

Themenbereich „Populationsbiologie und -genetik“

• Vorträge

Perrig M, Grüebler M, Keil H & Naef-Daenzer B (Sempach/Schweiz, Oberriexingen):

Abwanderungsverhalten junger Steinkäuze *Athene noctua* – kurz aber effektiv

✉ Marco Perrig, Schweizerische Vogelwarte, CH-6204 Sempach/Schweiz; E-Mail: marco.perrig@vogelwarte.ch

Die räumlichen Bewegungen während der Abwanderung von Jungtieren und deren Bedeutung als Bindeglied zwischen verschiedenen Populationen sind bei vielen Arten noch unklar. Im Allgemeinen gilt der Steinkauz *Athene noctua* als ausgesprochener Standvogel mit geringer räumlicher Dynamik. Dieser Ansicht widersprechen neue Erkenntnisse, die zeigen, dass die zentraleuropäischen Vorkommen genetisch sehr homogen sind. Dies weist auf einen großräumigen Austausch von Individuen hin. In dieser Studie zeigen wir, dass die Phase der Abwanderung junger Steinkäuze ein außerordentlich dynamischer Lebensabschnitt ist. Mittels Telemetrie wurden 237 Steinkäuze vom Ausfliegen bis zum ersten Brutversuch verfolgt, um den zeitlichen und räumlichen Verlauf der Abwanderung zu bestimmen. Vor der Abwanderung unternahmen junge Steinkäuze kurze Entdeckungsreisen außerhalb ihres wenige Hektar großen Geburtsreviers. Während der eigentlichen Abwanderung weiteten die Jungen ihr genutztes Gebiet auf 2–300 km²

aus. Diese turbulente Phase brachte einen intensiven Austausch von Individuen über die gesamte Population mit sich. Allerdings fanden diese wichtigen Bewegungen in einem sehr kurzen Zeitraum statt. Individuelle Abwanderungen dauerten selten länger als drei Wochen. Später kam es bei etwa der Hälfte der Tiere noch zu weiteren Ortsveränderungen. Vermutlich waren diese Individuen noch unverpaart. Nach der Abwanderung unterschieden sich die Größen der Wohngebiete nicht mehr von denen der Adulten (ca. 9 ha). Wir schließen daraus, dass die Abwanderung von jungen Steinkäuzen ein zeitlich sehr kurzer, aber effektiver Prozess ist, welcher einen substanzialen Austausch von Individuen zwischen Populationen mit sich bringt. Unsere Erkenntnisse liefern damit eine Erklärung für die hohe genetische Homogenität in zentraleuropäischen Populationen. Entsprechend hat diese Art ein beträchtliches Kolonisationspotenzial.

Michel V, Naef-Daenzer B, Keil H & Grüebler MU (Zürich/Schweiz, Oberriexingen, Sempach/Schweiz):

Wodurch wird die Reviergröße adulter Steinkäuze *Athene noctua* bestimmt?

✉ Vanja Michel, Universität Zürich, Institut für Evolutionsbiologie und Umweltwissenschaften, Zürich/Schweiz; E-Mail: vanja.michel@vogelwarte.ch

Die Reviergröße von Vögeln wird von verschiedenen Faktoren beeinflusst. Neben der Dichte von Artgenossen und der Verteilung von Fressfeinden spielt auch das Angebot an wichtigen Ressourcen wie z. B. Nahrung, Verstecke oder Nistmöglichkeiten eine große Rolle. Somit kann die Reviergröße auch einen Hinweis auf die Habitatqualität geben. Während die Raumnutzung vieler Vogelarten zur Brutzeit bereits im Detail studiert wurde, weiß man oft wenig über die Raumnutzung im Winter. Von 2009 bis 2013 untersuchten wir die Raumnutzung adulter Steinkäuze *Athene noctua* im Landkreis Ludwigsburg, indem wir 170 adulte Steinkäuze mit Telemetrie-Sendern mit einjähriger Laufzeit ausrüsteten. Die Vögel wurden zwei- bis viermal pro Woche lokalisiert. Dies lieferte uns genug Ortungen, um die Winter- und Sommerreviere zu vergleichen. Um den Einfluss des Habitats auf die Raumnutzung zu ermitteln, kartierten wir die Fläche im Umkreis von 180 m um die Brutröhre. Die meisten Steinkäuze besetzten im Winter ein größeres

Revier als im Sommer. Dabei weiteten die Männchen ihr Revier im Winter etwas weniger stark aus als die Weibchen. Während die Reviergröße mit zunehmendem Anteil an Obstgärten, Schrebergärten und Wiesen rund um die Brutröhre abnahm, gab es keinen Zusammenhang zwischen der Anzahl Höhlen und der Reviergröße. Aufgrund der großen strukturellen Diversität ist das Nahrungsangebot für den Steinkauz im Grünland höher als im Ackerland. Folglich scheint die winterliche Ausweitung des Reviers durch Nahrungsknappheit und nicht durch einen Mangel an Verstecken oder Tageseinständen verursacht zu werden. Diese Resultate bestätigen die Wichtigkeit des Grünlandanteils für die Steinkäuze in Zentraleuropa. Da die Nutzung eines größeren Gebiets mit einem energetischen Mehraufwand und einem erhöhten Prädationsrisiko verbunden ist, dürfte die Habitatqualität vor allem in den Perioden mit hohem Energieverbrauch – also während der Brutzeit und im Winter – fitnessrelevant sein.

Potiek A, Jonker MR & Krüger O (Bielefeld):

Änderungen der demografischen Parameter von verschiedenen Phänotypen sagen Populations-trend und Änderungen ihrer relativen Häufigkeit beim Mäusebussard *Buteo buteo* voraus

✉ Astrid Potiek, Lehrstuhl Verhaltensforschung Universität Bielefeld, Morgenbreede 45, D-33615 Bielefeld;
E-Mail: astrid.potiek@uni-bielefeld.de

Phänotypische Variation führt häufig zu Fitnessunterschieden. Im Falle des Mäusebussards *Buteo buteo* haben wir bereits gezeigt, dass sich die drei Gefiederformen hinsichtlich der Überlebensrate und des Reproduktionserfolgs unterscheiden. Allerdings kann sich der Selektionsdruck im Laufe der Zeit ändern und zu einem Wechsel der relativen Fitness von Phänotypen führen. Unsere Studienpopulation in Deutschland ist in den letzten zwei Jahrzehnten signifikant gewachsen. Wir haben überprüft, ob sich hierbei die relative Fitness der Morphen geändert hat. Außerdem haben wir mithilfe von Matrixmodellen ermittelt, ob sich der relative Beitrag der Morphen zum Populationswachstum geändert hat.

Die populationspezifischen demografischen Parameter haben sich mit der Zeit geändert, höchstwahrscheinlich durch Klimaänderungen. Insgesamt ist die Überlebensrate gestiegen und die totale Fertilitätsrate gesunken. Allerdings scheinen die Änderungen bei beiden Parametern morphenabhängig zu sein. Die

Überlebensrate und die totale Fertilitätsrate der hellen und der dunklen Morphe, die zuvor beide niedrigere Fitnesswerte als die mittlere Morphe hatten, stiegen an bzw. blieben gleich, während die bisher überlegene mittlere Morphe in beiden Parametern leicht gesunkene Werte aufwies.

Als Konsequenz hieraus haben sich die Fortpflanzungswerte (Anzahl erwarteter zukünftiger Nachkommen in einem bestimmten Lebensabschnitt, d. h. ein Fitnessmaß) der drei Morphen aneinander angenähert, mit deutlichen Anstiegen bei der hellen und dunklen Morphe und einem leichten Rückgang bei der dunklen Morphe. Dies fällt mit der vermehrten Beobachtung von dunklen und hellen Individuen in der Population zusammen. Dieser Anstieg der Fitness für die helle und dunkle Morphe scheint populationsweite Auswirkungen zu haben: Eine Elastizitätsanalyse zeigt, dass die Anstiege der Überlebensraten von dunkler und heller Morphe das Populationswachstum signifikant beeinflusst haben.

Mueller A-K, Chakarov N & Krüger O (Bielefeld):

Was macht Greifvogelpopulationen erfolgreich? Eine multivariate Analyse zum Bruterfolg des Mäusebussards *Buteo buteo* in Ostwestfalen

✉ Anna-Katharina Müller, Lehrstuhl Verhaltensforschung, Universität Bielefeld, Morgenbreede 45, D-33615 Bielefeld;
E-Mail: anna-katharina.mueller@uni-bielefeld.de

Der Bruterfolg von Vögeln wird von verschiedenen Faktoren wie dem Brutplatz, der Nahrungsverfügbarkeit, der Populationsdichte, der Konkurrenz, der Prädation, der Habitatstruktur und -qualität sowie durch eine Vielzahl anthropogener Faktoren beeinflusst. Viele Studien konzentrieren sich ausschließlich auf wenige dieser Aspekte, wobei es eine breitere Betrachtung erfordert, um die relative Wichtigkeit der den Bruterfolg beeinflussenden Faktoren zu ermitteln.

Während Prädation und Konkurrenz dafür bekannt sind, einen negativen Einfluss auf Individuen auszuüben, wurde die „Mesopredator-Release-Hypothese“ innerhalb der Gilde der Greifvögel bisher nur selten getestet. Zudem weiß man nur wenig über die Auswirkungen von standort- und jahresspezifischen Charakteristika und besonders deren Kombination auf den Erfolg einer Art. Wir haben eine Vielzahl von Faktoren analysiert, um ihren Einfluss auf den Bru-

tererfolg des Mäusebussards *Buteo buteo* in einem Teil Ostwestfalens über einen Zeitraum von 25 Jahren zu beurteilen. Das Ziel der Studie war es, mithilfe von multivariaten Modellen Ursachen für den Bruterfolg bzw. -verlust des Bussards im Hinblick auf die Wiederansiedlung eines Topprädators, des Uhus *Bubo bubo*, sowie im Zusammenhang mit einem Mesoprädator, dem Habicht *Accipiter gentilis*, der Populationsdichte, der Habitatstruktur, der Wühlmausdichte und anthropogenen Faktoren zu ermitteln.

Das Modell, das den Bruterfolg am besten beschrieb, zeigte, dass der Bruterfolg mit steigender Wühlmausdichte und höherer Distanz zu Wanderwegen zunahm, jedoch mit der Größe des Waldanteils im Territorium, größerer Distanz zu Straßen und zu Wiederansiedlungsstellen des Uhus abnahm. Die Nahrungsverfügbarkeit hat generell einen großen Einfluss auf die Reproduktion, dies wurde bereits für viele Arten gezeigt. Als Offen-

landjäger ist der Bussard direkt auf freie Flächen angewiesen. Bei geringerem Waldanteil im Revier ist mehr Offenland vorhanden, was zu der negativen Korrelation mit dem Bruterfolg des Bussards führen kann. Dass der Bruterfolg mit größerer Distanz zu Straßen abnimmt, könnte mit der regelmäßigen Mahd der Seitenstreifen, dem Vorhandensein von Straßenschildern zum Ansitzen sowie der möglicherweise erhöhten Beuteverfügbarkeit durch überfahrene Kleintiere zusammenhängen. Straßen könnten besonders attraktive Jagdflächen darstellen. Der positive Zusammenhang mit der Distanz zu Wanderwegen ist dagegen mit einer erhöhten Störung in der Nähe des Nestes erklärbar. Häufige Störungen während der Inkubationsphase könnten zum Verlust der Brut führen. Dass ein Topprädator wie der Uhu

einen negativen Einfluss auf den Bruterfolg hat, kann mit direkter Prädation der Jung- oder Altvögel erklärt werden oder aber mit der Übernahme der Brutplätze, sodass Bussarde auf qualitativ schlechtere Reviere ausweichen müssen.

Die Ergebnisse führen zu einem besseren Verständnis der Prozesse in der trophischen Kaskade zwischen Greifvögeln indem sie eine negative Korrelation zwischen dem Bruterfolg des Bussards und der Re-Kolonisierung des Topprädators deutlich machen. Zudem zeigen sich eindeutige Effekte der Revierstruktur und der Koexistenz mit dem Menschen auf den Erfolg des Bussards. Ergebnisse dieser Art können die Entwicklung von gut angepassten Managementplänen für bedrohte Greifvogelarten unterstützen.

• Poster

Schöll EM & Hille SM (Wien/Österreich):

Auch der späte Vogel fängt den Wurm...

✉ Eva Maria Schöll, Universität für Bodenkultur Wien, Institut für Wildbiologie und Jagdwirtschaft, Gregor Mendel Straße 33, A-1180 Wien/Österreich; E-Mail: eva.schoell@boku.ac.at

Der Temperaturanstieg im Zuge des Klimawandels bewirkt geografische und phänologische Veränderungen bei Pflanzen und Tieren (Walther et al. 2002). Verfrüht sich der Austrieb der Vegetation, sollten sich Herbivore und in Folge auch Prädatoren an diese geänderten Bedingungen anpassen. Eine Synchronisierung zwischen verschiedenen trophischen Ebenen ist wichtig, wenn die Nahrung nur innerhalb einer kurzen Zeitspanne in ausreichendem Maße, also stark saisonal, zur Verfügung steht. In Studien von Visser & Holleman (2001) und Buse et al. (1999) konnte eine Verfrühung des Blattaustriebes in den letzten Jahrzehnten festgestellt werden. Angepasst an den Zeitpunkt des Blattaustriebes der Eichen fand auch der stark saisonale Schlupf blattfressender Schmetterlingsraupen früher statt. Kohlmeisen *Parus major* begannen ebenfalls früher im Jahr mit der Eiablage.

Ziel der hier vorliegenden Studie war es, zu untersuchen, ob das Phänomen des zeitlich beschränkten Auftretens der Nahrungstiere auch auf andere Waldtypen übertragbar ist. Um die Auswirkungen unterschiedlicher Temperaturen auf die Phänologie von Kohlmeisen, Schmetterlingsraupen und Buchen untersuchen zu können, wurde die Studie entlang eines Höhengradienten durchgeführt. Wir erhoben Daten zur Phänologie der Rotbuche *Fagus sylvatica*, phyllophager Schmetterlingsraupen (z. B. Kleiner Frostspanner, *Operophtera brumata*) und der Kohlmeise in drei Höhenstufen (488–600 m üNN, 601–664 m üNN, 665–825 m üNN).

Entgegen den Erwartungen waren die Raupen während der gesamten Brutsaison der Kohlmeisen verfügbar. Die Raupenbiomasse variierte stark zwischen einzelnen Bäumen derselben Höhenstufe und wir vermuten, dass ein sukzessives Auftreten von Raupen verschiedener Schmetterlingsarten für die durchgängige Verfügbarkeit in allen Stufen verantwortlich ist. Obwohl die Raupenbiomasse in hohen Lagen im Vergleich zu den niederen Lagen geringer war, fanden wir keinen Unterschied zwischen den Gewichten der gerade ausgeflogenen Küken. Wir vermuten, dass der Schlupf der Kohlmeisen-Küken in Buchenwäldern nicht primär mit der Nahrungsverfügbarkeit synchronisiert sein muss, da diese nicht zeitlich begrenzt ist (s. Schöll et al. 2014).

Literatur

- Buse A, Dury SJ, Woodburn RJW, Perrins CM & Good JEG 1999: Effects of elevated temperature on multi-species interactions: The case of Pedunculate Oak, Winter Moth and Tits. *Funct. Ecol.* 13: 74–82.
- Schöll EM, Ohm J, Hoffmann KF, Hille SM 2014: Timing of great tit breeding season along an altitudinal food gradient. *Oecologia* (submitted).
- Visser ME & Holleman LJM 2001: Warmer springs disrupt the synchrony of oak and winter moth phenology. *Proc. R. Soc. B* 268: 289–294.
- Walther GR, Post E, Convey P, Menzel A, Parmesan C, Beebee TJC, Fromentin JM, Hoegh-Guldberg O & Bairlein F 2002: Ecological responses to recent climate change. *Nature* 416: 389–395.

Sommer F, Schwemmer P, Garthe S, Valqui J, Eckern S & Hartl G (Kiel, Büsum):

Genetische Diversität des Sterntauchers *Gavia stellata* in der Deutschen Nord- und Ostsee

✉ Frank Sommer, Zoologisches Institut, AG Populationsgenetik, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, D-24118 Kiel; E-Mail: fsm@gmx.de

Der Sterntaucher zählt zu den Vogelarten, die am stärksten durch die Errichtung von Offshore-Windparks unter Habitatverlust leiden (Garthe & Hüppop 2004). Um Erheblichkeitsschwellen für die Genehmigung weiterer Windparks festzulegen, ist es wichtig zu wissen, ob die in der Nord- und Ostsee überwinternden Sterntaucher zu einer genetisch distinkten biogeografischen Population gehören, oder ob es sich um Tiere aus mehreren biogeografischen Populationen handelt.

Die hohe Brutorttreue des Sterntauchers (Hemmingsson & Ericsson 2002) lässt vermuten, dass eine genetische Differenzierung zwischen den Brutpopulationen in Skandinavien und Sibirien vorliegt. Weiter ist zu erwarten, dass die genetische Diversität in den gemeinsamen Überwinterungsgebieten größer ist, weil sich hier die skandinavischen Brutpopulationen mischen. In dieser Arbeit sollten folgende Fragen beantwortet werden: 1) Wie hoch ist die genetische Diversität der nordwesteuropäischen Population, und 2) lassen sich Brutpopulationen aus verschiedenen Regionen genetisch unterscheiden?

DNA wurde aus insgesamt 46 Muskel- oder Blutproben von Individuen aus den folgenden 5 geografischen Gebieten extrahiert: Nordsee (n=15), Ostsee (n=16), Island (n=2), Finnland (n=2) und Litauen (n=5). Letztere wurden für eine Telemetrie-Studie gefangen und brüteten später in der Karasee, Sibirien (Zydzalis; unveröffentlicht). Die Domäne II der mitochondrialen Kontrollregion (494 bp) wurde mithilfe der Primer MCR-F und MCR-R amplifiziert (Bartolomé et al. 2011) und auf einem Sanger Biosystems 3730x/DNA Analyzer sequenziert. Sequenzen wurden mit BioEdit und DNAsp analysiert.

Insgesamt wurden sechs Haplotypen gefunden, resultierend aus zwei Insertionen und drei Substitutionen (Tabelle 1). Vier von den sechs Haplotypen wurden jeweils nur einmal gefunden. Sowohl die Haplotyp-Diversität ($H_d=0.519$) als auch die Nucleotid-Diversität ($\text{PI}=0.00116$) waren niedrig. Es wurde keine genetische Differenzierung zwischen den Individuen aus den fünf geografischen Regionen gefunden ($\text{Chi}^2=16.852, p>0.3$).

Das Fehlen einer signifikanten genetischen Differenzierung sowohl zwischen Individuen aus verschiedenen Brutgebieten als auch im Überwinterungsgebiet in der Nord- und Ostsee kann prinzipiell zwei Gründe haben: Erstens stellt die Domäne II eine relativ konservative Region dar, wo hoch konservative Abschnitte

Tab. 1: *Gavia stellata* Haplotypen der Domäne II der mitochondrialen Kontrollregion. N = Anzahl der Haplotypen. * Referenz-Haplotyp Genebank accession number AY293618.1.

Haplotyp	N	Nukleotidposition relativ zu Slack et al. (2006)								
		16248		16249	16250	16323		16324	16554	16709
H1*	15	A	-	T	C	C	-	T	G	A
H2	27	.	-	.	.	.	-	.	.	T
H3	1	.	A	.	.	.	-	.	.	.
H4	1	.	-	.	T	.	-	.	.	.
H5	1	.	-	.	.	.	A	.	.	T
H6	1	.	-	.	.	.	-	.	T	.

wie die E-, D- und B-Box und die Bird Similarity Box zusammen 27 % darstellen. Daher soll im nächsten Schritt die variabelere Domäne I Region amplifiziert werden, um dies näher zu beleuchten. Zweitens wird durch den Umstand, dass alle Haplotypen nur durch einen Mutationsschritt entfernt sind und die Mehrheit der Haplotypen nur jeweils einmal vorkommen, angedeutet, dass die rezenten Haplotypen nach der letzten Eiszeit datieren und somit sehr jung sind. Ein Grund dafür kann sein, dass die Population wegen der letzten Eiszeit durch einen genetischen Flaschenhals („bottleneck“) gegangen ist und sich die heutigen Haplotypen aus nur wenigen überlebenden Individuen abgeleitet haben. Auf Grundlage der vorläufigen Ergebnisse lässt sich schlussfolgern, dass die beprobten Populationen zu einer einzigen biogeografischen Population, der sogenannten Nordwest-europäischen Population, gehören.

Literatur

- Bartolomé C, Maside X, Camphuysen KC, Heubeck M & Bao R 2011: Multilocus population analysis of *Gavia immer* (Aves: Gaviidae) mtDNA reveals low genetic diversity and lack of differentiation across the species breeding range. *Org. Div. Evol.* 11: 307–316.
- Garthe S & Hüppop O 2004 Scaling possible adverse effects of marine wind farms on seabirds: developing and applying a vulnerability index. *Journal Applied Ecology* 41: 724–734.
- Hemmingsson E & Ericsson M 2002: Ringing of Red-throated Diver *Gavia stellata* and Black-throated Diver *Gavia arctica* in Sweden. *Wetlands International Diver/Loon Specialist Group Newsletter* 4: 8–13.
- Slack KE, Jones CM, Ando T, Harrison GL, Fordyce RE, Arnason U & Penny D 2006: Early penguin fossils, plus mitochondrial genomes, calibrate avian evolution. *Mol. Biol. Evol.* 23: 1144–55.

Janowski S, Sauer-Gürth H, Groß I, Tietze DT, Becker PH & Wink M (Heidelberg, Wilhelmshaven): Flusseeschwalben-Genetik: Paternität und Verwandtschaft

✉ Michael Wink, Institut für Pharmazie und Molekulare Biotechnologie, Universität Heidelberg, Im Neuenheimer Feld 364, D-69120 Heidelberg; E-Mail: wink@uni-heidelberg.de

Am Banter See in Wilhelmshaven wird durch die AG Becker, Institut für Vogelforschung Wilhelmshaven, seit über 30 Jahren eine Individuum-basierte Langzeitstudie zur Populationsökologie und Brutbiologie von Flusseeschwalben *Sterna hirundo* an einem Koloniestandort aus Menschenhand durchgeführt (Becker 2010). Im Rahmen einer intensiven Zusammenarbeit werden in Heidelberg grundlegende Fragen zur Populationsgenetik, zu Sozialsystemen und Genealogie dieser Flusseeschwalbenkolonie analysiert.

Als Methode der Wahl setzen wir DNA-Analysen mit hochvariablen Mikrosatelliten-Markern ein. Eine Multiplex-PCR für 17 variable STR-Loci wurde entwickelt (Abb. 1), die sich eignet, die genetischen Familienverhältnisse bei der Flusseeschwalbe zu beantworten. In diesem Postervortrag werden Ergebnisse von ersten Analysen vorgestellt. Etwa 1.800 Jungvögel sowie einige der zugehörigen Elterntiere der Jahre 2011 und 2012 wurden komplett genotypisiert.

Über die Analyse von 146 Jungvögeln und bekannten Eltern konnte das Mikrosatellitensystem validiert werden. Bei 141 Jungvögeln lassen sich alle Allele der Jungvögel den jeweiligen Eltern eindeutig zuordnen. Bei drei Nachkommen passen die Eltern nicht zu den Jungvögeln. Wir nehmen an, dass die Jungvögel bei der Beringung fälschlicherweise benachbarten Elternpaaren zugeordnet wurden. Bei zwei Jungvögeln zeigte sich,

dass die Allelzuordnung in einem STR-Locus nicht eindeutig war. Fazit dieser Voruntersuchung: Obwohl die Flusseeschwalben sehr eng beieinander brüten, konnten keine Fremdelternschaften (EPP) nachgewiesen werden.

Der Heterozygotiegrad von 900 Jungvögeln der Jahre 2011 und 2012 liegt bei 0,69, was eine kontinuierliche Immigration von Brutvögel aus anderen Kolonien bestätigt (Szostek et al. 2014). Entsprechend liegt der Inzuchtgrad (Fis mit 0,022–0,032) sehr niedrig (vgl. Ludwig & Becker 2013).

Mit Unterstützung der DFG (BE 916/8 und 9).

Literatur

- Becker PH 2010: Populationsökologie der Flusseeschwalbe: Das Individuum im Blickpunkt. In: Bairlein F, Becker PH (Hrsg.) 100 Jahre Institut für Vogelforschung „Vogelwarte Helgoland“: 137–155. Aula, Wiebelsheim.
- Jones O & Wang J 2010: COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Mol. Ecol. Res.* 10: 551–555.
- Ludwig S & Becker PH 2012: Immigration prevents inbreeding in a growing colony of a long-lived and philopatric seabird. *Ibis* 154: 74–84.
- Szostek KL, Schaub M & Becker PH 2014: Immigrants are attracted by local pre-breeders and recruits in a seabird colony. *J. Anim. Ecol.* 83: 1015–1024.

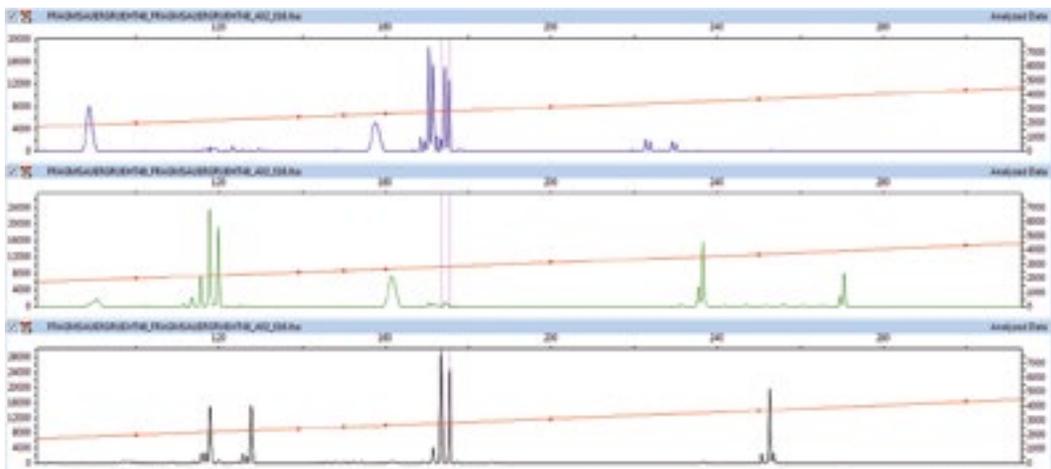


Abb. 1: Genotypisierung einer Flusseeschwalbe mittels Multiplex-PCR. Die drei Bahnen entsprechen den Läufen in einem Kapillar-Sequenziergerät (ABI 3730) von drei Multiplex-PCR Reaktionen. Die Peaks entsprechen den Allelen der STR-Loci.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

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

Jahr/Year: 2014

Band/Volume: [52_2014](#)

Autor(en)/Author(s): diverse

Artikel/Article: [Themenbereich "Populationsbiologie und -genetik" 285-289](#)