

Anpassung der Alpen-Gänsekresse an die alpine Umwelt

Am 23. Januar 2020 wurde in Glarus zum dritten Mal der Oswald Heer-Wissenschaftspreis verliehen. Neben dem Walters-/ Wild-Fonds leistet dazu auch die NGZH einen Beitrag. Der Preis ging an Aude Rogivue (*1989) für ihre Doktorarbeit «Genomic variation of *Arabis alpina* (Brassicaceae) in heterogeneous alpine environments», ausgeführt unter der Leitung von Dr. Felix Gugerli, Gruppe für ökologische Genetik WSL in Birmensdorf. Die Tochter eines Waadtländer Bauern aus dem Lavaux besuchte von 2005-08 das Gymnasium in La Tour-de-Peilz und studierte anschliessend 2008-13 Biologie an der Universität Lausanne. Nach ihrer Masterarbeit über den Schutz von Lachsfischarten bei sich änderndem Klima wechselte Frau Rogivue an die ETH Zürich, wo sie von 2014-18 an ihrer Doktorarbeit tätig war. Seit 2019 ist sie als Postdoc-Forscherin bei Agroscope in Liebefeld/BE in der Gruppe Mikrobiologie und Lebensmittelsicherheit tätig.

Conradin A. Burga

Im Kontext des Klimawandels ist es wichtig zu verstehen, wie sich Arten an unterschiedliche Umweltbedingungen anpassen. Daraus lässt sich ableiten, wie diese Arten mit den sich rasant ändernden Verhältnissen umgehen. Drei mögliche Strategien stehen im Vordergrund: individuelle Anpassung (Plastizität), Ausweichen in andere Habitate (Migration) oder genetische Anpassung (Selektion) – sonst droht als vierte Möglichkeit



das lokale Aussterben. Evolutionsbiologen wie auch Naturschützer haben deshalb grosses Interesse, die für die Anpassung wichtigen Gene und ihre Variation zu verstehen.

Da die gegenwärtigen Klimaveränderungen in alpinen Regionen besonders ausgeprägt sind, haben wir zusammen mit Forschenden der EPFL, der Universitäten Neuchâtel und Bern sowie der Fachhochschule Yverdon-les-Bains die Alpen-Gänsekresse (*Arabis alpina*) untersucht. Im Rahmen eines interdisziplinären, vom Schweizerischen Nationalfonds finanzierten Projekts erfassten wir die genetische Variation von *A. alpina* über das gesamte Erbgut hinweg und beschrieben die Umweltbedingungen, unter denen die untersuchten Pflanzen wuchsen. Für letzteres stellte der Kanton Waadt, in dessen Nordalpen unsere Untersuchungsgebiete auf 2000-2500m ü.M. lagen, hochauflösende fernerkundliche Daten zur Verfügung. Daraus errechneten wir ein digitales Oberflächenmodell, um auf 0,5m genau Umweltfaktoren abzuleiten, welche die am Wuchsort der untersuchten Pflanzen herrschende Temperatur, Strahlung und Wasserverfügbarkeit umschreiben.

Wir beprobten rund 300 Individuen der Alpen-Gänsekresse und sequenzierten deren Erbgut vollständig. In diesem Umfang wurde bisher noch keine Studie an natürlichen Pflanzenpopulationen durchgeführt. Dank den Daten konnten wir die Variation der DNA-Einzelteile (Nukleotide) wie auch die Variation von mobilen DNA-Stücken (Transposons) erfassen. Transposons sind kurze DNA-Sequenzen, die aus der DNA ausgeschnitten oder kopiert und an anderen Stellen im Genom wieder eingefügt werden. Bei *A. alpina* besteht etwa die Hälfte des Erbguts aus solchen Transposons; ihre Wirkung auf die Anpassung wurde bisher kaum untersucht.

Die erfassten DNA-Sequenzen des gesamten Erbguts aller untersuchten Pflanzen ergaben eine enorme Datenmenge. Würde man diese

Die Alpen-Gänsekresse wächst oft versteckt im Kalkgeröll.



Am Fuss des Glacier de Paneirosse (VD) wurden Blätter von *A. alpina* für genetische Analysen gesammelt und die genaue geographische Position eingemessen.

auf A4-Papier in 12-Punkt-Schrift doppelseitig ausdrucken, entstünde ein Papierstapel von 75 Kilometern Höhe! So fanden wir fast 300 000 variable DNA-Positionen und über 20 000 Stellen, an denen Transposons vorhanden bzw. nicht vorhanden waren. Rund 5 Prozent der variablen DNA-Positionen führten zu einer Änderung im Protein, das durch das jeweilige Gen bestimmt wird; ein deutlicher Hinweis, dass hier Selektion wirkte. Ebenso lag fast die Hälfte der Transposons innerhalb oder nahe bei einem Gen und beeinflusste somit die Ausprägung des betroffenen Proteins.

Da genetische Unterschiede zwischen Populationen nicht nur durch Anpassung, sondern auch durch historische Prozesse wie der Rückwanderung nach der letzten Eiszeit beeinflusst werden, klärten wir vorab alpenweit die Geschichte der Alpen-Gänsekresse ab. So konnten wir zeigen, dass die Populationen in unseren Untersuchungsgebieten genetisch sehr ähnlich waren und wohl aus demselben Überdauerungsgebiet nach der letzten Eiszeit wieder eingewandert waren; beste Voraussetzungen, um kleinräumig die genetischen und ökologischen Unterschiede der Alpen-Gänsekresse zu untersuchen.

Schliesslich fanden wir hunderte von Genen mit Unterschieden in DNA-Positionen oder Transposons, die mit Umweltfaktoren korrelier-

ten. Zahlreiche dieser Gene wirken auf Prozesse des Zellwachstums, des Stoffwechsels und der Fortpflanzung, die bei Alpenpflanzen wegen der harschen Bedingungen unter starkem Selektionsdruck stehen. Weitere Untersuchungen sollen nun zeigen, ob die Alpen-Gänsekresse mit verschiedenen Fortpflanzungsstrategien auf jeweils verschiedene Umweltbedingungen reagiert.

Text & Bilder: Aude Rogivue

Literatur

- Rogivue A. 2018. Genomic variation of *Arabis alpina* (Brassicaceae) in heterogeneous alpine environments. Dissertation ETH Zürich. <https://doi.org/10.3929/ethz-b-000320260>
- Rogivue A., Choudhury R., Zoller S., Joost S., Felber F., Kasser M., Parisod C., Gugerli F. 2019. Genome-wide variation in nucleotides and retrotransposons in alpine populations of *Arabis alpina* (Brassicaceae). *Molecular Ecology Resources* 19: 773–787.
- Rogivue A., Graf R., Parisod C., Holderegger R., Gugerli F. 2018. The phylogeographic structure of *Arabis alpina* in the Alps shows consistent patterns across different types of molecular markers and geographic scales. *Alpine Botany* 28: 35–45.