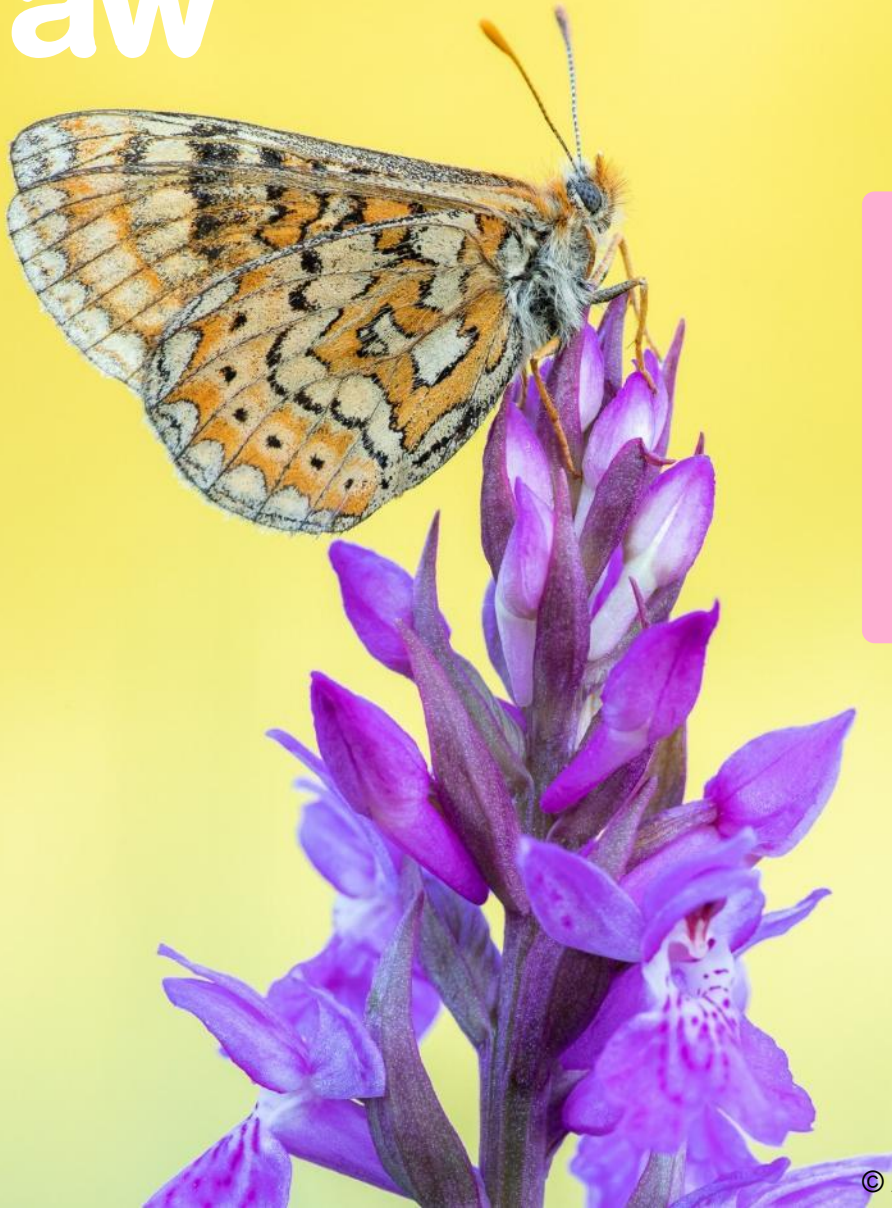


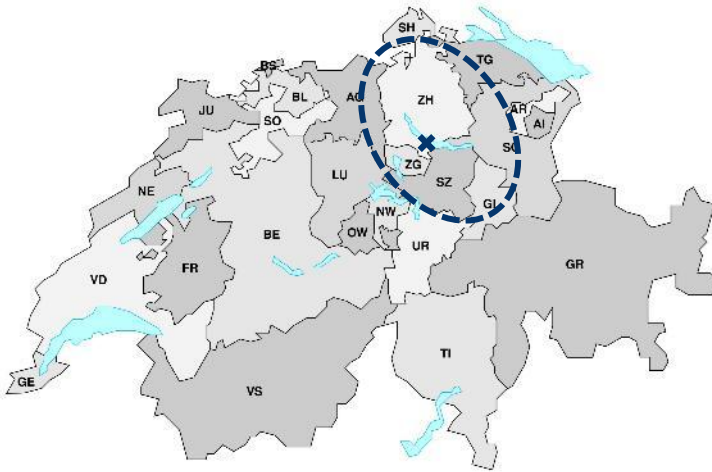


Populationsgenetik des Skabiosen-Scheckenfalters (*Euphydryas aurinia*) im Grossraum Zürichsee, Schweiz

28. UFZ–Workshop zur Populationsbiologie von Tagfaltern & Widderchen

Wer steht hinter dem Projekt?

- **ZHAW** Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften
- **FORNAT AG** (Andreas Hofstetter)
- **Swiss Butterfly Conservation** (Goran Dušej)
- Finanziert durch die Fachstellen Naturschutz der Kantone Zürich, St. Gallen, Schwyz, Zug und Glarus.



Schweizerkarte: © Christian Pauschert / Adobe Stock



© Andreas Hofstetter



© Andreas Hofstetter

Unsere Forschungsthemen

- Wie steht es um die **genetische Diversität** und die **Konnektivität** zwischen ausgewählten Vorkommen von *E. aurinia*?



© Andreas Hofstetter

Unsere Forschungsthemen

- Wie steht es um die **genetische Diversität** und die **Konnektivität** zwischen ausgewählten Vorkommen von *E. aurinia*?
- Gibt es isolierte Populationen mit **reduziertem Genfluss**?



© Andreas Hofstetter

Unsere Forschungsthemen

- Wie steht es um die **genetische Diversität** und die **Konnektivität** zwischen ausgewählten Vorkommen von *E. aurinia*?
- Gibt es isolierte Populationen mit **reduziertem Genfluss**?
- Wie beeinflussen geografische **Distanz** und **Umweltfaktoren** (z. B. Landschaftsmerkmale) die genetische **Differenzierung**?



© Andreas Hofstetter

© Andreas Hofstetter

Unsere Forschungsthemen

- Wie steht es um die **genetische Diversität** und die **Konnektivität** zwischen ausgewählten Vorkommen von *E. aurinia*?
- Gibt es isolierte Populationen mit **reduziertem Genfluss**?
- Wie beeinflussen geografische **Distanz** und **Umweltfaktoren** (z. B. Landschaftsmerkmale) die genetische **Differenzierung**?
- **Grundlage für Schutz- und Vernetzungsmassnahmen** sowie für eine mögliche zukünftige Wiederholung genetischer Erhebungen



© Andreas Hofstetter

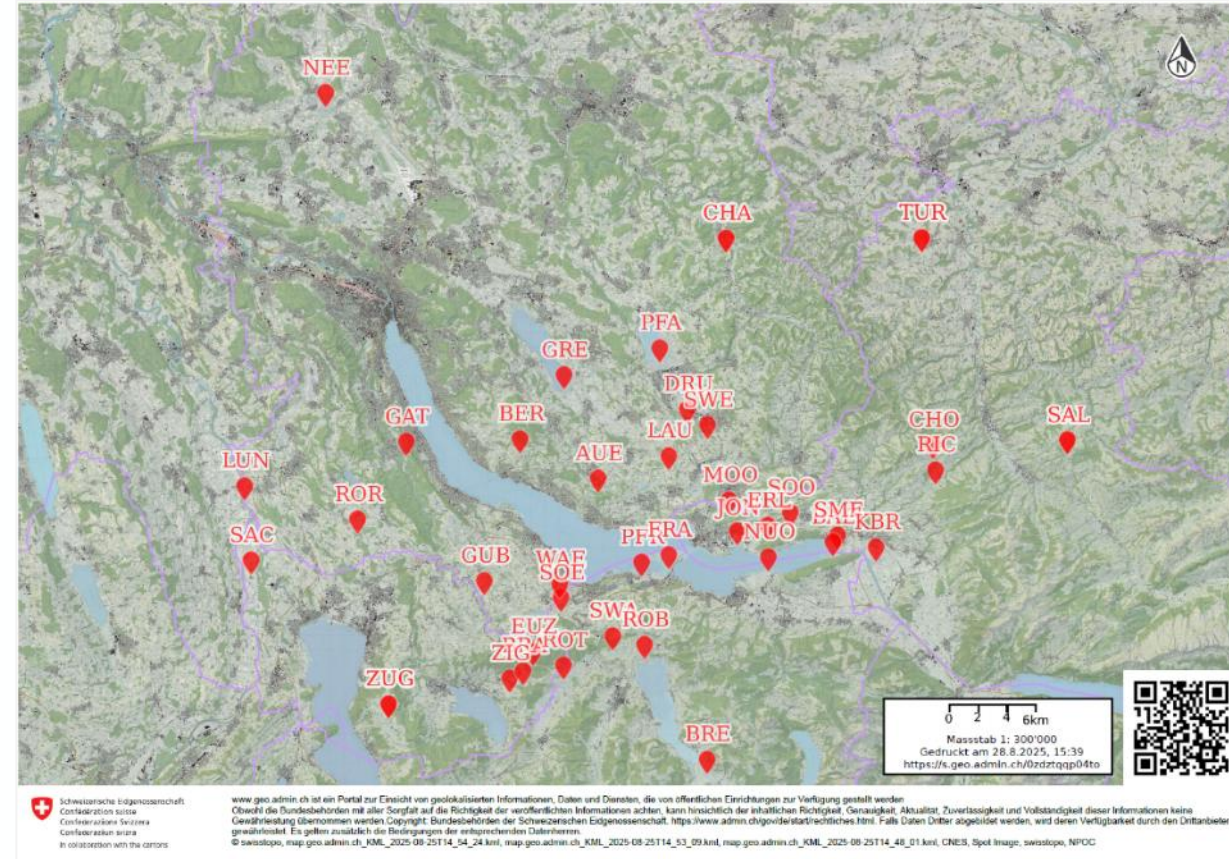
© Andreas Hofstetter

Untersuchungsgebiet & Analyse

- **38 Standorte** in unterschiedlichen topografischen Regionen beprobt

Untersuchungsgebiet & Analyse

- **38 Standorte** in unterschiedlichen topografischen Regionen beprobt



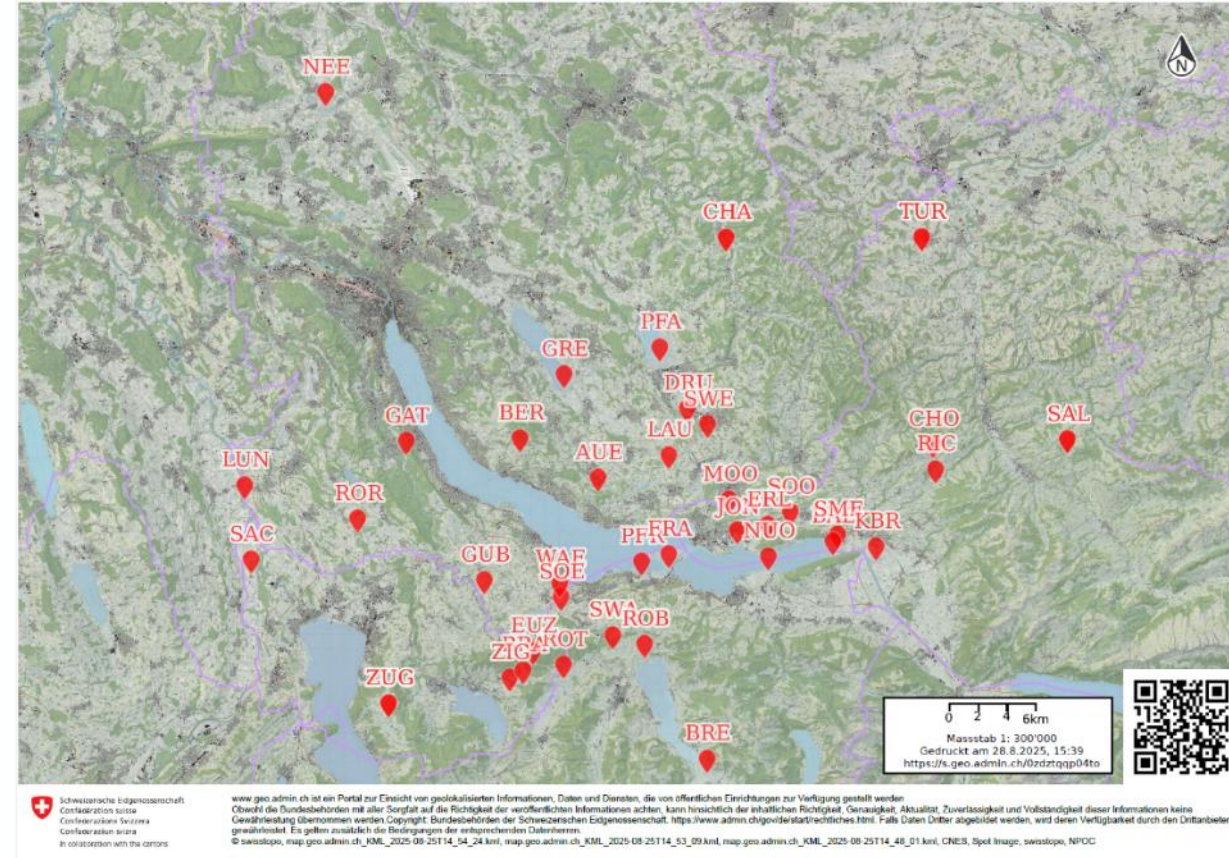
Untersuchungsgebiet und Probenahmestandorte. Hintergrundkarte © Swisstopo

Untersuchungsgebiet & Analyse

- **38 Standorte** in unterschiedlichen topografischen Regionen beprobt

→ 20 Raupen/Standort

→ Pro **Raupengespinst** nur **ein Individuum**, um Verwandtschaftsbeziehungen zu minimieren. (nicht immer möglich - teils mehrere Raupen pro Gespinst).



Untersuchungsgebiet und Probenahmestandorte. Hintergrundkarte © Swisstopo

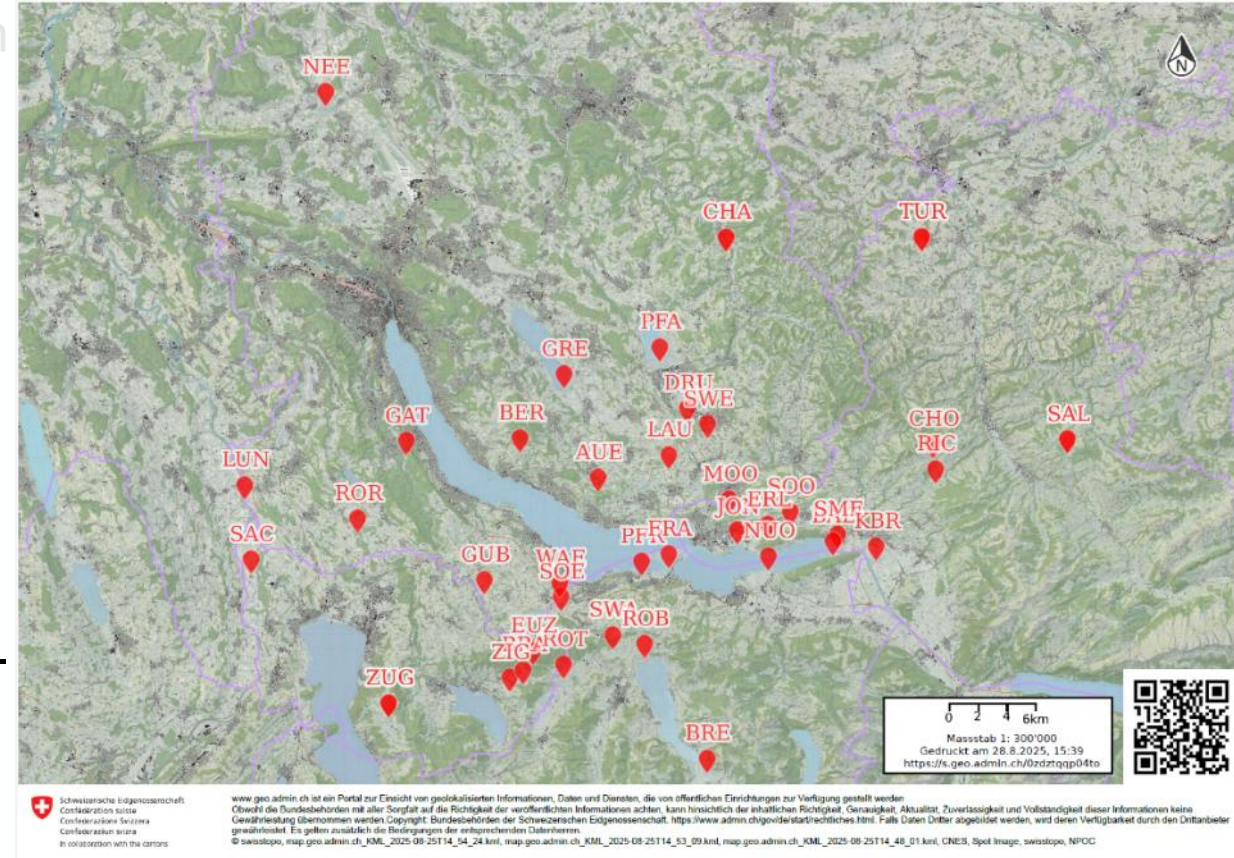
Untersuchungsgebiet & Analyse

- 38 Standorte in unterschiedlichen topografischen Regionen beprobt

→ 20 Raupen/Standort

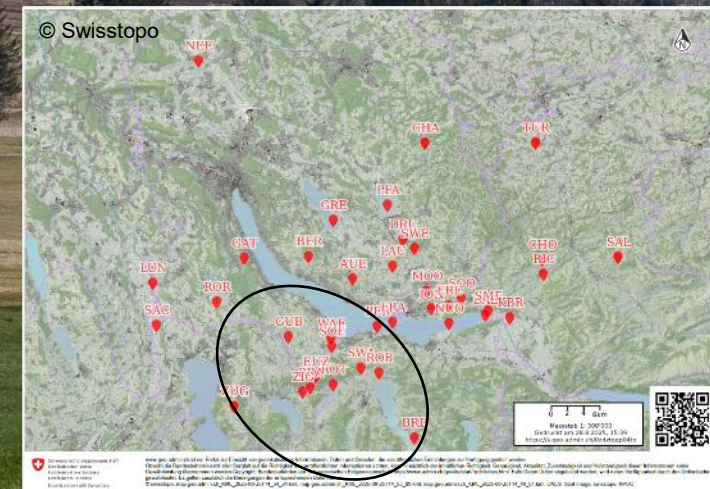
→ Pro Raupengespinst nur ein Individuum, um Verwandtschaftsbeziehungen zu minimieren. (nicht immer möglich - teils mehrere Raupen pro Gespinst).

- Total **709 Proben** für ein double digest restriction-site associated DNA sequencing (**ddRADseq**)
- Analyse mit ~7340 Einzelnukleotidpolymorphismen (**SNPs**)

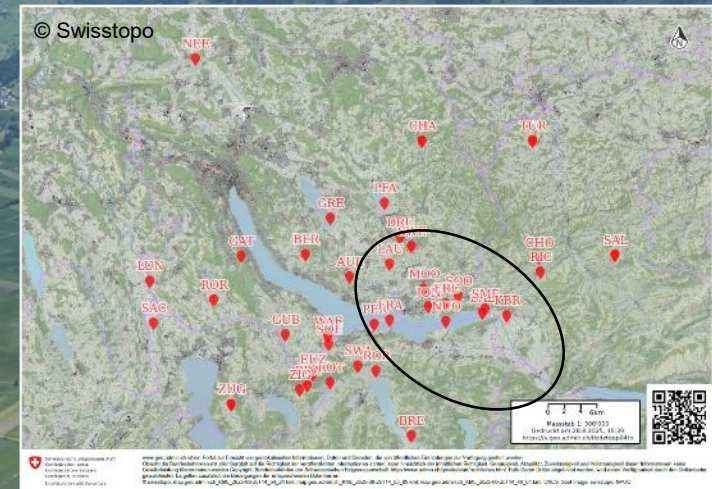


Untersuchungsgebiet und Probenahmestandorte. Hintergrundkarte © Swisstopo

Standorte befinden sich in verschiedenen Landschaften (Moorlandschaft Rothenthurm)



Standorte befinden sich in verschiedenen Landschaften (Linthebene angrenzend an Zürichsee)

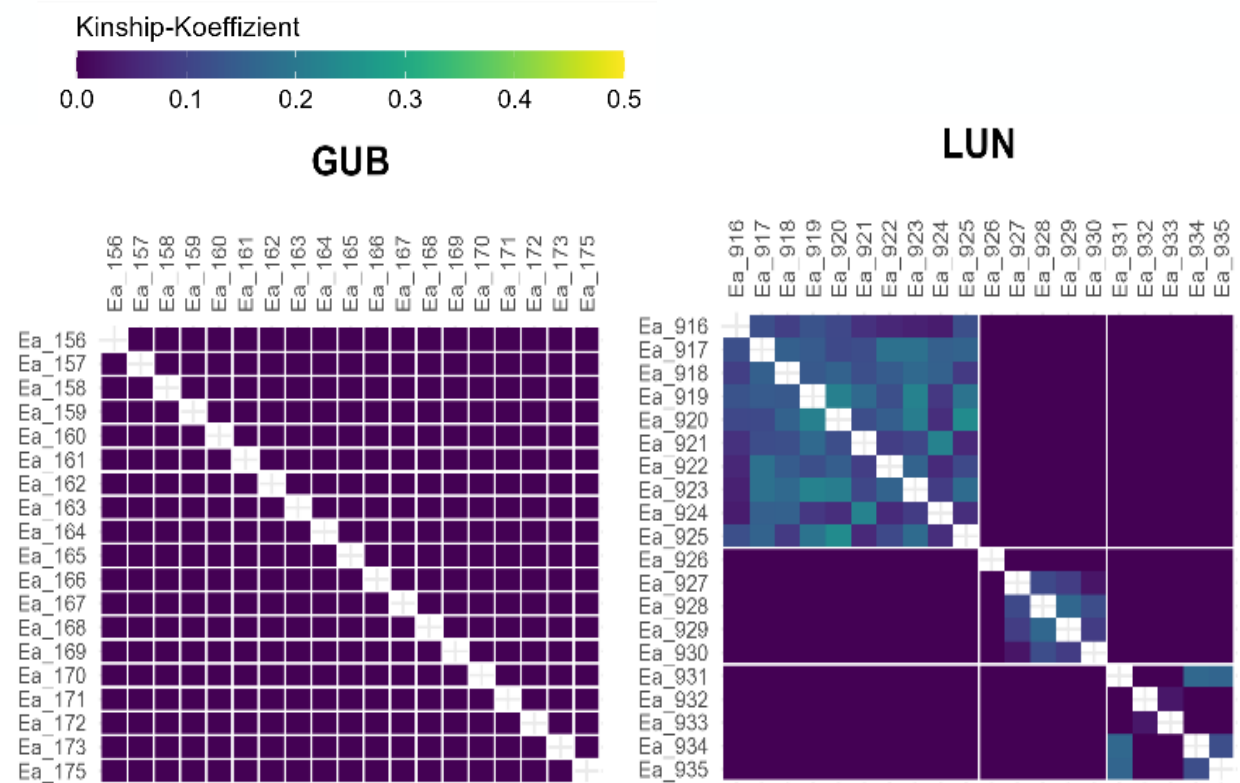


Verwandtschaften innerhalb des Gespinstes

- **Innerhalb** eines **Gespinstes** sind **Raupen eng verwandt** (Geschwister & Halbgeschwister)

Verwandtschaften innerhalb des Gespinstes

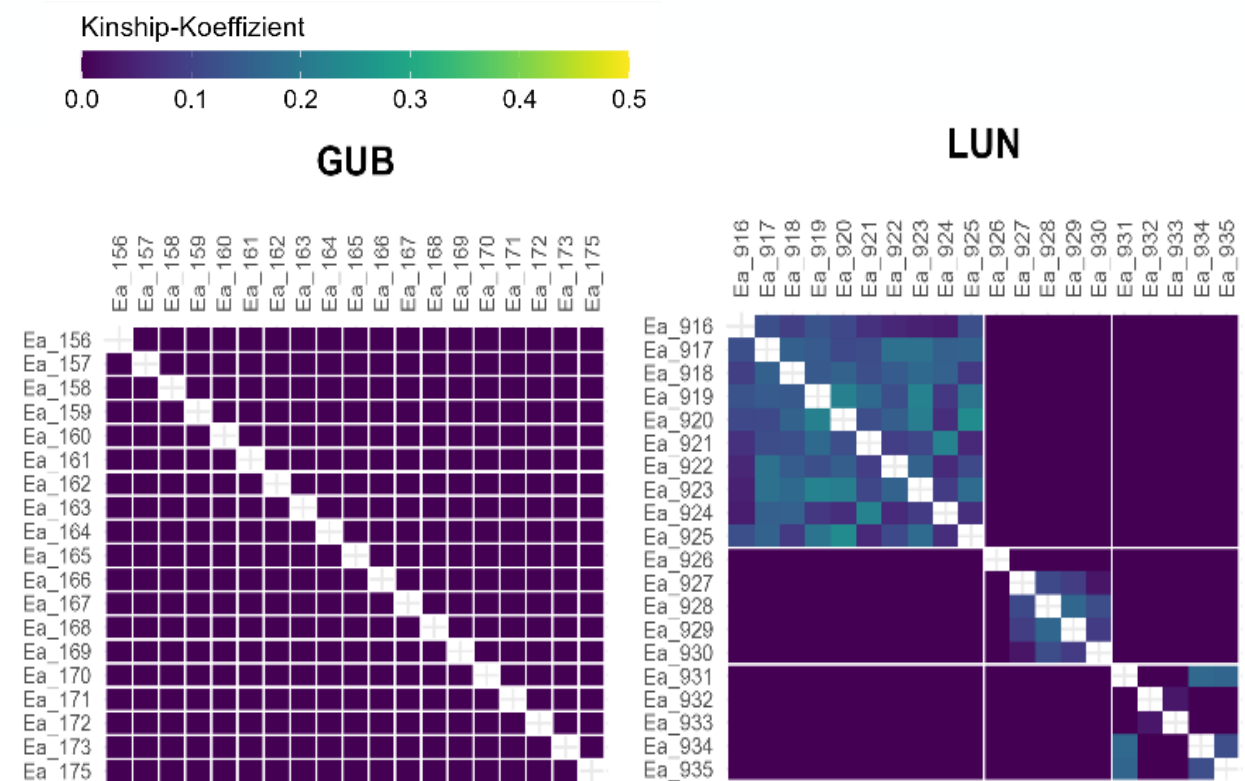
- Innerhalb eines **Gespinstes** sind **Raupen eng verwandt** (Geschwister & Halbgeschwister)



Korrelationsmatrix der paarweisen Kinship-Koeffizienten für zwei Standorte. Nester sind weiss abgegrenzt. Höhere Verwandtschaften erscheinen in blau-grün-gelben Farbtönen

Verwandtschaften innerhalb des Gespinstes

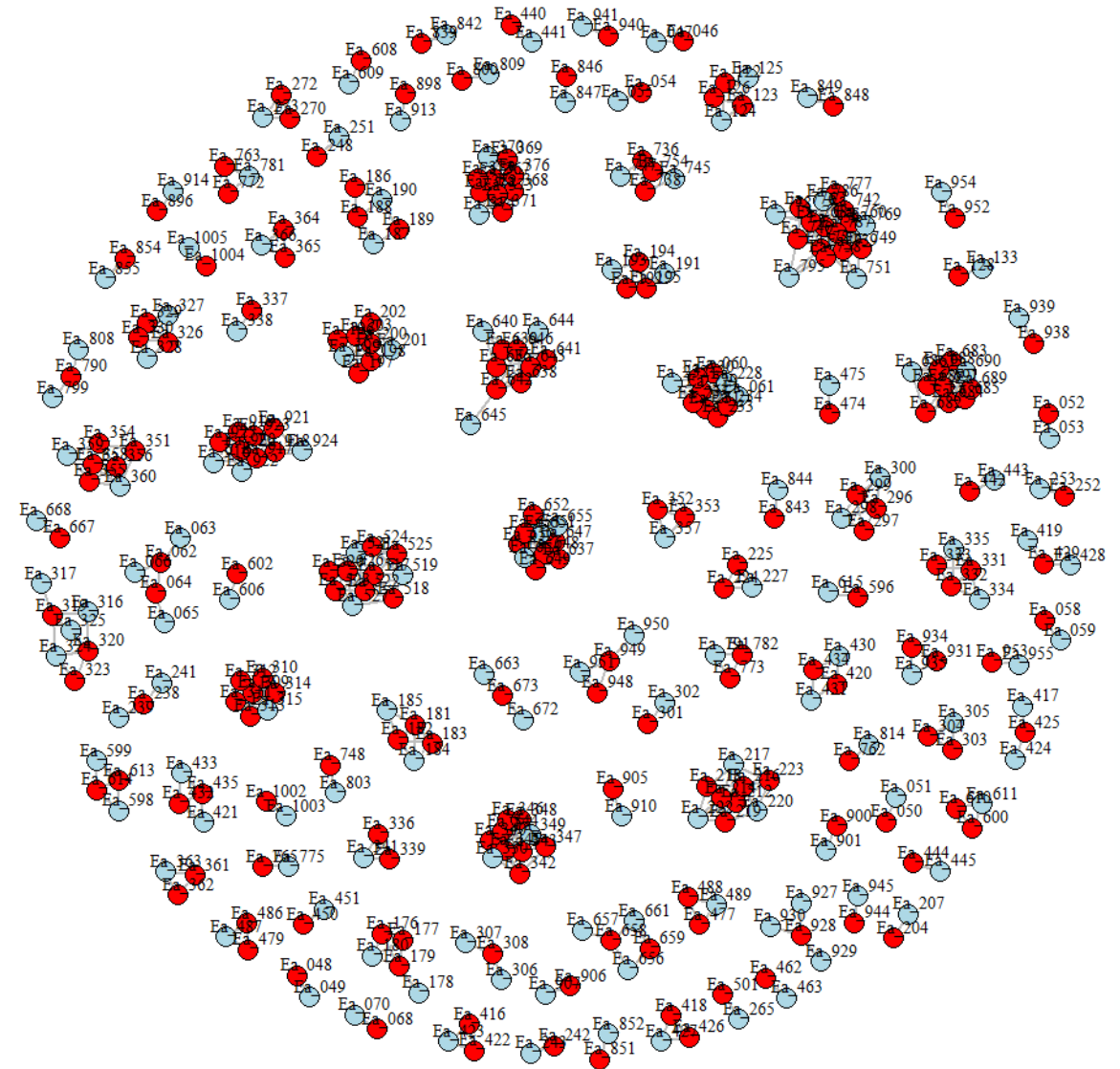
- Innerhalb eines **Gespinstes** sind **Raupen eng verwandt** (Geschwister & Halbgeschwister)
- Für Datenanalysen **problematisch**, wenn Proben aus gleichem Gespinst stammen



Korrelationsmatrix der paarweisen Kinship-Koeffizienten für zwei Standorte. Nester sind weiss abgegrenzt. Höhere Verwandtschaften erscheinen in blau-grün-gelben Farbtönen

Verwandtschaften innerhalb des Gespinstes

- Innerhalb eines Gespinstes sind Raupen eng verwandt (Geschwister & Halbgeschwister)
- Für Datenanalysen **problematisch**, wenn Proben aus gleichem Gespinst stammen
- Filterung von Verwandtschaft 1./2. Grades reduzierte Probenzahl von **709 auf 467**

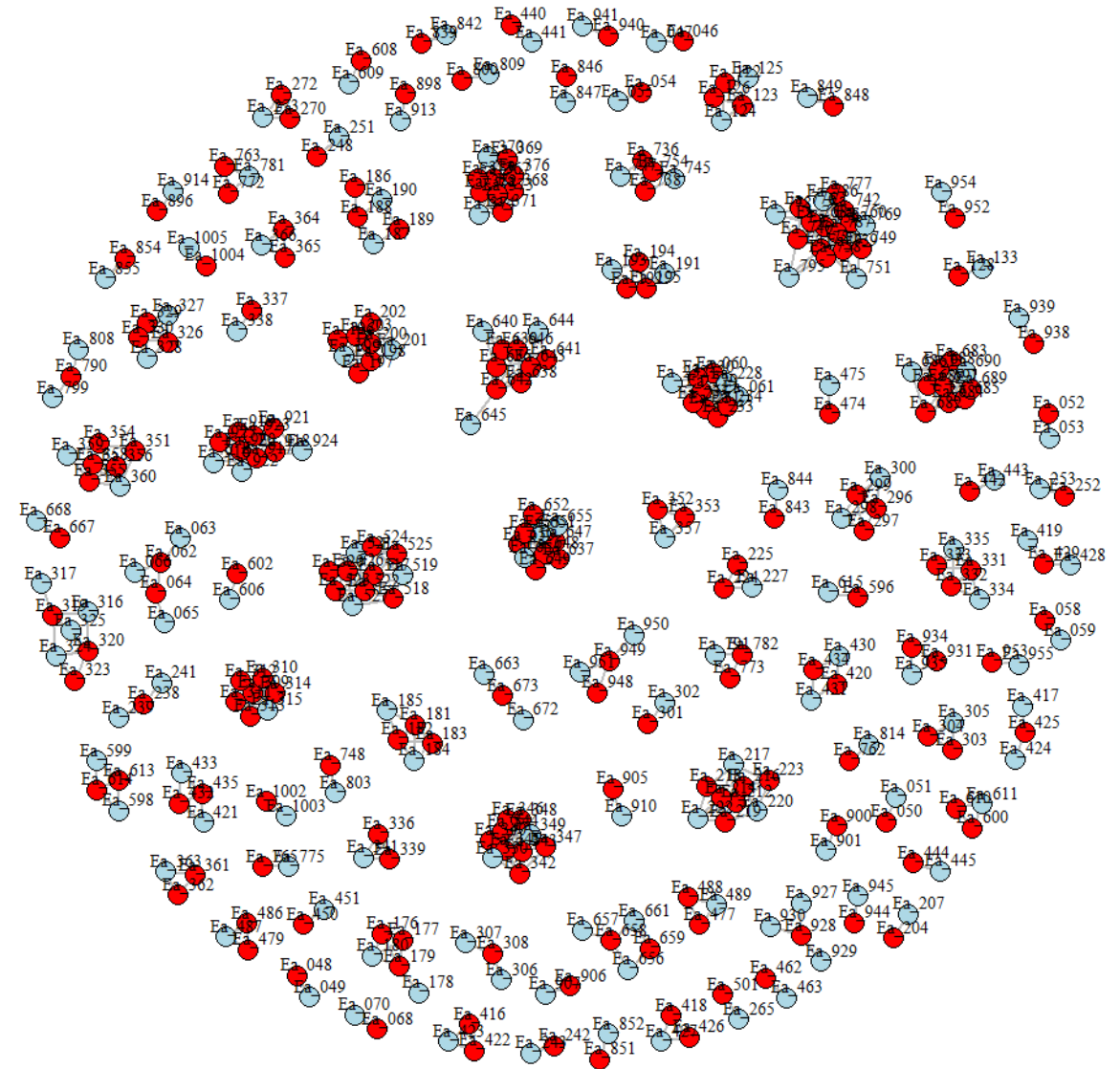


Verwandtschaften innerhalb des Gespinstes

- Innerhalb eines Gespinstes sind Raupen eng verwandt (Geschwister & Halbgeschwister)
- Für Datenanalysen **problematisch**, wenn Proben aus gleichem Gespinst stammen
- Filterung von Verwandtschaft 1./2. Grades reduzierte Probenzahl von **709 auf 467**



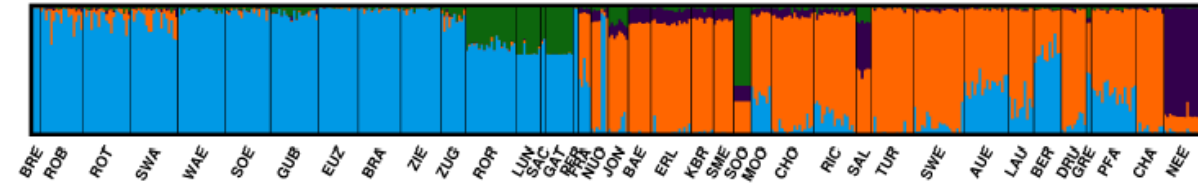
Fazit: Für genetische Analysen nur **eine Probe pro Gespinst**



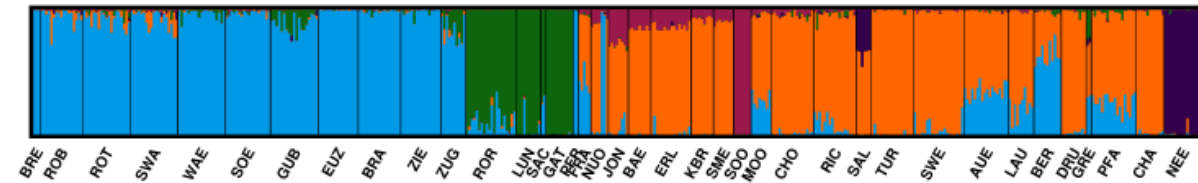
Ermitteln der Populationsstrukturen

- STRUCTURE schätzt die **wahrscheinlichste Anzahl genetischer Gruppen (K)**

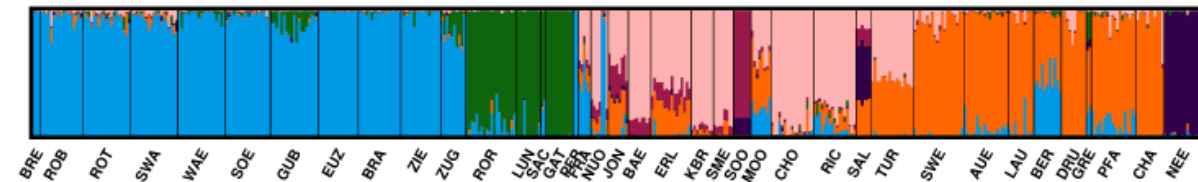
K=4



K=5



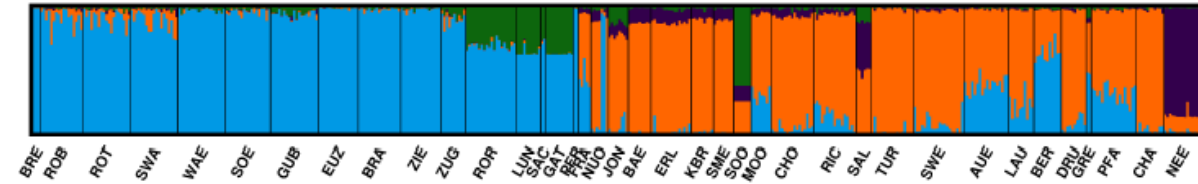
K=6



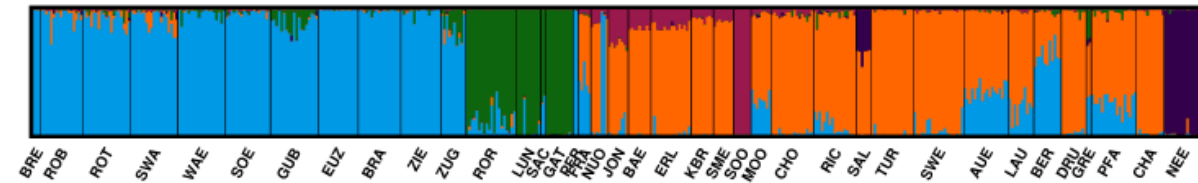
Ermitteln der Populationsstrukturen

- STRUCTURE schätzt die **wahrscheinlichste Anzahl genetischer Gruppen (K)**
- **Visualisiert Mischungsanteile** der Individuen

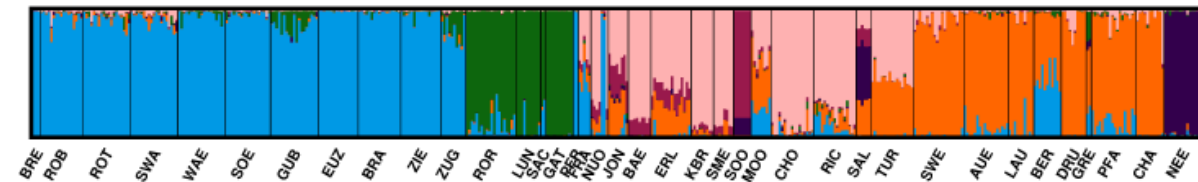
K=4



K=5



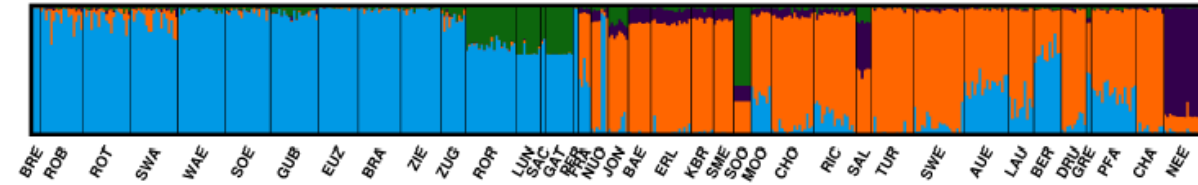
K=6



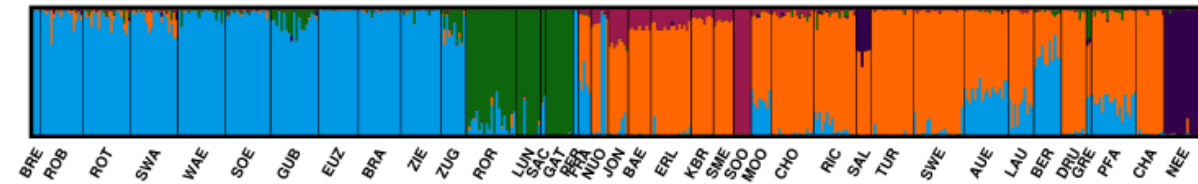
Ermitteln der Populationsstrukturen

- STRUCTURE schätzt die **wahrscheinlichste Anzahl genetischer Gruppen (K)**
- **Visualisiert Mischungsanteile** der Individuen
- **Limitationen:**
 - „Bestes“ K oft **unklar** bei schwachen/feinen Strukturen
 - **Populationsstrukturen** häufig **kontinuierlich** statt klar abgegrenzt

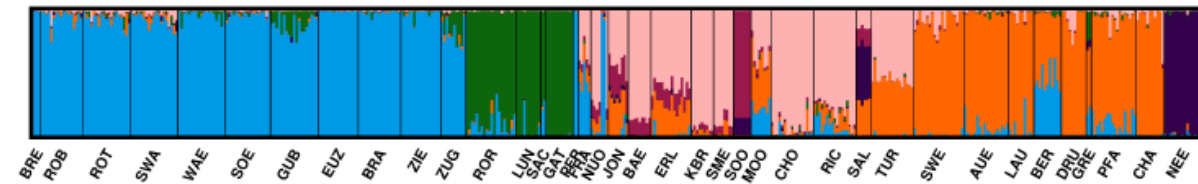
K=4



K=5



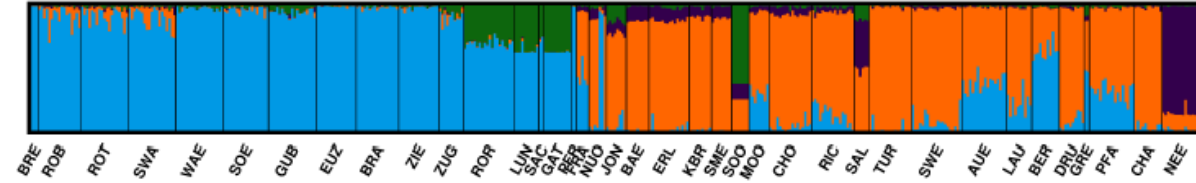
K=6



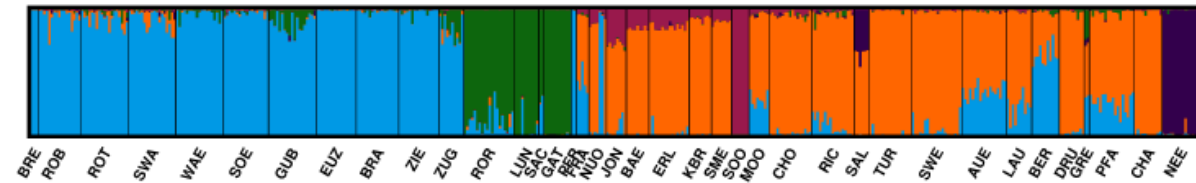
Ermitteln der Populationsstrukturen

- STRUCTURE schätzt die **wahrscheinlichste Anzahl genetischer Gruppen (K)**
 - **Visualisiert Mischungsanteile** der Individuen
 - **Limitationen:**
 - „Bestes“ K oft **unklar** bei schwachen/feinen Strukturen
 - **Populationsstrukturen** häufig **kontinuierlich** statt klar abgegrenzt
- 💡 **Interpretation** sollte durch weitere Analysen (z. B. PCA) und **biologische Kenntnisse** ergänzt werden

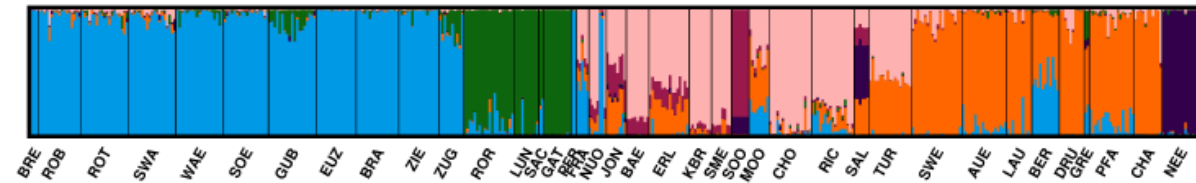
K=4



K=5

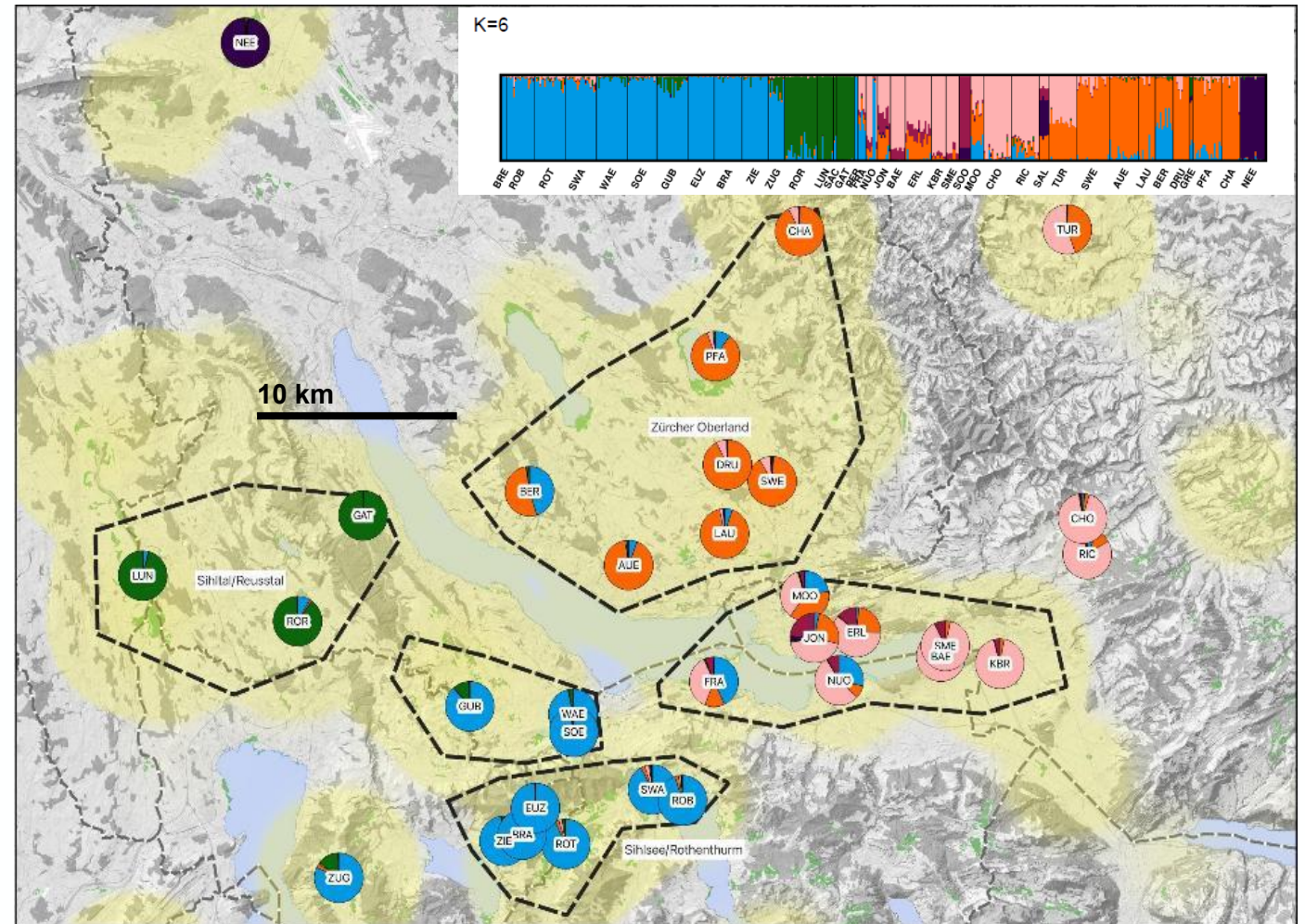


K=6



Populationsstrukturen

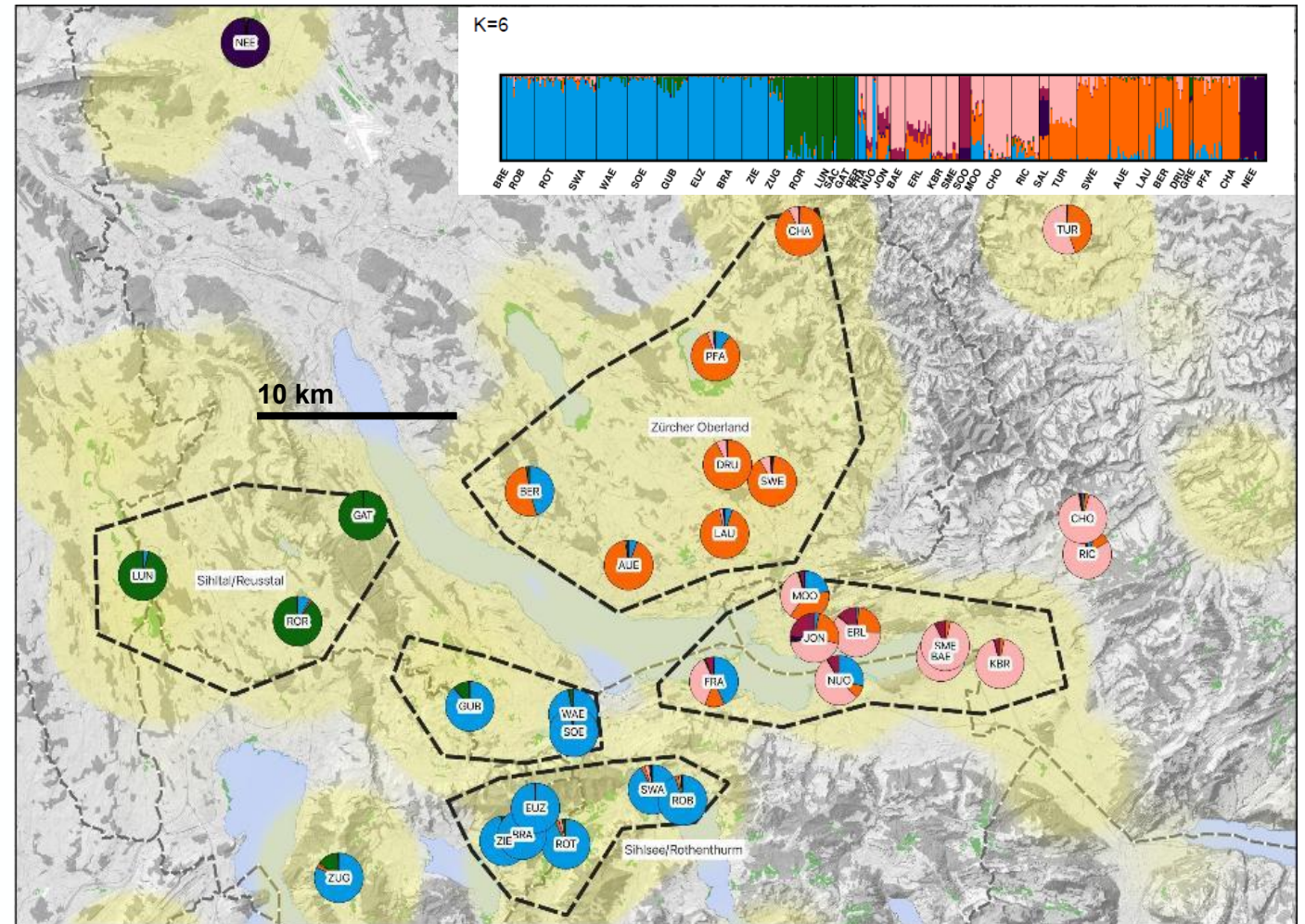
- ~ Fünf genetische Cluster



Kreisdiagramm mit Anteilen aus der jeweiligen genetischen Gruppe (STRUCTURE Analyse, K = 6) pro Standort; gelb: *E. aurinia*-Verbreitung nach 2000 © InfoFauna. Hintergrundkarten © swisstopo.

Populationsstrukturen

- ~ **Fünf genetische Cluster**
- Die Cluster **korrespondieren gut** mit **Landschaftsmerkmalen**
- Populationsstrukturen geben Hinweise auf **genetischen Austausch**

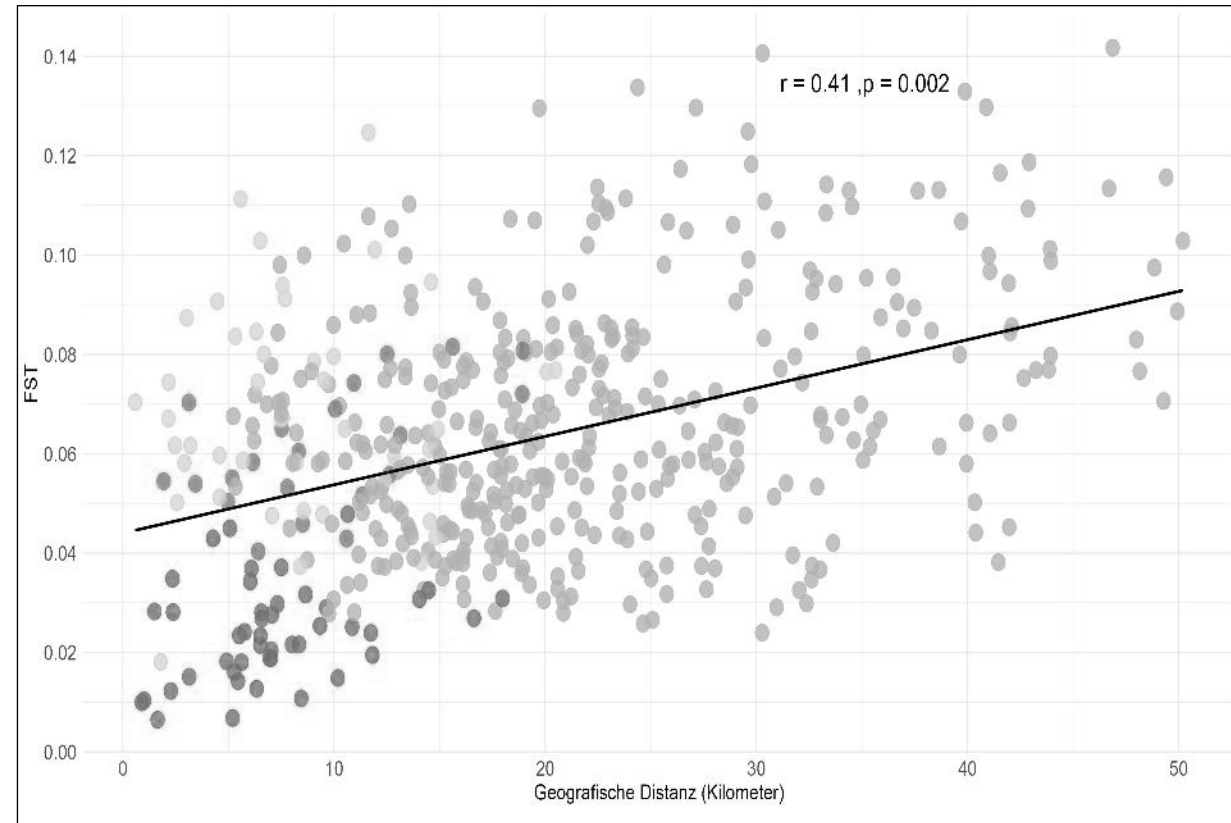


Kreisdiagramm mit Anteilen aus der jeweiligen genetischen Gruppe (STRUCTURE Analyse, K = 6) pro Standort; gelb: *E. aurinia*-Verbreitung nach 2000 © InfoFauna. Hintergrundkarten © swisstopo.

Genetische Differenzierung zwischen Vorkommen

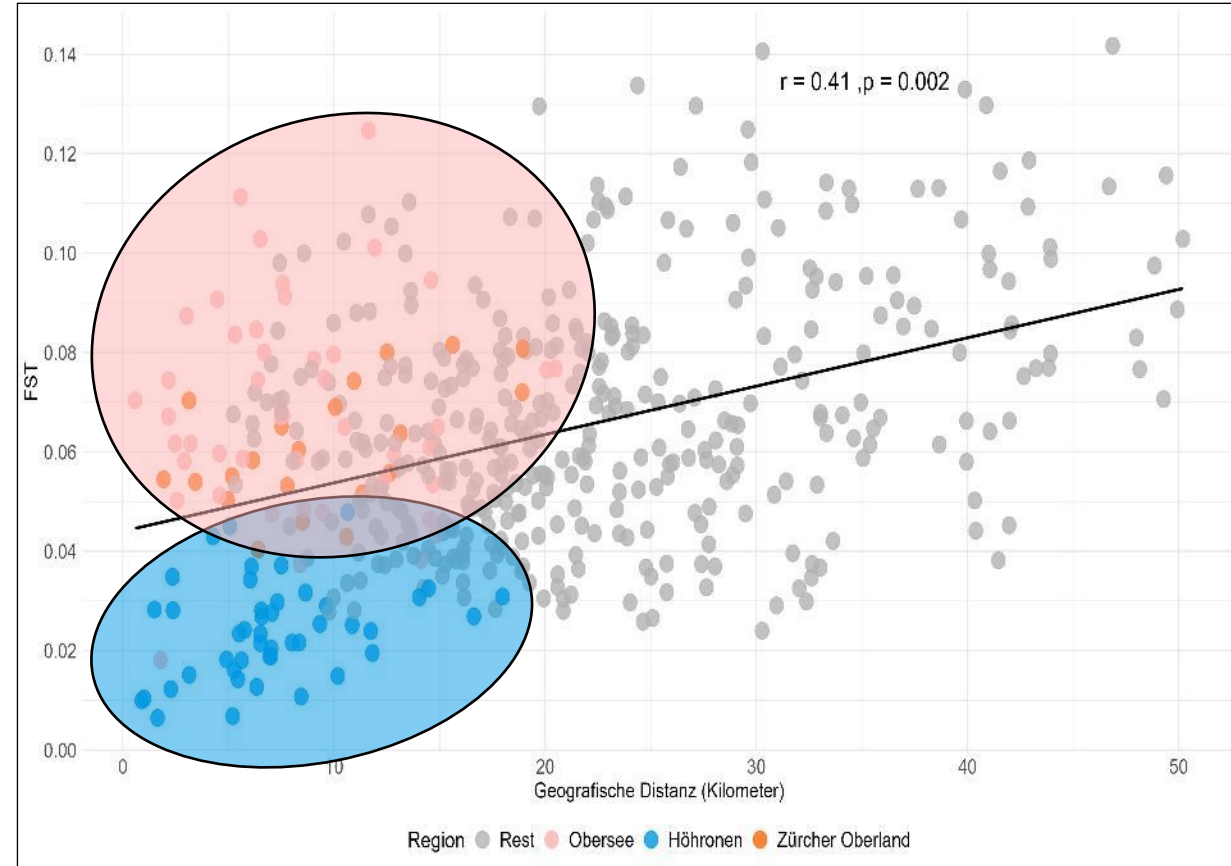
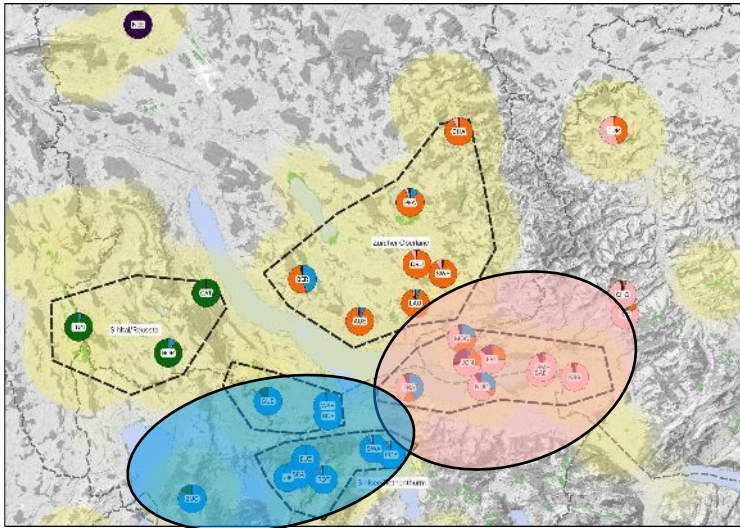
Schwache bis mässige genetische Differenzierung (F_{ST} 0.01 bis 0.15)

- Positive Korrelation zwischen geografischer Distanz und genetischer Differenzierung → **Isolation by Distance (IBD)**



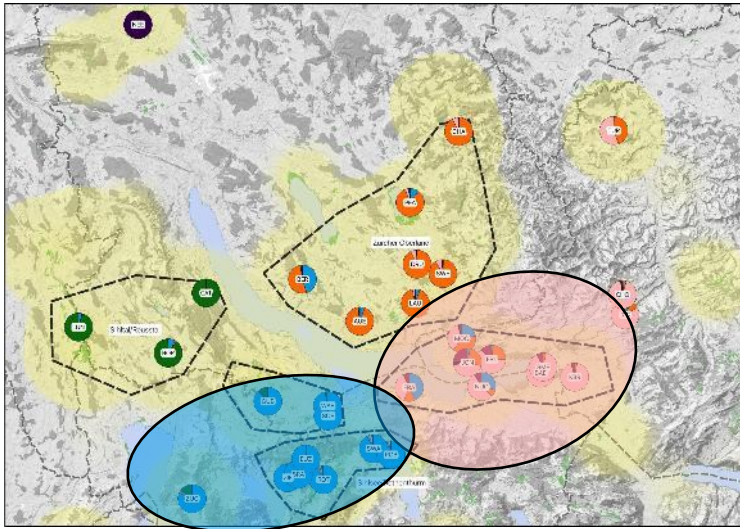
Genetische Differenzierung zwischen Vorkommen

Aber: Differenzierung trotz vergleichbaren geografischen Distanzen im **rosaroten Cluster** höher als im **blauen**

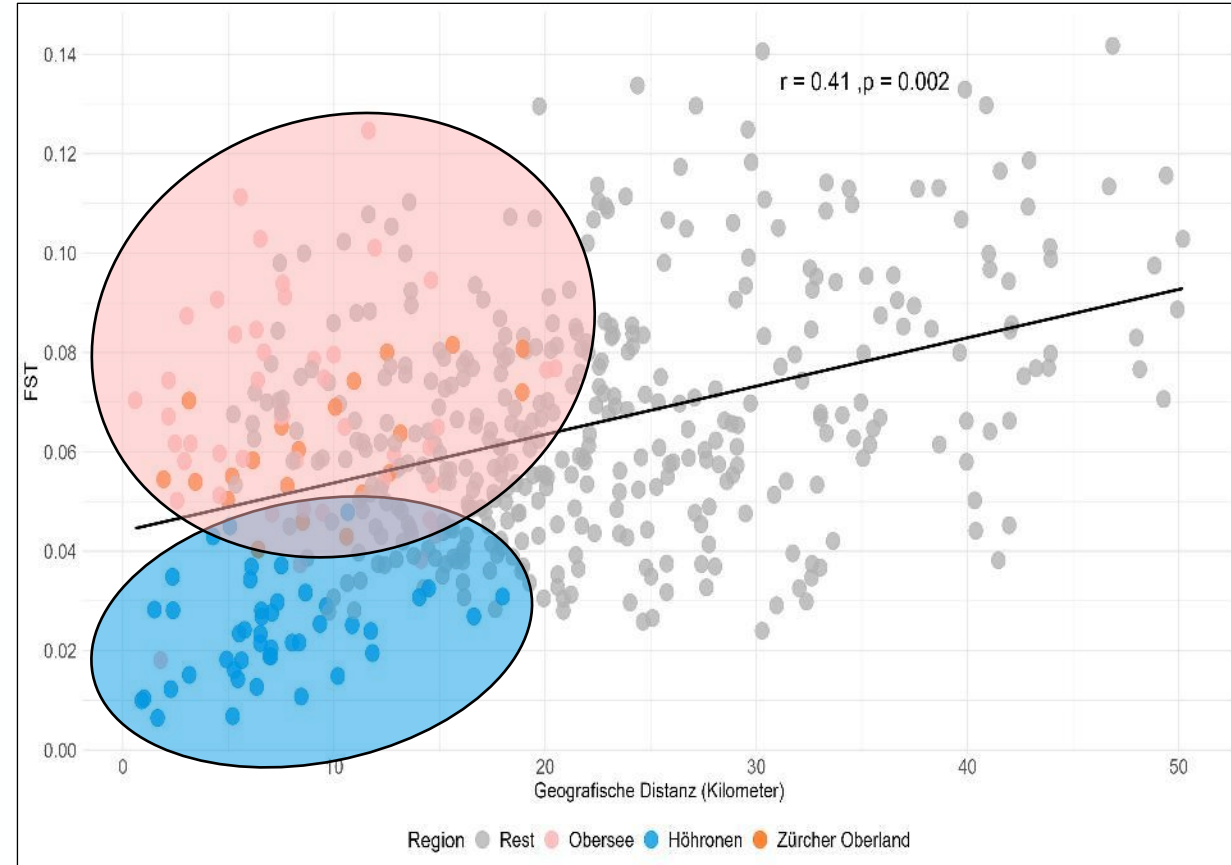


Genetische Differenzierung zwischen Vorkommen

Aber: Differenzierung trotz vergleichbaren geografischen Distanzen im **rosaroten Cluster** höher als im **blauen**

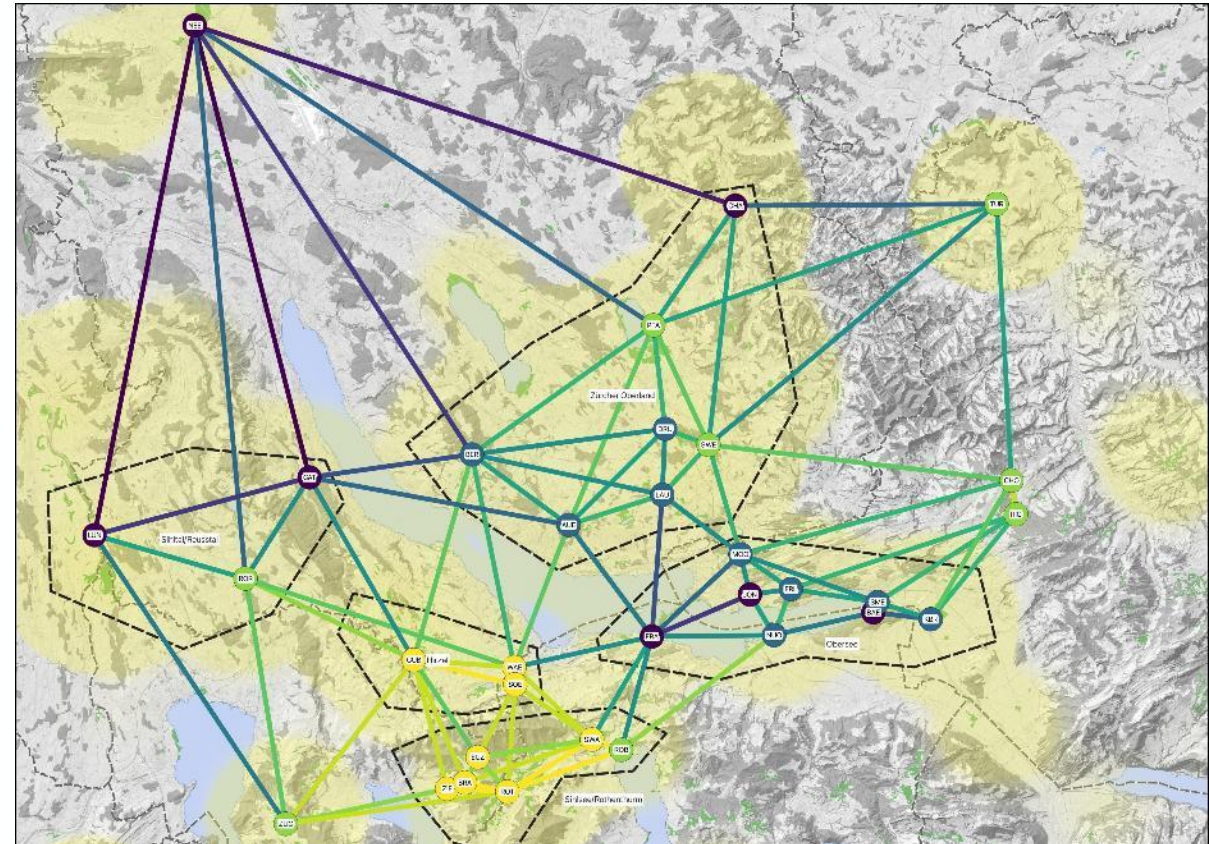


💡 **IBD ja**, aber weitere Faktoren spielen ebenfalls wichtige Rolle



Genetische Diversität

- Ausgewählte Differenzierungen = Linien
- Genetische Diversität = Kreise

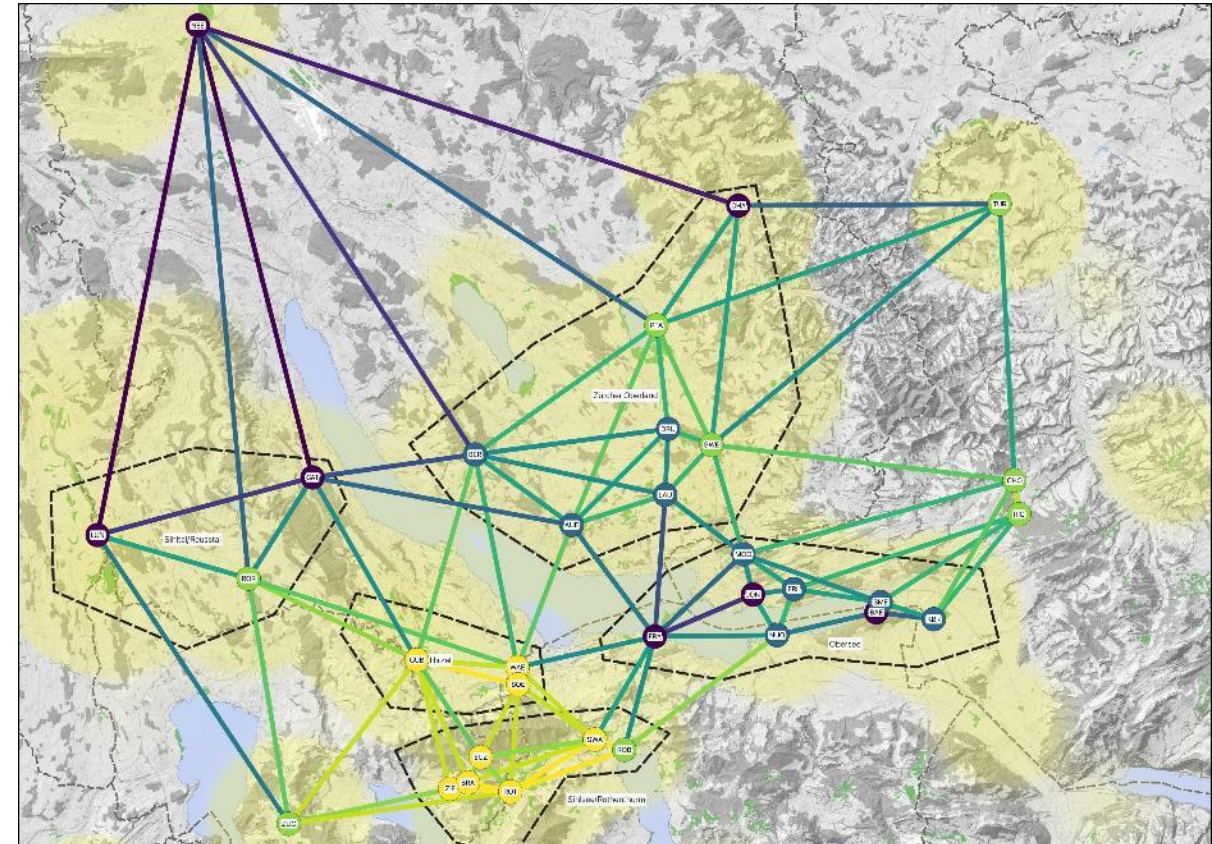


Genetische Diversität (Nukleotiddiversität P_i) und paarweise F_{ST} -Werte für interessante Verbindungen innerhalb der Region. Hintergrundkarte © Swisstopo.

Genetische Diversität

- **Ausgewählte Differenzierungen = Linien**
- **Genetische Diversität = Kreise**

- Gelbe Linie = Tiefe Differenzierung
- Gelbe Kreise = Höhere Diversität
- Dunklere Linie = Höhere Differenzierung
- Dunklere Kreise = Tiefere Diversität



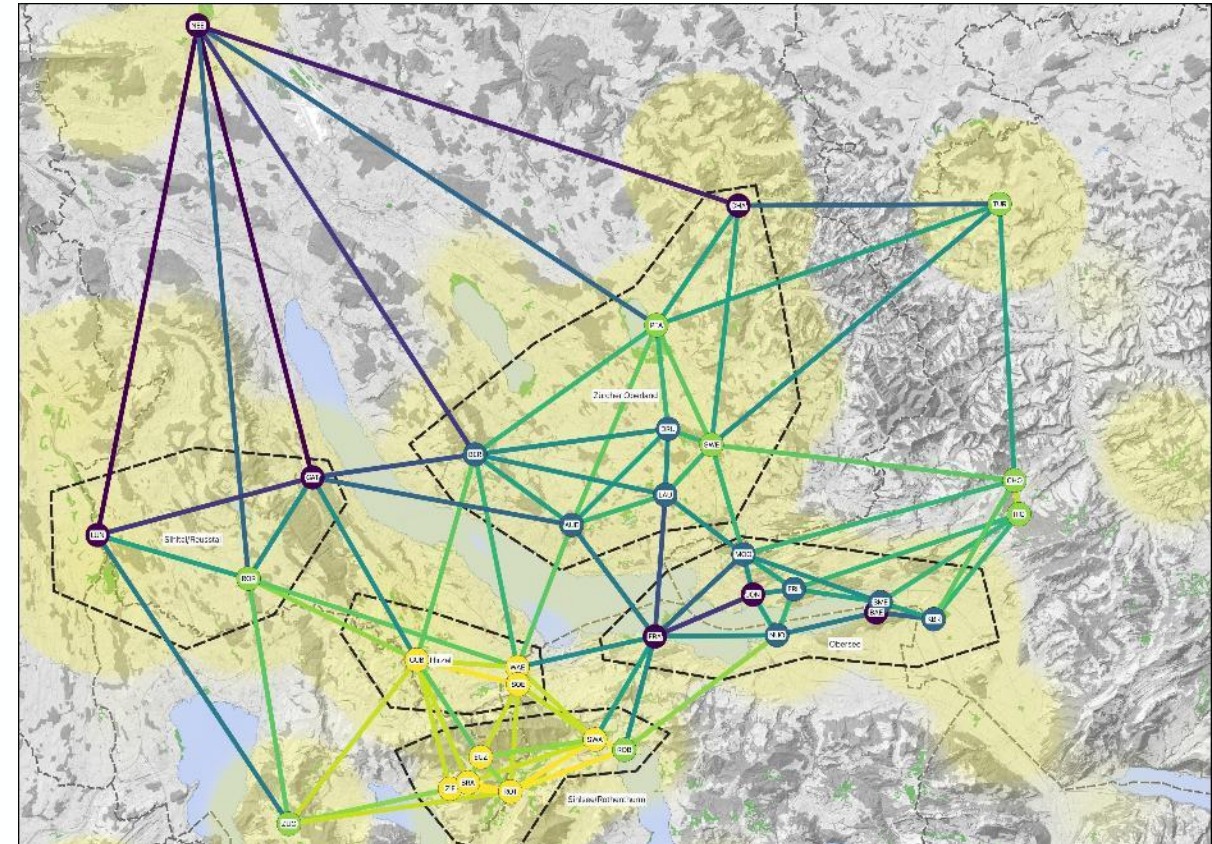
Genetische Diversität (Nukleotiddiversität P_i) und paarweise F_{ST} -Werte für interessante Verbindungen innerhalb der Region. Hintergrundkarte © Swisstopo.

Genetische Diversität

- **Ausgewählte Differenzierungen = Linien**
- **Genetische Diversität = Kreise**

- Gelbe Linie = Tiefe Differenzierung
- Gelbe Kreise = Höhere Diversität
- Dunklere Linie = Höhere Differenzierung
- Dunklere Kreise = Tiefere Diversität

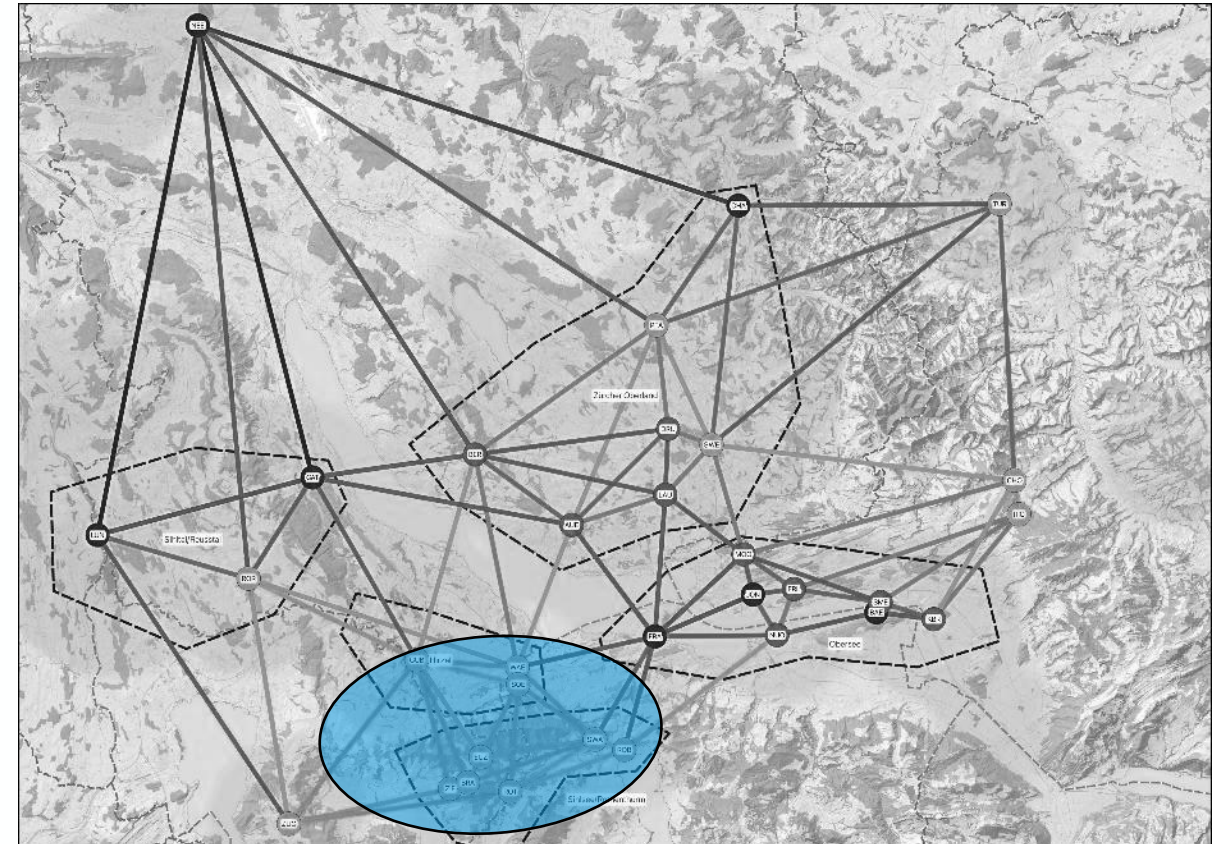
💡 **Unterschiede relativ** zwischen den Standorten **zu interpretieren**



Genetische Diversität (Nukleotiddiversität P_i) und paarweise F_{ST} -Werte für interessante Verbindungen innerhalb der Region. Hintergrundkarte © Swisstopo.

Genetische Diversität

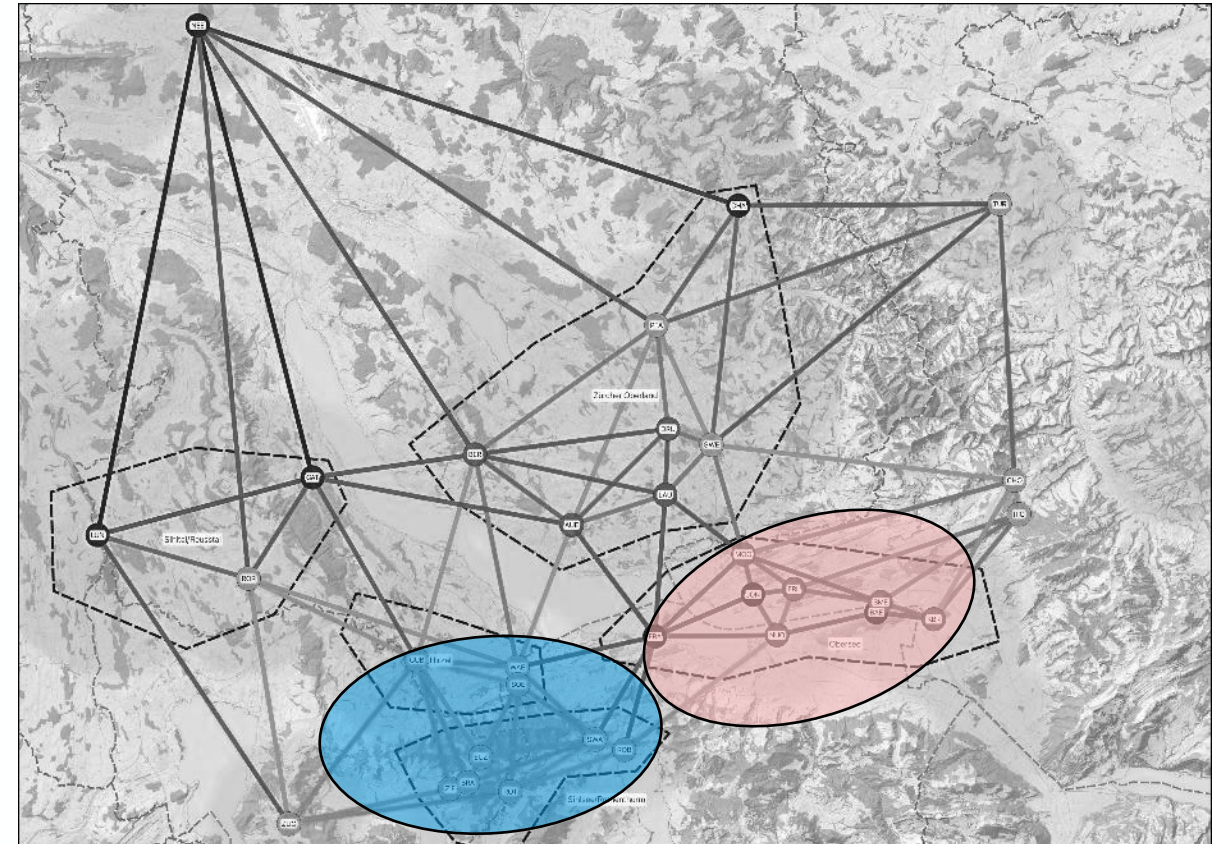
- **Blauer Cluster:** **höchste** Werte für genetische **Diversität**, **tiefste** Werte für die genetische **Differenzierung** zwischen Vorkommen



Genetische Diversität (Nukleotiddiversität P_i) und paarweise F_{ST} -Werte für interessante Verbindungen innerhalb der Region. Hintergrundkarten © Swisstopo.

Genetische Diversität

- **Blauer Cluster**: **höchste** Werte für genetische **Diversität**, **tiefste** Werte für die genetische **Differenzierung**
- In **blau** und **rosa** viele Vorkommen beprobt → Regionen **geeignet** für **Vergleiche** unterschiedlicher **Landschaftstypen**



Genetische Diversität (Nukleotiddiversität P_i) und paarweise F_{ST} -Werte für interessante Verbindungen innerhalb der Region. Hintergrundkarten © Swisstopo.

Landschaft ↔ Genetik

💡 **Offene und extensiv bewirtschaftete Landschaft** im **blauen Cluster** zeigt höhere genetischer Diversität und tiefere Differenzierung → **Grosse Metapopulation**

💡 **Intensiv bewirtschaftete und fragmentierte Landschaft** im **rosa Cluster**, führt zu höherer Differenzierung und tieferer genetischer Diversität.



Resultate ↔ Massnahmen

- Bei **Erhaltungsmassnahmen** Priorität für genetisch **isolierte Vorkommen** mit geringerer genetischer Diversität



Resultate ↔ Massnahmen

- Bei **Erhaltungsmassnahmen** Priorität für genetisch **isolierte Vorkommen** mit geringerer genetischer Diversität
- **Populationsgrösse** und **Vernetzung** sind zentral für die genetische Vielfalt



© Nicola Rhyner

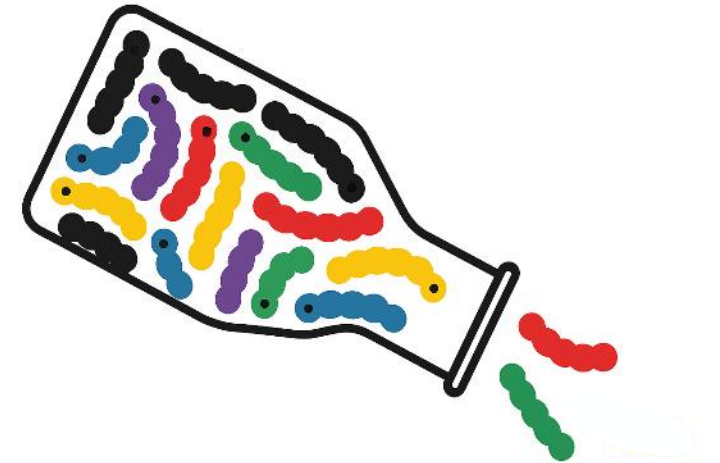
Resultate ↔ Massnahmen

- Bei **Erhaltungsmassnahmen** Priorität für genetisch **isolierte Vorkommen** mit geringerer genetischer Diversität
- **Populationsgrösse** und **Vernetzung** sind zentral für die genetische Vielfalt
- **Vernetzung** entsteht **nicht sofort**, umso wichtiger sind auch Massnahmen zur Bestandesstärkung



Resultate ↔ Massnahmen

- Bei **Erhaltungsmassnahmen** Priorität für genetisch **isolierte Vorkommen** mit geringerer genetischer Diversität
 - **Populationsgrösse** und **Vernetzung** sind zentral für die genetische Vielfalt
 - **Vernetzung** entsteht **nicht sofort**, umso wichtiger sind auch Massnahmen zur Bestandesstärkung
- !** **Erhalt von möglichst vielen Gespinsten** (dadurch auch Erhalt genetischer Diversität & kleineres Risiko für Inzucht/Bottleneck)



Vernetzung ↔ Landschaft

? Wie können wir die Vernetzung genetisch isolierter Vorkommen verbessern

Vernetzung ↔ Landschaft

? Wie können wir die Vernetzung genetisch isolierter Vorkommen verbessern

- Trittsteinhabitats, Barrieren, Korridore, Nahrungspflanzenangebot, etc..?

Vernetzung ↔ Landschaft

? Wie können wir die Vernetzung genetisch isolierter Vorkommen verbessern

- Trittsteinhabitate, Barrieren, Korridore, Nahrungspflanzenangebot, etc..?
- Für Massnahmen die **Wirkung** unterschiedlicher **(Landschafts)-Elemente** auf die Vernetzung besser verstehen

Vernetzung ↔ Landschaft

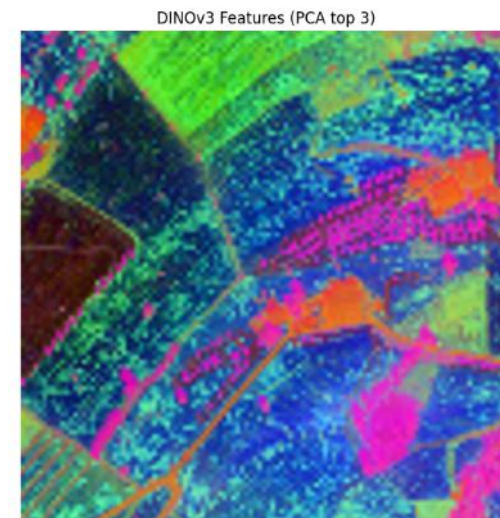
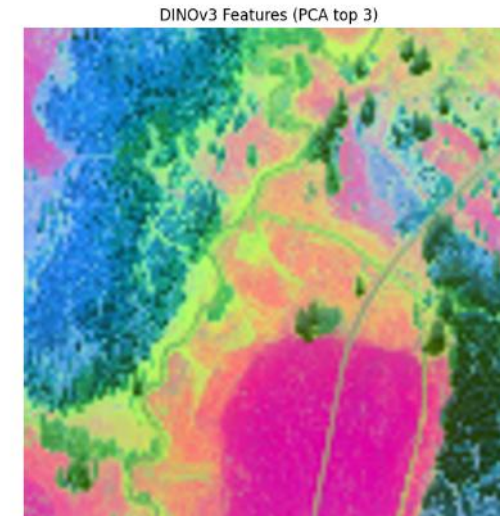
? Wie können wir die Vernetzung genetisch isolierter Vorkommen verbessern

- Trittsteinhabitats, Barrieren, Korridore, Nahrungspflanzenangebot, etc..?
- Für Massnahmen die **Wirkung** unterschiedlicher **(Landschafts)-Elemente** auf die Vernetzung besser **verstehen**
- Isolation by Distance ↔ **Isolation by Environment**

Vernetzung ↔ Landschaft

? Wie können wir die Vernetzung genetisch isolierter Vorkommen verbessern

- Trittsteinhabitate, Barrieren, Korridore, Nahrungspflanzenangebot, etc..?
- Für Massnahmen die **Wirkung** unterschiedlicher **(Landschafts)-Elemente** auf die Vernetzung besser verstehen
- Isolation by Distance ↔ **Isolation by Environment**
- **Laufende Masterarbeit**, die räumliche Aspekte und genetische Ergebnisse verbindet. Resultate im Sommer 2026 erwartet



© M. Van Gelder. Laufende Masterarbeit an der ZHAW

Wir bedanken uns bei:

- **Den beteiligten Kantonen für die Finanzierung dieses Projekts**
 - Kanton **Zürich** – *Amt für Landschaft und Natur*
 - Kanton **St. Gallen** – *Amt für Natur, Jagd und Fischerei*
 - Kanton **Schwyz** – *Amt für Wald und Natur*
 - Kanton **Zug** – *Amt für Raum und Verkehr*
 - Kanton **Glarus** – *Abteilung Umweltschutz und Energie*
- **Dem Feldarbeitsteam** – für die vielen Stunden, die in die Probenahme im Feld investiert wurden
- **GDC der ETH Zürich** – für die Unterstützung im Labor und in der Datenanalyse
- **ZHAW – High Performance Computing Team** – für die Wartung des Clusters und die Unterstützung
- **Der ZHAW** – für die Finanzierung der initialen Entwicklung des Laborprotokolls vor Projektbeginn
- **Dem Functional Genomics Center Zürich** – für die Unterstützung beim Sequenzieren

Fragen / Diskussion



Zürcher Hochschule für
Angewandte Wissenschaften

Institut für Umwelt und Natürliche Ressourcen
Environmental Genomics and Systems Biology Research Group
Nicola Rhyner
Einsiedlerstrasse 31
8820 Wädenswil

Email: rhyn@zhaw.ch
Phone: +41 (0) 58 934 50 91