



Universiteit  
Leiden  
The Netherlands

## Genetic patterns of Black-tailed Godwit populations and their implications for conservation

Trimbos, K.B.

### Citation

Trimbos, K. B. (2013, November 5). *Genetic patterns of Black-tailed Godwit populations and their implications for conservation*. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/22110>

Version: Not Applicable (or Unknown)

License: [Licence agreement concerning inclusion of doctoral thesis in the Institutional Repository of the University of Leiden](#)

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/22110>

**Note:** To cite this publication please use the final published version (if applicable).

Cover Page



Universiteit Leiden



The handle <http://hdl.handle.net/1887/22110> holds various files of this Leiden University dissertation

**Author:** Trimbos, Krijn

**Title:** Genetic patterns of Black-tailed Godwit populations and their implications for conservation

**Issue Date:** 2013-11-05



## Samenvatting

Toen hoogvenen werden omgevormd tot natte gras en hooilanden ten behoeve van de zuivelproductie, verschoof de opportunistische grutto van zijn vroegere broed habitat naar deze nieuwe gevormde cultuurlanden. In het Nederland van 1900 kwamen de grutto's vooral voor in deze vochtige hooilanden, die rond deze tijd tevens een groot deel van de Nederlandse grond besloegen. Door de gestage groei van mest gebruik op de hooilanden vanaf 1900 groeide de voedselbeschikbaarheid voor grutto's. Als een gevolg hiervan nam de grutto-broedpopulatie enorm toe in de eerste helft van de twintigste eeuw. Echter door steeds verdere landbouwintensivering, het oprukken van stedelijk gebied en de afname van het totale graslandareaal, is de habitat kwaliteit van geschikt gruttobroedgebied afgenomen met habitatfragmentatie als gevolg. Hierdoor neemt de kuikenoverleving waarschijnlijk al sinds eind jaren zestig af. Vanaf toen laten populatie aantallen een jaarlijkse afname zien van zo'n 5%.

Verschillende beheersstrategieën, zoals nestbescherming, het creëren van weidevogelreservaten, en mozaïekbeheer zijn ontwikkeld om de afname van de grutto en andere weidevogels te stoppen door het verbeteren van het nestsucces en habitatkwaliteit. Echter tot nu toe blijft het onduidelijk of deze beheersstrategieën uiteindelijk het gewenste effect hebben op habitatkwaliteit en dus habitatfragmentatie. Daarnaast is het momenteel nog steeds onduidelijk of habitatfragmentatie überhaupt een groot effect heeft op gruttopopulaties.

Habitatfragmentatie en veranderingen in habitatkwaliteit kunnen een effect hebben op de populatiedynamiek van een soort. Soorten kunnen bijvoorbeeld als gevolg van afnemende habitatkwaliteit een ander verspreidingspatroon laten zien of kunnen geïsoleerd raken van elkaar door habitatfragmentatie. Dit soort populatiedynamische veranderingen kunnen weer effect hebben op het genetische patroon van de soort. In dit proefschrift is genetica gebruikt om populatiedynamische processen te onderzoeken als gevolg van habitatfragmentatie op drie schaal niveaus. Voordat er gestart kon worden met dit genetische onderzoek moesten er eerst genetische merkers ontwikkeld worden en werd de toepasbaarheid van eischaalmembranen als DNA bron getest.

In hoofdstuk 2 hebben we de ontwikkelde microsattelieten gebruikt om te testen of eischaalmembranen een goed alternatief waren voor bloed monsters in populatiegenetisch onderzoek. We laten statistisch zien dat genetische informatie in eischaalmembraan-DNA, in vergelijking met DNA uit bloed, niet extra aangetast is door degradatie of contaminatie. Daarnaast, bleek ook geen sprake van DNA-degradatie of contaminatie in complete genotyperingen met bloed van hetzelfde individu als referentiegenotype. Ons onderzoek laat duidelijk zien dat eischaal membranen gebruikt kunnen worden voor populatiegenetisch onderzoek.

In hoofdstuk 3 onderzochten we de bevindingen van een eerdere studie die liet zien dat intronische variatie in het CHD1-Z gen ( $Z^*$ ) in grutto's gecorreleerd was met habitatkwaliteit op een lokale schaal opnieuw. De vorige studie suggereerde dat grutto-broedpopulaties differentieel gestructureerd waren in habitat van verschillende kwaliteit. Dit als een gevolg van positieve selectie druk in gruttopopulaties die broeden in habitat van hoge kwaliteit. Wij laten zien de aanwezigheid van het  $Z^*$  allel niet gecorreleerd was met habitatkwaliteit. Andere analyses met fitnesscorrelatieven laten zien dat er tendens kan zijn dat vrouwtjes grutto's met het  $Z^*$  allel eerder beginnen met broeden dan vrouwtjes zonder het  $Z^*$  allel. De aanwezigheid van het  $Z^*$  allel correleerde ook met een betere



conditie en een hogere terugkomkans van de gruttokuikens. Interessant was ook de bevinding dat kuikens die waren geboren op kruidenrijk grasland, dat over het algemeen grutto-broedhabitat is van hoge kwaliteit, een hogere terugkomkans hadden dan kuikens die op intensief boerenland waren geboren. Dit laat het grote belang van kruidenrijk grasland zien voor broedende grutto's.

In hoofdstuk 4 en 5 onderzochten we of grutto-broedpopulaties in Nederland genetisch gestructureerd waren als gevolg van habitat fragmentatie. We demonstreren dat genetische diversiteit middelmatig was. Verder leken de Nederlandse grutto-broedpopulaties niet genetisch geclusterd. Genetisch uitwisseling tussen gemonsterde broedpopulaties was hoger dan '1 migrant per generatie'. Ook werd er geen isolatie-door-afstand-effect op de grutto-broedpopulaties gevonden. Deze resultaten toonden aan dat genetische diversiteit in de grutto-broedpopulaties werd onderhouden door voldoende genetische uitwisseling tussen die broedpopulaties. Nederlandse grutto-broedpopulaties lijken op genetisch vlak niet te zijn aangetast door habitatfragmentatie.

In hoofdstuk 6 hebben we ons onderzoek naar de effecten van habitatfragmentatie op grutto-broedpopulaties opgeschaald naar een nog groter schaal niveau. De genetische populatiestructuur en fylogenie van de grutto werd geanalyseerd waarbij broedpopulaties werden bemonsterd van IJsland tot het Baikal meer in Oost Rusland. Tevens werden hierin alle subsoorten meegenomen die momenteel bekend zijn binnen de grutto. Voor het gevonden genetische patroon dat voortkwam uit de mitochondrale en microsatellitenanalyses werd een historische verklaring gegeven. We demonstreren dat de genetische structuur binnen de *L. l. limosa* slechts zeer beperkt was volgens de microsatellitenanalyse. Daarnaast was er sprake van genetische differentiatie tussen de *L. l. limosa* en *L. l. islandica* maar niet tussen de *L. l. limosa* en *L. l. melanuroides*. De genetische patronen die de mitochondriale analyses lieten zien waren echter inconsistent met het patroon in het nuDNA. Het mitochondriale DNA liet een genetische split zien tussen *L. l. melanuroides* en *L. l. limosa/L. l. islandica*. Daarnaast vielen de *L. l. limosa* samples uiteen in 2 cluster die geografisch niet geïsoleerd van elkaar voorkwamen. Deze genetische patronen zijn waarschijnlijk het resultaat van een scenario waarbij de *L. l. melanuroides* geïsoleerd raakte van de *L. l. limosa* in Beringia tijdens de laatste grote ijstijd, waarna mogelijk recent weer introgressie heeft plaats gevonden tussen deze subsoorten. Tijdens het pleistoceen zijn de *L. l. islandica* en *L. l. limosa* van elkaar gescheiden, gevolgd door kolonisatie van IJsland door de *L. l. islandica* tijdens het holoceen. Tijdens het holoceen hebben foundermomenten binnen de *L. l. limosa*, gevolgd door populatie expansie op verschillende plekken, gezorgd voor het genetische patroon van deze gruttosubsoort.

Het doel van dit proefschrift was het onderzoeken van langdurige populatiedynamische processen in de grutto als resultaat van habitatfragmentatie op drie verschillende schaal niveaus door het gebruik van genetica. We laten zien dat eischalmembranen, als DNA-bron in populatiegenetische studies, een goed alternatief zijn voor bloedmonsters. Door het gebruik van eischalmembranen konden we het genetisch onderzoek in dit proefschrift uitvoeren op groot schaal niveau. Genetisch populatiestructuur werd hier bestudeerd omdat grutto-broedgebieden een geografisch gefragmenteerd lijken te zijn geraakt. Het was onduidelijk of dit ook tot genetische splitsing en inteelt had geleid tussen en binnen deze broedpopulaties. Op een lokale schaal konden we geen genetische populatiestructuur



waarnemen als resultaat van fragmentatie van habitat met een hoge kwaliteit. We laten zien dat habitatfragmentatie, hoewel geografisch zichtbaar, nog niet heeft geleid tot genetische verschillen tussen Nederlandse grutto-broedpopulaties. Het lijkt er op dat Nederlandse grutto-broedpopulaties gezien kunnen worden als één panmictische populatie. Op wereld schaalniveau laat dit proefschrift zien dat er op genetisch vlak drie subsoorten onderscheiden kunnen worden. Binnen het broedareaal van de *L. l. limosa* zijn echter geen duidelijke genetische verschillen gevonden. Wellicht is er sprake van lichte genetische differentiatie tussen *L. l. limosa* broed gebieden in Nederland en Zweden.







Photo: Jasper Doest