

Genetisches Monitoring und Management für eine zukunftsfähige Metapopulation des Feldhamsters in Hessen (MetaHamster)

Juan Manuel Ortega^{1,2,4}, Paige Byerly^{1,4}, Marcel Nebenführ^{2,3,4}, David Prochotta^{2,3,4}, Carsten Nowak^{1,4}, Axel Janke^{3,4}, Tobias Erik Reiners^{1,4}

1. Centre for Wildlife Genetics, Senckenberg Research Institute and Natural History Museum, 63571, Gelnhausen, Germany
2. Institute for Ecology, Evolution, and Diversity, Goethe University, Frankfurt am Main, Germany
3. Senckenberg Biodiversity and Climate Research Centre (BiK-F), Frankfurt am Main, Germany
4. LOEWE-Centre for Translational Biodiversity Genomics (TBG), Frankfurt am Main, Germany

Hintergrund

Der Feldhamster (*Cricetus cricetus*) ist nach Angaben der IUCN und der Roten Liste weltweit und in Deutschland vom Aussterben bedroht. Auch in Hessen ist der Rückgang Populationen beträchtlich. Seit 1995 ging im Durchschnitt jährlich eine Population verloren. Zu den Faktoren, die zu diesem Rückgang beitragen, gehören der Verlust von Lebensraum, landwirtschaftliche Veränderungen und die Fragmentierung von Lebensräumen. Seit 2003 werden Schutzmaßnahmen umgesetzt, aber der Trend zum Aussterben hält an. Der Feldhamster ist eine Leitart in Hessen, deren Schutzziele in der hessischen Biodiversitätsstrategie hervorgehoben werden. Die fortschreitende genetische Erosion aufgrund des Lebensraumverlustes gibt jedoch Anlass zur Sorge über den Verlust der genetischen Vielfalt. Genetische Untersuchungen, die 2008 eingeleitet wurden, haben erhebliche Unterschiede zwischen den Populationen ergeben, wobei isolierte Gruppen eine hohe genetische Verarmung und Inzucht aufweisen. Einige isolierte Populationen, wie die in der Region Frankfurt, haben eine deutlich geringere genetische Vielfalt und gelten als ausgestorben. Die Korrelation zwischen Lebensraumgröße, Isolation, genetischer Vielfalt und Inzucht ist offensichtlich, aber für viele hessische Populationen fehlen genetische Daten, die erlauben ein genetisches Management durchzuführen. Hier setzt das Projekt MetaHamster an. Neben der Analyse durch Mikrosatelliten werden erstmals genomische Analysen durchgeführt. Beide Analysen soll helfen einen möglichst effektiven Managementplan für den Erhalt der genetischen Diversität zu erstellen und für eine zukunftsfähige Metapopulation zu bilden.

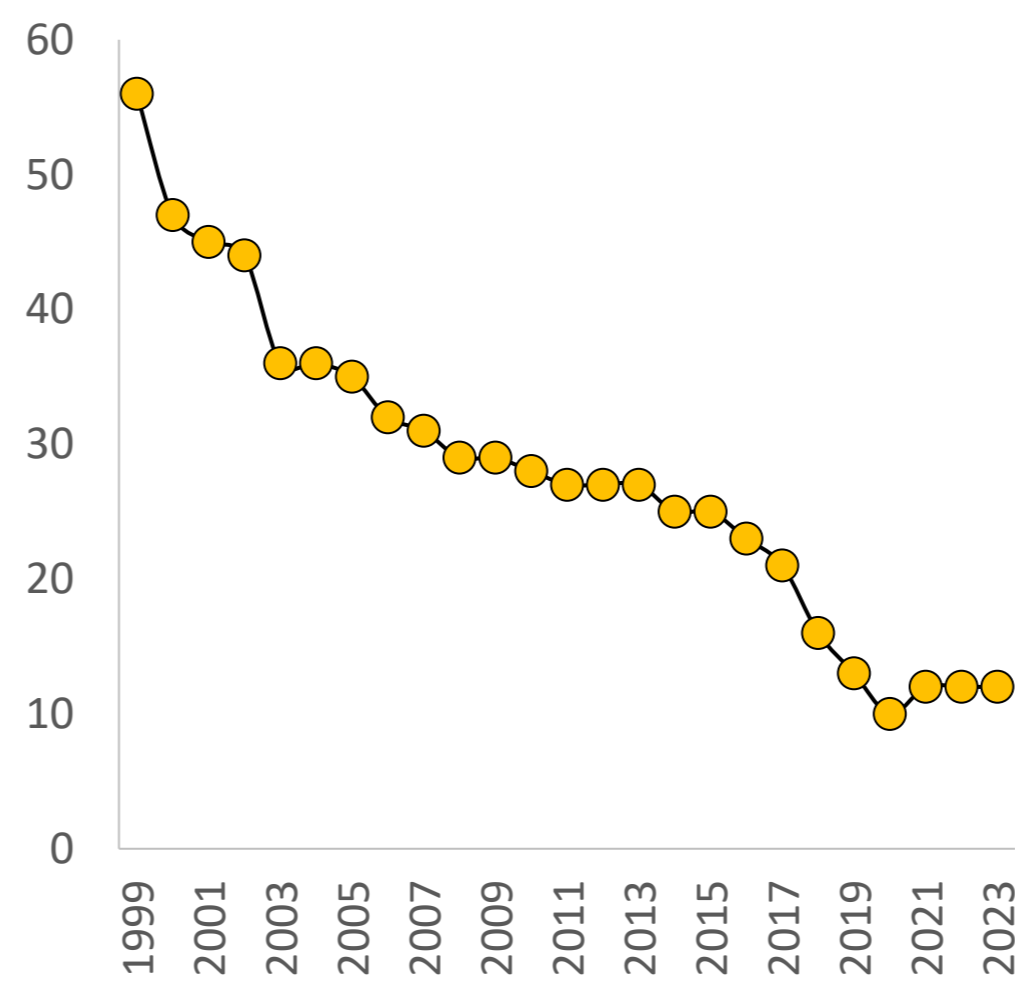


Abbildung 1: Rückgang besiedelter Feldhamsterpopulationsräume in Hessen

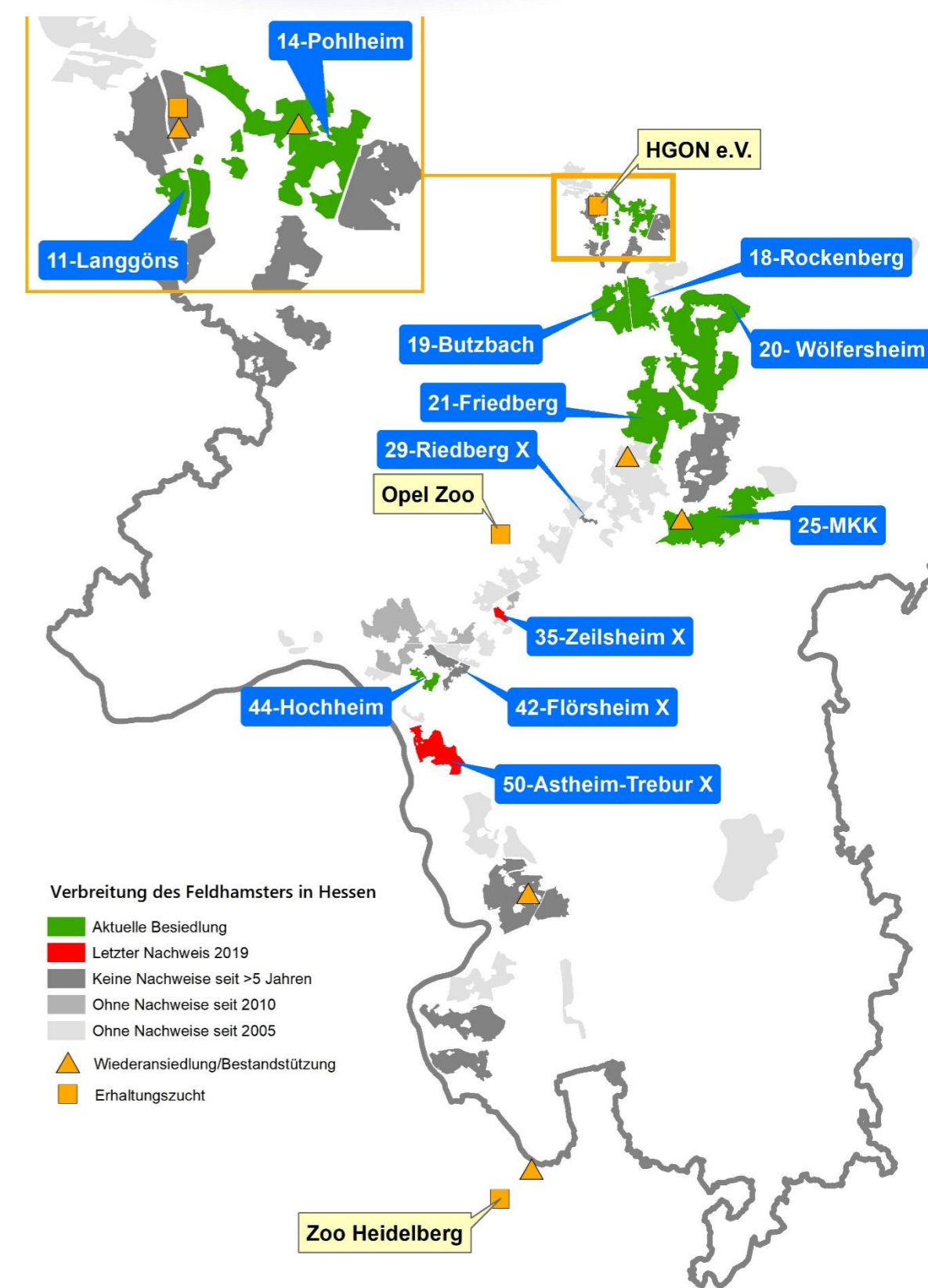


Abbildung 2: Ehemalige und aktuelle Verbreitung des Feldhamsters in Hessen. Populationsräume die im Rahmen von MetaHamster untersucht werden sind mit blauer Schrift beannt.

Arbeitspakete 2024-25

- **Analyse der genetischen Erosion und Inzucht im Gange:** Die Analyse der genetischen Erosion und Inzucht in isolierten Populationen läuft, wobei erste Ergebnisse auf ein hohes Risiko in kleinen Populationen hindeuten. (Abbildung 3, 5)
- **Genomik in Bearbeitung:** 12 Gewebeproben wurden für die genomische Analyse an das Senckenberg Zentrum für Translationale Biodiversitätsgenomik (TBG) gesendet, und die Sequenzierung wurde bereits abgeschlossen. Die ersten Ergebnisse dieser Analysen werden derzeit vorbereitet, um sie mit den Mikrosatellitendaten zu integrieren. (Abbildung 5)

Population	Code
MKK	M
Langgöns	L
Pohlheim	P
Friedberg	F
Rockenberg	R
Butzbach	B
Hochheim	H
Riedberg	D
Flörsheim	S
Wölfersheim	W
Zeilsheim	Z

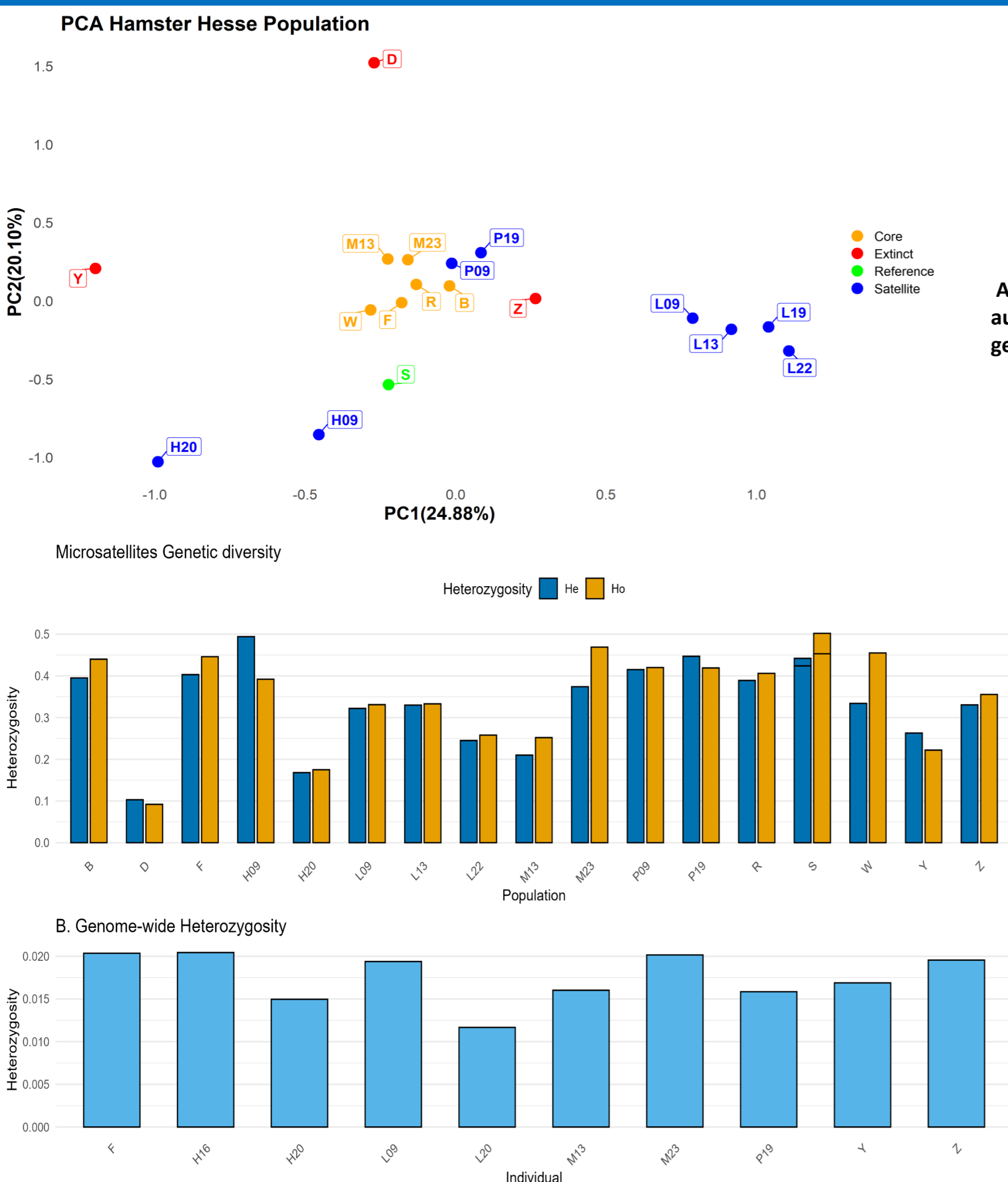


Abbildung 3: Das Streudiagramm positioniert die Populationen auf der Grundlage der Hauptkomponentenanalyse (PCA) der genetischen Distanzen. Jeder Punkt steht für eine Population.

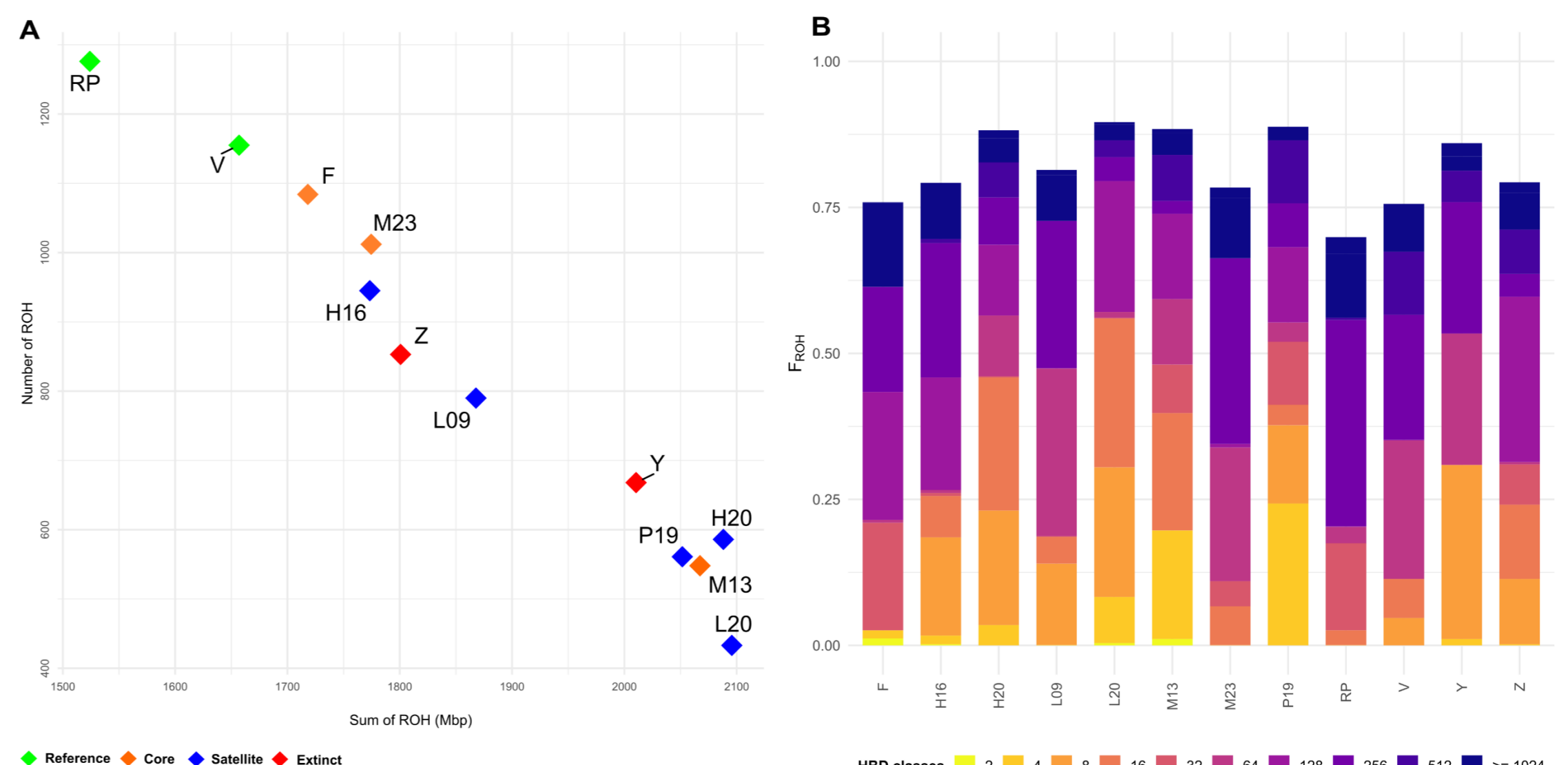


Abbildung 5. A) Inzuchtstatistiken (f-roh vs. ROH) von 12 Proben, die zur Genomsequenzierung eingeschickt wurden, einschließlich einer Referenzprobe aus Bayern und der Rheinpfalz B) Multilocus-Heterozygotie von 12 Proben, die zur Genomsequenzierung eingeschickt wurden, einschließlich einer Referenzprobe aus Bayern und der Rheinpfalz

Abbildung 4. Genetische Diversitätswerte für die verschiedenen Hamsterpopulationen in Hessen. Der obere Bereich zeigt Mikrosatellitendaten, der untere Bereich genomische Daten.