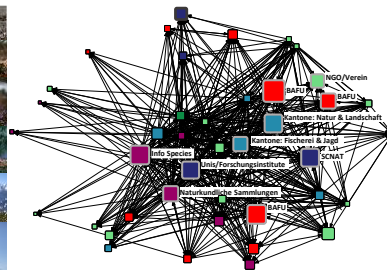
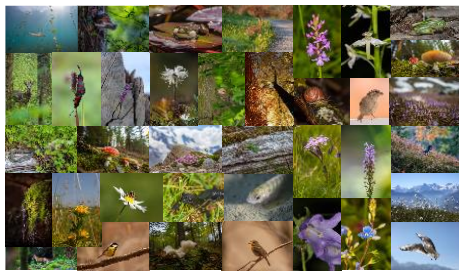


Machbarkeitsstudie zur Untersuchung des Zustands und der Veränderung der genetischen Vielfalt: Vernetzung, Inzucht und Anpassungsfähigkeit

Im Auftrag des Bundesamtes für Umwelt

Bearbeitet durch:

Martin C. Fischer¹, Rea Pärli², Felix Gugerli³, Rolf Holderegger³, Eva Lieberherr² & Alex Widmer¹



```
AGCCGGATGAAAAGTGTGCTCATCTCAATCGAAGTACCCTCAATGATTCACCTCCCGCCAA  
TCTTTTCATTGGAAATAAATGAGCAGACTTGTCAACCTATCAACAATCACAAATCATGTTGTGCC  
CTCTTTGACATACCAACATCGAGACACAACCTCGGAACCTCTCTTCATATTTGGCAGCAAAAAG  
CCACTCTTATCAAAATCGAACAACACTGTATGAATACAAACTGGGAATAAGGCTCTCACTAGG  
TCCGATGTATAAATTCATCTTCTCAATTTCAATTAACACTCACTCTCGATTCGACTGCG  
CGCTCTCAATTCGAATCTCTCTCGGGGTATATATCTCAAACTCTGTGTATGGAAGACCTT  
GAAGCATAGCAATCACTCTCCATTTCGATCAACACACATCCCTAAACATCTTGGAAAGATCAA  
TTTTTTTCTCATCAATGATGCAAGGCTTGTCTATCTCGAANAATCTTGACAAATCTCTCTGT  
CATGCCCTGAAAGGCACTTTTCGAAGCCAAAATCACTTACTCAACTTGGCATATAACTGTTC  
GACTAAMACCCCGTTTATGATCATGAAAATCGTGGTGGATTGTCACCAAAATGGCATGACA  
CACTCAATTTGTCAAAAGATGATCAATCTGAGCAAGGATATATCGTCTTGTATATGAGATTGT  
ACTCACTAATCGCTTTCTCTCTCAACTCTTAGGTCCGATTCGATATGTTCTGAAATTT  
CTAGGGGTTCTCGCTCCATATCCCCCAATCCATCCCAAGATCACTCAAAACCCCAAAAGAA  
GGCATAGGTTTTGATCAAAAGTTCAATGCTCTCTAGAAAATAAAGATGGGTTGTCGAATC  
TGGTCCACTCGAAGCGTAGAAGCTCCCTACTGCTTCCCATCTCCAGCTTTGGTACTTCC  
TGGATTTGATTAAGCTCTCTATCCAGATATAGGAGACCGATCCCACTACCCGGATAGGATTC  
ACACTCCATGTATGCTCTCTCTGTTCTCATACCCAGGGAGACTGTTAGTAAAAAGTACCAAC  
GAGTCTCTCCGAAAGCTCAGAAAATGTGGACTGTGGTGGAGTGGAGCATATGACTCTCTTT  
CCATTGTATATCATCGGTATCTTGAAGGATCAAAATCTCCCTCAATTTGCTTTTTTCGGAATC
```

¹ Institut für Integrative Biologie, Departement Umweltsystemwissenschaften,
ETH Zürich, Universitätstrasse 16, CH-8092 Zürich

² Politik natürlicher Ressourcen, Institut für Umweltentscheidungen, Departement
Umweltsystemwissenschaften, ETH Zürich, Universitätstrasse 16, CH-8092 Zürich

³ Eidgenössische Forschungsanstalt WSL, Zürcherstrasse 111, CH-8903 Birmensdorf

Bestell-Nr.: 110008925/8T20/16.0100.PJ/0011

Vertrags-Nr.: 16.0100.PJ/R252-0590

Januar 2020

Inhaltsverzeichnis

1	Zusammenfassung	4
2	Einleitung	6
2.1	<i>Bedeutung der Biodiversität und der genetischen Vielfalt</i>	6
2.2	<i>Was ist genetische Vielfalt?</i>	7
2.3	<i>Monitoring der genetischen Vielfalt</i>	9
2.4	<i>Retrospektives Monitoring der genetischen Vielfalt</i>	9
3	Ausgangslage	11
4	Vorgehensweise und Erarbeitung der Informationsgrundlagen	13
4.1	<i>Internationaler Workshop "Genetic Diversity Monitoring in Switzerland"</i>	13
4.2	<i>Expertenbefragung zur Artenauswahl</i>	14
5	Modell für ein Monitoring der genetischen Vielfalt	16
5.1	<i>Zielsetzung</i>	16
5.2	<i>Sammelstrategie</i>	16
5.3	<i>Probenaufbewahrung und -dokumentation</i>	18
5.4	<i>Laboranalysen</i>	18
5.5	<i>Bioinformatik und Rechenleistung</i>	20
5.6	<i>Datenaufbewahrung und -dokumentation</i>	20
5.7	<i>Indikatoren</i>	20
5.8	<i>Kriterienliste für die Artenauswahl</i>	26
5.9	<i>Vorschlag Artenauswahl</i>	27
5.10	<i>Retrospektives Monitoring für ausgewählte Arten</i>	29
5.11	<i>Pilotstudie</i>	30
5.12	<i>Erhebungszyklus</i>	31
5.13	<i>Kostenberechnung</i>	32
5.14	<i>Projektaufbau, Begleitgruppe und Expertentreffen</i>	34
5.15	<i>Limitationen eines Monitorings der genetischen Vielfalt</i>	35

6	Stakeholderanalyse	37
6.1	<i>Einleitung</i>	37
6.2	<i>Datenauswertung und Analyse.....</i>	38
6.3	<i>Wichtigkeit der Biodiversität und der genetischen Vielfalt</i>	39
6.3.1	Dringlichkeit von Umweltproblemen	39
6.3.2	Wichtigkeit der genetischen Vielfalt	40
6.3.3	Wichtigkeit der genetischen Vielfalt im Arbeitsalltag	41
6.4	<i>Gründe für ein Monitoring der genetischen Vielfalt.....</i>	43
6.5	<i>Anwendungsbereiche Monitoring und wichtige Indikatoren</i>	44
6.6	<i>Relevanz eines genetischen Monitorings.....</i>	45
6.7	<i>Aufbau Monitoring</i>	46
6.7.1	Auswahl von Arten.....	46
6.7.2	Aufbau Monitoring	47
6.8	<i>Wichtige Stakeholder und Netzwerke</i>	49
6.9	<i>Fazit aus der Stakeholderanalyse</i>	52
7	Schlussfolgerungen.....	54
8	Empfehlungen	55
9	Literatur.....	56
10	Anhang.....	61

1 Zusammenfassung

Die Strategie Biodiversität Schweiz (BAFU 2012) misst der Erhaltung der genetischen Vielfalt eine grosse Rolle bei und erwähnt sie in drei ihrer zehn strategischen Ziele für das Jahr 2020 (Ziele 1, 4, 10). Vom Erreichen dieser Ziele sind wir heute weit entfernt. In der Schweiz verfügen wir zurzeit weder über ein Konzept, wie genetische Vielfalt bzw. genetische Diversität erfasst werden kann, noch haben wir Indikatoren, an Hand derer wir in Zukunft Veränderungen der genetischen Vielfalt feststellen können.

Die genetische Vielfalt ist eine der vier Ebenen der Biodiversität, also der Vielfalt des Lebens, welche aus der Vielfalt der Gene, Arten, Ökosysteme und deren Wechselbeziehungen besteht. Genetische Vielfalt ist das Rohmaterial für die Evolution, das für die Weiterentwicklung und Anpassung von Arten und Populationen notwendig ist. Somit ist sie eine Voraussetzung dafür, dass sich Organismen an ihre belebte und unbelebte Umwelt anpassen können. Genetische Vielfalt beeinflusst auch die Ökosystem-Stabilität.

In dieser Machbarkeitsstudie zur Untersuchung des Zustands und der Veränderung der genetischen Vielfalt schlagen wir vor, dass für 50 Arten aus den drei grossen Reichen – Tiere, Pflanzen und Pilze – und rund 17'000 Individuen die genetische Vielfalt schweizweit in allen sechs biogeographischen Regionen untersucht wird. Die zu untersuchenden Arten müssen einer Vielfalt von Kriterien genügen, z.B. seltene und häufige Arten, sowie Arten welche durch anthropogene Faktoren, wie z.B. Klimawandel oder Habitat-Fragmentierung betroffen sind. Gleichzeitig sollten sie Synergien mit anderen Biodiversitäts-Monitorings ermöglichen. Der technische Fortschritt im Bereich der DNA-Sequenzierung erlaubt es heute das Erbgut (Genom) von hunderten von Individuen zu sequenzieren und sehr präzise Informationen zur genetischen Vielfalt von Individuen, Population und Arten zu erheben.

Da sich die genetische Vielfalt meistens nicht kurzfristig verändert und mit dem hier vorgeschlagenen Monitoring erst eine Basis für die Erfassung zukünftiger Veränderungen erarbeitet wird, empfehlen wir zusätzlich ein retrospektives Monitoring der genetischen Vielfalt durchzuführen. Dieses erlaubt es Informationen über den Zustand und die Veränderung der genetischen Vielfalt über die Zeit zu erhalten. Dank zahlreichen und gut dokumentierten Museum- und Herbarium-Proben ist es möglich, Informationen zur genetischen Vielfalt vor mehr als 100 Jahren in der Schweiz zu erhalten. Da es sich bei einem Monitoring der genetischen Vielfalt um ein sehr grosses und komplexes Projekt handelt, empfehlen wir, vorgängig eine 3-jährige Pilotstudie durchführen um Erfahrungen zu sammeln. Dabei würden für fünf Arten heutige Populationen schweizweit genetisch untersucht und zwei Arten auch in einer retrospektiven Analyse behandelt.

Die Kostenberechnungen beinhalten drei mögliche Varianten und eine 3-jährige Pilotstudie. **Variante 1:** Ein vollständiges Monitoring der genetischen Vielfalt mit Stichprobennahme, genetischen und retrospektiven Analysen würde Kosten im Bereich von **9.7 Mio CHF** pro 5-Jahres Zyklus generieren. **Variante 2:** Ein Monitoring der genetischen Vielfalt mit Stichprobennahme und genetischen Analysen ohne retrospektives Monitoring würde ungefähr **8.5 Mio CHF** pro 5-Jahreszyklus kosten. **Variante 3:** Ein Monitoring der genetischen Vielfalt, welches im Moment nur die Stichprobennahme umfasst und die Sequenzierarbeiten erst zu einem späteren Zeitpunkt ausführen würde (z.B. nach einer zweiten Stichprobennahme nach 5 Jahren) würde Kosten im Bereich

von **3.9 Mio CHF** verursachen. Eine **3-jährige Pilotstudie** für fünf Arten (davon zwei Arten auch retrospektiv), würde **1.2 Mio CHF** kosten.

Der Einbezug von Stakeholdern vereinfacht eine transparente und effiziente Kommunikation und steigert die Akzeptanz von Prozessen. Deshalb wurde im Rahmen der Machbarkeitsstudie eine Stakeholderanalyse durchgeführt. Die Analyse erhob die Meinungen und Bedürfnisse von Schweizer Stakeholdern aus Verwaltung, Wirtschaft, NGOs, Museen und Wissenschaft, welche potenziell von einem Monitoring der genetischen Vielfalt profitieren würden. Zudem wurde untersucht, welche Stakeholder für die Entwicklung eines genetischen Monitorings besonders wichtig wären und welche Stakeholder zu diesem Thema bereits miteinander in Kontakt stehen. Experteninterviews und Online-Fragebögen zeigten, dass die befragten Stakeholder ein grosses Interesse an einem genetischen Monitoring haben. Sie sind sich der zurzeit fehlenden Grundlagen im Bereich genetische Vielfalt bewusst und sehen, dass ein Monitoring der genetischen Vielfalt für ihre Arbeitsbereiche gewinnbringend wäre. Dabei wurde besonders häufig die Überprüfung von Vernetzungsmassnahmen genannt. Stakeholder äusserten auch Bedenken gegenüber einem genetischen Monitoring. Dabei wurden die geringen zeitlichen und finanziellen Ressourcen der Kantone wie auch die Befürchtung, dass die erhobenen Daten in der Praxis zu wenig genutzt würden, genannt. Eine offene Kommunikation der Möglichkeiten und Grenzen eines genetischen Monitorings und ein enger Einbezug der Stakeholder sind somit für eine erfolgreiche Implementierung eines genetischen Monitorings in der Schweiz entscheidend.

Aufgrund der vorliegenden Machbarkeitsstudie empfehlen wir zuerst eine Pilotstudie zur Untersuchung der genetischen Vielfalt in der Schweiz durchzuführen, um Erfahrungen zu sammeln und Wissenslücken zu schliessen. Die Pilotstudie kann später von einem umfangreichen genetischen Monitoring abgelöst werden bzw. in ein solches einbezogen werden.

2 Einleitung

2.1 Bedeutung der Biodiversität und der genetischen Vielfalt

Biologische Vielfalt oder Biodiversität besteht aus der Vielfalt von Arten, ihrer genetischen Vielfalt, der Vielfalt der Lebensräume, sowie den Wechselwirkungen zwischen diesen Ebenen (Vereinte Nationen 1992). Die Vielfalt von Lebensräumen und Arten ist einfach verständlich und augenfällig. Der Verlust dieser Komponenten der Biodiversität ist in der Wissenschaft, Politik und Gesellschaft ein häufig diskutiertes Thema. Dies illustriert Abbildung 1, welche den zeitlichen Verlauf von Google-Suchen von Schweizer*innen zum Thema Biodiversität, Artenvielfalt und genetische Vielfalt darstellt. Insbesondere die Suchanfragen zum Begriff Biodiversität haben seit Anfang des Jahres 2019 stark zugenommen, demgegenüber wurde die Begriffe Artenvielfalt und die genetische Vielfalt im gleichen Zeitraum nicht häufiger gesucht.

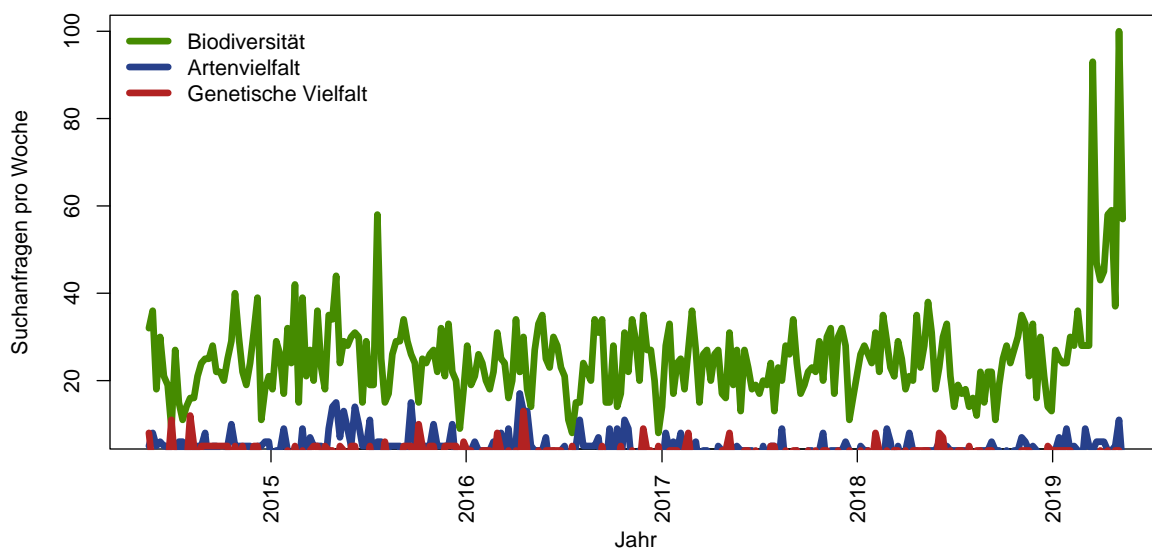


Abbildung 1 Zeitlicher Verlauf von Google-Suchen zum Thema Biodiversität

Prominent ist zur Zeit das Thema Insektensterben, welches spätestens nach der Veröffentlichung einer Studie aus Deutschland (Sánchez-Bayo & Wyckhuys 2019) breit in den Medien und in der Öffentlichkeit wahrgenommen wird. In der Schweiz ist momentan die Mission B¹ von SRF in der Öffentlichkeitsarbeit zur Biodiversität aktiv. Diese zwei Beispiele illustrieren, dass die allermeisten Aktivitäten zum Thema Biodiversität in der Schweiz auf die Arten- und Lebensraumvielfalt fokussieren.

Demgegenüber wird die genetische Vielfalt bisher in der Öffentlichkeit, aber auch in der Verwaltung und Politik oder bei NGOs kaum wahrgenommen. Allenfalls wird genetische Vielfalt indirekt behandelt, so etwa beim Besatz mit Fischen (Vonlanthen P 2016), der Herkunft von Saat- und Pflanzgut (SKEW 2009) oder bei der Baumartenauswahl im Wald (Rigling & Schaffer 2015; Holderegger 2016).

¹ <https://missionb.ch/>

2.2 Was ist genetische Vielfalt?

Genetische Vielfalt (genetische Diversität, genetic diversity) umfasst alle Unterschiede im Erbgut (DNA-Sequenz) von Individuen und Populationen einer Art (Ellegren & Galtier 2016). Genetische Vielfalt ist vererbbar und Voraussetzung dafür, dass sich Organismen an ihre belebte (z.B. Krankheitserreger, Konkurrenz, Fressfeinde) und unbelebte (z.B. Trockenheit, Temperatur, Boden-pH) Umwelt anpassen können. Deshalb ist genetische Vielfalt Voraussetzung sowohl für das kurzfristige als auch das langfristige Überleben von Populationen und Arten (Frankham *et al.* 2014).

Seit 2001 läuft in der Schweiz das Biodiversitäts-Monitoring (BDM), in welchem Veränderungen der Artenvielfalt in Landschaften (450 Probeflächen) und Lebensräumen (1450 Plots) über die Zeit verfolgt werden. Das BDM misst Änderungen der Artenvielfalt in der Normallandschaft der Schweiz. Die beiden anderen grossen Monitorings der Schweiz, ALL-EMA (Arten und Lebensräume Landwirtschaft) im Landwirtschaftsland und WBS (Wirkungskontrolle Biotopschutz Schweiz) für die Biotope von nationaler Bedeutung, konzentrieren sich hingegen auf Veränderungen der Lebensräume bzw. der Landschaftselemente. Es gibt heute kein spezifisches Monitoring der genetischen Vielfalt, weder in der Schweiz noch weltweit. Unter Forscher*innen ist die Wichtigkeit der genetischen Vielfalt seit langem bekannt, doch fehlt es bisher an der Umsetzung eines genetischen Monitorings.

Der Verlust der genetischen Vielfalt ist ein aktuelles Thema. In einem kürzlich veröffentlichtem Übersichtsartikel (Metanalyse) wurde ein Rückgang der genetischen Vielfalt wildlebender Organismen von 6% seit der industriellen Revolution festgestellt (Leigh *et al.* 2019). Zahlreiche Studien belegen, dass Populationen mit geringer genetischer Vielfalt ein erhöhtes Aussterberisiko und eine geringere Anpassungsfähigkeit aufweisen, wohingegen Populationen mit hoher genetischer Vielfalt eine höhere Überlebenswahrscheinlichkeit und bessere Anpassungsfähigkeit haben (Frankham 2005). Zur Illustration führen wir drei Beispiele an. Als "Florida Panther" wird eine in Florida (USA) vorkommende, räumlich isolierte Population des Amerikanischen Pumas (*Puma concolor*) bezeichnet. Von 1970 bis 1990 lebten nur noch ca. 20 Florida Panther in freier Wildbahn. Diese wiesen eine sehr tiefe genetische Vielfalt auf und zeigten klare Anzeichen von Inzucht, zum Beispiel schlechte Spermienqualität, tiefe Testosteronwerte, geringe Fruchtbarkeit, tiefe Überlebensrate der Jungtiere, geknickte Schwanzenden, Herzdefekte, abweichende Fellzeichnung und einen hohen Befall mit Parasiten und Krankheiten. Um die genetische Vielfalt dieser Population zu erhöhen, wurden 1995 acht weibliche Pumas aus Texas in Florida freigelassen. Fünf der acht Pumas haben sich mit den verbliebenen, männlichen Florida-Panthern gepaart. Diese Vergrösserung der genetischen Vielfalt führte zu einer raschen Erholung der Population (Pimm *et al.* 2006; Johnson *et al.* 2010), wie dies aus Abbildung 2 ersichtlich ist. Die Populationsgrösse des Florida Panthers stieg danach bis 2017 auf 230 Tiere an.

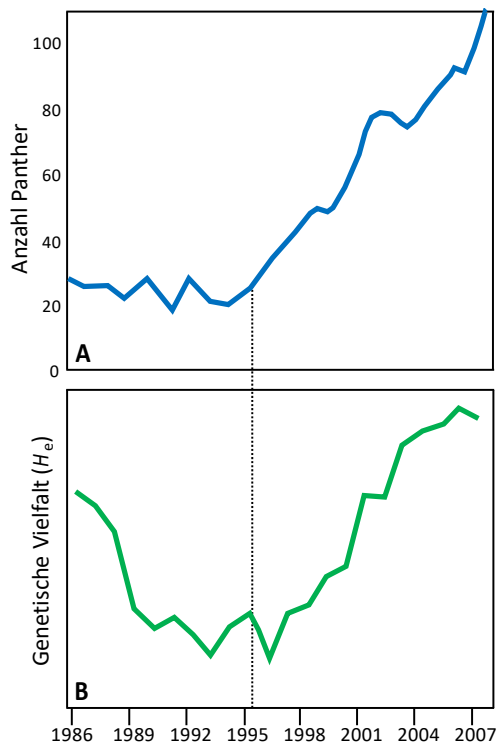


Abbildung 2 (A) Jährliche Populationsgrösse von erwachsenen Florida Panther aus Feldnachweisen von 1986 bis 2007. (B) Mittlere jährliche genetische Vielfalt (Multilocus-Heterozygotie, H_e). Die gepunktete Linie kennzeichnet die Aussetzung von acht weiblichen Texas Panthers im Jahr 1995. Vereinfachte Darstellung aus Johnson et al. (2010).

Das zweite Beispiel, welches zeigt wie wichtig die genetische Vielfalt für die Anpassungsfähigkeit ist, sind atlantische Killifische (*Fundulus heteroclitus*). Diese haben sich in vier städtischen Flussmündungen in den USA rasch an die dortige toxische Wasserverschmutzung angepasst. Diese Anpassung war möglich, weil Populationen dieser Art eine der höchsten bisher bei Wirbeltieren beobachteten genetischen Vielfalt aufweisen. Diese erlaubte es den Fischen, an verschiedenen Orten unterschiedliche Anpassungen an komplexe Schadstoffgemische zu entwickeln (Reid et al. 2016).

Das dritte Beispiel betrifft Pflanzen. Im Sommer 2003 gab es in Europa eine aussergewöhnliche Hitzewelle, welche unter anderem dazu führte, dass grosse Teile des Seegrases (*Zostera marina*), welches grossflächige Seegraswiesen bildet, in der Ostsee abstarben. Seegraswiesen mit höherer genetischer Vielfalt erholten sich wesentlich besser von den durch erhöhte Wassertemperatur verursachten Schäden als solche mit tiefer Vielfalt. Zusätzlich wurde beobachtet, dass die Seegraswiesen mit der höchsten genetischen Vielfalt auch eine höhere Artenvielfalt aufwiesen. Die Biodiversität in diesem Ökosystem wird also von der genetischen Vielfalt des Seegrases mitbestimmt (Reusch et al. 2005). Alle drei oben erläuterten Beispiele zeigen deutlich, dass genetische Vielfalt für das kurz- und langfristige Überleben von Populationen und Arten, aber auch für deren Anpassungsfähigkeit, sowie die Stabilität und Biodiversität von Ökosystemen, wichtig ist.

Das Ausmass der genetischen Vielfalt ist eng mit der (effektiven) Populationsgrösse (N_e) verknüpft, weshalb die «100/1000 Regel» erstellt wurde (Grundler et al. 2019): 100 sich fortpflanzende Individuen sind nötig für den kurzfristigen Erhalt der genetischen Vielfalt einer Population (z.B. Vermeidung von Inzucht). Für die langfristige Erhaltung sind aber 1000 Individuen nötig, die sich untereinander verpaaren (Frankham et al. 2014). Die genetische Vielfalt wird aber zusätzlich durch viele weitere Faktoren beeinflusst, wie zum Beispiel dem Austausch von Individuen bei Tieren oder Sporen, Samen und Pollen bei Pflanzen, und damit auch von Genen (Genfluss zwischen Populationen). Grosse Populationen, sowie die Vernetzung von Populationen und Lebensräumen,

fördern die Erhaltung genetischer Vielfalt, während kleine Populationen, die Isolation von Populationen und die Fragmentierung von Lebensräumen zu deren Verlust beitragen. Da Veränderungen der Populationsgrösse in der Vergangenheit einen starken Einfluss auf die genetische Vielfalt haben, ist die heutige (Zensus-) Populationsgrösse kein guter Indikator für die vorhandene genetische Vielfalt (Palstra & Fraser 2012; Ryman *et al.* 2019). Deshalb werden molekulargenetische Methoden verwendet, um die vorhandene genetische Vielfalt zu erfassen (Fischer *et al.* 2017).

2.3 Monitoring der genetischen Vielfalt

Ein Monitoring der genetischen Vielfalt als Grundlage für die Planung von Naturschutzmassnahmen umfasst die Überwachung des Ausmasses an genetischer Vielfalt innerhalb von Arten und Populationen sowie deren Veränderung über die Zeit (Schwartz *et al.* 2007; Laikre *et al.* 2008; Holderegger *et al.* 2016; Mimura *et al.* 2017). In einem genetischen Monitoring werden nicht nur die Veränderung der genetischen Vielfalt über die Zeit *per se* untersucht, sondern auch abgeleitete Indikatoren, welche Rückschlüsse auf die Ursachen, z.B. erhöhter Genfluss durch Vernetzung, oder die Konsequenzen von Veränderungen der genetischen Vielfalt, z.B. Inzucht oder Reduktion der Anpassungsfähigkeit, ermöglichen (Kapitel 5.7).

Ein Monitoring der genetischen Vielfalt muss dabei klar von anderen Monitorings abgetrennt werden, bei denen molekulare Methoden angewendet werden, z.B. DNA Barcoding oder eDNA Analysen. Letztere erheben die Anwesenheit oder Vielfalt von Arten (Ficetola *et al.* 2016; Porter & Hajibabaei 2018). Diese Methoden basieren auf der Analyse kurzer (meist 200-400 bp) und einheitlicher (und dadurch art-spezifischer) DNA Sequenzen und können deshalb nicht zur Untersuchung der genetischen Vielfalt von Arten und Populationen verwendet werden.

2.4 Retrospektives Monitoring der genetischen Vielfalt

Ein retrospektives Monitoring bietet die Möglichkeit, dass ein Monitoring der genetischen Vielfalt nicht zum Zeitpunkt Null starten muss. Angesichts des Reichtums an Proben, die in naturwissenschaftlichen Sammlungen und Museen der Schweiz archiviert sind, können vergleichende genetische Analysen historischer und rezenter Proben die Veränderungen der genetischen Vielfalt in Populationen und Arten während der letzten 100 bis 150 Jahre aufzeigen (Fountain *et al.* 2016; Bi *et al.* 2019) und somit detaillierte Einblicke in die Veränderung der genetischen Vielfalt über die Zeit zulassen.

Ausgewählte Beispiele zeigen, welche interessante Resultate retrospektive Analysen zu Tage fördern können. Vonlanthen *et al.* (2012) untersuchten historische und heutige Proben von Felchen (*Coregonus* sp.) aus 17 voralpinen europäischen Seen in der Schweiz und rekonstruierten Veränderungen in der genetischen Vielfalt und Artzugehörigkeit im Laufe der Zeit. Sie konnten zeigen, dass die Eutrophierung der Gewässer in der Vergangenheit zu einem Artenverlust führte und die genetische Vielfalt und Struktur der Arten sich stark verändert hat. In einer weiteren Studie von van der Valk *et al.* (2019) wurden anhand von bis zu 100-jährigen Museums-Proben Veränderungen der genetischen Vielfalt des Grauer's und des Berggorillas untersucht. Diese Studie konnte zeigen, dass vor allem Grauer's Gorilla deutlich an genetischer Vielfalt verloren hat (Abbildung 3).

Diese Art hat ein grosses Verbreitungsgebiet, aber ihre Populationen sind heute stark fragmentiert, wodurch der Genfluss zwischen den Populationen reduziert wurde. Im Gegensatz dazu haben Berggorillas im gleichen Zeitraum keinen Verlust der genetischen Vielfalt erlitten. Ihre Population ist zwar klein, jedoch nur schwach fragmentiert.

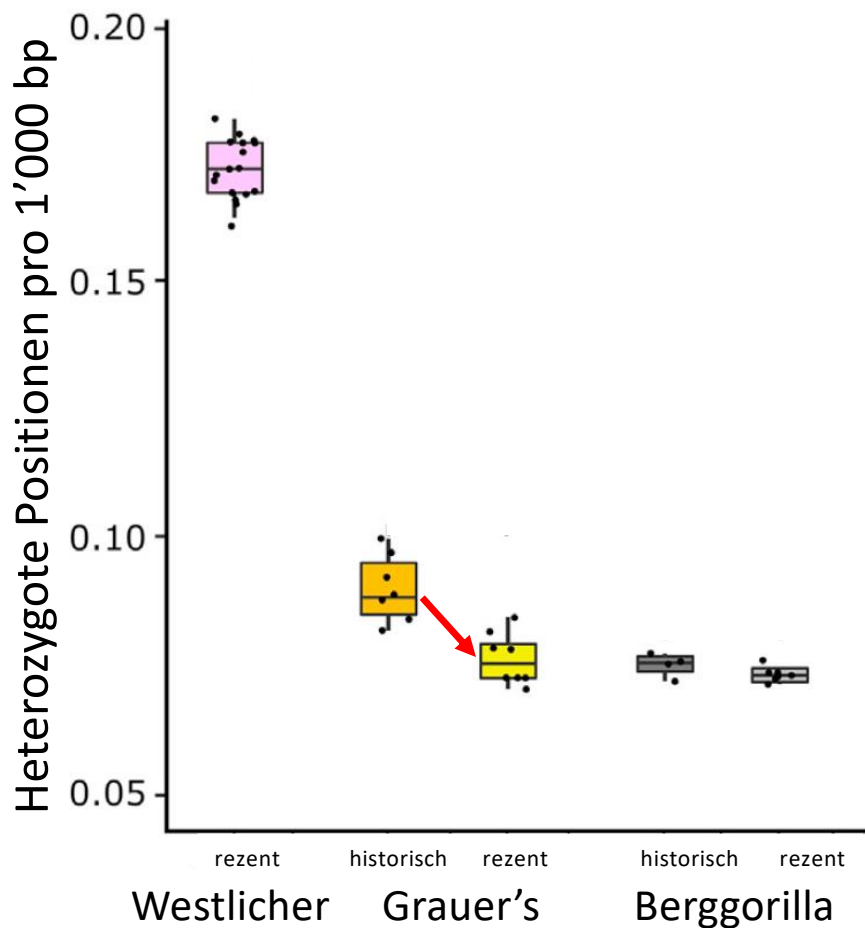


Abbildung 3 Genetischer Diversitätsverlust bei Grauer's Gorilla. Demgegenüber haben Berggorillas in den letzten 100 Jahren keine genetische Vielfalt verloren. Verändert nach van der Valk et al. (2019)

Diese Beispiele zeigen, wie informativ ein retrospektives Monitoring der genetischen Vielfalt sein kann. Neben der Dokumentation bereits erfolgter Veränderungen erlaubt es auch, die Entwicklung bereits eingebrochener Populationen und Arten zu verfolgen.

3 Ausgangslage

Aufgrund der Anstrengungen während der vergangenen Jahrzehnte verfügt die Schweiz über ein gutes Wissen zur Vielfalt der Arten (u.a. Info Species) und Lebensräume (z.B. Bundesinventare der Biotope von nationaler Bedeutung). Veränderungen von Artvorkommen und -häufigkeiten sowie der Lebensraumqualität und -fläche werden in verschiedenen Monitorings (z.B. BDM, ALL-EMA, WBS, Rote Listen) untersucht und so Veränderungen über die Zeit dokumentiert. Resultate des BDM (BAFU 2017b) machen deutlich, dass die Biodiversität in der Schweiz in einem besorgniserregenden Zustand ist. Obschon die Artenzahlen in den letzten 15 Jahren auf einem ähnlichen Niveau geblieben sind, verloren wertvolle Lebensräume, wie zum Beispiel Trockenwiesen oder Hochmoore, weiterhin an Qualität und Fläche und typischen Arten erleiden weiterhin Bestandseinbussen. Gerade bei den gefährdeten Arten hat sich die Situation weiter verschärft: 36 Prozent der untersuchten Pflanzen-, Tier- und Pilzarten der Schweiz gelten als bedroht, deutlich mehr als in den meisten EU-Ländern (BAFU 2017b). Diese Resultate zeigen wie wertvoll und wichtig Biodiversitäts-Monitorings sind.

Im Gegensatz dazu wissen wir nur wenig über die genetische Vielfalt innerhalb von Arten in der Schweiz und noch weniger über allfällige Veränderungen dieser Vielfalt im Verlauf der Zeit. Ein Monitoring der Veränderung der genetischen Vielfalt bei wildlebenden Arten wird jedoch von internationalen Abkommen (Übereinkommen über die biologische Vielfalt, CBD) gefordert. So verlangt zum Beispiel das AICHI Biodiversitäts-Ziel 13² für 2020, dass "die genetische Vielfalt stabilisiert wird und Strategien zur Vermeidung genetischer Erosion erarbeitet sind". Im sechsten CBD Bericht der Schweiz wird zudem vermerkt, dass "die verfügbaren Informationen über die Entwicklung und den Zustand der genetischen Vielfalt bei wilden Pflanzen und Tieren in der Schweiz knapp sind". Die Strategie Biodiversität Schweiz (BAFU 2012) misst aber der Erhaltung der genetischen Vielfalt eine wichtige Rolle bei. Konkret erwähnen drei der zehn strategischen Ziele für 2020 (Ziele 1, 4 und 10) spezifisch die genetische Vielfalt. Die Erhaltung der genetischen Vielfalt wird als prioritäres Ziel genannt, da sie ein grundlegendes Element der Biodiversität ist. Gemäss Ziel 1 soll die "Nutzung von natürlichen Ressourcen [...] bis 2020" nachhaltig erfolgen, sodass "die Erhaltung [...] der genetischen Vielfalt sichergestellt ist". Spezifisch sollen gemäss Ziel 4 die "genetische Verarmung bis 2020 gebremst, wenn möglich gestoppt" und die "Erhaltung und die nachhaltige Nutzung der genetischen Ressourcen, einschliesslich der Nutztiere und Kulturpflanzen" gesichert werden. Im Weiteren soll gemäss Ziel 10 eine "Überwachung der Veränderung [...] der genetischen Diversität bis 2020 sichergestellt" werden. Zusätzlich ist die ökologische Infrastruktur zur Förderung der Vernetzung von Kerngebieten ein zentrales Anliegen sowohl der Strategie Biodiversität Schweiz (BAFU 2012) als auch des Aktionsplans Biodiversität (BAFU 2017a). Der Grad der funktionalen Vernetzung kann mit genetischen Methoden erfasst werden. Ein Punkt, der auch im Forschungskonzept 2017-2020 des BAFU genannt wird (BAFU 2016). Die Verpflichtung der Schweiz, die genetische Vielfalt und ihre Veränderung über die Zeit zu dokumentieren, ist somit ausgewiesen.

² <https://www.cbd.int/sp/targets/>

Von den international aber auch national gesetzten Zielen zum Monitoring der genetischen Vielfalt sind wir — nicht nur in der Schweiz, sondern auf der ganzen Welt — weit entfernt (Laikre 2010; Laikre *et al.* 2010). Wir verfügen bisher weder über ein Konzept, wie genetische Vielfalt erfasst werden soll, noch haben wir Referenzwerte, an Hand derer wir in Zukunft Veränderungen der genetischen Vielfalt feststellen können (BAFU 2017b). Diese Situation ist teilweise dadurch erklärbar, dass bis vor wenigen Jahren die technischen Möglichkeiten für eine umfangreiche Analyse genetischer Vielfalt über viele Arten hinweg nicht vorhanden oder die Kosten nicht tragbar waren. Diese Situation hat sich inzwischen grundlegend verändert (z.B.: Garner *et al.* 2016; Funk *et al.* 2018; Meek & Larson 2019). Heute ist Schweden das erste Land, welches ein genetisches Monitoring-Programm, allerdings nur für kommerziell genutzte Fischarten, plant und mit dessen Umsetzung begonnen hat (Laikre *et al.* 2008; Lundmark *et al.* 2019). Die Mehrzahl und die grosse Vielfalt der wild-lebenden Arten wird damit aber auch im schwedischen Ansatz nicht genetisch untersucht. Ziel der vorliegenden Machbarkeitsstudie ist es zu klären, wie und in welchem Rahmen künftig die genetische Vielfalt in natürlichen Populationen für viele Arten, welche die wichtigen Organismengruppen aus terrestrischen und aquatischen Ökosystemen der Schweiz abdecken, erhoben und überwacht werden kann. Das hier vorgeschlagene Monitoring der genetischen Vielfalt unterscheidet sich von existierenden Monitorings, welche molekulare Methoden (DNA Barcoding, eDNA) verwenden um einzelne (meist charismatische) Arten nachzuweisen (Kapitel 2.4). Ein Monitoring der genetischen Vielfalt kann im Weiteren untersuchen, inwiefern die Erfassung genetischer Vielfalt Aufschluss über die Vernetzung von Populationen und Lebensräumen gibt und lässt Aussagen zu Inzucht und Anpassungsfähigkeit von Arten zu — beides zentrale Komponenten der Überlebensfähigkeit von Populationen und Arten und damit der Naturschutzbemühungen in der Schweiz. Ein Monitoring der genetischen Vielfalt erlaubt auch die Erfassung des Erreichungsgrads verschiedener Ziele der Strategie Biodiversität Schweiz (BAFU 2012) und des Aktionsplans Strategie Schweiz (BAFU 2017a). Da unseres Wissens weltweit noch kein entsprechendes und umfassendes Monitoring der genetischen Vielfalt für Vertreter aller wichtigen Organismengruppen aus terrestrischen und aquatischen Systemen entwickelt, geplant und implementiert wurde, würden das BAFU und die Schweiz hier eine Vorreiterrolle übernehmen.

4 Vorgehensweise und Erarbeitung der Informationsgrundlagen

Eine Literaturrecherche zeigte, dass zum Thema Monitoring der genetischen Vielfalt über viele Arten hinweg nur wenig verwendbare Informationen vorhanden sind (Schwartz *et al.* 2007; Laikre *et al.* 2008; Hansen *et al.* 2012; Jackson *et al.* 2012; Hoban *et al.* 2014; Holderegger *et al.* 2016; Flanagan *et al.* 2017; Mimura *et al.* 2017; Wennerström *et al.* 2017; Grossen *et al.* 2018; Supple & Shapiro 2018; Breed *et al.* 2019). Damit die nötigen Informationen für diese Machbarkeitsstudie für ein Monitoring genetischer Vielfalt trotzdem effizient und umfassend erhoben werden konnten, organisierten wir einen internationalen Workshop zum Thema und führten Umfragen zu spezifischen Aspekten (z.B. Artenauswahl) durch. Zusätzlich wurde eine umfangreiche Stakeholderanalyse erarbeitet (Kapitel 6).

4.1 Internationaler Workshop "Genetic Diversity Monitoring in Switzerland"

Zur Erarbeitung von fundiertem Wissen dazu, wie genetische Vielfalt in einem Monitoring untersucht werden könnte, führten wir am 27. und 28. Mai 2019 einen internationalen Workshop zum Thema "Genetic Diversity Monitoring in Switzerland" durch. Dieser Anlass fand in der Villa Hatt der ETH Zürich statt.

Insgesamt haben wir 13 führende Wissenschaftler*innen im Bereich der Naturschutzgenetik (Conservation Genetics) und der Naturschutzbiologie (Conservation Biology) eingeladen. Die Anfrage stiess bei allen Angefragten auf sehr grosses Interesse, aus zeitlichen Gründen konnten jedoch nur acht der eingeladenen Personen am Meeting teilnehmen (Tabelle 1).

*Tabelle 1 Teilnehmer*innen des "Genetic Diversity Monitoring in Switzerland" Workshops 2019. *Eingeladene Expert*innen.*

Name	Institution, Land	Vortragstitel
Dr. Martin C. Fischer	ETH Zürich, Schweiz	Genetic diversity monitoring in Switzerland: a feasibility study
Dr. Felix Gugerli	WSL, Schweiz	---
Prof. Rolf Holderegger	WSL, Schweiz	---
MSc Rea Pärli	ETH Zürich, Schweiz	---
Prof. Alex Widmer	ETH Zürich, Schweiz	---
*Prof. Michael Bruford	Cardiff University, Wales, UK	Genetic monitoring and global biodiversity targets: current status and challenges
*Prof. Chris W. Funk	Colorado State University, USA	Maximizing the benefits of genetic diversity monitoring for nature and people
*Prof. Sean Hoban	Morton Arboretum, Lisle, USA	Conceptual framework and issues for measuring and monitoring genetic composition: work from GEOBON
*Prof. Jukka Jokela	EAWAG, Schweiz	Aquatic pathogen strain surveillance now and in the future?
*Prof. Linda Laikre	Stockholm University; Schweden	Abgesagt
*Prof. Patrick Meirmans	University of Amsterdam, Niederlande	Power and bias in analyses of population structure
*Prof. Gernot Segelbacher	Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, Deutschland	Genetic monitoring in Europe - is it reflected in national biodiversity strategies?
*Dr. Sofia Wyler	SwissBOL and GBIF, Schweiz	Genetic data for Swiss Biodiversity

Während des Workshops wurde am ersten Tag aktuelles Wissen und vorhandene Erfahrungen zu genetischen Monitorings weltweit vermittelt (Tabelle 1). Am zweiten Tag wurden offene Fragen zu einem möglichen genetischen Monitoring in der Schweiz mit allen Teilnehmer*innen diskutiert. Sechs Themenblöcke wurden dabei systematisch behandelt:

- 1) Welches sind die Schlüsselfragen, die in einem nationalen Monitoring der genetischen Vielfalt gestellt werden müssen?
- 2) Welche Indikatoren können abgeleitet werden, die für ein Monitoring der genetischen Vielfalt aussagekräftig sind?
 - a) Zeitliche Indikatoren zur Bewertung von Veränderungen der genetischen Vielfalt natürlicher Populationen
 - b) Veränderungen in der genetischen Struktur von Populationen im Lauf der Zeit
 - c) Veränderungen des Inzuchtgrads
 - d) Änderungen in der Vernetzung (Konnektivität) von Populationen
 - e) Wie können das aktuelle Niveau und die Veränderungen der anpassungsrelevanten genetischen Vielfalt und des evolutionären Potenzials quantifiziert werden?
- 3) Was ist die optimale Stichprobengrösse und Sammelstrategie?
 - a) Anzahl der Individuen, Populationen und Arten
 - b) Typ des zu sammelnden genetischen Materials
 - c) Geografische Verteilung der beprobten Populationen
 - d) Zeitliches Untersuchungsintervall
 - e) Langzeitlagerung von Proben und/oder DNA
 - f) Entwicklung einer passenden Datenbank für Proben und/oder DNA
- 4) Welche molekular-genetische Labormethode (Sequenzierungs-Methode) soll verwendet werden?
- 5) Welches sind die wichtigsten Kriterien für die Auswahl von Arten bzw. Lebensräumen?
- 6) Wie wichtig ist ein retrospektiver Ansatz, bei dem historische genetische Vielfalt und deren Veränderung aus der Analyse von Museum- oder Herbarium-Proben abgeleitet werden?

4.2 Expertenbefragung zur Artenauswahl

Die Auswahl der Arten, welche in einem genetischen Monitoring untersucht werden könnten, ist ein vielschichtiges Problem (Kapitel 5.2), da es in der Schweiz eine Vielzahl von Arten aus verschiedensten taxonomischen Reichen gibt und deren Verteilung und Häufigkeit in den verschiedenen Lebensräumen und Landesteilen der Schweiz unterschiedlich ist. Deshalb haben wir insgesamt 50 Expert*innen für die verschiedenen Organismengruppen der Schweiz befragt. Zudem wurden für ein allfälliges retrospektives Monitoring der genetischen Vielfalt 24 der grösseren wissenschaftlichen Sammlungen und Museen der Schweiz angeschrieben. Die Rücklaufquote betrug insgesamt 60.8% (74 angefragt, 45 Antwortende). Es wurden mehr als 200 verschiedenen Arten für ein Monitoring der genetischen Vielfalt genannt. Im Weiteren haben wir auch 331 Stakeholder (Kapitel 6) nach möglichen Arten für ein Monitoring der genetischen Vielfalt befragt und erhielten

von 45 Stakeholdern je ca. drei Arten genannt (gesamthaft 145 Arten), welche ausser bei den Amphibien und Fischen erstaunlich wenig Überlappungen zeigten.

5 Modell für ein Monitoring der genetischen Vielfalt

5.1 Zielsetzung

Ein Monitoring der genetischen Vielfalt hat zum Ziel, die genomweite (über das ganze Erbgut hinweg) genetische Vielfalt einer möglichst repräsentativen Auswahl von Arten und Populationen systematisch über einen längeren Zeitraum zu erfassen und Veränderungen der genetischen Vielfalt zu dokumentieren. Auf Grund solcher Veränderungen lassen sich Rückschlüsse auf eine mögliche Gefährdung einzelner Populationen oder Arten durch den Verlust genetischer Vielfalt ziehen. Veränderungen der genetischen Vielfalt ermöglichen im Weiteren Einblicke in demografische Prozesse, wie zum Beispiel erhöhte Inzucht in kleinen und isolierten Populationen, die auf Grund von Beobachtungen oder Populationsgrössen in der Regel nicht erkennbar sind. Das vorgeschlagene Monitoring genetischer Vielfalt, in einer möglichst repräsentativen Auswahl von Arten, soll die folgenden Aspekte sowie ihre Veränderung über die Zeit dokumentieren:

- die genomweite genetische Vielfalt
- die genetische Populationsstruktur
- den Genfluss und die funktionale Vernetzung zwischen Populationen
- den Inzuchtgrad
- die Hybridisierung mit anderen Arten
- die anpassungsrelevante genetische Vielfalt
- die Anpassungsfähigkeit

5.2 Sammelstrategie

Ein Monitoring der genetischen Vielfalt steht und fällt mit der Sammelstrategie (Sampling). Damit ein Monitoring der genetischen Vielfalt in der Schweiz, welche verschiedene biogeographische Regionen aufweist, aussagekräftige und vergleichbare Resultate liefert, müssen nach unserer Einschätzung mindestens 50 Arten untersucht werden. Mehr Arten zu untersuchen wäre wünschenswert. Ein Vorschlag von **50 Arten** wurde auf Grund der folgenden Kriterien erarbeitet:

- Alle sechs **biogeografischen Regionen** der Schweiz sind vertreten (BAFU 2001). Dies beinhaltet Arten, die in allen sechs biogeographischen Regionen vorkommen, aber auch Arten, welche nur in einer oder wenigen Regionen vorkommen.

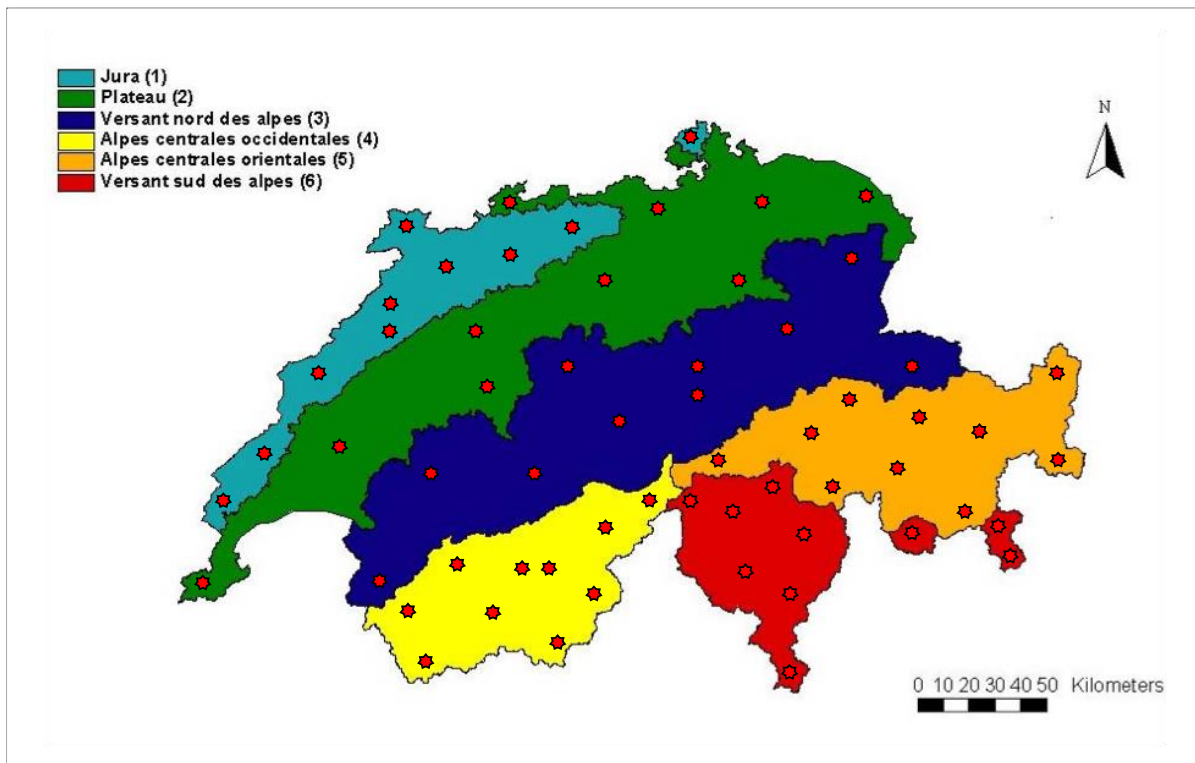


Abbildung 4 Die biogeographischen Regionen der Schweiz (BAFU 2001). Die roten Sterne markieren beispielhaft 60 zufällig ausgewählte Orte, die im Rahmen eines "random stratified sampling" mit je 10 Populationen pro biogeographische Region beprobt werden.

- Pro biogeographische Region werden **10 Populationen** untersucht (Abbildung 4), welche einen geographischen Abstand von mindestens 5 km und höchstens 50 km zwischen zwei benachbarten Populationen aufweisen. Die Definition einer Population ist artspezifisch und entspricht den Individuen einer Art an einem Ort (bis zu 1 km² Grösse). Für die Beprobung wird ein "random stratified sampling" (Lowe *et al.* 2004) verwendet, wobei die biogeographischen Regionen die Strata sind und innerhalb der Strata die Populationen zufällig ausgewählt werden. Durch diese zufällige Auswahl der Populationen lässt sich die allgemeine Vernetzung in einer Landschaft aufzeigen. Für spezifische Erfolgskontrollen von Vernetzungsmassnahmen, wie z.B. von Grünbrücken, müsste die Sammelstrategie entsprechend angepasst werden. Für häufige Arten ist es sinnvoll und möglich, diese in einigen der BDM oder ALL-EMA Probeflächen zu sammeln. Im Weiteren ist es sinnvoll Lebensraumspezialisten zu untersuchen, welche in gefährdeten Biotopen vorkommen, was Synergien mit der WBS schaffen könnte.
- Pro Population werden Proben von **10 Individuen** gesammelt. Für ältere genetische Methoden (z.B. Mikrosatelliten) wurde empfohlen, 15-25 Individuen pro Population zu sammeln (Hale *et al.* 2012). Mit modernen Methoden, welche das ganze Erbgut (Genom) untersuchen (Kapitel 5.4) und hauptsächlich DNA Sequenzunterschiede (single nucleotide polymorphisms, SNPs) erfassen, sind weniger Individuen nötig. Nazareno *et al.* (2017) haben gezeigt, dass dabei eine Stichprobengröße von 8 Individuen pro Population und Art für eine präzise Schätzung der genetischen Vielfalt ausreicht. Deshalb stellen 10 Individuen pro

Population eine sinnvolle Sammelgrösse dar. Für sehr seltene oder schwierig zu beprobenden Arten kann die Anzahl bei Bedarf auf **5 Individuen** pro Population gesenkt werden.

Die oben dargestellte Sammelstrategie führt zu den folgenden drei Kategorien von Arten (als Grundlage für die Kostenberechnung in Kapitel 5.13).

Weitverbreitete, häufige Arten:

- 6 Regionen * 10 Populationen * 10 Individuen = **600 Individuen pro Art**

Nur in einigen Regionen vorkommende, dort jedoch relativ häufige Arten:

- 3 Regionen * 10 Populationen * 10 Individuen = **300 Individuen pro Art**

Seltene Arten:

- 3 Regionen * 10 Populationen * 5 Individuen = **150 Individuen pro Art**

Für das Sammeln von Tieren, geschützten Arten und das allfällige Betreten von Schutzgebieten sind Sammelbewilligungen bei den Kantonen einzuholen.

5.3 Probenaufbewahrung und -dokumentation

Ein wichtiger Punkt eines genetischen Monitorings ist die Aufbewahrung und Dokumentation der gesammelten Proben (Jackson *et al.* 2012). Aufgrund der Angaben in Kapitel 5.2 ergeben sich bei 50 untersuchten Arten mehr als 17'000 Proben pro Erhebungszyklus des genetischen Monitorings.

Im Moment rechnen wir für die Aufbewahrung der gesammelten Proben mit Kosten von 10 CHF pro Individuum. Es werden dabei sowohl die Proben (Gewebe; nicht das gesamte Material wird für die Labor-Analysen verbraucht), als auch die daraus gewonnene DNA (nicht die gesamte DNA wird für die Labor-Analysen verbraucht) aufbewahrt. Proben und DNA werden in einem spezialisierten Archiv in Tiefkühltruhen bei -20°C gelagert. Die Infrastruktur für diesen Probenumfang existiert heute noch nicht und muss aufgebaut und eingerichtet werden.

Im Weiteren müssen die Proben einheitlich und nachvollziehbar dokumentiert werden, was einen erheblichen administrativen Aufwand bedeutet und ausgebildetes Administrationspersonal benötigt. Hier ist eine enge Zusammenarbeit mit GBIF³ und SCNAT⁴ möglich, damit der Informations- und Wissenstransfer zuverlässig und lückenlos verläuft.

5.4 Laboranalysen

DNA Extraktionen der gesammelten Proben sollen zentralisiert und standardisiert durchgeführt werden. Hierfür eignet sich die vorhandene Einrichtung an der ETH Zürich. Das Genetic Diversity Centre (GDC) der ETH Zürich hat einen DNA-Extraktionsroboter (KingFisher Flex System, ThermoFisher Science) und umfangreiche Expertise in

³ <http://www.gbif.ch>

⁴ <https://naturwissenschaften.ch/organisations/scnat>

DNA-Extraktionen, welche die Arbeiten deutlich vereinfachen. Die extrahierte DNA wird dann zentralisiert gelagert und dokumentiert.

Ziel der molekularen Analysen im Rahmen eines Monitorings genetischer Vielfalt ist es, robuste genetische Daten zu erfassen, mit welchen eine Vielzahl von statistischen Analysen durchgeführt und verschiedene Indikatoren berechnet werden können, die zuverlässige Aussagen ermöglichen. Darüber hinaus müssen die erhobenen Daten mit Daten aus künftigen Erhebungszyklen vergleichbar sein. Deshalb kommt nur eine Sequenzierung des ganzen Genoms infrage (Shafer *et al.* 2015; Fischer *et al.* 2017; Fuentes-Pardo & Ruzzante 2017; Sedlazeck *et al.* 2018). Die in der Vergangenheit im Naturschutz verwendeten Mikrosatelliten-Marker decken die genetische Vielfalt über das ganze Genom nicht ab (Fischer *et al.* 2017), lassen keine Aussagen zur Anpassungsfähigkeit zu und sind ohne Referenzproben nicht vergleichbar. Dieselben Einschränkungen gelten auch für die weit verbreitete RADseq-Methode und vergleichbare Ansätze (Andrews *et al.* 2016; Lowry *et al.* 2017). Im Weiteren sind RADseq Daten zwischen Arten nur bedingt vergleichbar (artspezifische, systematische Fehler durch Filtering) (Arnold *et al.* 2013; O'Leary *et al.* 2018). Wir schlagen deshalb vor, dass die gut etablierte Illumina short-read Technologie verwendet wird (Heather & Chain 2016). Die Kosten sind in den letzten Jahren stark gesunken und werden in Zukunft weiter sinken. Es ist heute möglich, die Genome von vielen Individuen pro Art zu analysieren. Die Kosten liegen im Moment bei 10 CHF/ 1 Gb (Gigabase; 10⁹ Nukleotide). Diese Technologie sequenziert aktuell zwei 150 bp (Basenpaare) lange DNA-Stücke von beiden Enden jedes DNA Fragmentes. Die modernste NovoSeq⁵ Maschine produziert in 44 Stunden ca. 3000 Gb. Um mittels Schrotschuss-Sequenzierung (shotgun sequencing) genomische Variation (DNA-Sequenzunterschiede) innerhalb eines Individuums zuverlässig erfassen zu können, ist mindestens eine zehnfache Abdeckung (10x coverage) des Genoms notwendig (Benjelloun *et al.* 2019). Ansonsten lassen sich insbesondere "Runs of Homozygosity" (ROHs) zur Abschätzung der Inzucht nicht zuverlässig erfassen (Kapitel 5.7).

Die gewonnenen, 150 bp langen DNA-Sequenzstücke müssen mit einem Referenzgenom abgeglichen werden (Li & Durbin 2009; Van der Auwera *et al.* 2013). Die Anzahl der frei zur Verfügung stehenden Referenzgenome verschiedenster Arten aus vielen Organismengruppen nimmt im Moment rasch zu. So waren im Jahr 2013 nur Referenzgenome von 180 Arten vorhanden, im Januar 2020 waren es aber bereits 10'016⁶. Man kann davon ausgehen, dass für viele der hier vorgeschlagen Arten (Kapitel 5.9) bereits Referenzgenome verfügbar sind oder in naher Zukunft verfügbar werden. Trotzdem schätzen wir, dass für rund 30 Arten das Referenzgenom erstellt werden muss. Dies ist heute dank der raschen technologischen (Long-Read Sequenzierung, z.B. Pacific Bioscience⁷ oder Oxford NanoPore⁸ (zum Beispiel: Giordano *et al.* 2017; Jansen *et al.* 2017; Belser *et al.* 2018; Deschamps *et al.* 2018; Michael *et al.* 2018; Ge *et al.* 2019; Schalamun *et al.* 2019); und bioinformatischen Entwicklungen (Sedlazeck *et al.* 2018; Ghurye & Pop 2019) kein Hindernis mehr.

⁵ <https://emea.illumina.com/systems/sequencing-platforms/novaseq.html>

⁶ <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/browse/#!/overview/>

⁷ <https://www.pacb.com>

⁸ <http://nanoporetech.com>

Möchte man Vergleiche zwischen verschiedenen Arten auf dem Niveau von (orthologen) Genen machen und Berechnungen zur Inzucht (Kapitel 5.7), ist eine Annotation, d.h. eine Abgleichung der funktionalen Gene der einzelnen Referenzgenome notwendig (Holt & Yandell 2011). Dies ist bioinformatisch aufwändig und bedarf zusätzlich pro Referenzgenom sogenannter Genexpressionsdaten (10 Gb; RNAseq; (Rawat *et al.* 2015)).

5.5 Bioinformatik und Rechenleistung

Mit den in Kapitel 5.4 beschriebenen Verfahren werden riesige Datenmengen produziert. Hier ein Rechenbeispiel: Proben von 17'000 Individuen * 10x Coverage * ca. 1.5 Gbp Genomgrösse = 255 Billionen Basenpaare. Anders ausgedrückt: Wenn man diese Datenmenge auf A4 Papier (10 Punkt Schrift, 80g/m² Papier) drucken würde, ergäbe sich ein Papierstapel von ungefähr 4'660'000 m Höhe, was 527x der Höhe des Mount Everest entspricht. Um diese Datenmengen verarbeiten zu können, braucht es spezielle Supercomputer-Cluster. Deshalb ist es unabdingbar, dass ein Monitoring der genetischen Vielfalt an einer Hochschule wie etwa der ETH Zürich angegliedert ist. Durch die Affiliation mit dem Genetic Diversity Centre (GDC) ergibt sich Zugang zum high-performance computer cluster Euler der ETH Zürich⁹. Die hier vorgeschlagen Datenmengen sind jedoch so gross, dass weitere Rechenleistung gekauft werden müsste. Wir schlagen deshalb vor, dass für das vorgeschlagene Monitoring drei weitere Euler Nodes (Recheneinheit) zugekauft werden, die je 128 CPUs und 512 GB RAM besitzen. Die Kosten pro Node belaufen sich auf 10'000.- CHF (Kapitel 5.13). Um solche riesigen Datenmengen zu analysieren braucht es spezialisierte Fachkräfte. Es würde mindestens eine 100% Bioinformatik-Stelle benötigt (Kapitel 5.11).

5.6 Datenaufbewahrung und -dokumentation

Nicht nur Gewebe- und DNA-Proben müssen dokumentiert und aufbewahrt werden, auch die grosse Menge an Daten (Sequenzierungs-Rohdaten, BAM Files, SNP-Daten in VCF Files) und die Resultate der statistischen Analysen zur Berechnung der Indikatoren (Kapitel 5.7) müssen sicher und zuverlässig mit Back-ups gespeichert werden. Das hier vorgeschlagene Monitoring würde mehr als 600 TB Daten produzieren. Aktuell sind in der Schweiz nur Hochschulen in der Lage, die entsprechende Infrastruktur zur Verfügung zu stellen. Das Speichern eines Terabyte (TB) Daten kostet für 4 Jahre 250.- CHF und dessen tägliches Backup zusätzlich 50.- CHF/TB für vier Jahre.

5.7 Indikatoren

Die Daten aus der DNA Sequenzierung werden in Indikatoren umgerechnet, die verständlich sind und standardisiert interpretiert werden können. Die verschiedenen Indikatoren werden in den folgenden Tabellen aufgeführt. Im Weiteren geben wir eine kurze Erläuterung, wie die Indikatoren berechnet werden, welches die Anforderungen an die Datenqualität sind und welche Aussagen mit den jeweiligen Indikatoren möglich sind. Die

⁹ <https://scicomp.ethz.ch/wiki/Euler>

Indikatoren werden unterteilt in solche, welche den Zustand und die Veränderung über die Zeit für die genetische Vielfalt als Ganzes, die genetische Populationsstruktur, die funktionale Vernetzung, die Inzucht, die zwischenartliche Hybridisierung, die anpassungsrelevante genetische Vielfalt und die Anpassungsfähigkeit anzeigen. Die meisten Indikatoren werden pro Population und biogeographische Region berechnet. Tabelle 2 listet genetische Schätzer auf, welche als Indikator für die genetische Vielfalt verwendet werden können.

Tabelle 2 Genetische Schätzer für den Indikator **genetische Vielfalt**.

Schätzer	Ref.	Interpretation	Erklärung
• Beobachtete und erwartete Heterozygotität (H_o und H_e)	¹⁰	+ H_o und H_e über die Zeit ✓ - H_o und H_e über die Zeit ✗	H_o schätzt die beobachtet genetische Vielfalt innerhalb von Individuen. Es ist dies die populationspezifische Häufigkeit von zwei verschiedenen Ausprägungen (Allelen) an einer Stelle im Genom. H_e ist die erwartete genetische Vielfalt in einer sich zufällig paarenden Population (oft als genetische Vielfalt bezeichnet).
• Nukleotid-Diversität (π)	¹¹	+ π über die Zeit ✓ - π über die Zeit ✗	π schätzt die genetische Vielfalt in einer Population an Hand der durchschnittlichen Anzahl von Basenunterschieden pro Position zwischen zwei DNA-Sequenzen.
• Watterson's Theta ($\theta_{Watterson}$)	¹²	+ θ über die Zeit ✓ - θ über die Zeit ✗	$\theta_{Watterson}$ ist ein Mass für die genetische Vielfalt einer Population und ist das Verhältnis der abweichenden Positionen in einem Genom. $\theta_{Watterson}$ reagiert sensitiv auf demographische Schwankungen.
• Effektive Populationsgrösse (N_e)	¹³	+ N_e über die Zeit ✓ - N_e über die Zeit ✗	N_e ist ein Mass für die effektive Populationsgrösse und widerspiegelt die Anzahl sich zufällig fortpflanzender Individuen.

Die genetische Struktur von Arten und Population ist kein Indikator im eigentlichen Sinn, aber sie wird gebraucht, um andere Indikatoren richtig zu interpretieren. Sie zeigt ausserdem die Stärke der Isolation von Populationen an und weist dadurch auf die Fragmentierung von Habitaten hin (Tabelle 3).

¹⁰ (Johnson *et al.* 2010; Robinson *et al.* 2019)

¹¹ (Lozier 2014)

¹² (Fischer *et al.* 2017)

¹³ (Al-Asadi *et al.* 2019; Ryman *et al.* 2019)

Tabelle 3 Genetische Schätzer für den Indikator *genetischen Struktur*.

Schätzer	Ref.	Interpretation	Erklärung
• Hauptkomponenten-Analyse (PCA)	¹⁴	+ erklärte Varianz über die Zeit ✗ - erklärte Varianz über die Zeit ✓	Mass für Austausch von Individuen, Pollen, Sporen und Genen zwischen Populationen. Wenn mehr Varianz erklärt wird, ist die Populationsstruktur ausgeprägter und somit der Austausch (Genfluss) zwischen Populationen kleiner.
• Genetische Differenzierung (F_{ST})	¹⁵	+ F_{ST} über die Zeit ✗ - F_{ST} über die Zeit ✓	F_{ST} ist ein Maß für die Populationsdifferenzierung aufgrund der genetischen Struktur. Je höher F_{ST} , desto weniger Genfluss herrscht zwischen Populationen.
• STRUCTURE	¹⁶	+ K über die Zeit ✗ - K über die Zeit ✓	STRUCTURE kann die Anzahl Gruppen (K ; Populationen) in einem Datensatz abschätzen und weist die einzelnen Individuen auf Grund ihrer genetischen Vielfalt den einzelnen Gruppen zu. Individuen innerhalb einer Gruppe sind näher miteinander verwandt als mit Individuen anderer Gruppen. Je höher K , umso ausgeprägter ist die Fragmentierung.

Für die Bewertung der funktionalen Vernetzung wäre eine direkte Schätzung der Anzahl Migranten hilfreich, jedoch ist diese mit molekularen Methoden und der beschränkten Anzahl Individuen pro Population nicht möglich. Deshalb müssen andere Methoden, welche relative Werte für den Genfluss angeben, verwendet werden. Diese Methoden weisen Genfluss in den letzten zwei bis sechs vergangenen Generationen nach. Die Resultate sind zentral für die Erfolgskontrolle von Vernetzungsmaßnahmen (z.B. Grünbrücken). Das Signal einer Populationsfragmentierung ist bereits nach einer bis maximal 15 Generationen genetisch erkennbar. Das Signal einer Fragmentierung verliert sich innerhalb von weniger als 15 Generationen nach erfolgter und erfolgreicher Vernetzung (Landguth *et al.* 2010). Um Veränderungen der funktionalen Vernetzung zu bestimmen, muss ein Monitoring der genetischen Vielfalt also über einen längeren Zeitraum durchgeführt werden. In Tabelle 4 ist eine Liste von genetischen Schätzern für den Indikator funktionale Vernetzung aufgelistet.

¹⁴ (Novembre *et al.* 2008; House & Hahn 2017)

¹⁵ (Hepenstrick *et al.* 2012; Alcalá & Rosenberg 2019)

¹⁶ (Pritchard *et al.* 2000; Falush *et al.* 2003, 2007; Hubisz *et al.* 2009)

Tabelle 4 Genetische Schätzer für den Indikator funktionale Vernetzung.

Schätzer	Ref.	Interpretation	Erklärung
• BayesASS	¹⁷	+ über die Zeit ✓ - über die Zeit ✗	Identifizierung von Genfluss zwischen Populationen unter Verwendung von Multilocus-Genotypendaten.
• STRUCTURE	¹⁸	+ K über die Zeit ✗ - K über die Zeit ✓	Reduziert sich die Anzahl genetisch unterschiedlicher Gruppen (K) über die Zeit, weist dies darauf hin, dass Vernetzungsmassnahmen erfolgreich sind. Im Weiteren kann auch der Admixture-Wert (q) verwendet werden, um zugewanderte Individuen oder ihre Nachkommen zu identifizieren.
• assignPOP	¹⁹	+ Zuordnungsgenauigkeit über die Zeit ✓ - Zuordnungsgenauigkeit über die Zeit ✗	Mit assignPOP können Individuen zu Population zugewiesen werden unter Verwendung von maschinellem Lernen. Nimmt die Zuordnungsgenauigkeit über die Zeit ab, ist dies ein Indiz für Vermischung von Populationen, also Vernetzung.
• Kinship/Relatedness	²⁰	+ kinship coefficient θ über die Zeit ✗ - kinship coefficient θ über die Zeit ✓	Mass für den Grad der Verwandtschaft von Individuen. Die Wahrscheinlichkeit der genetischen Identität zwischen zwei Individuen kann verwendet werden, um zugewanderte Individuen zu identifizieren.
• Estimated effective migration surface (EMS)	²¹	+ m über die Zeit ✓ - m über die Zeit ✗	EMS schätzt die effektive Migrationsrate (m) zwischen Populationen und interpoliert diese auf eine geographische Karte. Gleichzeitig kann auch die effektive Populationsgrösse N_e geschätzt werden.

Ein weiterer wichtiger Indikator, der mit genetischen Daten überprüft werden kann, ist die Stärke der Inzucht innerhalb von Arten und Populationen. Inzucht kann zu Inzuchtdepression führen (Kapitel 2.2; (Charlesworth & Willis 2009; Norén *et al.* 2016) und beeinflusst die Überlebensfähigkeit kleiner Populationen auf verschiedene Weisen (extinction vortex; Gómez-Sánchez *et al.* 2018). In Tabelle 5 sind zwei wichtige genetische Schätzer für den Indikator Inzucht aufgeführt.

¹⁷ (Wilson & Rannala 2003)

¹⁸ (Pritchard *et al.* 2000; Falush *et al.* 2003, 2007; Hubisz *et al.* 2009)

¹⁹ (Chen *et al.* 2018)

²⁰ (Goudet *et al.* 2018)

²¹ (Petkova *et al.* 2015; Al-Asadi *et al.* 2019)

Tabelle 5 Genetische Schätzer für den Indikator *Inzucht*.

Schätzer	Ref.	Interpretation	Erklärung
• Runs of homozygosity (ROH)	²²	+ ROH über die Zeit ✗ - ROH über die Zeit ☑	ROH kann kürzlich aufgetretene Inzucht in kleinen, isolierten Populationen identifizieren. Einheitlich homozygote Abschnitte im Erbgut eines Individuums als Folge davon, dass beide Eltern identische DNA Abschnitte an die Nachkommen weitergeben. Kombiniert mit H_e lässt sich der Zeitraum des Diversitätsverlustes und der Inzucht abschätzen. (Abbildung 5).
• Genetische Bürde (genetic load)	²³	+ über die Zeit ✗ - über die Zeit ☑	Genetic load ist ein Mass für die Anhäufung von schädlichen Mutationen, die sich in Population anhäufen, wenn diese zu klein sind. Wenn genetic load in einem definierten Set von (orthologen) Genen analysiert wird, können Vergleiche zwischen Arten vorgenommen werden.

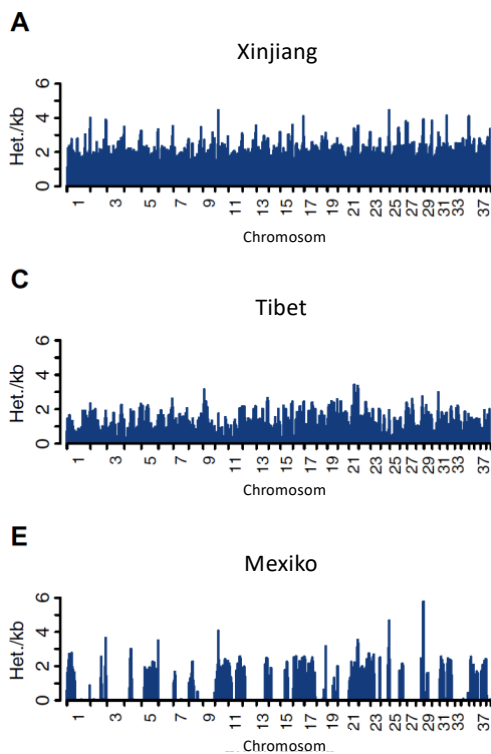


Abbildung 5 Verteilung der genetischen Vielfalt über alle 38 Chromosomen (Genom) von drei unterschiedlichen Wolfpopulationen. Die Höhe der blauen Balken gibt das Ausmass genetischer Vielfalt einer Population wider (Heterozygote Positionen pro 1000 bp). Die Population A weist eine hohe genetische Vielfalt auf, die typisch ist für gesunde und grosse Populationen. Population C weist eine deutlich reduzierte genetische Vielfalt als Folge langanhaltender Inzucht in kleinen Populationen auf. Population E hat zahlreiche Bereiche, in denen die genetische Vielfalt fehlt. Diese Runs of Homozygosity (ROH) sind charakteristisch für kürzlich aufgetretene Inzucht in kleinen, isolierten Populationen (Robinson et al. 2019).

Die Hybridisierung zwischen unterschiedlichen einheimischen, aber auch zwischen einheimischen und eingeführten oder domestizierten Arten soll überwacht werden. Bekannte Beispiele sind Hybriden zwischen

²² (Purfield et al. 2012; Brüniche-Olsen et al. 2018; Gómez-Sánchez et al. 2018; Grossen et al. 2018; Robinson et al. 2019)

²³ (Rogers & Slatkin 2017; Díez-del-Molino et al. 2018; van der Valk et al. 2019)

Wildkatze und Hauskatze (Nussberger *et al.* 2014; Oliveira *et al.* 2015) oder Introgression zwischen dem Wolf und seiner domestizierten Form, dem Hund (Dufresnes *et al.* 2019). Hybridisierung tritt auch natürlicherweise auf. In mehr als 40% aller Pflanzenfamilien und 16% aller Pflanzengattungen wurden Hybride zwischen Arten nachgewiesen (Whitney *et al.* 2010). In Tabelle 6 ist ein Indikator dargestellt, welcher Hybriden nachweisen kann. Die Möglichkeiten hierfür sind limitiert, da für die sichere Identifikation einer Hybridisierung auch die zweite Eltern-Art eines Hybrids sequenziert werden müsste. Dies ist in einem Monitoring aber nicht (oder nur zufällig) der Fall.

Tabelle 6 Genetischer Schätzer für den Indikator **zwischenartliche Hybridisierung**.

Schätzer	Ref.	Interpretation	Erklärung
• PCA	²⁴	++ erklärte Varianz über die Zeit ✗	Mit einer PCA kann man Hybriden zwischen Arten identifizieren, da Introgression von einer anderen Art zur starken Erhöhung der genetischen Varianz und Diversität führt.

Ein weiterer Indikator, der in einem Monitoring untersucht werden muss, ist die adaptive genetische Vielfalt. Anpassungsrelevante (adaptive) genetische Variation tritt in Genen auf, welche die Fitness von Individuen unter bestimmten Umweltbedingungen positiv beeinflussen. Dies ist nicht für alle Gene der Fall. Das Monitoring von anpassungsrelevanter genetischer Vielfalt ist deshalb wichtig, um lokal angepasste Populationen zu identifizieren (Fischer *et al.* 2013) und um zu verstehen, welches Potenzial eine Art und deren Populationen haben, sich an verändernde Umweltbedingungen anzupassen (Flanagan *et al.* 2017; Robinson *et al.* 2017; Cook & Sgrò 2019). Tabelle 7 gibt eine Übersicht über Schätzer der adaptiven genetischen Vielfalt.

Tabelle 7 Genetische Schätzer für den Indikator **adaptive genetische Vielfalt**.

Schätzer	Ref	Interpretation	Erklärung
• F_{ST} Outlier	²⁵	+ Variation ✓ - Variation ✗	Mass für Loci, welche potentiell adaptive Vielfalt reflektieren. Welche Gene sind zu einem ersten Zeitpunkt (t_0) unter Selektion? Welche Gene sind zu einem späteren Zeitpunkt (t_1) unter Selektion? Wie verändern sich die Allel-Frequenzen von Genen unter Selektion im Verlauf der Zeit ($t_0 \rightarrow t_1$)?
• Environmental Association Analysis (EAA)	²⁶	+ Variation ✓ - Variation ✗	Mass für die adaptive genetische Vielfalt, welche mit topoklimatischen Umweltfaktoren assoziiert ist.

²⁴ (House & Hahn 2017)

²⁵ (Fischer *et al.* 2011; Fischer *et al.* 2013; Ahrens *et al.* 2018)

²⁶ (Rellstab *et al.* 2015)

Von den Stakeholdern gaben 70% der Befragten an, dass die Möglichkeit einer Abschätzung der Anpassungsfähigkeit an zukünftige Umweltveränderungen, wie den Klimawandel, ein wichtiger Grund für ein Monitoring der genetischen Vielfalt ist (Kapitel 5.15). Eine Abschätzung der Anpassungsfähigkeit basiert auf zahlreichen Annahmen. Pragmatisch kann das Ausmass genetischer Vielfalt an sich als Mass für die Anpassungsfähigkeit verwendet werden, da eine hohe genetische Vielfalt vorteilhaft für die Anpassungsfähigkeit von Populationen und Arten ist. Ein passender Indikator dafür ist die effektive Populationsgrösse (N_e). Im engeren Sinn kann auch die Veränderung der genetischen Vielfalt an anpassungsrelevanten Genen als Mass für die Anpassungsfähigkeit benutzt werden (Tabelle 7). Tabelle 8 zeigt zwei genetische Schätzer, welche als Indikator für die Anpassungsfähigkeit von Populationen und Arten verwendet werden können.

Tabelle 8 Genetische Schätzer für den Indikator *Anpassungsfähigkeit*.

Schätzer	Ref.	Interpretation	Erklärung
• N_e	²⁷	+ N_e über die Zeit ✓ - N_e über die Zeit ✗	Je grösser die effektive Populationsgrösse (N_e) ist, desto grösser ist die genetische Vielfalt und damit auch die adaptive genetische Vielfalt.
• $\pm F_{ST}$ oder EAA Outliers		+ Outlier über die Zeit ✓ - Outlier über die Zeit ✗	Veränderung der genetischen Vielfalt an anpassungsrelevanten Genen als Mass für die Anpassungsfähigkeit.

5.8 Kriterienliste für die Artenauswahl

Für ein Monitoring der genetischen Vielfalt ist einerseits eine repräsentative Artenauswahl wichtig, andererseits muss es auch möglich sein, diese Arten mit den zur Verfügung stehenden, zeitlichen und finanziellen Mitteln zu untersuchen. Da Sammel- und Sequenzierkosten mit der Anzahl Arten steigen (Kapitel 5.13) erachten wir 50 Arten als eine ausreichend repräsentative und realisierbare Anzahl. Aus Tabelle 10 wird ersichtlich, dass damit zahlreiche wichtige Organismengruppen abgedeckt werden können. Die folgenden Kriterien wurden für die Artenauswahl berücksichtigt:

- Die drei grossen Reichen – Tiere, Pflanzen und Pilze sind vertreten
- Alle Hauptlebensraumtypen (TypoCH) sind berücksichtigt (BAFU 2019)
- Alle Biotop von nationaler Bedeutung sind berücksichtigt
- Alle biogeographische Regionen der Schweiz sind vertreten (BAFU 2001)
- Es werden seltene, mittel-häufige und häufige Arten untersucht
- Rote Liste Arten (BAFU 2010a) und national prioritäre Arten (BAFU 2010b, 2019) sind einbezogen
- Im Naturschutz besonders oft verwendete Gruppen sind besonders berücksichtigt (z.B. Insekten, Amphibien, Pflanzen der Trockenwiesen)
- Wahrscheinlich vom Klimawandel betroffene Arten (Ab- oder Zunahme) sind vertreten

²⁷ (Petkova *et al.* 2015; Al-Asadi *et al.* 2019; Ryman *et al.* 2019)

- Emblematische Arten sind eingeschlossen um die Akzeptanz und das Interesse an einem Monitoring der genetischen Vielfalt in der Öffentlichkeit zu erhöhen
- Nach Möglichkeit werden Synergien mit anderen nationalen Monitorings angestrebt
- Genomgrösse und Verfügbarkeit eines Referenz-Genoms sind berücksichtigt

Flechten, auch wenn sie wichtige Indikatoren für Umweltbedingungen sind, wurden ausgeschlossen, da genomische Analysen für symbiontische Arten aufwändig sind.

5.9 Vorschlag Artenauswahl

Damit Sequenzier- und Sammelkosten genauer abgeschätzt werden können, muss eine provisorische Artenauswahl getroffen werden. Die Arten wurden mit Hilfe von Experten und Stakeholdern (Kapitel 4.2) sowie auf Grund eigener Erfahrungen ausgewählt. Die Artenauswahl ist zeitaufwändig und komplex, da viel Punkte berücksichtigt werden müssen (Kapitel 5.2, 5.8) Die provisorische Liste (Tabelle 9) dient daher nur als Diskussionsgrundlage. Sie kann und muss bei Beginn eines allfälligen genetischen Monitorings angepasst werden.

Da die Kosten eines Monitorings der genetischen Vielfalt direkt mit der Genomgrösse der untersuchten Organismen in Zusammenhang stehen, können (zurzeit) nur Organismen mit Genomgrössen unter 5 Gb effizient untersucht werden. Die durchschnittliche Genomgrösse der 50 ausgewählten Arten, von welchen es eine Schätzung der Genomgrösse gibt, ist 1.4 Gb. Für die Berechnung der Kosten eines genetischen Monitorings wurde mit einer durchschnittlichen Genomgrösse von 1.5 Gb gerechnet (Kapitel 5.13).

Für den Natur- oder Artenschutz in der Schweiz wichtige Organismen, deren Genome grösser als 5 Gb sind, könnten in einem ersten Monitoring bereits gesammelt werden und erst zu einem späteren Zeitpunkt, wenn die Sequenzierkosten weiter gesunken sind, im Labor analysiert werden. Zu diesen Organismen gehören insbesondere Amphibien wie *Bombina variegata* (Gelbbauchunke; >7 Gbp), *Salamandra salamandra* (Feuersalamander; >27 Gbp), *Triturus cristatus* (Kammolch; 25 Gbp) oder *Alytes obstetricians* (Geburtshelferkröte; 25 Gbp), sowie Nadelbäume wie *Taxus baccata* (Eibe; 10.8 Gbp), *Abies alba* (Weiss-Tanne; 17 Gbp), *Picea abies* (Gemeine Fichte; 19.6 Gbp) und *Pinus cembra* (Arve; 29 Gbp), aber auch Orchideen wie *Cypripedium calceolus* (Frauschuh; 32 Gbp).

Tabelle 9 Provisorische Liste der 50 Arten, welche in einem Monitoring der genetischen Vielfalt in der Schweiz untersucht werden könnten. Abkürzungen: TWW = Trockenwiesen und Weiden; CR = vom Aussterben bedroht; EN = stark gebärdet; VU = verletzlich; NT = Vorwarnliste.

Art	Lebensräume	Rote Liste	Genom Grösse (Gb)
Gefässpflanzen			
<i>Arabis alpina</i> (Gewöhnliche Alpen-Gänsekresse)	Gebirge		0.40
<i>Carex davalliana</i> (Davalls Segge)	Flachmoore		0.35
<i>Dianthus carthusianorum</i> (Gewöhnliche Kartäuser-Nelke)	TWW		0.60
<i>Drosera rotundifolia</i> (Rundblättriger Sonnentau)	Hochmoore	NT	0.90
<i>Dryas octopetala</i> (Silberwurz)	Gebirge		0.60
<i>Eriophorum vaginatum</i> (Scheidiges Wollgras)	Hochmoore	NT	0.40
<i>Gentiana pneumonanthe</i> (Lungen-Enzian)	Flachmoore	VU	2.50
<i>Gymnadenia conopsea</i> (Langspornige Handwurz)	TWW, Flachmoore, lichter Wald, Gebüsche		4.00
<i>Leontopodium alpinum</i> (Edelweiss)	TWW, Gebirge		1.80
<i>Littorella uniflora</i> (Strandling)	Seeufer	EN	1.07

<i>Primula veris</i> s.l. (Gewöhnliche Frühlings-Schlüsselblume)	TWW, lichter Wald, Gebüsche		0.49
<i>Rhododendron ferrugineum</i> (Rostblättrige Alpenrose)	Gebirge		0.74
<i>Salvia pratensis</i> (Wiesen-Salbei)	TWW, Landwirtschaftsland		0.46
<i>Silene exscapa</i> (Silikat-Polsternelke)	Gebirge		1.50
<i>Utricularia minor</i> (Kleiner Wasserschlauch)	Flachmoore, stehende Gewässer	VU	0.19
Bäume*			
<i>Acer platanoides</i> (Spitzahorn)	Schattiger Wald		0.70
<i>Fagus sylvatica</i> (Rot-Buche)	Schattiger Wald		0.54
<i>Salix alba</i> (Silberweide)	Auen		0.36
Moose			
<i>Scorpidium scorpioides</i> (Echtes Skorpionsmoos)	Flachmoore	VU	nicht bekannt
<i>Sphagnum magellanicum</i> (Mittlere Torfmoos)	Hochmoore	NT	0.40
Pilze			
<i>Auricularia auricula-judae</i> (Judasohr)	Wald, Gebüsche		0.1
<i>Cantharellus cibarius</i> (Eierschwamm)	Schattiger Wald		0.1
<i>Fomitopsis pinicola</i> (Rotrandiger Baumschwamm)	Schattiger Wald		0.1
Insekten			
<i>Formica rufa</i> (Rote Waldameise)	Wald, Gebüsche	NT	0.39
<i>Lasioglossum calceatum</i> (Furchenbiene)	TWW, Landwirtschaftsland		nicht bekannt
<i>Leucorrhinia pectoralis</i> (Grosse Moosjungfer)	Flachmoore	CR	nicht bekannt
<i>Nemurella pictetii</i> (Steinfliege)	Fliessgewässer		nicht bekannt
<i>Oreina speciosa</i> (Blattkäfer)	Gebirge		0.99
<i>Papilio machaon</i> (Schwalbenschwanz)	TWW, Gebirge, Landwirtschaftsland		0.30
<i>Polyommatus damon</i> (Weißdolch-Bläuling)	TWW		nicht bekannt
<i>Stenobothrus lineatus</i> (Heidegrashüpfer)	TWW		nicht bekannt
<i>Zygaena filipendulae</i> (Sechsfleck Widderchen)	Flachmoore		nicht bekannt
Spinnen			
<i>Eresus kollari</i> (Rote Röhrenspinne)	TWW		1.20
Krebse			
<i>Gammarus fossarum</i> (Bachflohkrebs)	Fliessgewässer		2.17
Weichtiere			
<i>Zebrina detrita</i> (Märzenschnecke)	TWW	VU	nicht bekannt
Reptilien			
<i>Anguis fragilis</i> / <i>A. veronensis</i> (Blindschleiche)	Lichter Wald, Gebüsche, Siedlung		3.00
<i>Vipera berus</i> (Kreuzotter)	Gebirge	EN	2.00
Amphibien			
<i>Bufo calamita</i> (Kreuzkröte)	Amphibienlaich-, stehende Gewässer	EN	4.50
<i>Hyla arborea</i> (Europäischer Laubfrosch)	Amphibienlaich-, stehende Gewässer	EN	5.00
Säugetiere			
<i>Talpa europaea</i> / <i>T. caeca</i> (Europäischer und Blind-Maulwurf)	Landwirtschaftsland	LC/NT	2.5
<i>Capreolus capreolus</i> (Reh)	Wald, Landwirtschaftsland		nicht bekannt
<i>Lepus europeaeus</i> (Feldhase)	Wald, Gebüsche, Landwirtschaftsland	VU	3.30
<i>Myotis myotis</i> (Grosses Mausohr)	TWW, Landwirtschaftsland	VU	2.30
Vögel			
<i>Milvus milvus</i> (Rotmilan)	Landwirtschaftsland		1.50
<i>Passer domesticus</i> (Haussperling)	Siedlung		1.30
<i>Alauda arvensis</i> (Feldlerche)	Landwirtschaftsland	NT	nicht bekannt
<i>Montifringilla nivalis</i> (Schneesperling)	Gebirge		nicht bekannt
Fische			
<i>Chondrostoma nasus</i> (Nase)	Fliessgewässer	CR	1.38
<i>Salmo trutta</i> (Forelle)	Fliessgewässer, stehende Gewässer	NT	2.30
<i>Thymallus thymallus</i> (Äsche)	Fliessgewässer, stehende Gewässer	VU	2.10

* Bäume werden separat aufgeführt wegen ihrer Bedeutung in der Waldwirtschaft. Bäume haben wegen ihrer langen Generationszeit den Vorteil, dass alte und junge Bäume gesammelt werden können und so ein retrospektiver Ansatz möglich ist.

Tabelle 10 zeigt eine Zusammenfassung der Anzahl Arten, welche pro Organismengruppe gesammelt werden und wie viele dieser Arten «weit verbreitete», «auf gewisse Regionen beschränkte» oder «selten» Arten sind. Die Zuordnung basiert auf Tabelle 9. An Hand von Tabelle 10 wurden die Sequenzier- und Sammelkosten berechnet (Kapitel 5.13).

Tabelle 10 Anzahl der zu untersuchenden Arten pro Organismengruppen und deren geschätzte Häufigkeit in der Schweiz. Die Häufigkeitszuordnung basiert auf der provisorischen Liste zur Artenauswahl (Tabelle 9).

	Auf gewisse Regionen		
	Weit verbreitet	beschränkt	Selten
Gefässpflanzen	5	6	4
Bäume	1	1	1
Moose	0	1	1
Pilze	1	1	1
Insekten	3	3	3
Spinnen	0	0	1
Krebse	1	0	0
Weichtiere	0	1	0
Reptilien	1	1	0
Amphibien	0	1	1
Säugetiere	0	4	0
Vögel	1	2	1
Fische	1	1	1

5.10 Retrospektives Monitoring für ausgewählte Arten

Angesichts des Reichtums an Proben, die in naturwissenschaftlichen Sammlungen und Museen der Schweiz archiviert sind, können vergleichende genomische Analysen historischer und heutiger Proben die Veränderungen der genetischen Vielfalt in Populationen und Arten während der letzten 100 bis 150 Jahre aufzeigen (Kapitel 2.4; Kousathanas *et al.* 2017; Díez-del-Molino *et al.* 2018; Bi *et al.* 2019; Billerman & Walsh 2019; Ewart *et al.* 2019; Tsai *et al.* 2019; van der Valk *et al.* 2019). Im Weiteren können dabei genetische Indikatoren getestet und weiterentwickelt werden, welche im Monitoring der heutigen genetischen Vielfalt verwendet werden. Die Sammlungsinitiative der Akademie der Naturwissenschaften (SCNAT²⁸) hebt die Wichtigkeit von naturwissenschaftlichen Sammlungen hervor. Diese Sammlungen helfen, die Vergangenheit und Gegenwart besser zu verstehen und bilden eine Grundlage für Zukunftsprognosen (SCNAT 2019).

Wir schlagen vor, dass 10 der 50 vorgeschlagenen Arten (Tabelle 9) auch retrospektiv untersucht werden. Je nach Verfügbarkeit von Proben in Sammlungen und Museen werden jeweils 100 Individuen aus zwei unterschiedlichen Zeithorizonten untersucht, zum Beispiel Proben, die vor 50 und 100 Jahre gesammelt wurden. Damit würde eine retrospektive Analyse Information von 10 Arten und insgesamt ca. 2'000 Individuen liefern. Um die Möglichkeit eines solchen retrospektiven Monitorings abzuschätzen, haben wir Expert*innen angefragt, von welchen Arten sie eine grössere Anzahl Proben in Ihren Sammlungen haben und ob sie diese für genetische Analysen zur Verfügung stellen würden (Kapitel 4.2). Die Herbarien und Sammlungen waren generell sehr

²⁸ https://naturalsciences.ch/organisations/scnat/publications/swiss_academies_reports/109849-national-significance-of-natural-history-collections-in-switzerland

interessiert an einer Zusammenarbeit und würden ihre Proben zur Verfügung stellen. Die Kosten für ein retrospektives Monitoring sind in **Error! Reference source not found.** ersichtlich.

Mögliche Arten, die sowohl für ein Monitoring der genetischen Vielfalt (Tabelle 9), als auch für ein retrospektives genetischen Monitoring infrage kommen, sind in Tabelle 11 aufgelistet.

Tabelle 11 Arten, welche für ein retrospektives Monitoring der genetischen Vielfalt infrage kommen.

Art	Lebensräume	Rote Liste	Genomgrösse (Gb)	Probenumfang
Gefässpflanzen				
<i>Dianthus carthusianorum</i> (Gewöhnliche Kartäuser-Nelke)	TWW		0.60	>1'200
<i>Eriophorum vaginatum</i> (Scheidiges Wollgras)	Hochmoore	NT	0.40	>700
<i>Rhododendron ferrugineum</i> (Rostblättrige Alpenrose)	Gebirge		0.74	>1'100
Bäume				
<i>Fagus sylvatica</i> (Rot-Buche)	Schattiger Wald		0.54	>800
Pilze				
<i>Cantharellus cibarius</i> (Eierschwamm)	Schattiger Wald		0.1	??
Insekten				
<i>Formica rufa</i> (Rote Waldameise)	Lichter Wald, Gebüsche	NT	0.39	ca. 3'000
<i>Lasioglossum calceatum</i> (Furchenbiene)	TWW, Landwirtschaftsland		nicht bekannt	ca. 230
<i>Zygaena filipendulae</i> (Sechsfleck Widderchen)	Flachmoore		nicht bekannt	ca. 700
Reptilien				
<i>Vipera berus</i> (Kreuzotter)	Gebirge	EN	2.00	>500
Vögel				
<i>Montifringilla nivalis</i> (Schneesperling)	Gebirge		nicht bekannt	ca. 200
Fische				
<i>Chondrostoma nasus</i> (Nase)	Fliessgewässer	CR	1.38	??

5.11 Pilotstudie

Ein Monitoring der genetischen Vielfalt wurde bisher weltweit im hier vorgeschlagenen Umfang noch nie durchgeführt. Die Ausarbeitung des hier vorgestellten Vorschlags basiert darum auf eigener Erfahrung und auf Abschätzungen von Expert*Innen. Um testen zu können, ob die berechneten Kosten und der Zeitaufwand realistisch sind, ist eine Pilotstudie mit einer kleineren Anzahl von Arten sinnvoll. Basierend auf einer solchen Pilotstudie könnte das umfangreiche genetische Monitoring besser geplant und die vorgeschlagenen Indikatoren getestet oder weiterentwickelt werden. Auch könnte die Zusammenarbeit mit Umwelt- und Planungsbüros ausprobiert werden, um die Kostenschätzung für das schweizweite Sammeln zu überprüfen. Um möglichst viel aus einer Pilotstudie zu lernen, sollte die genetische Vielfalt von Arten unterschiedlicher Organismengruppen untersucht werden sowie für wenige Arten auch eine retrospektive Analyse erfolgen.

Für die Pilotstudie wäre es weiter hilfreich solche Arten auszuwählen, die generell im Artenschutz auf grosses Interesse stossen und die durch menschenverursachte Effekte wie Klimaerwärmung, Pestizideintrag, Habitatfragmentierung oder sonstige Umweltveränderungen beeinträchtigt sind. Wir schlagen deshalb folgende fünf Organismengruppen vor und geben eine Auswahl an möglichen Arten an. Die genaue Artenauswahl müsste zu Beginn einer Pilotstudie konkretisiert werden:

- **Gefässpflanzen:** *Eriophorum vaginatum* (Scheidiges Wollgras) oder *Drosera rotundifolia* (Rundblättriger Sonnentau), beides sind Hochmoorarten, welche auf der Roten Liste als NT (near threatened) aufgelistet sind. Genomgrösse ca. 0.5 oder 1.2 Gb.
- **Insekten:** *Zygaena filipendulae* (Sechsfleck Widderchen), *Melitaea parthenoides* (Westlicher Scheckenfalter) oder *Baetis alpinus* (Eintagsfliege, BDM). Die vorgeschlagenen Arten sind an Feuchtgebiet oder Gewässer gebunden und somit repräsentative für viele Arten. Die Genomgrössen sind unbekannt, werden aber voraussichtlich zwischen 0.3-1 Gb liegen.
- **Weichtiere:** *Zebrina detrita* (Märzenschnecke) ist eine Art, welche in Trockenwiesen und -weiden vorkommt und auf der Roten Liste als VU (vulnerable) klassiert ist. Die Genomgrösse ist unbekannt.
- **Amphibien:** *Bufo calamita* (Kreuzkröte) oder *Hyla arborea* (Laubfrosch), sind beides Arten welche auf der Roten Liste als EN (endangered) aufgelistet sind und im Artenschutz und der WBS eine zentrale Rolle spielen. Der Lebensraum von Amphibien widerspiegelt Amphibienlaichgewässer und stehende Gewässer. Das Genom ist mit 5 Gb aber sehr gross.
- **Vögel:** Die Auswahl der Vogelart soll in enger Zusammenarbeit mit der Vogelwarte Sempach²⁹ durchgeführt werden. Mögliche Arten sind: *Montifringilla nivalis* (Schneesperling), *Milvus milvus* (Rotmilan) oder *Passer domesticus* (Haussperling). Die Arten werden weniger aufgrund spezifischer Habitatstypen ausgesucht, sondern in Bezug auf positive oder negative Trends der Populationsgrössen. Die Genomgrössen liegen zwischen 1-1.5 Gb.

Für alle hier vorgeschlagenen Arten gibt es im Moment keine Referenzgenome, weshalb diese im Zug des Pilotprojekts erstellt werden müssten (was im Budget berücksichtigt ist; Kapitel 5.13). Amphibien haben alle grosse Genome (>5 Gb), sind aber für den Artenschutz von zentraler Bedeutung, weshalb in der Pilotstudie ein Amphibium einbezogen werden sollte. In einem retrospektiven Monitoring würden *Eriophorum vaginatum* (Scheidiges Wollgras) und eine der vorgeschlagenen Insektenarten untersucht.

Die anfallenden Kosten für eine dreijährige Pilotstudie würde sich auf rund 1.2 Mio CHF belaufen (Kapitel 5.13; Abbildung 9).

5.12 Erhebungszyklus

Wir schlagen für ein Monitoring der genetischen Vielfalt einen Fünfjahres-Erhebungszyklus vor, so wie er bei anderen Monitorings des Bundes (z.B. BDM; BAFU 2012) verwendet wird. Dies würde bedeuten, dass in jedem Zyklusjahr 10 Arten genetisch untersucht würden und nach fünf Jahren der erste Zyklus abgeschlossen wäre und der nächste Zyklus starten würde.

Fünf Jahre sind eine kurze Zeit, um Veränderung der genetischen Vielfalt feststellen zu können, dies insbesondere für Arten mit langen Generationszeiten. Ein längerer Erhebungszyklus ist aber aus Sicht des Naturschutzes ein zu langer Zeitraum um allfällige Massnahmen rechtzeitig ergreifen zu können. Aktuell sind keinerlei vergleichbare Daten zum Umfang und zur Veränderung der genetischen Vielfalt in der Schweiz oder

²⁹ <https://www.vogelwarte.ch>

weltweit vorhanden. Entsprechend ist es prioritär, entsprechende Daten möglichst schnell erstmals zu erheben. Sind die ersten zwei bis drei Erhebungszyklen erfolgreich umgesetzt und sind genetische Veränderungen von Arten und Populationen nur in geringem Umfang erfasst worden, kann der Erhebungszyklus allenfalls auf 10 Jahre erhöht werden.

5.13 Kostenberechnung

Die Kostenberechnung bezieht sich auf einen Erhebungszyklus von fünf Jahren und beinhaltet drei unterschiedliche Varianten sowie eine allfällige dreijährige Pilotstudie. Die detaillierte Kostenaufstellung wurde aus Komplexitätsgründen in diesem Bericht weggelassen und wir präsentieren in einer vereinfachten Übersicht die Kostenschätzung für die drei Varianten und die Pilotstudie.

Die folgenden Abbildungen geben einen vereinfachten Überblick über die Kosten der drei Varianten:

- 1) **Variante 1:** Ein vollständiges Monitoring der genetischen Vielfalt von 50 Arten mit Probenahmen, genetischen Analysen und retrospektiven Analysen würde Kosten im Bereich von rund **9.7 Mio CHF** für einen Erhebungszyklus generieren. In Abbildung 6 ist eine grobe Aufteilung der Kosten dargestellt.

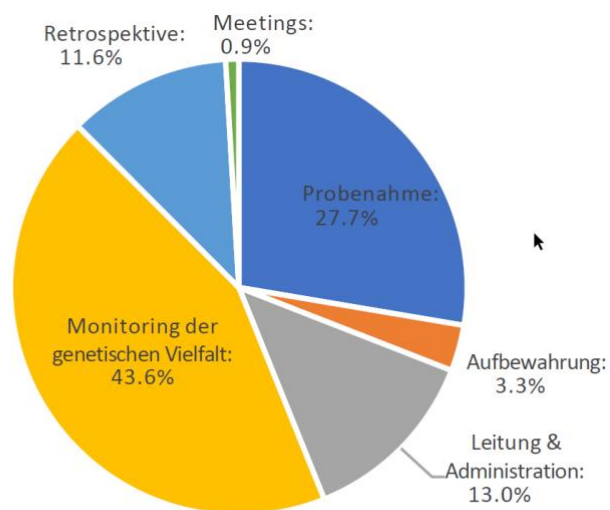


Abbildung 6 Kostenvariante 1: Vollständiges Monitoring der genetischen Vielfalt mit retrospektiver Analyse.

- 2) **Variante 2:** Ein Monitoring der genetischen Vielfalt von 50 Arten ohne retrospektive Analysen würde Kosten in der Höhe von rund **8.5 Mio CHF** verursachen (Abbildung 7).

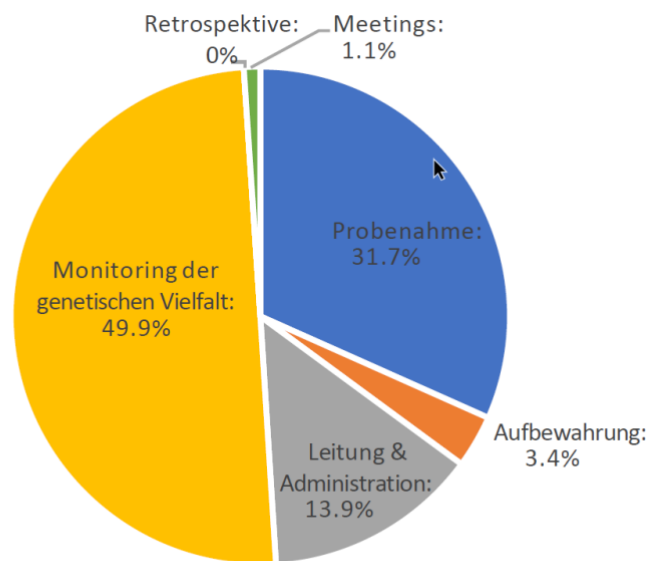


Abbildung 7 Kostenvariante 2: Vollständiges Monitoring der genetischen Vielfalt ohne retrospektive Analyse.

- 3) **Variante 3:** Ein Monitoring der genetischen Vielfalt, in welchem zuerst nur Proben von 50 Arten sammeln würden und die Sequenzierarbeiten erst zu einem späteren Zeitpunkt, z.B. nach einem zweiten Erhebungszyklus nach 5 Jahren, ausführen würden, generiert Kosten im Bereich von rund **3.9 Mio CHF**. Abbildung 8 zeigt eine Übersicht über die Verteilung der Kosten.

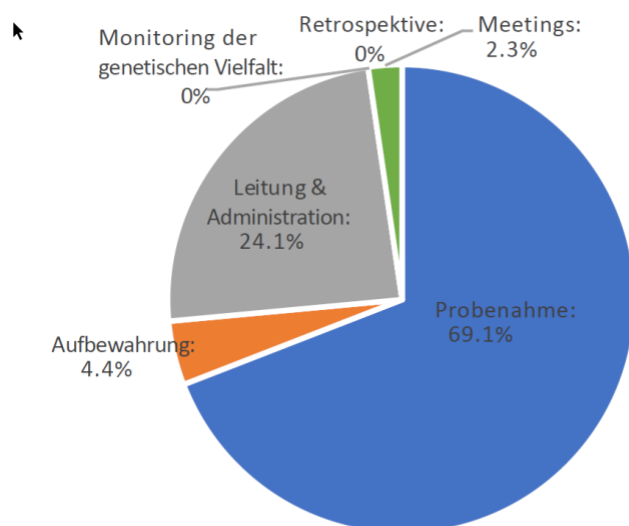


Abbildung 8 Kostenvariante 3: umfasst keine Kosten für die genetische Analyse der Proben.

Eine **dreijährige Pilotstudie** wäre ideal, um Erfahrungen mit einem genetischen Monitoring zu sammeln (Kapitel 5.11). Eine solche Pilotstudie mit fünf Arten, sowie retrospektiver Analyse von zwei Arten, würde rund **1.2 Mio CHF** kosten (Abbildung 9).

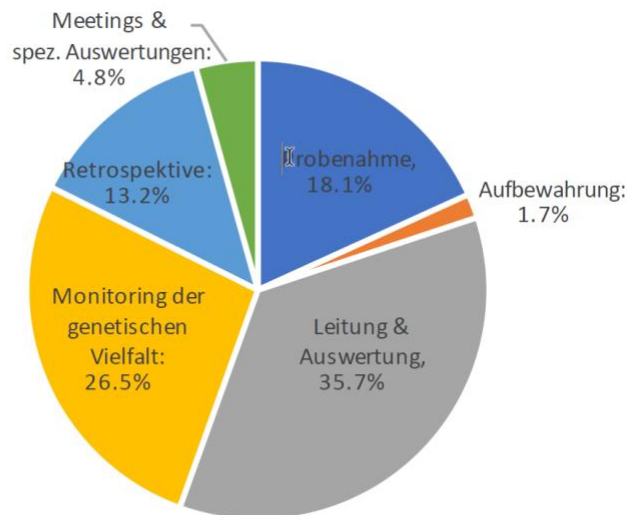


Abbildung 9 Kosten für eine dreijährige Pilotstudie mit 5 Arten, davon zwei auch mit retrospektiven Analysen.

5.14 Projektaufbau, Begleitgruppe und Expertentreffen

Ein möglicher Projektaufbau ist in Abbildung 10 dargestellt. Die vorgestellte Variante basiert auf der Annahme, dass die ETH Zürich dieses Projekt leitet. Die Begleitgruppe, welche sich einmal jährlich trifft, wird aus Teilnehmer*innen des Workshops "Genetic Diversity Monitoring in Switzerland" und führenden Expert*innen der Schweiz zusammengestellt und sollte die folgenden Kriterien erfüllen:

- 2-3 wissenschaftliche Vertreter*innen aus der Schweiz oder dem nahen Ausland
- Vertreter*innen BAFU
- Vertreter*innen SCNAT oder Forum Biodiversität
- Vertreter Info Species
- Vertreter*innen von Kantonen (Konferenz der Beauftragten für Natur- und Landschaftsschutz)
- Vertreter*innen von Museen und wissenschaftlichen Sammlungen
- Vertreter*innen von nationalen Monitorings
- Vertreter*innen des Monitorings genetischer Vielfalt (Leitung und Oberleitung)

Begrüßenswert wäre auch die wiederholte Organisation eines internationalen Workshops, welcher das Ziel hat, das Design und die Ergebnisse eines solchen genetischen Monitorings kritisch zu beleuchten und zu diskutieren. Solche Workshops ergäben auch wichtige Inputs von internationalen Experten*innen und würden die Zusammenarbeit mit ähnlichen Aktivitäten im Ausland sicherstellen.

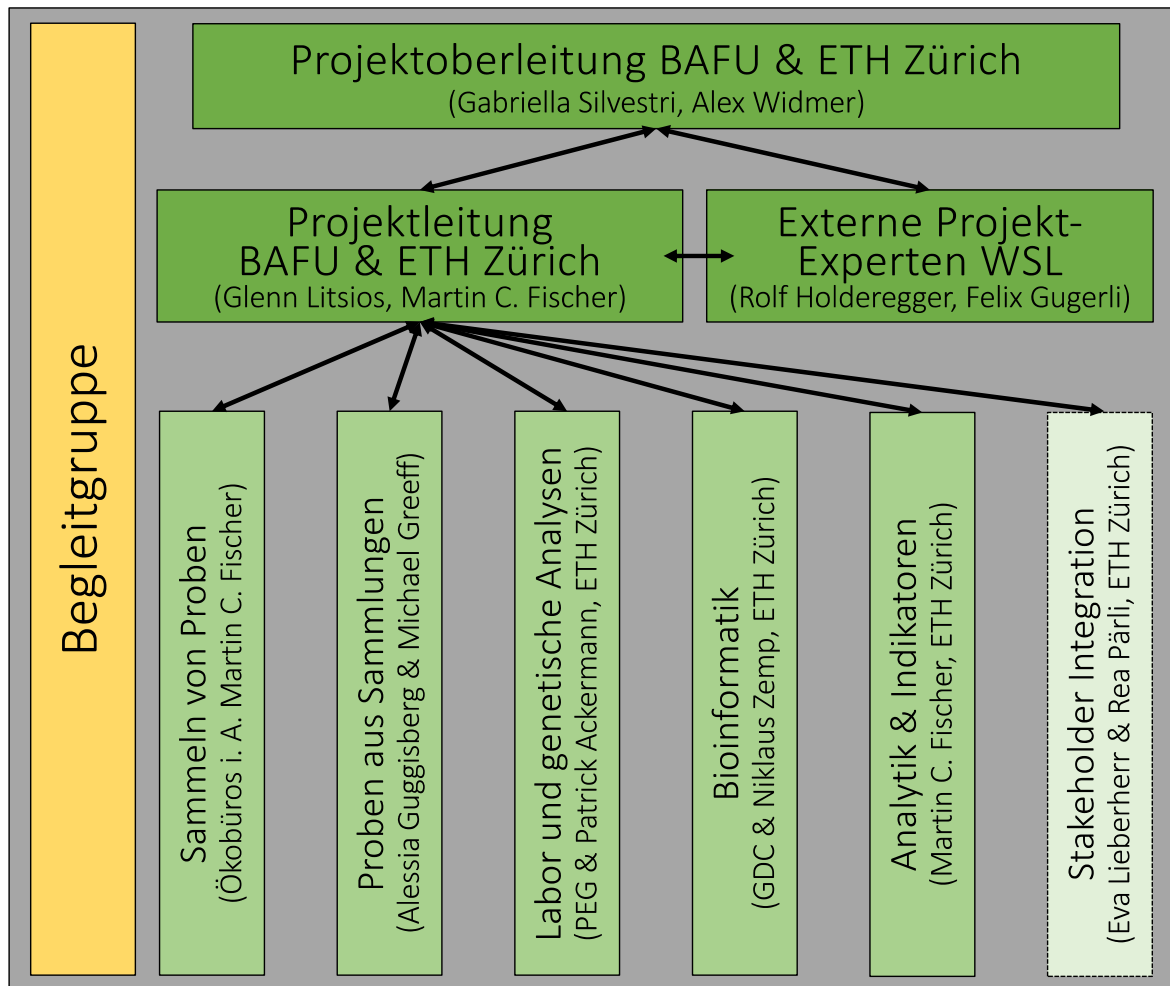


Abbildung 10 Mögliches Organigramm eines Monitorings der genetischen Vielfalt (unter der Annahme, dass die ETH Zürich das Projekt durchführt).

5.15 Limitationen eines Monitorings der genetischen Vielfalt

Die heutigen genetischen (genomischen) Methoden ermöglichen eine detaillierte Untersuchung der genetischen Vielfalt von Populationen und Arten. Ein solches Monitoring hat aber Grenzen.

(1) Ein Monitoring wird erst informativ, sobald Messwerte von mehreren Zeitpunkten vorliegen. Erst dann lassen sich Veränderungen feststellen. Startet man heute ein Monitoring und wiederholt es in fünf Jahren, hat man erst zwei Zeitpunkte, die man miteinander vergleichen kann. Selbst dann sind noch kaum Aussagen zu längerfristigen Trends möglich.

(2) Im Weiteren sind Veränderungen der genetischen Vielfalt über einen Zeitraum von fünf Jahren nur dann zu erfassen, wenn z.B. demografische Änderungen in den untersuchten Arten stark sind (Hoban *et al.* 2014). Dies gilt vor allem für Arten mit einer längeren Generationszeit. Diese Einschränkung kann teilweise durch ein retrospektives Monitoring mit historischen Proben aufgehoben werden. Damit liegen schon bei der Ersterhebung von heutigen Proben Resultate zu Veränderungen der genetischen Vielfalt vor.

(3) Ein häufig genannter Grund (der auch in der Stakeholderanalyse genannt wurde; Kapitel 6), weshalb ein Monitoring der genetischen Vielfalt nötig ist, ist eine Erfolgskontrolle von Vernetzungsmassnahmen. Wenn sich Populationen allerdings genetisch nur wenig voneinander unterscheiden, ist eine solche Erfolgskontrolle, die zeigt, dass es zur genetischen Mischung der geographisch getrennten Population kommt, schwierig. Ob Erfolgskontrollen durchgeführt werden können, kann bereits anhand der Resultate des ersten Erhebungszyklus abgeschätzt werden.

(4) Allgemeingültige Schwellenwerte für die aufgeführten Indikatoren existieren nicht. Vielmehr sind diese Werte artspezifisch und als Einzelwert betrachtet wenig informativ. Wichtige Informationen werden aus dem Vergleich von Populationen in verschiedenen Situationen gewonnen, z.B. räumlich vernetzte mit räumlich nicht- vernetzte Populationen, kleine mit grossen Populationen. Erst Veränderungen der Indikatoren über die Zeit nach frühestens zwei Erhebungszyklen liefern dann klare Aussagen zu negativen und positiven Entwicklungen.

(5) Die Genomgrössen einheimischer Organismen unterscheiden sich stark. Das Genom umfasst das gesamte Erbgut eines Individuums. So ist das Genom der Acker-Schmalwand (*Arabidopsis thaliana*), einer einjährigen Pflanze, nur 0.12 Milliarden Basenpaare (0.12 Gb) gross (Kaul *et al.* 2000), während der Feuersalamander (*Salamandra salamandra*) eine Genomgrösse von mehr als 27 Gb aufweist (Rodríguez *et al.* 2017). Aus diesem Grund können in einem Monitoring zurzeit realistischerweise nur Arten untersucht werden, welche eine Genomgrösse bis zu 5 Gp haben (Kapitel 5).

(6) Damit man DNA-Proben nehmen kann, müssen Organismen gesammelt oder gefangen werden. Es braucht möglichst frisches und für die DNA-Analyse gut geeignetes Gewebe. Eine direkte Gewebeentnahme bei Tieren ist aus Tierschutzgründen in vielen Fällen nicht angebracht bzw. erlaubt. Es müssen deshalb auch nicht-invasive Sammelmethode verwendet und getestet werden. Bei diesen minimal oder nicht invasiven Methoden werden Tiere nicht oder kaum beeinträchtigt (Carroll *et al.* 2018). Manche dieser Methoden sind bekannt und erprobt (Jackson *et al.* 2012; Carroll *et al.* 2018). So werden beispielsweise bei Reptilien und Amphibien sogenannte Swabs für Abstriche der Mundschleimhaut verwendet (Müller *et al.* 2013; Nussberger *et al.* 2014; Dufresnes *et al.* 2019). Dieselbe Methode kann auch bei Fischen, Säugetieren oder Vögeln angewendet werden. Andere nicht-invasive oder minimal invasive Methoden (zum Beispiele Blut) müssten zuerst getestet werden, da es zurzeit noch unklar ist, ob diese genügend DNA für die angestrebten Analysen ergeben.

6 Stakeholderanalyse

6.1 Einleitung

Im Rahmen der Machbarkeitsstudie für ein Monitoring der genetischen Vielfalt in der Schweiz wurde auch eine Stakeholderanalyse durchgeführt. Der Einbezug von Stakeholdern, welche von Entscheidungs- und Entwicklungsprozessen betroffen sind, erhöht die Legitimität, ermöglicht eine transparentere und effizientere Kommunikation und kann deshalb die Akzeptanz eines zukünftigen Monitorings der genetischen Vielfalt erhöhen (Lindgren & Persson 2010). Demzufolge wurde das Interesse für und die Ansprüche an ein Monitoring der genetischen Vielfalt von relevanten und interessierten Stakeholdern aus Verwaltung, Zivilgesellschaft, Wirtschaft und Wissenschaft erfasst. Andererseits wurde die Vernetzung der involvierten Stakeholder eruiert. Dadurch sollte aufgezeigt werden, welche Stakeholder für die Ausarbeitung eines genetischen Monitorings als besonders wichtig wahrgenommen werden und zwischen welchen Stakeholdern bereits Austausch zu diesem Thema besteht.

Die Erarbeitung der Stakeholderanalyse bestand aus vier aufeinander aufbauenden Arbeitsschritten, welche in Abbildung 11 dargestellt sind.

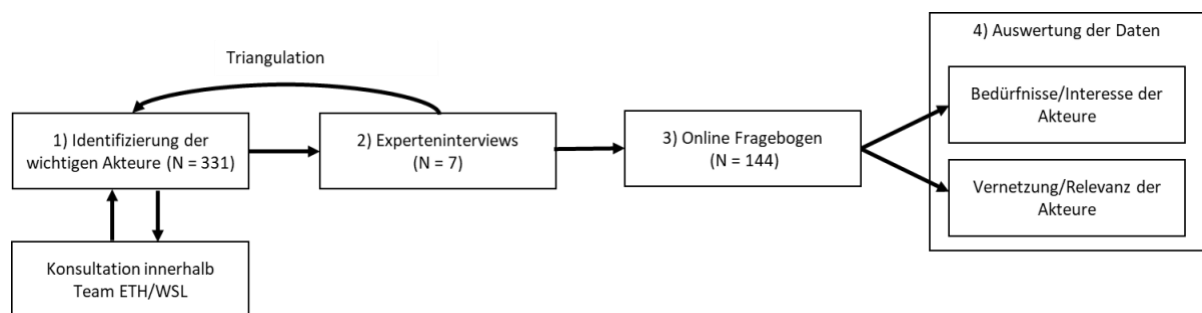


Abbildung 11 Ablauf und Vorgehen der Stakeholderanalyse

Der erste Schritt bestand aus der Identifizierung der Stakeholder, welche an einem Monitoring der genetischen Vielfalt interessiert sein könnten. Dabei geht es um Stakeholder aus Politik, Zivilgesellschaft, Wirtschaft und Forschung, für welche ein solches Monitoring eventuell von Relevanz ist. Die Identifizierung geschah anhand von verschiedenen Dokumenten, wie zum Beispiel der Adressatenliste der Strategie Biodiversität Schweiz, sowie verschiedenen Verzeichnissen von Betrieben, welche im Natur- und Umweltschutz tätig sind. In einem zweiten Schritt wurden mit sieben Experten aus verschiedenen Bereichen (kantonale Verwaltungen, Umwelt- und Planungsbüros, Forschung, Bund) Interviews durchgeführt. Diese dienen hauptsächlich der Vorbereitung des Fragebogens für die Stakeholderanalyse. Es wurden aber auch qualitative Informationen zu den Bedürfnissen und Interessen der Stakeholder gesammelt, sowie die Liste an relevanten Stakeholdern für die Umfrage überprüft. Abschliessend wurde im dritten Schritt ein Fragebogen entworfen, um die Bedürfnisse und Interessen von möglichst vielen Stakeholdern systematisch abzufragen. Zusätzlich diente der Fragebogen dazu herauszufinden, welche Stakeholder für die Erarbeitung eines Monitorings als besonders wichtig empfunden werden und welche Stakeholder zu diesem Thema bereits miteinander in Kontakt stehen bzw. Informationen austauschen. Der Fragebogen wurde per E-Mail an jeweils eine Person eines Betriebs, Instituts oder einer Behörde geschickt, mit der Bitte die Umfrage weiterzuleiten, falls andere Mitarbeiter besser

über das Thema Bescheid wissen. Nach 14 Tagen wurde ein Erinnerungsmail an diejenigen Betriebe etc. geschickt, welche die Umfrage noch nicht ausgefüllt hatten. Die Datenerhebung wurde nach 24 Tagen abgeschlossen.

Im vierten Schritt wurden die gesammelten Daten zusammen mit den Resultaten aus den Experteninterviews ausgewertet und analysiert. Die Auswertungen sind in zwei Teile gegliedert. Im ersten Teil, welcher die Bedürfnisse und das Interesse der Stakeholder abdeckt (Kapitel 6.3 – 6.7), werden zuerst deren Einschätzungen zur Bedeutung der genetischen Vielfalt und zur Wichtigkeit eines Monitorings zusammengefasst. Danach folgt die Auswertung der Antworten zu möglichen praktischen Anwendungsbereiche für ein Monitoring und Wichtigkeit verschiedener Indikatoren. Abschliessend werden die Vorstellungen der Stakeholder zum Aufbau eines genetischen Monitorings aufgezeigt und diskutiert. Der zweite Teil (Kapitel 6.8) präsentiert die Vernetzung der verschiedenen Stakeholder und die Stakeholder, die für die Erarbeitung eines genetischen Monitorings als besonders wichtig angesehen werden.

6.2 Datenauswertung und Analyse

Um die Daten auszuwerten wurde eine Einteilung der Stakeholder nach Gesellschaftssystem vorgenommen (Abb. 12; Ingold *et al.* 2016). Innerhalb dieses Systems geht es zum einen um die Vertreter aus Politik und Verwaltung, welche eine gewisse Politik (Policy) veranlassen bzw. ausarbeiten und sich im politisch-administrativen System befinden. Zum anderen gibt es eine Vielzahl von Stakeholdern, die im Interessensvermittlungssystem aktiv werden. Nebst den Kantonen, die mit dem Bund interagieren, können auch die Forschung sowie Stakeholder aus dem Wirtschafts- und Zivilgesellschaftssystem in der Interessensvermittlung aktiv sein. Abbildung 12 zeigt die verschiedenen Stakeholdertypen im jeweiligen System. Im Anhang findet sich die gesamte Liste der identifizierten Stakeholder, inklusive dem zugeordneten Gesellschaftssystemen (Kapitel 10; Tabelle 14).

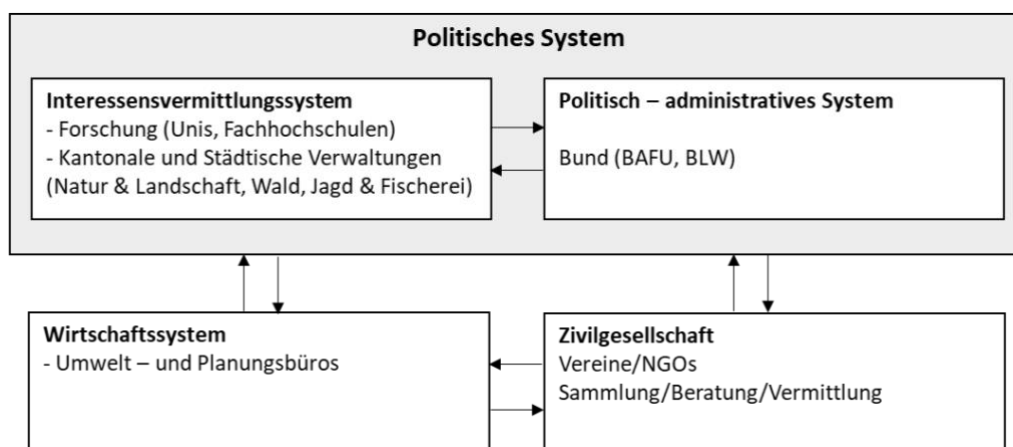


Abbildung 12 Einteilung der Stakeholder nach Gesellschaftssystemen (nach Kriesi, 1980)

Tabelle 12 Rücklauf Fragebogen nach Stakeholdertyp

Akteurstyp			
	identifiziert	Antworten	pro Typ in %
Bund	8	3	38%
Forschung	33	22	67%
Umwelt - und Planungsbüros	72	23	32%
NGOs/Vereine	74	24	32%
Sammlung/Beratung/Vermittlung	47	27	57%
Verwaltung (Kt & Stadt)	97	39	40%
Gesamt	331	138	42%

Tabelle 21 zeigt die Anzahl an Stakeholdern, die pro Typ identifiziert wurden, sowie die Anzahl eingegangener Antworten. Insgesamt haben 42% der angefragten Stakeholder den Fragebogen ausgefüllt, was im Vergleich zu ähnlichen Studien ein hoher Wert ist (Braunisch *et al.* 2012).

Da der Fragebogen hauptsächlich auf die Endnutzer eines Monitorings ausgerichtet war und der Bund die Rolle der Ausarbeitung übernehmen würde, wird der Stakeholdertyp Bund bei den folgenden Analysen (meist) ausgeschlossen.

6.3 Wichtigkeit der Biodiversität und der genetischen Vielfalt

6.3.1 Dringlichkeit von Umweltproblemen

Von den Umfrageteilnehmern empfanden fast 90% den Verlust der Biodiversität als ein sehr dringendes Thema (Abbildung 13). Auch der Klimawandel wurde von beinahe 70% der Teilnehmenden als sehr dringend

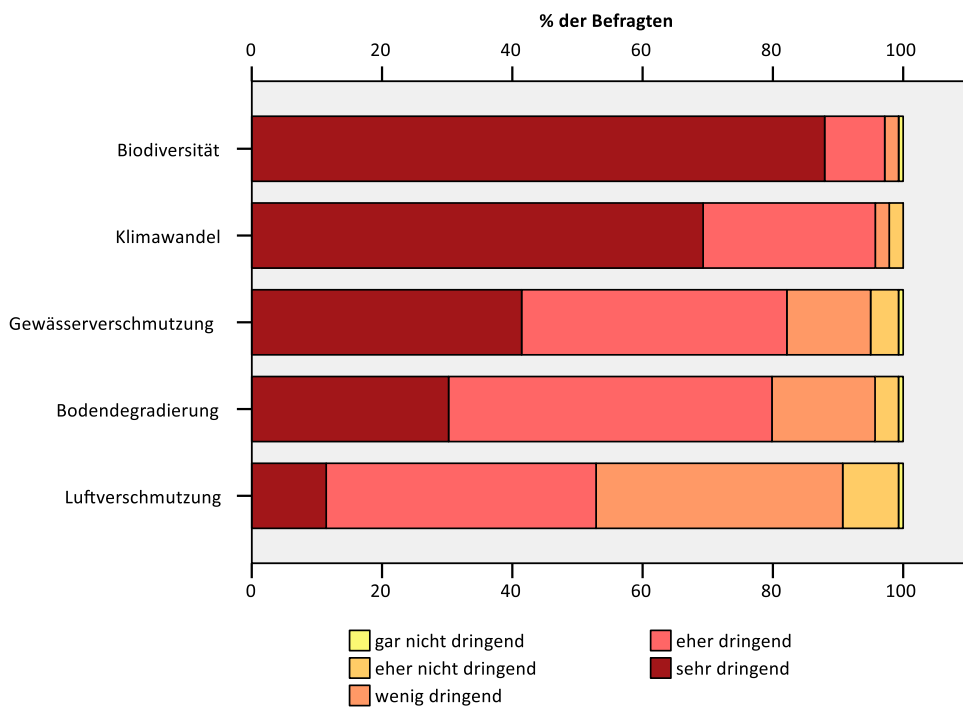


Abbildung 13 Bewertung der Dringlichkeit von Umweltproblemen

wahrgenommen, während Gewässerverschmutzung, Bodendegradierung und Luftverschmutzung als deutlich weniger dringend eingestuft wurden.

Die hohe Dringlichkeit des Themas Biodiversität lässt sich damit erklären, dass die identifizierten Stakeholder in einem verwandten Themenbereich tätig und bezüglich Biodiversität sensibilisiert sind. Die von Braunisch *et al.* (2012) durchgeführte Befragung zum Thema wichtiger Forschungsfragen im Gebiet der Biodiversität hatte ein sehr ähnliches Zielpublikum. Dabei wies die Problematik des Klimawandels noch einen sehr geringen Stellenwert auf: Von 44 Forschungsfragen, welche von den Teilnehmenden nach Wichtigkeit sortiert worden waren, wurden die zwei Fragestellungen zum Thema Klimawandel einmal auf Rang 32 und einmal auf Rang 43 genannt.

6.3.2 Wichtigkeit der genetischen Vielfalt

In einer weiteren Frage wurde konkret die Bedeutung der genetischen Vielfalt im Vergleich zu den anderen Ebenen der Biodiversität (Vielfalt der Arten, Lebensräume und Wechselwirkungen) abgefragt. Die Umfrageteilnehmer wurden aufgefordert, eine Rangfolge der vier Ebenen der Biodiversität betreffend ihre Wichtigkeit zu erstellen (Rang 1 = am wichtigsten; Rang 4 = am wenigsten wichtig). Tabelle 13 zeigt den Mittelwert und den Modus der verteilten Ränge für die vier Ebenen. Am häufigsten wurde für die genetische Vielfalt Rang 3 vergeben und der Mittelwert ist im Vergleich zu den anderen Ebenen mit einem mittleren Rang von 3.2 tief.

Tabelle 13 Modus und Mittelwert der Ebenen der Biodiversität

	Vielfalt der Arten	Vielfalt der Lebensräume	Genetische Vielfalt	Vielfalt der Wechselwirkungen
Mittelwert	2.3	1.6	3.2	3.0
Modus	2	1	3	4

Die Reihenfolge der Modus-Werte entspricht der gleichen Reihenfolge (1. Vielfalt der Lebensräume 2. Vielfalt der Arten, 3. Genetische Vielfalt, 4. Vielfalt der Wechselwirkungen). Diese wurde von 22% der Teilnehmenden so angegeben.

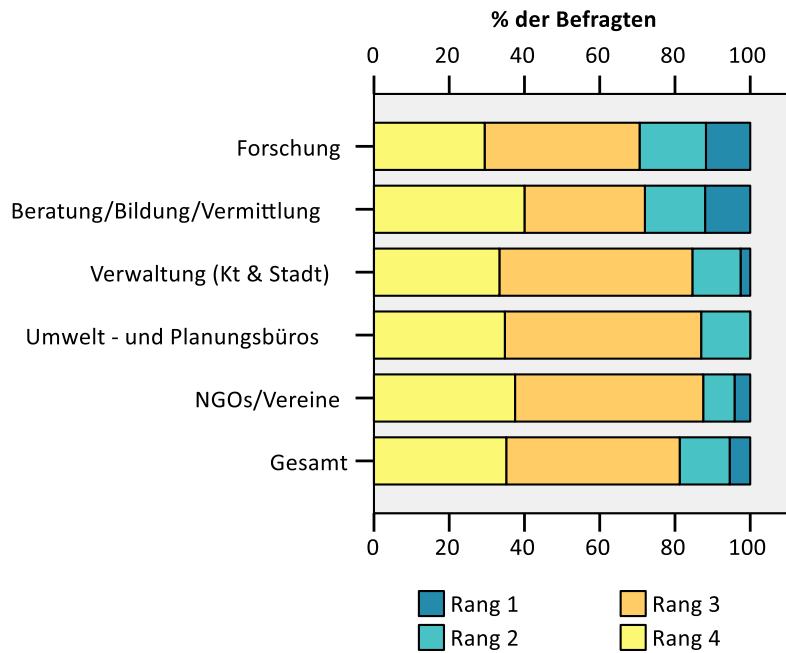


Abbildung 14 Rangverteilung der genetischen Vielfalt nach Stakeholdertyp

Abbildung 14 zeigt auf, welchen Rang die verschiedenen Stakeholdertypen jeweils für die genetische Vielfalt vergeben haben. Gesamthaft sind es knapp 20% der Stakeholder, die der genetischen Vielfalt Rang 1 oder 2 verliehen. Bei den Gruppen Forschung und Sammlung/Bildung/Vermittlung haben überdurchschnittlich viele der Befragten der genetischen Vielfalt diese Ränge verteilt.

Die Möglichkeit, die gewählte Reihenfolge zu kommentieren, wurde von vielen Teilnehmenden der Umfrage genutzt. Dabei empfanden viele Teilnehmenden die Aufgabe, ein Ranking zu den verschiedenen Ebenen der Biodiversität zu erstellen, als schwierig oder nicht sinnvoll, weil sich die Ebenen gegenseitig beeinflussten. Andere erklärten die tiefere Bewertung der genetischen Vielfalt damit, dass Investitionen in die Vielfalt von Lebensräumen oder Arten sich auch positiv auf die genetische Vielfalt auswirken oder dass bei stabilen Populationsgrößen die genetische Vielfalt nicht gefährdet sei.

Auch die Interviewpartner empfanden die Aufgabe der Rangvergabe als schwierig. Sie waren sich jedoch einig, dass der genetischen Vielfalt im Vergleich zur Vielfalt der Arten oder der Vielfalt der Lebensräume bisher weniger Beachtung und Ressourcen gewidmet wurde. Viele der Interviewpartner zeigten sich zudem besorgt über die fehlende Evidenzgrundlage und erklärten, dass Handlungsempfehlungen für die Förderung der genetischen Vielfalt momentan häufig auf Einschätzungen beruhten und man meist erst über die genetische Verarmung einer Art Bescheid wisse, wenn es zu spät sei.

6.3.3 Wichtigkeit der genetischen Vielfalt im Arbeitsalltag

In einem weiteren Schritt wurden die Teilnehmenden der Umfrage gefragt, inwiefern die Verwendung von genetischen Daten in ihrem Arbeitsalltag eine Rolle spielt. Zuerst sollten sie angeben, in wie vielen Projekten genetische Daten theoretisch relevant sind und anschliessend, in wie vielen Projekten solche Daten zurzeit in der Praxis genutzt werden. Abbildung 15 und Abbildung 16 zeigen die Resultate zu diesen zwei Fragen, unterteilt nach Stakeholdertyp.

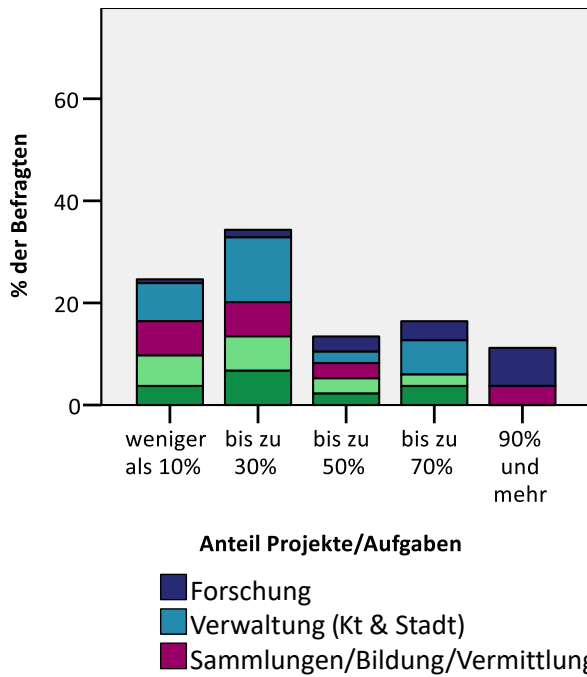


Abbildung 15 Projekte/Aufgaben in denen genetische Daten *theoretisch* relevant sind

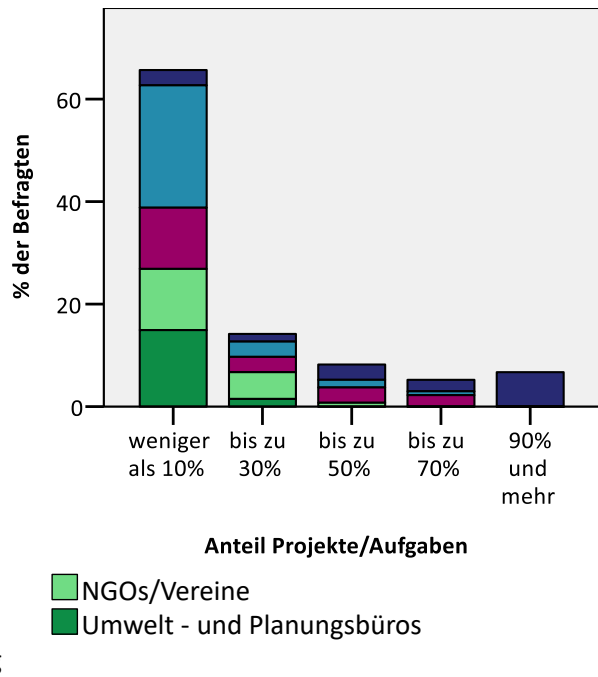


Abbildung 16 Projekte/Aufgaben in denen genetische Daten *momentan genutzt* werden

Der Vergleich der zwei Abbildungen verdeutlicht, dass der theoretische Bedarf an genetischen Daten um einiges höher ist als der heutige tatsächliche Gebrauch in der Praxis. Die Mehrheit der Teilnehmenden hat angegeben, dass in bis zu 30% ihrer Projekte und Aufgaben genetische Daten theoretisch relevant wären und 41% haben angegeben, dass solche Daten in 50% bis 90% ihrer Projekte relevant wären. Verglichen dazu haben aber mehr als 60% der Teilnehmenden angegeben, genetische Daten in weniger als 10% der Projekte und Aufgaben tatsächlich zu nutzen. Der Anteil derjenigen, die zwischen 50%-90% angegeben haben, reduziert sich bei dieser Frage auf 21%. Es zeigt sich also eine deutliche Diskrepanz zwischen der gewünschten Datenverfügbarkeit, der tatsächlichen Verfügbarkeit und dem Gebrauch von genetischen Daten. Diese Diskrepanz ist jedoch nicht für alle Stakeholdertypen gleich gross. Am grössten ist sie für Verwaltungen sowie Umwelt- und Planungsbüros, während sie in der Forschung vergleichsweise klein ist.

6.4 Gründe für ein Monitoring der genetischen Vielfalt

In einem nächsten Schritt wurde genauer untersucht, weshalb die Stakeholder und Interviewpartner ein Monitoring der genetischen Vielfalt als wichtig empfinden. Abbildung 17 zeigt die Resultate. Da sich keine deutlichen Unterschiede zwischen den Stakeholdertypen zeigten, werden letztere in dieser Abbildung nicht unterschieden.

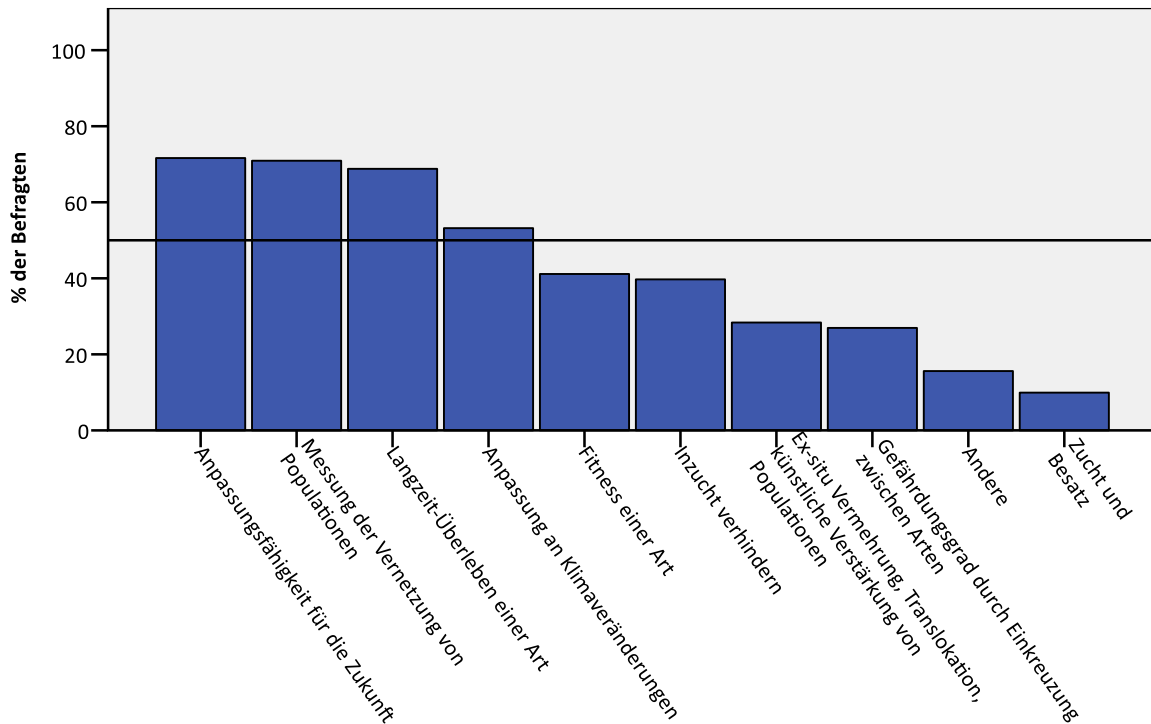


Abbildung 17 Häufigkeit der genannten Gründe für ein Monitoring der genetischen Vielfalt.

Mehr als 50% der Befragten gaben an, dass die Anpassungsfähigkeit für die Zukunft, die Vernetzung von Populationen, das Langzeit-Überleben einer Art und die Anpassungsfähigkeit an Klimaveränderungen wichtige Gründe für ein Monitoring der genetischen Vielfalt sind. Die Teilnehmenden hatten auch die Möglichkeit, andere Gründe zu nennen. Dabei wurden unter anderem das Langzeit-Überleben von Populationen oder das Aufdecken von kryptischen Arten angeführt. Im Gegensatz zur Online-Umfrage wurde die Relevanz der genetischen Vielfalt im Zusammenhang mit der Anpassung an Klimaveränderungen nur von einem Interviewpartner von sich aus erwähnt. Auf Nachfrage jedoch antwortete der Grossteil, dass der Zusammenhang zwischen der genetischen Vielfalt und der Anpassungsfähigkeit an Klimaveränderungen eine sehr spannende Forschungsfrage ist, in der Praxis aber noch nicht relevant sei, da die Kenntnisse über die Zusammenhänge fehlen. Ein langjähriger Naturschutzexperte erklärte zum Beispiel, dass das Wissen, dass sich eine Art nicht an höhere Temperaturen anpassen kann, im Naturschutz nicht direkt eine Handlung auslöse. Dies führe auch zu weiteren Fragen, zum Beispiel wie viel Intervention im natürlichen System toleriert werden solle. Hier unterschieden sich Antworten in Bezug auf bewirtschaftete und natürliche Flächen. In der Landwirtschaft und Fischerei oder im Wald könne das Wissen über die Anpassungsfähigkeit für Besatz, Anpflanzung oder Zucht gebraucht werden. Grundsätzlich

waren sich alle Interviewpartner einig, dass zuerst mehr Forschung nötig sei, um die Zusammenhänge besser zu verstehen. Erst dann sei es möglich, konkrete Handlungsempfehlungen für die Praxis abzuleiten.

6.5 Anwendungsbereiche Monitoring und wichtige Indikatoren

In einem nächsten Schritt wurde abgefragt, für welche praktischen Anwendungsbereiche die Stakeholder ein solches Monitoring nutzen würden. Abbildung 18 zeigt die Resultate. Wie durch die Aufteilung nach Stakeholdertyp ersichtlich wird, sind die Präferenzen relativ ähnlich. Eine Ausnahme bilden die Verwaltungen, welche Anpflanzung überdurchschnittlich häufig angewählt haben. Eine mögliche Erklärung dafür sind aktuelle Debatten; beispielsweise die zurzeit auf kantonaler Ebene aktiv diskutierte Herkunft von Saatgut (Bosshard *et al.* 2015).

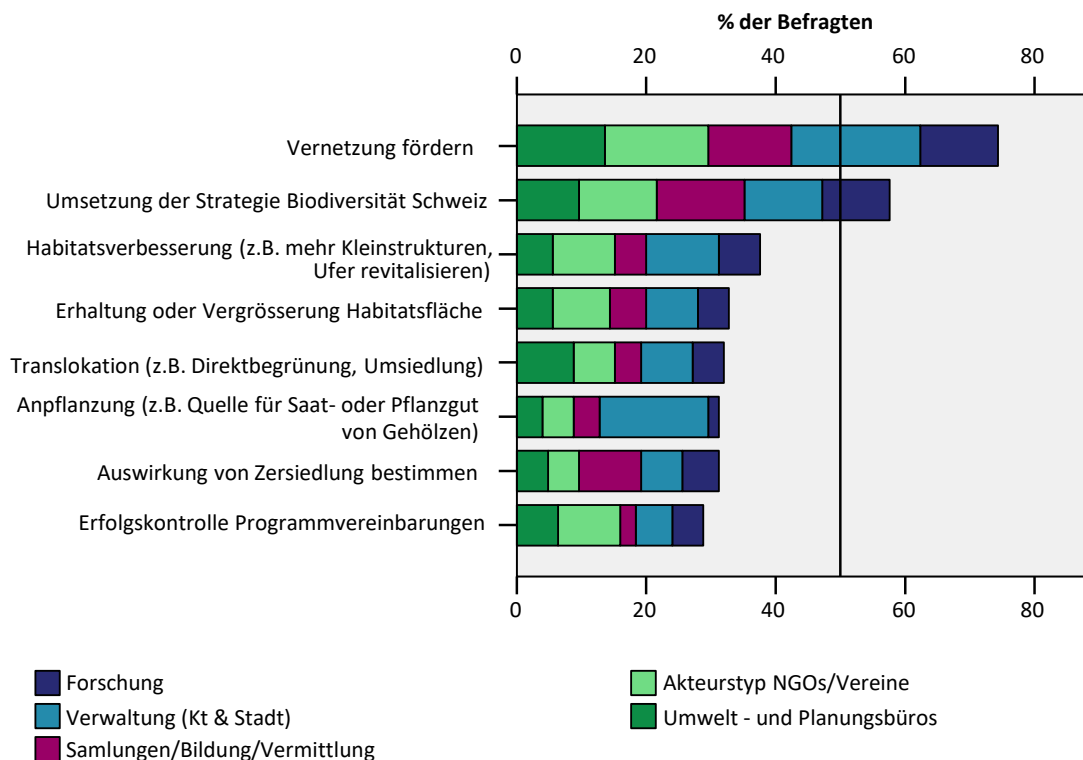


Abbildung 18 Häufigkeit der genannten Anwendungsbereiche genetischer Information

Die Überprüfung von Vernetzungsmaßnahmen wurde von über 70% der Teilnehmenden als gewünschter Anwendungsbereich angewählt und sticht damit deutlich hervor. Hingegen wurde die Bestimmung der Auswirkungen der Zersiedlung nur von rund 30% der Stakeholder ausgewählt. In einem Interview mit einem Vertreter eines Kantons wurde genau dieses Beispiel diskutiert. Der Interviewpartner erklärte anhand der Vernetzung die Wichtigkeit von Erfolgskontrollen für die Schaffung von positiven Beispielen (z.B. Wildtierkorridore ermöglichen Austausch) im Gegensatz zum Problemnachweis (z.B. Strasse reduziert Austausch). Ein weiterer in der Umfrage häufig genannter Anwendungsbereich ist die Umsetzung der Strategie Biodiversität Schweiz (BAFU 2012), welche von mehr als 50% der Befragten angewählt wurde.

Die Befragten hatten auch die Möglichkeit, zusätzliche Anwendungsbereiche zu nennen. Beispiele für weitere genannte Anwendungsbereiche sind die Identifikation von Hybridisierung (z.B. Wildkatze vs. Hauskatze), die

Feststellung ob eine Art einheimisch oder invasiv ist, die ex-situ Vermehrung und die Wiederansiedlung von seltenen Pflanzenarten. Dass viele Befragte weitere Bereiche genannt haben, zeigt, dass konkrete Vorstellungen darüber bestehen, was ein Monitoring der genetischen Vielfalt abdecken sollte.

Abbildung 19 zeigt die am meisten gewählten Indikatoren, die ein genetisches Monitoring erbringen sollte. Da keine deutlichen Unterschiede zwischen den Stakeholdertypen zu erkennen waren, werden letztere in dieser Abbildung nicht unterschieden. Auch bei der Frage nach den Indikatoren sticht die Vernetzung zwischen Populationen hervor. Grundsätzlich wurden aber alle vier vorgeschlagenen Indikatoren von

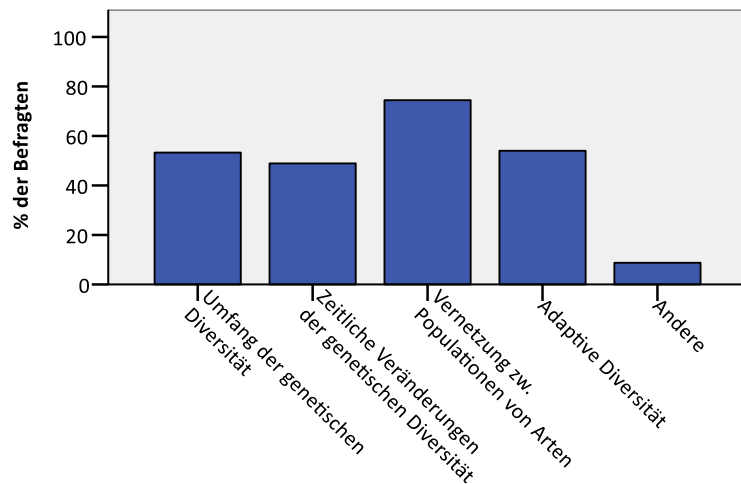


Abbildung 19 Häufigkeit der genannten Indikatoren

mindestens 50% der Befragten als wichtig bezeichnet. Die vier vorgeschlagenen Indikatoren wurden jeweils auch in den Interviews genannt. Zusätzliche Indikatoren, welche in der Umfrage erwähnt wurden, sind zum Beispiel Grenzwerte für die Überlebensfähigkeit von Arten oder Populationen in einem Kanton.

Sowohl bei der Frage nach den Anwendungsbereichen als auch bei der Frage nach Indikatoren konnte beobachtet werden, dass die Unterscheidung zwischen genetischem Nachweis von Arten (Barcoding) und einem Monitoring der genetischen Vielfalt für die Teilnehmenden der Umfrage nicht eindeutig war. Einige der zusätzlich genannten Anwendungsbereiche und Indikatoren bedingen einen genetischen Artnachweis und sind nicht Bestandteil eines Monitorings der genetischen Vielfalt über die Zeit. Diese Beobachtung verdeutlicht, wie wichtig eine transparente Kommunikation über die möglichen Anwendungsbereiche eines genetischen Monitorings sind, damit im Ausarbeitungsprozess keine nicht erfüllbaren Erwartungen entstehen.

6.6 Relevanz eines genetischen Monitorings

Während in der Umfrage einzelne Elemente der Relevanz eines genetischen Monitorings (Wichtigkeit der genetischen Vielfalt, Gründe für ein Monitoring etc.) abgefragt wurden, wurde in den Interviews gemeinsam mit den Interviewpartnern ein Fazit gezogen. Dabei wurden folgende Gründe für oder gegen ein Monitoring genannt:

Gründe für ein Monitoring

- Momentan fehlende Evidenzgrundlage
- Genetische Vielfalt ist Hauptlücke im bestehenden Monitoringsystem
- Relevanz für Durchführung von Erfolgskontrollen (z.B. Überprüfung der Effekte von Vernetzungsmassnahmen)
- Ermöglicht verbesserte Allokation von finanziellen Ressourcen, z.B. ermöglichen Informationen dazu, welche Arten überlebensfähig sind, eine effizientere Verteilung von Geldern im Artenschutz

- Ermöglicht, genetische Verarmung zu erkennen und zu reagieren, bevor eine Art kurz vor dem Aussterben steht (Frühwarnsystem)

Gründe gegen ein Monitoring

- Ausarbeitung ist mit hohen Kosten verbunden
- Kantone haben nicht genug zeitliche und finanzielle Ressourcen, um in die Entwicklung eines Monitorings einbezogen zu werden
- Barrieren im Vollzug (bei den Kantonen) sind zurzeit zu gross und müssen erst abgebaut werden
- Gefahr, dass in einem Monitoring viele Daten generiert werden, welche von der Praxis nicht genutzt werden

6.7 Aufbau Monitoring

Dieses Kapitel behandelt die Meinungen der Stakeholder zum Aufbau eines möglichen Monitorings. Dabei geht es zum einen darum, zu beantworten, welche Arten die Stakeholder als relevant erachten und zum anderen, wie sie sich ein Monitoring der genetischen Vielfalt generell vorstellen. Ausserdem wird diskutiert, ob sich die Stakeholder eine Mitarbeit bei der Ausarbeitung eines Monitorings vorstellen könnten und wenn ja, in welcher Form.

6.7.1 Auswahl von Arten

Welche Artengruppe von wie vielen Stakeholdern als relevant für ein Monitoring der genetischen Vielfalt empfunden werden, zeigt Abbildung 20.

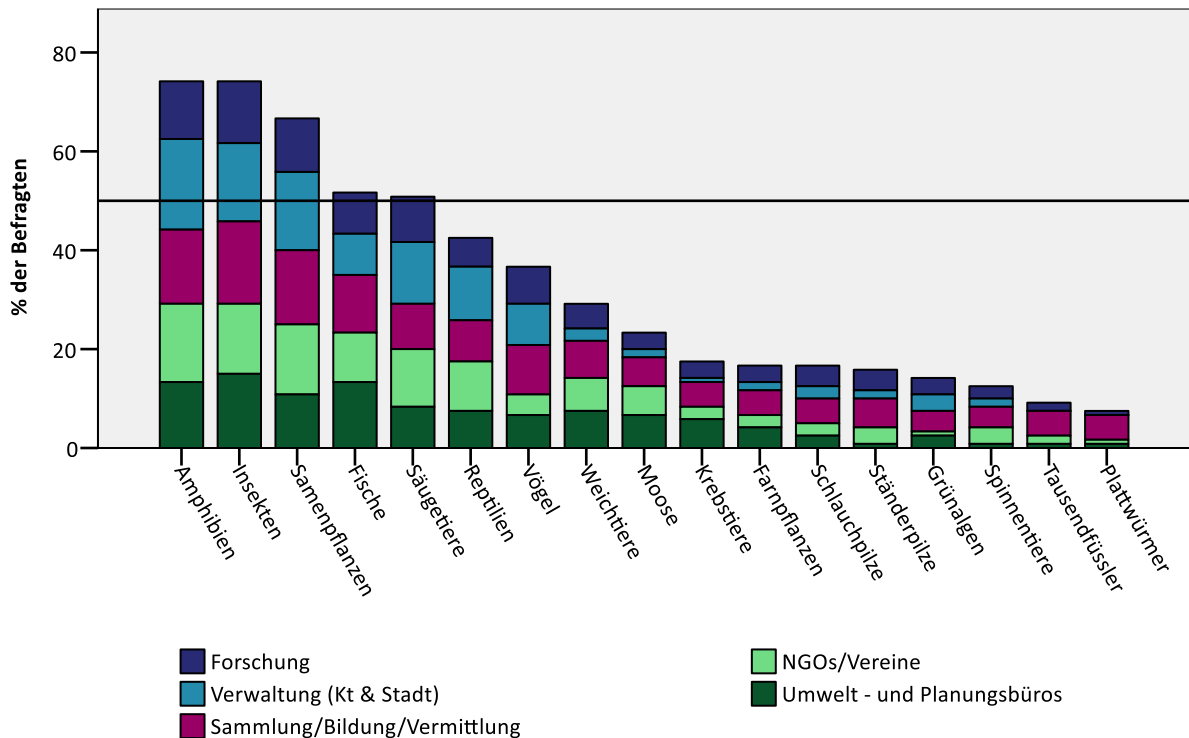


Abbildung 20 Anzahl Nennungen pro Artengruppe

Amphibien und Insekten sind klar die beiden am häufigsten genannten Gruppen (> 70%), gefolgt von Samenpflanzen, Fischen und Säugetieren (jeweils noch von mindestens 50% der Teilnehmenden genannt). Viele der anderen Organismengruppen (von Krebstieren bis Plattwürmer) wurden nur von 20% oder weniger der Befragten genannt.

Bei diesem Resultat wird vermutet, dass das aktuelle Zeitgeschehen die Auswahl beeinflusste. Das Insektensterben wird zurzeit in Medien, Wissenschaft und Praxis ausführlich behandelt und diskutiert. Die Teilnehmenden erhielten im zweiten Teil der Frage die Möglichkeit, jeweils drei Arten anzugeben, welche sie für ein Monitoring als wichtig empfinden. Während Amphibien häufig genannt wurden (16x), obwohl es nur wenige Amphibienarten in der Schweiz gibt, war die Anzahl an genannten Insektenarten deutlich kleiner (7x). Am häufigsten wurden Pflanzen (36x) oder Säugetiere (17x) genannt. Die am häufigsten genannte Art war der Laubfrosch (*Hyla arborea*; 4x).

Grundsätzlich sind die Präferenzen der verschiedenen Stakeholdertypen ähnlich. Nur die Gruppe Sammlung/Bildung/Vermittlung ist bei jenen Artengruppen, die von unter 20% der Befragten ausgewählt wurden, deutlich übervertreten. Diese Gruppe von Befragten scheint ein breiteres und spezifischeres Interesse an verschiedenen Organismengruppen zu haben oder breitere Artenkenntnisse aufzuweisen, welche auch unbekanntere Artengruppen umfassen.

6.7.2 Aufbau Monitoring

Im Weiteren wurden die Teilnehmenden der Umfrage sowie die Interviewpartner gefragt, welche weiteren Faktoren für die Entwicklung und Umsetzung eines Monitorings der genetischen Vielfalt berücksichtigt werden sollten. Abbildung 21 zeigt die Faktoren, welche von den Stakeholdern häufig genannt wurden.

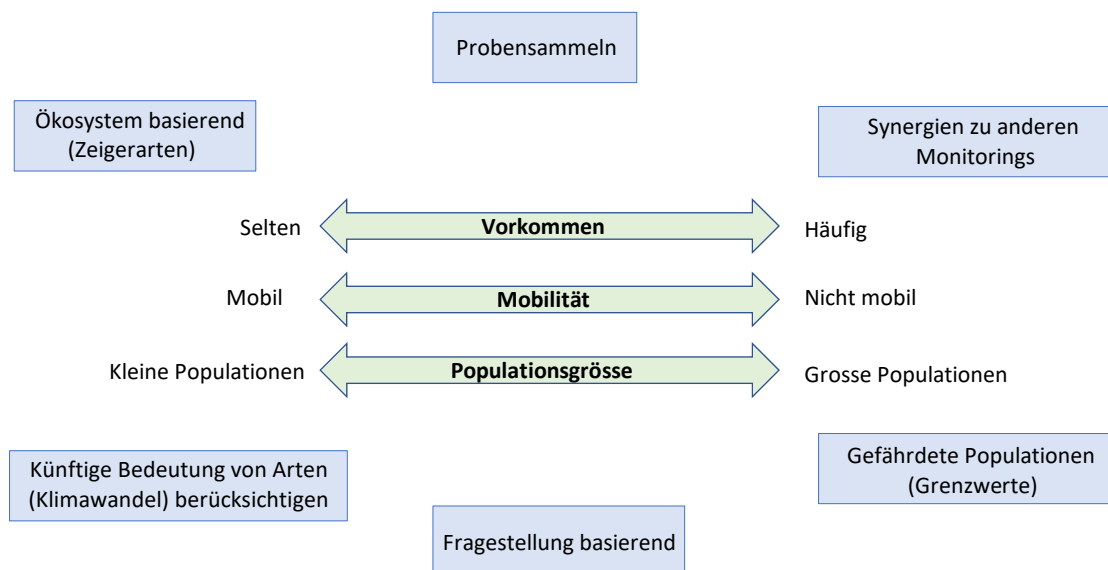


Abbildung 21 Relevante Faktoren für den Aufbau eines genetischen Monitorings gemäss Stakeholdern

Die grünen Pfeile stellen Dimensionen dar, welche laut den Stakeholdern möglichst breit abgedeckt werden

sollten. Zum Beispiel sollten sowohl seltene als auch häufige Arten, sowie Arten mit hoher oder geringer Mobilität in ein Monitoring der genetischen Vielfalt einbezogen werden. Viele Stakeholder fanden es ausserdem wichtig, dass Synergien mit anderen Monitorings möglichst ausgenutzt werden. Ausserdem solle die Auswahl der Arten repräsentativ für gewisse Lebensräume oder Ökosysteme sein. Viele der Befragten gaben an, dass die Auswahl der Arten und das Design des Monitorings auf die Beantwortung von aktuellen Fragestellungen ausgerichtet sein müssen. Gleichzeitig wurde angegeben, dass das Monitoring Grenzwerte für die Gefährdung von Populationen liefern sollte. Ein Frühwarnsystem, wie es Grenzwerte für gefährdete Populationen liefern würden, bedarf allerdings einer viel breiteren Datensammlung als ein genetisches Monitoring liefern kann. Bei der Erfüllung der verschiedenen Ansprüche an ein Monitoring sind somit Zielkonflikte zu erwarten. Abbildung 21 wurde in dieser Form an einem Workshop im Rahmen der Machbarkeitsstudie diversen Genetik-Experten vorgelegt und als Grundlage für die Diskussion genutzt (Kapitel 4.1). Die Experten empfanden die Faktoren, welche bei der Entwicklung eines Monitorings berücksichtigt werden sollten, als relativ vollständig und entsprechend wurden nur wenige Ergänzungen gemacht. Daraus kann geschlossen werden, dass die befragten Stakeholder gut informiert sind und eine angemessene Vorstellung davon haben, wie ein Monitoring der genetischen Vielfalt aussehen könnte.

Die Motivation der Stakeholder an der Ausarbeitung eines Monitorings mitzuarbeiten war hoch. 67% der Teilnehmer der Umfrage können sich vorstellen, bei der Ausarbeitung mitzuarbeiten. Es gibt jedoch Unterschiede zwischen den Stakeholdertypen (Abbildung 22). Sowohl kantonale und städtische Verwaltungen als auch NGOs und Vereine wiesen im Vergleich zu den anderen eine unterdurchschnittliche Bereitschaft zur Mitarbeit auf.

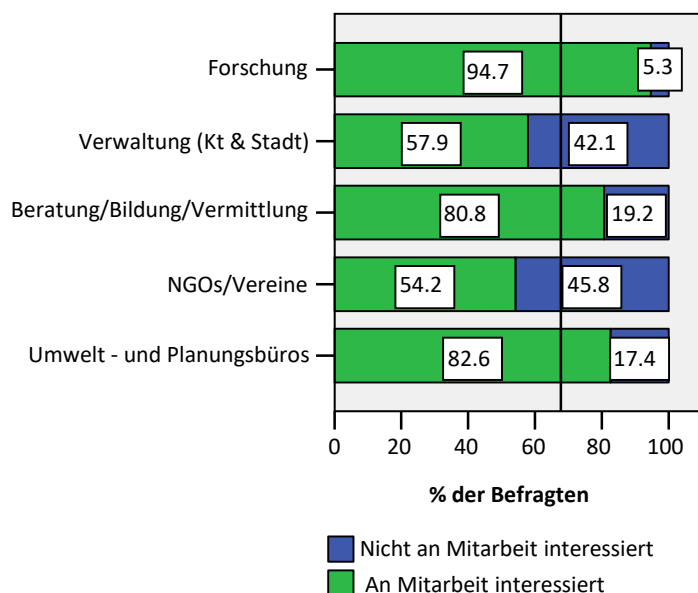


Abbildung 22 Bereitschaft zur Mitarbeit bei einem genetischen Monitoring. Die Zahlen weisen die entsprechenden Prozentwerte aus. Die schwarze Linie ist der Mittelwert über alle Gruppen

Diejenigen Befragten, die sich eine Mitarbeit vorstellen können, sahen ihren Einsatz hauptsächlich beim Sammeln von Proben, der Auswahl von Zielarten und der Bereitstellung von Daten zur Verbreitung von Arten (Abbildung 23). Auffällig ist, dass Verwaltungen hauptsächlich angegeben haben, das Einholen von Bewilligungen zu unterstützen. Unter anderer Mitarbeit wurde primär die Mitarbeit in einer Begleitgruppe genannt.

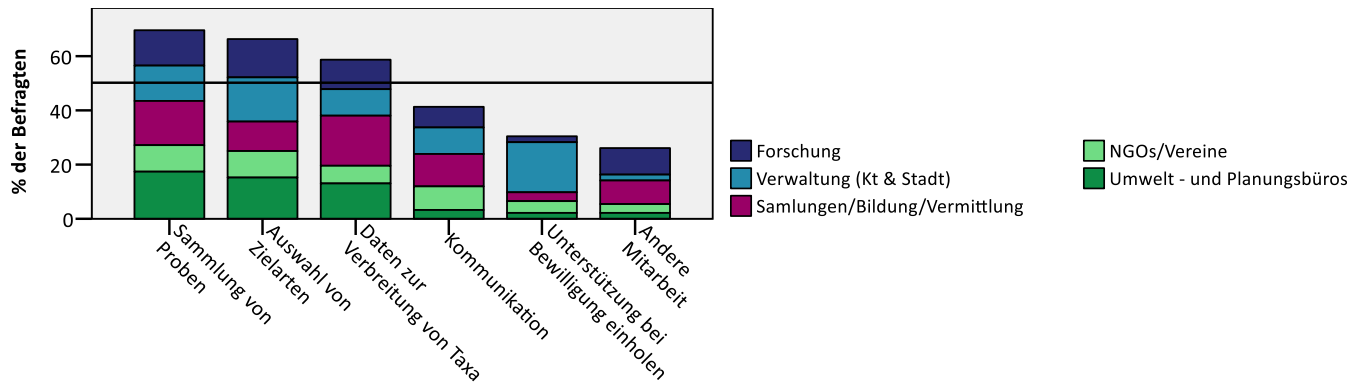


Abbildung 23 Mögliche Mitarbeitsbereiche von Stakeholdern

6.8 Wichtige Stakeholder und Netzwerke

Dieses Kapitel zeigt auf, welche Stakeholder von den anderen als besonders wichtig empfunden wurden und welche Stakeholder häufig als Kontaktpartner zum Thema genetische Vielfalt genannt wurden. Es basiert ausschliesslich auf den Ergebnissen der Umfrage. Die Teilnehmenden der Umfrage wurden dabei über ihre Beziehungen zu den anderen Teilnehmenden befragt. So wurde zum einen gefragt, welche der Stakeholder sie als wichtig für die Ausarbeitung eines genetischen Monitorings empfinden, zum anderen wurde erhoben, mit welchen Stakeholdern bereits Informationen zum Thema der genetischen Vielfalt ausgetauscht wurden. Einige Stakeholder, wie zum Beispiel die Universitäten oder die kantonalen Fachstellen, wurden dafür in Gruppen zusammengefasst. Es wurde also nur gefragt, ob z. B. mit kantonalen Fachstellen für Jagd & Fischerei Kontakt besteht, nicht aber mit welchen Kantonen genau.

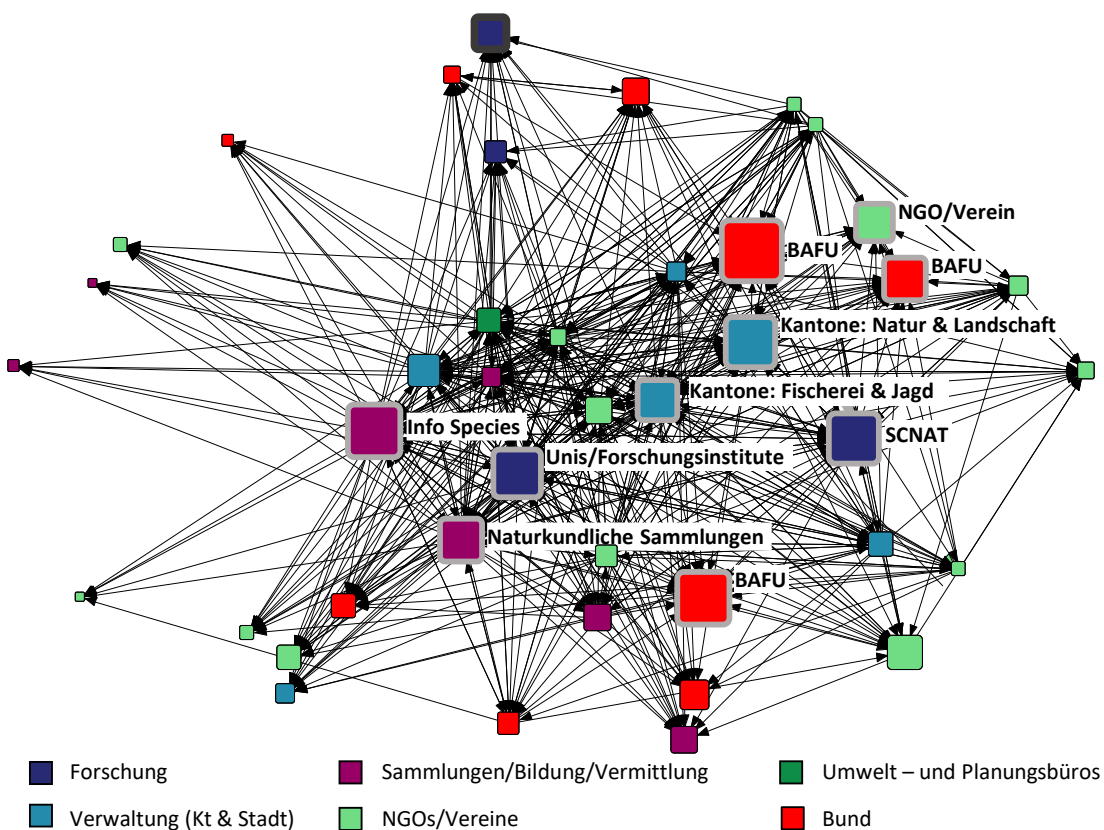


Abbildung 24 Netzwerk der als wichtig empfundenen Stakeholder

Abbildung 24 stellt dar, welche Stakeholder als besonders wichtig angesehen werden. Die Grösse der Knoten entspricht der Anzahl Nennungen. Dieses Netzwerk ist deutlich dichter (0.6) als das Netzwerk in Abbildung 25 (0.2), das darstellt, welche Stakeholder mit welchen anderen Stakeholdern bereits in Kontakt sind. Die Dichte eines Netzwerkes berechnet sich aus der Anzahl Verbindungen zwischen den Knoten, geteilt durch die Anzahl der theoretisch möglichen Verbindungen im Netzwerk (Borgatti *et al.* 2018). Der Unterschied in der Dichte der beiden Netzwerke kann dadurch erklärt werden, dass ein Stakeholder, welcher nicht so stark in das Thema genetische Vielfalt involviert ist, bereits einen Eindruck davon haben kann, welche Stakeholder relevant sind, ohne dass er sich mit diesen zum Thema ausgetauscht hat. Neben mehreren Abteilungen des BAFUs sind es insbesondere Stakeholder der Gruppe Sammlung/Bildung/Vermittlung, Forschung und Kantone, welche häufig als wichtig genannt wurden.

Abbildung 25 zeigt auf, zwischen welchen Stakeholdern Informationen zum Thema genetische Vielfalt ausgetauscht wurden und welche Stakeholder häufiger in den Informationsaustausch involviert waren. Je grösser ein Knoten, desto häufiger wurde er von anderen Stakeholdern als Kontakt-Partner genannt.

Im Gegensatz zum Netzwerk der als wichtig empfundenen Stakeholder (Abbildung 24), wurde der Stakeholdertyp Forschung am häufigsten als Kontaktpartner genannt. Ausserdem sind die Kantone (zumindest die Abteilungen Natur und Landschaft und Jagd und Fischerei) zentraler als die Abteilungen des BAFUs. Ferner sind in diesem Netzwerk auch Umwelt- und Planungsbüros unter den zehn am häufigsten genannten Kontaktpartnern.

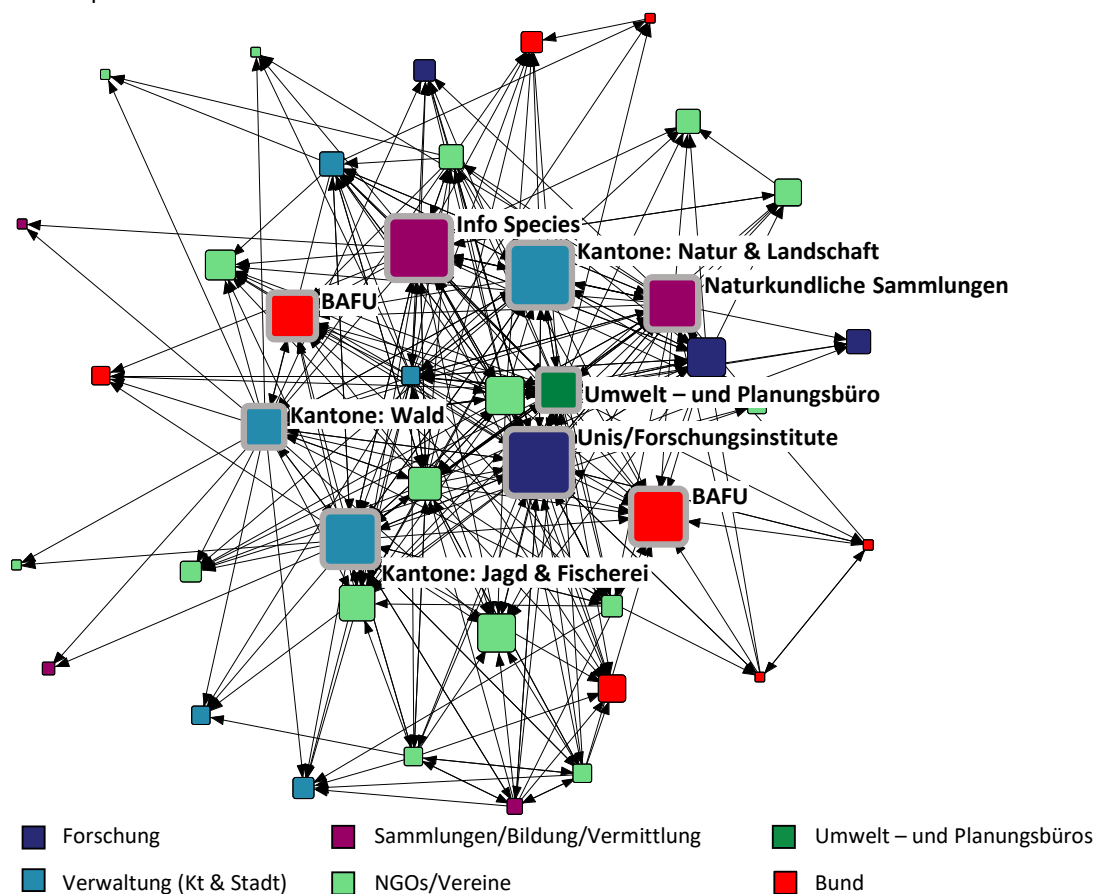


Abbildung 25 Netzwerk der Kontakt-Partner

Um die Kommunikationsstrukturen zwischen den verschiedenen Stakeholdertypen besser zu verstehen, wurde für zentrale Typen von Stakeholdern zusätzlich genauer analysiert, mit welchen Stakeholdern sie zum Thema genetische Vielfalt in Kontakt stehen. Abbildung 25 zeigt eine Übersicht über die wichtigen

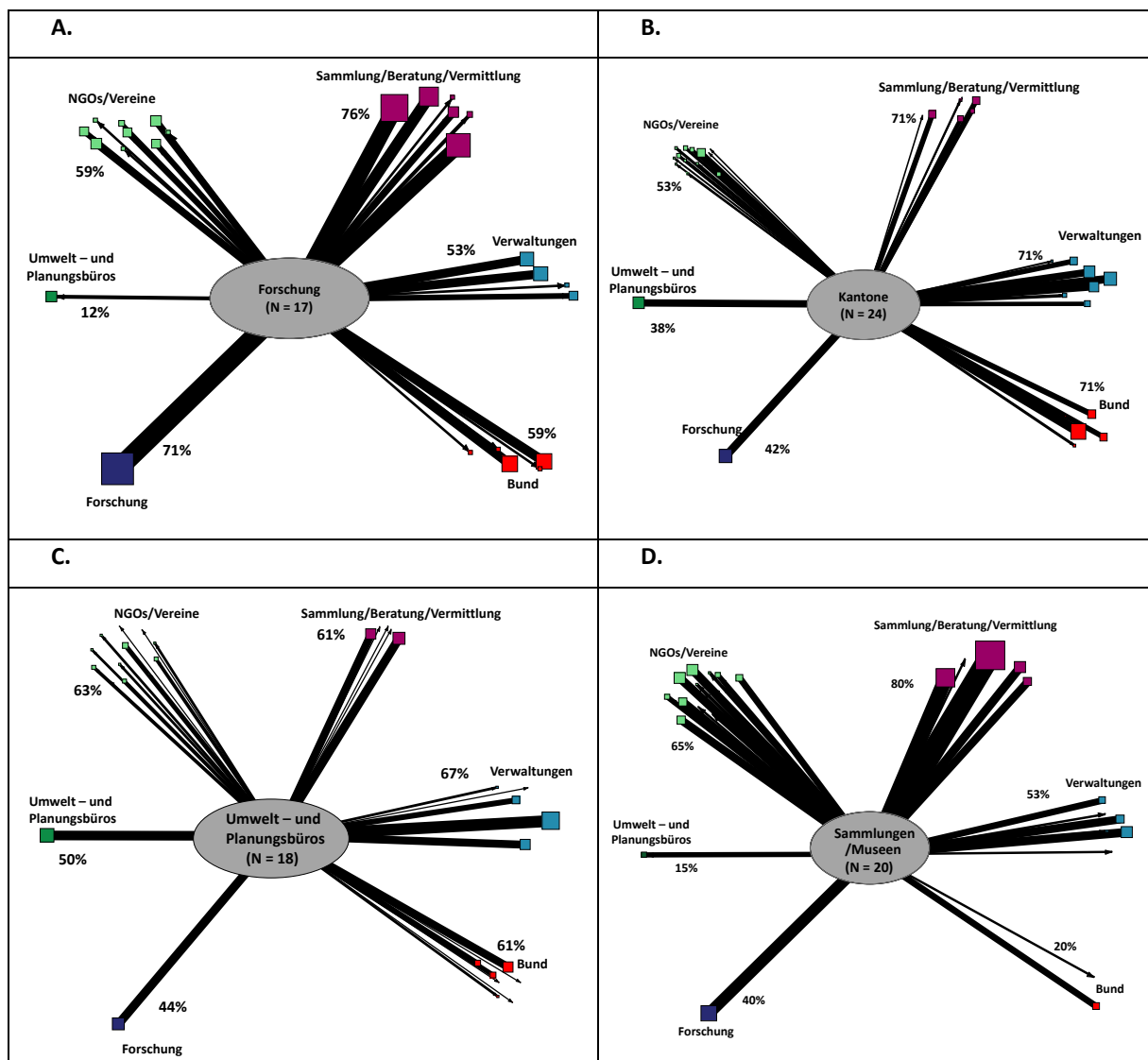


Abbildung 26 Überblick über die häufigsten Kontaktpartner der verschiedenen Stakeholdertypen

Kontaktpartner der Forschung, der kantonalen Verwaltungen, der Umwelt- und Planungsbüros und der Sammlungen/Museen. Die Prozentangaben geben dabei für jede Gruppe an, welcher Anteil der Stakeholder jeweils mindestens einen Stakeholder der anderen Gruppen als Kontaktpartner genannt haben. Von den Stakeholdern aus der Forschung (Abbildung 26 A) haben beispielsweise 53% angegeben, dass sie mit Verwaltungen im Kontakt stehen.

Die Stakeholder aus der Forschung (Abbildung 26 A) tauschten sich am meisten mit Stakeholdern der Gruppe Sammlung/Beratung/Vermittlung aus und nicht, wie man vielleicht erwarten würde, mit anderen Stakeholdern aus der Forschung. Dies mag daran liegen, dass Forschende für Projekte im Bereich der genetischen Vielfalt oft auf Daten oder Proben angewiesen sind, welche von Stakeholdern der Gruppe Sammlung/Beratung/Vermittlung bereitgestellt werden. Des Weiteren gibt es generell nicht sehr viele Forschungsgruppen in diesem Bereich,

weshalb eventuell mehr Kontakt zu anderen forschungsnahen Stakeholdern gesucht wird. Ausserdem zeigen sich relativ viele Verbindungen zu Stakeholdern aus Verwaltungen oder Bundesämtern, sowie NGOs und Vereinen. Interessant dabei ist, dass von den Kantonen und den Sammlungen/Museen (Abbildung 26 B, D), jeweils nur ca. 40% angegeben haben, mit Forschenden in Kontakt zu stehen. Nur ein kleiner Teil (12%) der Forschenden (Abbildung 26 A) tauschte sich hingegen mit Umwelt- und Planungsbüros aus, von welchen wiederum 44% angegeben haben, sich mit Forschenden auszutauschen (Abbildung 26 C). Forschende sind folglich aktiv in Kontakt mit anderen Stakeholdern und werden auch häufig als Kontaktpartner genannt, was nicht der verbreiteten Vorstellung der «isolierten Forschenden im Elfenbeinturm» entspricht.

Die Kantone tauschten sich aktiv mit anderen Stakeholdern aus der Verwaltung, dem Bund und auch der Gruppe Sammlung/Beratung/Vermittlung aus (Abbildung 26 B). 53% waren in Kontakt mit NGOs und Vereinen, was allerdings im Vergleich zu anderen Stakeholdertypen relativ wenig ist.

Bei der Betrachtung der Kontaktpartner der Umwelt- und Planungsbüros (Abbildung 26 C) fällt auf, dass nur 50% der Befragten angegeben haben, mit anderen Umwelt- und Planungsbüros zum Thema genetische Vielfalt in Kontakt zu stehen, während jeweils über 60% angegeben haben, mit NGOs/Vereinen, städtischen und kantonalen Verwaltungen, Bundesämtern und Stakeholdern der Gruppe Sammlung/Beratung/Vermittlung zu kommunizieren. Vermutlich spiegelt sich in dieser Struktur die Profitorientierung der Umwelt- und Planungsbüros wider: Andere Stakeholder aus ihrer Gruppe können als Konkurrenz um Aufträge wahrgenommen werden.

Erwähnenswert ist auch die Position der Sammlungen/Museen. Sie wurden zum einen sehr häufig als Kontaktpartner genannt, scheinen sich aber auch innerhalb ihrer eigenen Gruppe aktiv auszutauschen. Zudem haben 65% angegeben, mit NGOs/Vereinen in Kontakt zu stehen. An der Grösse der Knoten wird ersichtlich, dass nicht nur Kontakte zu vielen verschiedenen NGOs/Vereinen bestehen, wie dies beispielsweise bei den Umwelt- und Planungsbüros der Fall ist, sondern dass einige NGOs/Vereine dabei mehrfach genannt wurden. Sammlungen/Museen könnten daher in der Ausarbeitung und Implementierung eines Monitorings als Wissensvermittler fungieren, um bisher nicht vernetzte Stakeholder, beispielsweise solche aus der Gruppe NGOs/Vereine, zu erreichen.

6.9 Fazit aus der Stakeholderanalyse

Die befragten Stakeholder haben ein deutliches Interesse an einem Monitoring der genetischen Vielfalt in der Schweiz. Die genetische Vielfalt erhält zwar im Vergleich zur Vielfalt der Arten oder der Lebensräume eine tiefere Gewichtung, es wurde aber gleichzeitig immer wieder auf die Problematik der fehlenden Evidenzgrundlage bezüglich genetischer Vielfalt und den damit verbundenen Handlungsdruck hingewiesen. Es zeigt sich im Weiteren eine deutliche Diskrepanz zwischen dem Bedarf an genetischen Daten und deren aktuellen Verfügbarkeit beziehungsweise Verwendung. Dieser Mangel führt dazu, dass Handlungsempfehlungen fehlen oder auf Experteneinschätzungen basieren, weshalb rechtzeitiges Handeln im Falle von genetischer Verarmung von Arten nicht möglich ist.

Viele Stakeholder sehen in einem Monitoring der genetischen Vielfalt einen potenziellen Nutzen für ihre Arbeitsbereiche. Ein Grossteil der Stakeholder, die an der Umfrage teilgenommen haben, haben spezifische Ansprüche an ein solches Monitoring. Allerdings ist es so, dass der Unterschied zwischen genetischem

Artnachweis (Barcoding, eDNA Metabarcoding) und einem Monitoring der genetischen Vielfalt nicht allen Teilnehmenden klar ist. Folglich ist eine deutliche und transparente Kommunikation über die Möglichkeiten und Grenzen eines Monitorings der genetischen Vielfalt bereits bei der Entwicklung und Ausarbeitung wichtig. Sowohl bei den Gründen für ein Monitoring als auch bei den Anwendungsbereichen werden besonders häufig die Überprüfung von Vernetzungsmassnahmen und Erfolgskontrollen genannt. Diese scheinen den befragten Stakeholdern und auch den Interviewpartnern ein grosses Anliegen zu sein.

Obwohl viele der Akteure sich für ein Monitoring der genetischen Vielfalt aussprechen, gibt es auch kritische Stimmen. Insbesondere Kantone sehen viele Hürden im Vollzug und befürchten, dass ein Monitoring zu hohen zeitlichen und finanziellen Aufwänden führt. Diese Bedenken spiegeln sich auch in ihrer unterdurchschnittlichen Bereitschaft zur Mitarbeit beim Aufbau eines weiteren Monitorings in der Schweiz. Dies ist besonders relevant, weil die Kantone zum einen von vielen Akteuren als wichtig für die Ausarbeitung wahrgenommen und zum anderen auch häufig als Kontaktpartner zum Thema genetische Vielfalt angegeben wurden. Ausserdem sind Kantone wichtige Stakeholder, wenn es um die Einholung von Bewilligungen für das Sammeln und die Entnahme von Proben geht.

Bedenken gegenüber einem genetischen Monitoring sind ernst zu nehmen. Gerade die Kantone, aber auch weitere Stakeholder, wie beispielsweise Museen und Sammlungen, welche bereits mit vielen Stakeholdern zum Thema genetische Vielfalt im Kontakt stehen und dadurch als Wissensvermittler fungieren können, sollten in dem weiteren Prozess gut eingebunden werden. Dies wird die Akzeptanz und dadurch auch die Implementierung eines genetischen Monitorings massgeblich erleichtern.

7 Schlussfolgerungen

Der Bedarf und die Dringlichkeit eines Monitorings der genetischen Vielfalt in der Schweiz sind ausgewiesen, auch wenn gewisse Stakeholder einem weiteren Monitoring kritisch gegenüberstehen. Wir wissen heute nur wenig über das Ausmass und die Verteilung der genetischen Vielfalt innerhalb von Populationen und Arten der Schweiz, und sind deshalb nicht in der Lage, allfällige Veränderungen dieser Vielfalt im Verlauf der Zeit zu erkennen und entsprechende Gegenmassnahmen zu ergreifen. Wir riskieren damit einen irreversiblen Verlust der Grundlage der Vielfalt von Arten und ihrer Fähigkeit, sich an eine Umwelt im Wandel anzupassen. Aus diesem Grund wird ein Monitoring der Veränderung der genetischen Vielfalt sowohl von internationalen Abkommen wie dem AICHI Biodiversitäts-Ziel 13³⁰ als auch von der Strategie Biodiversität Schweiz (BAFU 2012) für 2020 gefordert. Dieses Ziel lässt sich nicht mehr erreichen. Ein Monitoring der genetischen Vielfalt lässt sich jedoch jetzt in Angriff nehmen. Die Kosten für ein solches Monitoring sind allerdings beträchtlich. Da weltweit kein vergleichbares, umfassendes Monitoring der genetischen Vielfalt entwickelt, geplant und implementiert wurde, können das BAFU und die Schweiz eine Vorreiterrolle übernehmen. Ein retrospektives Monitoring der genetischen Vielfalt erlaubt es zudem, Veränderungen der genetischen Vielfalt in der Vergangenheit zu dokumentieren.

Neben dem Monitoring an sich ist der frühzeitige Einbezug der Stakeholder Voraussetzung dafür wichtig, dass ein Monitoring der genetischen Vielfalt während des gesamten Verlaufes breit abgestützt ist und die Resultate anschliessend auch Eingang in den Naturschutz finden (Holderegger *et al.* 2019). Das grundsätzliche Interesse und die Offenheit, aber auch die Vorbehalte und Wünsche der Stakeholder, hat die durchgeführte Stakeholderanalyse aufgezeigt. Ein Monitoring der genetischen Vielfalt bietet im Weiteren eine hervorragende Möglichkeit, den begrenzten Kontakt und Informationstransfer zwischen Wissenschaft und Praxis zu verbessern.

³⁰ <https://www.cbd.int/sp/targets/>

8 Empfehlungen

Die Schweiz ist im Moment eines der wenigen Länder weltweit, welches in der Lage ist, ein Monitoring der genetischen Vielfalt durchzuführen. Mit der vorliegenden Machbarkeitsstudie und Stakeholderanalyse sind die Rahmenbedingungen geklärt und der Bedarf ist ausgewiesen. Die Schweiz hat hier die Möglichkeit, als erstes Land seine Biodiversität auf drei Stufen (Lebensräume, Arten, Gene) zu erfassen und damit zu deren Erhaltung beizutragen. Als ersten Schritt empfehlen wir die Durchführung einer Pilotstudie (Kapitel 5.11), in deren Rahmen erste Resultate erhoben und zahlreiche operative Aspekte eines genetischen Monitorings der genetischen Vielfalt getestet und bei Bedarf optimiert werden können. Anschliessend kann aufgrund der Resultate dieser Pilotstudie über die Durchführung eines vollständigen Monitorings der genetischen Vielfalt (Kapitel 5; Varianten 1, 2 oder 3) entschieden werden. Durch die Kombination aus dem Monitoring heutiger Populationen und Arten sowie der retrospektiven Analyse von Belegen aus wissenschaftlichen Sammlungen können in kurzer Zeit Informationen über das Ausmass, die Verteilung und allfällige Veränderungen der genetischen Vielfalt in der Schweiz gewonnen werden. Zusammen mit den Informationen aus anderen Monitorings und in Zusammenarbeit mit den Stakeholdern können geeignete Massnahmen zum Schutz der Biodiversität getroffen werden.

9 Literatur

- Ahrens CW, Rymer PD, Stow A, *et al.* (2018) The search for loci under selection: trends, biases and progress. *Molecular Ecology* **27**, 1342-1356.
- Al-Asadi H, Petkova D, Stephens M, Novembre J (2019) Estimating recent migration and population-size surfaces. *PLoS Genetics* **15**, e1007908.
- Alcala N, Rosenberg NA (2019) G'ST, Jost's D, and FST are similarly constrained by allele frequencies: A mathematical, simulation, and empirical study. *Molecular Ecology* **28**, 1624-1636.
- Andrews KR, Good JM, Miller MR, Luikart G, Hohenlohe PA (2016) Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. *Nature Reviews Genetics* **17**, 81-92.
- Arnold B, Corbett-Detig RB, Hartl D, Bomblies K (2013) RADseq underestimates diversity and introduces genealogical biases due to nonrandom haplotype sampling. *Molecular Ecology* **22**, 3179-3190.
- BAFU (2001) Die biogeographischen Regionen der Schweiz. BAFU, Bern.
- BAFU (2010a) Gefährdete Arten in der Schweiz. BAFU, Bern.
- BAFU (2010b) Liste der National Prioritären Arten. BAFU, Bern.
- BAFU (2012) Strategie Biodiversität Schweiz: Ausarbeitung einer Strategie zur Erhaltung und Förderung der Biodiversität. BAFU, Bern.
- BAFU (2016) Forschungskonzept Umwelt für die Jahre 2017–2020. BAFU, Bern.
- BAFU (2017a) Aktionsplan Strategie Biodiversität Schweiz. BAFU, Bern.
- BAFU (2017b) Biodiversität in der Schweiz: Zustand und Entwicklung. BAFU, Bern.
- BAFU (2019) Liste der National Prioritären Arten und Lebensräume. BAFU, Bern.
- Belser C, Istace B, Denis E, *et al.* (2018) Chromosome-scale assemblies of plant genomes using nanopore long reads and optical maps. *Nature Plants* **4**, 879-887.
- Benjelloun B, Boyer F, Streeter I, *et al.* (2019) An evaluation of sequencing coverage and genotyping strategies to assess neutral and adaptive diversity. *Molecular Ecology Resources* **19**, 1497-1515.
- Bi K, Linderoth T, Singhal S, *et al.* (2019) Temporal genomic contrasts reveal rapid evolutionary responses in an alpine mammal during recent climate change. *PLoS Genetics* **15**, e1008119.
- Billerman SM, Walsh J (2019) Historical DNA as a tool to address key questions in avian biology and evolution: a review of methods, challenges, applications, and future directions. *Molecular Ecology Resources* **19**, 1115-1130.
- Borgatti SP, Everett MG, Johnson JC (2018) *Analyzing social networks* Sage.
- Bosshard A, Mayer P, Mosimann A (2015) Leitfaden für naturgemässe Begrünung in der Schweiz. Ö+L Ökologie und Landschaft GmbH, Oberwil-Lieli.
- Braunisch V, Home R, Pellet J, Arlettaz R (2012) Conservation science relevant to action: a research agenda identified and prioritized by practitioners. *Biological Conservation* **153**, 201-210.
- Breed MF, Harrison PA, Blyth C, *et al.* (2019) The potential of genomics for restoring ecosystems and biodiversity. *Nature Reviews Genetics* **20**, 615-628.
- Brüniche-Olsen A, Kellner KF, Anderson CJ, DeWoody JA (2018) Runs of homozygosity have utility in mammalian conservation and evolutionary studies. *Conservation Genetics* **19**, 1295-1307.
- Carroll EL, Bruford MW, DeWoody JA, *et al.* (2018) Genetic and genomic monitoring with minimally invasive sampling methods. *Evolutionary Applications* **11**, 1094-1119.
- Charlesworth D, Willis JH (2009) The genetics of inbreeding depression. *Nature Reviews Genetics* **10**, 783-796.
- Chen K-Y, Marschall EA, Sovic MG, *et al.* (2018) assignPOP: an R package for population assignment using genetic, non-genetic, or integrated data in a machine-learning framework. *Methods in Ecology and Evolution* **9**, 439-446.
- Cook CN, Sgrò CM (2019) Conservation practitioners' understanding of how to manage evolutionary processes. *Conservation Biology* **33**, 993-1001.
- Deschamps S, Zhang Y, Llaca V, *et al.* (2018) A chromosome-scale assembly of the sorghum genome using nanopore sequencing and optical mapping. *Nature Communications* **9**, 4844.
- Díez-del-Molino D, Sánchez-Barreiro F, Barnes I, Gilbert MTP, Dalén L (2018) Quantifying temporal genomic erosion in endangered species. *Trends in Ecology and Evolution* **33**, 176-185.
- Dufresnes C, Remollino N, Stoffel C, *et al.* (2019) Two decades of non-invasive genetic monitoring of the grey wolves recolonizing the Alps support very limited dog introgression. *Scientific Reports* **9**, 148.
- Ellegren H, Galtier N (2016) Determinants of genetic diversity. *Nature Reviews Genetics* **17**, 422-433.

- Ewart KM, Johnson RN, Ogden R, *et al.* (2019) Museum specimens provide reliable SNP data for population genomic analysis of a widely distributed but threatened cockatoo species. *Molecular Ecology Resources* **19**, 1578-1592.
- Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2003) Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* **164**, 1567-1587.
- Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2007) Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Molecular Ecology Notes* **7**, 574-578.
- Ficetola GF, Taberlet P, Coissac E (2016) How to limit false positives in environmental DNA and metabarcoding? *Molecular Ecology Resources* **16**, 604-607.
- Fischer MC, Foll M, Excoffier L, Heckel G (2011) Enhanced AFLP genome scans detect local adaptation in high-altitude populations of a small rodent (*Microtus arvalis*). *Molecular Ecology* **20**, 1450-1462.
- Fischer MC, Rellstab C, Leuzinger M, *et al.* (2017) Estimating genomic diversity and population differentiation – an empirical comparison of microsatellite and SNP variation in *Arabidopsis halleri*. *BMC Genomics* **18**, 69.
- Fischer MC, Rellstab C, Tedder A, *et al.* (2013) Population genomic footprints of selection and associations with climate in natural populations of *Arabidopsis halleri* from the Alps. *Molecular Ecology* **22**, 5594-5607.
- Flanagan SP, Forester BR, Latch EK, Aitken SN, Hoban S (2017) Guidelines for planning genomic assessment and monitoring of locally adaptive variation to inform species conservation. *Evolutionary Applications* **11**, 1035-1052.
- Fountain T, Nieminen M, Sirén J, Wong SC, Hanski I (2016) Predictable allele frequency changes due to habitat fragmentation in the *Glanville fritillary* butterfly. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **113**, 2678-2683.
- Frankham R (2005) Genetics and extinction. *Biological Conservation* **126**, 131-140.
- Frankham R, Bradshaw CJA, Brook BW (2014) Genetics in conservation management: revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biological Conservation* **170**, 56-63.
- Fuentes-Pardo AP, Ruzzante DE (2017) Whole-genome sequencing approaches for conservation biology: advantages, limitations and practical recommendations. *Molecular Ecology* **26**, 5369-5406.
- Funk WC, Forester BR, Converse SJ, Darst C, Morey S (2018) Improving conservation policy with genomics: a guide to integrating adaptive potential into U.S. Endangered Species Act decisions for conservation practitioners and geneticists. *Conservation Genetics* **20**, 115-134.
- Garner BA, Hand BK, Amish SJ, *et al.* (2016) Genomics in conservation: case studies and bridging the gap between data and application. *Trends in Ecology & Evolution* **31**, 81-83.
- Ge H, Lin K, Shen M, *et al.* (2019) De novo assembly of a chromosome-level reference genome of red-spotted grouper (*Epinephelus akaara*) using nanopore sequencing and Hi-C. *Molecular Ecology Resources* **19**, 1461-1469.
- Ghurye J, Pop M (2019) Modern technologies and algorithms for scaffolding assembled genomes. *PLOS Computational Biology* **15**, e1006994.
- Giordano F, Aigrain L, Quail MA, *et al.* (2017) De novo yeast genome assemblies from MinION, PacBio and MiSeq platforms. *Scientific Reports* **7**, 3935.
- Gómez-Sánchez D, Olalde I, Sastre N, *et al.* (2018) On the path to extinction: inbreeding and admixture in a declining grey wolf population. *Molecular Ecology* **27**, 3599-3612.
- Goudet J, Kay T, Weir BS (2018) How to estimate kinship. *Molecular Ecology* **27**, 4121-4135.
- Grossen C, Biebach I, Angelone-Alasaad S, Keller LF, Croll D (2018) Population genomics analyses of European ibex species show lower diversity and higher inbreeding in reintroduced populations. *Evolutionary Applications* **11**, 123-139.
- Grundler MR, Singhal S, Cowan MA, Rabosky DL (2019) Is genomic diversity a useful proxy for census population size? Evidence from a species-rich community of desert lizards. *Molecular Ecology* **28**, 1664-1674.
- Hale ML, Burg TM, Steeves TE (2012) Sampling for microsatellite-based population genetic studies: 25 to 30 individuals per population is enough to accurately estimate allele frequencies. *PLoS One* **7**, e45170.
- Hansen MM, Olivieri I, Waller DM, Nielsen EE, The Ge MWG (2012) Monitoring adaptive genetic responses to environmental change. *Molecular Ecology* **21**, 1311-1329.
- Heather JM, Chain B (2016) The sequence of sequencers: the history of sequencing DNA. *Genomics* **107**, 1-8.
- Hepenstrick D, Thiel D, Holderegger R, Gugerli F (2012) Genetic discontinuities in roe deer (*Capreolus capreolus*) coincide with fenced transportation infrastructure. *Basic and Applied Ecology* **13**, 631-638.
- Hoban S, Arntzen JA, Bruford MW, *et al.* (2014) Comparative evaluation of potential indicators and temporal sampling protocols for monitoring genetic erosion. *Evolutionary Applications* **7**, 984-998.

- Holderegger R (2016) Vielfältige Anwendungen genetischer Methoden im Wald. *Schweizerische Zeitschrift für Forstwesen* **167**, 308-315.
- Holderegger R, Balkenhol N, Bolliger J, *et al.* (2019) Conservation genetics: linking science with practice. *Molecular Ecology* **28**, 3848-3856.
- Holderegger R, Segelbacher G, Widmer A (2016) Genetisches Monitoring. In: *Holderegger R, Segelbacher G (eds) Naturschutzgenetik: Ein Handbuch für die Praxis*, pp. 165-182. Haupt, Bern.
- Holt C, Yandell M (2011) MAKER2: an annotation pipeline and genome-database management tool for second-generation genome projects. *BMC Bioinformatics* **12**, 491.
- House GL, Hahn MW (2017) Evaluating methods to visualize patterns of genetic differentiation on a landscape. *Molecular Ecology Resources* **18**, 448-460.
- Hubisz MJ, Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2009) Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Molecular Ecology Resources* **9**, 1322-1332.
- Ingold KM, Lieberherr E, Schläpfer I, Steinmann K, Zimmermann W (2016) *Umweltpolitik der Schweiz – ein Lehrbuch*. Dike Verlag, Zürich/St. Gallen.
- Jackson JA, Laikre L, Baker CS, Kendall KC (2012) Guidelines for collecting and maintaining archives for genetic monitoring. **4**, 527-536.
- Jansen HJ, Liem M, Jong-Raadsen SA, *et al.* (2017) Rapid de novo assembly of the European eel genome from nanopore sequencing reads. *Scientific Reports* **7**, 7213.
- Johnson WE, Onorato DP, Roelke ME, *et al.* (2010) Genetic restoration of the Florida panther. *Science* **329**, 1641-1645.
- Kaul S, Koo HL, Jenkins J, *et al.* (2000) Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature* **408**, 796-815.
- Kousathanas A, Leuenberger C, Link V, *et al.* (2017) Inferring heterozygosity from ancient and low coverage genomes. *Genetics* **205**, 317-332.
- Laikre L (2010) Genetic diversity is overlooked in international conservation policy implementation. *Conservation Genetics* **11**, 349-354.
- Laikre L, Allendorf FW, Aroner LC, *et al.* (2010) Neglect of genetic diversity in implementation of the convention on biological diversity. *Conservation Biology* **24**, 86-88.
- Laikre L, Larsson LC, Palmé A, *et al.* (2008) Potentials for monitoring gene level biodiversity: using Sweden as an example. *Biodiversity and Conservation* **17**, 893-910.
- Landguth EL, Cushman SA, Schwartz MK, *et al.* (2010) Quantifying the lag time to detect barriers in landscape genetics. *Molecular Ecology* **19**, 4179-4191.
- Leigh DM, Hendry AP, Vázquez-Domínguez E, Friesen VL (2019) Estimated six percent loss of genetic variation in wild populations since the industrial revolution. *Evolutionary Applications* **12**, 1505-1512.
- Li H, Durbin R (2009) Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. *Bioinformatics* **25**, 1754-1760.
- Lindgren K-O, Persson T (2010) Input and output legitimacy: synergy or trade-off? Empirical evidence from an EU survey. *Journal of European Public Policy* **17**, 449-467.
- Lowe A, Harris S, Ashton P (2004) *Ecological genetics: design, analysis, and application* Blackwell Publishing.
- Lowry DB, Hoban S, Kelley JL, *et al.* (2017) Breaking RAD: an evaluation of the utility of restriction site-associated DNA sequencing for genome scans of adaptation. *Molecular Ecology Resources* **17**, 142-152.
- Lozier JD (2014) Revisiting comparisons of genetic diversity in stable and declining species: assessing genome-wide polymorphism in North American bumble bees using RAD sequencing. *Molecular Ecology* **23**, 788-801.
- Lundmark C, Sandström A, Andersson K, Laikre L (2019) Monitoring the effects of knowledge communication on conservation managers' perception of genetic biodiversity – A case study from the Baltic Sea. *Marine Policy* **99**, 223-229.
- Meek MH, Larson WA (2019) The future is now: amplicon sequencing and sequence capture usher in the conservation genomics era. *Molecular Ecology Resources* **19**, 795-803.
- Michael TP, Jupe F, Bemm F, *et al.* (2018) High contiguity *Arabidopsis thaliana* genome assembly with a single nanopore flow cell. *Nature Communications* **9**, 541.
- Mimura M, Yahara T, Faith DP, *et al.* (2017) Understanding and monitoring the consequences of human impacts on intraspecific variation. *Evolutionary Applications* **10**, 121-139.
- Müller AS, Lenhardt PP, Theissing K (2013) Pros and cons of external swabbing of amphibians for genetic analyses. *European Journal of Wildlife Research* **59**, 609-612.
- Nazareno AG, Bemmels JB, Dick CW, Lohmann LG (2017) Minimum sample sizes for population genomics: an empirical study from an Amazonian plant species. *Molecular Ecology Resources* **17**, 1136-1147.

- Norén K, Godoy E, Dalén L, Meijer T, Angerbjörn A (2016) Inbreeding depression in a critically endangered carnivore. *Molecular Ecology* **25**, 3309-3318.
- Novembre J, Johnson T, Bryc K, *et al.* (2008) Genes mirror geography within Europe. *Nature* **456**, 98-U95.
- Nussberger B, Wandeler P, Weber D, Keller LF (2014) Monitoring introgression in European wildcats in the Swiss Jura. *Conservation Genetics* **15**, 1219-1230.
- O'Leary SJ, Puritz JB, Willis SC, Hollenbeck CM, Portnoy DS (2018) These aren't the loci you'e looking for: principles of effective SNP filtering for molecular ecologists. *Molecular Ecology* **27**, 3193-3206.
- Oliveira R, Randi E, Mattucci F, *et al.* (2015) Toward a genome-wide approach for detecting hybrids: informative SNPs to detect introgression between domestic cats and European wildcats (*Felis silvestris*). *Heredity* **115**, 195-205.
- Palstra FP, Fraser DJ (2012) Effective/census population size ratio estimation: a compendium and appraisal. *Ecology and Evolution* **2**, 2357-2365.
- Petkova D, Novembre J, Stephens M (2015) Visualizing spatial population structure with estimated effective migration surfaces. *Nature Genetics* **48**, 94.
- Pimm SL, Dollar L, Bass OL (2006) The genetic rescue of the Florida panther. *Animal Conservation* **9**, 115-122.
- Porter TM, Hajibabaei M (2018) Scaling up: a guide to high-throughput genomic approaches for biodiversity analysis. *Molecular Ecology* **27**, 313-338.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**, 945-959.
- Purfield DC, Berry DP, McParland S, Bradley DG (2012) Runs of homozygosity and population history in cattle. *BMC Genetics* **13**, 70.
- Rawat V, Abdelsamad A, Pietzenuk B, *et al.* (2015) Improving the annotation of *Arabidopsis lyrata* using RNA-Seq data. *PLoS One* **10**, e0137391.
- Reid NM, Proestou DA, Clark BW, *et al.* (2016) The genomic landscape of rapid repeated evolutionary adaptation to toxic pollution in wild fish. *Science* **354**, 1305-1308.
- Rellstab C, Gugerli F, Eckert AJ, Hancock AM, Holderegger R (2015) A practical guide to environmental association analysis in landscape genomics. *Molecular Ecology* **24**, 4348-4370.
- Reusch TBH, Ehlers A, Hämmerli A, Worm B (2005) Ecosystem recovery after climatic extremes enhanced by genotypic diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **102**, 2826-2831.
- Rigling A, Schaffer HP (2015) Waldbericht 2015: Zustand und Nutzung des Schweizer Waldes. BAFU, Bern.
- Robinson JA, Räikkönen J, Vucetich LM, *et al.* (2019) Genomic signatures of extensive inbreeding in Isle Royale wolves, a population on the threshold of extinction. *Science Advances* **5**, eaau0757.
- Robinson ZL, Coombs JA, Hudy M, *et al.* (2017) Experimental test of genetic rescue in isolated populations of brook trout. *Molecular Ecology* **26**, 4418-4433.
- Rodríguez A, Burgon JD, Lyra M, *et al.* (2017) Inferring the shallow phylogeny of true salamanders (*Salamandra*) by multiple phylogenomic approaches. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **115**, 16-26.
- Rogers RL, Slatkin M (2017) Excess of genomic defects in a woolly mammoth on Wrangel island. *PLoS Genetics* **13**, e1006601.
- Ryman N, Laikre L, Hössjer O (2019) Do estimates of contemporary effective population size tell us what we want to know? *Molecular Ecology* **28**, 1904-1918.
- Sánchez-Bayo F, Wyckhuys KAG (2019) Worldwide decline of the entomofauna: a review of its drivers. *Biological Conservation* **232**, 8-27.
- Schalamun M, Nagar R, Kainer D, *et al.* (2019) Harnessing the MinION: an example of how to establish long-read sequencing in a laboratory using challenging plant tissue from *Eucalyptus pauciflora*. *Molecular Ecology Resources* **19**, 77-89.
- Schwartz MK, Luikart G, Waples RS (2007) Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management. *Trends in Ecology and Evolution* **22**, 25-33.
- SCNAT (2019) National significance of natural history collections in Switzerland - Archives and resources for modern science, p. 36. SCNAT, Bern.
- Sedlazeck FJ, Lee H, Darby CA, Schatz MC (2018) Piercing the dark matter: bioinformatics of long-range sequencing and mapping. *Nature Reviews Genetics*.
- Shafer ABA, Wolf JBW, Alves PC, *et al.* (2015) Genomics and the challenging translation into conservation practice. *Trends in Ecology & Evolution* **30**, 78-87.
- SKEW (2009) Empfehlungen für den Anbau und die Verwendung von Pflanz- und Saatgut einheimischer Wildpflanzen. SKEW, Nyon.
- Supple MA, Shapiro B (2018) Conservation of biodiversity in the genomics era. *Genome Biology* **19**, 131.

- Tsai WLE, Schedl ME, Maley JM, McCormack JE (2019) More than skin and bones: comparing extraction methods and alternative sources of DNA from avian museum specimens. *Molecular Ecology Resources*.
- Van der Auwera GA, Carneiro MO, Hartl C, *et al.* (2013) From FastQ data to high-confidence variant calls: the genome analysis toolkit best practices pipeline. *Current Protocols in Bioinformatics* **43**, 11.10.11-11.10.33.
- van der Valk T, Díez-del-Molino D, Marques-Bonet T, Guschanski K, Dalén L (2019) Historical genomes reveal the genomic consequences of recent population decline in eastern gorillas. *Current Biology* **29**, 165-170.e166.
- Vonlanthen P, Bittner D, Hudson AG, *et al.* (2012) Eutrophication causes speciation reversal in whitefish adaptive radiations. *Nature* **482**, 357-362.
- Vonlanthen P HD (2016) Genetik und Fischerei. In: *Umwelt-Wissen*, p. 90. BAFU, Bern.
- Wennerström L, Jansson E, Laikre L (2017) Baltic Sea genetic biodiversity: current knowledge relating to conservation management. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* **27**, 1069-1090.
- Whitney KD, Ahern JR, Campbell LG, Albert LP, King MS (2010) Patterns of hybridization in plants. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics* **12**, 175-182.
- Wilson GA, Rannala B (2003) Bayesian inference of recent migration rates using multilocus genotypes. *Genetics* **163**, 1177-1191.

10 Anhang

Tabelle 14 Liste der identifizierten Stakeholder nach Stakeholdertyp

Bund
BAFU: Abteilung Wald - Sektion Waldschutz und Waldgesundheit
BAFU: Arten, Ökosysteme, Landschaften - Sektion Arten und Lebensräume
BAFU: Arten, Ökosysteme, Landschaften - Sektion Ländlicher Raum
BAFU: Arten, Ökosysteme, Landschaften - Sektion Landschaftsmanagement
BAFU: Arten, Ökosysteme, Landschaften - Sektion Lebensraum Gewässer
BAFU: Arten, Ökosysteme, Landschaften - Sektion Wildtiere und Waldbiodiversität
BLW: Agrarumweltsysteme und Nährstoffe
BLW: Genetische Ressourcen & Technologien
Forschung
ETH - Ecosystem Management
ETH - Forest Ecology
ETH - Plant Ecological Genetics
ETH - Plant Phytopathology
Universität Zürich - Evolutionäre Ökologie und Genetik freilebender Populationen
Universität Basel - Naturschutz Biologie
Universität Basel - Evolutionsbiologie
Universität Bern - Ecological Genomics
Universität Bern - Plant Ecology
Universität Bern - Conservation Biology
Université Lausanne - Laboratory for Conservation Biology
Université Lausanne - Ecology and Evolution of Dispersal
Université Lausanne - Evolutionary Conservation Biology
Université Neuchâtel - Laboratory of Evolutionary Genetics
EPFL - Urban and regional planning community (CEAT)
WSL - Biodiversität
WSL - Ökologische Genetik
Eawag - Aquatische Ökologie
Eawag - Fischökologie & Evolution
HAFL - Pflanzenproduktionssysteme
HAFL - Wald und Gesellschaft
FiBL - Agrarökologie
HSR - Freiräume und Gärten
HSR - Landschaftsentwicklung
HES SO - Nature & Ville
ZHAW - Wildtiermanagement
ZHAW - Vegetationsökologie
ZHAW - Stadtökologie
ZHAW - Umweltgenomik und Systembiologie
Agroscope - Agrarlandschaft und Biodiversität
Sammlung/Beratung/Vermittlung
FIBER Fischereiberatungsstelle
Försterschule Lyss
Försterschule Maienfeld Bildungszentrum Wald
Info Species
Botanischer Garten Bern
Botanischer Garten der Universität Zürich
Bündner Naturmuseum
Conservatoire et Jardins botaniques de la Ville de Genève
Entomologische Sammlung der ETH Zürich
Herbarien Basel
JURASSICA
Kulturama Zürich
Laboratoire de botanique évolutive de l'Université de Neuchâtel (Herbier)
Musée cantonal de zoologie, Lausanne
Musée de la nature, Sion
Musée de l'Hospice du Grand-Saint-Bernhard
Musée de Saint-Imier
Musée d'Histoire naturelle de La Chaux-de-Fonds
Musée d'Histoire naturelle Fribourg
Musée d'histoire naturelle de Neuchâtel
Musées et Jardins Botaniques cantonaux, Lausanne
Museo cantonale di storia naturale, Lugano
Muséum d'histoire naturelle de la Ville de Genève

Museum Zofingen
Museum zu Allerheiligen Schaffhausen
Museum.BL
Naturama Aargau
Naturhistorisches Museum Basel
Naturhistorisches Museum Bern
Naturmuseum Luzern
Naturmuseum Solothurn
Naturmuseum St. Gallen
Naturmuseum Thurgau
Naturmuseum Winterthur
Naturwissenschaftliche Sammlungen des Kantons Glarus
Paläontologisches Institut und Museum Zürich
Vereinigte Herbarien der Universität und ETH Zürich
Zoologisches Museum der Universität Zürich
Wildtier Schweiz
Akademie der Naturwissenschaften Schweiz (SCNAT), Parkforschung
Akademie der Naturwissenschaften Schweiz (SCNAT), Entomologische Gesellschaft
Akademie der Naturwissenschaften Schweiz (SCNAT), Forum Biodiversität

Umwelt – und Planungsbüros

Umwelt- und Planungsbüros (alle Büros welche beim Schweizerischer Verband der Umweltfachleute SVU registriert sind)

Vereine/NGOs

Arbeitsgemeinschaft für den Wald
GBIF Global biodiversity information system (Swiss node)
Jagd Schweiz
Koordinationsstelle Raubtiere (KORA)
Pro Natura (alle Kantone)
Schweizer Pärke (alle Schweizer Pärke)
Schweizer Vogelschutz SVS/BirdLife Schweiz
Schweizerische Vereinigung der Fischereiaufseher (SVFA)
Schweizerische Vogelwarte Sempach
Schweizerischer Fischerei-Verband (SFV)
Schweizerischer Forstverein
SwissBOL (Swiss Barcode of Life)
Verband Schweizerischer Vereine für Pilzkunde VSVP
Wieselnetz Schweiz
WWF (Alle Kantone)

Verwaltungen (städtische & kantonale)

Jagd - und Fischereiverwalterkonferenz (JFK)
Kantonales Amt: Jagd und Fischerei (alle Kantone)
Kantonales Amt: Natur und Landschaftsschutz (alle Kantone)
Kantonales Amt: Wald (alle Kantone)
Konferenz der Beauftragten für Natur- und Landschaftsschutz (KBNL)
Konferenz für Wald, Wildtiere und Landschaft (KWL)
StadtNatur Bern
Stadtgärtnerei Basel
Stadtgrün Winterthur
Naturschutz Stadt Schaffhausen
Stadtökologie Baden
Stadtgärtnerei Luzern
Genève - Service des espaces verts
Nature, Parcs & Domaines Lausanne
Naturschutz Wädenswil
Stadtgärtnerei Biel
Stadtgrün St. Gallen
Stadtgärtnerei Wil
Stadtgärtnerei Kreuzlingen
Stadtgärtnerei Brig
Stadtgärtnerei Frauenfeld
Stadtgärtnerei Romanshorn
Stadtgärtnerei Freiburg/Parcs et promenades Fribourg
Grün Stadt Zürich
