

Genetisch Analyse des in Landquart überfahrenen jungen Luchsweibchens

Christine Breitenmoser-Würsten, KORA



Im Dezember 2008 ist bei Landquart ein junges Weibchen mit Jahrgang 2008 überfahren worden. Die genetischen Analysen haben ergeben, dass es sich um ein aus der Lunopopulation stammendes Tier handelt. Die Mutter ist das 2007 aus den Nordwestalpen umgesiedelte Weibchen Noia. Der Vater ist mit hoher Wahrscheinlichkeit das 2005 im Tössstock geborene und seither immer wieder nachgewiesene Männchen B112.

Methode

Für die genetische Analyse und individuelle Identifizierung der Probe haben wir ein Panel von 20 Mikrosatelliten verwendet. Aus der Gewebeprobe haben wir dem Extraktionskit Roche Diagnostics die DNA isoliert und mittels PCR-Amplifikation und Elektrophorese analysiert. Die ausgewählten Marker garantieren uns, den grösstmöglichen Polymorphismus nachzuweisen. Die Analysen wurden in Zusammenarbeit mit Dr. Gabriela Obexer-Ruff am Institut für Genetik, VetSuisse Fakultät der Universität Bern durchgeführt.

Resultat

1) Herkunft

Die Resultate des jungen Weibchens haben wir einerseits mit allen bisher analysierten Alpen- und Juraluchsen und andererseits mit allen in die Ostschweiz umgesiedelten Tiere und den dort geborenen und markierten Jungen verglichen. Das junge Weibchen von Landquart stammt von einem Elternpaar, das sowohl Allele aus dem Jura als auch aus den Alpen aufweist. Es liegt daher nahe, dass das Tier in der Lunopopulation geboren wurde. Die Allele aus dem Jura können nur von Turo oder einem seiner Nachkommen stammen, da Wero 2008 zu spät in die Ostschweiz kam.

Zur Visualisierung der Herkunft des kleinen Luchses führten wir eine Hauptkomponentenanalyse durch, die auf den Allelfrequenzen der Mikrosatelliten beruht. Dazu benutzten wir das Programm GENETIX (BELKHIR et al. 1996-2004). Abbildung 1 zeigt die Lunoluchse nach ihrer Herkunft. Die aus den Alpen umgesiedelten Luchse sind weiss dargestellt, die Jungen mit Alpeneltern gelb (Nachkommen der Paarungen Baya x Odin, Nura x B88), aus dem Jura umgesiedelte Tiere sind grau. „Gemischte“ Junge, d.h. Alpen x Jura, haben blaue Symbole. Es sind dies der im Schweizerischen Nationalpark gefangene und nach Italien abgewanderte B132 (Turo x Nema) und nun eben der Luchs aus Landquart. Die Lunoluchse bilden bisher kein eindeutiges Cluster, da es erst wenige „gemischte“ Junge gibt und sich die umgesiedelten Tiere nicht von ihrer Herkunftspopulation unterscheiden.

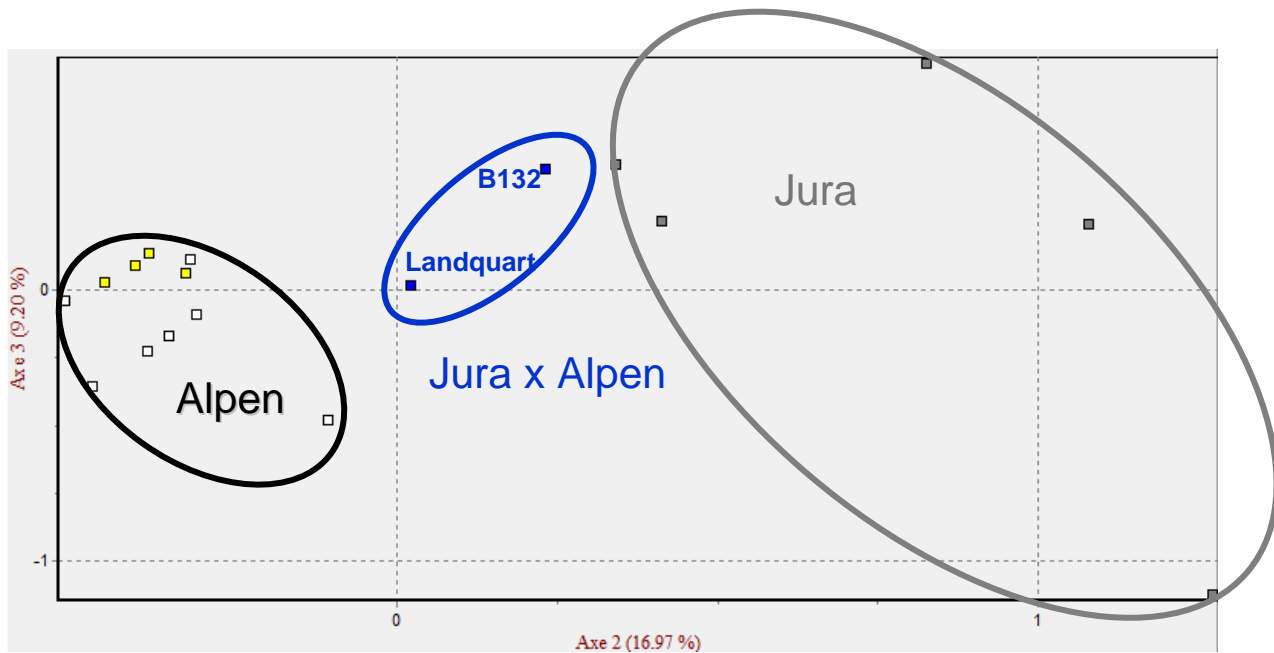


Abb. 1. Hauptkomponenten-Analyse basierend auf den Allelfrequenzen von 20 Mikrosatelliten.

2) Verwandtschaft

Da die aus den Alpen umgesiedelten Luchse relativ nahe verwandt sind, ist die Interpretation der Analyse der Verwandtschaft innerhalb der Lunoluchse schwierig. Wir haben den Verwandtschaftskoeffizient r von Wang (2002) mit dem Program SpaGeDi (Hardy & Vekemans 2002) berechnet. Die Berechnungen sind im Appendix I zusammengefasst. Die junge Luchsin ist verwandt mit Baya und Odin, deren Nachkommen, Nema und ihr Junges B132. Ein Elternteil stammt daher mit grosser Wahrscheinlichkeit aus dieser Linie. In Appendix I ist auch die enge Verwandtschaft der aus den Nordwestalpen umgesiedelten Tiere deutlich sichtbar.

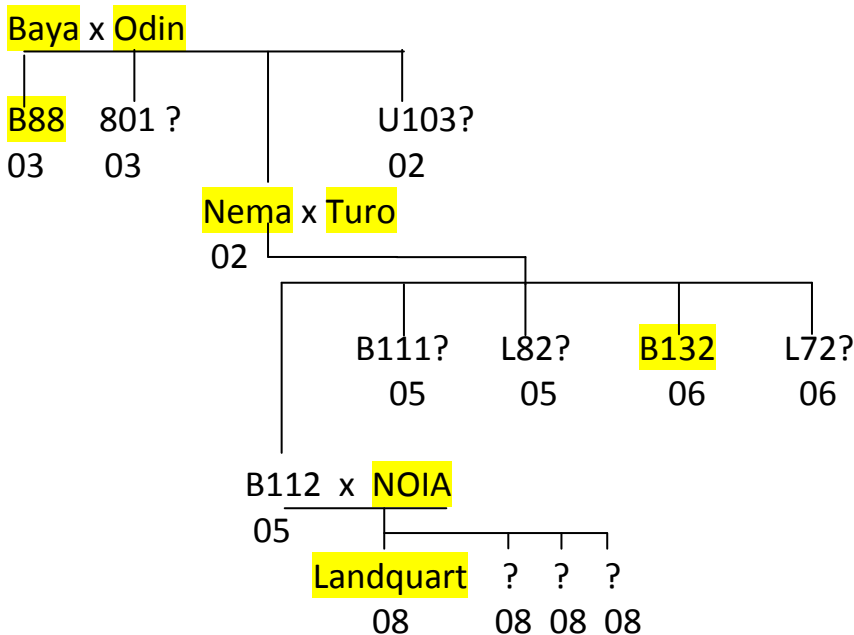
3) Abstammung

Für die Abklärung, ob ein oder beide Eltern sich unter den bekannten Lunoluchsen befindet, haben wir eine Abstammungskontrolle durchgeführt. Dazu haben wir das Program CERVUS (© Copyright Tristan Marshall 1998-2007) benutzt. Einzig Noia weist einen positiven Lod score auf, d.h. dass sie für eine Elternschaft als einziges Tier in Frage kommt.

O loci typed	Candidate parent ID	O-CP loci mismatching	LOD	Delta	Confidence
22	NOIA	1	5.6083	5.6083	*
22	B132	3	-0.8814	0.0000	
22	ODIN	3	-3.8971	0.0000	
22	BAYA	4	-4.2084	0.0000	
22	WERO	7	-4.7363	0.0000	
22	802	4	-5.7107	0.0000	
22	NURA	5	-6.1015	0.0000	
22	NEMA	6	-6.1541	0.0000	
22	801	5	-6.8662	0.0000	
22	AURA	5	-7.4893	0.0000	
22	Betlis	4	-7.8351	0.0000	
22	ROCO	4	-8.0700	0.0000	
22	ALMA	10	-8.6447	0.0000	
22	VINO	6	-9.1616	0.0000	
22	TURO	8	-9.5136	0.0000	
22	AYLA	8	-10.7515	0.0000	
22	AIKA	9	-12.4421	0.0000	

Interpretation

Aufgrund der genetischen Analysen könnte die Abstammung des jungen Weibchens also wie folgt aussehen (mit ? versehene Tiere konnten seit längerer Zeit nicht mehr nachgewiesen werden; die Zahlen unter dem Luchs ist das Geburtsjahr; gelb hinterlegt sind die Luchse, die genetisch identifiziert sind):



Aufgrund der Abstammungskontrolle und der Verwandtschaftsanalyse wird Noia als Mutter identifiziert und als Vater kommt ein Tier aus dem 3er-Wurf von Nema von 2005 in Frage. Da von den drei Tieren in letzter Zeit nur noch B112 nachgewiesen werden konnte, ist er der wahrscheinliche Vater.

4) Beobachtungen aus dem Feld

Im Frühjahr 2008 konnten wir die Wurfhöhle von Noia finden, die sich darin befindlichen Jungen aber nicht erreichen, da der Eingang zu eng war. Im August 2008 wurde Noia mit vier Jungen im Toggenburg beobachtet. Im Fotofallen-Intensivdurchgang 2009 wurde Noia im März mehrmals fotografiert und führte noch maximal zwei Junge. In ihrem Wohngebiet hielt sich während des Intensivdurchgangs ebenfalls B112 auf, er wurde mehrmals fotografiert, auch in der gleichen Fotofalle wie Noia. Diese Beobachtungen unterstützen die Interpretation der genetischen Analysen. Die zurückgelegte Strecke vom Gebiet von Noia bis nach Landquart beträgt ca. 46 km. Das ist eine bemerkenswerte, aber offenbar nicht unmögliche Distanz für ein Jungtier in diesem Alter.

Literatur

Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N. & Bonhomme F. 1996-2004. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France).

Wang, J. 2002. An estimator for pairwise relatedness using molecular markers. *Genetics* 160, 1203-1215.

Hardy O. J. & Vekemans X. 2002. SPAGeDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes* 2, 618-620.

