

Abstract

Combining genetics, landscape ecology and simulations to inform conservation of two alpine grouse species

Florian Kunz

Within the current era of rapid biodiversity loss, the long-term preservation of wildlife populations and their genetic integrity stands as a main goal of conservation and sustainable development, as noted by the Convention on Biological Diversity and the United Nations Sustainable Development Goals. Thereby, indicator species are especially suited, as these species are representative for the diversity of whole ecosystems. Eastern Alpine Black Grouse (*Lyrurus tetrix*) and Black Forest Western Capercaillie (*Tetrao urogallus*) are two such species.

While Eastern Alpine Black Grouse are threatened with range contraction and already suffered from local extinctions, Black Forest Capercaillie have experienced a dramatic decline from about 8000 individuals to less than 200 left in the past decades. Both metapopulation systems therefore call for an effective design of conservation strategies. Hence, within my doctoral studies I conducted analyses of genetic diversity and population structure, paired with landscape ecological modelling and statistical simulations, to investigate burning questions of conservation genetics and derive applicable management actions. I found slight effects of isolation between subpopulations for Black Grouse and pronounced effects between subpopulations for Capercaillie. Initiated by these results, I studied whether the observed genetic structure for Black Grouse is in some way affected by the underlying landscape and found spatial genetic variation to be partially driven by the landscape's resistance. As such analyses are however snapshots in time, I further looked into genetic differentiation over time. I therefore build simulations projecting genetic differentiation driven by migration rates from past to present to future, and applied realistic yet hypothetical scenarios.

By making use of newly developed approaches combined with well-established methods, I was able to disentangle landscape ecological drivers of the spatial genetic variation. The simulation built for Capercaillie can be readily applied to test any further scenario, including the effectiveness of conservation strategies. The studies within my thesis have all been mission-driven and were directly informed by practitioners' needs. As such, some results were already implemented into state-wise landscape planning. Ultimately, combating the biodiversity crisis will only be successful through a collaboration of science and practice.

Kunz F (2024) Kombination von Genetik, Landschaftsökologie und Populations-simulationen für die Erhaltung zweier alpiner Raufußhuhnarten.

Vor dem Hintergrund der gegenwärtigen Biodiversitätskrise ist der langfristige Erhalt von Wildtierpopulationen und deren genetischer Diversität eines der Hauptziele der nachhaltigen Entwicklung. Hierbei sind vor allem Indikatorarten besonders geeignet, welche repräsentativ für die Diversität ganzer Ökosysteme stehen. Die Metapopulation des Birkhuhns (*Lyrurus tetrix*) in der Steiermark sowie die Metapopulation des Auerhuhns (*Tetrao urogallus*) im Schwarzwald sind dabei besonders relevant.

Während es in der Steiermark bereits zu Aussterbeereignissen der Randpopulationen an der östlichsten Verbreitungsgrenze der alpinen Vorkommen gekommen ist, haben die Auerhühner im Schwarzwald einen dramatischen Rückgang der Populationszahlen im letzten Jahrhundert von circa 8000 Individuen auf weniger als 200 Individuen zu verzeichnen. Beide Metapopulationen brauchen deshalb effektive und wissenschaftsbasierte Strategien zur Sicherstellung der langfristigen Erhaltung. In meiner Doktorarbeit habe ich mich daher mit der genetischen Diversität und Populationsstruktur der beiden Metapopulationen befasst. Mittels statistischer und räumlich-expliziter Modelle wird der zugrundeliegenden Frage nachgegangen, ob die räumliche genetische Variation einer

Metapopulation von der Landschaft beeinflusst ist. Für die Steirischen Birkhühner konnten trotz einer generell hohen genetischen Diversität Effekte der Isolation durch Widerstände in der Landschaft gefunden werden. Analysen dieser Art sind meist nur Momentaufnahmen ohne zeitlichen Bezug, weshalb weiterführend untersucht wurde, wie sich genetische Differenzierung über große Zeiträume durch Migrationsraten bedingt entwickelt. Hierfür wurden Simulationen mit Populationsmodellen erstellt und realistische zukünftige Szenarien entwickelt und miteinander verglichen. Durch die Verwendung neuer analytischer Ansätze zusammen mit gut etablierten Methoden erweitert diese Arbeit unser Verständnis von Metapopulationen und deren genetische Prozesse. Alle Studien innerhalb dieser Arbeit wurden dabei zusammen mit dem praktischen Management initiiert und die Ergebnisse fanden entsprechend Eingang in Naturschutzkonzepte und -strategien. Schlussendlich kann die Biodiversitätskrise nur durch eine effektive Zusammenarbeit von Wissenschaft und Praxis bewältigt werden.

Keywords: *Lyrurus tetrrix*, *Tetrao urogallus*, conservation, genetics, ecology.

Received: 2024 03 20

Address:

Florian Kunz, E-Mail: florian.kunz@boku.ac.at
Institute of Wildlife Biology and Game Management, Department of Integrative
Biology and Biodiversity Research, University of Natural Resources and Life Sciences,
A-1180 Vienna, Austria.