

ABSTRACT

Genetic Variability in Black Grouse - What Actually is a «Population»? (*)

by

Arnd SCHREIBER¹

Conservation measures need to address the quality of both the habitats and of the few surviving specimens of a relict populaion. Genetic fitness is one of several criteria for assessing the conservation value of surviving individuals. Conservation genetics attempts to (i) preserve the species-specific allelic variation present in populations, and (ii) to recognize genetically distinctive populations deserving separate management.

Black grouse, on account of the instability of many aspects of their population biology, pose a comparatively serious challenge for these aims of genetic management : fluctuating population numbers, the polygynous promiscuity of sexually-selected lekking males, and the sometimes strong offspring mortality (probably implying markedly differential survival among clutches), result in strong reproductive variance among individuals. Genetic drift is thus expected to be high, and genetic polymorphisms may rapidly reach fixation by the loss of rare alleles. Rapid evolutionary microevolutionary changes are expected. Fragmentation of habitats and populations might maximize this development.

An introductory genetic screening of 95 black grouse (of Central European and Swedish origins), kept and bred for reintroduction at the Institut für Wildtierforschung (Hannover), provided first arguments that these expectations are actually fulfilled. This cooperative work, performed together with T. WEITZEL (Heidelberg) and E. STRAUB (Hannover), revealed relatively low allozyme variation over 38 genetic loci. Multi-locus heterozygosity grouped with the lower heterozygosity values published for other lekking grouse species (prairie chickens, sharp-tailed grouse), rather than with heterozygosity estimates on non-lekking tetraonids. Moreover, population hybrids bred from founders derived from different localities in Central Europe produced heavier egg masses than «pure-bred» population lineages from one import locality (E. STRAUB). This heterotic increase of egg masses suggests previous genetic lineage divergence. Absolute allozyme-genetic distance among the narrowly founded and questionably population-representative breeding lineages from Bavaria, the Netherlands, or Sweden were slight indeed. Different grouse

(*) Poster presented at the European meeting devoted to the Fate of Black Grouse (*Tetrao tetrix*) in European Moors and Heathlands, Liège, Belgium, 26-29 September 2000

¹ Zoologisches Institut der Universität Heidelberg

imported from the same general area in different years differed in certain allelic frequencies.

Temporal, short-term stratification of genotype frequencies, increasingly observed even in wildlife having a much more stable population biology, might complicate population-genetic work on the necessarily tiny sample sizes from Central European black grouse, if distorted results from inadequate sampling are to be avoided.

This hypothesis derived from our less than optimal study material (captive bred grouse, few founders from different origins each) needs confirmation by broader sampling of autochthonous, abundant populations. Model investigations into the temporal stability of genetic marker frequencies are suggested in such abundant populations, before polymorphic markers can contribute to the genetic management of almost-extinct relict stocks, especially as to their suitability for defining genetically distinctive geographical populations as management units. Based on our experience with genetic screening of other wildlife species, we suggest the combination of oligo- and polyallelic polymorphic systems to estimate the long-term predictive value of the different market classes.

La variabilité génétique chez le Tétrás lyre : qu'est-ce réellement qu'une « population » ?

Les mesures de conservation doivent s'appuyer tant sur la qualité des habitats que sur celle des quelques spécimens survivants d'une population relique. L'aptitude génétique est un des critères nécessaires à l'estimation de la valeur, en matière de conservation, des sujets qui subsistent. Une conservation fondée sur la génétique doit tendre

- (1) à préserver la variation allélique présente dans l'ensemble des populations de l'espèce considérée et
- (2) à identifier les populations génétiquement distinctes méritant une gestion particulière.

Le Tétrás lyre, en raison de l'instabilité de nombreux aspects de la biologie de ses populations, constitue un défi sérieux pour les besoins d'une telle gestion génétique : la fluctuation des effectifs d'une population donnée, la promiscuité polygynique sur les arènes de parade de mâles en compétition sexuelle, la mortalité parfois importante des poussins (impliquant probablement des différences marquées des taux de survie entre les couvées) conduisent à une forte disparité du succès reproducteur des individus. On peut dès lors s'attendre à une importante dérive génétique tandis que les polymorphismes génétiques peuvent rapidement se figer par la perte d'allèles rares. Des changements microévolutionnaires peuvent se manifester rapidement. La fragmentation des habitats et des populations devrait accentuer ces développements.

Les premiers arguments étayant ces prédictions existent aujourd'hui grâce à un examen génétique d'un lot de 95 Tétràs lyre originaires d'Europe Centrale et de Suède, réunis et élevés à l'Institut de Recherche sur la Faune Sauvage de Hanovre en vue de réintroductions futures. Ce travail, mené en collaboration avec T. WEIRZEL (Heidelberg) et E. STRAUSS (Hanovre), révèle pour 38 loci une relativement basse variation allozyme. Cette hétérozygotie multi-locus évoque les valeurs hétérozygotiques basses publiées à propos d'autres tétraonidés pratiquant, comme le Tétràs lyre, la compétition sexuelle sur des arènes de parade (Tétràs des prairies *Tympanuchus cupido* et Tétràs à queue fine *T. phasianellus*) plutôt que les valeurs hétérozygotiques estimées chez des tétraonidés ne paradant pas en arènes. Par ailleurs, une population mélangée élevée à partir de fondateurs issus de diverses localités d'Europe Centrale ont produit des poids d'œufs supérieurs à ceux de lignages endogames issus d'une seule population (STRAUSS). Cet accroissement hétérotique de la masse d'œufs suggère une divergence antérieure des lignages génétiques. La distance génético-allozyme absolue au sein de la population de souche étroite précitée et de populations reproductrices censées représentatives de lignages issus de Bavière, des Pays-Bas ou de Suède était effectivement faible. Des Tétràs importés en différentes années de ces mêmes régions différaient dans certaines fréquences alléliques. Une stratification temporelle à court terme des fréquences génotypiques, observée de plus en plus souvent même chez des espèces sauvages ayant une biologie des populations bien plus stable, pourrait compliquer les recherches de génétique des populations de Tétràs d'Europe Centrale qui reposent nécessairement sur des échantillons ténus, si l'on veut éviter une distorsion des résultats basés sur un échantillonnage inadéquat.

Cette hypothèse découlant de l'étude de notre échantillon, bien loin d'être optimal (tétràs élevés en captivité, petit nombre de géniteurs fondateurs chacun d'origine différente), nécessite une confirmation fondée sur un échantillon plus large au départ de populations autochtones abondantes. Avant que les marqueurs polymorphiques puissent contribuer à la gestion génétique d'isolats de populations quasi éteintes, il est suggéré de mettre en œuvre dans des populations encore abondantes des modèles d'investigations relatifs à la stabilité temporelle des fréquences des marqueurs génétiques, en particulier quant à la pertinence de ces derniers pour définir comme unités de gestion des populations géographiques génétiquement distinctes. Nous fondant sur notre expérience acquise en travaillant sur d'autres espèces sauvages, nous suggérons de recourir à une combinaison de systèmes polymorphiques ô-oligo- et polyalléliques, pour estimer la valeur prédictive des différentes classes de marqueurs.

Mots clés : *Tetrao tetrix*, Tétràs lyre, Marqueurs génétiques, Gestion génétique, populations reliques.



De gauche à droite : Olivier CHARLET, Maggy KEIRSSHIETER, Anne-Marie MASSIN, Véronique MAES-HUSTINX, Lucien HANON. Photo M. LONEUX



De gauche à droite : Simonetta FUSER, Michel LETOCART, Jean WIART, Georges TOURY. Photo M. LONEUX