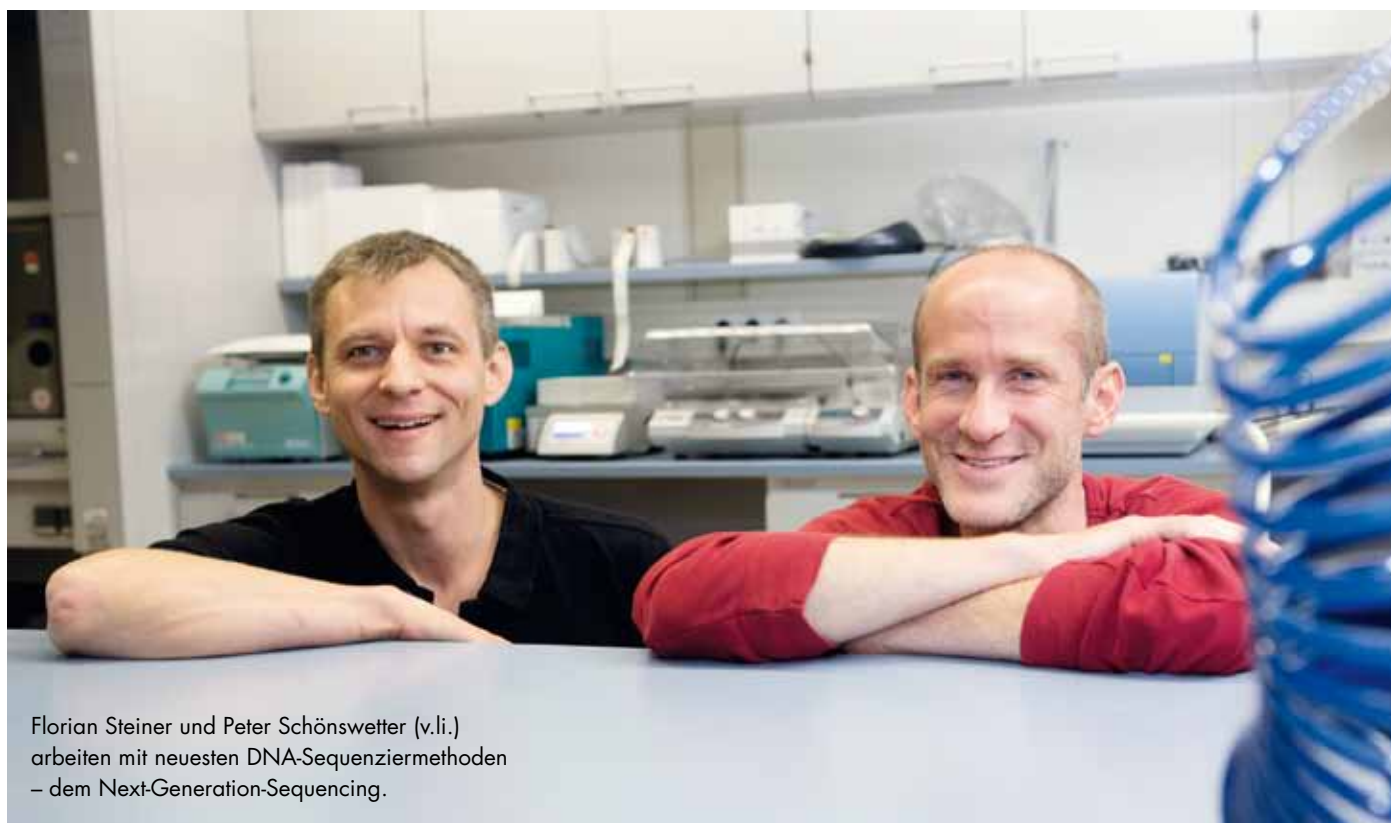


# ALPINE GESCHICHTEN DES EINWANDERNIS

Die Steppengebiete der Alpen stehen im Fokus von Peter Schönswetter und Florian Steiner. Mit neuesten Analysemethoden wollen der Botaniker und der Ökologe erstmals fachübergreifend die Herkunft von Flora und Fauna dieser inneralpinen Trockengebiete klären.



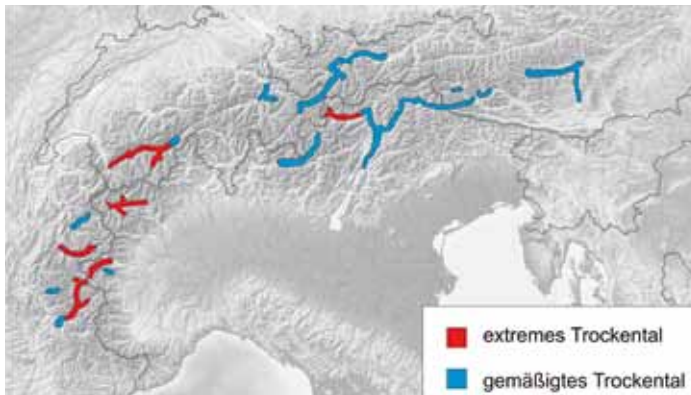
Florian Steiner und Peter Schönswetter (v.li.)  
arbeiten mit neuesten DNA-Sequenziermethoden  
– dem Next-Generation-Sequencing.

**W**enn man von den Alpen spricht, so ist allgemein bekannt, dass es hier oberhalb der Waldgrenze eine große Artenvielfalt gibt. Aber auch in den Tieflagen gibt es artenreiche Gebiete. Die artenreichsten sind die Steppen“, erklärt Prof. Peter Schönswetter vom Institut für Botanik der Universität Innsbruck. „Diese sind im Vergleich zu den großen Steppengebieten Osteuropas und Südrusslands zwar sehr klein, sie haben aber eine ähnliche Ausstattung an Tieren und Pflanzen.“ Die Steppengebiete der Alpen, wie der Vinschgau in Südtirol, zeichnen sich dadurch aus, dass sie sehr trocken sind. Weitere inneralpine Steppengebiete sind beispielsweise das Wallis, das Aostatal und das Tiroler Inntal. „Die Täler sind durch sehr hohe Gebirge von den hereinkommenden Wetterfronten abgeschirmt,

wodurch die Niederschlagsmengen hier sehr gering sind. Im trockensten Gebiet des Vinschgaus beträgt der durchschnittliche Jahresniederschlag nur 481 Millimeter“, beschreibt Schönswetter. Gemeinsam mit dem Ökologen Assoz.-Prof. Florian Steiner will er im Rahmen eines vom FWF geförderten Projekts Fauna und Flora dieser Gebiete näher untersuchen.

## BESIEDLUNGSGESCHICHTE

Konkret interessiert die Wissenschaftler, wie Flora und Fauna in die inneralpinen Steppen gekommen sind. „Man weiß, dass viele der dort beheimateten Arten aus Asien kommen. Was wir nicht wissen, ist, ob sie nach der Eiszeit jedes Tal unabhängig voneinander besiedelt haben oder ob es einen genetischen Aus-



Links: Ein Überblick über die inneralpinen Trockentäler, die im Rahmen des Projekts untersucht werden. Oben: *Atypus muralis* (Tapezierspinne) und *Euphorbia segueriana* (Steppen-Wolfsmilch) sind zwei Steppenarten, deren Besiedlungsgeschichte die Wissenschaftler klären wollen.

tausch über die Barriere des Alpenhauptkamms hinweg gegeben hat“, verdeutlicht Florian Steiner eine der konkreten Fragestellungen im Projekt. Im letzten glazialen Maximum vor rund 20.000 Jahren war der Vinschgau mit einer 2000 Meter dicken Eisschicht bedeckt. „Ob die Steppenarten die inneralpinen Trockentäler nach der Eiszeit vom jeweils nächstgelegenen Alpenrand wiederbesiedelt haben oder ob sich während der Eiszeit irgendwo eine Refugialpopulation gehalten hat, von der ausgehend sie sich nach und nach über die Alpen ausgebreitet haben, ist bis heute nicht beantwortet“, so Schönschwetter. Da die inneralpinen Trockentäler mittlerweile durch Aufforstung und Aufgabe der Bewirtschaftung stark gefährdet sind, spielt diese Frage auch eine große Rolle für den Naturschutz: „Wenn unsere Studie ergibt, dass sich die Arten von Tal zu Tal genetisch stark unterscheiden, sind die einzelnen Populationen natürlich schützenswerter, als wenn sie genetisch fast ident sind“, erläutert der Botaniker Schönschwetter.

Beantworten wollen die Wissenschaftler diese und andere Fragen mithilfe neuester DNA-Sequenziermethoden – dem Next-Generation-Sequencing. Die Biologen haben für ihre Untersuchungen vier Pflanzen- und drei Tierarten ausgewählt, die sie sowohl in den inneralpinen Steppengebieten als auch in Trockengebieten Deutschlands und in den großen Steppen in Ostösterreich, der ungarischen Tiefebene, Bulgarien, Rumänien, der Türkei, Kasachstan und Kirgistan sammeln werden. Untersucht werden eine Federgrasart, eine Wolfsmilchart und zwei Schmetterlingsblütler sowie eine Spinnen-, eine Ameisen- und eine Heuschreckenart. „Bei der Auswahl der Pflanzen und Tiere spielten einige Faktoren eine Rolle: Wir haben Arten gewählt, die ausschließlich auf Steppenlebensräume beschränkt sind und deren Lebensstrategien sich deutlich unterscheiden“, beschreibt Florian Steiner.

#### DATENFLUT

Um nicht das gesamte Genom der gesammelten Pflanzen und Tiere – insgesamt 700 Individuen – untersuchen zu müssen, werden die Biologen genetische Marker festlegen, anhand derer sie die einzelnen Proben abgleichen. „Die Genomgrößen der ausgewählten Arten reichen von 500 Millionen bis zehn Milliarden Ba-

senpaaren. Bei insgesamt 700 Individuen wären die Datenmengen viel zu groß, um sie zu erfassen. Aus diesem Grund werden wir einen repräsentativen Ausschnitt der Genome analysieren“, erklären die Wissenschaftler. Dazu verwenden sie eine Methode, die es ihnen mithilfe von Enzymen ermöglicht, das Genom zu zerstückeln und korrespondierende Teile herauszufischen. „Diese Teile werden dann mittels Next-Generation-Sequencing untersucht.“

Die Daten dieser Analysen – 700 Individuen werden auf über 10.000 Marker zu je 150 Basenpaaren untersucht – werden dann bioinformatisch ausgewertet. „Diese Menge wäre noch vor einigen Jahren weder finanziell noch zeitlich durchführbar gewesen. Die Datenmengen, die wir hier bekommen, sind enorm. Da wir

beide keine Experten im Bereich Bioinformatik sind, arbeitet auch ein Bioinformatiker im Projektteam mit“, so Florian Steiner. Neben wissenschaftlichen Mitarbeitern an der Universität Innsbruck werden die beiden auch von nationalen und internationalen Experten unterstützt. „Ein Kollege von der Universität Wien stellt uns seine Expertise im Bereich Next-Generation-Sequencing bei Pflanzen zur Verfügung, eine Kollegin in Madrid ist auf die Daten-

auswertung spezialisiert und ein Partner in Lausanne unterstützt uns bei den Habitatmodellierungen“, ergänzt Schönschwetter. Habitatmodellierungen – hier die Rekonstruktion der Verbreitung der einzelnen Arten in der Vergangenheit – spielen auch eine Rolle für eine weitere Frage, die die Wissenschaftler im Rahmen des Projekts beantworten wollen. „Da wir vier Pflanzen- und drei Tierarten untersuchen, kann man von einer ökologischen Gemeinschaft sprechen“, erklärt Florian Steiner. „Uns interessiert, ob sich die Pflanzen und Tiere einzeln und zufällig in den inneralpinen Trockengebieten angesiedelt haben oder ob sie gemeinsam als eine ökologische Gemeinschaft gewandert sind.“

Diese Frage ist eine alte Frage der Biogeografie, die bis heute nicht ausreichend beantwortet werden konnte. Einen Grund dafür sehen die beiden Wissenschaftler auch in der immer stärkeren Spezialisierung innerhalb der Biologie: „Eine vergleichbare Zusammenarbeit zwischen Tier- und Pflanzenexperten gab es in diesem Umfang noch nie. Wir hoffen, dass unser gemeinsamer Ansatz hier Klarheit schaffen kann.“

sr

„Uns interessiert, ob sich die Pflanzen und Tiere einzeln und zufällig in den inneralpinen Trockengebieten angesiedelt haben.“

Florian Steiner