

PILOTSTUDIE FÜR EIN MONITORING DER GENETISCHEN VIELFALT IN DER SCHWEIZ

MARTIN C. FISCHER¹
KATHRIN RUPRECHT¹
FELIX GUGERLI²
ROLF HOLDEREGGER²
ALEX WIDMER¹

Die Biodiversität (Vielfalt des Lebens) besteht aus drei Komponenten: der Vielfalt von Arten und Ökosystemen, der genetischen Vielfalt sowie den Interaktionen zwischen diesen Komponenten. Die Vielfalt von Arten und Ökosystemen wird in der Schweiz seit mehreren Jahren mit verschiedenen Monitoring-Programmen untersucht (z. B. Biodiversitätsmonitoring Schweiz, Wirkungskontrolle Biotopschutz Schweiz). Demgegenüber fehlt ein Monitoring der genetischen Vielfalt bis heute in der Schweiz. Die Strategie Biodiversität Schweiz (BAFU 2012) misst der Erhaltung der genetischen Vielfalt eine grosse Bedeutung bei und erwähnt sie in drei ihrer zehn strategischen Ziele für das Jahr 2020 (Ziele 1, 4, 10). Auch im Aktionsplan Strategie Biodiversität Schweiz (BAFU 2017) ist die Vermeidung

der genetischen Verarmung ein zentrales Anliegen. Dies mit gutem Grund: Die genetische Vielfalt ist die grundlegende Ebene der Biodiversität, da sie das Rohmaterial für die Evolution und somit die Basis darstellt für die Weiterentwicklung und Anpassung von Arten und Populationen. Somit ist die genetische Vielfalt eine Voraussetzung dafür, dass sich Organismen auch an eine Umwelt im Wandel anpassen und langfristig überleben können. In der Schweiz nimmt die Biodiversität seit 1900 deutlich ab, doch bis heute wurden zeitliche Veränderungen der genetischen Vielfalt nicht ausführlich untersucht.

Im Moment haben wir in der Schweiz – und auch weltweit – keine wissenschaftlich fundierten Referenzwerte über das aktuelle Ausmass der Veränderung der genetischen Diversität innerhalb von Arten über die Zeit. Im Rahmen einer Machbarkeitsstudie im Auftrag des BAFU wurde an der ETH Zürich und der WSL Birmensdorf abgeklärt, wie ein Monitoring der genetischen

Vielfalt in der Schweiz durchgeführt werden könnte und welche Kosten es verursachen würde. Im Rahmen dieser Studie wurde auch ein internationaler Experten-Workshop durchgeführt mit dem Ziel, das aktuelle Wissen zu diesem Thema breit abgestützt zu sammeln. Im Weiteren wurden auch die Erwartungen von verschiedenen Interessenvertreter*innen in der Schweiz anhand einer Umfrage abgeklärt.

Ein Monitoring der genetischen Vielfalt, als Grundlage für die Planung von Naturschutzmassnahmen, umfasst die Erhebung des Ausmasses an genetischer Vielfalt innerhalb von Arten und Populationen sowie deren Veränderung über die Zeit. In einem Monitoring der genetischen Vielfalt werden nicht nur die Veränderung der genetischen Vielfalt über die Zeit per se untersucht, sondern auch abgeleitete Indikatoren. Letztere ermöglichen es, Rückschlüsse zu ziehen bezüglich der zugrundeliegenden Ursachen, z.B. erhöhter Genfluss durch Vernetzung, oder der Kon-

ÉTUDE PILOTE SUR LE MONITORING DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE EN SUISSE

MARTIN C. FISCHER¹
KATHRIN RUPRECHT¹
FELIX GUGERLI²
ROLF HOLDEREGGER²
ALEX WIDMER¹

La biodiversité (=la diversité des organismes vivants) se compose de trois éléments: la diversité des espèces et des écosystèmes, la diversité génétique et les interactions entre ces éléments. En Suisse, la diversité des espèces et des écosystèmes est étudiée depuis plusieurs années dans le cadre de différents programmes de suivi, comme le Monitoring de la biodiversité en Suisse et le Suivi des effets de la protection des biotopes en Suisse, ce qui n'est pas le cas de la diversité génétique. La Stratégie Biodiversité Suisse (OFEV 2012) accorde une grande importance au maintien de la diversité génétique, qu'elle mentionne dans trois de ses dix objectifs stratégiques pour 2020 (objectifs 1, 4 et 10). De même, éviter l'appauvrissement génétique est également au cœur du plan d'ac-

tion ad hoc (OFEV 2017). Et pour cause: la diversité génétique est le fondement même de la biodiversité, la base de l'évolution et, partant, du développement et de l'adaptation des espèces et des populations. Elle est donc indispensable à l'adaptation des organismes à des conditions environnementales en mutation et à la survie de ces derniers à long terme. En Suisse, la biodiversité accuse un net recul depuis 1900. Pourtant, la diversité génétique et son évolution n'ont encore jamais été analysées en détail.

Pour l'heure, il n'existe en Suisse ou à l'international aucune valeur de référence scientifiquement fondée relative à l'ampleur actuelle des modifications de la diversité génétique intraspécifique dans le temps. L'École polytechnique fédérale de Zurich et l'Institut fédéral de recherches sur la forêt, la neige et le paysage ont expliqué, dans le cadre d'une étude de faisabilité commandée par l'Office fédéral de l'environnement (OFEV), comment réaliser

un suivi de la diversité génétique en Suisse et à quel prix. Ils ont également organisé un atelier réunissant des experts internationaux afin de rassembler le plus de connaissances possible en la matière. Par ailleurs, ils ont clarifié les attentes des représentants de différents groupes d'intérêts de Suisse au moyen d'une enquête.

Pour jeter les bases de la planification de mesures de protection de la nature, le monitoring de la diversité génétique doit relever l'ampleur de cette dernière au sein des espèces et des populations et suivre son évolution dans le temps. Outre les modifications à long terme de la diversité génétique elle-même, il doit aussi inclure d'autres indicateurs dérivés. Ceux-ci permettent de tirer des conclusions sur les causes sous-jacentes, par exemple l'accroissement du flux génétique grâce à la mise en réseau, ou sur les conséquences des changements dans la diversité génétique, comme la consanguinité ou la réduction de la capacité d'adaptation. De

sequenzen von Veränderungen der genetischen Vielfalt (z.B. Inzucht oder Reduktion der Anpassungsfähigkeit). Im Weiteren kann anhand von Veränderungen der genetischen Vielfalt die Wirksamkeit von biodiversitätsfördernden Massnahmen, wie zum Beispiel die Umsetzung der ökologischen Infrastruktur, überprüft werden.

Ziel der Pilotstudie ist es, Referenzwerte für die heutige genetische Vielfalt von ausgewählten Arten mit unterschiedlichen biologischen und methodischen Anforder-

ungen zu erarbeiten und Veränderungen der genetischen Vielfalt im Verlauf des vergangenen Jahrhunderts für zwei dieser Arten zu dokumentieren. Dazu werden Proben aus Museen und anderen wissenschaftlichen Sammlungen wie Herbarien untersucht. Mit diesen Daten wird getestet ob es Hinweise darauf gibt, dass anthropogene Einflüsse, wie zum Beispiel der Schwund von Lebensräumen als Folge erhöhter Landnutzung, einen messbaren Einfluss auf den Umfang der genetischen Vielfalt in den untersuchten Arten haben.

In dieser Pilotstudie geht es aber auch darum, Erfahrungen zu sammeln und standardisierte Vorgehensweisen zu etablieren für das Probensammeln, die Laborarbeiten und die Analyse von umfangreichen Datenmengen, denn bei allen untersuchten Individuen wird das gesamte Genom analysiert. Zusätzlich sollen während der Pilotstudie wichtige Kontakte mit Interessensvertretern, wie zum Beispiel kantonalen Behörden, Verwaltungen, wissenschaftlichen Sammlungen und Umweltbüros, aufgebaut werden. Damit soll sichergestellt

Abb.: Fünf Arten wurden in der Pilotstudie für ein Monitoring der genetischen Diversität ausgewählt. Von oben links bis unter rechts: Kartäuser-Nelke, Kreuzkröte, Baldrian-Schneckenfalter, Scheiden-Wollgras, Goldammer (Fotos: Alessia Guggisberg, Andreas Meyer, Alessia Guggisberg, Alessia Guggisberg, Martin C. Fischer).



L'étude pilote sur le monitoring de la diversité génétique porte sur cinq espèces : l'œillet des chartreux, le crapaud calamite, la Mélitée noirâtre, la Linaigrette vaginée et le bruant jaune (de gauche à droite) [photos: Alessia Guggisberg, Andreas Meyer, Alessia Guggisberg, Alessia Guggisberg, Martin C. Fischer].

plus, l'évolution de la diversité génétique permet d'évaluer l'efficacité des mesures de conservation de la biodiversité telles que la mise en œuvre de l'infrastructure écologique.

L'étude pilote vise à définir des valeurs de référence applicables à la diversité génétique actuelle d'une sélection d'espèces aux exigences biologiques et méthodologiques différentes et à documenter l'évolution de la diversité génétique de deux de ces espèces au cours du siècle passé. À cette fin, des échantillons provenant de

musées et d'autres collections scientifiques, comme des herbiers, seront analysés. Les données ainsi obtenues serviront ensuite à vérifier si des influences anthropiques (p. ex. perte de milieux naturels suite à une utilisation accrue des sols) ont un impact mesurable sur l'ampleur de la diversité génétique des espèces analysées. Cette étude pilote a également pour but de rassembler des expériences et d'établir des procédures standardisées concernant l'échantillonnage, les travaux de laboratoire et l'analyse de grandes quantités de données, le génome des individus observés

étant étudié dans son intégralité. Enfin, elle entend nouer des contacts avec les parties prenantes telles que les autorités cantonales, les administrations, les détenteurs de collections scientifiques et les bureaux environnementaux afin de garantir que les résultats pourront être appliqués dans la pratique.

L'étude pilote a démarré en avril 2020 et devrait s'achever en mars 2023. Elle porte sur cinq espèces issues de différents groupes d'organismes: le crapaud calamite (*Epidalea calamita*), le bruant jaune

werden, dass die Ergebnisse der Studie im praktischen Naturschutz Anwendung finden.

Die Pilotstudie startete im April 2020 und wird voraussichtlich im März 2023 abgeschlossen sein. Hierfür wurden fünf Arten aus unterschiedlichen Organismengruppen ausgewählt (Abb.): die Kreuzkröte (*Epidalea calamita*), die Goldammer (*Emberiza citrinella*), der Baldrian Scheckenfalter (*Melitaea diamina*), das Scheiden-Wollgras (*Eriophorum vaginatum*) und die Kartäuser-Nelke (*Dianthus carthusianorum*). Diese Arten wurden anhand verschiedener Kriterien ausgewählt, wie zum Beispiel ihrer Bedeutung für den Naturschutz oder ihrer Verbreitung, sowie ihre Lebensraum-Ansprüche oder -Veränderungen. Für die fünf Arten wird je ein Referenzgenom erstellt, welches als Grundlage für alle weiteren Genom-Analysen und die Berechnung ausgewählter Indikatoren zur genetischen Vielfalt dient. Ab 2021 werden schweizweit pro Art 150-300 Individuen, wenn möglich nicht invasiv, gesammelt und deren Genom vollständig sequenziert. Die Proben werden so gesammelt, dass sie die sechs biogeografischen

Regionen der Schweiz abdecken, sofern die untersuchten Arten dort vorkommen. Es werden Indikatoren berechnet, welche Rückschlüsse auf die genetische Vielfalt, Populationsstruktur, Genfluss, Inzucht, Hybridisierung und Anpassungsfähigkeit ermöglichen. Zusätzlich werden für den Baldrian Scheckenfalter und das Scheiden-Wollgras Proben aus wissenschaftlichen Sammlungen sequenziert, die während den vergangenen 50 bis 100 Jahren gesammelt wurden, um bereits jetzt Rückschlüsse auf Veränderungen der genetischen Vielfalt im Verlauf des vergangenen Jahrhunderts zu ermöglichen. Das Ziel ist es, die Erkenntnisse und Resultate dieser Pilotstudie in ein Langzeit-Monitoring der genetischen Vielfalt einfließen zu lassen und damit aktuelle Lücken im Biodiversitätsmonitoring der Schweiz zu schliessen. Diese Möglichkeit wurde in der vorausgegangenen Machbarkeitsstudie definiert und sieht die Untersuchung von 50 repräsentativen Arten in einem 5-jahres Zyklus vor. Mit einem solchen Monitoring-Programm nimmt die Schweiz eine Pionierrolle ein, da es bisher weltweit kein Monitoring der genetischen Vielfalt wildlebender Populationen gibt.

Weitere Informationen zu der Pilotstudie für eine Monitoring der genetischen Diversität können auf dieser Webseite gefunden werden: <https://gendiv.ethz.ch>



Kontakt

Glenn Litsios
BAFU, Abt. Biodiversität und Landschaft
3003 Bern
glenn.litsios@bafu.admin.ch

Martin C. Fischer
ETH Zürich
Universitätstrasse 16
8092 Zürich
martin.fischer@usys.ethz.ch

¹Institut für Integrative Biologie (IBZ),
ETH Zürich

²Biodiversität und Naturschutzbiologie,
WSL Birmensdorf

(*Emberiza citrinella*), la Mélitée noirâtre (*Melitaea diamina*), la Linaigrette vaginée (*Eriophorum vaginatum*) et l'œillet des chartreux (*Dianthus carthusianorum*). Ces espèces ont été choisies sur la base de plusieurs critères, comme leur importance en matière de protection de la nature ou leur répartition, ainsi que leurs exigences en matière d'habitats et les évolutions de ces derniers. Un génome de référence a été déterminé pour chacune de ces espèces, qui servira de base à toutes les analyses génomiques ultérieures et au calcul d'indicateurs de diversité génétique. Dès 2021, 150 à 300 individus par espèces seront collectés en Suisse, dans l'idéal de manière non invasive, et leur génome sera intégralement séquencé. Les échantillons seront prélevés de sorte à couvrir les six régions biogéographiques du pays, pour autant que les espèces étudiées y soient présentes. Des indicateurs permettront de tirer des conclusions sur la diversité génétique, la structure des populations, le flux génétique, la consanguinité, l'hybridation et la capacité d'adaptation. S'agissant de la Mélitée noirâtre et de la Linaigrette vaginée, des échantillons provenant de collections scientifiques des 50 à 100 dernières

années seront également séquencés afin de formuler un premier constat sur l'évolution de la diversité génétique au cours de cette période.

L'objectif est d'intégrer les connaissances et les résultats de cette étude pilote dans un monitoring à long terme de la diversité génétique et, partant, de combler les lacunes existantes dans le système d'observation de la biodiversité en Suisse. Pour ce faire, il faut, conformément aux conclusions de l'étude de faisabilité susmentionnée, analyser 50 espèces représentatives sur un cycle de cinq ans. Le monitoring de la diversité génétique confère à la Suisse un rôle de pionnière, car il n'existe actuellement dans le monde aucun suivi de la diversité génétique de populations sauvages.

Le site Internet <https://gendiv.ethz.ch> fournit d'autres informations sur l'étude pilote relative au monitoring de la diversité génétique.



Renseignements

Glenn Litsios
OFEV, division Biodiversité et paysage
3003 Berne
courriel: glenn.litsios@bafu.admin.ch

Martin C. Fischer
ETH Zürich
Universitätstrasse 16
8092 Zurich
courriel: martin.fischer@usys.ethz.ch

¹Institut de Biologie intégrative (IBZ),
EPF Zurich

²Unité Biodiversité et écologie de la
conservation, WSL Birmensdorf