

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

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

Jahr/Year: 2011

Band/Volume: [49_2011](#)

Autor(en)/Author(s): diverse

Artikel/Article: [Schwerpunktthema "Populationsgenetik" 242-246](#)

für den gesamten Wasserkörper der Ostsee abgeschätzt. Die dazu notwendigen Prognosen wurden aus den Modellen GETM und ERGOM/MOM des Leibniz-Instituts für Ostseeforschung Warnemünde (IOW) gewonnen.

Die Modellierung der Langzeitentwicklung der winterlichen Eisbedeckung in der Ostsee ergab bis zum Jahr 2100 eine Abnahme der Eisschicht um durchschnittlich 17,5 cm, was mit einem drastischen Rückzug der geschlossenen Eisdecke einhergeht (Abb. 1). Somit blieben infolge Klimawandel potenzielle Nahrungsgründe (Bereiche mit Wassertiefen ≤ 20 m) zunehmend eisfrei, so dass sich die Überwinterungsgebiete der Eisente entsprechend verlagern könnten. Gemessen an dem heute zur Verfügung stehenden Überwinterungsgebiet wäre aber der Habitatgewinn durch den Rückgang des Eises hauptsächlich in der südwestlichen Ostsee zu erwarten. Im Norden fallen vergleichsweise wenige Bereiche mit geeigneter Wassertiefe frei. Selbst nach 90 Jahren der Erderwärmung wird die Schärenküste vor Finnland im Monat März vereist sein (Abb. 1).

Dieses Ergebnis unterstreicht die langfristige Bedeutung der südwestlichen Ostsee als Kernzone des Überwinterungsgebiets von Eisenten. Neben Veränderungen von abiotischen Faktoren müssen künftig auch großflächige Veränderungen in der Nahrungsverfügbarkeit

(Muschel-Biomasse) und die Umstrukturierung der anthropogenen Meeresnutzung (Fischerei, Windkraft, Kiesabbau) berücksichtigt werden. Die Modellierung dieser Einflüsse auf die Habitatqualität ist Gegenstand unserer aktuellen Forschung.

Gefördert durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) im Rahmen von RADOST (Regionale Anpassungsstrategien für die deutsche Ostseeküste) als Teil von KLIMZUG („Klimawandel in Regionen zukunftsfähig gestalten“).

Literatur

- Mendel B, Sonntag N, Wahl J, Schwemmer P, Dries H, Guse N, Müller S & Garthe S 2008: Artensteckbriefe von See- und Wasservögeln der deutschen Nord- und Ostsee. Verbreitung, Ökologie und Empfindlichkeiten gegenüber Eingriffen in ihren marinen Lebensraum. Naturschutz und Biologische Vielfalt 59. Bundesamt für Naturschutz, Bonn.
- White TP, Veit RR & Perry MC 2009: Feeding ecology of long-tailed ducks (*Clangula hyemalis*) wintering on the Nantucket Shoals. Waterbirds 32: 293-299.
- Žydelis R & Ruškytė D 2005: Winter foraging of long-tailed ducks (*Clangula hyemalis*) exploiting different benthic communities in the Baltic Sea. The Wilson Bulletin 117: 133-141.

Schwerpunkthema „Populationsgenetik“

• Plenarvorträge

Liebers-Helbig D (Stralsund):

Populationsgenetik von Seevögeln – neue Methoden für alte Fragen

✉ Dorit Liebers-Helbig; E-Mail: Dorit.Liebers@meeresmuseum.de

Die Populationsgenetik untersucht zeitliche Veränderungen von homologen Genen (Allelen) innerhalb und zwischen Populationen. Dazu ermittelt sie zum einen die Häufigkeiten, mit der bestimmte Gene in einer Population vorkommen und analysiert zum anderen die Ursachen, die zu diesem Verteilungsmuster geführt haben.

Bereits 1908 postulierten Wilhelm Weinberg und Godfrey Hardy unabhängig voneinander, dass bei rein zufälliger Paarung und Abwesenheit von Mutation, Selektion oder Migration die Häufigkeit von Allelen von Generation zu Generation konstant bleibt. In einer derart idealisierten Population kann Evolution jedoch nicht stattfinden – dafür bedarf es immer der Veränderung

von Allelhäufigkeiten, z.B. infolge von Mutation, Selektion, genetischer Drift, Isolation (Trennung) bzw. Genfluss zwischen Populationen. Das auf dieser Annahme basierende Hardy-Weinberg-Gesetz liefert jedoch ein mathematisches Modell zur Berechnung von Evolutionsvorgängen.

Als eigenständiger Forschungszweig entwickelte sich die Populationsgenetik in den 1920er Jahren. Ihre Begründer waren Sewall Wright, Ronald A. Fisher und John S. Haldane. 1930 veröffentlichte Fisher sein Werk „The genetical theory of natural selection“ und postulierte, dass Evolution an die Änderung der Häufigkeiten bestimmter Gene in einem Genpool gekoppelt ist. Al-

lerdings beschränkten sich seine Betrachtungen auf Gene, die im Phänotyp auftreten und somit von Selektion erfasst werden können.

Mit der Veröffentlichung „Genetics and Origin of Species“ entwickelte Theodosius Dobzhansky 1937 die Grundlagen für die Synthetische Evolutionsbiologie, in der er die wichtigsten Elemente der Genetik und Evolutionsbiologie zusammenführte. Nach Dobzhansky ist Evolution der Wechsel von Allelfrequenzen in einem Genpool.

Seit den 1980er Jahren hielten zunehmend molekulargenetische Methoden Einzug in die Populationsgenetik. Die frühen, vergleichenden Methoden, basierend auf Enzymvariationen (Allozyme), wurden in jüngerer Zeit von modernsten Techniken und statistischen Ver-

fahren für die multivariate Analyse individueller Gensequenzen abgelöst. Dabei spielen die DNA-Sequenzierung mitochondrialer und nuklearer Gene, aber auch Mikrosatelliten- sowie Genom-Analysen eine zentrale Rolle. Sie erlauben die Untersuchung vielfältiger Fragestellungen, von der Rekonstruktion des Evolutionsprozesses bis zur Analyse der Mechanismen, die den Evolutionsprozess in Gang halten und gewisse Allele gegenüber anderen bevorzugen.

Neben den theoretischen Grundlagen gab der Vortrag Einblicke in aktuelle Trends der Populationsgenetik, die Vor- und Nachteile der zahlreichen molekulargenetischen Methoden sowie die Einsatzmöglichkeiten für ornithologische Fragestellungen, wobei der Schwerpunkt auf den See- und Küstenvögeln lag.

Segelbacher G (Freiburg):

Artenschutz und Genetik - welche Möglichkeiten gibt es in der Ornithologie?

✉ Gernot Segelbacher; E-Mail: gernot.segelbacher@wildlife.uni-freiburg.de

Molekulare Methoden haben in den letzten Jahren in der Ökologie und im Naturschutz an Bedeutung gewonnen. Sie ermöglichen es Fragestellungen zu bearbeiten, die bisher nicht oder mit anderen Methoden nur schwer zu beantworten waren. Anhand einiger ausgewählter Beispiele sollen die Möglichkeiten und Grenzen genetischer Ansätze in der Ornithologie aufgezeigt und die zukünftige Entwicklung des Forschungsfeldes skizziert werden.

Einer der großen Vorteile genetischer Methoden ist die Möglichkeit, DNA aus Federn, Kotproben oder Eischalen zu gewinnen. Damit müssen Vögel nicht mehr unbedingt gefangen werden und es können mit dieser sogenannten nicht-invasiven genetischen Probennahme Informationen zu bedrohten oder störungsempfindlichen Arten gewonnen werden, die sonst nur mit einer starken Beunruhigung verbunden wären.

Genetische Methoden spielten in der Ornithologie zunächst bei taxonomischen Fragen eine wichtige Rolle. Mit dem routinemäßigen Einsatz molekularer Tech-

niken und der Verfügbarkeit geeigneter molekularer Marker wurden zunehmend ökologische Themen untersucht. So sind zum Beispiel die Untersuchung von Verwandtschaftsverhältnissen und der Nachweis von Fremdpatenschaften bei Brutpaaren heute Standardmethoden in ökologischen Populationsstudien.

Im Naturschutz ist es häufig wichtig zu wissen, wie viele Individuen einer Art in einem bestimmten Gebiet vorkommen und ob kleine, isolierte Vorkommen mit anderen Populationen vernetzt sind. Ohne klassische Markierungen kann in solchen Fällen mittels genetischer Ansätze die Anzahl der Individuen und der Genfluss zwischen Populationen abgeschätzt und festgestellt werden, inwieweit ein Austausch zwischen einzelnen Vorkommen noch stattfindet. Mittels landschaftsgenetischer Analysen lassen sich weiterhin mögliche Barrieren für den Genfluss identifizieren und letztlich konkrete Managementpläne für eine Vernetzung einzelner Vorkommen entwickeln.

• Vorträge

Mollet P, Kéry M, Gardner B, Pasinelli G & Royle A (Sempach/Schweiz):

Kotproben, DNS und Statistik: Schätzung der Populationsgröße beim Auerhuhn *Tetrao urogallus* mit DNS-basierter Identifikation der Individuen und räumlichen Fang-Wiederfang-Modellen

✉ Pierre Mollet; E-Mail: pierre.mollet@vogelwarte.ch

Robuste Schätzungen von Populationsparametern sind von grosser Bedeutung in der Ökologie, Evolutionsbiologie und im Artenschutz. Dank Fortschritten in der Molekularbiologie und Statistik können solche Schätzungen heute wesentlich leichter und genauer vorgenommen werden als noch vor ein paar Jahren. Für heimlich lebende Arten wie beispielsweise das Auerhuhn ist es aber auch heute noch schwierig, wichtige Populationsparameter zu messen. Um die Bestandsgrösse einer Auerhuhn-Population in den nördlichen Voralpen der Schweiz zu schätzen, sammelten wir im Frühjahr 2009 Kotproben in acht Waldfragmenten mit einer Gesamtfläche von 17km². Aus der im Kot enthaltenen DNS ermittelten wir mit molekularbiologischen Methoden den Genotyp (und damit das jeweilige Individuum) sowie das Geschlecht. Für die Schätzung des Bestands benutzten wir ein räumliches Fang-Wiederfang-Modell (spatial capture-recapture SCR), welches gleichzeitig die Entdeckungswahrscheinlichkeit sowie die räumliche Anordnung der Nachweise jedes einzelnen Individuums in die

Schätzung integriert. Wir identifizierten 127 Genotypen (77 Hähne, 46 Hennen und 4 mit unbestimmtem Geschlecht). Das SCR-Modell schätzte eine totale Anzahl von 137,3 Auerhühnern (95% CRI 130–147). Das aufgrund der 127 identifizierten Auerhühner ermittelte Geschlechterverhältnis (Männchen zu Weibchen) betrug 0,63, das mit dem SCR-Modell geschätzte Geschlechterverhältnis 0,58 (posterior STD 0,02). Die Wahrscheinlichkeitsverteilung des Geschlechterverhältnisses überlappte nicht mit dem Wert 0,5, was nahelegt, dass das Verhältnis in dieser Population zugunsten der Hähne verschoben ist. Eine Simulation zeigte, dass für die untersuchte Auerhuhnpopulation schon mit 75% der vorhandenen Daten ausreichend genaue Schätzwerte des Bestands und des Geschlechterverhältnisses erzielt werden können. Unsere Studie demonstriert, dass mit modernen genetischen und statistischen Methoden sowie einem adäquaten Design für die Probensammlung im Feld auch für schwierig zu beobachtende Arten wichtige Populationsparameter geschätzt werden können.

Janowski S & Wink M (Heidelberg):

Wiesenweihenschutz in Deutschland - Populationsgenetik schafft neue Möglichkeiten

✉ Susann Janowski und Michael Wink, Institut für Pharmazie und Molekulare Biotechnologie (IPMB), INF 364, 69120 Heidelberg; E-Mail: susann.janowski@freenet.de; Wink@uni-hd.de

Notwendigkeit alternativer Schutzkonzepte

Kaum eine andere Greifvogelart in Westeuropa ist heute aufgrund ihres bevorzugten Bruthabitates, den Getreidefeldern, so sehr von gezielten Artenschutzmaßnahmen abhängig wie die Wiesenweihe *Circus pygargus*. Ihre ursprünglichen Bruthabitate wie Feuchtwiesen suchen sie kaum mehr auf, zumal diese sehr selten geworden sind. Da in der Regel zum Mahdzeitpunkt die Jungtiere noch nicht flügge sind, würden die meisten der in Westeuropa schlüpfenden Jungtiere ohne Nestschutz durch Erntearbeiten getötet werden (Arroyo et. al. 2002). In Bayern

wird dies durch das sehr erfolgreiche Artenhilfsprogramm Wiesenweihe verhindert, welches vom Bayerischen Landesamt für Umwelt (LfU) 1999 in Auftrag gegeben wurde und vom Landesbund für Vogelschutz in Bayern e.V. (LBV) umgesetzt wird. Dabei werden alle Nester von ehrenamtlichen Vogelschützern erfasst und eine Restfläche um den Horst bei der Ernte stehen gelassen, für die der Landwirt eine Entschädigungszahlung erhält. Zwischen 1990 und 2000 siedelten sich Wiesenweihen vor allem in Mainfranken wieder an. 2010 brüteten von 173 Brutpaaren in Bayern allein 162 in Main-

franken. Um den bereits erzielten Erfolg zu unterstützen und die derzeitigen Schutzstrategien zu verbessern, wird eine umfangreiche genetische Untersuchung der mainfränkischen Population durchgeführt.

Einmalige Datengrundlage

Die genetischen Untersuchungen basieren überwiegend auf Blutproben, die von Jungvögeln seit dem Jahr 2000 in mainfränkischen Brutgebieten gesammelt werden. Diese weltweit einmalige Datengrundlage von bereits mehr als 1500 Blutproben wird seit 2009 durch Blutproben von adulten Brutweibchen ergänzt. Um den Weibchen den Fang zu ersparen, wird eine sehr raffinierte Methode mit Blut saugenden Wanzen herangezogen (Becker et. al 2006). Eine Raubwanze (*Dipetalogaster maximus*) wird in ein künstliches Wiesenweihen-Ei gesetzt, welches mit kleinen Löchern versehen ist. Dieses wird für vier Stunden in das Gelege platziert, so dass es vom Weibchen „mit bebrütet“ wird. Die Wanze im Ei kann durch eines der Löcher stechen und vom Vogel Blut saugen, welches anschließend mit einer Spritze aus der Wanze zurückgewonnen wird. Das so gewonnene Blut ist für DNA-Untersuchungen geeignet. Weitere Blut- und Federproben werden in Nordrhein-Westfalen, Sachsen-Anhalt und Niederbayern gesammelt, die für populationsvergleichende Analysen zusätzlich herangezogen werden können.

Analysemethoden

Für die populationsgenetischen Analysen werden DNA-Marker eingesetzt. Neben Nucleotidsequenzen des mitochondrialen Cytochrom b-Gens wird die Mikrosatelliten-DNA (STR) als ein genetischer Kernmarker verwendet. Mikrosatelliten sind Abschnitte in der DNA, die so variabel sind, dass sie bei einem genügend großen Markerset die Unterscheidung einzelner Individuen zulassen. Dafür müssen 10-20 Mikrosatelliten durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) amplifiziert und die Allel-Verteilung der Loci verglichen werden. Da Mikrosatelliten von den Eltern an die Nachkommen vererbt werden, sind Vaterschaftstests möglich. Jedes Individuum weist pro STR-Lokus zwei Allele auf, von denen eins von der Mutter, das andere vom Vater stammt. Für Paternitätsuntersuchungen stehen bereits 77 Nester zur Verfügung, von denen Blutproben der

Mütter und der Nachkommen vorhanden sind. Zudem können die Genotypen der Mütter und Väter über die Blutproben von Jungtieren rekonstruiert werden. Durch die DNA-Typisierung von Jungvögeln verschiedener Jahre aus identischen Brutrevieren lassen sich nicht nur Stammbäume erstellen, sondern auch Lebensläufe einzelner Tiere verfolgen. Die kontinuierliche Beobachtung der Population wird es erlauben, bedeutende schutzrelevante Informationen abzuleiten.

Schutzrelevante Fragestellungen

1. Demographie und Gefährdungsgrad der Population: Insbesondere sollen ermittelt werden: genetische Variabilität, Inzuchtgrad, Altersstruktur, Geschlechterverhältnisse der Jungtiere, Austauschraten der Altvögel.
2. Bruterfolg: Produktivität in bestimmten Brutgebieten mit unterschiedlicher landwirtschaftlicher Nutzung.
3. Persistenz: Bruthabitatreue in aufeinander folgenden Jahren. Gibt es eine Prägung auf bestimmte Bereiche?
4. Vergleich mit benachbarten Brutvorkommen: Bestimmung des Philopatriverhaltens, Rückkehrraten der Jungtiere. Bestehen Verbindungen zu Nachbarpopulationen?
Welchen Anteil haben zugewanderte Individuen?

Fazit

Effiziente und angepasste Schutzkonzepte werden benötigt, um den jährlichen Schutzaufwand zu reduzieren und stets knappe Naturschutzmittel einzusparen. Die erforderlichen präzisen Kenntnisse zur Biologie der Wiesenweihe können nur gewonnen werden, wenn das Leben einzelner Tiere über einen sehr langen Zeitraum verfolgt wird. Die Populationsgenetik bietet hier außergewöhnliche Möglichkeiten.

Literatur

- Arroyo B, Garcia JT & Bretagnolle V 2002: Conservation of the Montagu's harrier (*Circus pygargus*) in agricultural areas. *Animal Conservation* 5: 283-290.
- 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: 115-118.

Sammler S, Ketmaier V, Havenstein K & Tiedemann R (Potsdam):

Separation, Migration & Hybridisierung – populationsgenetische Analysen an zwei philippinischen Hornvogelgattungen

✉ Svenja Sammler, Universität Potsdam, Institut für Biochemie und Biologie, AG Evolutionsbiologie/Spezielle Zoologie, Karl-Liebknecht-Str. 24-25, Haus 26, 14476 Potsdam; E-Mail: sammler@uni-potsdam.de

Der Waldhornvogel *Aceros waldeni* und der Visayas-Tariktikhornvogel *Penelopides panini* sind zwei durch Jagd und Habitatzerstörung gefährdete endemische Arten auf den westlichen Visayas-Inseln der Philippinen. Der Waldhornvogel lebt heute mit einer substanzialen Population nur noch auf Panay; der Visayas-Tariktikhornvogel kommt sowohl auf Panay als auch noch auf Negros vor. Auf Panay sind die Arten in das Schutzprogramm des Panay Eco-Social Conservation Project integriert. Um die genetische Vielfalt bzw. potenzielle Inzucht dieser bedrohten Hornvögel zu quantifizieren, werden verschiedene genetische Marker untersucht. In der Genbank NCBI ist die Familie der Hornvögel (Bucerotidae) zurzeit noch deutlich unterrepräsentiert. Mehr als die Hälfte der Nukleotidsequenzen werden durch die afrikanischen *Tockus*-Arten gestellt. Unter den asiatischen Hornvögeln gelten die philippinischen als die am schlechtesten untersuchten. Vor allem die Taxonomie und Phylogenie der Gattung *Penelopides* sind umstritten (Kemp 1988; Hübner et al. 2003). Nach der vollständigen Sequenzierung des äußerst komplex aufgebauten mitochondrialen Genoms und dem Nachweis von häufiger mitochondrialer Rekombination (Sammler et al. 2011a), werden hier die Ergebnisse der phylogeographischen Untersuchungen an der mitochondrialen Kontrollregion I und an einer Reihe von z.T. selbst etablierten Mikrosatellitenmarkern (Sammler et al. 2011b) präsentiert. Von allen heute noch vorhandenen Populationen liegen Proben vor. In die populationsgenetischen Analysen werden für Vergleichszwecke die nicht gefährdeten, auf den Nachbarinseln vorkommenden Schwesterarten Mindanaohornvogel *Aceros leucocephalus* (Mindanao) bzw. Luzon-Tariktikhornvogel *Penelopides manillae* (Luzon und Polillo) einbezogen. Blutproben von gefangen gehaltenen Vögeln sowie gemauserte Federn von wild lebenden Tieren dienen als DNA-Quelle.

Beim Visayas-Tariktikhornvogel zeigte sich sowohl auf Basis der mitochondrialen DNA (Kontrollregion I) als auch auf Basis der Mikrosatelliten eine genetische Trennung der Populationen auf Panay und Negros. Innerhalb der Kontrollregiondaten gibt es jedoch einzelne Ausnahmen, die darauf hinweisen, dass es nach der Separation der Populationen zur Migration weiblicher Vögel von Panay nach Negros gekommen sein muss. Wie sich die mittlerweile ausgestorbene Population auf

der zwischen Panay und Negros gelegenen Insel Guimaras in diese Entwicklungsgeschichte einfügt, sprich, ob ihre genetische Linie nach Migration auf Panay oder Negros weiterleben konnte oder ob sie völlig erloschen ist, soll durch Untersuchung von Balgmateriale aus dem Museum für Naturkunde Berlin noch geklärt werden.

Beim Luzon-Tariktikhornvogel konnte ebenfalls eine gewisse Trennung der Populationen von Luzon und Polillo, die herkömmlicherweise als zwei Unterarten gehandelt werden (Kemp 1988 und 1995), festgestellt werden. In diesem Fall wurde Migration vor einigen Generationen, aber auch aktuelle Hybridisierung nachgewiesen.

Sowohl in der Gattung *Penelopides* als auch in der Gattung *Aceros* zeigte sich, dass die gefährdeten Arten der westlichen Visayas eine geringere genetische Diversität aufweisen als ihre nicht gefährdeten Schwesterarten auf den Nachbarinseln.

Dank. Für die Unterstützung bei der Probennahme danken wir Eberhard Curio, Enrique Sanchez, Martin Berg, Lucia L. Lastimoza, Antonio M. de Dios, Roberto P. Puentespina, Joaquin Gaw, Gerardo Ledesma und José Bouffard. Die Studienstiftung des deutschen Volkes unterstützte Svenja Sammler mit einem Stipendium.

Literatur

- Hübner SM, Prinzing R, Wink M 2003: Neue Erkenntnisse zur Taxonomie der Hornvögel (Aves: Bucerotiformes) und ihre Bedeutung für die Zucht in Menschenobhut. *Zool Gart N.F.* 73: 397-401.
- Kemp AC 1988: The systematics and zoogeography of Oriental and Australasian hornbills (Aves: Bucerotidae). *Bonn. zool. Beitr.* 39: 315-345.
- Kemp AC 1995: *The hornbills*. Oxford University Press, Oxford.
- Sammler S, Bleidorn C, Tiedemann R 2011a: Full mitochondrial genome sequences of two endemic Philippine hornbill species (Aves: Bucerotidae) provide evidence for pervasive mitochondrial DNA recombination. *BMC Genomics* 12: 35.
- Sammler S, Havenstein K, Tiedemann R 2011b: 14 new microsatellite markers for the Visayan tarictic hornbill (*Penelopides panini*) and their cross-species applicability among other endangered Philippine hornbills. *MS.Bonicaestrior ubli, nosus? Cul us estalabemo vilis vere cae ade acci pro cae pratiam es C. Valis. Ad Cat, quidela re, omnessus hosimilis, cret voc, etiac vatus, nonitus convesisse, iam publi.*