



Doctoral Thesis

## **Insect dispersal in fragmented agricultural landscapes**

**Author(s):**

Keller, Daniela

**Publication Date:**

2012

**Permanent Link:**

<https://doi.org/10.3929/ethz-a-007619649> →

**Rights / License:**

[In Copyright - Non-Commercial Use Permitted](#) →

This page was generated automatically upon download from the [ETH Zurich Research Collection](#). For more information please consult the [Terms of use](#).

Diss. ETH No. 20663

# **INSECT DISPERSAL IN FRAGMENTED AGRICULTURAL LANDSCAPES**

A dissertation submitted to  
ETH ZURICH

for the degree of  
Doctor of Sciences

presented by

DANIELA KELLER  
MSc Biology, ETH Zurich  
born September 22, 1983  
citizen of Winterthur (ZH)

accepted on the recommendation of

Prof. Dr. Jaboury Ghazoul (examiner)  
Prof. Dr. Rolf Holderegger (co-examiner)  
Prof. Dr. Peter Edwards (co-examiner)  
Prof. Dr. David Thompson (co-examiner)

2012

Preserving biodiversity and enhancing connectivity are two major goals of current conservation strategies in fragmented agricultural landscapes. Therefore, many European countries have implemented agri-environment schemes in order to foster biodiversity and connectivity. The expected positive effects on biodiversity could, however, not consistently be detected, and for many agricultural species, it remains unknown whether populations are functionally connected. As functional connectivity is sustained by dispersal and gene flow, connectivity measures should be based on knowledge of species-specific dispersal potential, dispersal habitats and landscape elements that impede or facilitate gene flow. However, such information is not available for most species, and especially so for many insect species. In this thesis, I wanted to gain knowledge on insect dispersal in intensively managed and fragmented agricultural landscapes, where diverse connectivity measures had been implemented. The main goals were to assess the reproductive habitats, dispersal abilities, dispersal habitats and landscape effects on gene flow of five insect species inhabiting an agricultural landscape in the Oberaargau region on the Swiss plateau.

In chapter 1, I analysed dispersal ability and dispersal habitats of the threatened damselfly *Coenagrion mercuriale*, which inhabits streams and ditches flowing through agricultural land. With a mark-resight study, I detected frequently occurring dispersal over short distances ( $\leq 500$  m). This short-distance dispersal was restricted to streams, i.e. the reproductive habitat of *C. mercuriale*. In a landscape genetic analysis, I also detected long-distance dispersal showing that populations were functionally connected by individuals moving over larger distances. While short-distance dispersal was confined to streams, this long-distance dispersal seemed to be more directed and seemingly followed more or less straight lines across agricultural land.

Functional connectivity of populations of *C. mercuriale* as well as the effects of several landscape elements on gene flow were further analysed in chapter 2, where I applied spatial genetic clustering methods combined with interpolation by kriging and landscape genetic corridor analysis (= transect analysis). The analysed populations were divided into a northern and a southern genetic cluster, separated by a hill ridge intersecting the study area. Similarly, landscape corridor analysis identified elevation change, but also Euclidian distance, patches of forest and flowing water bodies as barriers to gene flow. Only open agricultural land seemed to enhance dispersal in *C. mercuriale*. This again

---

showed that dispersal was not restricted to the reproductive habitat of *C. mercuriale* and that populations separated by open agricultural land were well connected.

To analyse how landscape elements affect dispersal and gene flow in another specialised insect species, I developed ten polymorphic microsatellite markers for the wetland grasshopper *Stethophyma grossum*, using the 454 next generation sequencing technology (chapter 3). These newly developed markers were then applied to identify dispersal habitats of *S. grossum* and to assess the effects of population network topology and spatial scale (geographical distance thresholds) on landscape genetic analysis in chapter 4. Both spatial scale and population network topology proved to be important factors in landscape genetic analysis and all three approaches applied (i.e. isolation by distance patterns, population network topology, least-cost transect analysis) identified a scale threshold of 3-4 km, up to which landscape composition and configuration greatly influenced dispersal and gene flow. For dispersal among neighbouring populations (defined by a Gabriel graph) that were within its maximum dispersal distance (0-3 km), *S. grossum* preferred its reproductive habitat as dispersal habitat. In contrast, no clear most likely dispersal habitat could be identified when population network topology and spatial scale were not considered.

In chapter 5, I studied the effects of the intensively managed agricultural landscape of the study area on functional connectivity in three common grasshopper species with different levels of habitat specialisation: *Chorthippus albomarginatus*, *C. biguttulus* and *Gomphocerippus rufus*. With habitat suitability analysis and several landscape genetic methods, I assessed genetic structure of populations, suitable habitats and dispersal habitats. For all three study species, there was no population genetic structure (STRUCTURE analysis) detectable, indicating functional habitat connectivity and frequent gene flow across the whole study area. Furthermore, habitat suitability analysis detected a wide range of suitable habitats for *C. albomarginatus* and *C. biguttulus*, but a more distinct and less widespread habitat for the more specialised and less mobile grasshopper *G. rufus*. Preferred dispersal habitats could not be identified for both *C. albomarginatus* and *C. biguttulus*, but *G. rufus* most likely dispersed through forests or along forest edges. Hence, none of the three grasshoppers seemed to use its reproductive habitat as preferred dispersal habitat and potentially dispersed through several landscape elements. Thus, the fragmented agricultural landscape only exerted a minor effect on the functional connectivity of populations of these common grasshopper species. However, minor effects were more pronounced in the more specialised and less mobile species *G. rufus*.

In conclusion, this thesis presented several approaches to assess landscape effects on dispersal and gene flow in agricultural insects. Moreover, it detected various aspects of insect dispersal in intensively managed fragmented agricultural landscapes, which should be considered in future studies. The analyses of five insect species showed that landscape effects on dispersal and gene flow mainly depend on species-specific dispersal ability, reproductive habitat specialisation and spatial population configuration. The latter phenomenon has, however, hardly been used in landscape genetic studies. Furthermore, I found that populations of all analysed species were functionally connected, even in the fragmented landscape of the study area. The species were well able to cross intensively managed open agricultural land and dispersal was not restricted to their reproductive habitats. For both specialised study species (i.e. *C. mercuriale* and *S. grossum*), dispersal habitats changed at different thresholds of spatial scale. Moreover, the consideration of population network topology as applied in the analysis of *S. grossum* (i.e. restricting the dataset to neighbouring populations within maximum dispersal distance) further improved results. For future landscape genetic analyses, these studies suggest a more thorough consideration of spatial scale, by differentiating between short- and long-distance dispersal, as well as by incorporating population network topology. All these findings, i.e. the identification of species-specific reproductive habitats, dispersal habitats, dispersal ability and the detection of landscape elements hindering or facilitating gene flow, will help planning future connectivity measures for the study species and can also give general guidelines for the conservation of insects in fragmented agricultural landscapes.

Die Erhaltung der Biodiversität und die Förderung der Vernetzung sind zwei wichtige Ziele der aktuellen Naturschutzstrategien auf Landwirtschaftsland. Viele europäische Länder haben daher Massnahmen eingeführt, um die Biodiversität und die Vernetzung in der Landwirtschaft zu fördern. Die zu erwartenden positiven Auswirkungen dieser Massnahmen auf die Biodiversität konnten aber nicht durchwegs bestätigt werden, und für viele Arten im Landwirtschaftsgebiet bleibt es daher ungewiss, ob ihre Populationen funktionell vernetzt sind. Da Ausbreitung und Genfluss die funktionelle Vernetzung erhalten, sollten Vernetzungsmassnahmen auf Kenntnissen des artspezifischen Ausbreitungspotentials, des Ausbreitungshabitats und des Einflusses unterschiedlicher Landschaftselemente, welche den Genfluss fördern oder behindern können, basieren. Für viele Arten, vor allem für viele Insekten, fehlen diese Informationen allerdings bis heute. Mit dieser Arbeit wollte ich die Kenntnisse über die Ausbreitung von Insekten erweitern, welche in intensiv genutzten, fragmentierten Landwirtschaftsgebieten vorkommen, in welchen verschiedene Vernetzungsmassnahmen umgesetzt wurden. Die Hauptziele dieser Arbeit waren die Bestimmung der Fortpflanzungshabitate, des Ausbreitungspotentials, der Ausbreitungshabitate sowie des Effekts der Landschaft auf den Genfluss von fünf Insektenarten, welche Landwirtschaftsgebiete der Region Oberaargau im Schweizer Mittelland besiedeln.

In Kapitel 1 untersuchte ich das Ausbreitungspotential und die Ausbreitungshabitate einer bedrohten Kleinlibelle *Coenagrion mercuriale*, welche Bäche und Gräben inmitten intensivem Landwirtschaftsgebiets besiedelt. Mittels einer Markierungsstudie konnte ich regelmässige Ausbreitungsereignisse über kurze Distanzen nachweisen ( $\leq 500$  m), welche ausschliesslich entlang von Bächen, dem Fortpflanzungshabitat von *C. mercuriale*, erfolgten. Mit einer landschaftsgenetischen Studie konnte ich zudem Ausbreitungen über lange Distanzen nachweisen. Die Ergebnisse zeigten, dass die Populationen funktionell vernetzt waren, da einzelne Individuen längere Distanzen zurücklegten. Während sich die Ausbreitung über kurze Distanzen ausschliesslich auf Bäche beschränkte, schien die Ausbreitung über längere Distanzen eher auf direktem Weg über Landwirtschaftsflächen zu erfolgen.

Weitere Untersuchungen zur funktionellen Vernetzung und dem Einfluss verschiedener Landschaftselemente auf den Genfluss von *C. mercuriale* wurden im zweiten Kapitel durchgeführt. Dafür verwendete ich räumliche Clustermethoden zusammen mit Kriging-

---

Interpolationen und eine landschaftsgenetische Korridoranalyse (= Transektanalyse). Die Clusteranalyse teilte die Populationen in ein nördliches und ein südliches genetisches Cluster ein, abgegrenzt durch einen Hügelzug. Ebenso zeigte die Korridoranalyse, dass Höhenunterschiede, aber auch grosse geographische Distanzen zwischen den Populationen, Waldgebiete und Fliessgewässer als Ausbreitungsbarrieren für *C. mercuriale* wirkten. Einzig offene Landwirtschaftsflächen schienen die Ausbreitung zu fördern. Die Ergebnisse zeigten, dass sich *C. mercuriale* nicht nur innerhalb ihres Fortpflanzungshabitat ausbreitete, sondern dass auch durch offenes Landwirtschaftsland voneinander getrennte Populationen gut vernetzt waren.

Um den Einfluss der Landschaftselemente auf den Genfluss einer weiteren spezialisierten Insektenart zu analysieren, entwickelte ich zehn polymorphe Mikrosatellitenmarker mit der 454 Next Generation Sequenzierungstechnologie für die Feuchtgebietsheuschrecke *Stethophyma grossum* (Kapitel 3). Diese Marker verwendete ich dann in Kapitel 4 um Ausbreitungshabitate von *S. grossum* zu ermitteln und um den Effekt der Netzwerktopologie der Populationen und des räumlichen Massstabes auf die landschaftsgenetische Analyse zu untersuchen. Der räumliche Massstab, sowie die Netzwerktopologie der Populationen waren wichtige Faktoren für die landschaftsgenetische Analyse, and alle drei verwendeten Ansätze (“isolation by distance“, Netzwerktopologie der Populationen und “least-cost transect analysis“) ermittelten einen Grenzwert von 3-4 km, bis zu welchem die Landschaftszusammensetzung einen messbaren Einfluss auf die Ausbreitung und den Genfluss hatte. Für Ausbreitungsdistanzen zwischen nächst benachbarten Populationen innerhalb der maximalen Ausbreitungsdistanz von *S. grossum* bevorzugte diese Heuschrecke ihr Fortpflanzungshabitat als Ausbreitungshabitat. Hingegen konnte kein bestimmtes Ausbreitungshabitat nachgewiesen werden, wenn der räumliche Massstab und die Netzwerktopologie der Populationen nicht berücksichtigt wurden.

In Kapitel 5 untersuchte ich den Effekt des intensiv genutzten Agrarlands des Studiengebiets auf die funktionelle Vernetzung von drei häufigen Heuschreckenarten mit unterschiedlichen Lebensraumansprüchen: *Chorthippus albomarginatus*, *C. biguttulus* und *Gomphocerippus rufus*. Mit einer Habitatseignungsanalyse und verschiedenen landschaftsgenetischen Methoden ermittelte ich die genetische Struktur der Populationen, sowie geeignete Fortpflanzungs- und Ausbreitungshabitate. Für alle drei untersuchten Arten konnte keine Populationsstruktur (STRUCTURE Analyse) nachgewiesen werden, was auf eine gute funktionelle Vernetzung und häufigen Genfluss über das gesamte Studiengebiet hinweist. Ausserdem zeigte die Habitatseignungsanalyse, dass sich ein

grosser Teil des Untersuchungsgebiets als Fortpflanzungshabitat für *C. albomarginatus* und *C. biguttulus* eignete. Das geeignete Fortpflanzungshabitat der anspruchsvolleren und weniger mobilen Art, *G. rufus* war hingegen stärker abgegrenzt und weniger weit verbreitet. Ein bevorzugtes Ausbreitungshabitat konnte weder für *C. albomarginatus* noch für *C. biguttulus* klar identifiziert werden. *G. rufus* hingegen breitete sich sehr wahrscheinlich innerhalb von Wäldern oder entlang von Waldrändern aus. Demzufolge nutzt keine der drei Heuschrecken ihr Fortpflanzungshabitat als bevorzugtes Ausbreitungshabitat und breitet sich vermutlich innerhalb verschiedenster Landschaftselemente aus. Somit hatte die fragmentierte Agrarlandschaft insgesamt nur einen geringfügigen Effekt auf die funktionelle Vernetzung der Populationen dieser drei häufigen Heuschreckenarten. Für die Populationen der anspruchsvolleren und weniger mobilen Art *G. rufus* waren die grössten Auswirkungen messbar.

Zusammengefasst zeigt meine Arbeit verschiedene methodische Ansätze, um den Einfluss der Landschaft auf die Ausbreitung und den Genfluss von Insekten im Landwirtschaftsland zu erfassen. Mit Hilfe dieser Methoden habe ich mehrere Aspekte zur Ausbreitung von Insekten in intensiv genutzten und fragmentierten Landwirtschaftsgebieten ermittelt, welche in zukünftigen Studien berücksichtigt werden sollten. Die Untersuchungen von fünf Insektenarten zeigten, dass die Effekte der Landschaft auf die Ausbreitung und den Genfluss hauptsächlich vom artspezifischen Ausbreitungspotential, den Lebensraumansprüchen und der räumlichen Anordnung der Populationen abhängen. Der letzte Aspekt wurde bis jetzt wenig in landschaftsgenetischen Studien berücksichtigt. Ausserdem konnte ich feststellen, dass die Populationen aller untersuchter Arten sogar in einem fragmentierten Landwirtschaftsgebiet funktionell vernetzt waren. Die Arten konnten intensiv genutztes, offenes Agrarland überqueren, und ihre Ausbreitung war nicht auf die entsprechenden Fortpflanzungshabitate beschränkt. Das bevorzugte Ausbreitungshabitat der beiden spezialisierten Arten (*C. mercuriale* und *S. grossum*) unterschied sich für verschiedene Distanzen. Zudem verbesserte die Berücksichtigung der Netzwerktopologie der Populationen (durch Reduktion des Datensatzes auf benachbarte Populationen innerhalb der maximalen Ausbreitungsdistanz) die Resultate deutlich. Somit sollten der räumliche Massstab, indem zwischen Ausbreitung über kurze und über lange Distanzen unterschieden wird, sowie die räumliche Anordnung der Populationen in zukünftigen landschaftsgenetischen Studien besser berücksichtigt werden. Alle Erkenntnisse dieser Arbeit (die Ermittlung der artspezifischen Fortpflanzungshabitate, der Ausbreitungshabitate, des Ausbreitungspotentials sowie der ausbreitungsbehindernden oder -fördernden Landschaftselemente) helfen bei der Planung zukünftiger



---

Vernetzungsmassnahmen für die untersuchten Arten und tragen auch zu allgemein formulierten Schutzrichtlinien für Insekten in fragmentierten Landwirtschaftsgebieten bei.