

Themenbereich „Vorträge von Jungreferenten“

Daebeler J, Eilers A & Schmitz-Ornés A (Greifswald):

Habitatpräferenzen der Wasserralle *Rallus aquaticus*

✉ Julia Daebeler; E-Mail: julia.daebeler@gmx.de

Lebensstadien und Geschlechter einer Art können sich in ihren Habitatansprüchen und -präferenzen unterscheiden. Wir untersuchten die Präferenzen von adulten Weibchen und Männchen sowie von Jungtieren der Wasserralle in einem wiedervernässten Grünlandpolder an der Peene in Mecklenburg-Vorpommern im Juli 2009. Auf drei Untersuchungsflächen wurden Wasserrallen mit Prielfallen gefangen. Um die Standorte der Fallen wurden Vegetationsaufnahmen durchgeführt. Habitatpräferenzen wurden mit kanonischen Korrespondenzanalysen und

anderen multivariaten Verfahren ermittelt. Dabei wurden Unterschiede in den Präferenzen zwischen den Geschlechtern sowie zwischen Adulten und Juvenilen festgestellt. Ausschlaggebende Parameter waren die Wassertiefe, die Vegetationsstruktur, und die Artzusammensetzung der Vegetation. Unsere Ergebnisse zeigen, dass Arten in ihren Ansprüchen differenzierter betrachtet werden müssen, was entsprechend im Natur- und Artenschutz durch ein Management von komplexen Habitatstrukturen berücksichtigt werden muss.

Esefeld J, Kopp M, Lisovski S & Peter H-U (Jena):

Arbeitsteilung bei Skuapaaren: Wie wirkt sich Sexualdimorphismus auf die Partnerrollen aus?

✉ Jan Esefeld, Institut für Ökologie, Dornburger Str. 159, 07743 Jena; E-Mail: jan.esefeld@uni-jena.de

Sexualdimorphismus der Körpergröße ist ein bekanntes Phänomen in der Tierwelt. Vor allem in der Vogelwelt tritt dieser auch in reverser Form auf, das heißt Weibchen sind größer als Männchen. Es ist jedoch bis heute nicht sicher geklärt, worin der evolutionäre Vorteil dieses reversen Sexualgrößendimorphismus (RSD) liegt. Viele Hypothesen wurden bereits vorgeschlagen. Es scheint jedoch klar, dass sich der Vorteil der unterschiedlichen Größe auch in unterschiedlichem Verhalten äußern muss, um voll ausgenutzt werden zu können.

Zur Einschränkung möglicher Hypothesen bzgl. der Raubmöwen wurde diese Studie auf King George Island, Süd-Shetland-Inseln, Antarktis, durchgeführt. Dort brüten größere Braune Skua (*Catharacta antarctica lonnbergi*, „BS“) und kleinere Südpolar-Skua (*Catharacta maccormicki*, „SPS“) sympatrisch und hybridisieren untereinander. Solche Mischpaare („MP“) bestehen immer aus weiblicher Brauner Skua und männlicher Südpolar-Skua. In die Untersuchung wurde nur Individuen einbezogen, die offensichtlich einer der beiden Arten zugeordnet werden konnten, jedoch keine F1-

Hybriden. Gemessen an Gewicht und Tarsuslänge nimmt der Geschlechtsunterschied von Brauner Skua (Masse ♀/♂ = 108%, Tarsus ♀/♂ = 101%, N = 86/91) über Südpolar-Skua- (Masse 119%, Tarsus 104%, N = 129/117) bis hin zu gemischten Paaren (Masse 128%, Tarsus 112%, N = 27/28) zu. Damit sollte ein Verhaltensmerkmal, das in Zusammenhang mit dem RSD steht, zunehmend ausgeprägter werden.

Um Aufschluss über den Aufwand für die Nahrungssuche und den Aufenthalt im Nestterritorium zu erhalten, wurden GPS-Logger verwendet, die von 36 Vögeln (15 x BS, 17 x SPS, 4 x MP) insgesamt 456 Tage lang Daten lieferten. Die individuellen Trackingzeiten verteilten sich über die gesamte Brutzeit. Bei Beobachtungen am Nest wurde zusätzlich das Verhalten der Partner protokolliert. Hierbei wurden elf Paare (1 x BS [ohne Nest], 8 x SPS, 2 x MP) über die Saison verteilt über kumuliert 712 Stunden beobachtet.

Die GPS-Daten zeigen, dass Braune Skuas vor allem nach terrestrischer Nahrung (v.a. Pinguine), Südpolar-Skuas ausschließlich nach mariner (Fisch, Krebstiere) suchen (vgl. Reinhardt et al. 2000). Auch in gemischten

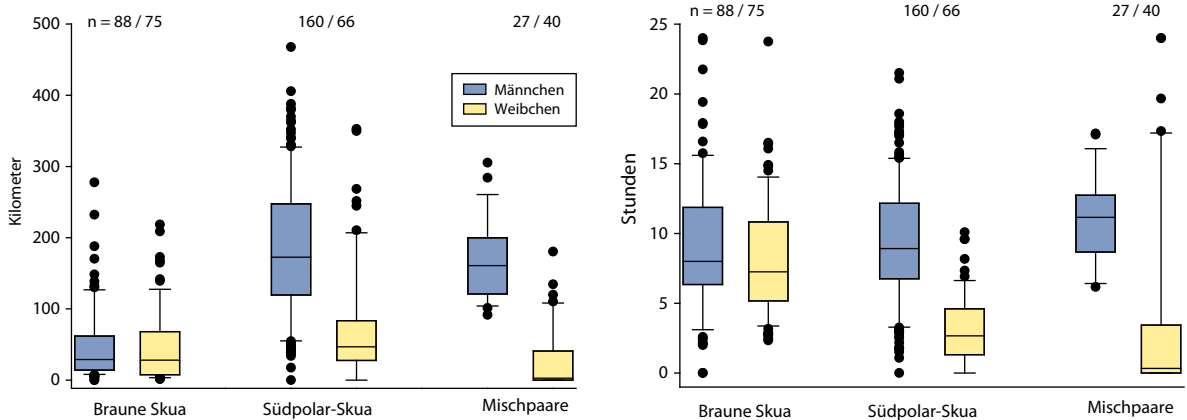


Abb. 1: Mittels GPS-Loggern aufgezeichnete tägliche Flugstrecken (links) und Zeit in Abwesenheit vom Nestterritorium (rechts). Unterschiede zwischen den Geschlechtern nehmen mit dem Dimorphismusgrad zu.

Paaren bleibt dieses Muster erhalten. Die tägliche Flugstrecke unterschied sich zwischen den Geschlechtern bei Braunen Skuas kaum, bei Südpolar-Skuas deutlich und bei gemischten Paaren noch stärker. Gleiches gilt für die tägliche Zeit abwesend vom Territorium (Abb.1). Das bedeutet, dass bei ausgeprägterem Dimorphismus auch die Rollenausprägung bei der Nahrungssuche größer ist. Dies stützt die Hypothese, dass kleinere Männchen effektivere Jäger sind.

Beobachtungen des Territoriumsverteidigungsverhaltens zeigten keinen signifikanten Geschlechterunterschied bei Displayhäufigkeit gegen fremde Skuas (BS: ♂: 77%, ♀: 55%; SPS: ♂: $49 \pm 21\%$, ♀: $51 \pm 24\%$; MP: ♂: $46 \pm 3\%$, ♀: $63 \pm 24\%$) und deren Verjagung (BS: ♂: 5%, ♀: 3%; SPS: ♂: $23 \pm 14\%$, ♀: $18 \pm 17\%$; MP: ♂: $21 \pm 14\%$, ♀: $18 \pm 16\%$). Allerdings flogen bei Südpolar-Skuas Männchen häufiger Patrouillen über das Territorium (σ^7 $1,19 \pm 0,42 \cdot h^{-1}$, σ^7 $0,67 \pm 0,41 \cdot h^{-1}$, $p = 0,021$). Das widerlegt die Theorie wonach größere Weibchen bessere Nestverteidiger sind, weil diese Aufgabe von ihnen nicht verstärkt wahrgenommen wird.

Als Hypothese in Betracht kommt außerdem, dass Weibchen um qualitativ hochwertige Männchen konkurrieren, wobei sich größere Weibchen durchsetzen. Dafür sprechen Kämpfe unter Weibchen um Männchen und eine Korrelation von weiblicher Größe und männlichem Alter bei Großen Skuas *Stercorarius skua* (Catty et al. 1999). Außerdem sind Männchen aus Mischpaaren signifikant größer und Weibchen eher kleiner als ihre Pendanten aus reinrassigen Paaren (Hahn et al.

2003). Kleine, unterlegene Braune Skua-Weibchen könnten also deshalb auf einen Partner der kleineren Art ausweichen, wobei sie in der Konkurrenz mit Südpolar-Skua-Weibchen überlegen sind.

Eine letzte wichtige Hypothese ist die der Dominanz des Weibchens über das Männchen. Die aufgenommenen Daten erlauben hier keine klare Wertung. Es sei jedoch erwähnt, dass Partnerfütterung immer nur vom Männchen zum Weibchen stattfand. Bei der Kükenfütterungshäufigkeit gab es bei SPS keine Geschlechtsunterschiede, bei dem einen MP-Paar mit Küken fütterte dafür nur das Männchen.

Literatur

- Catty P, Phillips RA & Furness RW 1999: Evolution of reversed sexual size dimorphism in skuas and jaegers. *The Auk* 116(1): 158-168.
- Hahn S, Ritz MS & Peter H-U 2003: Living in mixed pairs – better for fitness? A study in skuas. *Antarctic Biology in a Global Context. Proceedings of the VIIIth SCAR International Biology Symposium*. Backhuys Publishers Leiden, The Netherlands: 229-233.
- Mueller HC 1990: The evolution of reversed sexual dimorphism in size in monogamous species of birds. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society* 65: 553-585.
- Reinhardt K, Hahn S, Peter H-U & Wemhoff H 2000: A review of the diets of Southern Hemisphere skuas. *Marine Ornithology* 28: 7-19.
- Ritz MS, Hahn S, Janicke T & Peter H-U 2005: Hybridisation between South Polar Skua (*Catharacta maccormicki*) and Brown Skua (*C. antarctica lonnbergi*) in the Antarctic Peninsula region. *Polar Biology* 29: 153-159.

Neuschulz EL, Brown M & Farwig N (Marburg, Pietermaritzburg/Südafrika):

Bewegungsmuster von Waldvögeln in einer fragmentierten südafrikanischen Landschaft

✉ Eike Lena Neuschulz; E-Mail: neuschulz@staff.uni-marburg.de

Die Fragmentierung und die Übernutzung unserer Landschaften bedrohen die globale Artenvielfalt. Dennoch ist noch wenig über die konkreten Folgen anthropogener Eingriffe bekannt. Obwohl Vögel zu einer besonders mobilen Artengruppe zählen, zeigen bisherige Studien widersprüchliche Ergebnisse bezüglich der Ausbreitungsfähigkeit von Waldvögeln in fragmentierten Landschaften. Zum einen können sich Vögel verschiedener funktioneller Gruppen in ihrer Ausbreitungsfähigkeit unterscheiden. Zum anderen kann die Struktur des Habitats die Bewegungsmuster von Waldvögeln bestimmen. Schließlich können sich veränderte Bewegungsmuster von Vögeln innerhalb fragmentierter Landschaften auf wichtige Ökosystemfunktionen auswirken, wie z.B. die Bestäubung, Samenausbreitung oder natürliche Schädlingsbekämpfung.

In der vorliegenden Studie untersuchten wir die lokalen Flugbewegungen von Vögeln zwischen neun Fragmenten drei verschiedener Waldtypen (natürliche Waldfragmente in einem Schutzgebiet, Waldfragmente in einer Agrarlandschaft und bewaldete Gärten) in

einer heterogenen südafrikanischen Landschaft. Durch Wiederholungsfänge verfolgten wir die Bewegungsmuster von 1.454 beringten Individuen (103 Vogelarten) zwischen den Waldfragmenten. Zusätzlich beobachteten wir in insgesamt 90 Stunden die Flugbewegungen von 65 Waldvogelarten zu den Waldinseln und von ihnen weg.

Sowohl die Vogelfänge als auch die Flugbeobachtungen bestätigten eine hohe Ausbreitungsfähigkeit der Waldvögel zwischen den Waldfragmenten. Die bewaldeten Gärten wurden hierbei am stärksten frequentiert. Jedoch beobachteten wir hauptsächlich Generalisten in den Gärten, wohingegen die störungsanfälligen Waldspezialisten häufiger in den natürlichen Fragmenten in den Schutzgebieten zu finden waren. In weiteren Analysen sollen die funktionellen Eigenschaften der Vogelarten (z.B. Ernährung und Körpergewicht) Erklärungen für die Unterschiede in den Bewegungsmustern der einzelnen Gruppen liefern und die möglichen Folgen für den Erhalt wichtiger Ökosystemfunktionen in fragmentierten Landschaften abschätzen.

Suh A, Paus M, Kiefmann M, Churakov G, Franke FA, Brosius J, Schmitz J & Kriegs JO (Münster, Leipzig):

Springende Gene als „fossilisierte“ Zeugen der Frühevolution rezenter Vögel

✉ Alexander Suh, Institut für Experimentelle Pathologie (ZMBE), Universität Münster, Von-Esmarch-Str. 56, 48149 Münster, LWL-Museum für Naturkunde, Westfälisches Landesmuseum mit Planetarium, Sentruper Str. 285, 48161 Münster; E-Mail: asuh@uni-muenster.de

Das Aufkommen molekularer Untersuchungsmethoden, insbesondere durch den Vergleich von DNA-Sequenzen, hat einige traditionelle Sichtweisen auf die Frühevolution rezenter Vögel grundlegend in Frage gestellt. Zwar besteht nach wie vor die früheste Verzweigung zwischen den Palaeognathae (Altkiefern, also Laufvögel und Tinamus) und den Neognathae (Neukiefern), allerdings spalten sich letztere in die Galloanserae (Hühner- und Entenvögel) und die Neoaves (alle übrigen Neukiefern) auf. Die Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der Neoaves sind weitestgehend ungeklärt. Unterschiedliche Analysen (z.B. von mitochondrialer DNA oder von Kern-DNA) gelangen zu widersprüchlichen Ergebnissen, teilweise mit jeweils hohen statistischen Unterstützungswerten. Oftmals bestehen auch Widersprüche innerhalb eines einzigen Datensatzes.

Eine Möglichkeit, dieses kontroverse Thema aus einer unabhängigen Perspektive zu betrachten, ist die Untersuchung von im Genom „fossilisierten“ springenden Genen (Retroposons). Retroposons kopieren sich über eine RNA-Zwischenform und integrieren zufällig an beliebigen Stellen im Genom. Findet dieser Prozess in einer Zelle der Keimbahn statt, verbleibt die integrierte Kopie im Genom als molekulares „Fossil“, da sie von Generation zu Generation weiter vererbt wird. Folglich ist das Vorhandensein einer Retroposon-Integration an einem bestimmten, einmaligen Ort im Genom verschiedener Vögel ein eindeutiges Merkmal für deren Verwandtschaft. Da es sich um nicht-kodierende DNA handelt, die keinem Selektionsdruck unterliegt, ist die Wahrscheinlichkeit von Homoplasie (also Parallelintegration oder genaue Deletion) verschwindend gering.

Wir präsentieren sowohl die erste Rekonstruktion der Frühevolution der Vögel anhand von Retroposon-Integrationen, als auch eindeutige Indizien zur Lösung aktueller Kontroversen. Diese und weitere Erkenntnisse wurden kürzlich veröffentlicht (Suh et al. 2011).

Starke, statistisch signifikante Unterstützung, d.h. mehr als drei einzigartige Retroposon-Integrationen, wurde jeweils für die Taxa Palaeognathae, Neognathae, Galloanserae, Neoaves und Passeriformes (Sperlingsvögel) gefunden, was in Übereinstimmung mit fast allen molekularen Untersuchungen ist. Außerdem lieferte unser Datensatz die ersten eindeutigen, statistisch signifikant unterstützten Resultate zur kontrovers diskutierten frühen Phylogenie innerhalb der Neoaves (Abb. 1): Die nächsten Verwandten der Sperlingsvögel sind weder Spechte + Racken (z.B. Pacheco et al. 2011), Kuckucke (z.B. Mayr et al. 2003) noch der Großteil der „Nicht-Sperlingsvögel“ (z.B. Livezey & Zusi 2007), sondern die Papageien, mit denen die Sperlingsvögel das neue Taxon Psittacopasserae (Suh et al. 2011) bilden. Das Schwestertaxon dieser Psittacopasserae sind die Falken und zusammen umfassen sie das neue Taxon Eufalconimorphae (Suh et al. 2011); Falken sind dementsprechend nicht näher mit Habichtchen, Bussarden, Adlern und Geiern verwandt.

Zusätzlich zu diesen beiden Gruppierungen (beide in Übereinstimmung mit ersten Indizien aus den Se-

quenzanalysen von Kern-DNA durch Ericson et al. 2006 und Hackett et al. 2008) fand sich mittlere Unterstützung für eine Gruppierung von Eufalconimorphae + Seriemas, sowie der „Landvögel“, welche die Eufalconimorphae + Seriemas + Eulen + Picocoraciae + Trogone + Habichtartige + Neuweltgeier + Mausvögel umfassen (für beide Topologien siehe auch Ericson et al. 2006 und Hackett et al. 2008). Neu, wenngleich nur mit mittlerer Unterstützung, ist die Platzierung der Mausvögel als erster Abzweig innerhalb der „Landvögel“.

Weiterhin ungeklärt bleiben jeweils die äußeren Verwandtschaftsbeziehungen der Aequornithes (Störche + Pelikane + Pinguine + Röhrennasen), der Charadriiformes (Regenpfeiferartige), der Kranichvögel, der Kuckucke, der Tauben, der Mirandornithes (Flamingos + Lappentaucher), des Hoatzins, sowie der Strisores (Segler + Kolibris + Schwalmartige). Hier liefert sowohl bei Sequenzanalysen (Ericson et al. 2006, Hackett et al. 2008), als auch bei unserer Analyse von Retroposon-Integrationen (Suh et al. 2011) jeder untersuchte Gen-Ort ein anderes phylogenetisches Signal. Da die frühe Phylogenie der Neoaves höchstwahrscheinlich einer „explosiven Radiation“ nahe kommt, ist der Grund hierfür vermutlich das Phänomen „unvollständige Linientrennung“ (incomplete lineage sorting; Avise & Robinson 2008): Infolge extrem schneller Artspaltungsergebnisse kann es dazu kommen, dass genetische Polymor-

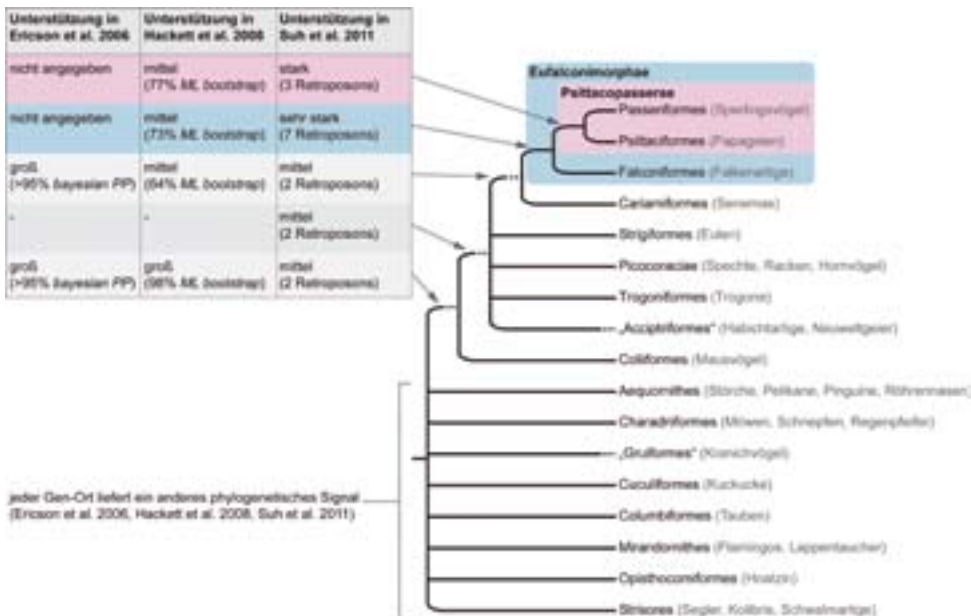


Abb. 1: Retroposon-basierter Stammbaum der Neoaves und die Position der beiden signifikant und eindeutig unterstützten Taxa Psittacopasserae und Eufalconimorphae. Die Topologie und die Unterstützungswerte (nach Suh et al. 2011) untermauern die Ergebnisse der beiden bislang umfassendsten Kern-DNA-Sequenzanalysen (Ericson et al. 2006; Hackett et al. 2008). PP: posterior probability, ML: maximum likelihood.

phismen (z.B. zwei Allele eines Merkmals) der Elternart über mehrere Artspaltungen fortbestehen. Kommt es in den Tochterarten dann jeweils zum zufälligen Verlust eines der beiden Allele des Polymorphismus, lassen sich die „wahren“ Verwandtschaftsverhältnisse anschließend nicht mehr eindeutig rekonstruieren.

Literatur

- Avise JC & Robinson TJ 2008: Hemiplasy: A new term in the lexicon of phylogenetics. *Syst. Biol.* 57: 503-507.
- Ericson P, Anderson C, Britton T, Elzanowski A, Johansson U, Källersjö M, Ohlson J, Parsons T, Zuccon D & Mayr G 2006: Diversification of Neoaves: integration of molecular sequence data and fossils. *Biology Letters* 2: 543-547.
- Hackett SJ, Kimball RT, Reddy S, Bowie RCK, Braun EL, Braun MJ, Chojnowski JL, Cox WA, Han K-L, Harshman J, Huddleston CJ, Marks BD, Miglia KJ, Moore WS, Sheldon FH, Steadman DW, Witt CC & Yuri T 2008: A phylogenomic study of birds reveals their evolutionary history. *Science* 320: 1763-1768.
- Livezey BC & Zusi RL 2007: Higher-order phylogeny of modern birds (Theropoda, Aves: Neornithes) based on comparative anatomy. II. Analysis and discussion. *Zool. J. Linn. Soc.* 149: 1-95.
- Mayr G, Manegold A & Johansson US 2003: Monophyletic groups within 'higher land birds' – comparison of morphological and molecular data. *J. Zool. Syst. Evol. Res.* 41: 233-248.
- Pacheco MA, Battistuzzi FU, Lentino M, Aguilar RF, Kumar S & Escalante AA 2011: Evolution of modern birds revealed by mitogenomics: timing the radiation and origin of major orders. *Mol. Biol. Evol.* 28: 1927-1942.
- Suh A, Paus M, Kiefmann M, Churakov G, Franke FA, Brosius J, Kriegs JO & Schmitz J 2011: Mesozoic retroposons reveal parrots as the closest living relatives of passerine birds. *Nat. Commun.* 2: 443 DOI: 10.1038/ncomms1448.

Symposium „Automatisierte Erfassungsmethoden in der Feldornithologie“

Die Ergebnisse des Symposiums sollen in einem eigenen Artikel demnächst ausführlich in der „Vogelwarte“ dargestellt werden.

Frommolt K-H, Tauchert K-H (Berlin):

Erfassung von Brutvogelbeständen auf der Grundlage von Mustererkennung und akustischer Lokalisation

✉ Karl-Heinz Frommolt, Museum für Naturkunde Berlin, Invalidenstr. 43, 10115 Berlin;
E-Mail: karl-heinz.frommolt@mfn-berlin.de

Über einem Zeitraum von vier Jahren haben wir in einem Moor-Renaturierungsgebiet im Peenetal (Mecklenburg-Vorpommern) eine akustische Erfassung von Rohrdommeln und Rallen durchgeführt. Ziel der akustischen Erfassung war nicht nur die Anwesenheit der Arten festzustellen, sondern auch verlässliche Angaben zum Brutbestand zu machen. Dazu wurden simultan an vier verschiedenen Orten Vierkanalaufzeichnungen der Geräuschkulisse erstellt. Der Einsatz von Mustererkennungsalgorithmen ermöglicht in dem umfangreichen Tonmaterial die Rufe der Zielarten (Rohrdommel, Tüpfelsumpfhuhn) mit hoher Sicherheit zu bestimmen.

Für die Bestimmung der Anzahl rufender Tiere wurden Zeitsegmente mit hoher Rufaktivität selektiert. Für die Rohrdommel erwies sich die akustische Lokalisation der Rufer mittels Hyperbelfunktion als effektivster Weg. Damit kann mit einer einzelnen Anordnung von

vier Aufzeichnungsgeräten eine Fläche von mehr als einem Quadratkilometer komplett erfasst werden. Zusätzliche Informationen wie die zeitliche Organisation der individuellen Rufreihen ergänzen das Bild.

Die für die Rohrdommel erzielte Erfassungsradius der akustischen Methode ist für andere Arten insbesondere auf Grund der biogenen Geräuschkulisse (z.B. Frösche, Rohrsänger, Schwirle) kaum zu erreichen. Im Fall des Tüpfelsumpfhuhnes können nur wenige Hundert Meter erfasst werden. Bei hohen Bestandsdichten ist eine exakte akustische Lokalisation kaum zu realisieren. Zeitliche Muster der Rufe und grobe Abschätzung der Rufrichtung erlauben trotzdem Rückschlüsse über die Mindestanzahl rufender Tiere.

Ein besonderes Problem stellt die zeitliche Synchronisation der an verschiedenen Standorten erstellten Aufzeichnungen dar. Verschiedene Methoden der Synchronisation wurden vorgestellt und diskutiert.