

Inavel och förlust av genetisk variation hos sydlig
kärrsnäppa (*Calidris alpina schinzii*) på svenska
Västkusten



LÄNSSTYRELSEN
HALLANDS LÄN



Omslagsbilder: Bo av sydlig kärrsnäppa; Båtafjorden, Varbergs kommun samt 14 dagar gammal unge. Foto: Angela Pauliny. Sydlig kärrsnäppa; Ölmevalla strandäng, Kungsbacka kommun. Foto: Mikael Larsson

Länsstyrelsen Halland
Enheten för naturvård och miljöövervakning
Meddelande 2007:18
ISSN 1101-1084
ISRN LSTY-N-M-2007/18-SE

Tryckt på Länsstyrelsens tryckeri 2007

Inavel och förlust av genetisk variation hos sydlig kärrensnäppa
(*Calidris alpina schinzii*) på svenska Västkusten

Donald Blomqvist och Angela Pauliny

Göteborgs Universitet
Zoologiska Institutionen
Box 463
405 30 Göteborg

Tel: 031-7863460
Fax: 031-416729
Email: donald.blomqvist@zool.gu.se

Förord

Vi är glada över att inom arbetet med åtgärdsprogram för hotade arter kunna bidra till att denna utvärdering av betydelsen av genetiska faktorer för beståndsutvecklingen för sydlig kärrensnäppa kunnat genomföras. Utvärderingen har, parallellt med en utvärdering av betydelsen av miljögifter (separat rapport), genomförts som en del i framtagandet av ett nationellt åtgärdsprogram för sydlig kärrensnäppa.

Åtgärdsprogram för hotade växter och djur ingår i den storsatsning som Naturvårdsverket genomför i samarbete med länsstyrelserna, med syfte att till år 2015 minska antalet hotade arter med 30%. Åtgärdsprogram har visat sig vara framgångsrika verktyg för att förbättra situationen för hotade arter. Den fördjupade kunskap som rapporten bidrar med utgör ett viktigt underlag för fortsatt bevarandearbete.

Jeanette Erlandsson

Koordinator

Åtgärdsprogram för hotade arter

Länsstyrelsen i Hallands län



**Åtgärdsprogram
för hotade arter**

INNEHÅLLSFÖRTECKNING

SAMMANFATTNING	6
INLEDNING	7
METODER	8
Studiepopulation	8
Fångst, ringmärkning och blodprover	8
Häckningsframgång	8
Genetiska analyser	9
Statistiska analyser	9
RESULTAT	10
DISKUSSION	12
TACK	12
LITTERATUR	13
 Appendix 1.	
Appendix 2.	

SAMMANFATTNING

Den sydliga kärrensnappen har minskat kraftigt i antal inom stora delar av sitt utbredningsområde. I Sverige är rasen numera klassad som ”starkt hotad”. Biotopförluster i form av upphörd betesdrift och dränering av våtmarker, samt bopredation har identifierats som hot. Den svenska populationen av sydlig kärrensnappa utgörs av ett antal relativt små och isolerade delbestånd, vilket även ökar risken för att populationen är utsatt för negativa effekter av genetisk drift och inavel (särskilt eftersom fåglarna är starkt hemortstroga). I denna rapport presenteras för första gången en utvärdering av betydelsen av genetiska faktorer för beståndsutvecklingen. Vi har kombinerat befintliga populationsdata från en långtidsstudie på Västkusten med nya molekylärgenetiska resultat (baserade på två olika typer av genetiska markörer: DNA fingerprinting och mikrosatellitanalys). Beståndet på Västkusten har minskat sedan början av 1990-talet, trots aktiva skyddsåtgärder under senare år för att reducera bopredationen. Vi fann att minskningen är associerad med en ökad frekvens av parningar mellan besläktade individer (inklusive incest), vilket speglar en förhöjd grad av släktskap i populationen. Vi kunde också belägga att genetisk likhet mellan parmedlemmarna hade en negativ effekt på kläckningsframgången. Parningarna mellan besläktade individer gav upphov till ungar med reducerad genetisk variation, vilket resulterade i högre dödlighet såväl under fosterutvecklingen som efter kläckningen. Våra resultat visar att populationen av sydlig kärrensnappa på Västkusten är under stark påverkan av genetiska faktorer. Eftersom andra bestånd i landet troligen är utsatta för samma hot, bör betydelsen av genetiska faktorer och hur de kan motverkas inkluderas som en viktig faktor i åtgärdsprogrammet för att bevara den sydliga kärrensnappen.

INLEDNING

Små och isolerade populationer riskerar att dö ut av flera skäl. Förutom att sådana bestånd är mer sårbara för slumpmässiga variationer i miljöförhållanden (t.ex. klimat och förekomsten av rovdjur) och demografi (t.ex. fertilitet och könsfördelning), riskerar de utdöende även på grund av genetiska faktorer (t.ex. Keller & Waller 2002). Dessa är av två typer: genetisk drift och inavel. Genetisk drift kan beskrivas som slumpmässig förlust respektive fixering av alternativa genetiska egenskaper i en population. Resultatet är reducerad genetisk variation och därmed sämre förmåga att motstå eventuella miljöförändringar (t.ex. Keller & Waller 2002). Inavel definieras som parningar mellan släktingar. Sådana parningar ökar risken för att skadliga anlag kommer till uttryck hos avkomman (genom förhöjd grad av homozygoti; se nedan), med påföljden att de får nedsatt livskraft och fortplantningsförmåga; s.k. inavelsdepression (t.ex. Keller & Waller 2002). Skillnaden mellan de genetiska riskfaktorerna är att drift är en relativt långsam process, medan de negativa effekterna av inavel kan uttryckas inom bara några få generationer. Inavel framstår därför som ett mer omedelbart genetiskt hot för många populationer (Amos & Balmford 2001, Keller & Waller 2002). Genetisk drift och inavel kan således medföra att en liten population blir ännu mindre, vilket i sin tur gör populationen ytterligare sårbar för miljömässiga och demografiska förändringar. Sådana interaktioner mellan de olika hotfaktorerna kan leda till att populationen hamnar i en s.k. utdöende-spiral (Extinction Vortex; t.ex. Frankham m.fl. 2002).

Den relativa betydelsen av genetiska och andra faktorer för populationers överlevnad har varit föremål för debatt. Ett argument har varit att demografiska förändringar kan driva ett bestånd till utdöende innan det hinner påverkas av genetiska faktorer (Lande 1988). En jämförande studie har dock nyligen visat att hotade djur och växter generellt uppvisar lägre genetisk variation (mätt som heterozygoti; se nedan) än arter som inte är hotade, vilket tyder på ett starkt samband mellan genetik och risken för utdöende (Spielman m.fl. 2004). Vidare har flera studier visat att styrkan av inavelsdepression kan vara tillräcklig för att påverka livskraften hos såväl individer som populationer (Keller & Waller 2002). Det är värt att notera att även parningar mellan mer avlägset besläktade individer kan ha en negativ effekt på avkomman (Amos m.fl. 2001).

Syftet med vår studie var att undersöka betydelsen av genetiska faktorer för populationsutvecklingen hos en hotad vadare – den sydliga kärrsnäppan *Calidris alpina schinzii*. Denna ras (underart) av kärrsnäppa, som troligen övervintrar i sydvästra Europa eller i norra och nordvästra Afrika, är under häckningstid helt beroende av hävdade gräsmarker. Den har minskat kraftigt i antal inom stora delar av sitt utbredningsområde; särskilt i länderna runt Östersjön. Rasens tillbakagång i Europa speglar försvinnandet av en biototyp som tidigare var allmän i jordbrukslandskapet, nämligen öppna, våta och hävdade gräsmarker. Den sydliga kärrsnäppan kan därför ses som en representant för ett stort antal djur och växter, som minskat i antal på grund av denna biotyps gradvisa försvinnande (ArtDatabanken, SLU 2006: <http://www.artdata.slu.se/>).

I Sverige häckar den sydliga kärrsnäppan numera nästan uteslutande på välbetade havsstrandängar. År 2000 beräknades det svenska beståndet till ca 260 häckande par (de flesta på Öland), men den sydliga kärrsnäppan har sedan dess ytterligare minskat i antal. Enbart i Halland har populationen minskat från drygt 100 par 1970 (Unger 1970) till färre än 20 par 2004 (Fig. 2a). Rasen är därför klassad som ”starkt hotad” (Endangered) i Sverige. Förutom biotopförluster (upphörd betesdrift och dränering av våtmarker) har även predation på ägg och ungar identifierats som hot (ArtDatabanken, SLU 2006: <http://www.artdata.slu.se/>). I vilken utsträckning även genetiska faktorer har bidragit till den negativa populationsutvecklingen är för närvarande okänt. Det finns dock flera skäl till att misstänka att sådana faktorer är och har varit betydelsefulla. Den sydliga kärrsnäppan var tidigare allmän i jordbrukslandskapet; bl.a. i södra Sverige (ArtDatabanken, SLU 2006: <http://www.artdata.slu.se/>). Den långvariga och kraftiga tillbakagången har medfört att rasen numera förekommer i ett antal små och mer eller mindre isolerade delbestånd, vilka kan ha varit utsatta för genetisk drift (se ovan). Sådan förlust av genetisk variation, kombinerad med den höga ortstroheten hos fåglarna (Jönsson 1991, D. Blomqvist opubl.), bör även ha ökat risken för inavelsdepression och andra negativa effekter av genetisk likhet (se ovan).

I denna rapport kombinerar vi befintliga populationsdata från en långtidsstudie av sydlig kärrsnäppa på svenska Västkusten (Bohuslän och Halland) med nya molekylärgenetiska analyser. Vi har testat två hypoteser; nämligen att beståndsminskningen är associerad med (1) ökad frekvens av inavel samt, mer generellt, ökad grad av släktskap mellan individerna i populationen, och (2) reducerad genetisk variation och därför nedsatt livskraft hos ungarna. Bekräftelse av dessa hypoteser innebär att populationen på Västkusten är under stark påverkan av genetiska faktorer. Eftersom även populationerna utanför Västkusten är relativt små och isolerade, är det möjligt att hela eller större delen av det svenska beståndet av sydlig kärrsnäppa riskerar att dö ut på grund av genetiska faktorer.

METODER

Studiepopulation

Beståndet av sydlig kärrensnäppa på svenska Västkusten har övervakats sedan 1989 (Blomqvist & Johansson 1991a) och studien pågår fortfarande. Mer detaljerade studier, inklusive ringmärkning samt registrering av överlevnad, parband och häckningsframgång, inleddes i större skala några år senare. Denna rapport inkluderar data från tidsperioden 1993-2004 och omfattar alla kända häckningslokaler från södra Bohuslän till mellersta Halland. Under senare tid har den sydliga kärrensnäppan bara häckat vid en lokal i Bohuslän (Ödsmåls kile i Kungälv kommun) och är nu förmodligen utdöd i landskapet (senaste häckningen konstaterades 2003; D. Blomqvist opubl.). Huvuddelen av data i denna rapport härrör därför från Halland; från Vallda Sandö i Kungsbacka kommun till Sik i Varbergs kommun. Samtliga lokaler utgörs av flacka, våta och mestadels välbetade havsstrandängar (se Blomqvist & Johansson 1991a för ytterligare detaljer).

Fångst, ringmärkning och blodprover

Bon och ungpullar upptäcktes genom direkta observationer eller noggrann genomletning av lämpliga områden. De flesta aduler (vuxna fåglar) fångades med en bofälla (mjärde) under ruvningsperioden. I några enstaka fall fångades adulterna tillsammans med sina ungar efter att de lämnat boet. Adulterna mättes, vägdes och märktes med en metallring och en individuell kombination av färgringar. Ungarna mättes, vägdes och märktes (metallring, ibland även färgringar); vanligtvis i eller nära bobalen vid kläckningen. Fångst och ringmärkning har skett under tillstånd från Ringmärkningscentralen, Stockholm.

I samband med ringmärkningen insamlades även blodprover för DNA-analys under åren 1997-2004. Vi tog blodprover (ca 50 µl från aduler och ca 25 µl från ungar) genom att punktera en yttlig ven i endera vingen (aduler) eller i benet (ungar). Dessutom insamlade vi vävnadsprover från ofödda ungar, vilka dött under olika stadier av fosterutvecklingen. Blodprover insamlades under tillstånd från Centrala Försöksdjursnämnden och Djurskyddsmyndigheten (tillstånd nr 52/97, 106/99 och M 76-04).

Häckningsframgång

För bon som påträffades under läggningsperioden beräknades kläckningsdatum genom att anta 5 dagar för äggläggning (4 ägg) och 22 dagar för ruvning (Cramp & Simmons 1983). För bon som påträffades med en full äggkull skattade vi antalet ruvningsdagar genom att flyta äggen i vatten (Fig. 1). Vi återbesökte varje bo de närmaste dagarna kring det beräknade kläckningsdatumet och bestämde antalet kläckta ungar. Vi noterade då även om förluster av ägg eller ungar kunde hänföras till predation (se Blomqvist & Johansson 1991b), trampskador, översvämning eller andra orsaker (t.ex. att adulterna övergivit boet). Kläckningsframgången beräknades som antal kläckta ungar/antal lagda ägg.

På grund av svårigheterna med att observera och återfinna ungar efter att de lämnat boet, har vi här avstått från att analysera antalet flygga ungar. Vi har i stället antagit att kläckta och ringmärkta ungar som inte återvänt till Västkusten under påföljande år har dött; antingen före de uppnått flygfärdig ålder eller under flyttningen/vintern. Detta antagande är rimligt eftersom den sydliga kärrensnäppan är starkt hemortstrogen (Jönsson 1991, D. Blomqvist opubl.). Trots att individbaserade studier av rasen har bedrivits i relativt närliggande områden, inklusive Skåne (t.ex. Jönsson 1991) och Danmark (t.ex. Thorup 1997), har fåglar från Västkusten aldrig konstaterats häcka på andra platser. Vidare har vi aldrig registrerat häckande fåglar med ett annat ursprung än svenska Västkusten (D. Blomqvist opubl.). I vår överlevnadsanalys har vi inkluderat 55 ungar födda t.o.m. 2003 (de flesta fåglar återvänder inom 2 år från födseln; Jönsson 1991, D. Blomqvist opubl.).



Figur 1. Antalet ruvningsdagar skattades genom att flyta äggen i vatten. Metoden bygger på att ägg successivt förlorar vikt under ruvningen p.g.a. avdunstning och det växande fostrets ämnesomsättning. Äggens flytförmåga och lutningsvinkel indikerar således hur länge de har ruvats. För kärrensnäppa och andra vadare sjunker färskva (oruvade) ägg och ligger kvar på botten med endast svag lutning, medan ägg som ruvats i t.ex. 9 dagar står vertikalt på botten och är nära att börja flyta (van Paassen m.fl. 1984). Foto: Mikael Larsson.

Genetiska analyser

Vi har använt två molekylärgenetiska metoder: DNA fingerprinting och mikrosatellitanalys (t.ex. Baker 2000). Båda metoderna baseras på variation i repetitiva och förmodat neutrala (icke-kodande) DNA-sekvenser. Markörerna som används för fingerprinting är spridda över hela arvsmassan, medan en mikrosatellit bara förekommer inom en bestämd region (locus) på en viss kromosom. Resultatet av DNA fingerprinting är en unik genetisk profil i form av ett komplext bandmönster (liknande streck-koder). Ursprunget för ett enskilt band i profilen, dvs. vilket locus det härrör från, är dock okänt. Det motsatta gäller för mikrosatelliter, vilket innebär att denna typ av analys resulterar i ett eller två band för varje undersökt locus. En individ som har ärvt samma allel (variant av en gen) från båda föräldrarna uppvisar ett band, medan en individ som ärvt två olika alleler (en från fadern och en annan från modern) uppvisar två band. Genom att kombinera data från olika mikrosatelliter (loci), kan man därför skatta i vilken utsträckning en individ uppvisar homozygoti (lika alleler) respektive heterozygoti (olika alleler). Parningar mellan besläktade individer förväntas resultera i förhöjd frekvens av homozygoti hos avkomman, något som ofta är skadligt (t.ex. Keller & Waller 2002).

Vårt protokoll för DNA fingerprinting finns redovisat i tidigare publikationer (t.ex. Blomqvist m.fl. 2002). I denna rapport har vi utnyttjat fingerprinting för att undersöka andelen gemensamma DNA band hos parmedlemmarna (band-sharing; se Wetton m.fl. 1987 för beräkning), vilket kan användas som ett index på släktskap/genetisk likhet mellan två individer (t.ex. Reeve m.fl. 1992, Blomqvist m.fl. 2002, Eimes m.fl. 2005).

Vi testade totalt 34 olika mikrosatelliter utvecklade från 11 olika fågelarter. Av dessa innehöll 10 loci tillräcklig information för denna studie. Ytterligare tre loci uteslöts dock från den slutliga analysen på grund av osäkra data. Vidare information om mikrosatelliterna återfinns i Appendix 1 och 2. Vi har i princip följt analysprotokollet beskrivet av Primmer m.fl. (1996). Dessutom optimerade vi PCR (Polymerase Chain Reaction) protokollet för varje locus i syfte att maximera mängden DNA som erhöles vid PCR reaktionen. PCR produkterna analyserades därefter med hjälp av en automatisk sekvenserare (CEQTM8000 Genetic Analysis System; Beckman Coulter). För varje individ beräknade vi graden av heterozygoti som antal heterozygota loci/antal analyserade loci ($n = 7$).

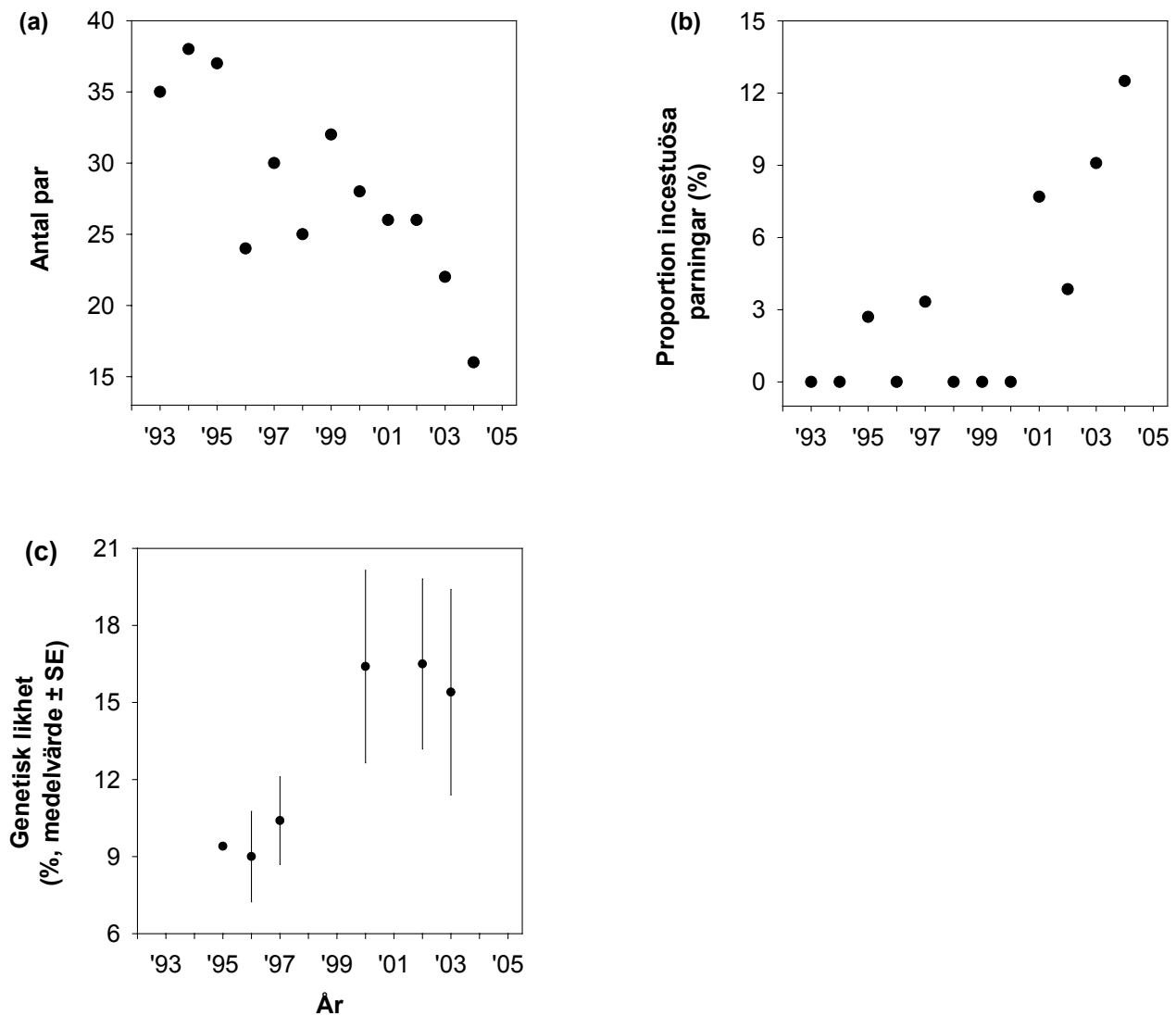
Statistiska analyser

Genetisk likhet (band-sharing) bestämdes för 39 olika parkombinationer. Flera av dessa par häckade tillsammans under mer än ett år. För dessa par valdes slumpmässigt ett av deras häckningsår för att testa om släktskapet mellan parmedlemmarna förändrats under studieperioden. Vi bestämde graden av individuell heterozygoti hos 64 ungar. Var och en av dessa ungar valdes slumpmässigt från 64 olika förädrakombinationer.

För att öka överskådligheten har vi valt att reducera den statistiska informationen. Sannolikheten för att erhålla ett visst resultat av slumpmässiga skäl anges med ett p-värde, där p står för sannolikhet (probability). Om p-värdet överstiger den traditionella signifikansnivån (0.05, d.v.s. 5%) kan man inte utesluta att resultatet har genererats av slumpen. Resultaten presenterade nedan är statistiskt säkerställda ($p < 0.05$) om inte annat anges.

RESULTAT

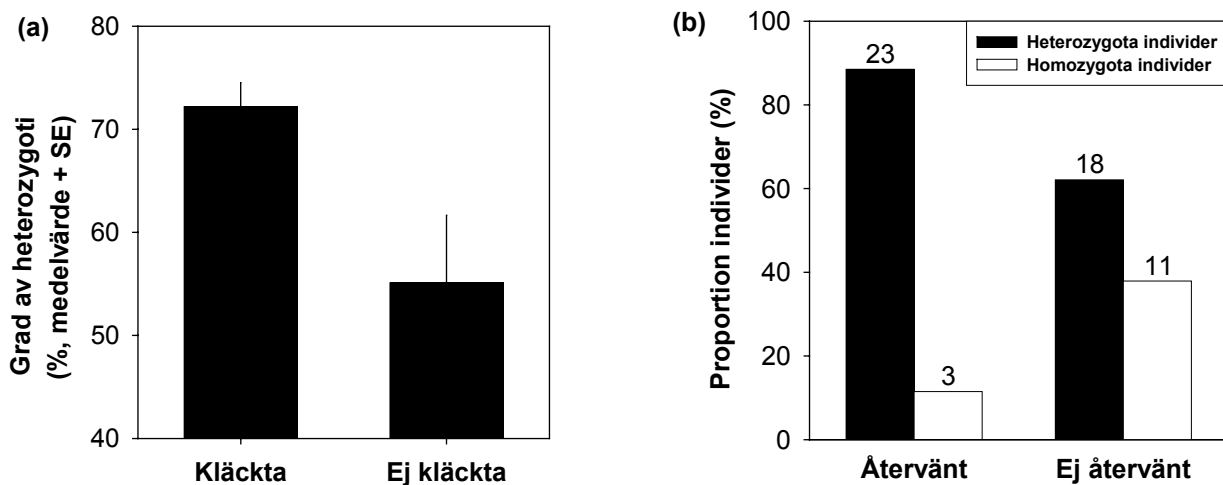
Populationen av sydlig kärnsnäppa på Västkusten uppvisar en i det närmaste kontinuerlig minskning sedan början av 1990-talet (Fig. 2a). Beståndsminskningen sammanfaller med en ökad frekvens av parningar mellan besläktade individer. Observationer av partnerval hos individmärkta fåglar, kombinerat med härledning av deras släkträd, visar att antalet incestuösa parningar (bror-syster, far-dotter och mor-son parningar) tenderade att öka under studieperioden (Fig 2b). DNA fingerprinting, inkluderande även fåglar med ofullständigt kända släkträd, bekräftade att den genetiska likheten mellan parmedlemmarna har ökat sedan studien inleddes (Fig. 2c; $p = 0.007$). Sammantaget visar dessa resultat att individerna i populationen har blivit alltmer besläktade med varandra.



Figur 2. Populationsstorlek och släktskap hos sydlig kärnsnäppa på Västkusten 1993-2004: (a) antal häckande par (minimiantal; baserat på fynd av bon eller ungar), (b) andelen incestuösa parningar (relativ frekvens av bror-syster, mor-son och far-dotter parningar), (c) genetisk likhet mellan parmedlemmarna (andelen gemensamma band vid DNA fingerprinting).

Vi kunde också belägga att förhöjd genetisk likhet mellan parmedlemmarna medför försämrad häckningsframgång och un-göverlevnad. Kläckningsframgången var negativt korrelerad med föräldrafågelnas genetiska likhet (mätt som band-sharing); par där hannen och honan var relativt närbesläktade hade signifikant färre kläckta ungar i sina bon jämfört med mindre besläktade par (D. Blomqvist opubl.). Vi fann också en trolig mekanism för detta resultat: ungar som dog under fostervecklingen (dvs. före kläckningen) var mer homozygota än ungar som överlevde och kläcktes normalt (Fig. 3a; $p = 0.023$).

Av de kläckta ungarna ($n = 55$) återvände 26 till Västkusten, vanligtvis inom 2 år från födseln. Resterande 29 ungar (53%) antogs ha dött; antingen före de blivit flygga eller under flyttningen/vintern. Det fanns inget signifikant samband mellan denna dödlighet och graden av heterozygoti mätt över alla loci ($p = 0.32$). Heterozygoti i en av mikrosatelliterna (PGT83; Appendix 1) samvarierade dock med ungarernas långsiktiga överlevnad: ungar som var heterozygota i detta locus återvände till Västkusten i större omfattning än de som var homozygota (Fig. 3b; $p = 0.032$).



Figur 3. Genetisk variation och överlevnad hos ungarna: (a) grad av heterozygoti hos ungar som kläcktes respektive som dog under fosterutvecklingen ($n = 57 + 7$ ungar; 7 mikrosatellit loci), (b) andelen kläckta ungar som återvände till Västkusten för att häcka eller som dog efter kläckningen (ej återvänt) i relation till heterozygoti respektive homozygoti i mikrosatellit locus PGT83. Siffrorna över staplarna anger antalet individer.

DISKUSSION

Vi har visat att populationen av sydlig kärrsnäppa på Västkusten är under stark påverkan av genetiska faktorer. Vi har belagt att beståndsminskningen är associerad med en ökad grad av släktskap mellan individerna i populationen, och att parningar mellan besläktade individer (inklusive inavel) resulterar i nedsatt överlevnad hos ungarna.

Våra resultat bekräftar tidigare studier som visat att inavel, liksom parningar mellan genetiskt likartade individer i allmänt, kan ha en signifikant effekt på såväl individer som populationer (se Keller & Waller 2002 för en översikt). Vidare bekräftar våra resultat att genetiska markörer kan användas för att detektera förekomsten och effekten av sådana parningar. Vi fann således ett negativt samband mellan kläckningsframgången och parmedlemmarnas genetiska likhet (DNA fingerprinting), något som påvisats även hos trastsångare *Acrocephalus arundinaceus* (Bensch m.fl. 1994) och blåmes *Parus caeruleus* (Kempnaers m.fl. 1996, Krokene & Lifjeld 2000). Parningar mellan besläktade individer förväntas resultera i reducerad genetisk variation, och därför nedsatt livskraft, hos avkomman (t.ex. Keller & Waller 2002). Vi fann även detta samband: reducerad genetisk variation (mikrosatelliter) var kopplad till förhöjd dödlighet hos ungarna; såväl under fosterutvecklingen som efter kläckningen. Liknande samband har dokumenterats för många andra djurarter, inklusive däggdjur, fåglar, groddjur och insekter (se Keller & Waller 2002 för en översikt). Som exempel kan nämnas rekrytering, dvs. återkomst till häckningsområdet, hos unga trastsångare (Hansson m.fl. 2001), överlevnad och reproduktionsframgång hos blåmes (Foerster m.fl. 2003) samt sårbarhet för sjukdomar och sjukdomsalstrande organismer hos sjölejon *Zalophus californianus* (Acevedo-Whitehouse m.fl. 2003).

Redan i början av 1990-talet antydde beräkningar att bestånden av sydlig kärrsnäppa på Västkusten (Blomqvist & Johansson 1991b) respektive i Skåne (Jönsson 1991) inte längre var självförsörjande: produktionen av ungar per individ var inte tillräcklig hög för att balansera bortfallet på grund av adult mortalitet. För båda populationerna föreslogs att äggförluster på grund av plundring (bopredation) var den viktigaste orsaken till den otillräckliga reproduktionen (Blomqvist & Johansson 1991b, Jönsson 1991). I syfte att motverka sådana förluster har bon vid Båtafjorden och Getterön (de viktigaste häckningslokalerna på Västkusten) skyddats med en specialtillverkad stålbur under senare år. Dessa burar, vilka har använts i varierande omfattning sedan 1999, har markant förhöjt sannolikheten att ett bo överlever fram till kläckningsdagen (D. Blomqvist opubl.). Trots det har kärrsnäpporna på Västkusten fortsatt att minska i antal (Fig. 2a). Även om inte andra orsaker kan uteslutas (t.ex. försämrade förhållanden under flyttning och övervintring), talar det för att genetiska faktorer har ett betydande inflytande på populationsutvecklingen.

Sammanfattningsvis tyder våra resultat på att beståndet av sydlig kärrsnäppa på Västkusten löper stor risk att dö ut på grund av inavelsdepression och andra negativa effekter av förhöjd genetisk likhet mellan individerna i populationen. Det förefaller sannolikt att även andra bestånd i landet är utsatta för samma hot. Betydelsen av genetiska faktorer och hur de kan motverkas bör därför inkluderas i ett framtida åtgärdsprogram med avsikten att bevara den sydliga kärrsnäppan som svensk häckfågel.

TACK

Vi tackar alla kunniga ornitologer som hjälpt till med fältarbetet; särskilt Lars-Åke Flodin, Henry Hirsimäki, Olof C. Johansson, Mikael Larsson, Uno Unger och Johan Wallander. Denna rapport har möjliggjorts genom finansiellt stöd från Länsstyrelsen i Halland och är ett led i arbetet med att ta fram ett nationellt åtgärdsprogram för sydlig kärrsnäppa. Studien av sydlig kärrsnäppa på Västkusten har sedan 2003 även stötts av Forskningsrådet för miljö, areella näringar och samhällsbyggande (Formas).

LITTERATUR

- Acevedo-Whitehouse, K., Gulland, F., Greig, D. & Amos, W. 2003. Disease susceptibility in California sea lions. *Nature* 422: 35.
- Amos, W. & Balmford, A. 2001. When does conservation genetics matter? *Heredity* 87: 257-265.
- Amos, W., Worthington Wilmer, J., Fullard, K., Burg, T. M., Croxall, J. P., Bloch, D. & Coulson, T. 2001. The influence of parental relatedness on reproductive success. *Proceedings of the Royal Society of London Series B Biological Sciences* 268: 2021-2027.
- Baker, A. J. (Red.) 2000. *Molecular Methods in Ecology*. Blackwell Science, Oxford.
- Bensch, S., Hasselquist, D. & von Schantz, T. 1994. Genetic similarity between parents predicts hatching failure – nonin-cestuuous inbreeding in the great reed warbler. *Evolution* 48: 317-326.
- Blomqvist, D. & Johansson, O. C. 1991a. Den sydliga kärrensnäppan *Calidris alpina schinzii* på Västkusten. Inventering av betade strandängar 1989 och 1990. Information från Länsstyrelsen i Hallands län, miljövårdsenheten. ISSN 1101-1084.
- Blomqvist, D. & Johansson, O. C. 1991b. Distribution, reproductive success, and population trend in the dunlin *Calidris alpina schinzii* on the Swedish west coast. *Ornis Svecica* 1: 39-46.
- Blomqvist, D., Andersson, M., Küpper, C., Cuthill, I. C., Kis, J., Lanctot, R. B., Sandercock, B. K., Székely, T., Wallander, J. & Kempenaers, B. 2002. Genetic similarity between mates and extra-pair parentage in three species of shorebirds. *Nature* 419: 613-615.
- Cramp, S. & Simmons, K. E. L. (Red.) 1983. *The Birds of the Western Palearctic*. Vol. 3. Oxford University Press, Oxford.
- Dawson, D. A., Hunter, F. M., Pandhal, J., Buckland, R., Parham, A., Jones, I. L., Bradshaw, M., Jehle, R. & Burke, T. 2005. Assessment of 17 new whiskered auklet (*Aethia pygmaea*) microsatellite loci in 42 seabirds identifies 5-15 polymorphic markers for each of nine Alcinae species. *Molecular Ecology Notes* 5: 289-297.
- Double, M. C., Dawson, D., Burke, T. & Cockburn, A. 1997. Finding the fathers in the least faithful bird: a microsatellite-based genotyping system for the superb fairy-wren *Malurus cyaneus*. *Molecular Ecology* 6: 691-693.
- Eimes, J. A., Parker, P. G., Brown, J. L. & Brown, E. R. 2005. Extrapair fertilization and genetic similarity of social mates in the Mexican jay. *Behavioral Ecology* 16: 456-460.
- Foerster, K., Delhey, K., Johnsen, A., Lifjeld, J. T. & Kempenaers, B. 2003. Females increase offspring heterozygosity and fitness through extra-pair matings. *Nature* 425: 714-717.
- Frankham, R., Ballou, J. D. & Briscoe, D. A. 2002. *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Given, A. D., Mills, J. A. & Baker, A. J. 2002. Isolation of polymorphic microsatellite loci from the red-billed gull (*Larus novaehollandiae scopulinus*) and amplification in related species. *Molecular Ecology Notes* 2: 416-418.
- Hansson, B., Bensch, S., Hasselquist, D. & Åkesson, M. 2001. Microsatellite diversity predicts recruitment of sibling great reed warblers. *Proceedings of the Royal Society of London Series B Biological Sciences* 268: 1287-1291.
- Jönsson, P. E. 1991. Reproduction and survival in a declining population of the southern dunlin *Calidris alpina schinzii*. *Wader Study Group Bulletin* 61, Suppl.: 56-68.

- Keller, L. F. & Waller, D. M. 2002. Inbreeding effects in wild populations. *Trends in Ecology & Evolution* 17: 230-241.
- Kempnaers, B., Adriaensen, F., van Noordwijk, A. J. & Dhondt, A. A. 1996. Genetic similarity, inbreeding and hatching failure in blue tits: are unhatched eggs infertile? *Proceedings of the Royal Society of London Series B Biological Sciences* 263: 179-185.
- Krokene, C. & Lifjeld, J. T. 2000. Variation in the frequency of extra-pair paternity in birds: A comparison of an island and a mainland population of blue tits. *Behaviour* 137: 1317-1330.
- Lande, R. 1988. Genetics and demography in biological conservation. *Science* 241: 1455-1460.
- Marshall, T. C., Slate, J., Kruuk, L. & Pemberton, J. M. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology* 7: 639-655.
- Otter, K., Ratcliffe, L., Michaud, D. & Boag, P. T. 1998. Do female black-capped chickadees prefer high-ranking males as extra-pair partners? *Behavioral Ecology and Sociobiology* 43: 25-36.
- van Paassen A. G., Veldman, D. H. & Beintema, A. J. 1984. A simple device for determination of incubation stages in eggs. *Wildfowl* 35: 173-178.
- Piertney, S. B., MacColl, A. D. C., Bacon, P. J. & Dallas, J. F. 1998. Local genetic structure in red grouse (*Lagopus lagopus scoticus*): evidence from microsatellite DNA markers. *Molecular Ecology* 7: 1645-1654.
- Primmer, C. R., Møller, A. P. & Ellegren, H. 1996. A wide-range survey of cross-species microsatellite amplification in birds. *Molecular Ecology* 5: 365-378.
- Reeve, H. K., Westneat, D. F. & Queller, D. C. 1992. Estimating average within-group relatedness from DNA fingerprints. *Molecular Ecology* 1: 223-232.
- Segelbacher, G., Paxton, R. J., Steinbrück, G., Trontelj, P. & Storch, I. 2000. Characterization of microsatellites in capercaillie *Tetrao urogallus* (AVES). *Molecular Ecology* 9: 1934-1935.
- Spielman, D., Brook, B. W. & Frankham, R. 2004. Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 101: 15261-15264.
- Taylor, S. E., Oyler-McCance, S. J. & Quinn, T. W. 2003. Isolation and characterization of microsatellite loci in greater sage-grouse (*Centrocercus urophasianus*). *Molecular Ecology Notes* 3: 262-264.
- Thorup, O. 1997. Langtidsstudier af ryler på Tipperne. *Dansk Ornitologisk Tidsskrift* 91: 50-51.
- Thuman, K. A., Widemo, F. & Piertney, S. B. 2002. Characterization of polymorphic microsatellite DNA markers in the ruff (*Philomachus pugnax*). *Molecular Ecology Notes* 2: 276-277.
- van Treuren, R., Bijlsma, R., Tinbergen, J. M., Heg, D. & van de Zande, L. 1999. Genetic analysis of the population structure of socially organized oystercatchers (*Haematopus ostralegus*) using microsatellites. *Molecular Ecology* 8: 181-187.
- Unger, U. 1970. Inventering av häckfågelfaunan på strandängar i Hallands län 1970. I: Pehrsson, O. & Unger, U. Inventering av häckande, rastande och övervintrande sjöfågel, vadare, m.fl. utmed Hallandskusten. Zoologiska institutionen, Göteborgs Universitet (stencil).
- Wennerberg, L. 2001. Genetic Variation and Migration of Waders. Doktorsavhandling, Lunds Universitet.
- Wetton, J. H., Carter, R. E. & Parker, D. T. 1987. Demographic study of a wild house sparrow population by DNA fingerprinting. *Nature* 327: 147-149.

Appendix 1.

Mikrosatellit loci som användes för att bestämma den individuella graden av heterozygoti hos sydlig kärrsnäppa (76 testade individer). För varje locus anges antalet alleler samt deras storlek (min-max värde).

Locus ¹	Antal alleler	Allel storlek (baspar)
Calp2	8	127-147
Calp5	4	112-118
Ruff1	9	175-215
Ruff6	7	123-147
Ruff9	6	180-200
PGT83 ²	8	155-171
4A11	2	143-145

¹Locus namn (ursprunglig art; referens):

Calp2-5 (kärrsnäppa *Calidris alpina*; Wennerberg 2001),

Ruff1-9 (brushane *Philomachus pugnax*; Thuman m.fl. 2002),

PGT83 (kustsnäppa *Calidris canutus*; D. M. Buehler & A. J. Baker opubl., GenBank Accession number AY198173),

4A11 (strandskata *Haematopus ostralegus*; van Treuren m.fl. 1999).

²Primer sekvens (5'-3'); F: AATCCGTTTCTGGGGACTGGG, R: TGCCTAATGCTGACTCACACC (A. Pauliny opubl.).

