungen häufig schädlich sind, kann man am Beispiel einer Geschwisterverpaarung erkennen (Abb. 2). Von jeder Verpaarung sind jeweils die vier mög-

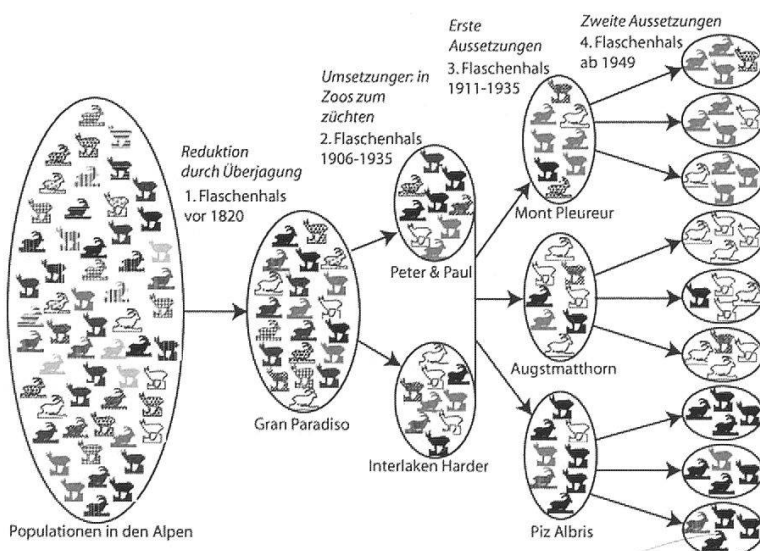


Abbildung 1: Aussetzungsgeschichte des Steinwildes mit schematischer Darstellung, wie genetische Drift wirken kann: Einige Genvarianten (gestreifte) gehen verloren und andere Genvarianten kommen in den neu gegründeten Populationen häufiger vor als in der Ursprungspopulation (schwarze, graue und weisse).

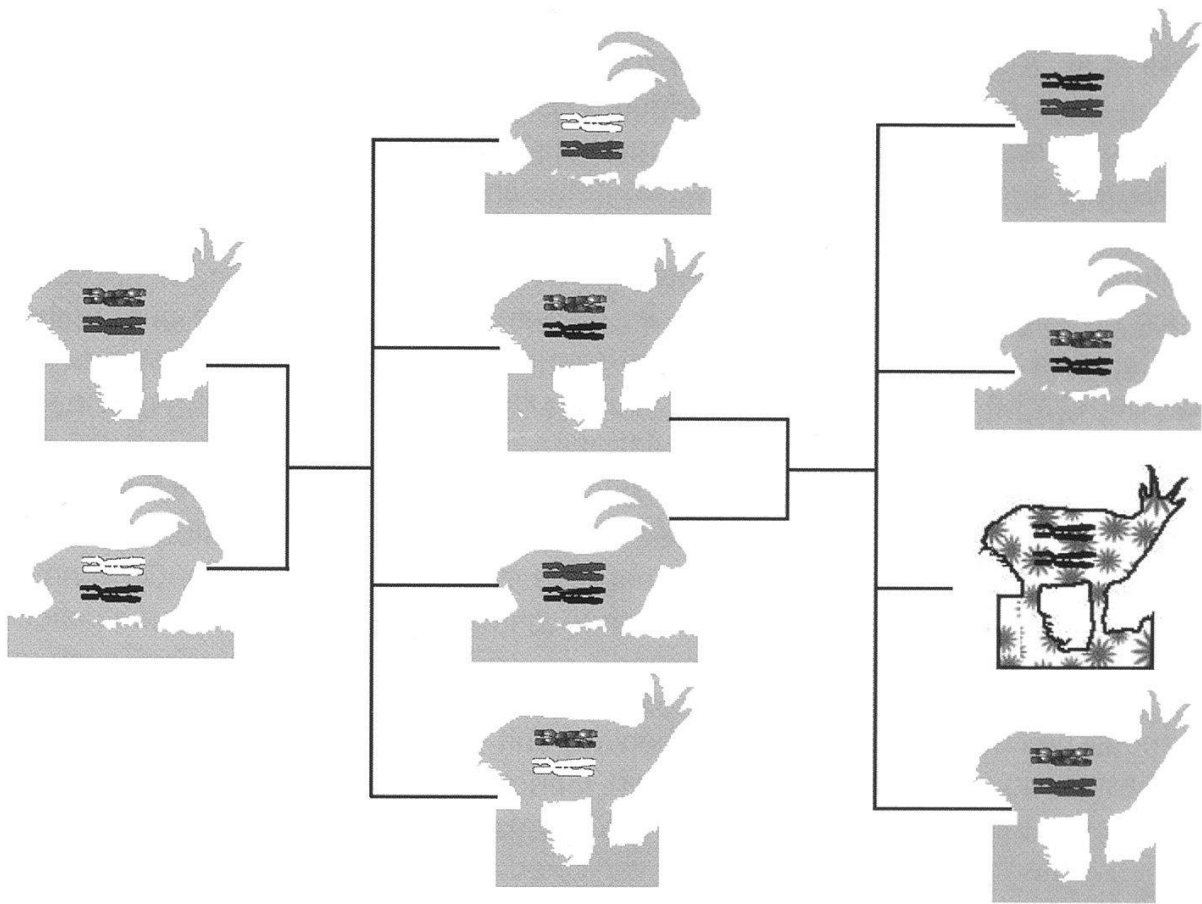


Abbildung 2: Schematische Darstellung, wie es zu schädlichen Folgen der Inzucht kommen kann. Eine schädliche rezessive Mutation, die auf dem schwarzen Chromosom liegt, zeigt sich erst, wenn sie zweimal vorhanden ist, wie bei dem geblühten Tier.

lichen Genkombinationen der Nachkommen dargestellt. Auf jedem Chromosom können schädliche rezessive Gene liegen, die aber meist nicht zum Ausdruck kommen, da das zweite Chromosom von dem anderen Elternteil an dieser Stelle ein intaktes Gen hat und so den Schaden kompensieren kann. Wenn wir annehmen, dass auf dem schwarzen Chromosom eine schädliche Mutation vorkommt und dass diese an zwei der vier Nachkommen vererbt wurde (Abb. 2), dann können die Nachkommen einer Geschwisterverpaarung zweimal das schwarze Chromosom vom gleichen Grossvater erhalten. Die Mutation kommt dann zum Vorschein, weil das Tier kein gesundes Chromosom (weiss, grau oder gemustert) zum Ausgleich hat. Inzucht tritt nicht nur bei Geschwisterverpaarungen auf, sondern auch bei Verpaarungen von weiter entfernt verwandten Individuen. Hinzu kommt, dass sich Inzucht über mehrere Generationen anhäuft. Zum Beispiel ergeben sechs wiederholte Halbgeschwisterverpaarungen den gleichen Inzuchtgrad wie eine Generation der Selbstbefruchtung.

Bei einigen Tierarten, wie z.B. Primaten und Mäusen, weiss man, dass sie Inzucht vermeiden, indem sie sich nicht mit nah verwandten Individuen paaren. Eine sol-

che Inzuchtvermeidung ist jedoch bei Huftieren nicht beobachtet worden (Marshall et al. 2002). Die Schäden der Inzucht sind bei Nutztieren und Nutzpflanzen schon lange bekannt. Auch bei Wildtieren konnten Schäden der Inzucht nachgewiesen werden sowohl bei Populationen im Zoo (z.B. Ralls, Brugger and Ballou 1979) wie auch in freier Wildbahn (z.B. Keller and Waller 2002).

Die mehrmaligen Flaschenhälse, welche die meisten Steinwildpopulationen während der Aussetzungsgeschichte erfahren haben, deuten darauf hin, dass auch das Steinwild von genetischen Problemen wie dem Verlust an genetischer Vielfalt und erhöhter Inzucht betroffen sein könnte. Wir haben untersucht, wie viel genetische Vielfalt noch in Steinwildpopulationen vorhanden ist, wie die genetische Struktur der Steinwildpopulationen ist und wie hoch die Inzucht ist. Weiter haben wir analysiert, welche Faktoren der Steinwildgeschichte die beiden genetischen Parameter, genetische Vielfalt und Inzucht, beeinflussen.

Methoden

Genetische Vielfalt und Inzucht haben wir mit neutralen genetischen Markern gemessen, so genannten Mikrosatelliten. Genorte haben in der Regel verschiedene Genvarianten wie z.B. verschiedene Blütenfarben. Im Gegensatz zu verschiedenen Blütenfarben beeinflussen die verschiedenen Genvarianten von neutralen Genorten nicht den Zustand des Tieres, da die Genorte nicht abgelesen werden. Ein Tier mit einer bestimmten Genvariante hat also die gleichen Überlebenschancen und die gleiche Wahrscheinlichkeit Nachkommen zu produzieren, wie ein Tier mit einer anderen Genvariante. Bei Genorten, die abgelesen werden kann dies anders sein, z.B. wenn Insekten die roten Blüten einer Pflanze bevorzugen, hat die Pflanze mit roten Blüten mehr Nachkommen als Pflanzen mit einer anderen Blütenfarbe.

Wir haben also 37 Genorte im Erbgut von 1262 Steinböcken aus 41 Schweizer Steinwildpopulationen und der ursprünglichen Population im Gran Paradiso betrachtet. Das Erbgut wurde meist aus Gewebe von erlegten Tieren aber auch von Fallwild, aus Blut von betäubten Tieren oder mit Hilfe von Biopsiepfeilen gewonnen.

Die Kombinationen der verschiedenen Genvarianten an den 37 Genorten (Mikrosatelliten) ergeben von jedem einzelnen Tier einen genetischen Fingerabdruck. Je höher die Anzahl der Genvarianten ist, umso höher ist die genetische Vielfalt in einer Population. Anhand der Anzahl der Genvarianten und der Häufigkeit, mit der die Genvarianten in den Populationen auftreten, kann man das Schweizer Steinwild in genetische Gruppen einteilen und berechnen, wie eng sie genetisch miteinander verwandt sind. Mit den genetischen Fingerabdrücken konnten wir auch die Inzucht berechnen. Die Schätzung von Inzucht ist immer relativ zu einer Ursprungspopulation, die per Definition keine Inzucht hat. In unserem Fall haben wir die Inzucht pro Population berechnet, die sich seit der Wiederansiedlung des Steinwildes in den Schweizer Steinwildpopulationen angesammelt hat.

Ergebnisse und Diskussion

Die untersuchten Populationen lassen sich in drei genetische Gruppen einteilen, die in *Abbildung 3* mit unterschiedlichen Grautönen dargestellt sind. Jedes Tier wurde aufgrund der Genetik mit einer bestimmten Wahrscheinlichkeit in die drei Gruppen eingeteilt. Alle analysierten Tiere aus einer Population wurden zusammengefasst und in den Tortendiagrammen dargestellt. In Graubünden haben die Kolonien vorwiegend die genetische Zusammensetzung der schwarzen Gruppe, im Berner Gebiet und nördlich der Rhone die der weissen Gruppe und südlich der Rhone die der hellgrauen Gruppe. Man erkennt, dass die Aussetzungsgeschichte durch genetische Drift deutliche Spuren hinterlassen hat. Die drei genetischen Gruppen (schwarz, weiss und hellgrau) in der Schweiz, lassen sich durch die drei frühen Populationen (Piz Albris, Briener Rothorn, Mont Pleureur) erklären, die dann als Quellen für weitere Aussetzungen gedient haben. So gehören alle Kolonien, die vom Piz Albris abstammen, genauso wie die Piz-Albris-Population selbst zu der schwarzen genetischen Gruppe. Ebenso ist es mit Kolonien, die von Steinwild aus dem Mont-Pleureur- oder Briener-Rothorn-Gebiet abstammen. Kolonien,

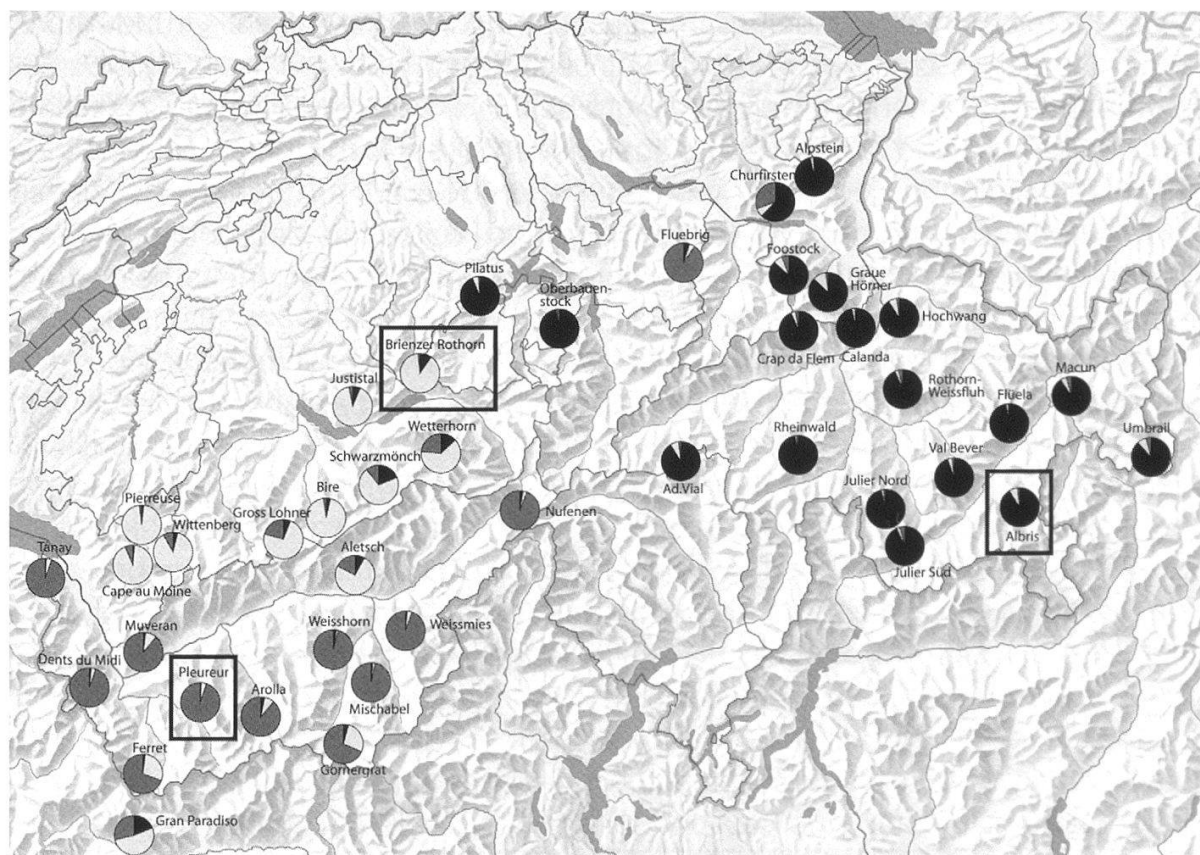


Abbildung 3: Genetische Struktur von 42 Steinwildpopulationen. Die Segmente zeigen den Anteil der Populationen, der zu einer von drei genetischen Gruppen zugeordnet wurde. Die umrandeten Populationen sind die drei Kolonien, die vor allem Steinwild für Aussetzungen geliefert haben. Die Karte im Hintergrund ist aus Atlas der Schweiz (2004).

die von mehreren Ursprungspopulationen gegründet wurden oder sich später mit anderen Kolonien unterschiedlicher Herkunft verbunden haben, zeigen dies auch in der genetischen Struktur.

Die genetische Vielfalt bei den Steinwildpopulationen ist sehr gering mit durchschnittlich nur 2.7 Genvarianten pro Genort. Hausziegen haben zum Vergleich eine mehr als viermal höhere genetische Vielfalt (Canon et al. 2006). Die genetische Vielfalt unterscheidet sich jedoch bis zu 33% zwischen den Schweizer Steinwildpopulationen (Biebach and Keller 2009). Interessant ist, dass alle Schweizer Populationen zusammengenommen die gleiche genetische Vielfalt aufweisen, wie die ursprüngliche Gran-Paradiso-Population. Während der Aussetzungsgeschichte wurde also die meiste genetische Vielfalt in die Schweiz gebracht, dort aber in verschiedene Populationen aufgespaltet. Verschiedene Faktoren in der Steinwildgeschichte können die genetische Vielfalt der einzelnen Populationen beeinflusst haben. Man erwartet höhere genetische Vielfalt, wenn bei der Gründung einer Population mehr Tiere ausgesetzt werden. Ebenso erwartet man eine höhere genetische Vielfalt, wenn sich die Gründergruppe mit Tieren aus verschiedenen Populationen zusammensetzt, als wenn die Tiere von nur einer Population stammen. Die Aussetzungsgeschichte des Schweizer Steinwildes ist sehr gut dokumentiert, und daher konnten wir den Einfluss der Gründergeschichte testen. Beide Faktoren, die Gründerzusammensetzung und die Anzahl Gründertiere, haben die genetische Vielfalt signifikant beeinflusst, jedoch hat die Gründerzusammensetzung einen fast doppelt so grossen Effekt als die Anzahl Gründertiere (Abb. 4, Biebach and Keller 2009). Populationen, die also mit Tieren aus verschiedenen Populationen gegründet wurden, haben eine höhere genetische Vielfalt als Populationen, die nur mit Tieren aus einer Population gegründet wurden. Ebenso zeigen die Schweizer Steinwildpopulationen höhere genetische Vielfalt, je mehr Tiere bei der Gründung verwendet wurden.

Die durchschnittliche Inzucht vom Schweizer Steinwild ist in etwa so hoch wie die Inzucht von Nachkommen einer Halbgeschwisterverpaarung. Die Inzucht ist

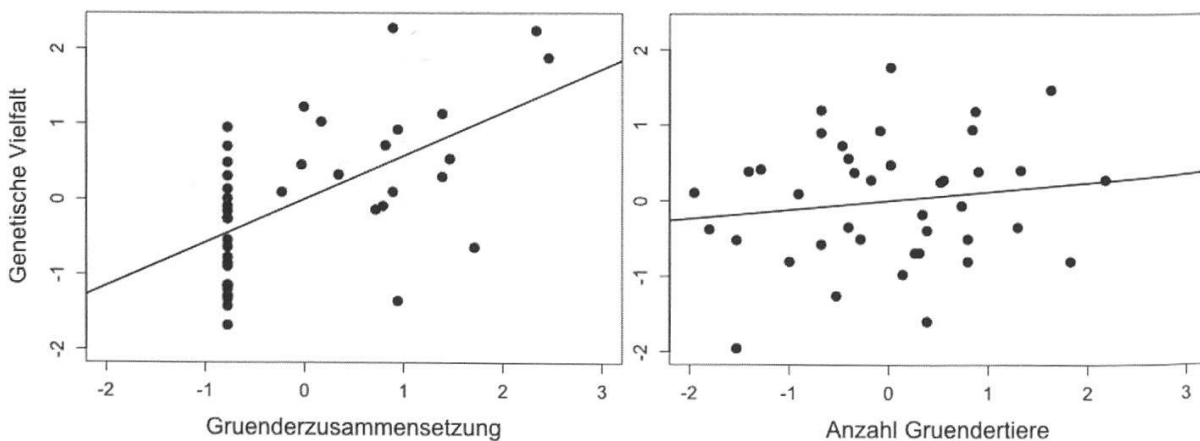


Abbildung 4: Einfluss der Gründerzusammensetzung und der Anzahl Gründertiere auf die genetische Vielfalt der Schweizer Steinwildpopulationen. Alle Parameter sind skaliert dargestellt.

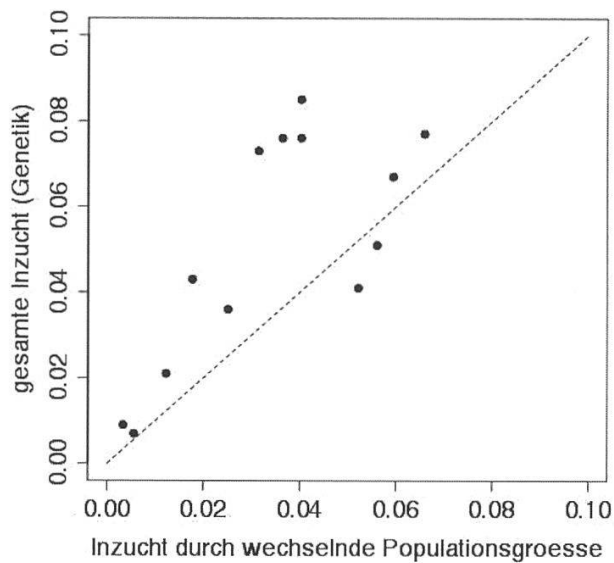


Abbildung 5: Vergleich der gesamten Inzucht mit der Inzucht, die sich durch wechselnde Populationsgrössen angesammelt hat. Die gestrichelte Linie zeigt das 1:1-Verhältnis der beiden Inzuchtberechnungen.

ebenso wie die genetische Vielfalt durch die Anzahl Tiere in der Gründergruppe und die Gründerzusammensetzung beeinflusst. Neben anderen Faktoren sammelt sich auch mehr Inzucht an, wenn eine Population in ihrer Grösse schwankt. Wir haben gute Übereinstimmung mit dieser Erwartung gefunden (Abb. 5, Biebach and Keller 2010). Populationen, die seit ihrer Gründung grössere Populationschwankungen erfahren haben, weisen einen höheren Inzuchtgrad auf. In der Regel ist jedoch die aus der Genetik geschätzte Inzucht höher als die Inzucht, die aufgrund der fluktuierenden Populationsgrösse erwartet wird (Punkte, die in Abb. 5 über der gestrichelten Linie liegen). Andere Faktoren, wie z.B. ungleicher Reproduktionserfolg bei Böcken und Geissen und ungleiches Geschlechterverhältnis, tragen auch zu erhöhter Inzucht bei und können für den Unterschied in den Inzuchtberechnungen (Abb. 5) verantwortlich sein.

Im Rahmen der Diplomarbeit von Christine Grossen wurde der MHC, ein wichtiger Genkomplex des Immunsystems, untersucht. Im Gegensatz zu den Mikrosatelliten gehört dieser Abschnitt des Erbguts zu mehreren Genen, die in Eiweisse übersetzt werden. Die Eiweisse des MHC erkennen Krankheitserreger nach dem Schlüssel-Schloss-Prinzip und leiten eine spezifische Immunabwehr ein. Je mehr verschiedene Genvarianten in einer Population vorhanden sind, desto mehr verschiedene Eiweisse werden gebildet und desto mehr unterschiedliche Krankheitserreger kann die Population erkennen. Beim Steinwild wurde der Genabschnitt untersucht, der bei den Säugetieren am meisten Genvarianten aufweist. Beim Steinwild wurden nur zwei Genvarianten gefunden, obwohl nächste verwandte Arten viel mehr Genvarianten haben, wie z.B. das Rind über 60 Stück (Davies et al. 1997; Russell et al. 1997). Diese geringe Vielfalt kann durch die wiederholten Flaschenhälse des Steinwildes erklärt werden.

Weitere Auswertungen zeigten, dass eine der beiden Genvarianten des Steinwildes genau die gleiche ist wie bei der Hausziege. Die Häufigkeit der Ziegenvariante reicht von 0% in den Walliser und den meisten Berner Kolonien bis zu 39%

im Cape-Au-Moine Gebiet. Die Häufigkeitsverteilung der Genvariante lässt vermuten, dass ein Tier mit der Ziegenvariante aus dem Gran Paradiso in die Schweizer Zoos gelangt ist, und von dort sind Nachkommen in die Piz-Albris-Population ausgesetzt worden. Denn alle Populationen, die Tiere vom Piz-Albris Gebiet erhalten haben, zeigen eine relativ hohe Häufigkeit der Ziegenvariante. Nachdem die Ziegenvariante auch im Gran Paradiso zu finden ist, kam es vermutlich irgendwann in der Steinwildgeschichte vor dem illegalen Steinwildhandel in der Schweiz zu erfolgreichen Kreuzungen zwischen Hausziegen und Steinwild. Nachkommen dieser Hausziege-Steinwild-Verpaarung haben überlebt und so das Ziegenerbgut in das Steinwild gebracht. Ob man auch an anderen Genorten Ziegenvarianten im Steinwilderbgut findet und ob die Ziegenvariante die Fitness des Steinwildes beeinflusst, ist Gegenstand momentaner Untersuchungen.

Ausblick

Die beschriebenen Untersuchungen beim Steinwild helfen bei der Planung von zukünftigen Umsetzungen und Aussetzungen von Steinwild wie auch von anderen Tierarten. Bei einer Aufstockung von Steinwildpopulationen weiss man z.B. nun genau, aus welchen Populationen man vorzugsweise Tiere nehmen sollte, damit sich die genetische Vielfalt erhöht und die Inzucht reduziert wird. Für Umsetzungen von Tierarten, die wie das Steinwild Flaschenhalse erfahren haben, gilt, dass es besser ist, Tiere aus verschiedenen Populationen zu nehmen, als von nur einer Population. Dies gilt auch, wenn alle vorhandenen Populationen auf nur eine Population zurückgehen, wie das beim Steinwild der Fall ist.

Danksagung

Wir möchten uns bei den Jagdinspektoraten der Kantone Appenell-Innerrhoden, Bern, Glarus, Graubünden, Luzern, Nidwalden, Obwalden, Schwyz, St. Gallen, Tessin, Uri, Waadt und Wallis für die wertvolle Unterstützung bedanken. Diese Studie wäre ohne die Hilfe von zahlreichen Wildhütern, die Proben gesammelt und bei der Biopsieprobenahme geholfen haben, nicht durchführbar gewesen. Zudem danken wir Achaz von Hardenberg und Bruno Bassano für die Bereitstellung von Steinwildproben aus dem Gran-Paradiso-Nationalpark. Dieses Projekt wurde durch das BAFU (Bundesamt für Umwelt) und den Forschungskredit der Universität Zürich finanziert.

Referenzen

ATLAS OF SWITZERLAND. 2004. «Atlas der Schweiz/Atlas de la Suisse/Atlante della Svizzera/Atlas of Switzerland 2.» Pp. DVD / 2 CD-ROM. Wabern: Bundesamt für Landestopografie.

- BIEBACH, I., AND L. F. KELLER. 2009. «A strong genetic footprint of the re-introduction history of Alpine ibex (*Capra ibex ibex*).» *Molecular Ecology* 18 (18): 5046–5058.
- BIEBACH, IRIS, AND LUKAS F. KELLER. 2010. «Inbreeding in reintroduced populations: the effects of early reintroduction history and contemporary processes.» *Conservation Genetics* 11 (2, Sp. Iss. SI): 527–538.
- CANON, J., D. GARCIA, M. A. GARCIA-ATANCE, G. OBEXER-RUFF, J. A. LENSTRA, P. AJMONE-MARSAN, AND S. DUNNER. 2006. «Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East.» *Animal Genetics* 37 (4): 327–334.
- DAVIES, C. J., L. ANDERSSON, S. A. ELLIS, E. J. HENSEN, H. A. LEWIN, S. MIKKO, N. E. MUGGLI-COCKETT, J. J. VANDER-POEL, AND G. C. RUSSELL. 1997. «Nomenclature for factors of the BoLA system, 1996: Report of the ISAG BoLA Nomenclature Committee.» *Animal Genetics* 28 (3): 159–168.
- KELLER, L. F., AND D. M. WALLER. 2002. «Inbreeding effects in wild populations.» *Trends in Ecology & Evolution* 17 (5): 230–241.
- MARSHALL, T. C., D. W. COLTMAN, J. M. PEMBERTON, J. SLATE, J. A. SPALTON, F. E. GUINNESS, J. A. SMITH, J. G. PILKINGTON, AND T. H. CLUTTON-BROCK. 2002. «Estimating the prevalence of inbreeding from incomplete pedigrees.» *Proceedings of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences* 269 (1500): 1533–1539.
- RALLS, K., K. BRUGGER, AND J. BALLOU. 1979. «Inbreeding and juvenile mortality in small populations of ungulates.» *Science* 206 (4422): 1101–1103.
- RUSSELL, G. C., C. J. DAVIES, L. ANDERSSON, S. A. ELLIS, E. J. HENSEN, H. A. LEWIN, S. MIKKO, N. E. MUGGLI-COCKETT, AND J. J. VANDERPOEL. 1997. «BoLA class II nucleotide sequences, 1996: Report of the ISAG BoLA Nomenclature Committee.» *Animal Genetics* 28 (3): 169–180.

