

Populationsgenetische Untersuchungen am Seggenrohrsänger (*Acrocephalus paludicola*)

Benedikt Gießing^{*}, Petra Heidrich^{*}, Bernd Leisler^{*} & Michael Wink[§]

^{*}Max-Planck-Forschungsstelle für Ornithologie, Vogelwarte Radolfzell, Schloss Moegglingen, Schlossallee 2, D-78315 Radolfzell;
[§]Institut für Pharmazeutische Biologie, Universität Heidelberg, Im Neuenheimer Feld 364, D-69120 Heidelberg
[^]Benedikt.Giessing@mail.uni-koeln.de



Max-Planck-Forschungsstelle für Ornithologie • Andechs und Radolfzell

Zusammenfassung

Die derzeit bekannten Brutpopulationen des Seggenrohrsängers sind relativ klein und nur punktuell westlich dem Osten Deutschlands und Westsibirien verteilt. Erkenntnisse über die Beziehung zwischen den Populationen bieten wichtige Grundlagen für den Schutz dieser global gefährdeten Vogelart. Hierzu wurde eine genetische Untersuchung (Mikrosatelliten-Analyse) von Individuen aus insgesamt acht Brutgebieten (Polen, Weissrussland und der Ukraine) durchgeführt. Die Ergebnisse veranschaulichen die genetischen Distanzen der Populationen und erlauben Rückschlüsse auf ihre demographische Entwicklung. Die Analyse von Proben, die von rastenden Seggenrohrsängern in Belgien und Nordwestspanien gewonnen wurden, ermöglicht die Zuweisung dieser Individuen zu ihren Brutpopulationen und damit dem Gewinn von Erkenntnissen über die Zugwege der Art.

Einleitung

Als Spezialist grosser offener Seggen- und Schneidegrassumpfe hat der global gefährdete Seggenrohrsänger insbesondere in den vergangenen 30 Jahren enorme Bestandseinbußen durch Habitatverlust erlitten. Die Population wird auf 13500 bis 21000 singende Männchen (1997/98) geschätzt⁽¹⁾. Die derzeit bekannten Brutpopulationen sind relativ klein und punktuell über Deutschland, Polen, Litauen, Weissrussland, der Ukraine, Russland und Ungarn verteilt (Abb 1).

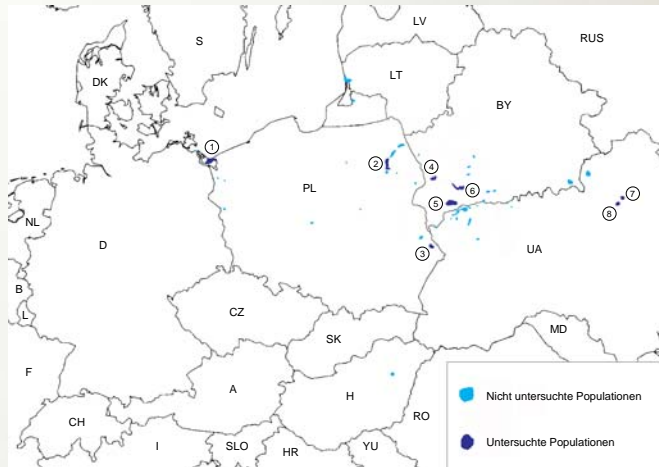


Abb. 1: Brutverbreitung des Seggenrohrsängers in Europa.

Um Informationen über die Beziehung zwischen den Populationen sowie ihrer demographischen Entwicklung zu erhalten, wurde eine populationsgenetische Untersuchung vorgenommen.

Folgende Fragestellungen stehen im Mittelpunkt der Untersuchung:

- A. Sind die bestehenden Populationen des Seggenrohrsängers genetisch differenziert?**
- B. Gibt es einen Austausch von Individuen zwischen den Populationen?**
- C. Erleiden die existierenden Restpopulationen derzeit Bestandseinbußen?**
- D. Welchen Populationen lassen sich rastende Seggenrohrsänger aus Belgien und Spanien zuordnen?**

Material & Methode

Für die genetische Analyse wurden Proben von 8 Brutpopulationen und 2 Raststationen gesammelt. Es wurden 6 verschiedene Mikrosatelliten-Loci untersucht.

Nr. in Karte	Population/Rastplatz	Geographische Koordinaten	Anzahl Proben
1	Stettin/PL	53.51° N, 14.19° E	47
2	Biebrza/PL	53.20° N, 22.40° E	72
3	Lublin/PL	51.08° N, 23.40° E	30
4	Dikoe/BY	52.44° N, 24.13° E	49
5	Zvanets/BY	52.01° N, 24.49° E	30
6	Yaselda/BY	52.27° N, 25.01° E	27
7	Uday/UA	50.52° N, 32.07° E	25
8	Supoy/UA	50.24° N, 31.45° E	25
-	Veurne/B	51.04° N, 0.20° E	78
-	La Nava/E	42.05° N, 0.48° W	49

Tab. 1: Herkunft und Anzahl der für diese Untersuchung genutzten Proben.

Von der Blutprobe zur Längenbestimmung der Mikrosatellitenallele:

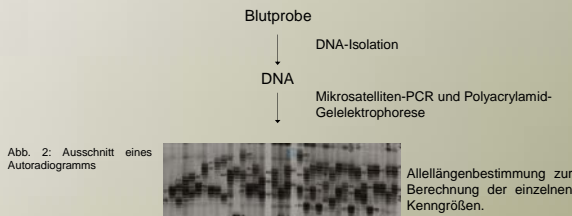


Abb. 2: Ausschnitt eines Autoradiogramms

- Literatur:
- (1) Aquatic Warbler Conservation Team (1999): World population, trends and conservation status of the Aquatic Warbler *Acrocephalus paludicola*. *Vogelwelt* 120: 65-85.
 - (2) Weir, B. S. & Cockerham, C. C. (1984): Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358-1370.
 - (3) Roussel, F. (1996): Equilibrium values of measure of population subdivision for stepwise mutation processes. *Genetics* 142: 1357-1362.
 - (4) Goudet, J. (2000): FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.1).
 - (5) Goodman, S. J. (1997): RST CALC: A collection of computer programs for calculating unbiased estimates of genetic differentiation and determining their significance for microsatellite data. *Molecular Ecology* 6: 881-885.
 - (6) Goudet, J., Raymond, M., De Meunier, T., & Roussel, F. (1996): Testing differentiation in diploid populations. *Genetics* 144: 1933-1940.
 - (7) Hobinger, K. E. & Mason-Gamer, R. J. (1996): Hierarchical analysis of nucleotide diversity in geographically-structured populations. *Genetics* 142: 629-639.
 - (8) Cormet, J. M. & Lankart, G. (1996): Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics* 144: 2001-2014.
 - (9) Cormet, J. M., Piry, S., Lankart, G., Estoup, A., & Solignac, M. (1999): New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. *Genetics* 153: 1989-2000.

Danksgagung: Für ihre Hilfe bei der Beschaffung der Blutproben gebührt den folgenden Personen unser Dank: Andrej Dyrce (PL), Martin Flade (D), Fernando Jabete (E), Mikhail Kalyakin (RUS), Gregor Kijian (PL), Alexander Korolis (BY), Jaroslav Krugolec (PL), Anatoly Polada (UA), Norbert Rothauer (B), Martin Schaefer (D), Veronika Schmidt (D) und Karl Schulze-Hagen (D). Daniela Gaicking und Anna Hundsdoerfer halfen dankenswerterweise bei der technischen Realisierung der Postergestaltung. Bei der Deutschen Forschungsgemeinschaft möchten wir uns für die finanzielle Unterstützung bedanken.

Ergebnisse & Schlussfolgerungen

A. Genetische Differenzierung der Populationen:

Die genetischen Distanz-Maße $F_{ST}^{(2)}$ und $R_{ST}^{(3)}$ können theoretisch Werte zwischen 0 (keine genetische Differenzierung) und 1 (starke Differenzierung der Populationen) annehmen. Negative Werte sind als Fehlen genetischer Differenzierung zwischen den Populationen interpretierbar.

	Stettin	Biebrza	Lublin	Dikoe	Zvanets	Yaselda	Uday	Supoy
Stettin	-	0.0157 ***	0.0048 **	0.0024 **	0.0107 ***	0.0094 ***	0.0047 *	0.0147 ***
Biebrza	0.0327 ***	-	0.0027	0.0040	0.0035	0.0061 ***	-0.0005	0.0042
Lublin	0.0060	0.0108	-	-0.0028	0.0025 **	0.0027 **	0.0046	0.0010
Dikoe	0.0113	0.0080	-0.0037	-	0.0016	-0.0002	0.0004	0.0075 **
Zvanets	-0.0026	0.0095	0.0031	-0.0030	-	0.0017 ***	-0.0040	0.0093 ***
Yaselda	-0.0049	0.0305 **	0.0015	0.0105	-0.0050	-	-0.0037	0.0083 *
Uday	-0.0048	0.0196 *	0.0196	0.0106	-0.0059	0.0099	-	-0.0134 **
Supoy	0.0127	0.0427 **	0.0232 *	0.0367 **	0.0110	-0.0053	0.0247 *	-

Tab. 2: Paarweise F_{ST} - (oberhalb der Diagonalen) und R_{ST} - (unterhalb der Diagonalen) Werte für Seggenrohrsänger-Populationen. Berechnungen erfolgten mit Fstat⁽⁴⁾ und RstCalc⁽⁵⁾. Teststatistik für F_{ST} -Werte: log-likelihood G-Test⁽⁶⁾; für R_{ST} -Werte: Permutationsverfahren nach Goodman⁽⁷⁾.

Der Vergleich der paarweise berechneten F_{ST} - und R_{ST} -Werte (Tab. 2) zeigt, dass insbesondere die weit westlich gelegene Population ‚Stettin‘ als auch die weit östlich gelegene Population ‚Supoy‘ deutlich differenziert sind (Abb. 3).

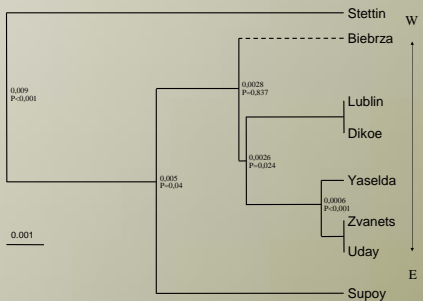


Abb. 3: Hierarchische Analyse der Differenzierung⁽⁷⁾ der untersuchten Seggenrohrsänger-Populationen unter Verwendung der F_{ST} -Werte als Differenzierungs-Maß. Die Werte an den Querverbindungen geben das Maß der Differenzierung zwischen den Schwester-Clustern bzw. die jeweiligen Signifikanzwerte an.

B. Austausch zwischen den Populationen:

Die geringen Werte für die genetischen Distanz-Maße F_{ST} und R_{ST} könnten auf einen Austausch zwischen den Populationen deuten. Alternativ dazu wäre es denkbar, dass noch bis vor wenigen Jahrzehnten ein sehr reger Austausch zwischen den Populationen stattfand, der langsam und in unterschiedlichem Umfang zum Erliegen kommt.

C. Aktuelle Bestandsentwicklung:

Wenn Populationen in eine ‚Flaschenhals-Situation‘ geraten, zeigen sie eine Reduktion sowohl der Anzahl unterschiedlicher Allele als auch der genetischen Diversität (Heterozygotie). Der Verlust an Allelen vollzieht sich jedoch schneller als der an Heterozygotie. Basierend auf diesem Phänomen sind Tests zur Detektion aktueller Bestandsverluste entwickelt worden (Tab. 3).

Population	IAM	TPM	SMM
Stettin	0.0156 *	0.2188	0.7188
Biebrza	0.0078 **	0.4219	0.9844
Lublin	0.0156 *	0.5000	0.9453
Dikoe	0.0078 **	0.0781	0.9453
Zvanets	0.0234 **	0.4219	0.9219
Yaselda	0.0781	0.5781	0.9453
Uday	0.0078 **	0.0391 *	0.5000
Supoy	0.0781	0.7188	0.9844

Tab. 3: Abweichungen vom Mutations-Drift-Gleichgewicht bei Seggenrohrsänger-Populationen. Die angegebenen P-Werte wurden nach dem Wilcoxon (Sign-rank one tailed) Test für Heterozygotie-Überschuss ($H_e > H_{e0}$) berechnet und beziehen sich auf die erwartete Verteilung der Heterozygotie nach den folgenden für Mikrosatelliten diskutierten Evolutionsmodellen: IAM (infinite alleles model), TPM (two-phased model), SMM (step-wise mutation model). Berechnet mit Bottleneck⁽⁸⁾.

Nach dem vorliegenden Ergebnis zeigt die Population Uday/UA sichere Anzeichen von Bestandseinbußen. Auch die Resultate der meisten anderen Populationen weisen auf eine aktuelle Reduzierung der Bestände hin.

D. Zuweisung rastender Individuen zu den Brutpopulationen:

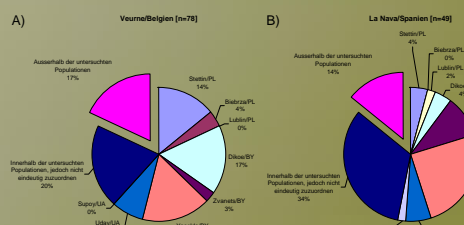


Abb. 4: Zuordnung der in Belgien (A) und Spanien (B) gefangenen Seggenrohrsänger zu ihren Brutpopulationen. Berechnet mit GeneClass⁽⁹⁾.

Der überwiegende Teil der Individuen konnte mit einer hohen Wahrscheinlichkeit einer der untersuchten Brutpopulationen zugewiesen werden. Jeweils 20% (Belgien) bzw. 34% (Spanien) der Individuen ließen sich nicht eindeutig zuordnen. Sie stammen jedoch wahrscheinlich aus einer der untersuchten Bestände bzw. mit diesen benachbarten Populationen. Bemerkenswert ist, dass 17% der rastenden Seggenrohrsänger aus Belgien und 14% aus Spanien definitiv nicht aus diesen Populationen stammen. Gibt es doch noch grosse und bisher unentdeckte Brutpopulationen vom Seggenrohrsänger?