

# Eine populationsgenetische Untersuchung der Schweizer Füchse in einer fragmentierten Landschaft vor, während und nach der Tollwut

Urs Breitenmoser<sup>1</sup>, Reto Zanoni<sup>1</sup>, Peter Wandeler<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Schweizerische Tollwutzentrale, Institut für Veterinär-Virologie, Universität CH-3012 Bern, <sup>2</sup>Institute of Zoology, Zoological Society of London, UK

## Schlüsselwörter

Tollwut, *Vulpes vulpes*, Mikrosatelliten, Dispersal, DNS, Genetische Differenzierung, Genetische Drift

## Problemstellung und Zielsetzung

Basierend auf historischen Zahn - (1969-98) und modernen Gewebeproben (2001-03) wurden die genetische Struktur in drei Schweizer Fuchspopulationen (Kanton Aargau, Uri und Graubünden) über Raum und Zeit während der letzten Tollwutepidemie untersucht. Im Zentrum dieser Studie standen insbesondere der Einfluss von demographischen Veränderungen (z.B. Populationsdichte, Mortalität) auf das Dispersal und die Dynamik der genetischen Variabilität innerhalb der untersuchten Populationen. Diese Studie hatte zum Ziel, einerseits grundlegende Erkenntnisse über die Auswirkungen von Krankheiten auf die genetischen Strukturen in natürlichen Populationen zu erhalten, andererseits neues Wissen über die Biologie des Rotfuchses zu erlangen.

## Material und Methoden

Aus 666 historischen Zahnproben wurde die DNS extrahiert und von 279 Proben die nukleare DNS-Konzentration mit einem quantitativen PCR geschätzt. Populationsgenetische Daten basierend auf zwischen 9 und 17 Mikrosatelliten (Genetische Marker) wurden von 382 historischen und 189 modernen Gewebeproben (2001-03) mittels PCR erhoben. Ausführliche populationsgenetische und statistische Analysen wurden ausgeführt.

## Ergebnisse und Bedeutung

Eine signifikante Beziehung zwischen DNS - Konzentration und Alter der historischen Proben wurde erfasst. Trotz starkem Zusammenbruch der Populationsgrösse nach der ersten Tollwutinfektion (geschätzte Mortalität von 80% im Kanton Aargau) konnten weder zeitliche Veränderungen noch ein Verlust von genetischer Variabilität in der untersuchten Fuchspopulation festgestellt werden. Andererseits konnte eine ausgeprägte räumliche genetische Struktur (isolation-by-distance) innerhalb Fuchspopulationen aufgezeigt werden. Weiter nahm die auf diesen genetischen Grundlagen geschätzte Dispersaldistanz mit ansteigender Populationsdichte zu.

## Publikationen, Poster und Präsentationen

- Wandeler, P.; Smith, S.; Morin, P.A.; Pettifor, R.A.; Funk, S.M. (2003) Patterns of nuclear DNA degeneration over time - a case study in historic teeth samples. *Molecular Ecology* 12: 1087-1093.
- Wandeler, P. Spatial and temporal population genetics of Swiss red foxes (*Vulpes vulpes*) following a rabies epizootic. Doktorarbeit, Cardiff University.
- Wandeler, P. Demographic and temporal population genetics in a red fox population following a rabies epizootic. Population Genetics Group, University of Sussex, December 17-19, 2003.
- Wandeler, P. Temporal population genetics in a red fox population following a rabies epidemic. Workshop for Population Genetics for Animal Conservation, Trento, Italy, September 4-6, 2003.
- Wandeler, P.; Funk, S. M.; Largiadèr, C.R.; Gloor, S.; Breitenmoser, U. (2003) The city-fox phenomenon: genetic consequences of a recent colonization of urban habitat. *Molecular Ecology* 12: 647-656.

## Projekt 1.02.19

Projektdauer April 2002 - April 2004