



Genomic insights into the vulnerability of sympatric whitefish species flocks

20 décembre 2018 |

Diese Studie liefert eine genomische Analyse (basierend auf 16,173 RAD Loci) der alpinen Felchen des Walensees und des Zürichsees. Philine und Ole zeigen, dass es mit so vielen Markern möglich ist, sympatrische Felchenarten eindeutig zu unterscheiden. Dies ermöglichte ihnen dann, zu zeigen, dass in beiden Seen die Populationen von unterschiedlichen, aber ökologisch ähnlichen, Felchen Arten nach einer Periode der Eutrophikation zurückgingen.

Sie haben desweiteren genomische Signaturen gefunden, die auf Hybridisierung hinweisen, die im stärker belasteten Zürichsee stärker ausfällt. Ausserdem haben sie auch vier genomische Loci gefunden, die zeigen, dass es parallele divergente Anpassungen zwischen der benthischen, im Flachwasser lebenden Art und den zwei im tieferen Wasser lebenden Arten gibt. Die genomische Analyse gibt einen klaren Hinweis darauf, dass divergente natürliche Selektion zwischen den sympatrischen Felchenarten in prä-alpinen Seen wichtig ist für die Evolution und die Erhaltung der Arten und dass sie stark auf anthropogene Änderung der Umwelt reagieren.

Links

Publication originale

Contact



Philine Feulner

Tel. +41 58 765 2106

philine.feulner@eawag.ch

<https://www.eawag.ch/fr/portail/dinfo/actualites/news-archives/detail-de-larchive/genomic-insights-into-the-vulnerability-of-sympatric-whitefish-species-flocks-2>