

Genetische Diversität des Sterntauchers *Gavia stellata* in der Deutschen Nord- und Ostsee: Analyse der Domäne II der mitochondrialen Kontrollregion

Frank Sommer, Philipp Schwemmer, Stefan Garthe, Juan Valqui, Sebastian Eckern & Günther B. Hartl

SOMMER, F., P. SCHWEMMER, S. GARTHE, J. VALQUI, S. ECKERN & G. B. HARTL (2016): Genetische Diversität des Sterntauchers *Gavia stellata* in der Deutschen Nord- und Ostsee: Analyse der Domäne II der mitochondrialen Kontrollregion. Vogelkd. Ber. Niedersachs. 44: 313-320.

Unter den Meeresvögeln ist der Sterntaucher *Gavia stellata* durch Habitatfragmentierung in seinen Überwinterungsgebieten im Zusammenhang mit dem Bau von Windparks gefährdet. Wir untersuchten die genetische Diversität von insgesamt 50 Individuen anhand der Domäne II der mitochondrialen Kontrollregion, um festzustellen, ob die in der deutschen Nord- und Ostsee überwinternden Sterntaucher zu nur einer genetisch distinkten biogeographischen Population gehören oder nicht. Die Domäne II erwies sich als wenig variabel mit niedriger Nukleotid-Diversität ($\pi = 0,0011$) und nur 4 unterschiedlichen Haplotypen, von denen die beiden dominanten sich durch eine einzige Basen-Substitution unterschieden. Auch der zwischenartliche Vergleich der Domäne II zwischen *G. stellata*, *G. immer* und *G. arctica* (Stern-, Eis- und Prachtaucher) zeigte, dass die hier amplifizierte Sequenz hoch konservativ ist und sich rückblickend nicht eignet, um sinnvolle Schlüsse über die genetische Diversität des Sterntauchers in diesem Zusammenhang zu zulassen.

F. S., J. V., S. E., G. B. H., Zoologisches Institut, AG Populationsgenetik, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, D-24118 Kiel, fsom@gmx.de, jvalqui@zoologie.uni-kiel.de, seckern@zoologie.uni-kiel.de, gharti@zoologie.uni-kiel.de; P. S., S. G., Forschungs- und Technologiezentrum Westküste (FTZ) Büsum, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Hafentörn 1, D-25761 Büsum, schwemmer@ftz-west.uni-kiel.de, garthe@ftz-west.uni-kiel.de

Einleitung

Der Sterntaucher *Gavia stellata* zählt zu den marinen Vogelarten, die am stärksten durch die Errichtung von Offshore-Windparks unter Habitatverlust leiden (GARTHE & HÜPPOP 2004). Die Genehmigung zur Errichtung weiterer Windkraftanlagen auf See hängt u. a. von dem Anteil der betroffenen Sterntaucher an der jeweiligen biogeographischen Population ab (DIERSCHKE et al. 2003). Schätzungen des Winterbestands der nordwest-europäischen Population des Sterntauchers liegen bei 150.000-450.000 Individuen (WETLANDS INTERNATIONAL 2015). Die allein in den deutschen Nordseegewässern überwinternden Sterntaucher werden auf 16.500 Individuen geschätzt (GARTHE et al. 2007), was ca. 4 bis 11 % der nordwest-europäischen Population entspricht. Jährliche Monitoringuntersuchungen zeigen, dass Aggregationen von Sterntauchern in den beiden

SPAs (Special Protection Area) „Östliche Deutsche Bucht“ und „Pommersche Bucht“ der deutschen Nord- und Ostsee quantitativ und geographisch stabil sind (GARTHE et al. 2012).

Um Erheblichkeitsschwellen für die Genehmigung weiterer Windparks festzulegen, ist es wichtig zu wissen, ob die in der Nord- und Ostsee überwinternden Sterntaucher zu nur einer genetisch distinkten biogeographischen Population gehören oder ob es sich um Tiere aus mehreren biogeographischen Populationen handelt. Die hohe Brutorttreue des Sterntauchers (OKILL 1994, HEMMINGSON & ERICSSON 2002) lässt vermuten, dass eine gewisse genetische Differenzierung zwischen den Brutpopulationen vorliegt und somit unterschiedliche Genotypen auch in den Überwinterungsgebieten zu finden seien. Bisher fehlen dazu aber jegliche Untersuchungen.

Ringfunde lassen vermuten, dass die in der Nord- und Ostsee überwinternden Sterntaucher überwiegend in den Taiga- und Tundra-Regionen nördlich von 55° N in Skandinavien und Sibirien brüten. So verteilen sich die Wiederfunde von Sterntauchern, die in Schweden oder Finnland als Brut- oder Jungvögel beringt wurden, auf die Nordsee- und Atlantikküste zwischen Dänemark und der Biskaya (FRANSSON & PETERSSON 2001, SAUROLA et al. 2013). Auch in Litauen telemetrierte Sterntaucher sprechen für einen Zugweg über die Ostsee ins sibirische Brutgebiet auf die Yamal-Halbinsel bzw. Kara-See und einem Überwinterungsgebiet in der Nord- und Ostsee (<http://www.movebank.org>. Download am 15.07.2015; ŽYDELIS et al. 2013). Jedoch gibt es auch Belege für Wiederfunde beringter Sterntaucher aus Grönland und Island in der Nordsee (WERNHAM et al. 2002, PETERSEN 2008), obwohl Ringfunde zeigen, dass die Mehrheit der isländischen Brutvögel direkt an Islands Küsten überwintern (PETERSEN 2008). Eine gewisse Ortsnähe zum Brutgebiet zeichnet sich auch bei überwinternden Sterntauchern aus Schottland ab (WERNHAM et al. 2002, PETERSEN 2008).

Wir untersuchen die Hypothese, dass sich Tiere aus den verschiedenen Brutgebieten der nordwest-europäischen Population des Sterntauchers in der deutschen Nord- und Ostsee vermischen. Das Ziel dieser Arbeit war es daher, mittels der Analyse von DNA Sequenzen der mitochondrialen Kontrollregion die genetische Diversität des Sterntauchers zunächst zu erfassen, um damit eine Abschätzung der Herkunft des Winterbestands des Sterntauchers in der deutschen Nord- und Ostsee vorzunehmen. Eine Gefährdung der hier überwinternden Sterntaucher durch Windkraftanlagen könnte sich bei einer Vermischung im Überwinterungsgebiet möglicherweise auf verschiedene Brutpopulationen auswirken.

Methoden

Gewebeproben (Leber-, Muskel-, Blut- oder Federproben) von insgesamt 50 Individuen aus den folgenden 5 biogeographischen Gebieten wurden analysiert (Tab. 1): Nordsee (n = 15), Ostsee (n = 16), Island (n = 2), Litauen (n = 5) und Finnland (n = 12). Der Umfang der Proben umfasste Funde von insgesamt 35 Jahren (1979 bis 2014; siehe finnische Proben) und war hinsichtlich der Geschlechterver-

teilung – soweit bekannt – von weiblichen Individuen dominiert (22 Weibchen vs. 14 Männchen). Individuen aus der Ostsee waren i. d. R. Stellnetzopfer, während Individuen aus der Nordsee i. d. R. tot angeschwemmte Strandfunde darstellten. Individuen aus Litauen waren lebende Tiere, die im Rahmen einer Telemetrie-Studie gefangen wurden und später in der Karasee, Sibirien, brüteten (ŽYDELIS et al. 2013). Die Proben aus Finnland stammten entweder aus Totfunden oder waren Federproben von Nestlingen, die im Zuge von Beringungen im Juli 2014 beprobt wurden.

DNA aus allen Gewebeproben wurde mithilfe des Qiagen DNeasy Blood and Tissue Kit®, (Spin Column Protokoll) laut Herstellerangaben extrahiert. Lyophilisierte Blutproben von litauischen Proben wurden vor der Lysis in ATL Puffer aufgelöst und durch QIAshredder® zentrifugiert, um Blut-Koagulate aufzutrennen. Federspitzen von Federproben (ca. 0,5 cm von jeweils 1 bis 2 Flugfedern je Individuum) mit teils sichtbarem koaguliertem Blut wurden mithilfe eines Skalpell abgetrennt und der Schaft mehrfach aufgeschnitten. Um die DNA-Ausbeute der Federproben zu erhöhen, wurden je Probe 30 µl 1 M di-Thiothreitol (DTT) und 20 µl (statt 10 µl) Proteinase zugesetzt, um neben Blut auch Keratin aufzulösen. Die Inkubationszeit der DNA-Lysis reichte von 2 bis 4 Stunden bei Leber-, Muskel- und Blutproben und lag bei ca. 24 Stunden bei Federproben.

Ein 496 bp-langer Abschnitt der mitochondrialen (mt) Kontrollregion (die Primer einschließend) wurde mithilfe der für den Eistaucher *Gavia immer* entwickelten Primer MCR-F und MCR-R (BARTOLOMÉ et al. 2011) amplifiziert. Der Forward-Primer fußt in der F-Box am 5'-Anfang der Domäne II und der Reverse-Primer hinter der CSB1 (Conserved Sequence Box 1) am 5'-Anfang der Domäne III, sodass der amplifizierte Abschnitt den Großteil (95 %) der Domäne II der Kontrollregion umfasst. Die Amplifizierung erfolgte nach folgendem Temperaturprofil: (a) Initiale Denaturierung bei 95 °C für 5 min, gefolgt von (b) 40 Zyklen Denaturierung bei 95 °C für 15 s, Primer Annealing bei 50 °C für 15 s und Elongation bei 72 °C für 1 min, und (c) einer terminalen Elongation bei 72 °C für 5 min. Nach Inspektion der DNA-Banden in einem 1 % Agarosegel wurden die Amplifikate auf einem Sanger Biosystems 3730x/DNA Analyzer sequenziert. Das Er-

Tab. 1: Fundort, Fundjahr, Geschlecht, Beprobungsumstand und Geweberart der analysierten Sterntaucher. Abkürzungen: M = Männchen, F = Weibchen, UNK = Unbekannt, S = Strandfund, N = Stellnetzopfer, T = Lebendfang im Rahmen einer Telemetrie-Studie, R = Lebendfang im Rahmen einer Küken-Beringung, W = in einem Zaun verheddert, L = Leber, Mu = Muskel, B = Blut, F = Federn. – *Red-throated Diver sampling location, sampling year, sex (M = male, F = female, UNK = unknown), sampling circumstance (S = collected dead on the beach, N = drowned in fishing net, T = captured alive for a telemetry study, UNK = unknown, R = captured alive as chick for a ringing scheme, W = trapped in wire) and type of analysed tissue (L = liver, Mu = muscle, B = blood, F = feathers).*

Region	Proben ID	Fundort	Fundjahr	Geschlecht	B.-Umstand	Gewebe
Region	Sample ID	Sampling location	Year	Sex	circumstance	tissue
Nordsee	NOR02	Büsum Stinteck	2010	F	S	L
North Sea	NOR05	Sylt, Ellenbogen	2012	F	S	L
	NOR09	Langeness	2007	F	S	L
	NOR10	Sönke-Nissen-Koog	2009	F	S	L
	NOR13	Sönke-Nissen-Koog	2012	M	S	L
	NOR14	Amrum	2011	F	S	L
	NOR16	Osewoldter Koog	2008	F	S	L
	NOR17	Osewoldter Vorland	2008	M	S	L
	NOR21	Dieksanderkoog	2005	F	N	L
	NOR22	UNK	2012	UNK	S	L
	NOR24	Wangerooge	2007	F	S	L
	NOR25	Friedrichskoog	2007	F	S	L
	NOR30	Hooge	2010	F	S	L
	NOR33	Wangerooge	2007	F	S	L
	NOR35	Eidersperrwerk	2007	F	S	L
Ostsee	BAL01	Bansin, Heringsdorf	2009	M	N	L
Baltic Sea	BAL03	Bansin, Heringsdorf	2010	F	N	L
	BAL07	Bansin, Heringsdorf	2009	M	N	L
	BAL08	Bansin, Heringsdorf	2003	F	S	L
	BAL11	Bansin, Heringsdorf	2009	F	N	L
	BAL12	Bansin, Heringsdorf	2009	M	N	L
	BAL15	Bansin, Heringsdorf	2009	M	N	L
	BAL18	Hiddensee	2008	M	N	L
	BAL20	Bansin, Heringsdorf	2008	F	N	L
	BAL27	Bansin, Heringsdorf	2010	F	N	L
	BAL28	Bansin, Heringsdorf	2009	M	N	L
	BAL29	Bansin, Heringsdorf	2007	F	N	L
	BAL31	Ahlbeck	2008	F	N	L
	BAL32	Bansin, Heringsdorf	2009	M	N	L
	BAL34	Bansin, Heringsdorf	2009	F	N	L
	BAL36	Ahlbeck	2008	M	N	L
Island	ICE01	Akar	2008	UNK	S	Mu
Iceland	ICE02	Tradir	2008	UNK	S	Mu
Litauen	LIT01	Klaipeda Nehrung	2012	M	T	B
Lithuania	LIT03	Klaipeda Nehrung	2013	M	T	B
	LIT04	Klaipeda Nehrung	2013	M	T	B
	LIT05	Klaipeda Nehrung	2012	M	T	B
	LIT06	Klaipeda Nehrung	2012	F	T	B
Finnland	FIN01	li	1979	UNK	UNK	Mu
Finland	FIN02	Suomussalmi	1979	UNK	UNK	Mu
	FIN03	Kajaani	1984	UNK	N	Mu
	FIN04	li	1988	UNK	N	Mu
	FIN05	Sotkamo	1989	UNK	UNK	Mu
	FIN06	Suomussalmi	2001	F	W	Mu
	FIN07	Kuhmo	1995	UNK	N	Mu
	FIN08	Inari	2008	UNK	UNK	Mu
	FIN10	Savo	2014	UNK	R	F
	FIN11	Savo	2014	UNK	R	F
	FIN12	Savo	2014	UNK	R	F
	FIN13	Savo	2014	UNK	R	F

stellen von Consensus-Sequenzen und das Alignment der Basensequenzen wurden mithilfe von BioEdit@v7.2.5 durchgeführt. Die statistische Auswertung erfolgte mithilfe von DNAsp@v5.1, und das Haplotyp-Netzwerk wurde mithilfe von Network@ v4.6 erstellt. Konservative Gensequenzen ('boxes') wurden optisch nach BUEHLER & BAKER (2003) UND BAKER & MARSHALL (1997) bestimmt.

Ergebnisse

In den insgesamt 50 analysierten Proben wurden nur 4 unterschiedliche Haplotypen identifiziert (Tab. 2). Die beiden bei weitem dominanten Haplotypen H1 und H2 unterschieden sich durch eine einzige Basen-Substitution an der Position 472, die streng genommen bereits in der Domäne III liegt. Die seltenen Haplotypen H3 (Insertion an der Position 86) und H4 (Substitution an der Position 317) stammten von je einem Individuum aus der Nordsee bzw. aus Litauen. Die Nukleotid-Diversität π war niedrig ($\pi = 0,0011$).

Das Haplotypen-Netzwerk zeigt, dass sich die beiden häufigen Haplotypen H1 und H2 keiner eindeutigen geographischen Region zuordnen lassen (Abb. 1). Vielmehr sind diese Haplotypen in etwa gleichmäßig auf die verschiedenen geographischen Regionen verteilt. Alle 4 Haplotypen sind – wie aus Tab. 2 ersichtlich – durch eine einzige Mutation voneinander getrennt.

Tab. 2: Sterntaucher Haplotypen der Domäne II der mt Kontrollregion. Die Nukleotid-Position ist sowohl (a) relativ zum amplifizierten 496 bp langen DNA-Abschnitt auf dem L-Strang als auch (b) relativ zur Referenzsequenz (Genebank Nummer AY293618.1; SLACK et al. 2006) angegeben. Der Haplotyp H1 ist identisch mit der Referenzsequenz. n = Anzahl der Individuen. – *Red-throated Diver haplotypes of the Domain II of the mt control region. Nucleotide positions are given both (a) relative to the L-strand of the amplified 496 bp region and (b) relative to the reference sequence (Genebank accession number AY293618.1, SLACK et al. 2006). Haplotype H1 is identical with the reference sequence. n = sample size.*

Haplotyp <i>Haplotype</i>	n	Nukleotid-Position				
		(a) 86	87	317	472	
		(b) 16.323	16.324	16.554	16.709	
H1	20	C	-	T	G	A
H2	28	.	-	.	.	T
H3	1	.	A	.	.	T
H4	1	.	-	.	T	.

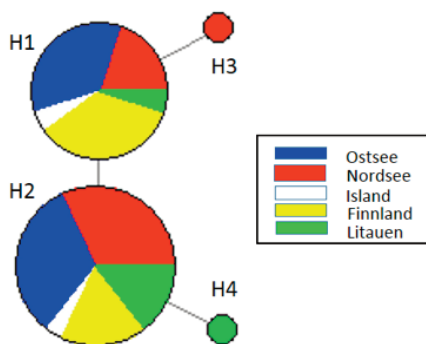


Abb. 1: Sterntaucher Haplotypen-Netzwerk (median joining) der Haplotypen H1 bis H4 (s. Tab. 2) nach biogeographischer Region der Beprobungs- oder Fundstelle. – *Red-throated Diver haplotype network (median joining) of haplotypes H1 to H4 (s. Tab. 2) according to the biogeographical region of sampling location.*

Der zwischenartliche Vergleich der Domäne II (Abb. 2) zeigt, dass der Großteil (> 85 %) der hier amplifizierten Sequenz innerhalb 3 Arten der Gattung *Gavia* identisch ist. Dabei ist die Übereinstimmung in der Basensequenz zwischen *G. immer* und *G. arctica* höher (97 %) als zwischen *G. stellata* und *G. immer* bzw. zwischen *G. stellata* und *G. arctica* (jeweils 85 %). Dies gilt nicht nur für die konservativen „boxes“, sondern auch außerhalb dieser hoch konservativen Abschnitte (Vergleich *G. immer* und *G. arctica*: 98 %; Vergleich *G. stellata* und *G. immer*: 86 %; Vergleich *G. stellata* und *G. arctica*: 87 %). Ein weiterer Unterschied zwischen *G. stellata* und den beiden anderen Arten ist eine „A“-Insertion an der Position 128, die bei *G. immer* und *G. arctica* fehlt, wohingegen bei *G. stellata* kein „G“ an der Position 428 ist, was sowohl bei *G. immer* und *G. arctica* vorhanden ist.

Diskussion

Die hier amplifizierte Sequenz der mitochondrialen Kontrollregion - die sog. Domäne II - erwies sich als extrem

konservativer Abschnitt. Obwohl die Sequenzen 4 verschiedenen Haplotypen zugewiesen werden konnten, ist die Nukleotid-Diversität zu gering, um sinnvolle Schlüsse über die genetische Diversität des Sterntauchers zuzulassen. Dieses Ergebnis ist im Einklang mit den Ergebnissen für den Eistaucher *Gavia immer*, bei dem die Nukleotid-Diversität der Domäne II sogar noch geringer war als in dieser Studie ($n = 0,0004$ vs. $0,0011$) (BARTOLOMÉ et al. 2011) und bei dem auch kodierende Abschnitte wie COI und die Cytochrome-b-kodierende Sequenz genetisch wenig variabel waren (range: $n = 0$ bis $0,007$). Doch obwohl die genetische Diversität in den Domänen I und III bekanntermaßen größer ist als in der Domäne II, ist dies nicht bei allen Vogelarten der Fall (z. B. Arten der Gattungen *Phylloscopus* und *Emberiza* zeigen eine ähnliche Diversität in allen 3 Domänen: RUOKONEN & KVIST

2002). Aufgrund der Tatsache, dass sich auch bei Eistaucher und Prachtaucher eine nur geringe genetische Variabilität in der Domäne II zeigt, dürfte dies wohl allgemein für die Gattung *Gavia* anzunehmen sein, wie es z. B. auch gattungswweit für Cracidae gezeigt worden ist (PEREIRA et al. 2004). Der Grund für die geringe genetische Diversität ist unbekannt, auch warum weite Abschnitte außerhalb der hochkonservativen „Boxen“ sich ebenso hochkonservativ zeigten wie im zwischenartlichen Vergleich.

Wir können mit großer Wahrscheinlichkeit ausschließen, dass die geringe genetische Diversität von einer selektiven Amplifikation einer nuklearen Kopie der mitochondrialen Kontrollregion (einem sog. nuclear mitochondrial DNA oder „Numt“) herrührt. Dies wurde schon mehrfach bei Vögeln

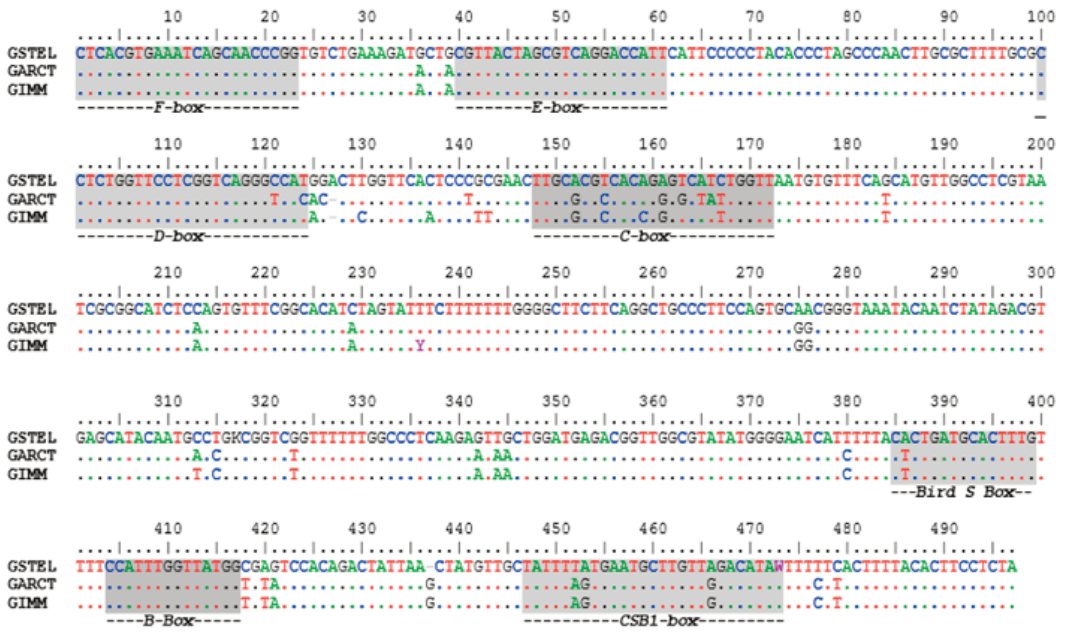


Abb. 2: Alignment der Consensus-Sequenzen der Domäne II von Sterntaucher (GSTEL), Eistaucher (GIMM) und Prachtaucher (GARCT). Konservative Abschnitte sind grau unterlegt. Bird S. Box = Bird Similarity Box. CSB 1 = Conserved Sequence Box 1. Daten für Eistaucher sind aus BARTOLOMÉ et al. (2011), Genebank accession Nummer gil323903571. Daten für Prachtaucher (n = 5) sind eigene unveröffentlichte Daten. Punkte stellen identische Basen wie in der obersten Sequenz dar. – Alignment of the consensus sequences of the Domain II for the Red-throated Diver (GSTEL), Great Northern Diver (GIMM) and Black-throated Diver (GARCT). Conserved regions are shaded gray. Bird S. Box = Bird Similarity Box. CSB 1 = Conserved Sequence Box 1. Data for Great Northern Diver are from BARTOLOMÉ et al. (2011), Genebank accession number gil323903571. Data for Black-throated Diver (n = 5) are unpublished data. Dots represent identical bases as in uppermost sequence.

beschrieben (SORENSEN & QUINN 1998) und wird generell durch die Amplifikation eines längeren Basenabschnitts vermieden, welcher als Vorlage für die interne Amplifikation des kürzeren Basenabschnitts von Interesse dient. Dieses Verfahren haben wir für 4 Sequenzen von finnischen Tieren (GS220 bis 223; Tab. 1) mit einem neu entwickelten primären Primerpaar durchgeführt, wo der Forward-Primer upstream im ND6-Gen und der Reverse Primer downstream im t-RNA-Phenylalanin kodierenden Abschnitt fußt und somit einen ca. 3 kb langen Abschnitt amplifiziert. Die so gewonnenen Sequenzen erwiesen sich als identisch mit den direkt amplifizierten Sequenzen der Domäne II, die hier beschrieben sind. Des Weiteren fanden wir in den Elektropherogrammen keine Hinweise auf Basen-Doppelpeaks oder Inkonsistenzen zwischen Forward- und Reverse-Sequenzen, die auf das Vorhandensein von „Numts“ hinweisen würden.

Aussagen über regionale Muster in der genetischen Diversität des Sterntauchers, die zur Identifikation von Subpopulationen führen könnten, sind mit den hier gezeigten Ergebnissen nicht möglich. Jedoch zeigen vorläufige Ergebnisse für 37 Sequenzen der Domäne I eine viel höhere Nukleotid-Diversität ($\pi = 0,202$) und große Unterschiede zwischen Individuen aus verschiedenen biogeographischen Regionen, vornehmlich zwischen Island und Finnland (eig. unveröff. Daten). Die Analyse dieser und weiterer Sequenzen wird hoffentlich eine Aussage über die genetische Vielfalt von den in der deutschen Nord- und Ostsee überwinternden Sterntauchern ermöglichen. Damit könnte einerseits eine Aussage über die Gefahr der genetischen Verarmung dieser Art gemacht werden, wie sie in Populationen mit geringen Bestandsdichten aber auch durch historische Ereignisse auftreten können (AVISE 2000). Als herausragendes historisches Ereignis gelten die Eiszeiten im Pleistozän, die in vielen Tieren der gemäßigten Zone zu einem geographischen Rückzug auf südlichere Gebiete – in Europa auf die Iberische Halbinsel, die Apennin-Halbinsel und den Balkan – geführt hat (HEWITT 2000). Expandieren Populationen nach genetischer Isolation von nur einem einzigen, südlichen eiszeitlichen Refugium wieder in den Norden, kann die genetische Diversität trotz großer Bestandsdichten gering bleiben, und es zeigt sich nur ein dominanter, geographisch weit verbreiteter Haplotyp (AVISE 2000). Ist

die Population dagegen erst kürzlich von einem einzigen Refugium aus expandiert, finden sich viele, relativ seltene Haplotypen wie bei der europäischen Kohlmeise (KVIST et al. 1999).

Andererseits könnte sich zeigen, dass sich die heutige Nordwesteuropäische Population des Sterntauchers, die von Island im Westen bis nach Sibirien im Osten brütet, tatsächlich aus mehreren, genetisch unterschiedlichen Populationen zusammensetzt. Dank der stark ausgeprägten Brutortstreue des Sterntauchers ist anzunehmen, dass diese Populationen eine genetische Differenzierung aufrechterhalten können, obwohl sie in der Nordsee gemeinsam überwintern, sich dort aber nicht verpaaren. Einen Hinweis darauf, dass die in der Nordsee überwinternden Sterntaucher tatsächlich sowohl aus westlichen als auch östlichen Brutgebieten stammen, gibt eine aktuelle Telemetrie-Studie mit Individuen, die im März und April 2015 in der Nordsee nördlich von Helgoland besendert wurden (<http://www.divertracking.com>; Download am 15.07.2015). Von insgesamt 12 Vögeln halten sich bisher 3 in Norwegen, einer an der Küste vor Island, einer in Sibirien, 3 in der Barentssee, 2 auf dem Weißen Meer und 2 noch in der Nordsee auf. Damit scheinen die in der Nordsee rastenden Sterntaucher im Gegensatz zu in der Ostsee überwinternden Tieren, die allesamt in Sibirien (ŽYDELIS et al. 2013) oder Fenno-Skandinavien (BAIRLEIN et al. 2014) zu brüten scheinen, aus einem sehr großen Einzugsbereich zu stammen. Aus naturschutzrechtlicher Sicht würde der Nachweis unterschiedlicher genetischer Populationen des Sterntauchers in der Nordsee eine Korrektur der maßgeblichen für die Bewilligung von Offshore-Windparks relevanten biogeographischen Bestandsgröße nach sich ziehen.

Danksagung

Wir danken J. Morkunas (Universität Klaipeda, Litauen), L. Kvist (Universität Oulu, Finnland) und T. Kuuonen (Finnland) für das Zusenden von Gewebe- bzw. Federproben. C. Bartolomé danken wir für die Diskussion von methodischen Aspekten dieser Arbeit.

Summary – Genetic diversity of the Red-throated Diver *Gavia stellata* in German waters of the North Sea and Baltic Sea: Analysis of the Domain II of the mitochondrial control region

The Red-throated Diver is among the marine bird species which are most endangered through habitat fragmentation due to the construction of off-shore wind parks. We analysed the genetic diversity of the Domain II of the mitochondrial control region in a total of 50 individuals in order to determine whether *G. stellata* overwintering in waters of the German North Sea and Baltic Sea belong to just one biogeographic population or originate from different breeding regions. Analysis of the Domain II revealed very low nucleotide diversity ($\pi = 0.0011$) and only 4 different haplotypes, which – in the case of the numerically dominant 2 haplotypes – differed only in one base substitution. An interspecies comparison between *G. stellata*, *G. immer* and *G. arctica* (Red-throated Diver, Black-throated Diver, Great Northern Diver) confirmed that the Domain II region in this genus seems to be a structurally highly conserved region and therefore is inappropriate to assess the genetic diversity of *G. stellata* within this context.

Literatur

- AVISE, J. (2000): Phylogeography: the history and formation of species. Cambridge.
- BAIRLEIN, F., J. DIERSCHKE, V. DIERSCHKE, V. SALEWSKI & O. GEITER (2014): Atlas des Vogelzugs: Ringfunde deutscher Brut- und Gastvögel. Wiebelsheim.
- BAKER, A. J., & H. D. MARSHALL (1997): Mitochondrial control region sequences as tools for understanding evolution. In: MINDELL, D. P. (Hrsg.): Avian molecular evolution and systematics. San Diego.
- BARTOLOMÉ, C., X. MASADE, K. C. CAMPHYSEN, M. HEUBECK & R. BAO (2011): Multilocus population analysis of *Gavia immer* (Aves: Gaviidae) mtDNA reveals low genetic diversity and lack of differentiation across the species breeding range. *Organisms Diversity Evol.* 11: 307-316.
- BUEHLER, D. M., & A. J. BAKER (2003): Characterization of the red knot (*Calidris canutus*) mitochondrial control region. *Genome* 46: 565-572.
- DIERSCHKE, V., O. HÜPPOP & S. GARTHE (2003) Populationsbiologische Schwellen der Unzulässigkeit für Beeinträchtigungen der Meeresumwelt am Beispiel der in der deutschen Nord- und Ostsee vorkommenden Vogelarten. *Seevögel* 24: 61-72.
- FRANSSON, T., & J. PETERSSON (2001): Svensk ringmärkningsatlas. Vol. 1. Naturhistoriska Riksmuséet and Sveriges Ornitologiska Förening. Stockholm.
- GARTHE, S., & O. HÜPPOP (2004): Scaling possible adverse effects of marine wind farms on seabirds: developing and applying a vulnerability index. *J. Appl. Ecol.* 41: 724-734.
- GARTHE, S., N. SONNTAG, P. SCHWEMMER & V. DIERSCHKE (2007): Estimation of seabird numbers in the German North Sea throughout the annual cycle and their biogeographic importance. *Vogelwelt* 128: 163-178.
- GARTHE, S., N. MARKONES, B. MENDEL, N. SONNTAG & J. C. KRAUSE (2012): Protected areas for seabirds in German offshore waters: Designation, retrospective consideration and current perspectives. *Biol. Conserv.* 156: 126-135.
- HEMMINGSSON, E., & M. ERICSSON (2002): Ringing of Red-throated Diver *Gavia stellata* and Black-throated Diver *Gavia arctica* in Sweden. Wetlands International Diver/Loon Specialist Group.
- HEWITT, G. (2000): The genetic legacy of the Quaternary ice ages. *Nature* 405: 907-913.
- KVIST, L., M. RUOKONEN, J. LUMME & M. ORELL (1999): The colonization history and present-day population structure of the European great tit (*Parus major major*). *Heredity* 82: 495-502.
- OKILL, D. (1994): Ringing recoveries of Red-throated Divers *Gavia stellata* in Britain and Ireland. *Ringling & Migr.* 15: 107-118.
- PEREIRA, S. L., E. T. GRAU & A. WAJNTAL (2004): Molecular architecture and rates of DNA substitutions of the mitochondrial control region of cracid birds. *Genome* 47: 535-545.
- RUOKONEN, M., & L. KVIST (2002): Structure and evolution of the avian mitochondrial control region. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 23: 422-432.
- SAUROLA, P., V. VALKAMA & W. VELMELA (2013): Suomen Rengastusatlas I. Helsinki.
- SLACK, K. E., C. M. JONES, T. ANDO, G. L. HARRISON, R. E. FORDYCE, U. AMASON & D. PENNY (2006): Early penguin fossils, plus mitochondrial genomes, calibrate avian evolution. *Molecular Biol. Evol.* 23: 1144-1155.
- SORENSEN, M. D., & T. W. QUINN (1998): Numts: A challenge for avian systematics and population biology. *Auk* 115: 214-221.
- WERNHAM, C. V., M. P. TOMS, J. H. MARCHANT, J. A. CLARK, G. M. SIRIWARDENA & S. R. BAILLIE (Eds.; 2002): The Migration Atlas: Movements of the Birds of Britain and Ireland. London.

WETLANDS INTERNATIONAL (2015). Waterbird Population Estimates. <http://wpe.wetlands.org>. (Download am 15.07.2015).

ŽYDELIS, R., J. MORKUNAS, M. DAGYS. & L. RAUDONIKIS (2013): Tracking red-throated divers through the annual cycle using satellite telemetry. Presentation International Loon and Diver Workshop, Tvärminne zoological station, Hanko, Finland, 21-22 September 2013; <http://www.birdlife.fi/suojelu/lajit/gavia/workshop.shtml> (Download am 02.03.2015).



Sterntaucher *Gavia stellata*. Foto: Stefan Pfützke/Green-Lens.de – Red-throated Loon.