

PP5: AP4 Genetik

Populationsgenetische Muster zum Eichenprozessionsspinner

Dr. Aikaterini Dounavi, Zahra Karami, Dr. Horst Delb



Abstammung der EPS-Populationen:

Sind die in Deutschland verbreitet EPS-Populationen aus angrenzenden Regionen eingewandert oder stammen sie aus einer gemeinsamen Ursprungspopulation?

- Räumliche Strukturierung der genetischen Variation innerhalb und zwischen Populationen
- Untersuchung der Abstammung der EPS-Populationen



2019-2021:

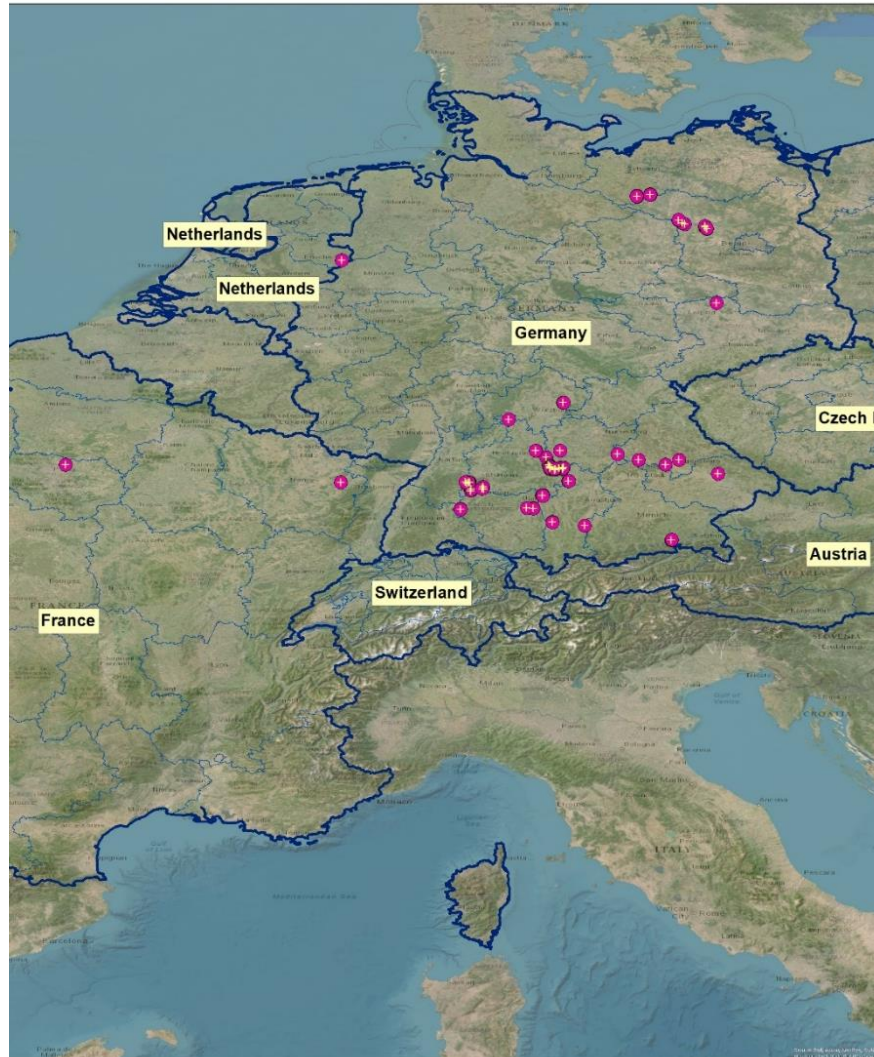
EPS Proben aus **Deutschland** nach einem vorbestimmten Protokoll

→ *min 15 m Entfernung zwischen Probebäumen*

5- 10 Proben pro Baum

2022 (Projektverlängerungszeit):

EPS-Probenahme aus benachbarten Ländern : **(Österreich, Frankreich, Niederlande)**



Sequenced Samples 2019-2022

- *Baden Württemberg → 100*
- *Bayern → 50*
- *Brandenburg → 18*
- *Mecklenburg Vorpommern → 27*
- *Sachsen → 18 (2016-2017)*
- *Austria → 4*
- *France → 20*
- *The Netherlands → 4*
- *241 individuals / 37 Populations*

Probenahme



Populations List												
ID	Population	Elevation	Year	Land	BLand		ID	Population	Elevation	Year	Land	BLand
1	Roissy Charles de Gaulle_Airport	104	2021	France	FR		22	Wertheim	179	2020	Baden-Württemberg	BW
2	Languimberg	281	2021	France	FR		23	Kirchberg	429	2020	Baden-Württemberg	BW
3	Kahlenberg	417	2022	Austria	AT		24	Geislingen	599	2020	Baden-Württemberg	BW
4	Enschede	53	2022	Netherlands	NL		25	Dätzingen	472	2020	Baden-Württemberg	BW
5	Weinberg	517	2020	Bayern	BY		26	Bergbronn	507	2020	Baden-Württemberg	BW
6	Offenberg	312	2020	Bayern	BY		27	Altdorf	491	2020	Baden-Württemberg	BW
7	Buchloe	624	2020	Bayern	BY		28	Aidlingen	494	2020	Baden-Württemberg	BW
8	Winterrieden	632	2020	Bayern	BY		29	Zöbingen	525	2019	Baden-Württemberg	BW
9	Breitenbrunn	542	2020	Bayern	BY		30	Weil	513	2019	Baden-Württemberg	BW
10	Bollstadt	547	2020	Bayern	BY		31	Waldenbuch	489	2019	Baden-Württemberg	BW
11	Bernhardswald	448	2020	Bayern	BY		32	Rindelbach	515	2019	Baden-Württemberg	BW
12	Riegling	407	2020	Bayern	BY		33	Röhlingen	522	2019_2020	Baden-Württemberg	BW
13	Aising	455	2020	Bayern	BY		34	Lauchheim	504	2019-2020	Baden-Württemberg	BW
14	Hilpoltstein	434	2020	Bayern	BY		35	Hildrizhausen	527	2019	Baden-Württemberg	BW
15	Pusselsheim	262	2020	Bayern	BY		36	Herrenberg	487	2019	Baden-Württemberg	BW
16	Brunow	37	2020	Mecklenburg V.	MV		37	Hasenhof	462	2019	Baden-Württemberg	BW
17	Grabow	61	2020	Mecklenburg V.	MV		38	Graf	541	2019	Baden-Württemberg	BW
18	Zootzen	34	2019	Brandenburg	Br		39	AlbDonau	559	2019	Baden-Württemberg	BW
19	Breddin	46	2020	Brandenburg	Br		40	Weidenhain	115	2017	Sachsen	SN
20	Friesack2	42	2020	Brandenburg	Br							
21	Neustadt (Dosse)	29	2020	Brandenburg	Br							

DNA-Extraktion und -Sequenzierung



AIM GmbH

- DNA-Extraktion von insgesamt **241 EPS-Proben**
- DNA barcoding:  **Sanger Sequencing**  **Cytochrome C Oxidase (CO1)**

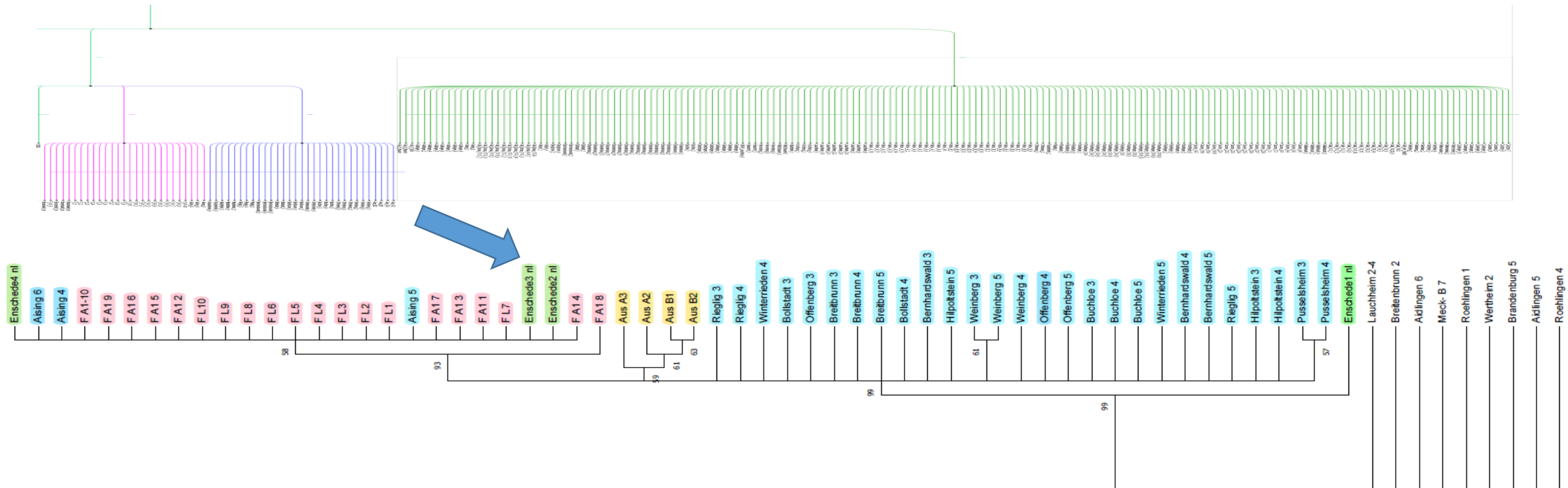
Genetische Auswertung, Phylogenetik, Korrelationsanalyse

Ergebnisse



Phylogenetik: Neighbor-joining Tree für Individuen → 3 Cluster

- Frankreich - Enschede (Niederlande) - Aising (BY)
- Österreich - Bayern
- Andere

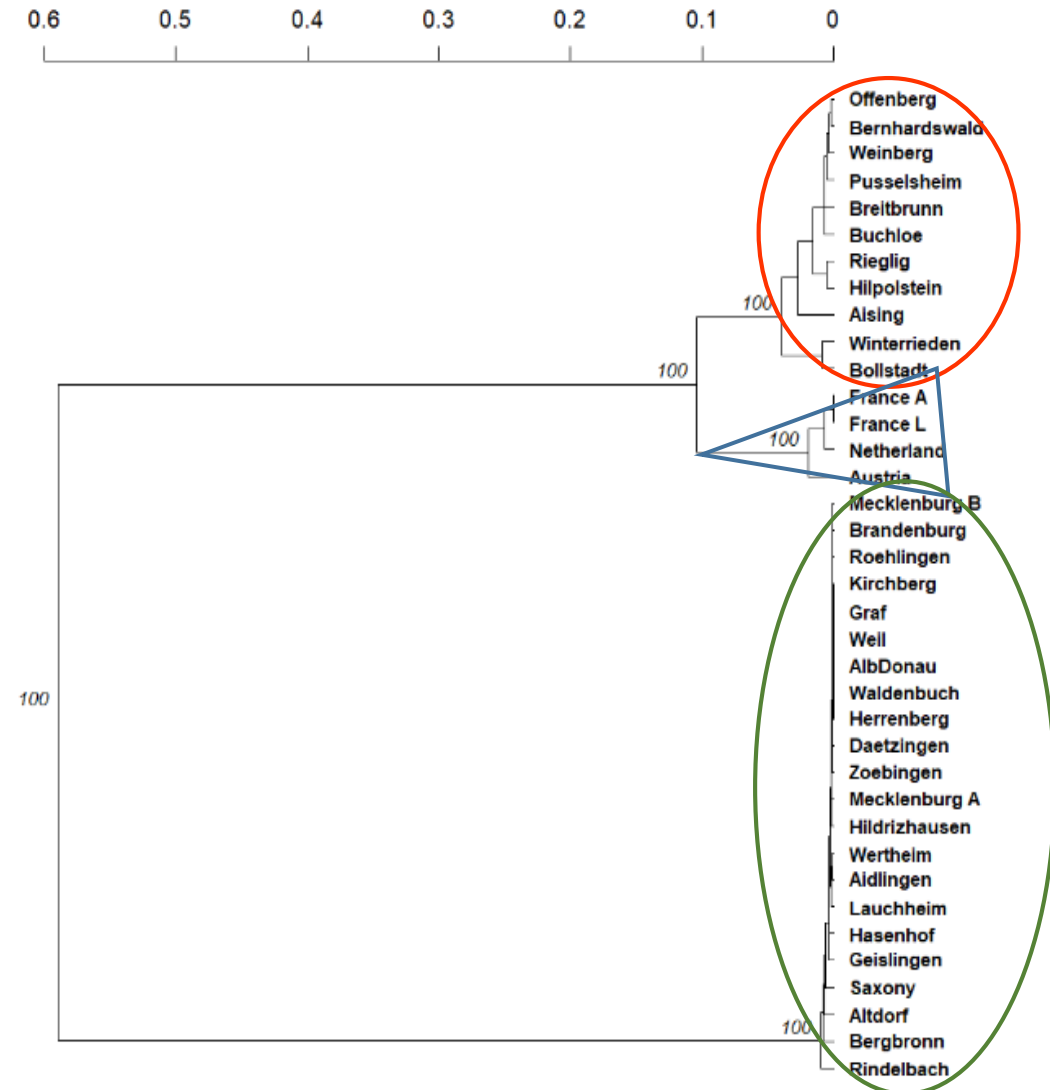


Ergebnisse



Phylogenetik: Nei's distance für Populationen

- 2 distinct clades:
 - Alle Deutsche Populationen ausser Bayern in einem Clade
- Frankreich, Österreich, Niederlande in einem Clade neben Bayern (Österreich etwa differenziert)

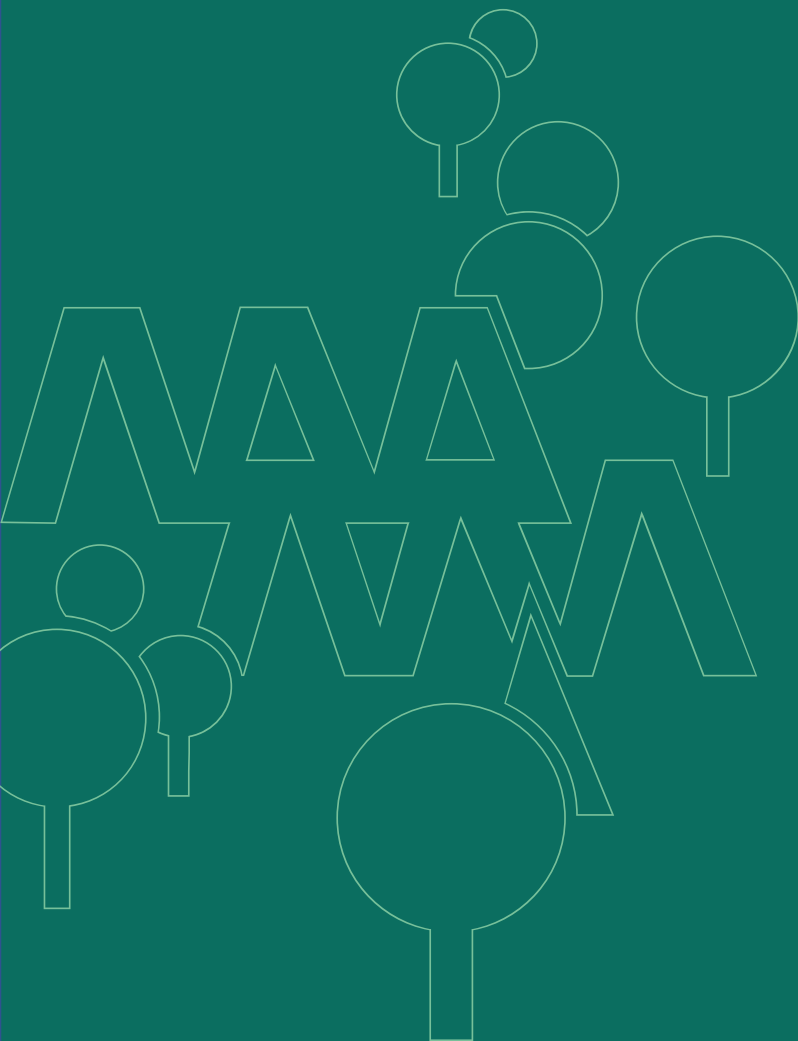


- **Sind die Deutschen EPS-Populationen von einer Ursprungspopulation entstanden? YES!**

Alle Deutsche Populationen sind genetisch sehr ähnlich zu einander, und unterscheiden sich deutlich von beachtlichen Populationen in Grenzregionen ausserhalb Deutschlands (ausser Bayern)

- **Gibt es Hinweise auf Migration von Grenzgebieten? NO** (ausser Bayern)!

Bayern unterscheidet sich genetisch von allen anderen Deutschen Populationen, genetisch ähnlicher zu den Österreichischen Populationen



Vielen Dank für Ihre Aufmerksamkeit!