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

Juan Manuel Ortega, Tobias Erik Reiners, Marcel Nebenführ, David Prochotta, Tilman Schell,

Carola Greve, Alexander Ben Hamadou, Charlotte Gerheim, Carsten Nowack, Axel Janke

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 ist 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 Microsatelliten 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.

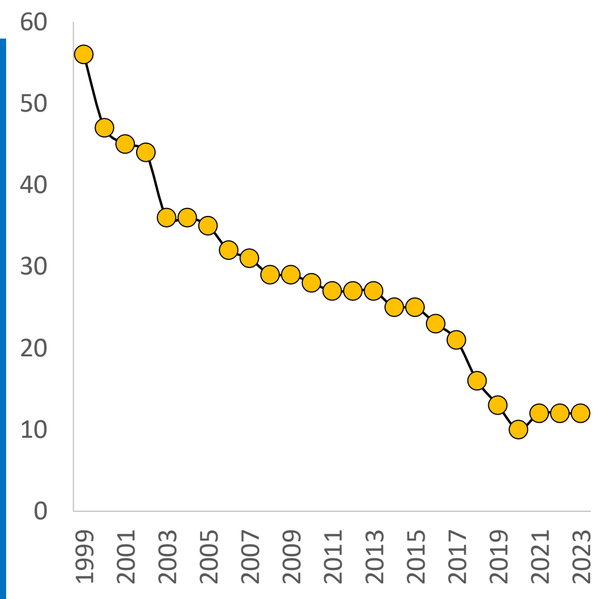


Abbildung 1: Rückgang besiedelter Feldhamsterpopulationsräume in Hessen

Arbeitspakete 2023

AP1 (Abgeschlossen)

- **Genetische Datenbank abgeschlossen**: Eine umfassende Gendatenbank mit 701 Genotypen des *Cricetus cricetus* in Hessen wurde erstellt (Tabelle 1)
- **Proben gesammelt**: Es wurden ca. 100 Proben aus ausgewählten Populationen in der Studienregion gesammelt.

AP2 (In Bearbeitung)

- **Analyse der genetischen Erosion und Inzucht im Gange**: Die Analyse der genetischen Erosion und Inzucht in isolierten Populationen läuft, wobei erste Ergebnisse ein hohes Risiko in kleinen Populationen zeigen. (Tabelle 1) (Abbildung 2, 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)

Abbildung 2. Die genetische Vielfalt zwischen mehreren Hamsterpopulationen in Hessen. Das Streudiagramm positioniert die Populationen auf der Grundlage der Hauptkomponentenanalyse (PCA) der genetischen Abstände. Jeder Punkt steht für eine Population

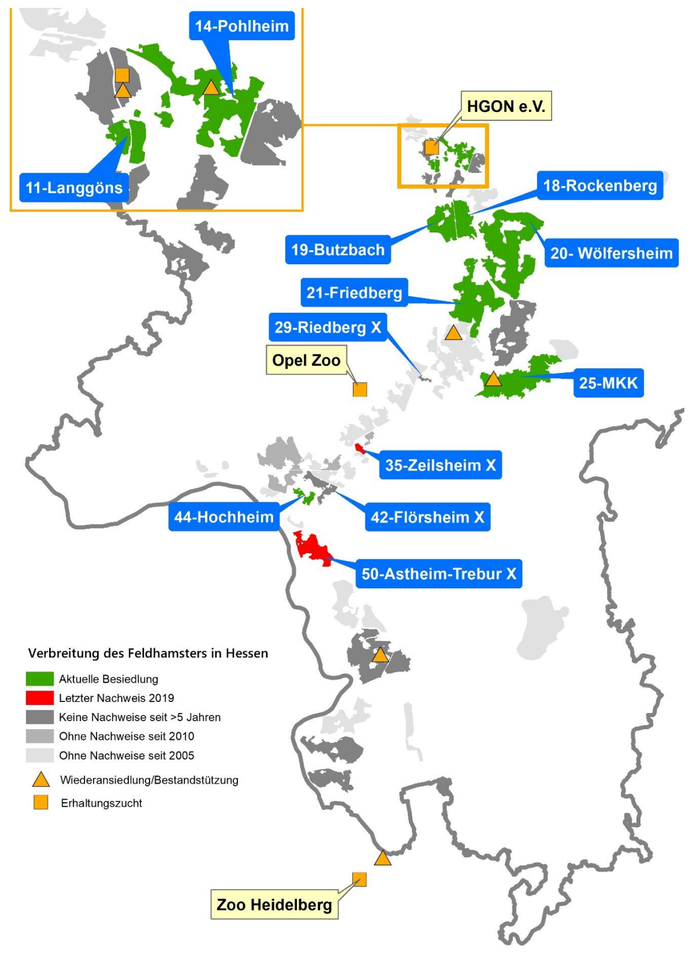
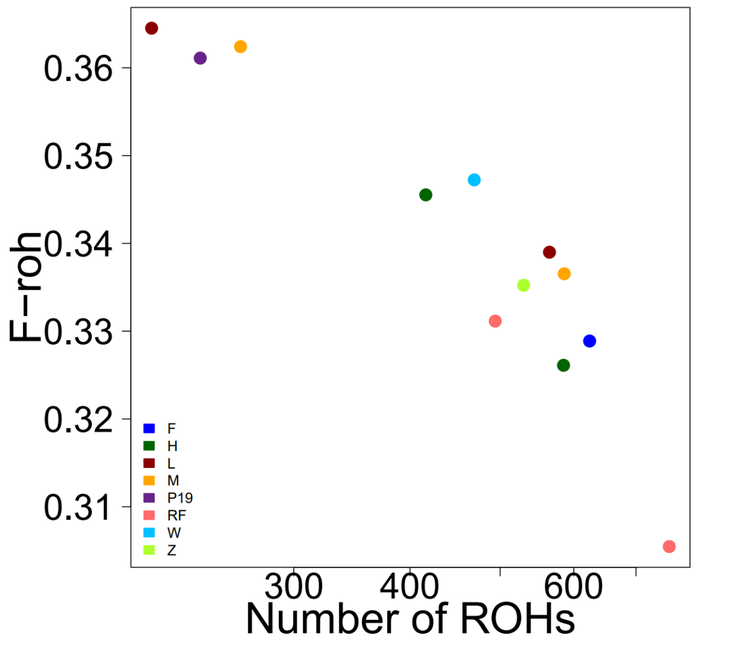


Abbildung 3: Ehemalige und aktuelle Verbreitung des Feldhamsters in Hessen. Populationsräume die im Rahmen von MetaHamster untersucht werden sind mit blauer Schrift beannt.

Populations-raum	label	Beprobung	Genotypen	Genomik	Ne	Ho	He
11-Langgöns	L09	2009	51	1	1.7	0.33	0.34
11-Langgöns	L13	2010-2013	73		1.6	0.33	0.33
11-Langgöns	L19	2019-2022	41		1.5	0.24	0.26
11-Langgöns	L22	2023	10	1	1.5	0.23	0.27
14-Pohlheim	P09	2009-2013	23	1	2.1	0.45	0.43
14-Pohlheim	P19	2019-2023	70	1	2.1	0.4	0.42
18-Rockenberg	R	2019-2023	9		2.2	0.53	0.48
19-Butzbach	B	2019-2023	21		2.5	0.43	0.47
20-Wölfersheim	W	2019-2023	32		2.2	0.35	0.46
20-Wölfersheim	Y	2018	13	1	1.3	0.27	0.22
21- Friedberg	F	2019-2023	23	1	2.1	0.4	0.43
25-MKK	M13	2019-2023	66	1	2.4	0.38	0.48
25-MKK	M23	2009-2013	45	1	2.1	0.44	0.43
29- Riedberg	D	2013-2016	8	1	1.1	0.1	0.09
35-Zeilsheim	Z	2013-2018	178	1	1.7	0.33	0.36
42-Flörsheim	S	2009	25		2.3	0.43	0.47
44-Hochheim	H09	2009	5	1	1.9	0.51	0.39
44-Hochheim	H19	2019-2023	8	1	1.2	0.17	0.18

Tabelle1. Gendatenbank für den Feldhamster in Hessen mit Übersicht zu den enthaltenen Proben. Anzahl der Genotypen, Anzahl aktuell analysierter Genomik Proben und Übersicht zur genetischen Diversität, ausgedrückt in effektive Anzahl von Allelen (Ne), beobachteter Heterozygotie (Ho) und erwarteter Heterozygotie (He)

Die Gendatenbank stellt einen dauerhaften Referenzpunkt für die zukünftigen Maßnahmen zum Erhalt der genetischen Diversität der hessischen Feldhamster dar.



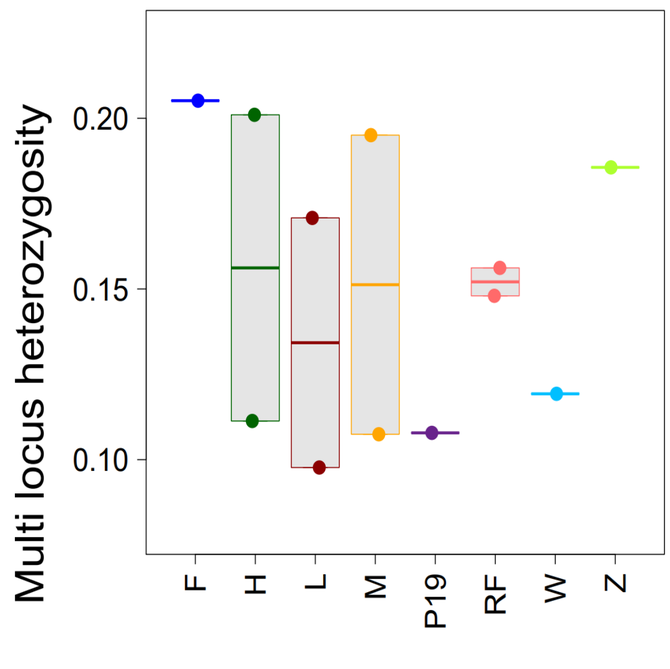


Abbildung 5. A) Inzuchtstatistiken (f-roh vs. ROH) von 12 Proben, die zur Genomsequenzierung eingesandt wurden, einschließlich einer Referenzprobe aus Bayern und der Rheinpfalz
B) Multilocus-Heterozygotie von 12 Proben, die zur Genomsequenzierung eingeschickt wurden, einschließlich einer Referenzprobe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