© Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und Partner; download www.do-g.de; www.zobodat.at

Vogelwarte 51, 2013: 179 – 184
© DO-G, IfV, MPG 2013

Zeitlicher Vergleich der genetischen Struktur von Arealrandpopulationen beim expansiven Orpheusspötter *Hippolais polyglotta*

Jan O. Engler, David Roderus, Ortwin Elle, Jean Secondi, Axel Hochkirch

Engler JO, Roderus D, Elle O, Secondi J & Hochkirch A 2013: Temporal comparison of the genetic structure in newly founded populations along the expansive range edge of the Melodious Warbler (*Hippolais polyglotta*) in Southwest Germany. Vogelwarte 51: 179-184.

Investigating the extrinsic and intrinsic factors that shape species distributions is one of the central goals of biogeography. For expansive range edges in particular, the extrinsic drivers such as climate of biotic interactions are well mentioned in the literature. However, studies investigating range expansion from an intrinsic perspective on an individual basis or on a basis of populations are quite scarce. However, especially this component becomes very important, as the colonization process is a necessary prerequisite for range expansion and takes place on the individual level. Here, we investigated the population genetic structure of three recently founded populations of the Melodious Warbler (*Hippolais polyglotta*) along its expansive range edge in southwestern Germany. The populations were founded between the early 1980s and the late 1990s, thus having a different age. We genotyped each of the three populations in 2001 and again in 2008 at six microsatellites. We found a generally homogeneous genetic diversity between the populations. The genetic differentiation between the populations was low but present in 2001 but completely absent in 2008. Consequently, single populations differ in their genetic setup between the seven years. As a highly mobile species, the Melodious warbler might be able to rapidly exchange between populations, even covering longer distances. We conclude that long distance dispersal might play a central role in the foundation of new populations in the cause of range expansion in this species. Once a population has been successfully established regional gene-flow but also ongoing long distance dispersal might homogenize the genetic setup rather quickly within just a few generations. This consequently enables this species to keep track of changes in its range (e.g. as a consequence of climatic changes) without losing its genetic setup.

✉ JOE, DR, OE & AH: Universität Trier, Abteilung Biogeographie, Universitätsring 15, 54296 Trier
JOE: Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig, Adenauerallee 160, 53113 Bonn
E-Mail: j.engler.zfmk@uni-bonn.de
JS: GECCO, Universität Angers, F-49045 Angers, Frankreich

1. Einleitung

Die Erforschung der Entstehung und Dynamik von Arealen ist eines der zentralen Ziele der Biogeographie (Müller 1980; Gaston 2003). Speziell die Frage nach den extrinsischen und intrinsischen Faktoren, die Artareale limitieren, interessiert Wissenschaftler seit weit mehr als hundert Jahren (Merriam 1894). Generell sind die exogen wirkenden Faktoren auf Arealgrenzen, wie etwa das Klima oder biotische Interaktionen, gut bekannt (s. Gaston 2003 für einen Überblick). Jedoch sind die intrinsischen Faktoren bei der Ausprägung von Arealgrenzen, die sich auf Populations- oder Individuenebene abspielen, nur unzureichend erforscht und hochgradig artspezifisch (Gaston 2003; Angert et al. 2011). Vor allem bei Arealexpansionen spielt das einzelne Individuum jedoch eine tragende Rolle, da es maßgeblich zur genetischen Struktur am Arealrand beiträgt (z.B. Freeland 2005; Ray & Excoffier 2010). Zwei grundlegend gegensätzliche Szenarien für eine Besiedlung entlang eines expansiven Arealrandes sind denkbar: (1) Schrittweise Besiedlung vom Arealrand aus oder (2) Besiedlungen von weiter entfernten Populationen ausgehend durch Langstreckendispersal. Ebenso wären intermediäre Prozesse oder eine Kombination dieser beiden Extreme denkbar.

Die breite Anwendung von genetischen Methoden in der Ökologie hat in den vergangenen Jahrzehnten zu einer Vielzahl neuer Erkenntnisse geführt. Mithilfe hoch variabler Genabschnitte (z.B. Mikrosatelliten) lassen sich Populationen sehr gut genetisch charakterisieren. Neben der räumlichen Differenzierung sind auch zeitliche Veränderungen von Populationsstrukturen ein wichtiges, aber deutlich seltender untersuchtes Merkmal. Im Falle, dass eine Besiedlung von wenigen arealrandnahen Populationen ausgeht, würden bestimmte Genotypen immer wieder am Besiedlungsprozess teilnehmen. Hierdurch kann es zu sogenanntem *Mutationssurfen* kommen, bei dem durch zielgerichtete Expansion über vergleichsweise kurze Distanzen bestimmte Genotypen Dominanz entlang der Expansionsfront erreichen (Edmonds et al. 2004;

© Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und Partner; download www.do-g.de; www.zobodat.at

Klopfstein et al. 2006). Eine Veränderung der genetischen Differenzierung von Populationen zwischen zwei Untersuchungszeiträumen wäre dann eher unwahrscheinlich. Wenn Besiedlungen jedoch aus ferner gelegenen Regionen stattfänden, so wären kurzfristige lokale Gründereffekte zu erwarten (z.B. Hanson et al. 2000). Junge Populationen würden sich erst mit zunehmenden Alter (und damit einhergehendem wachsenden Genfluss) benachbarten Arealrandpopulationen genetisch annähern.

In der vorliegenden Studie untersuchten wir drei rezent gegründete Populationen des sich nach Nordosten hin ausbreitenden Orpheusspötters (*Hippolais polyglotta*). Diese Populationen besitzen ein unterschiedliches Alter und befinden sich im Saarland und Rheinland-Pfalz, entlang der Hauptexpansionsroute, wo die höchsten Bestandszahlen hierzulande zu finden sind. Die älteste dieser Populationen wurde ca. Anfang der 1980er Jahre gegründet, die jüngste ca. Ende der 1990er Jahre. Mithilfe von Mikrosatelliten-Analysen aus den Jahren 2001 und 2008 wurden genetische Veränderungen innerhalb dieser Populationen untersucht. Bedingt durch die hohe Mobilität der Art nahmen wir an, dass die Arealexpansion zu einem gewissen Grad durch Langstreckendispersal gesteuert wird. In diesem Fall sollte die jüngste Population die höchste genetische Veränderung zwischen den beiden Untersuchungsjahren aufweisen. Entsprechend gingen wir davon aus, dass die Populationen im Jahr 2008 im Vergleich zu 2001 einander ähnlicher geworden sind.

2. Datenerhebung

2.1 Untersuchungsart

Der Orpheusspötter (*Hippolais polyglotta*, Viellot 1817) ist ein Langstreckenzieher aus der Familie der Zweigsänger (Acrocephalidae). Er besitzt ein atlanto-mediterranes Brutareal und überwintert in Westafrika zumeist in Feuchtsavannen (Glutz von Blotzheim & Bauer 1991). Seit Mitte der 1930er Jahre ist eine Expansion des Brutareals in nordwestlicher Richtung dokumentiert (Jouard 1935; Yeatman 1976; Yeatman-Bertelot & Jarry 1994). Erste Brutnachweise der Art in Deutschland gelangen 1983 in Weil am Rhein (Baden-Württemberg) und 1984 im Saarland bei Schwemmlingen; jedoch deutete der hohe Bestand von 60 BP bei einer intensiven Nachsuche im Saarland 1985 darauf hin, dass es bereits seit einiger Zeit eine unentdeckte Population im Saarland gab (Glutz von Blotzheim & Bauer 1991; Hayo & Zannini 1986). Im darauffolgenden Jahr wurde der erste Nachweis im Raum Trier erbracht (Heyne 1987). Über die folgenden 15 Jahre wuchsen die bekannten Bestände stetig und weitere Populationen entstanden weiter nördlich und östlich, so im Raum Wittlich, Aachen und Bingen (jeweils ca. Mitte der 90er Jahre), im Raum Mayen-Koblenz und Bonn (ca. 2001) und unstet an einigen weiteren Standorten in Hessen, Nordrhein-Westfalen und Baden-Württemberg. Der heutige bundesweite Brutbestand kann auf etwa 500 bis 1.000 BP beziffert werden (J. O. Engler eigene Daten; vgl. BirdLife International 2013).

2.2 Studiengebiet

Für diese Studie wurden drei Populationen im Raum Saarlouis, Trier und Bingen ausgewählt, die zu unterschiedlichen Zeitpunkten besiedelt wurden und somit ein unterschiedliches Alter aufweisen. Diejenige bei Saarlouis ist die älteste der drei Populationen und wurde wahrscheinlich Anfang der 1980er Jahre gegründet (Hayo & Zannini 1986). Die Population im Raum Trier entstand 1986. Sie zeigte einen deutlichen Anstieg der Populationsdichte in den darauf folgenden Jahren (Heyne 1987, 2000). Die jüngste untersuchte Population ist jene im Raum Bingen bei Mainz, welche erst Ende der 1990er Jahre entstanden sein dürfte. Die Bruthabitate des Orpheusspötters im Untersuchungsraum sind vor allem wärmeexponierte Brachestandorte (Elle et al. 2009). Zumeist handelt es sich um offengelassene Weinberge mit mehrjähriger Brachevegetation, die vorwiegend aus hohen Dominanzbeständen der Brombeere (*Rubus fructicosus agg.*) bestehen. Jedoch werden auch Kiesgruben und Gewerbebrachen besiedelt, welche anstelle der Brombeere auch Dominanzbestände von Besenginster (*Cytisus scoparius*) oder anderen Gebüschen aufweisen können.

2.3 Probenahme & DNA-Extraktion

Die drei Populationen wurden im Jahr 2001 und 2008 beprobt. Die Vögel wurden mittels Japannetzen und Gesangsattrappen im Zeitraum zwischen Anfang Mai und Ende Juni gefangen. Wenige Mikroliter Blut wurden durch Punktion der Flügelvene (*Vena ularis*) gewonnen und in ein Gefäß mit 500µl Pufferlösung (0.15 mM NaCl, 0.05 mM Tris, 0.001 mM EDTA, pH = 8.0) gegeben. Bis zur DNA-Extraktion wurden die Proben bei -20°C gelagert. Im Jahr 2001 wurden 56 Proben aus den drei Populationen gesammelt (Trier = 20, Bingen = 22, Saarlouis = 15), 2008 wurden abermals 56 Proben genommen (Trier = 35, Bingen = 8, Saarlouis = 13). Die DNA-Extraktion wurde mit dem High Pure PCR Template Preparation Kit (Roche) durchgeführt und erfolgte gemäß der Arbeitsanweisung des Herstellers. Die Untersuchungen erfolgten auf der Basis der artenschutzrechtlichen Erlaubnis 425-108..0703 der SDG Nord in Rheinland-Pfalz vom 17.03.2008 sowie des saarländischen Umweltministeriums D/1-624/08 Dr.Ir/Schm vom 10.03.2008 und der entsprechenden tierschutzrechtlichen Anzeigen der Blutabnahme.

2.4 Genotypisierung

Sechs Mikrosatelliten-Loci (*ASE9, ASE19, ASE34, ASE37, ASE46, ASE56*) wurden zur Genotypisierung der Populationen genutzt (Tabelle 1). Diese wurden ursprünglich für den Seychellenrohrsänger (*Acrocephalus seychellensis*) entwickelt, eignen sich jedoch für eine Vielzahl anderer Vogelarten (Richardson et al. 2000). Die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) wurde mit dem Qiagen Multiplex PCR Kit durchgeführt. Die PCR erfolgte auf mit einem initialen Aktivierungsschritt bei 95°C für 15 Min. gefolgt von 37 Zyklen (30 Sek. Denaturierung bei 94°C, 90 Sek. Annealing bei der primerspezifischen Annealing-Temperatur von 54-60°C (Tabelle 1); 60 Sek. Elongation bei 72°C). Im Anschluss fand eine abschließende Phase von 30 Min. bei 60°C statt. Die Genotypisierung wurde auf einem MegaBACE 1000 Sequenzierer (GE-Healthcare) durchgeführt und die resultierenden Fragmentlängen mit dem Programm FragmentProfiler (Amersham Biosciences) bestimmt.

© Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und Partner; download www.do-g.de; www.zobodat.at

Tab. 1: Genutzte Mikrosatelliten-Loci für die genetische Charakterisierung der drei Arealrandpopulationen des Orpheusspötters. Ta ist die Annealing Temperatur für das PCR Protokoll. – *Microsatellite loci used for the genetic characterization of three populations of the Melodious Warbler founded at the range edge. Ta is the annealing temperature during the PCR.*

Locus	Ta °C	Produktgröße (bp)	Farblabel
ASE9	60	119-159	FAM
ASE19	60	163-183	FAM
ASE34	54	204-226	HEX
ASE37	58	236-238	FAM
ASE46	58	240-244	HEX
ASE56	54	286-318	FAM

2.5 Auswertung

Die (effektive) Anzahl von Allelen (N_a und N_e) sowie die erwartete (H_E) und beobachtete Heterozygotie (H_O) wurden im Programm GenAlEx v.6.4 für Microsoft Excel 2007 (Peakall & Smouse 2006) berechnet. Der Allelreichtum (AR), der auf unterschiedliche Stichprobengrößen korrigiert, wurde mit der Software Fstat (Goudet 2001) berechnet. Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen sowie zwischen den Zeitabschnitten wurde mit Hilfe einer AMOVA (Analysis of MOlecular VAriance) in GenAlEx durchgeführt. Dabei wurde die Signifikanz mittels 999 Permutationen ermittelt. Zudem nutzten wir das Programm Structure (Prichard et al. 2000; Falush et al. 2003), um festzustellen, ob eine räumliche oder zeitliche Strukturierung des Datensatzes vorhanden war. Hierfür verwendeten wir ein Burn-in von 100.000 und eine Markov-Kette von 100.000.000. Da wir v. a. auf die zeitliche Komponente hin testen wollten, setzten wir die initiale Gruppengröße auf K = 2.

3. Ergebnisse

Die genetische Diversität innerhalb der Populationen war sowohl in der absoluten Zahl der Allele (Na) als auch in der Zahl der effektiven Allele (Ne) in beiden Jahren in Trier am höchsten (Tabelle 2). Dies galt auch für die *allelic richness* (Abb. 1), die bei variabler Stichprobengröße ein geeigneteres Maß für den Vergleich der genetischen Vielfalt darstellt als *Na* oder *Ne*. Jedoch war kein signifikanter Unterschied in der genetischen Diversität zu den anderen Populationen bzw. zwischen beiden Untersuchungsjahren feststellbar (Abb. 1).

Die beobachtete (H_O) und erwartete Heterozygotie (H_E) unterschieden sich bei den meisten Populationen nicht signifikant (Tabelle 2, Abb. 2). Einzig Bingen und Saarlouis zeigten 2008 stärkere Abweichungen, was zu einem erhöhten Inzucht-Koeffizient (F_{IS}) führte.

Die AMOVA zeigte, dass nur 1,2% der genetischen Varianz durch die Untersuchungsjahre erklärt werden konnten. Zwischen den Populationen waren es sogar nur 0,46 %. Dieser Anteil war jedoch für beide Faktoren signifikant (F_{RT} = 0,012, p = 0,003; F_{ST} = 0,017, p = 0,001). Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen war im Jahr 2001 nur schwach (F_{ST} = 0,013 ± 0,006 Standardfehler [SF]). Im zweiten Untersuchungszeitraum (2008) wurde keinerlei Differenzierung zwi-

Tab. 2: Genetische Diversität der drei beprobten Arealrandpopulationen des Orpheusspötters in 2001 und 2008. Statistische Kennwerte sind Mittelwerte mit Standardfehler (SF). N_a = Anzahl von Allelen, N_e = effektive Anzahl der Allele, H_O = beobachtete Heterozygotie, H_E = erwartete Heterozygotie, F_{IS} = Inzuchtskoeffizient, AR = Allelic richness. – *Genetic diversity of the range edge populations of the Melodious Warbler sampled in 2001 and 2008 respectivtely. Values represent means and standard errors. N_a = number of alleles, N_e = effective number of alleles, H_O = observed heterozygosity, H_E = expected heterozygosity, F_{IS} = inbreeding coefficient, AR = Allelic richness.*

Jahr	Population	n		N_a	N_e	Ho	H_e	F_{is}	AR
2001	Bingen	22	Mittelwert	5.667	3.348	0.540	0.554	-0.001	4.552
			SF	1.745	1.030	0.099	0.106	0.096	2.515
	Saarlouis	15	Mittelwert	6.000	3.960	0.489	0.576	0.119	4.500
			SF	1.949	1.380	0.123	0.112	0.136	2.566
	Trier	20	Mittelwert	6.167	4.096	0.486	0.524	0.021	4.812
			SF	2.056	1.598	0.114	0.133	0.083	2.952
2008	Bingen	8	Mittelwert	4.500	3.052	0.438	0.551	0.247	4.535
			SF	1.147	0.764	0.095	0.103	0.168	2.991
	Saarlouis	13	Mittelwert	5.167	3.947	0.397	0.532	0.190	4.743
			SF	1.600	1.303	0.115	0.142	0.115	3.008
	Trier	35	Mittelwert	7.667	4.571	0.537	0.569	-0.013	5.070
			SF	2.486	1.649	0.096	0.128	0.080	3.104

© Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und Partner; download www.do-g.de; www.zobodat.at

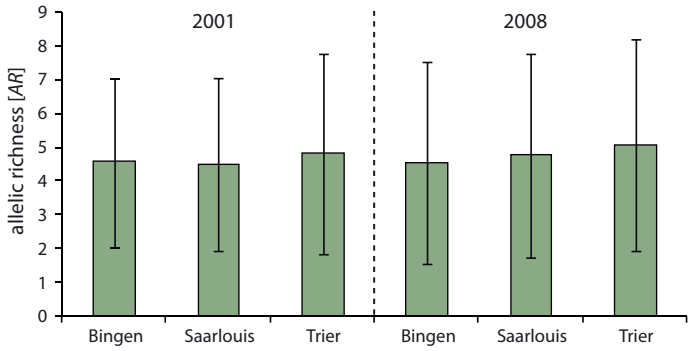

Abb. 1: Mittlere Allelic Richness (AR) mit Standardfehlerbalken für die drei Arealrandpopulationen 2001 und 2008. – *Average allelic richness (with standard errors) of three range edge populations in 2001 and 2008 respectively.*

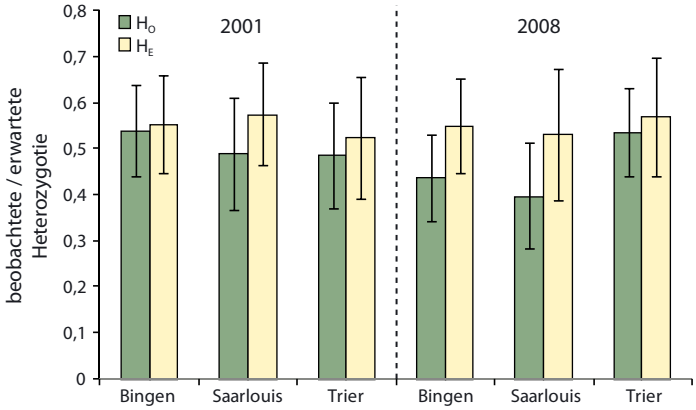

Abb. 2: Mittlere beobachtete (H_O, grün) und erwartete (H_E, gelb) Heterozygotie der drei untersuchten Arealrandpopulationen des Orpheusspötters von 2001 und 2008 (Fehlerbalken sind Standardfehler). – *Average observed (H_O, green) and expected (H_E, yellow) heterozygosity of the three range edge populations of the Melodious Warbler sampled 2001 and 2008 respectively.*

schen den Populationen festgestellt (F_{ST} < 0,0001). Zwischen den beiden Untersuchungsjahren war die Differenzierung in Saarlouis am höchsten (F_{ST} = 0,024, p = 0,028) und in Trier am geringsten (F_{ST} = 0,005, p = 0,2). Die Differenzierung der jüngsten Population Bingen lag intermediär zwischen den übrigen beiden (F_{ST} = 0,009, p = 0,2). Die zusätzlich durchgeführte „Structure"-Analyse zeigte keinerlei räumliche oder zeitliche Gruppierungen der Individuen.

4. Diskussion

Populationsgenetische Studien in stabilen Populationen, die sowohl eine räumliche als auch eine zeitliche Komponente untersuchten, zeigten oftmals eine starke räumliche Differenzierung, die jedoch über die Zeit hinweg stabil war (z.B. Lundy et al. 2000; Heath et al. 2002; Ostergaard et al. 2003; Nussey et al. 2005; Habel et al. 2011). Zeitliche Änderungen der populationsgenetischen Struktur treten jedoch häufig dann auf, wenn Populationen beispielsweise durch Aussterbe-Wiederbesiedlungs-Ereignisse oder durch invasive Mehrfachbesiedlungen dynamisch in ihrer Entwicklung sind (z.B. Huber et al. 2002; Ostergaard et al. 2003; Fonseca et al. 2010; Shama et al. 2011).

Unsere Ergebnisse zeigen, dass in einer früheren Phase der Arealexpansion des Orpheusspötters in Südwestdeutschland eine gewisse genetische Strukturierung vorhanden war. Diese erlosch jedoch vollends nach nur sieben Jahren. Zwar war die genetische Strukturierung 2001 nur gering. Der signifikante F_{ST}-Wert von 0.02 zwischen den Standorten Bingen und Saarlouis 2001 ist jedoch vergleichbar mit den Maximalwerten, die in einer arealweiten Untersuchung mit zusätzlichen Mikrosatelliten durchgeführt wurde (Engler *et al.* unpubl.). In diesem Kontext scheint die hohe Mobilität der Art für eine generell niedrige genetische Differenzierung zu sorgen, wie es auch bei anderen ziehenden Singvögeln nachgewiesen werden konnte (z.B. Lovette et al. 1998; Hellegren et al. 2008; Procházka et al. 2011). Als jüngste Population in dieser Untersuchung könnte die hohe Differenzierung in Bingen zu der älteren Population in Saarlouis auf einen Gründereffekt durch Langstreckendispersal hinweisen. Die rasche genetische Homogenisierung binnen sieben Jahren könnte jedoch sowohl durch regionalen Genfluss, als auch durch vermehrte Zuwanderung aus weiter entfernt liegenden Populationen erfolgen. Bei einem durchschnittlichen Alter von vier bis sechs Jahren benötigte der Orpheusspötter gerade einmal zwei

© Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und Partner; download www.do-g.de; www.zobodat.at

Generationen, um Gründereffekte komplett verschwinden zu lassen.

Die Rolle von Langstreckendispersal über die reine Gründungsphase einer neuen Population hinaus könnte sich durch die starke Differenzierung in Saarlouis zeigen (Saarlouis 2001 vs. 2008: $F_{ST} = 0.024$, $p = 0.028$), welche ebenfalls vergleichbar zu den höchsten gemessenen Differenzierungen auf Arealebene ist (2001, Saarlouis vs. Madrid: $F_{ST\,max} = 0.026$, $p < 0.05$, Engler *et al.* unpubl.). Dies könnte darauf hindeuten, dass auch nach Jahrzehnten der erfolgreichen Etablierung noch Zuwanderung aus weiter entfernten Regionen an den Arealrand stattfindet.

In diesem Kontext wäre eine stetige Kolonisierung vieler Individuen von vielen unterschiedlichen Quellpopulationen eher denkbar (sog. *migrant-pool model*, Slatkin 1977) als eine Besiedlung von nur wenigen Individuen aus vereinzelten Quellpopulationen (sog. *propagule-pool model*, Slatkin 1977). Bei letzterem Modell wäre folglich eine höhere Populationsdifferenzierung wesentlich wahrscheinlicher.

Zusammenfassend lässt sich der intrinsische Aspekt des Expansionsprozesses beim Orpheusspötter weitgehend mit der hohen Mobilität der Art erklären. Die Gründung und Etablierung neuer Populationen entlang des expansiven Arealrandes findet sehr wahrscheinlich aus vielen Bereichen des Areals statt. Eventuell auftretende Negativeffekte, wie die Verringerung der genetischen Diversität durch genetische Flaschenhälse sollten beim Orpheusspötter kein Problem darstellen. Die Art scheint somit in der Lage zu sein, in kurzer Zeit ihre gesamte genetische Variabilität mit an den expansiven Arealrand zu bringen. Dieser Umstand könnte für den Orpheusspötter von Vorteil sein, da die Wahrscheinlichkeit steigt, dass geeignete Genotypen den Arealrand erreichen, die auch an Umweltschwankungen (wie den Klimawandel) angepasst sind.

Dank. Wir danken Jane Jönsson für die Verschiffung der Proben aus dem Jahr 2001. Deborah A. Dawson und Joachim Kosuch halfen bei der Auswahl der Mikrosatelliten. Weiterer Dank gebührt Sönke Twietmeyer und Hilger Lemke für die maßgebliche Durchführung der Feldarbeit. Kathrin Witzenberger, Ulrich Schulte, Petra Willems und Karin Fischer waren stets bei Fragen und Problemen im Labor zur Stelle, für die wir uns ebenfalls bedanken. Wolfgang Fiedler und Ulrich Köppen danken wir für die Durchsicht des Manuskripts. Das Projekt wurde gefördert durch die Deutsche Ornithologen-Gesellschaft DO-G sowie durch die Schweizerische Gesellschaft für Vogelkunde und Vogelschutz – ALA und durch die Universität Trier. JOE wurde darüber hinaus durch das Stipendium Arten- und Biotopschutz des Ministeriums für Umwelt, Forsten und Verbraucherschutz, Rheinland-Pfalz gefördert.

Zusammenfassung

Die Erforschung von intrinsischen und extrinsischen Faktoren, die Artverbreitungen limitieren, ist eines der zentralen Ziele der Biogeographie. Speziell für expansive Arealränder sind die extrinsischen Faktoren wie Klima oder biotische Interaktion gut bekannt. Jedoch finden sich nur wenige Studien, welche die intrinsischen Aspekte beleuchten. In der vorliegenden Studie untersuchten wir die populationsgenetische Struktur dreier kürzlich etablierter Populationen des expansiven Orpheusspötters (*Hippolais polyglotta*) entlang seines Arealrandes in Südwestdeutschland. Die Populationen etablierten sich zwischen Anfang der 1980er Jahre bis Ende der 1990er Jahre. Wir genotypisierten Individuen dieser drei Populationen aus dem Jahr 2001 sowie 2008 mithilfe von sechs polymorphen Mikrosatelliten. Dabei fanden wir eine ähnlich hohe genetische Diversität zwischen den Populationen. Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen war 2001 bereits niedrig, verschwand dann aber vollständig bis zum Jahr 2008. Als hochmobile Art dürfte der Orpheusspötter in der Lage sein, für starken Genfluss zwischen den Populationen zu sorgen und dabei auch längere Distanzen zu überwinden. Daher gehen wir davon aus, dass die Besiedlung neuer Standorte stark durch Langstrecken-Dispersal gesteuert wird. Sobald eine Population erfolgreich etabliert ist könnte regionaler Genfluss einerseits, aber auch die andauernde Immigration von weiter entfernten Regionen andererseits die genetische Struktur in einer Region innerhalb von nur wenigen Generationen vereinheitlichen. Hierdurch wird erreicht, dass die Art auch entlang des expansiven Arealrandes ihre gesamte genetische Variation erhalten kann. Im Falle von klimatisch bedingten Arealveränderungen ist das Risiko eines Verlustes von genetischer Diversität somit deutlich reduziert.

Literatur

Angert AL, Crozier LG, Rissler LJ, Gilman SE, Tewksbury JJ & Chunco AJ 2011: Do species' traits predict recent shifts at expanding range edges? Ecol. Lett. 14: 677 – 689.

BirdLife International 2013: Species factsheet: *Hippolais polyglotta*. http://www.birdlife.org Zugriff am 19.06.2013.

Edmonds CA, Lillie AS & Cavalli-Sforza LL 2004: Mutations arising in the wave front of an expanding population. PNAS 101: 975 – 979.

Elle O, Twietmeyer S, Lemke H, Engler J & Roderus D 2009: Gibt es seine spezifisch periphere Arealdynamik? Konzeption und erste Ergebnisse einer Studie an südwestdeutschen Orpheusspöttern *Hippolais polyglotta*. Vogelwarte 47: 312 – 313.

Freeland J 2005: Molecular Ecology. Wiley, Essex, UK.

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.

Fonseca DM, Widdel AK, Hutchinson M, Spichiger SE & Kramer LD 2010: Fine-scale spatial and temporal population genetics of *Aedes japonicus*, a new US mosquito, reveal multiple introductions. Mol. Ecol. 10: 1559 – 1572.

Gaston KJ, 2003: The structure and dynamics of geographic ranges. Oxford University Press, Oxford, UK.

© Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und Partner; download www.do-g.de; www.zobodat.at

Glutz von Blotzheim UN & Bauer KM 1997: Handbuch der Vögel Mitteleuropas 14, Bd 12.1. Aula Verlag, Seiten 601 – 626.

Goudet J 2001: FSTAT: a program to estimate and test gene diversities and fixation indices, version 2.9.3. Verfügbar unter: http://www.unil.ch/izea/softwares/fstat.html.

Habel JC, Finger A, Schmitt T & Nève G 2011: Survival of the endangered butterfly *Lycaena helle* in a fragmented environment: Genetic analyses over 15 years. J. Zool. Syst. Evol. Res. 49: 25 – 31.

Hansson B, Bensch S, Hasselquist D, Lillandt BG, Wennerberg L & Von Schantz T 2000: Increase of genetic variation over time in a recently founded population of great reed warblers (*Acrocephalus arundinaceus*) revealed by microsatellites and DNA fingerprinting. Mol. Ecol. 9: 1529 – 1538.

Hayo L & Zannini G 1986: Orpheusspötter, *Hippolais polyglotta*, im Saarland. J. Ornithol. 127: 244.

Heath DD, Busch C, Kelly J & Atagi DY 2002: Temporal change in genetic structure and effective population size in steelhead trout (*Oncorhynchus mykiss*). Mol. Ecol. 11: 197 – 214.

Hellegren O, Bensch S, Hobson KA & Lindström Å 2008: Population structure and migratory directions of Scandinavian bluethroats *Luscinia svecica* – a molecular, morphological and stable isotope analysis. Ecography 31: 95 – 103.

Heyne KH 1987: Der Orpheusspötter *Hippolais polyglotta* als Brutvogel in Rheinland-Pfalz. Dendrocopos 14: 38 – 43.

Heyne KH 2000: Zur Situation des Orpheusspötters *Hippolais polyglotta* in der Region Trier und Hinweise zur Bestimmung. Dendrocopos 27: 8 – 13.

Huber K, Mousson I, Rodhain F & Failloux AB 2001: Isolation and variability of polymorphic microsatellite loci in *Aedes aegypti*, the vector of dengue viruses. Mol. Ecol. Notes 1: 219 – 222.

Jouard H 1935: Sur la distribution en France des deux espèces d'hypolaïs, et sur quelques-uns des caractères propres à les faire distinguer surement. Alauda 7: 85 – 99.

Klopfstein S, Currat M & Excoffier L 2006: The fate of mutations surfing on the wave of a range expansion. Mol. Biol. Evol. 23: 482 – 490.

Lovette IJ, Bermingham E, Seutin G, Ricklefs RE 1998: Evolutionary differentiation in three endemic West Indian warblers. Auk 115: 890 – 903.

Lundy CJ, Rico C & Hewitt GM 2000: Temporal and spatial genetic variation in spawning grounds of European hake (*Merluccius merluccius*) in the Bay of Biscay. Mol. Ecol. 9: 2067 – 2079.

Merriam CH, 1894: Laws on temperature control of the geographic distribution of terrestrial animals and plants. Nat. Geogr. 6: 229 – 238.

Müller P 1980: Biogeographie. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.

Nussey DH, Coltman DW, Coulson T, Kruuk LE, Donald A, Morris SJ, Clutton-Brock TH & Pemberton J 2005: Rapidly declining fine-scale spatial genetic structure in female red deer. Mol. Ecol. 14: 3395 – 3405.

Ostergaard S, Hansen MM, Loeschcke V & Nielsen EE 2003: Long-term temporal changes of genetic composition in brown trout (*Salmo trutta* L.) populations inhabiting an unstable environment. Mol. Ecol. 12: 3123 – 3135.

Peakall R & Smouse PE 2006: GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Mol. Ecol. Notes 6: 288 – 295.

Prichard JK, Stephens M & Donnelly P 2000: Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945 – 959.

Procházka P, Stokke BG, Jensen H, Fainová D, Bellinvia E, Fossøy F, Vikan JR, Bryja J & Soler M 2011: Low genetic differentiation among reed warbler *Acrocephalus scirpaceus* populations across Europe. J. Avian Biol. 42: 103 – 113.

Ray N & Excoffier L 2010: A first step towards inferring levels of long-distance dispersal during past expansions. Mol. Ecol. Res. 10: 902 – 914.

Richardson DS, Jury FL, Dawson DA, Salgueiro P, Komdeur J & Burke T 2000: Fifty Seychelles Warbler (*Acrocephalus seychellensis*) microsatellite loci polymorphic in Sylviidae species and their cross-species amplification in other passerine birds. Mol. Ecol. 9: 2226 – 2231.

Shama LNS, Kubow KB, Jokela J & Robinson CT 2011: Bottlenecks drive temporal and spatial genetic changes in alpine caddisfly metapopulations. BMC Evol. Biol. 11: 278.

Slatkin M 1977: Gene flow and genetic drift in a species subject to frequent local extinctions. Theor. Popul. Biol. 12: 253 – 262.

Yeatman L 1976: Atlas des oiseaux nicheurs de France. Société ornithologique de France, Paris.

Yeatman-Berthelot D & Jarry G 1994: Nouvel atlas des oiseaux nicheurs de France 1985-1989. Société ornithologique de France, Paris.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Vogelwarte - Zeitschrift für Vogelkunde

Jahr/Year: 2013

Band/Volume: 51_2013

Autor(en)/Author(s): Engler Jan O., Roderus David, Elle Ortwin, Hochkirch Axel

Artikel/Article: Zeitlicher Vergleich der genetischen Struktur von Arealrandpopulationen beim expansiven Orpheusspötter Hippolais polyglotta 179-184