



## GenoECCMaC

## Genomic signatures of range expansion and habitat shift over a century of climate change in the Mangrove crab *Aratus pisonii*

### Project description

Global climate change causes the distribution ranges of many animal and plant species worldwide to expand, shrink, or shift. Modeling studies show that in particular rapid distribution changes may lead to severe losses of genetic diversity of the shifting species. At the same time, genetic diversity is recognized as a key factor defining a species' potential to adapt to environmental change.

Within the project "GenoECCMaC", we investigate the links between climate change-induced habitat expansions and genetic diversity in marine invertebrate species. The Mangrove tree crab *Aratus pisonii* serves as study system. The distribution limit of this species moved northwards along the Atlantic coast of Florida by ca. 60 km per decade since the early 20<sup>th</sup> century. In the course of this expansion, *A. pisonii* additionally performed a habitat shift, and since about 10 years, it establishes in salt marsh habitats north of the northern distribution limit of mangrove trees.

Using high throughput-sequencing, we compile genetic profiles of individuals from the species' entire distribution range, based on up to several hundred markers per individual crab.

We combine data from recent populations with historical sequence data (hDNA) obtained from crabs in museum collections that were collected up to 140 years ago.

### KEY DATA

**ZMT Contacts:** Dr. Jonas Geburzi (WG Mangrove Ecology)

**Department:** Ecology

**Cooperation Partners:** Prof. Gonzalo Giribet (Harvard University, Cambridge MA), Prof. Ulf Mehlig, Prof. Marcelo Vallinoto (UFPA, Bragança);  
Museum Collections: AMNH (New York), FM (Chicago), FMNH (Gainesville), LIB (Hamburg), MCZ (Cambridge MA), SMF (Frankfurt), USNHM (Washington DC), YPM (New Haven)

**Partner Countries:** USA, Brazil

**Research Locations:** Florida, Georgia (USA); Northern Brazil

**Project Duration:** 15 April 2021 – 31 July 2023

**Funding:** DFG (Walter Benjamin-Programme)

**ZMT Programme Area:** PA 2 – Global change impacts and social-ecological impacts

By this approach, we are able to detect and analyze changes of genetic diversity on both, spatial and temporal scales, covering micro-evolutionary significant time spans. Based on the obtained genetic data, we finally aim to compile species distribution models that take into account potential future changes of genetic diversity under various climate change scenarios.

Funded by

**DFG** Deutsche  
Forschungsgemeinschaft  
German Research Foundation



# GenoECCMaC

## Genomische Signaturen von Arealerweiterung und Habitatwechsel der Mangrovenkrabbe *Aratus pisonii* über 100 Jahre Klimawandel

### Projektbeschreibung

In Folge des globalen Klimawandels vergrößern, verkleinern und verschieben sich weltweit die Verbreitungsgebiete zahlreicher Tier- und Pflanzenarten. Modellierungsstudien zeigen, dass vor allem schnelle Arealveränderungen zu einem massiven Verlust genetischer Diversität bei betroffenen Arten führen können. Gleichzeitig ist genetische Diversität ein zentraler Faktor der die Fähigkeit von Arten, sich an Umweltveränderungen anzupassen definiert. Im Projekt "GenoECCMaC" untersuchen wir Zusammenhänge zwischen klimawandel-induzierten Arealerweiterungen und genetischer Diversität bei marinen Wirbellosen. Als Modellsystem dient die Mangrovenkrabbe *Aratus pisonii*, deren Verbreitungsgrenze an der Atlantikküste Floridas sich seit Beginn des 20. Jahrhunderts um ca. 60 km pro Dekade nach Norden verschoben hat. Dabei hat *A. pisonii* zusätzlich einen Habitatwechsel vollzogen und etabliert sich seit ca. 10 Jahren auch in Salzmarschen nördlich der Verbreitungsgrenze von Mangrovenbäumen.

Mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung erstellen wir genetische Profile für Individuen aus dem gesamten Verbreitungsgebiet der Art, auf der Basis von mehreren hundert genetischen Markern pro Individuum.

Wir kombinieren dabei Daten aus rezenten Populationen mit historischen Sequenzdaten (hDNA) von bis zu 140 Jahre alten Krabben aus wissenschaftlichen Sammlungen und können

### SCHLÜSSELDATEN

**ZMT-Kontakte:** Dr. Jonas Geburzi (AG Mangrovenökologie)

**Abteilung:** Ökologie

**Kooperationspartner:** Prof. Gonzalo Giribet (Harvard Universität, Cambridge MA), Prof. Ulf Mehlig, Prof. Marcelo Vallinoto (UFPA, Bragança);  
**Museumssammlungen:** AMNH (New York), FM (Chicago), FMNH (Gainesville), LIB (Hamburg), MCZ (Cambridge MA), SMF (Frankfurt), USNHM (Washington DC), YPM (New Haven)

**Partnerländer:** USA, Brasilien

**Forschungsstandorte:** Florida, Georgia (USA); Nord-Brasilien

**Projektdauer:** 15. April 2021 – 31. Juli 2023

**Förderung:** DFG (Walter Benjamin-Programm)

**ZMT-Programmbereich:** PB 2 – Auswirkungen globaler Veränderungen und sozialökologische Reaktionen

so Veränderungen von genetischer Diversität und Populationsstruktur auf räumlicher und zeitlicher Ebene darstellen.

Auf Basis dieser Daten sollen schließlich Verbreitungsmodelle erstellt werden, die potenzielle Veränderungen der genetischen Diversität unter verschiedenen Klimawandel-Szenarien berücksichtigen.

Gefördert durch

**DFG** Deutsche  
Forschungsgemeinschaft