

Themenbereich „Freie Themen“

• Vorträge

Schielzeth H, Valcu M & Kempenaers B (Seewiesen):

Sexuelle Selektion bei Graubrust-Strandläufern

Hocharktische Limikolen zeigen eine bemerkenswerte Diversität in ihren Paarungssystemen: Neben den polyandrischen Wassertretern gibt es monogame Strandläufer und Regenpfeifer bis hin zu Arten mit Arenenbalz wie Kampfäufer und Grasläufer. Der Graubrust-Strandläufer *Calidris melanotos* ist eine Art ohne echt Paarbindung, bei der Weibchen die Brutfürsorge alleine übernehmen und der Beitrag der Männchen lediglich in der Zugabe von Spermien besteht. Während der kurzen Brutzeit führt dies zu einer extremen Konkurrenz zwischen den Männchen um den Zugang zu Weibchen. Bei ganztägiger Helligkeit sind die Männchen rund um die Uhr am Balzen, wobei sie entlang ihrer Reviergrenzen in einem charakteristischen Balzflug patrouillieren und Revierkämpfe mit ihren Nachbarn

austragen. Weibchen verhalten sich überwiegend heimlich und werden – einmal entdeckt – in einer intensiven Bodenbalz von den Männchen umworben. Im deutlichen Gegensatz zur hohen Motivation der Männchen steht die extreme Zurückhaltung der Weibchen; Kopulationen sind ausgesprochen selten. Wir haben Graubrust-Strandläufer in der arktischen Tundra Alaskas untersucht, um herauszufinden, welche Rolle Partnerwahl der Weibchen in diesem System spielt und mit welchen Strategien sich Männchen in der innergeschlechtlichen Konkurrenz durchsetzen. Dies ermöglicht Einblicke in ein extremes, stark konkurrenzbetontes Fortpflanzungssystem.

Kontakt: H. Schielzeth, schielz@orn.mpg.de

Weiß M (Berlin):

Teilautomatisierte Erkennung von Strophentypen anhand des Gesangs der Nachtigall *Luscinia megarhynchos*

In den letzten Jahren wurden verschiedene Systeme zur automatischen Erkennung von Vogelgesang auf Artebene entwickelt. Darüber hinaus können solche Systeme aber auch zur Untersuchung innerartlicher Gesangsstrukturen eingesetzt werden. Hier wird ein Verfahren vorgestellt, das die halbautomatisierte Zuordnung gleicher Strophentypen im Nachtigallgesang ermöglicht. Nachtigallen haben ein sehr großes Strophentyperepertoire von etwa 200 verschiedenen Strophentypen pro Vogel, die in nächtlichen Gesängen in variabler Abfolge vorgetragen werden. Die Analyse langer Gesänge erlaubt Rückschlüsse auf die dem Strophenabruf zugrunde liegenden Mechanismen ebenso wie auf den funktionalen Einsatz des komplexen Repertoires. Bisher waren solche Analysen nur in begrenztem Maß anhand des visuellen Vergleichs von Sonagramm-Ausdrucken möglich. Die von mir entwickelte computerbasierte Methode beruht auf einer Ähnlichkeitsberechnung mittels einer Kreuzkorrelation, die von der Soundanalyse-Software Avisoft (R. Specht, Germany) bereitgestellt wird. Anschließend werden die Sonagramme der als ähnlich eingestuften Strophen bildlich dargestellt. Letztlich obliegt es dem menschlichen Betrachter, die Entscheidung über Stro-

phenidentitäten zu fällen. Zum gegenwärtigen Zeitpunkt werden etwa 90% der gesuchten Strophen mit dieser Methode erkannt.

Neben der bislang beschriebenen Zuordnung von Strophentypen erlaubt das Verfahren auch, die Auswirkungen von systematischen Veränderungen der für die Ähnlichkeitsberechnungen verwendeten Gesangsmuster zu untersuchen. Dies ermöglicht empirische Einsicht in die informationstragenden Strukturen verschiedener Strophenteile und Frequenzbänder, sowie die Auswirkungen von Filter- und Normalisierungsverfahren auf die Treffsicherheit der Methode (und damit die „Erkennbarkeit einer Strophe“). Dies erlaubt Schlussfolgerungen bezüglich der biologischen Funktionalität der verschiedenen Gesangsteile sowie mögliche Konsequenzen für die Kommunikation von Vögeln zum Beispiel in lauter Umgebung.

Abschließend wird die Möglichkeit diskutiert, dieses Verfahren durch flexible Gestaltung der zur Berechnung eingesetzten Muster auf Gesänge und Rufe anderer Vogelarten auszudehnen und somit in akustischen Bio-monitoring-Programmen einzusetzen.

Kontakt: Michael Weiß, miweiss1@freenet.de

Bauch C, Kreutzer S & Becker PH (Wilhelmshaven):

Steht der Cholesterinwert im Blut bei Flusseeeschwalben *Sterna hirundo* im Zusammenhang mit dem Alter, Geschlecht und individueller Qualität?

Die Untersuchung blutchemischer Parameter hat in der Ökologie zunehmend an Bedeutung gewonnen, da diese Auskunft über den physiologischen Zustand, die Körperkondition, Leistungsfähigkeit und Gesundheitszustand eines Individuums geben können (Brown 1996). Cholesterin, ein Metabolit des Fettstoffwechsels, wichtiger Bestandteil von Zellmembranen und Vorstufe von Steroidhormonen korreliert bei Mittelmeermöwen *Larus michahellis*, ehem. *L. cachinnans*, mit der Körpermasse, einem Maß für Körperkondition, (Alonso-Alvarez et al. 2002a) und der Größe der Gonaden (Alonso-Alvarez 2005).

Unser Ziel war, zu klären, ob ein Zusammenhang zwischen der Cholesterinkonzentration im Plasma und Kenngrößen individueller Qualität besteht, wie z. B. Legedatum, Gelegegröße, Bruterfolg und Alter. Bei langlebigen Seevögeln wie der Flusseeeschwalbe ist bekannt, dass Konditions- und Reproduktionsparameter interindividuell stark variieren, wohingegen die intraindividuelle Variabilität relativ gering ausfällt (Wendeln & Becker 1999).

In einer Brutkolonie der Flusseeeschwalbe in Wilhelmshaven werden seit 1992 die mit Transpondern markierten Individuen auf Sitzkisten am Koloniestandort sowie am Nest elektronisch automatisiert erfasst, was die jahrelange Aufzeichnung individueller Qualitätsparameter erlaubt (Becker et al. 2001). Unter der Anwendung einer minimal invasiven Methode der Blutentnahme mittels blutsaugender Raubwanzen *Dipetalogaster maximus* (Larvalstadium 3) konnten wir in großem Umfang Proben von Individuen in zwei aufeinanderfolgenden und in der Nahrungsverfügbarkeit unterschiedlichen Jahren gewinnen, z. T. mehrfach während der Inkubation (modifiziert nach Becker et al. 2006). In einem methodischen Vergleich der Blutprobenahmen mittels Nadel und Wanze wurde die Cholesterinanalyse erfolgreich validiert (Daten unveröffentlicht). Bestimmt wurden die Cholesterinwerte im Plasma mittels eines trockenchemisch-reflektrometrischen Verfahrens im EKTACHEM DT60 Analysegerät (Kodak). Die Daten zu verschiedenen Qualitätsparametern wurden mit den im Plasma gemessenen Cholesterinwerten verglichen.

Im Jahr mit schlechter Nahrungsverfügbarkeit zeigte sich ein Zusammenhang zwischen Legebeginn und Cholesteringehalt im Blut. Früh legende Vögel wiesen höhere Cholesterinwerte auf (Abb.1). Dabei handelte es sich in der Regel um ältere Individuen (González-Solís et al. 2004). Bei Weibchen korrelierte die Cholesterinkonzentration zudem positiv mit Alter, Gelegegröße und Bruterfolg. Über den Verlauf der Inkubation blieb bei Männchen der Cholesterinwert konstant, wäh-

rend Weibchen direkt nach der Eiablage niedrige Werte aufwiesen. Die Konzentration stieg bei alten, erfahrenen Weibchen jedoch bereits zur Mitte der Inkubationszeit signifikant an. Im Gegensatz dazu blieb bei jungen, unerfahrenen Weibchen die Cholesterinkonzentration auf niedrigerem Niveau. Im Jahr mit guter Nahrungsverfügbarkeit dagegen erreichten auch junge Weibchen hohe Cholesterinwerte.

Demnach spielt Cholesterin eine geschlechtsspezifische Rolle bei der Reproduktion und steht mit Qualitätsmerkmalen in Beziehung. Dies steht im Einklang mit Ergebnissen von Alonso-Alvarez (2005), der eine Altersabhängigkeit des Cholesterinwerts bei Weibchen feststellen konnte. Während er jedoch in seinem Datensatz auf eine Altersspanne von 1-4 Jahren beschränkt war und sich für Individuen älter als vier Jahre eine abnehmende Tendenz des Cholesterinspiegels andeutete, konnten wir einen Anstieg des Cholesterinwerts für Individuen zwischen 3 und 20 Jahren zeigen. Abweichend von den Ergebnissen an der Flusseeeschwalbe fanden Alonso-Alvarez et al. (2005) auch keinen Zusammenhang mit Legedatum und Bruterfolg. Wie bei Mittelmeermöwen (Alonso-Alvarez et al. 2002b) ergab sich ein Anstieg der Cholesterinwerte im Verlauf der Inkubation bei den Flusseeeschwalbenweibchen. Wir fanden darüber hinaus allerdings, dass dieser Anstieg im Zusammenhang mit Erfahrung und Jahr der Beprobung steht.

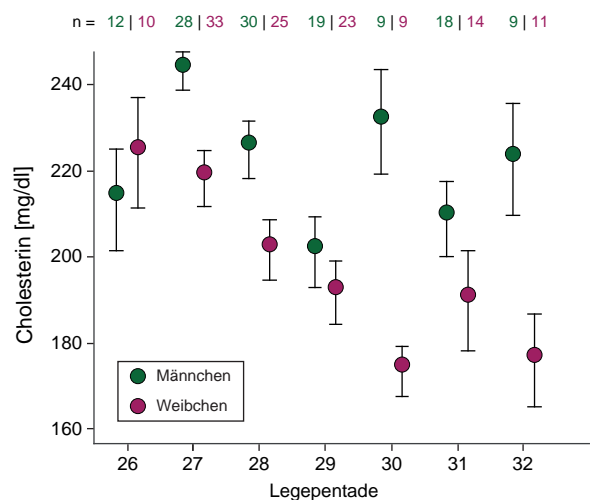


Abb. 1: Zusammenhang zwischen der Cholesterinkonzentration im Plasma, gemessen in der Mitte der Inkubation (Mittelwert \pm Standardfehler) und der Legementade. Spearman Rangkorrelation: Weibchen: $r_s = -0,368$; $p = 0,000$; Männchen: $r_s = -0,213$; $p = 0,017$; n = Anzahl Individuen.

Dank. Wir danken Alexander Braasch, Juliane Riechert, Götz Wagenknecht und dem ganzen „Banter-See-Team“ für die Hilfe bei der Datenerhebung, Rolf Nagel und Jens Trauernicht für die technische Unterstützung, sowie Günther Schaub für die Bereitstellung der Wanzen. Diese Studie wurde gefördert von der DFG (BE 916/8-2).

Literatur

- Alonso-Alvarez C 2005: Age-dependent changes in plasma biochemistry of yellow-legged gulls (*Larus cachinnans*). Comparative Biochemistry and Physiology - Part A: Molecular & Integrative Physiology 140(4):512-518.
- Alonso-Alvarez C, Ferrer M & Velando A 2002a: The plasma index of body condition in Yellow-legged Gulls *Larus cachinnans*: a food-controlled experiment. Ibis 144(1):147-149.
- Alonso-Alvarez C, Ferrer M, Velando A & Veira JAR 2002b: Changes in plasma biochemistry and body mass during incubation in the yellow-legged gull. Waterbirds 25, 253-258.
- Becker PH, Voigt CC, Arnold JM & Nagel R 2006: A non-invasive technique to bleed incubating birds without trapping: a blood-sucking bug in a hollow egg. Journal of Ornithology 147(1):115-118.
- Becker PH, Wendeln H & González-Solís J 2001: Population dynamics, recruitment, individual quality and reproductive strategies in Common Terns marked with transponders. Ardea 89(spezial):239-250.
- Brown ME 1996: Assessing body condition in birds. In Nolan Jr V & Ketterson ED (Hrsg) Current Ornithology 13:67-135. Plenum Press, New York
- González-Solís J, Becker PH, Jover L & Ruiz X 2004: Individual changes underlie age-specific pattern of laying date and egg-size in female common terns *Sterna hirundo*. Journal of Ornithology 145(2):129-136.
- Wendeln H & Becker PH 1999: Effects of parental quality and effort on the reproduction of common terns. Journal of Animal Ecology 68(1):205-214.

Kontakt: Christina Bauch, Institut für Vogelforschung „Vogelwarte Helgoland“, An der Vogelwarte 21, 26386 Wilhelmshaven, christina.bauch@ifv.terramare.de

Kriegs JO, Matzke A, Arms E, Kelsey D & Schmitz J (Münster, Seattle/USA, Göttingen):

Springende Gene - rauchende Colts der Vogel-Evolution

Die Insertionen von Retrotransposons (springenden Genen) stellen seltene genomische Einzelereignisse dar, mit denen sich verlässliche phylogenetische Stammbäume erstellen lassen. Hat sich eine Kopie eines solchen springenden Gens in einen Genort inseriert, so wird sie von diesem Zeitpunkt an allen Nachkommen weitervererbt. Im Umkehrschluss sind alle Nachkommen, die

das neue Element tragen, durch dieses charakterisiert. Hier werden die verschiedenen Ebenen vorgestellt, auf denen bisher phylogenetische Signale durch Insertionen solcher springender Gene nachgewiesen werden konnten.

Kontakt: Jan Ole Kriegs, kriegs@uni-muenster.de

• Poster

Ellrich H, Salewski V (Mainz, Radolfzell):

Sex me if you can- Geschlechtsbestimmung bei Singvögeln über Körpermaße

Geschlechter unterscheiden sich bei Vögeln meist in Gefiederfarbe oder Größe. Im Rahmen dieser Arbeit sollte eine Evaluierung einer auf der Fangstation Mettnau (Bodensee) verwendeten Geschlechtsbestimmungstabelle für juvenile Rohrhammern *Emberiza schoeniclus* (Walton & Walton 1999) ebenso durchgeführt werden wie eine Ausarbeitung weiterer Bestimmungstabellen oder Grafiken für diesjährige Tiere vier weiterer, fangstarker Arten (Teichrohrsänger *Acrocephalus scirpaceus*, Fitis *Phylloscopus trochilus*, Gartengräsmücke *Sylvia borin* und Rotkehlchen *Erithacus rubecula*). Diese sollen Anwendung auf Beringungsstationen und bei der

Beantwortung ökologischer und verhaltensbiologischer Fragestellungen finden.

In dieser Arbeit wurde eine Korrelation zwischen dem Geschlecht und am lebenden Vogel gemessenen Maßen gesucht. Hierfür wurde durch Blutuntersuchungen erst eine genetische Geschlechtsbestimmung mittels PCR nach (Griffiths 1998) durchgeführt und danach Hauptkomponentenanalysen sowie Diskriminanzanalysen und logistische Regressionen gerechnet. Die mittels dieser Methodik gewonnenen Diagramme und Tabellen sollten, wenn möglich, so erstellt werden, dass eine Benutzung durch Beringer möglich wird.

Tab. 1: Aus der logistischen Funktion (des Rotkehlchens) extrapolierte Wahrscheinlichkeitstabelle, die für die Geschlechtsbestimmung eingesetzt werden kann (gelber Bereich= ♀, grüner Bereich= ♂).

		Federlänge („F3“) [mm]															
		51	51,5	52	52,5	53	53,5	54	54,5	55	55,5	56	56,5	57	57,5	58	
Flügel [mm]	70	0,998	0,996	0,994	0,991	0,987	0,980	0,970	0,954	0,932	0,899	0,853	0,792	0,713	0,619	0,515	
	70,5	0,996	0,994	0,991	0,986	0,979	0,968	0,951	0,928	0,893	0,846	0,782	0,701	0,605	0,500	0,396	
	71	0,994	0,990	0,985	0,977	0,966	0,949	0,923	0,887	0,838	0,771	0,688	0,590	0,485	0,381	0,287	
	71,5	0,990	0,984	0,976	0,964	0,946	0,919	0,881	0,829	0,760	0,675	0,575	0,470	0,367	0,275	0,198	
	72	0,983	0,974	0,962	0,942	0,914	0,875	0,820	0,749	0,661	0,560	0,455	0,353	0,263	0,189	0,132	
	72,5	0,973	0,959	0,939	0,909	0,868	0,811	0,737	0,647	0,545	0,440	0,339	0,251	0,180	0,125	0,086	
	73	0,957	0,935	0,904	0,861	0,802	0,725	0,633	0,530	0,425	0,325	0,240	0,171	0,119	0,081	0,054	
	73,5	0,932	0,899	0,853	0,792	0,713	0,619	0,515	0,410	0,312	0,229	0,162	0,113	0,077	0,051	0,034	
	74	0,893	0,845	0,781	0,700	0,604	0,500	0,395	0,299	0,218	0,154	0,107	0,072	0,049	0,032	0,021	
	74,5	0,837	0,771	0,687	0,590	0,485	0,381	0,287	0,208	0,147	0,101	0,068	0,046	0,030	0,020	0,013	
	75	0,760	0,674	0,575	0,469	0,366	0,274	0,198	0,139	0,096	0,065	0,043	0,029	0,019	0,012	0,008	
	75,5	0,661	0,560	0,454	0,352	0,262	0,189	0,132	0,090	0,061	0,041	0,027	0,018	0,012	0,008	0,005	
	76	0,545	0,439	0,338	0,251	0,179	0,125	0,085	0,058	0,038	0,025	0,017	0,011	0,007	0,005	0,003	
	76,5	0,424	0,325	0,239	0,171	0,119	0,081	0,054	0,036	0,024	0,016	0,010	0,007	0,004	0,003	0,002	
	77	0,312	0,228	0,162	0,112	0,076	0,051	0,034	0,023	0,015	0,010	0,006	0,004	0,003	0,002	0,001	
	77,5	0,218	0,154	0,106	0,072	0,048	0,032	0,021	0,014	0,009	0,006	0,004	0,003	0,002	0,001	0,001	
	78	0,146	0,101	0,068	0,046	0,030	0,020	0,013	0,009	0,006	0,004	0,002	0,002	0,001	0,001	0,000	
	78,5	0,095	0,064	0,043	0,029	0,019	0,012	0,008	0,005	0,004	0,002	0,002	0,001	0,001	0,000	0,000	
	79	0,061	0,041	0,027	0,018	0,012	0,008	0,005	0,003	0,002	0,001	0,001	0,001	0,000	0,000	0,000	

Bei drei der Arten (Fitis, Rohrammer, Rotkehlchen) konnte das Geschlecht zu 80 bzw. über 90% korrekt bestimmt werden. Bei einer Art (Teichrohrsänger) gelang eine korrekte Klassifizierung der Stichprobe zu 76%. Bei Gartengrasmücken lässt sich mit den erhobenen Maßen das Geschlecht hingegen nicht bestimmen. Tabellen (Tab.1.), die aus der logistischen Regression extrapoliert werden, können Anwendung bei der Beringung in Süddeutschland finde. Vergleiche mit ähnlichen Arbeiten aus der Literatur ergaben, dass die Formeln und Tabellen nur für einen gewissen Zeitraum und ein kleines, nicht näher definiertes, geographisches Gebiet Anwendung finden können (Nowakowski 2000).

Literatur

Backhaus K, Erichson B, Plinke W & Weiber R 2000: Multivariate Analysemethoden. Springer, Berlin.
 Bertellotti M & Tella JL 2002: Determining Sex of Magellanic Penguins Using Molecular Procedures and Discriminant Functions. *Waterbirds* 25 (4): 479-484.
 Büning H & Trenkler G 1994: Nichtparametrische statistische Methoden. de Gruyter Berlin, New York.
 Catry P, Bearhop S & Lecoq M 2007: Sex differences in settlement behaviour and condition of chiffchaffs *Phylloscopus collybita* at a wintering site in Portugal. *J. Ornithology* 148: 241-249.

Cuadrado M 1991: Wing length criteria for sex determination of Robins *Erithacus rubecula* wintering in southern Spain. *Ornis Svecica* 1: 55-56.
 Diaz-Bone R 2005: Logistische Regression und binäre Logit-Analyse.
 Ellegren H 1996: First Gene on the Avian W Chromosome (CHD) Provides a Tag for Universal Sexing of Non-Ratite Birds. *Proceedings: Biological Sciences* 263 (1377): 1635-1641.
 Griffiths R et al. 1998: A DNA test to sex most birds. *Molecular Ecology* 7: 1071-1075.
 Madsen V 1997: Sex-determination of Continental European Robins *Erithacus r. rubecula*. *Bird Study* 44: 239-244.
 Nowakowski JJ 2000: Long-term variability of wing-length in a population of the Reed Warbler *Acrocephalus scirpaceus*. *Acta Ornithologica* 35 (2): 173-182.
 Villarán A & Pascual-Parra J 2003: Biometrics, sex ratio and migration periods of Reed Buntings *Emberiza schoeniclus* wintering in the Tajo Basin, Spain. *Ringling & Migration* 21: 222-226.
 Walton C & Walton P 1999: Sexing First Year Reed Buntings *Emberiza schoeniclus* using biometrics. *Ringling & Migration* 19: 327-331.

Kontakt: Heike Ellrich, Bert-Brecht-Str.34, 65201 Wiesbaden, ellrich@orn.mpg.de

Engelhard D, Joseph D & Wilke T (Giessen, Canberra/Australien):

Erste phylogeographische Untersuchungen des australischen Rosa Kakadus *Eolophus roseicapillus*

Der Rosa Kakadu *Eolophus roseicapillus* (Veillot, 1817), zählt zu den häufigsten Kakadu-Arten (Cacatuidae) Australiens (Brown & Toft 1999) und ist nahezu über das gesamte Eremean Biom (Crisp et al. 2004) verbreitet. Dieses Biom ist heute durch aride bis semi-aride Klimabedingungen gekennzeichnet. Es umfasst ca. 220 Vogel-Arten – die *Australian Eremean Avifauna* (AEA; Joseph & Wilke 2007). Wahrscheinlich durch die Besiedlung der Europäer im 18. Jahrhundert und der damit einhergehenden landwirtschaftlichen Entwicklung des Landes konnte der Rosa Kakadu sein Verbreitungsgebiet enorm vergrößern, lediglich die trockensten Zonen der Wüsten (Gibson Desert/Great Victoria Desert/Nullabor Plain) und Gebiete mit dichtem Regenwald werden weiträumig gemieden (Arndt 1999 siehe Verbreitung in Abb. 1). Morphologisch werden drei geographische Unterarten unterschieden:

- Eolophus roseicapillus roseicapillus* (Veillot, 1817) (westliche Verbreitung)
- Eolophus roseicapillus albiceps* Schodde, 1989 (süd-östliche Verbreitung)
- Eolophus roseicapillus kuhli* Mathews, 1912 (nördliche Verbreitung)

Über den genauen Verlauf der Grenzen dieser Verbreitungsgebiete, eventuelle Überlappungen und mögliche Hybridisierung ist bisher sehr wenig bekannt (siehe „Transition-Zone“ in Abb. 1). Die weiträumige Verbreitung und das Auftreten von Unterarten machen den Rosa Kakadu jedoch zu einem geeigneten Modellorganismus für das Studium historischer biogeographischer Prozesse und Ausbreitungsfaktoren. Ein solcher Faktor, die *Eyrean Barrier*, die durch erdgeschichtlich wechselnde klimatische Bedingungen von starken Trockenzeiten (im Pleistozän) und großen Seen (im Pliozän) gekennzeichnet war, wurde in verschiedenen Veröffentlichungen als mögliche Ursache für Vikarianzereignisse diskutiert (Schodde 1982; Sibley & Ahlquist 1985; Cra-craft 1986; Brown & Toft 1999).

In einer Diplomarbeit soll geklärt werden, ob eine Übereinstimmung zwischen der morphologisch-basierten Taxonomie, die ein geographisches Muster aufweist und der phylogenetischen Systematik vorliegt und welche Bedeutung biogeographische Muster auch im Zusammenhang mit anderen AEA-Arten haben.

Bisher wurden von 21 Individuen von *Eolophus roseicapillus* DNA mittels Qiagen Tissue Kit nach den Herstellerangaben extrahiert und das mitochondriale Gen ND2 (NADH dehydrogenase subunit 2) amplifiziert. Anschließend wurde mit dem Programm TCS 1.21. (Clement et al. 2000) ein Areal-Kladogramm für

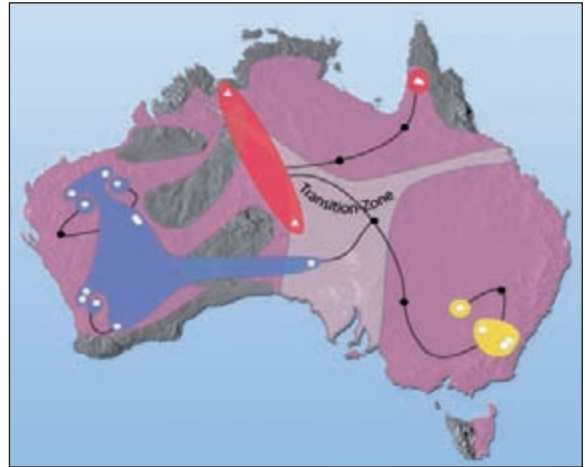


Abb. 1: ND2 Areal-Kladogramm für 21 Individuen von *Eolophus roseicapillus*. Die Felder in den Farben Gelb, Rot und Blau markieren die drei Gruppen, die durch eine SAMOVA mit höchster Signifikanz ausgezeichnet wurden. Weiße Symbole markieren die geographische Herkunft der Proben (○ = westliche Proben; △ = nördliche Proben; □ = östliche Proben). Schwarze Punkte (●) reflektieren die Anzahl der Mutationen. Das gesamte Verbreitungsgebiet des Rosa Kakadus wurde in rosa markiert. Der hell-graue Bereich in der Mitte markiert die „Transition-Zone“, in dem sich die Unterarten geographisch überlappen.

die erhaltenen Gensequenzen erstellt und die räumliche Gruppenstruktur mit dem Programm SAMOVA 1.0 (Dupanloup et al. 2002) getestet

Das Areal-Kladogramm (Abb. 1) zeigt eine gute Übereinstimmung zwischen Phylogeographie und Systematik der Unterarten. Auch die SAMOVA konnte mit hoher Signifikanz das Vorhandensein von drei phylogeographischen Gruppen bestätigen.

Dies lässt den Schluss zu, dass Vikarianzereignisse (z.B. ausgelöst durch die *Eyrean Barrier*) Ursache für die morphologische Differenzierung sein könnten. Untersuchungen bei anderen AEA-Arten zeigten zwar ein geographisches Muster in der Verbreitung der morphologisch differenzierten Unterarten, wiesen aber keine signifikanten Unterschiede bezüglich der Gensequenzen auf (Joseph & Wilke 2007). Die Autoren vermuten hier nicht-historische Faktoren, (z.B. die Entwicklung der Population entlang eines Gradienten wie Feuchte, welcher eine Selektion bewirkt) als Ursache für beispielsweise unterschiedliche Gefiederfärbung.

Bei der Weiterführung dieser Untersuchungen soll zum einen die Stichprobengröße erhöht und weitere Fundorte (vor allem auch aus der „Transition-Zone“,

Abb.1) einbezogen werden. Zum anderen sollen weitere Marker (z.B. die mitochondriale D-loop Region), etabliert werden, um evtl. eine noch höhere Auflösung zu erzielen und um die Zuverlässigkeit der bisherigen Daten zu erhöhen. Außerdem sollen AFLP-Marker (*Amplified Fragment-length Polymorphism*) genutzt werden, um evtl. auftretende Hybridisierung zu erfassen.

Dank. Wir bedanken uns bei der Australian National Wildlife Collection (ANWC) für die Bereitstellung des Probenmaterials.

Literatur

- Brown DM & Toft CA 1999: Molecular systematics and biogeography of the Cockatoos (Psittaciformes: Cacatuidae). *Auk* 116:141-157.
- Clement M, Posada D & Crandall K 2000: TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology* 10: 1657-1660
- Cracraft J 1986: Origin and evolution of continental biotas: speciation and historical congruence within the Australian avifauna. *Evolution* 40: 977-996.
- Crisp MD, Cook L & Steane D 2004: Radiation of the Australian flora: What can comparisons of molecular phylogenies across multiple taxa tell us about the evolution of diversity in present-day communities. *Phil. Trans. R. Soc. London B: Biol. Sci.* 359: 1551-1771.
- Dupanloup I, Schneider S & Excoffier L 2002: A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations. *Mol. Ecol.* 11: 2571-81
- Joseph L & Wilke T 2007: Lack of phylogeographic structure in three widespread Australian birds reinforces emerging challenges in Australian historical biogeography. *Biogeogr.* 34: 612-624.
- Schodde R 1982: Origin, adaptation and evolution of birds in arid Australia. In: Barker WR & Greenslade PJM (Hrsg) *Evolution of the flora and fauna of arid Australia*: 191-224. Peacock Publications, Adelaide.
- Sibley CG & Ahlquist JE 1985: The phylogeny and classification of the Australo-Papuan passerine birds. *Emu*: 85: 1-14.
- Sorenson MD 2003: Avian mtDNA primers. <http://people.bu.edu/msoren/primers.html>

Kontakt: Daniel Engelhard, Institut für Allgemeine & Spezielle Zoologie, Justus-Liebig-Universität Giessen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, IFZ, 35392 Giessen; Daniel.Engelhard@bio.uni-giessen.de

Gonzalez J, Delgado Castro G & Wink M (Heidelberg, Santa Cruz de Tenerife/Spanien):

Phylogeographische Differenzierung von Sturmschwalben *Hydrobates pelagicus* mittels DNA-Marker

Zur Untersuchung der genetischen Variation zwischen verschiedenen Populationen der Sturmschwalbe *Hydrobates pelagicus* haben wir ungefähr 1.000 Nukleotide des mitochondrialen Cytochrom b-Gens sequenziert. Es wurden Proben aus dem Nordatlantik, dem Mittelmeer und von den Kanarischen Inseln analysiert. Die kanarischen Populationen unterschieden sich dabei signifikant von denen der anderen Lokalitäten. Die Ta-

xonomie verschiedener Unterarten von *H. pelagicus* wurde im Hinblick auf ihre genetische Einzigartigkeit diskutiert. Wir vergleichen die phylogeographische Struktur der Sturmschwalbe mit der anderer Seevögel, die dieselben Regionen bewohnen.

Kontakt: Javier Gonzalez, javier.gonzalez@urz.uni-heidelberg.de

Gonzalez J, Düttmann H & Wink M (Heidelberg, Osnabrück):

Das Hybridisierungspotential von Gänsevögeln im Vergleich zu Säugetieren und Fröschen

Zur Vervollständigung und Rekonstruktion der molekularen Verwandtschaftsbeziehungen innerhalb der Anseriformes haben wir zwei mitochondrielle Gene, NADH Dehydrogenase Untereinheit 2 (1.042 Nukleotide) und Cytochrom b (1.045 Nukleotide), von 121 Arten sequenziert. Die verwandtschaftlichen Beziehungen wurden unter Verwendung von Maximum Likelihood-, Maximum-Parsimony- und Bayesianischen Methoden erstellt. Die auf immunologischer Distanz basierende Hypothese, dass Anseriformes im Vergleich

zu anderen Wirbeltieren ihre reproduktive Kompatibilität langsamer verlieren, wird durch unsere auf genetische Distanzen und Bayesianischer Zeitkalibration beruhenden Daten unterstützt. Weiterhin wird die These bestätigt, dass diese Vogelgruppe aufgrund des vorliegenden Befundes den Fröschen ähnlicher ist als den Säugetieren.

Kontakt: Javier Gonzalez, javier.gonzalez@urz.uni-heidelberg.de

Helb M & Prinzinger R (Frankfurt):

„Give me the beat“ – Was liefern implantierte, miniaturisierte Telemetrie-Sender zur Langzeit-Erfassung des EKG beim Mäusebussard *Buteo buteo* für Daten?

Die voneinander abhängigen Parameter Herzschlagfrequenz, Körpertemperatur und Stoffwechsel bieten tierischen Organismen grundlegende physiologische Mechanismen ökologischer Anpassungsstrategien. Im Rahmen von vergleichenden Untersuchungen zu dieser Thematik wurde der diurnale Verlauf dieser Parameter bei Mäusebussarden untersucht.

Der Mäusebussard ist in Mitteleuropa die häufigste Greifvogelart. Trotzdem liegen bisher nur in äußerst geringem Umfang physiologische Daten vor. Messungen zum Energie-Stoffwechsel existieren lediglich von einem Jungvogel und zwei adulten Tieren (Jud & Kulzer 1975). Die Körpertemperatur wurde dabei ausschließlich kloakal und über relativ wenige Einzelmessungen bestimmt. Keskpaik & Horma (1973) untersuchten mithilfe eines in die Körperhöhle implantierten Senders das EKG und die Körpertemperatur an einem Einzel-tier.

Wir haben an 5 Mäusebussarden (*Buteo buteo*, 3 ♀, 2 ♂, mittlere Körpermasse 900 g) 119 Ganztages-Messungen (24-h-Messung) der Stoffwechselrate, der Herzschlagfrequenz (HF) und der Körpertemperatur (KT) in einem Temperaturbereich von 0 °C bis +40 °C durchgeführt.

HF und KT wurden telemetrisch mit Hilfe intraperitoneal implantierter Sender (TA ETA-F20, PhysioTel, DSI) parallel zum Gas-Umsatz (O₂, CO₂, s. Schleucher 2001) unter einem Licht-Dunkel-Wechsel von 13:11 h (D-Phase 20 - 7 h) gemessen. Die Operationen erfolgten unter Enfluran-Anästhesie (1 - 3,5 Vol.% Ethrane®, Abbott).

Die Stoffwechselrate weist in einem Temperaturbereich von +13 °C bis +37 °C eine sehr weite Thermoneutralzone auf. Die Körpertemperatur ist entgegen bisheriger Untersuchungen sehr variabel und variiert um mehr als 4 °C, in Extremfällen um bis zu 8 °C (KT_{min} = 36,27 °C, KT_{max} = 44,54 °C).

Die ermittelten Ruhewerte der Herzschlagfrequenz stimmen mit den Werten von Keskpaik & Horma (1973) sehr präzise überein und betragen in der Thermoneutralzone durchschnittlich 122,6 ± 25,1 Schläge/Minute. Die niedrigsten Herzschlagfrequenzwerte wurden bei Umgebungstemperaturen von 7 °C bzw. 18 °C aufgezeichnet und betragen 62,6 Schläge/Minute bzw. 61,8 Schläge/Minute. In Phasen starker Erregung kann die Herzschlagfrequenz innerhalb sehr kurzer Zeit auf Werte von bis zu 435 Schläge/Minute ansteigen.

Der Mäusebussard weist eine enorme Anpassungsfähigkeit seiner Körpertemperatur auf und besitzt eine sehr breite Thermoneutralzone. Die Herzschlagfrequenz ist sehr variabel und während der Ruhezeiten stark verringert. Diese Eigenschaften dürften die Voraussetzung für die vielfältige Habitatwahl und das sehr große Verbreitungsgebiet des Mäusebussards sein. Sie erklären auch die bei vielen Greifvögeln vorhandene Fähigkeit, längere Schlechtwetterphasen und Hungerperioden durch physiologische Anpassungen zu überdauern (z. B. García-Rodríguez et al. 1987).

Insbesondere die Fähigkeit zur sehr starken Regulation der Körpertemperatur dürfte maßgeblich dazu beitragen, dass der Mäusebussard seinen Energie-Stoffwechsel den jeweiligen Umgebungsbedingungen entsprechend optimiert und minimiert. Vergleichsdaten von 5 Ringeltauben (*Columba palumbus*, M. Helb unveröffentlicht, s. Abb. 1), die unter identischen Bedingungen erhoben wurden, veranschaulichen den für die meisten Vögel typischen, gleichförmigen diurnalen Verlauf der Körpertemperatur.

Die Verwendung von in die Körperhöhle implantierten Telemetrie-Sendern liefert im Gegensatz zur kloakalen Temperaturerfassung (z. B. Jud & Kulzer 1975) oder der EKG-Ableitung mit Krokodilklemmen (z. B. Espino et al. 2001) natürliche Meßwerte am ungestörten Tier.

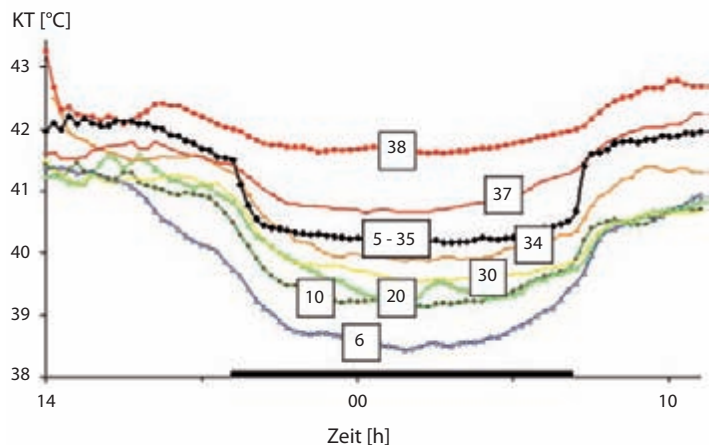


Abb. 1: Tagesgänge ausgewählter Körpertemperaturen (geglätteter Durchschnitt) beim Mäusebussard in Abhängigkeit von der Umgebungstemperatur (eingblendete Werte). Die schwarze Kurve gibt den Tagesgang der Körpertemperatur von 5 Ringeltauben (*Columba palumbus*) unter identischen Meßbedingungen wieder. Ihre Werte bleiben über einen sehr großen Umgebungstemperatur-Bereich (+5 bis +35 °C, eingblendete Werte) nahezu konstant.

Dank. Die Versuchstiere wurden dankenswerterweise vom NABU Artenschutzzentrum Leiferde zur Verfügung gestellt. M. Helb wird für diese Untersuchung durch die Erwin-Stresemann-Förderung der Deutschen Ornithologen-Gesellschaft (DO-G) unterstützt.

Literatur

- Espino L, Suárez ML, López-Beceiro A & Santamarina G 2001: Electrocardiogram reference values for the buzzard in Spain. *J. Wildl. Dis.* 37: 680-685.
- García-Rodríguez T, Ferrer M, Carrillo CJ & Castroviejo J 1987: Metabolic responses of *Buteo buteo* to long-term fasting and refeeding. *J. Comp. Biochem. Physiol.* 87A: 381-386.
- Jud E & Kulzer E 1975: Ontogenese der Temperaturregulation beim Mäusebussard *Buteo b. buteo* (Linné, 1758). *Anz. orn. Ges. Bayern* 14: 261-272.

- Keskpaik J & Horma P 1973: Body temperature and heart rate during flight in common buzzard (*Buteo buteo*). *Academy of Sciences of the Estonian SSR, Institute of Zoology and Botany.* Vol. 4: 309-315.
- Schleucher E 2001: Heterothermia in pigeons and doves reduces energetic costs. *J. Therm. Biol.* 26: 287-293.

Kontakt: Matthias Helb, AK Stoffwechselphysiologie, Institut f. Ökologie, Evolution & Diversität, Goethe-Universität Frankfurt/Main, Siesmayerstr. 70, 60323 Frankfurt/Main, helb@bio.uni-frankfurt.de.

Hesler N, Sacher T, Coppack T, Mundry R & Dabelsteen T (Kopenhagen/Dänemark, Wilhelmshaven, Zürich/Schweiz, Leipzig):

Ist die Gesangskomplexität der Amsel in einem intrasexuellen Kontext von Bedeutung?

Vogelgesang wird für ein sexuell selektiertes Merkmal gehalten, das sowohl im inter- als auch im intrasexuellen Kontext eine Rolle spielt. Dabei nimmt man an, dass der Grad der Gesangskomplexität ein ehrliches Signal für die Qualität des Sängers darstellt. Bei Arten, die über ein gewisses Repertoire verschiedener Gesangsmuster verfügen (z.B. verschiedener Strophentypen), stellt die Repertoiregröße ein mögliches Maß der Gesangskomplexität dar. Die Amsel *Turdus merula* verfügt über ein großes gesangliches Repertoire mit komplexem Aufbau ohne festgelegte Strophentypen. Dieses Repertoire wird sowohl im inter- als auch im intrasexuellen Kontext verwendet, wobei große individuelle Unterschiede in

der Repertoiregröße bestehen. In dieser Studie untersuchten wir die Bedeutung von Repertoiregrößen in einem intrasexuellen Kontext mit der Hypothese, dass Amselmännchen die Stärke von Rivalen anhand derer gesanglichen Repertoiregrößen einschätzen. Dafür führten wir einen Playbackversuch durch, in dem wir territorialen Amselmännchen Amselgesang mit verschiedenen Repertoiregrößen vorspielten. Die Ergebnisse wurden in Abhängigkeit der eigenen Repertoiregrößen der Testtiere diskutiert.

Kontakt: N. Hesler, nhesler@bio.ku.dk

Kremer P, Gonzalez J, Dietzen C & Wink M (Heidelberg, Ketsch):

Molekulare Phylogenie und Phylogeographie des Kanarenzilpzalp *Phylloscopus canariensis* auf den Kanarischen Inseln anhand mitochondrialer Marker

Zur Vervollständigung und Rekonstruktion der phylogenetischen Beziehungen und Phylogeographie innerhalb der Gattung *Phylloscopus* auf den Kanarischen Inseln haben wir zwei mitochondriale Gene, NADH Dehydrogenase Untereinheit 2 (ND2, 1.042 Nukleotide) und Cytochrom b (1.045 Nukleotide), sequenziert. Dabei wurden Individuen aller wesentlichen Verbreitungsgebiete der Kanarischen Inseln untersucht. Die verwandtschaftlichen Beziehungen wurden unter Verwendung von Maximum Likelihood, Maximum-Parsimony, sowie Bayesischen Methoden erstellt und mit anderen

Vertretern der Passeriformes als Außengruppen verglichen. Des Weiteren wurde die phylogeographische Struktur der Gene weiterer Singvogelarten desselben Verbreitungsgebietes gegenübergestellt. Auf Gran Canaria ansässige Individuen unterscheiden sich genetisch deutlich von *P. canariensis* Individuen des übrigen Verbreitungsgebietes. Es handelt sich dabei durchaus um ein für die Kanarischen Inseln typisches genetisches Verbreitungsmuster.

Kontakt: Philipp Kremer, Philipp.Kremer@urz.uni-hd.de

Kübler S, Marzluff, JM & Clucas, B (Berlin, Seattle/USA, Berlin):

Wechselbeziehungen zwischen Vögeln und Menschen in der Stadt

Das Graduiertenkolleg Stadtökologische Perspektiven III, welches seit April 2008 besteht und am Geographischen Institut der Humboldt-Universität zu Berlin angesiedelt ist, hat zum Ziel, Optimierungsstrategien für urbane Naturentwicklung und ihre Funktionen hinsichtlich der Lebensqualität des Menschen zu erarbeiten und interdisziplinär zu bewerten. Das Forschungsprojekt „Coevolution of Humans and Animals in Urbanizing Landscapes“ innerhalb dieses Kollegs wird in Zusammenarbeit mit der University of Washington, Seattle, durchgeführt.

Als erster Schritt wird seit Juli 2008 eine Fragebogenstudie in Berlin durchgeführt. Es soll geklärt werden, wie Menschen und Vögel miteinander in Beziehung treten bzw. sich gegenseitig beeinflussen. Ziel ist es, zu verstehen, wie z. B. die Präsenz und das Verhalten der Vögel von uns Menschen beeinflusst wird. Beispiele sind Vogelfütterung, künstliche Nisthilfen oder auch Vogelabwehrmaßnahmen (Attrappen, Spikes u. A.). Aber auch die umgekehrte Seite wird betrachtet: Wie wird das Leben der Stadtbewohner von Vögeln berührt? Wie wirkt zum Beispiel der Gesang auf die Menschen? Fühlen sich Stadtbewohner häufig gestört, zum Beispiel durch Verunreinigungen? Für die Befragung von Berliner Anwohnern wurden zunächst fünf Probeflächen ausgewählt (Größe ca. 20 ha): Moabit (Stadtzentrum), Dahlem (Villenviertel), Gropiusstadt (Hochhaussiedlung), Rudow (Einfamilienhaussiedlung) und Blankenfelde (dörflicher Charakter). Die Flächen sind unter anderem durch eine unterschiedliche Bebauungsstruktur und Vegetation bzw. durch eine unterschiedliche „Urbanität“ gekennzeichnet. Der Fragebogen beinhaltet offene und geschlossene Antwortformate: über 50 Fragen zum Thema Avifauna bzw. zur persönlichen Wahrnehmung von Vögeln werden gestellt. Bekannte und häufige Vogelarten stehen im Vordergrund, wie Elster *Pica pica*, Nebelkrähe *Corvus corone cornix* und Grünfink *Carduelis chloris*.

Anfang Oktober 2008 lagen erste Ergebnisse vor, 107 Fragebögen wurden bereits ausgewertet: Zentrum (n=52), Einfamilienhaussiedlung (n=26) und Villenviertel (n=29). Die Elster ist am bekanntesten: 77 der Befragten wussten bei Vorlage von Fotos der drei Arten den korrekten Namen dieser Art. Auf die Frage nach Ihrer Meinung zu Aussehen/Färbung der drei Arten, bewerteten 51 Probanden den Grünfinken als „sehr schön“, 26 die Elster, aber nur 5 hielten die Nebelkrähe für „sehr schön“. Von den 107 Befragten füttern 49 Vögel, 43 davon nur im Winter, 6 ganzjährig. Bei offenen Antwortformaten werden oft aufschlussreiche Verhal-



Abb. 1: Nebelkrähe *Corvus corone cornix*, Berlin.

Foto: S. Kübler

tenweisen von Vögeln beschrieben. So wurde z.B. von Anwohnern in Dahlem berichtet, dass Nebelkrähen Lebensmittel „aus Kinderhänden klauen“. Dies muss unbedingt weiter untersucht werden, da derartige Verhaltensweisen sehr zum teilweise schlechten Image von Rabenvögeln beitragen. Die Frage, ob die Nebelkrähe ein schlechtes Omen darstellt, verneinten 89% der Befragten.

Demnächst werden fünf weitere Berliner Probeflächen hinzugenommen, als sog. Duplikate: Kreuzberg, Karlshorst, Märkisches Viertel, Marienfelde, Lübars. Ferner sind ca. ab Januar 2009 Untersuchungen an einigen Berliner Vogelarten geplant, ebenso wie die Durchführung einer entsprechenden Fragebogenstudie in Seattle (USA) ca. ab August 2009.

Von der DFG gefördert.

Literatur

- Kübler S 2005: Wahrnehmung der Avifauna in Berlin. Vogelwarte 43: 89.
 Marzluff, J. M. (in press): Urban evolutionary ecology. Studies in Avian Biology.
 Marzluff, J. M. & Angell T. 2005: Cultural coevolution: how the human bond with crows and ravens extends theory and raises new questions. J. Ecol. Anthropol. 9: 67-73.

Kontakt: Sonja Kübler, Humboldt-Universität zu Berlin, Geographisches Institut, Postadresse: Unter den Linden 6, 1099 Berlin, sonja.kuebler@web.de

Mendel B & Garthe S (Büsum):

Große Möwe, flieg nach Helgoland! Raum-Zeit-Muster Helgoländer Heringsmöwen während der Brutzeit

In den letzten Jahren haben die Brutbestände der Heringsmöwen an der deutschen Nordsee deutlich zugenommen, so dass die Heringsmöwe dort in den Sommermonaten inzwischen eine der häufigsten Seevogelarten ist. Neben den Untersuchungen der Brutbestände wurden in den vergangenen Jahren auch die Nahrungswahl und die Verbreitung auf See intensiv erforscht. Dabei zeigte sich, dass sich die Nahrungszusammensetzung in den letzten Jahren stark verändert hat und sich die opportunistischen Heringsmöwen offenbar schnell an die aktuellen Veränderungen in der Nahrungverfügbarkeit auf dem Meer anpassen können. Aus diesem Grund kann die Art als guter Bioindikator angesehen werden, der schnell auf anthropogen und klimatisch bedingte Ökosystemveränderungen reagiert. Da es aber derzeit keine Informationen über individuelle Aktivitäten, wie räumliche und zeitliche Aktionsmuster von Brutvögeln gibt, wurde im Jahr 2008 auf Helgoland eine Pilotstudie durchgeführt, bei der vier Heringsmöwen

mit GPS-Datenloggern (Firma earth & ocean technologies, Kiel) ausgestattet wurden. Die ausgebrachten Datenlogger speicherten ca. vier Tage lang alle zwei Minuten die geografische Position. Anhand dieser Positionsdaten lassen sich erstmals für Helgoländer Heringsmöwen Aussagen über deren Aktionsradius und mögliche bevorzugte Nahrungsgebiete treffen. Neben der Entfernung zur Brutkolonie auf der Helgoländer Düne liefern die Datenlogger Informationen über die Dauer der einzelnen Nahrungsflüge sowie über die Aufenthaltszeit auf der Düne. Die erste Analyse der Nahrungsflüge zeigte, dass sich die ausgewählten Möwen bis zu 50 km weit von Helgoland entfernten. Zwei Vögel brachen zu einigen ihrer Nahrungsflüge erst nachts auf das Meer auf und kehrten in den frühen Morgenstunden zum Nest zurück, während die beiden anderen Individuen nur tagsüber nach Nahrung suchten.

Kontakt: Bettina Mendel, mendel@ftz-west.uni-kiel.de

Riechert J, Chastel O & Becker PH (Wilhelmshaven, Villiers en Bois/Frankreich, Wilhelmshaven):

Steigert Kortikosteron den Ausfliegerfolg der Flusseeeschwalbe?

Der Bruterfolg von Seevögeln wird von einer Vielzahl an Parametern beeinflusst. Die Versorgung der Brut mit Nahrung ist einer der entscheidendsten Faktoren, wobei es nicht nur auf die Fütterrate sondern auch auf die Qualität und Größe der Nahrung ankommt (Massias & Becker 1990). Daneben ist der Schutz der Küken vor Räubern oder aggressiven Artgenossen ebenfalls entscheidend. Die semipraecocialen Küken der Flusseeeschwalbe *Sterna hirundo* sind schon kurze Zeit nach Schlupf am Nestplatz mobil, müssen aber lange von ihren Eltern gefüttert werden. Die Nahrungsversorgung der Jungen ist für Flusseeeschwalben sehr aufwendig und muss mühevoll gelernt werden, wodurch es große individuelle und altersabhängige Unterschiede beim Jagderfolg und letztendlich auch beim Bruterfolg gibt (Ezard et al. 2007). Das Stresshormon Kortikosteron steigt bei Vögeln unter Nahrungsmangel oder Räuberdruck innerhalb kürzester Zeit an und unterdrückt alle Verhaltensweisen, die nicht direkt mit dem Überleben zusammenhängen (Lendvai et al. 2006). Moderat erhöhte Werte können aber in der Brutphase eine wichtige Rolle spielen, da sie die Aktivität bei der Nahrungssuche und die Fütterrate der Brut steigern. Zusätzlich kann die Abstimmung der Paarpartner am Nest und die Verteidigung der Brut durch das Hormon beeinflusst werden.

Auch in der Hormonausstattung der Flusseeeschwalben gibt es große interindividuelle Unterschiede, die den

Aufzuchtserfolg mitbestimmen können. Wir haben untersucht, inwiefern der Ausfliegerfolg der Flusseeeschwalbe vom Alter der Vögel oder dem Basis-Kortikosteronwert während der Inkubation beeinflusst wird.

Die Untersuchung fand 2007 an der Flusseeeschwalbenkolonie Banter See, Wilhelmshaven statt (Becker PH 1996). Dazu wurde bei 238 Individuen mit bekanntem Alter und Geschlecht in der Mitte der jeweiligen Inkubationsphase eine Blutprobe genommen. Das geschah mit Hilfe einer minimal-invasiven Technik, bei der Raubwanzen der Gattung *Dipetalogaster maximus* zur Blutentnahme eingesetzt wurden (Arnold et al. 2008). Der Kortikosteronwert wurde anschließend im Plasma der Vögel mittels Radio-Immuno-Assay gemessen (Mauget et al. 1994).

Im untersuchten Jahr hatten die Männchen mit leicht gesteigerten Kortikosteronwerten einen deutlich höheren Bruterfolg als diejenigen mit niedrigen Werten (Abb. 1). Für die Weibchen fanden wir dagegen keinen Zusammenhang von Ausfliegerfolg und Kortikosteron (binär logistische Regression Wald = 2,055, $p = 0,152$, $N = 111$). Erhöhtes Alter beider Geschlechter steigerte signifikant den Aufzuchtserfolg der Vögel (binär logistische Regression, Männchen: Wald = 7,066, $p = 0,008$, $N = 110$, Weibchen: Wald = 4,789, $P = 0,029$, $N = 111$). Zwischen Kortikosteron und dem Alter der jeweiligen Tiere gab es dagegen keine Korrelation (Männchen:

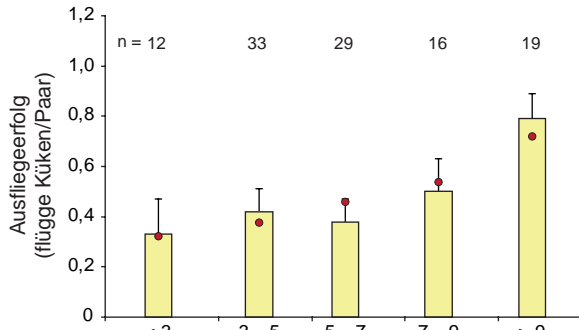


Abb. 1: Ausfliegeerfolg der Männchen in Abhängigkeit von ihren jeweiligen Kortikosteronwerten (ng/ml). Die Balken geben die Anzahl ausgeflogener Küken an, die Punkte die errechneten Werte nach der binär logistischen Regression (Wald = 4,824; $p = 0,028$; $N = 109$).

$r_s = 0,105$, $p = 0,287$, $N = 109$, Weibchen: $r_s = -0,183$, $p = 0,059$, $N = 111$).

Bei Flusseeeschwalben beteiligen sich beide Paarpartner an der Inkubation der Eier und Aufzucht der Jungen, wobei es in den ersten Tagen nach Schlupf der Küken eine deutliche Rollenverteilung gibt. Während das Weibchen meist die Brut hudert, geht das Männchen auf Nahrungssuche. Mit zunehmendem Alter wächst die Erfahrung der Eltern bei der Nahrungssuche (Becker & Ludwigs 2004) und der Abstimmung untereinander, wodurch der Bruterfolg beider Geschlechter ansteigt. Ein höherer Kortikosteronwert steigerte im Jahr 2007 dagegen nur bei den Männchen die Anzahl ausgeflogener Küken unabhängig vom Alter. Dabei unterstützen leicht erhöhte Werte die Väter bei der Nahrungssuche (Angelier et al. 2007), die schon während der Inkubationsphase Informationen über gute Nahrungsquellen sammeln müssen, um in den stressigen Tagen nach dem Schlupf ihrer Jungen eine gute Versorgung zu gewährleisten. Auch die Verteidigung der Brut könnte durch

erhöhte Kortikosteronwerte gefördert werden, was sich in gesteigertem Erfolg widerspiegelt. Fazit für Männchen: Sei alt und schütte mehr Kortikosteron aus!

Diese Arbeit ist entstanden mit tatkräftiger Unterstützung des Banter-See-Teams und mit finanzieller Hilfe der DFG (BE 916/8-2).

Literatur

- Angelier F, Shaffer SA, Weimerskirch H, Trouve C & Chastel O 2007: Corticosterone and Foraging Behavior in a Pelagic Seabird. *Physiol. Biochem. Zool.* 80: 283-292.
- Arnold JM, Oswald SA, Voigt CC, Palme R, Braasch A, Bauch C & Becker PH 2008: Taking stress out of blood collection: comparison of field blood-sampling techniques for analysis of baseline corticosterone. *J. Avian Biol.* 39: 588-592.
- Becker PH 1996: Flusseeeschwalben in Wilhelmshaven. *Oldenburger Jahrbuch* 96: 263-296.
- Becker PH & Ludwigs JD 2004: *Sterna hirundo*, Common Tern. *BWP Update Volume* 6: 91-137.
- Ezard T, Becker P, & Coulson T 2007: Correlations between age, phenotype and individual contribution to population growth in common terns. *Ecology* 8: 2496-2504.
- Lendvai A, Giraudeau, & Chastel O 2006: Reproduction and modulation of the stress response: an experimental test in the house sparrow. *Proc. R. Soc. B* 274: 1-7.
- Massias, & Becker PH 1990: Nutritive value of food and growth in Common Terns *Sterna hirundo* chicks. *Ornis Scand.* 21: 187-194.
- Mauget R, Jouventin P, Lacroix A, & Ishii S 1994: Plasma LH and steroid hormones in king penguin (*Aptenodytes patagonicus*) during the onset of the breeding cycle. *Gen. Comp. Endocrinol.* 93: 36-43.

Kontakt: Juliane Riechert, Institut für Vogelforschung „Vogelwarte Helgoland“ An der Vogelwarte 21, 26386 Wilhelmshaven, juliane.riechert@ifv.terramare.de

Schwemmer P & Garthe S (Büsum):

Wann schmeckt's am besten? Analyse der Nutzung des Nahrungshabitats von Austernfischern mittels GPS-Datenlogger

Lange Abwesenheiten vom Revier und Nest erhöhen das Risiko der Prädation des Geleges. Wir vermuteten daher, dass die Nahrungsflüge von Austernfischern *Haematopus ostralegus* räumliche und zeitliche Muster aufweisen würden, die das Prädationsrisiko des Geleges minimieren. In den Schwanzfedern von jeweils 8 Austernfischern, die auf der Hallig Oland brüteten, wurden mini-GPS-Datenlogger (earth & ocean technologies, Kiel) befestigt. Die Geräte zeichnen mit einer Ungenauigkeit von < 50 m die geographische Position und Fluggeschwindigkeit des Tieres sowie die Uhrzeit auf. Viele Individuen hatten

mehrere Fressreviere auf den Wattflächen in unterschiedlicher Entfernung zum Nest, die sie wiederholt aufsuchten. Die meisten Individuen verbrachten nachts mehr Zeit im Fresshabitat als tagsüber. Die kürzere Anwesenheit im Fresshabitat während des Tages könnte durch den Prädationsdruck von Möwen und Greifvögeln ausgelöst sein, die Austernfischer dazu zwingen, möglichst viel Zeit bei Helligkeit am Nest bzw. im Brutrevier zu verbringen, um das Gelege zu verteidigen.

Kontakt: P. Schwemmer, schwemmer@ftz-west.uni-kiel.de

Päckert M, Tietze DT & Martens J (Dresden, Mainz):

Baumläufer *Certhia* und Goldhähnchen *Regulus* singen ihre Stammesgeschichte

Die beiden holarktisch verbreiteten Singvogelgattungen Baumläufer *Certhia* und Goldhähnchen *Regulus* umfassen jeweils nur wenige Arten, deren verwandtschaftliche Beziehungen anhand von DNA-Sequenzen (mitochondriales Cytochrom-*b*-Gen) weitgehend geklärt sind (Päckert et al. 2008, Tietze et al. 2006). Die Reviergesänge dieser Vögel sind relativ einfach strukturiert und intraindividuell fast nicht und innerhalb einer Population nur wenig variabel (Päckert et al. 2003, Tietze et al. 2008). Vor allem bei den kryptisch gefärbten Baumläufern sind die Lautäußerungen ein besonders wichtiges Erkennungsmerkmal für die Vögel selbst. Dennoch können Lernprozesse zu Merkmalskonvergenzen führen. Anhand der Projektion einer Matrix von Gesangsmerkmalen auf die molekularen Phylogenien haben wir überprüft, inwieweit kulturelle Evolution in beiden Gattungen parallel zur genetischen verlief. Änderungen in Gesangsmerkmalen stimmen generell gut mit der molekularen Phylogenie überein. Besonders starke phylogenetische Signale treten im Falle der Baumläufer bei denjenigen Merkmalen auf, die entweder die Unterteilung der Gattung in zwei Gruppen (Triller- und Motivsänger) unterstützen oder die Differenzierung innerhalb dieser Gruppen beschreiben (Trillermerkmale, „srieh“-Element). Goldhähnchen-Gesangstropfen sind aus fünf distinkten Gesangsbausteinen zusammengesetzt. Ähnlichkeiten von Syntaxmerkmalen sowohl der Gesamtstrophe als auch einzelner Bausteine stimmen in hohem Maße mit den molekularen Daten überein, Strukturmerkmale von Einzelelementen dagegen nicht. Konvergente Merkmalsevolution findet sich eher bei erlernten Komponenten. Zwischen allen Taxonpaaren innerhalb beider Gattungen berechneten

wir einen akustischen Divergenzindex und verglichen diesen mit den genetischen Distanzen. Beide Divergenzparameter korrelieren für paarweise Vergleiche von Goldhähnchen-Taxa signifikant (Päckert et al. 2003). Grundsätzlich gilt dies auch für die Baumläufer, bei denen sich aber die Auftrennung der Gattung in Triller- und Motivsänger bemerkbar macht (Tietze et al. 2008).

Mit Unterstützung des Evangelischen Studienwerkes Villigst, der Feldbausch- und der Wagner-Stiftung am Fachbereich Biologie der Universität Mainz, der Deutschen Ornithologen-Gesellschaft (China-Projekt A. Gebauer, M. Kaiser, J. Martens; Taiwan-Projekt M. Päckert) und der Gesellschaft für Tropenornithologie.

Literatur

- Päckert M, Martens J, Kosuch J, Nazarenko AA & Veith M 2003: Phylogenetic signal in the song of Crests and Kinglets (Aves: *Regulus*). *Evolution* 57: 616-629.
- Päckert M, Martens J & Severinghaus LL 2008: The Taiwan Firecrest (*Regulus goodfellowi*) belongs to the Goldcrest assemblage (*Regulus regulus* s.l.). *J. Ornithol.* DOI: 10.1007/s10336-008-0335-5.
- Tietze DT, Martens J & Sun Y-H 2006: Molecular phylogeny of treecreepers (*Certhia*) detects hidden diversity. *Ibis* 148: 477-488.
- Tietze DT, Martens J, Sun Y-H & Päckert M 2008: Evolutionary history of treecreeper vocalisations (Aves: *Certhia*). *Organisms, Diversity & Evolution*. DOI: 10.1016/j.ode.2008.05.001.

Kontakt: Martin Päckert, Museum für Tierkunde, Königsbrücker Landstr. 159, 01109 Dresden, martin.paeckert@nsd.smwk.sachsen.de.

Sonntag N & Zours A (Büsum, Hamburg):

Da ist der Wurm drin: Nahrung adulter und junger Schwarzkopfmöwen *Larus melanocephalus* auf der Pionierinsel Lühesand in der Unterelbe

In der Unterelbe, etwa 25 km westlich von Hamburg, liegt die Pionierinsel Lühesand, eine ca. 5,5 ha große, dem Lühesand südlich vorgelagerte Insel. Inmitten einer großen Sturmmöwenkolonie (derzeit ca. 4000 Brutpaare) brüten Schwarzkopfmöwen dort seit 1987 alljährlich. Die Besiedlung erfolgte im Rahmen der seit 1950 stattfindenden Ausbreitung der Art nach Mittel-, West- und Nordeuropa sowie der in den 1980er und 1990er Jahren erfolgten deutlichen Bestandszunahme der Schwarzkopfmöwe in Deutschland. In den letzten drei Jahren lag der Brutbestand auf der Pionierinsel nahezu konstant bei 141-149 Paaren. Die Kolonie ist

damit das momentan größte Brutvorkommen der Art in Deutschland, der gesamtdeutsche Bestand beträgt derzeit etwa 250-300 Brutpaare. Seit 2005 werden Schwarzkopfmöwen auf der Pionierinsel Lühesand mit Farbringen markiert, um insbesondere Informationen über Zugwege, Winterquartiere und Koloniebesiedlung zu erhalten. Ab dem Jahr 2006 wurden bei dieser Gelegenheit Nahrungsproben in Form von Speiballen und ausgewürgten, unverdauten Nahrungsresten gesammelt. Insgesamt wurden 40 Proben von adulten Tieren und 37 Proben von Küken qualitativ analysiert. In beiden Fällen bestand die Nahrung ausschließlich aus terre-

strischen Beutetieren, wobei Regenwürmer und Insekten (vor allem Käfer) den Hauptanteil der Nahrungskomponenten ausmachten. Daneben wurden auch Getreidesamen in z. T. größeren Mengen gefunden. Die

Ergebnisse wurden vergleichend zwischen adulten Tieren und Küken sowie zwischen den drei Untersuchungsjahren 2006-2008 dargestellt.

Kontakt: Nicole Sonntag, sonntag@ftz-west.uni-kiel.de

Tietze DT & Herwig S (Dresden, Gimsheim):

Laos – auch ornithologisch sehenswert

Die Landesfläche von Laos entspricht nur etwa zwei Drittel der Deutschlands (bei 8 % der Bevölkerungsgröße), dennoch wurden dort schon etwa 700 Vogelarten nachgewiesen (Duckworth et al. 1999). Eine solche große Artenvielfalt ist für Südostasien nichts Ungeöhnliches. Ein entscheidender Faktor für die Diversität sind die noch immer sehr großen Waldvorkommen. Doch auch in Laos schreitet der Raubbau an der Natur trotz einer weitreichenden Abschottung des Landes voran. Selbst die Einheimischen, die in Folge der Indochinakriege oftmals nicht mehr in ihren angestammten Landesteilen leben, nutzen die Natur nicht (mehr) nachhaltig. Schutzmaßnahmen sind also dringend geboten. Vier der 27 IBA liegen jedoch außerhalb der ohnehin eher formalen Schutzgebiete (Ounekham & Inthapatha 2003). Erst seit zehn Jahren erfassen westliche Forscher wieder das Vogelleben in Laos. In einigen Landesteilen haben seit dem Ende der Kolonialzeit noch gar keine ornithologischen Untersuchungen stattgefunden. Ein nicht unwesentlicher Grund dafür: Über keinem Land der Erde wurden bislang so viele Bomben abgeworfen wie über Laos. Noch heute sind nicht alle Blindgänger sichergestellt. Sie stellen gerade in den abgelegenen Landesteilen eine große Gefahr für Mensch und Tier dar. Entlang des Flusses Nam Khan, der bei

Luang Prabang in den Mekong mündet, beteiligten wir uns am Ende der Trockenzeit an einer faunistischen Erfassung. Sie soll mit dazu beitragen, dass die Region zum Biosphärenreservat wird, nachdem Luang Prabang selbst bereits 1995 zum UNESCO-Weltkulturerbe erklärt wurde. Vor dem Hintergrund der Landschaft des Flusstals stellten wir einige der über hundert festgestellten Vogelarten im Bild vor.

Dank. Mit Unterstützung der Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und des Forschungsinstitut und Naturmuseum Senckenberg.

Literatur

Duckworth JW, Salter RE & Khounboline K (Hg.) 1999: Wildlife in Lao PDR: 1999 Status Report. IUCN-The World Conservation Union, Wildlife Conservation Society, Centre for Protected Areas and Watershed Management, Vientiane.

Ounekham K & Inthapatha S 2003: Important: bird areas in Lao P.D.R. Department of Forestry, BirdLife International in Indochina and the Wildlife conservation Society Lao Program, Vientiane.

Kontakt: Dieter Thomas Tietze, Museum für Tierkunde, Königsbrücker Landstr. 159, 01109 Dresden, mail@dieterthomastietze.de

Tietze DT, Päckert M & Martens J (Dresden, Mainz):

Die Tannenmeise *Parus ater* – ein Lied geht um die (halbe) Welt

Einschließlich der fälschlich als eigene Art geführten „Schwarzschopfmeise“ *Parus (ater) melanolophus* bewohnt die Tannenmeise *Parus ater* mit 24 Unterarten die Nadelwälder der gesamten Paläarktis von Irland und Marokko im Westen bis Japan und Taiwan im Osten (Harrap & Quinn 1996). Eine molekulare Phylogenie anhand des mitochondrialen Cytochrom-*b*-Gens offenbart, dass es mehrere Haplotypencluster gibt, von denen einzelne mehrere traditionelle Unterarten umfassen können. Einzelne machen sogar eine nomenklatorische Aufspaltung bekannter Unterarten notwendig (Martens et al. 2006). Letzteres ist sogar mitten in Europa der Fall! Um die verwandtschaftlichen Beziehungen zwischen diesen neu definierten Unterarten(gruppen) wider-

spruchsfrei auflösen zu können, stellten wir Phylogenien vor, die auf weiteren mitochondrialen und nukleären Genen basieren. Im Gegensatz zu dieser genetischen Substrukturierung erscheint der Territorialgesang der Tannenmeise vergleichsweise einheitlich. Zwei bis vier abfallende oder ansteigende Elemente bilden stets ein mehrfach wiederholtes Motiv (Martens 1975). Dabei hat aber jedes Männchen mehrere Strophentypen, was den interindividuellen Vergleich erschwert. Wir zeigten anhand sonametrischer Analyse und mittels multivariater Statistik, inwieweit dennoch der Gesang eines Tannenmeisen-Männchens geographisch zugeordnet werden kann. Experimentell prüften wir in Klangattractivenversuchen, in welchem Maße mitteleuropäische

Tannenmeisen Gesänge anderer Populationen als art-eigen erkennen, und interpretierten diese Befunde vor dem Hintergrund der molekularen Phylogenie und der Gesangsvergleiche.

Dank. Mit Unterstützung der Feldbausch- und der Wagner-Stiftung am Fachbereich Biologie der Universität Mainz sowie der Deutschen Ornithologen-Gesellschaft (China-Projekt A. Gebauer, M. Kaiser, J. Martens).

Literatur

Harrap S & Quinn D 1996: Tits, Nuthatches & Treecreepers. A & C Black, London.

Martens J 1975: Akustische Differenzierung verwandtschaft-

licher Beziehungen in der *Parus (Periparus)*-Gruppe nach Untersuchungen im Nepal-Himalaya. J. Ornithol. 116: 369-433.

Martens J, Tietze DT & Sun Y-H 2006: Molecular phylogeny of *Parus (Periparus)*, a palearctic radiation of titmice. Zool. Abh. (Dresden) 55: 9-26.

Kontakt: Dieter Thomas Tietze, Museum für Tierkunde, Königsbrücker Landstr. 159, 01109 Dresden, mail@dieterthomastietze.de.

Themenbereich „Geschichte der Ornithologie“

• Vorträge

Seitz J (Bremen):

Hartlaub & Finsch – zwei ornithologische Meister des 19. Jahrhunderts am Bremer Museum

Durch weltweite Handelsbeziehungen gelangte schon zu Beginn des 19. Jahrhunderts eine große Anzahl exotischer Vögel in die Sammlungen der Bremer Gesellschaft Museum. Diese Sammlungen boten Gustav Hartlaub (1814-1900), Sohn eines angesehenen Bremer Kaufmanns und Ratsherrn, ein reiches Betätigungsfeld für seine ornithologischen Interessen, nachdem er sein Studium der Naturwissenschaften und Medizin beendet und sich als Arzt 1841 in Bremen niedergelassen hatte.

Von Beginn der 1840er Jahre bis zum Ende der 1890er Jahre entfaltete er eine ungemein rege publizistische Tätigkeit auf dem Gebiet der exotischen Ornithologie, knüpfte weltweite Kontakte und baute als deren Verwalter die Bremer Vogelsammlung systematisch aus. Bereits 1844 legte er anlässlich der Versammlung deutscher Naturforscher und Ärzte in Bremen ein Verzeichnis der Bremer Vogelsammlung vor, das bereits 2000 Arten umfasste. In einem zwei Jahre später erschienen Nachtrag dazu konnte er bereits 240 neue Arten anführen, darunter einen Riesenalk und einen Kiwi. Schwerpunkt der Arbeit Hart-

laubs war anfangs die Vogelwelt Amerikas, danach vor allem die Afrikas und Madagaskars (vgl. Hartlaub 1877). Schon sein erstes Buch „System der Ornithologie Westafrika´s“ (Hartlaub 1857) brachte ihm wegen seines scharfen Blicks für die Erkennung und Abgrenzung der Vogelarten große Anerkennung. Seit 1846 lieferte er bereits regelmäßig Berichte über die Leistungen der Naturgeschichte auf dem Gebiet der Vogelkunde. Hartlaub war in erster Linie an faunistischen und zoogeographischen Fragen interessiert. Er wollte anhand der Zusammensetzung regionaler Avifaunen Gebiete zoogeographisch abgrenzen. Systematische Fragen interessierten ihn weniger, er orientierte sich an den vorhandenen, meist englischen Systemen.

1864 gelang es Hartlaub, den aus Schlesien stammenden Otto Finsch (1839-1917) vom Leidener Museum in den Niederlanden an das Bremer Museum zu holen. Beide zusammen bearbeiteten in größeren Werken die Vogelwelt Ostafrikas (Finsch & Hartlaub 1870) und der Südsee, letztere nach den Sammlungen des Hamburger Handelshauses Godeffroy. Aus diesen konnten sie 50 neue Arten beschreiben. Finsch



Abb.1: Gustav Hartlaub

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Vogelwarte - Zeitschrift für Vogelkunde](#)

Jahr/Year: 2008

Band/Volume: [46_2008](#)

Autor(en)/Author(s): diverse

Artikel/Article: [Themenbereich "Freie Themen" 313-326](#)