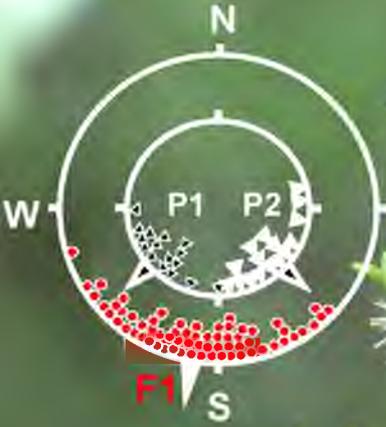


Ergebnisse phylogenetischer Studien an der Vogelwarte Hiddensee

Dorit Liebers-Helbig

Deutsches Meeresmuseum Stralsund

Evolution des Vogelzugs



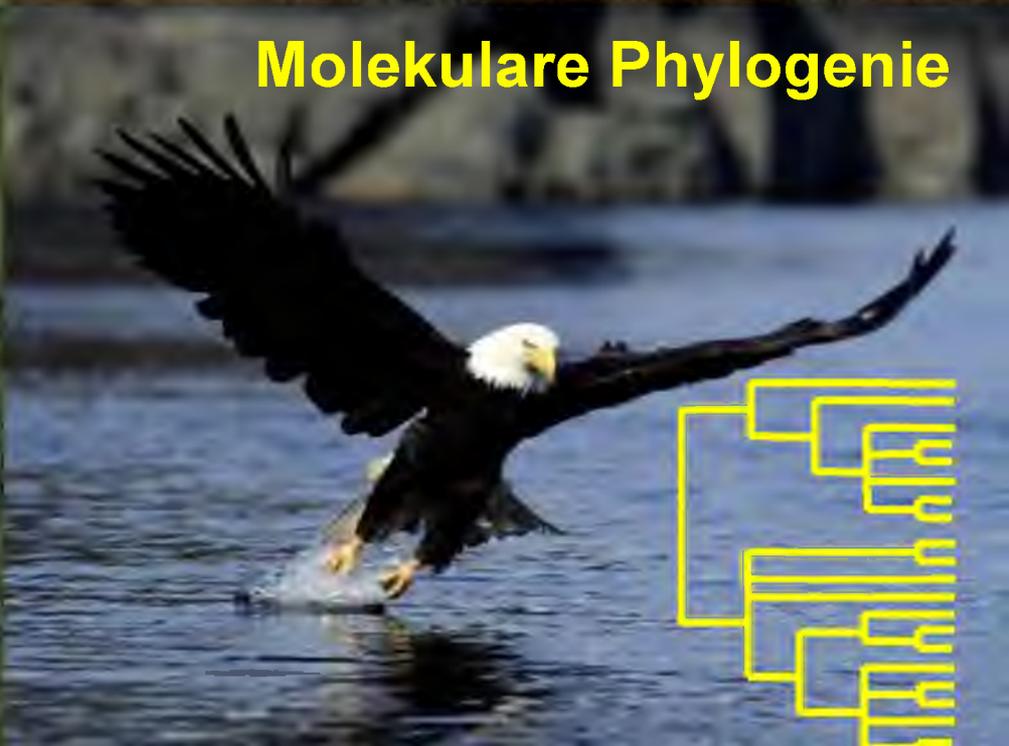
Avifauna von Hiddensee



Populationsgenetik und Artbildung



Molekulare Phylogenie



Populationsgenetik und Artbildung

BMFT-Teilprojekt:

Populationsgenetische Auswirkungen von Lebensraumzerschneidung



Kohlmeisen
Parus major

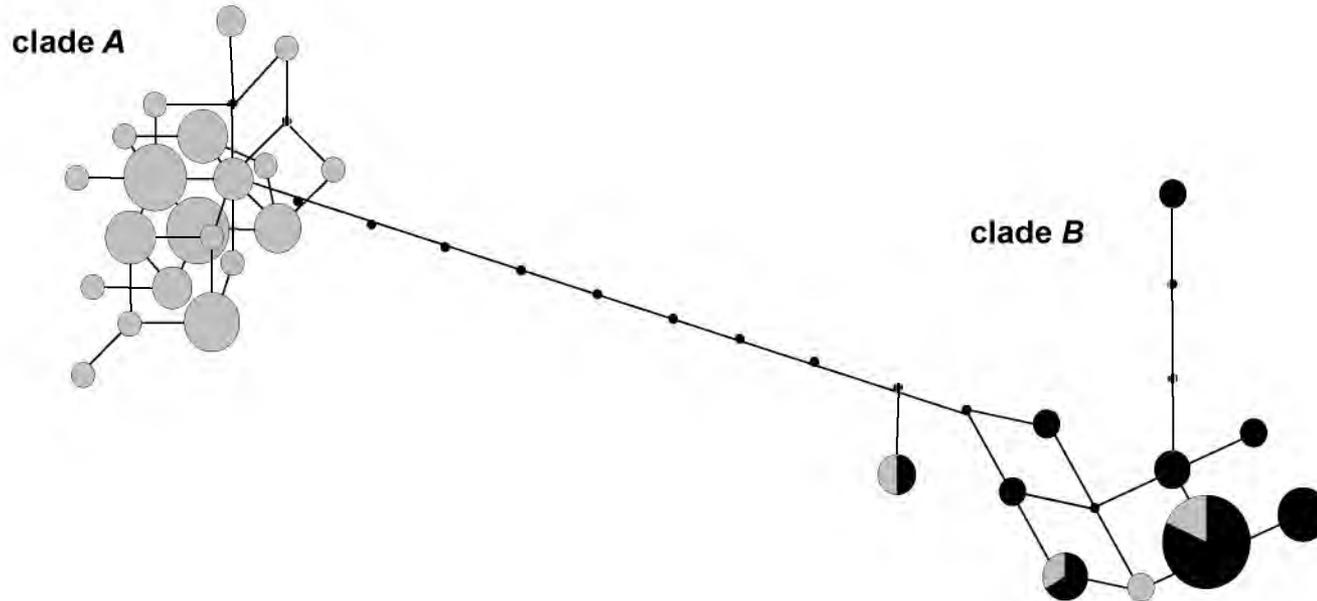


Schreiadler
Aquila pomarina



Rotmilan
Milvus milvus

Fortpflanzungsisolation zwischen Zwillingarten



Schreiadler (*Aquila pomarina*)
n=61

Schelladler (*Aquila clanga*)
n=20

Populationsgenetik und Artbildung

BMFT-Teilprojekt:

Populationsgenetische Auswirkungen von
Lebensraumzerschneidung

Populationsgenetik von Großmöwen der
Larus argentatus-fuscus-cachinnans Gruppe

L. smithsonianus



L. fuscus



L. cachinnans



Die Evolutionsgeschichte von Großmöwen, rekonstruiert anhand von mitochondrialen DNA-Sequenzen und autosomalen AFLP-Markern

L. marinus



L. argentatus



L. hyperboreus





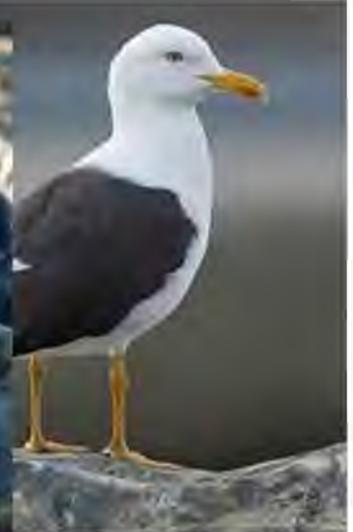
26 phänotypisch differenzierte Taxa, 76 Kolonien, ca. 1500 Individuen

Die Evolutionsgeschichte von Großmöwen, rekonstruiert anhand von mitochondrialen DNA-Sequenzen und autosomalen AFLP-Markern

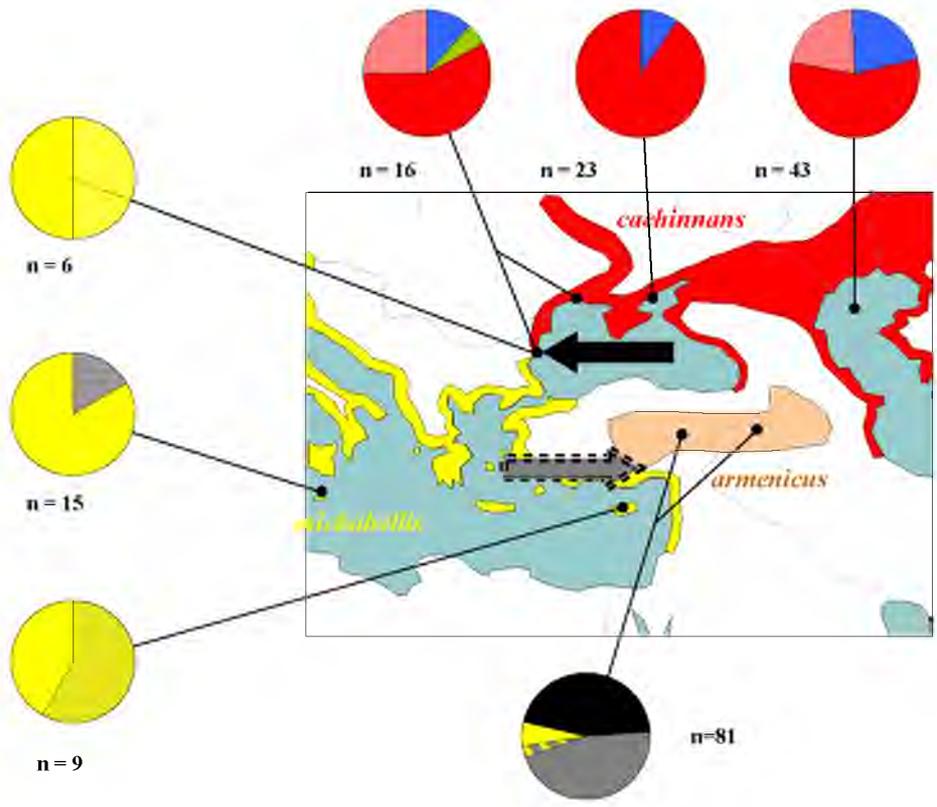
Phänotypische Merkmale



Larus argentatus
Silbermöwe



Die Evolutionsgeschichte von Großmöwen, rekonstruiert anhand von mitochondrialen DNA-Sequenzen und autosomalen AFLP-Markern

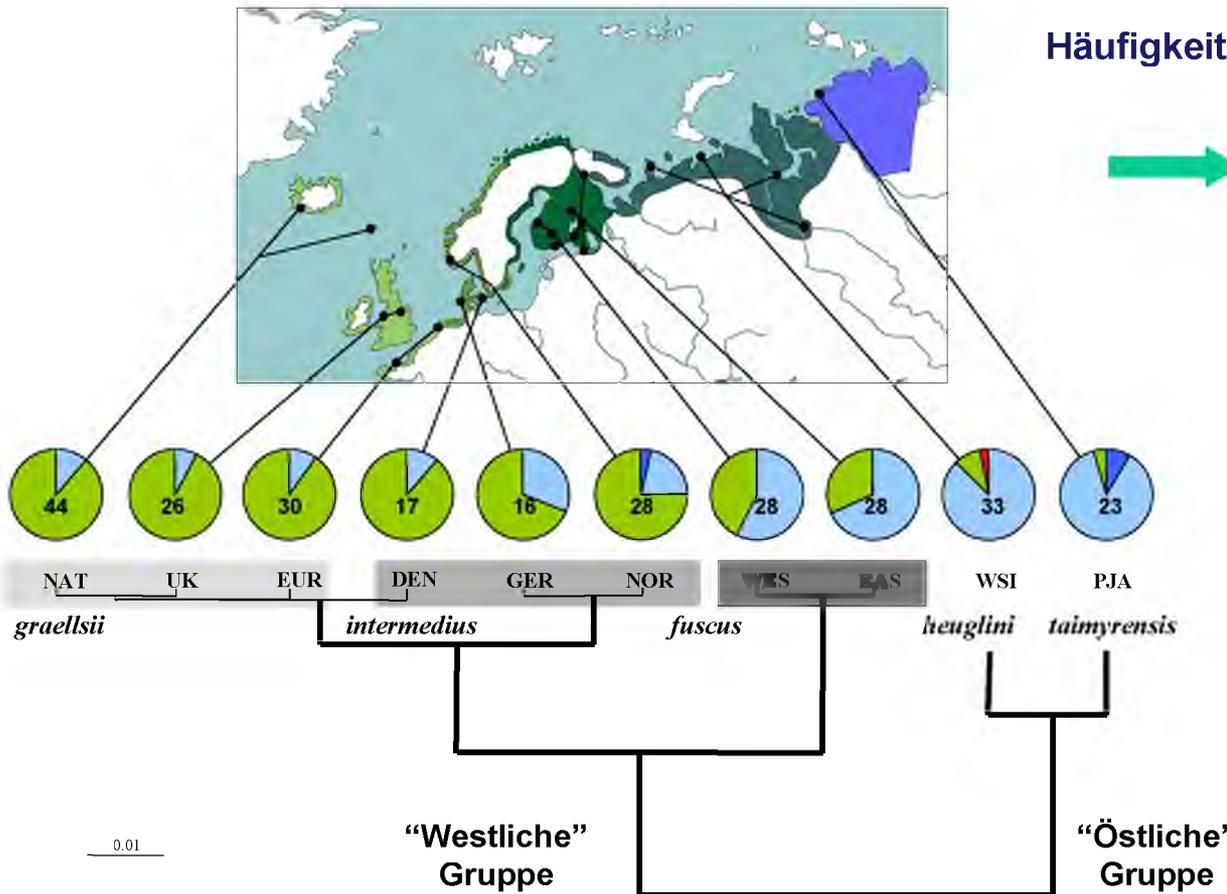


Häufigkeitsunterschiede in mt-Haplotypen

➔ Barriere für mitochondrialen Genfluss zwischen *cachinnans* und *michahellis*

➔ Eingeschränkter Genfluss (Introgression) von *michahellis* in das Brutgebiet von *armenicus*

Die Evolutionsgeschichte von Großmäwen, rekonstruiert anhand von mitochondrialen DNA-Sequenzen und autosomalen AFLP-Markern



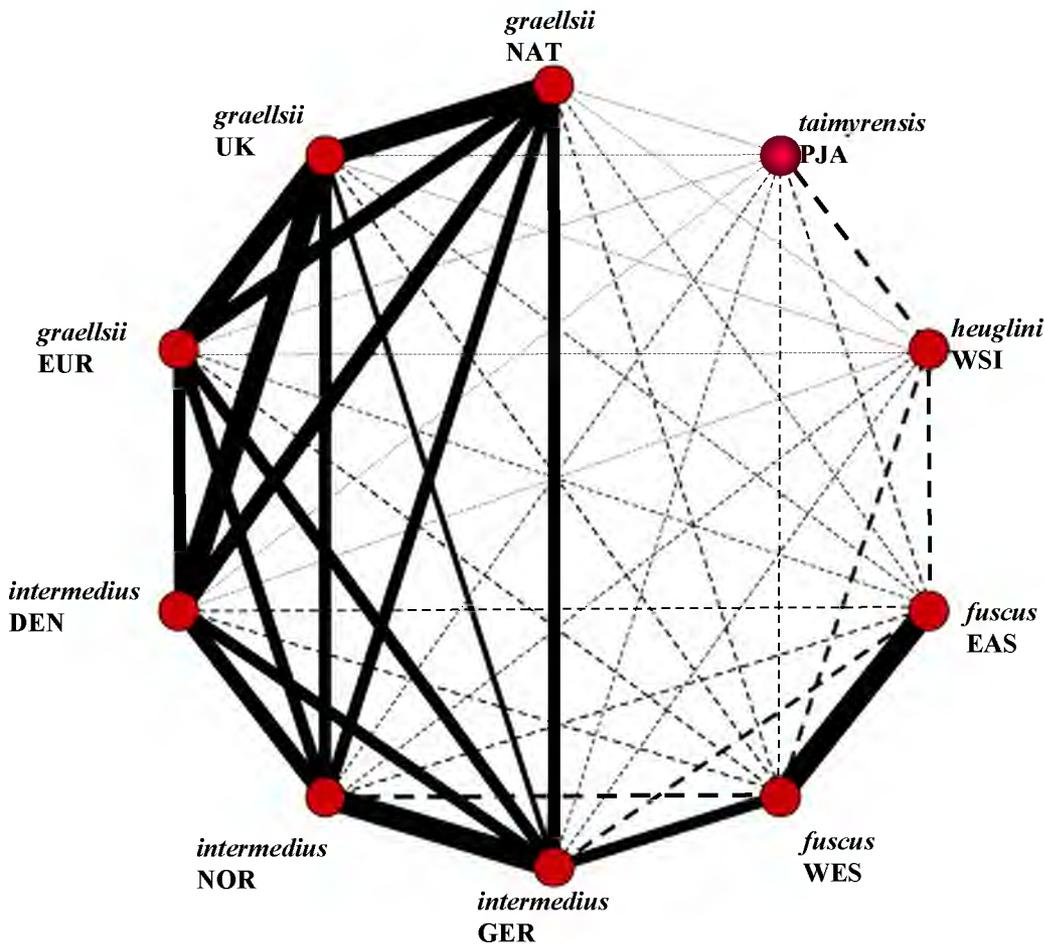
Häufigkeitsunterschiede in mt-Haplotypen



Klinale Variation von Ost nach West

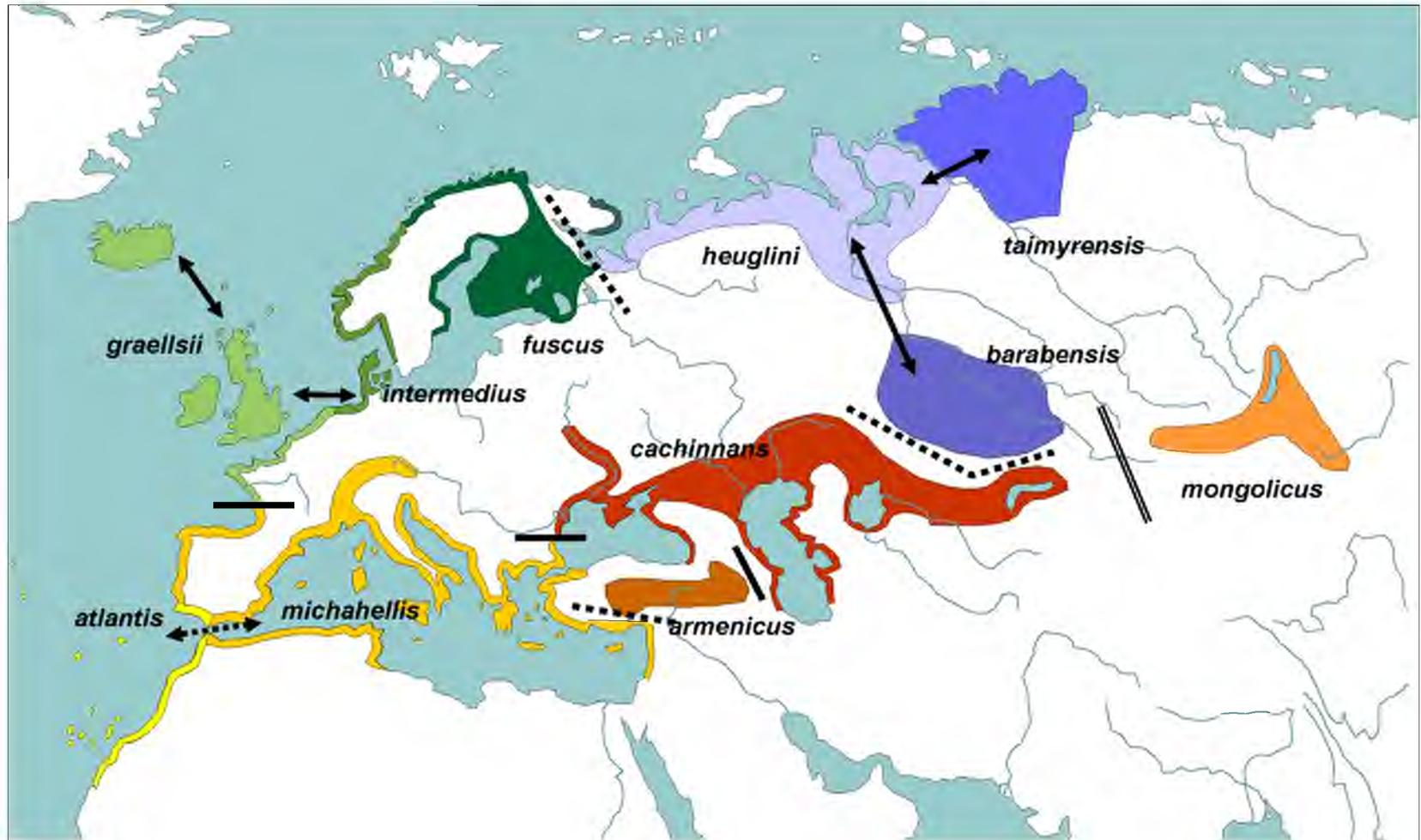
- Genetische Differenzierung korreliert mit geographischer Distanz (Isolation durch geografische Entfernung)
- Genfluss zwischen jeweils benachbarten Populationen messbar

Die Evolutionsgeschichte von Großmöwen, rekonstruiert anhand von mitochondrialen DNA-Sequenzen und autosomalen AFLP-Markern

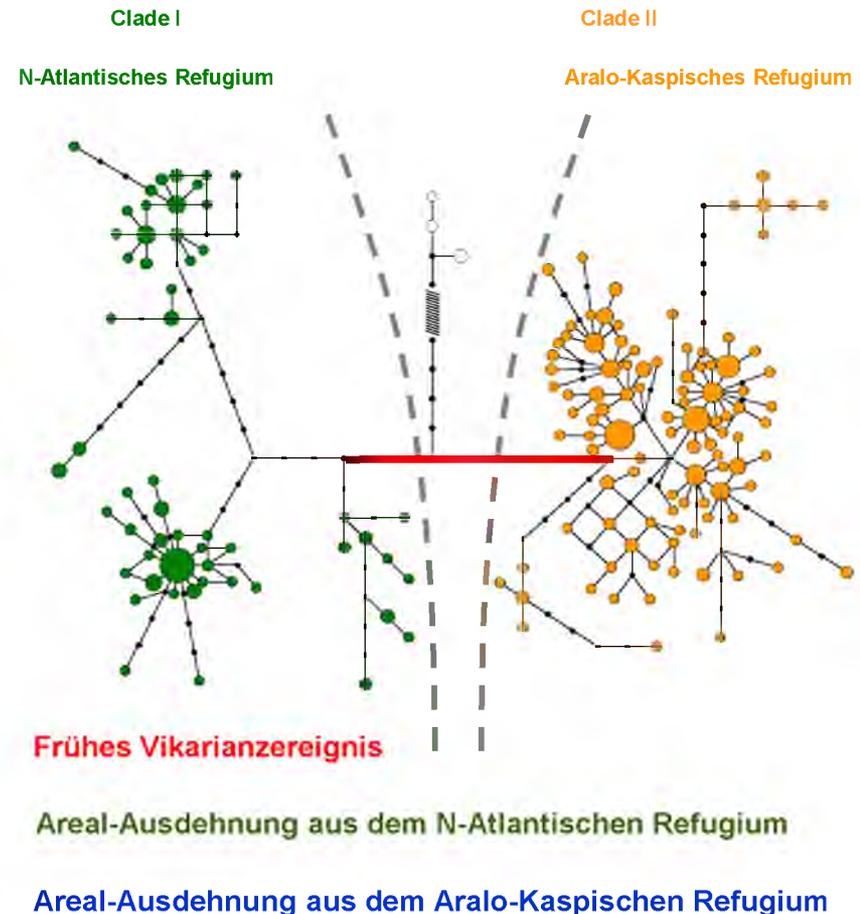


Messen des mitochondrialen Genfluss (Anzahl wandernder Weibchen)

Die Evolutionsgeschichte von Großmöwen, rekonstruiert anhand von mitochondrialen DNA-Sequenzen und autosomalen AFLP-Markern



Die Evolutionsgeschichte von Großmäwen, rekonstruiert anhand von mitochondrialen DNA-Sequenzen und autosomalen AFLP-Markern



Molekulare Phylogenie

Phylogenie der Greifvögel (Accipitriformes)

Phylogenie der Rohrsänger (Acrocephalidae)

Phylogenie der Möwen (Laridae)

