© Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und Partner; download www.do-g.de; www.zobodat.at

Schwerpunktthema „Evolution und Systematik“

Vorträge

Wink M (Heidelberg, Deutschland):

Chancen des Next Generation Sequencing (NGS) für die ornithologische Forschung

✉ Michael Wink, Institut für Pharmazie und Molekulare Biotechnologie, INF 364, 69120 Heidelberg;
E-Mail: wink@uni-hd.de

Der Fortschritt in der biologischen Forschung hängt nicht nur von neuen Konzepten sondern häufig auch von neuen Methoden ab. Seit einigen Jahren wurden die Verfahren der DNA-Sequenzierung durch die Entwicklung des Next Generation Sequencing (NGS) revolutioniert (Marx, 2013). Unter den NGS-Verfahren werden heute im Wesentlichen zwei Technologien eingesetzt: 1. Pyrosequenzierung mit der 454-Technologie und 2. Direktsequenzierung im Illumina-Verfahren. Von Interesse sind auch das „*Ion semiconductor sequencing*“ (Ion Torrent) und „*Single molecule real time sequencing*“ (PacBio).

Der Vorteil von 454-Sequenzierung liegt darin, dass relativ lange Sequenzen (500 Basen) gelesen werden. In der Illumina-Sequenzierung liegen die Leselängen bei nur 50 bis 150 Basen, so dass man Gene durch überlappende Sequenzen oder Referenzgene zu sogenannten Contigs zusammenfügen muss. Der Vorteil des Illumina-Verfahrens liegt aber darin, dass bis zu 3 Milliarden Sequenzen in einem Lauf gewonnen werden, während bei 454-Sequenzläufen „nur“ 1,5 Millionen Sequenzen/Lauf generiert werden. Man kann in beiden Verfahren mehrere Proben gleichzeitig sequenzieren, wenn man die Einzelproben vorher durch spezifische Sequenzmarkierungen („tags“) kennzeichnet.

NGS eignet sich zur Komplettsequenzierung von Genomen, Exomen und Transcriptomen, auch von Arten, die bislang noch nicht sequenziert wurden (*non-model species*, wie z. B. die meisten Vogelarten). Die Herausforderung von NGS liegt in der bioinformatorischen Verarbeitung der immensen Mengen an Rohdaten und deren Interpretation.

Aus Genomdaten kann man DNA-Sequenzen mit Mikrosatelliten-Elementen oder mit *single-nucleotide polymorphisms* (SNP) ermitteln. Solche Information ist wichtig, wenn man hochauflösende DNA-Markersysteme für Populationsgenetik, Phylogeographie oder Paternitätsbestimmungen entwickeln möchte (Storch et al., 2013). Auf Genauigkeit kommt es außerdem an, wenn Gensequenzen unmittelbar für Stammbaumrekonstruktionen (Phylogenie) eingesetzt werden sollen. Denn jeder Sequenzier- und Alignmentfehler wirkt sich gravierend aus. Hier sind Genauigkeit und Qualitätskontrolle gefragt.

NGS spielt zunehmend eine Rolle bei der Klärung physiologischer Fragen, z. B. welche Gene einen spezifischen Zustand oder Verhaltensweise steuern. Dazu prüft man durch Transkriptionsanalysen, welche Gene in einem speziellen Kontext aktiv sind. Bei Transkriptionsanalysen wird die Gesamt-RNA aus einem Gewebe isoliert und zur Herstellung der cDNA eingesetzt, die dann meist mittels 454- oder Ion Torrent-Geräte sequenziert wird (RNA-seq), wenn man eine Referenztranskriptom erstellen möchte. Die Vergleichsanalysen

Tab. 1: Vergleich der aktuellen NGS-Verfahren

Parameter	Sanger-Sequencing	Pyro-sequencing	Illumina	Ion Torrent	SMRT PacBio
Leselänge	400-1200	700	50-200	400	5000-22000
Genauigkeit	99,9%	99,9%	98%	98%	99,99%
Sequenzen/ Lauf	1-96	1,5 Millionen	bis 3 Milliarden	80 Millionen	50000
Zeit/Lauf	bis 3 h	24 h	1-10 d	2 h	30-120 min
Kosten pro Million Basen ($)	2400	10	0,1	1	1,5
Vorteile	Länge der Reads	Lange Reads, schnell	Große Sequenz-information	Länge der Reads	Größte Leselänge

© Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und Partner; download www.do-g.de; www.zobodat.at

verschiedener Organe oder Behandlungen wird dagegen eher mit einem HighSeq2500 durchgeführt, da es hier auf hohe Sequenzausbeute ankommt. Die erhaltenen Sequenzen werden über das Referenztranskriptom zu Contigs zusammengesetzt und durch Genbankvergleich die Identität der Gene ermittelt. Die Menge an Transkripten spiegelt sich in der Anzahl der erhaltenen Sequenzen wider. Differenziell reguliert Gene müssen dann genauer über Real-time PCR quantitativ ausgewertet werden.

Schon heute kann man erkennen, das NGS auch in der Ornithologie viele Anwendungsmöglichkeiten hat, von denen aber erst wenige realisiert wurden. Die großen Kosten und die Komplexität der Datenauswertung stellen noch Eintrittsschranken dar, die es zu überwinden gilt.

Literatur

Marx V 2013: The genome jigsaw. Nature 501: 263-268.
Storch V, Welsch U, Wink M 2013: Evolutionsbiologie. 3. Auflage, Springer, Heidelberg.

Manegold A& Podsiadlowski L (Frankfurt/Main, Bonn):

Erste morphologische und molekulare Untersuchungen zur phylogenetischen Stellung des Grünköpfchens *Agapornis swindernianus*

✉ Albrecht Manegold, Senckenberg Forschungsinstitut, Sektion Ornithologie, Senckenberganlage 25, D-60325 Frankfurt/Main; E-Mail: albrecht.manegold@senckenberg.de

Lebensweise, Verhalten und Morphologie sind für acht der insgesamt neun rezenten Arten der Unzertrennlichen (*Agapornis*) gut untersucht. Hypothesen über ihre phylogenetischen Beziehungen untereinander basieren neben Gefiedermerkmalen vor allem auf ethologischen Merkmalen (Nestbauverhalten) (Moreau 1948, Dilger 1960). Eine überzeugende systematische Einordnung des Grünköpfchens (*Agapornis swindernianus*), das sich in einer Reihe von Gefiedermerkmalen, aber auch in seiner Habitatwahl und Ernährungsweise deutlich von anderen *Agapornis*-Arten unterscheidet, wurde bislang vor allem dadurch erschwert, dass nichts über sein Nestbau- und Brutverhalten in Erfahrung gebracht werden konnte. Bei auf DNA-Sequenzen beruhenden Hypothesen zur Phylogenie der Unzertrennlichen und anderer Papageien blieb das Grünköpfchen bislang unberücksichtigt (Eberhard 1998, Schweizer et al. 2010, 2011, Kundu et al. 2012). Von verschiedenen Autoren wurde *A. swindernianus* entweder in die Verwandtschaft von Grauköpfchen (*A. canus*), Orangeköpfchen (*A. pullarius*) und Tarantapapagei (*A. taranta*) gestellt (Moreau 1948), oder als naher Verwandter des Rosenköpfchens (*A. roseicollis*) und der sogenannten *A. personatus*-Gruppe angesehen (Dilger 1960). Wir präsentieren die erste vergleichend morphologische Analyse verschiedener Schädelmerkmale sowie die erste molekulare Analyse (Cytochrom *b* Sequenzen), für die alle neun *Agapornis*-Arten berücksichtigt werden konnten, und die *A. swindernianus* als Schwestertaxon zu allen übrigen *Agapornis*-Arten ausweisen. Diese neue Hypothese lässt neue Schlussfolgerungen über das ursprüngliche Habitat und die frühe Ausbreitungsgeschichte der Unzertrennlichen in Afrika zu.

Literatur

Dilger WC 1960: The comparative ethology of African parrot genus *Agapornis*. Z. Tierpsychol. 17: 64-685.
Eberhard JR 1998: Evolution of nest-building behavior in Agapornis parrots. Auk 115: 455-464.
Kundu S, Jones CG, Prŷs-Jones R & Groombridge JJ 2012: The evolution of the Indian Ocean parrots (Psittaciformes): Extinction, adaptive radiation and eustacy. Mol. Phylogen. Evol. 62: 296-305.
Moreau RE 1948: Aspects of evolution in the parrot genus *Agapornis*. Ibis 90: 206-239.
Schweizer M, Seehausen O, Güntert M & Hertwig ST 2010: The evolutionary diversification of parrots supports a taxon pulse model with multiple trans-oceanic dispersal events and local radiations. Mol.: Phylogenet. Evol. 54: 984-994.
Schweizer M, Seehausen O & Hertwig ST 2011: Macroevolutionary patterns in the diversification of parrots: effects of climate change, geological events and key innovations. J. Biogeogr. 38: 2176-2194.

© Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und Partner; download www.do-g.de; www.zobodat.at

Fijen TPM, Kamp J, Lameris TK, Urazaliev RS, Donald PF & Kleijn D (Wageningen/Niederlande, Astana/Kasachstan, Sandy/Großbritannien, Lüneburg, Münster):

Warum nutzen Vögel Viehdung zum Nestbau? Eine Studie an der Mohrenlerche *Melanocorypha yeltoniensis* in Kasachstan

✉ Johannes Kamp, Ecosystem Research Group, Institute of Landscape Ecology, University of Münster, Heisenbergstr. 2, 48149 Münster; E-Mail: johannes.kamp@uni-muenster.de

Viele Vogelarten nutzen Tierdung zum Nestbau, doch die ökologischen Gründe und evolutionären Vorteile dieses Verhaltens sind weitgehend unbekannt. Wenige Hypothesen sind in der Vergangenheit getestet worden: Bei Weißstörchen wurde nachgewiesen, dass Viehdung als Isoliermaterial die Kükensterblichkeit in kalten und nassen Perioden senkt, und für Kaninchenkäuze *Athene cunicularia* gibt es Hinweise, dass in Brutröhren eingetragener Viehdung Dungkäfer anzieht und damit die Nahrungsgrundlage in Nestnähe verbessert.
Weibliche Mohrenlerchen verwenden in der kasachischen Steppe Viehdung in großem Umfang zum Nestbau: die Nester werden mit einem Wall aus bis zu über hundert, mühsam im Schnabel herangeschleppten Kuh- und Pferdedungstücken umgeben, oft wird eine Seite des Nestes regelrecht „gepflastert". Die Gründe für dieses Verhalten sind unbekannt.
Wir testeten im Frühjahr 2013 mehrere Hypothesen in semi-experimentellen Ansätzen im Gelände und untersuchten unter anderem, ob der Viehdung isolierend wirkt, Prädatoren abschreckt oder Viehtritt verhindert. In unserem Vortrag werden wir erste Ergebnisse der Studie präsentieren, und darüber hinaus einen Überblick über die aktuelle Bestandssituation und die Ökologie dieser enigmatischen Steppenart geben.

• Poster

Esefeld J, Kopp M, Lisovski S & Peter H-U (Jena, Melbourne/Australien):

Geschlechtsunterschiede in Morphologie und Verhalten als Indikator für die Evolution von reversem Sexualdimorphismus bei Skuas

✉ Jan Esefeld, Institut für Ökologie, Dornburger Str. 159, 07743 Jena; E-mail: jan.esefeld@uni-jena.de

Reverser Sexualdimorphismus (RSD), also größere Weibchen als Männchen, ist ein Phänomen, das sich in verschiedenen Vogelgruppen findet. Neben Arten mit vertauschten Geschlechterrollen sind vor allem räuberisch lebende Vögel betroffen. Über die evolutive Ursache des Dimorphismus bei letzteren herrscht jedoch bis heute große Unsicherheit. Wahrscheinlich handelt es sich um eine konvergente Evolution bei allen räuberischen Taxa. Sicher scheint, dass ein Zusammenhang zum Verhalten während der Brutzeit bestehen muss, um einen intersexuell unterschiedlichen Selektionsdruck auf die Körpergröße zu erzeugen.
Auch Skuas besitzen einen reversen Sexualdimorphismus. Wie die bereits gut erforschten Greifvögel leben sie territorial und räuberisch, sind jedoch nicht näher mit ihnen verwandt und besiedeln völlig andere Habitate. Das macht sie zu idealen Vergleichsobjekten bei der Suche nach den Ursachen des RSD.
In dieser Studie wurden Braune Skua (*Stercorarius antarcticus lonnbergi*) und Südpolarskua (*Stercorarius maccormicki*), die sympatrisch auf King George Island, Antarktis vorkommen, untersucht. Zusätzlich gibt es im Untersuchungsgebiet noch gemischte, artübergreifende Paare. Dies eröffnet die Möglichkeit Dimorphismus und intersexuelle Unterschiede im Verhalten an drei verschiedenen Paartypen zu studieren. Zur Quantifizierung des Dimorphismus wurden gefangene Exemplare vermessen. Der intersexuelle Größenunterschied war klein bei Braunen Skua Paaren und am größten bei gemischten Paaren. Eine Korrelation zwischen der Größe jeweiliger Partner bestand nicht. Es bestehen aber Größenunterschiede, zwischen gleichartigen Individuen aus reinen und gemischten Paaren.
GPS-Tracking wurde verwendet, um das Nahrungssuchverhalten zu dokumentieren. Hierbei zeigte sich eine ausgeglichene Aufteilung bei Braunen Skua-Paaren, während bei Südpolarskuas und insbesondere gemischten Paaren die Männchen verstärkt auf Beutefang gehen. Dementsprechend wiesen Nestbesuche eine häufigere Anwesenheit und Gelegebebrütung der Weibchen bei

© Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und Partner; download www.do-g.de; www.zobodat.at

diesen Paaren nach. Männchen verteidigten das Nest tendenziell intensiver gegen menschliche Besucher, wohingegen bei der Verteidigung gegen andere Skuas kein einheitliches Muster zu finden war, wie Beobachtungen zeigten.
Aus den gefundenen Ergebnissen lässt sich darauf schließen, dass die Stärke der Partnerrollenbildung mit dem Größenunterschied der Paartypen zunimmt. Weiterhin schließt das Verteidigungsverhalten die RSD-Hypothese eines Wachstums des Weibchens zur besseren Nestverteidigung aus. Dagegen sind energetische oder taktische Vorteile eines kleinen Männchens bei der Nahrungssuche gut möglich. Jedoch deuten morphologische Besonderheiten der gemischten Paare auch eine gewisse Rolle von Konkurrenz der Weibchen um hochwertige Männchen an.

Albrecht F, Rusche M, Rudolfsen G, Kleven O & Schmoll T (Bielefeld, Tromsø/Norwegen, Trondheim/Norwegen):

Wie beeinflusst Umgebungsviskosität die Spermien-Schwimmgeschwindigkeit bei Singvögeln mit Fremdvaterschaften?

✉ Frederik Albrecht, Abteilung für Evolutionsbiologie, Universität Bielefeld; E-Mail: frederik.albrecht@uni-bielefeld.de

Trotz sozialer Monogamie kommt es bei vielen Singvogelarten vor, dass sich Weibchen auch mit Männchen paaren, die nicht ihr sozialer Partner sind. Daraus resultieren Bruten mit gemischten Vaterschaften und erhöhte postkopulatorische Konkurrenz um Befruchtungserfolg unter den Männchen. Um die Auswirkungen dieser starken intrasexuellen Selektion auf die Spermienmerkmale der Männchen zu untersuchen, greifen wir auf Kohl- und Blaumeisenpopulationen (*Parus major* und *Cyanistes caeruleus*) als Modellorganismen für Fremdvaterschaften bei Singvögeln zurück. Die Variation von Spermienmerkmalen und ihr Einfluss auf den Befruchtungserfolg sind von großem Interesse, wobei der Schwimmgeschwindigkeit besondere Aufmerksamkeit zukommt. Diese wurde bisher bei diversen Vogelarten, bei denen es zu Fremdvaterschaften kommt, untersucht. In vorangegangenen Studien wurde das Verhalten der Spermien allerdings stets in einem Standard-Zellnährmedium beobachtet. Ob die dabei implizierte Annahme zutrifft, dass das beobachtete Spermienverhalten auch für die natürlichen Gegebenheiten im weiblichen Genitaltrakt gültig ist, ist jedoch fraglich. Als ein Faktor, der sich in Standardmedium und weiblichem Genitaltrakt wahrscheinlich unterscheidet, betrachten wir hier die Viskosität des Mediums, welche die Schwimmgeschwindigkeit der Spermien entscheidend beeinflussen kann. Wir analysieren in diesem Posterbeitrag die Schwimmgeschwindigkeit der Spermien in unterschiedlich viskosen Umgebungsmedien per Computeranalyse (Computer-Assisted Sperm Analysis, CASA). Dadurch können wir auch Rückschlüsse auf eine möglicherweise unterschiedliche Reaktion der Schwimmgeschwindigkeit der Spermien bei variierender Viskosität für die beiden untersuchten Arten ziehen.

Tietze DT & Fröhlich J (Frankfurt am Main, Mainz):

Stammbaum deutscher Vogelarten

✉ Dieter Thomas Tietze, Institut für Ökologie, Evolution und Diversität, Goethe-Universität, Max-von-Laue-Straße 13, D-60439 Frankfurt am Main; E-Mail: mail@dieterthomastietze.de

Die verwandtschaftlichen Verhältnisse zwischen betrachteten Vogelarten zu kennen, ist von fundamentaler Bedeutung. Auch ökologische Studien müssen zunehmend den Verwandtschaftsgrad zwischen den untersuchten Arten berücksichtigen. In den letzten zwei Jahrzehnten hat insbesondere die Anwendung molekularbiologischer Methoden zu einem erheblichen Wissenszuwachs in diesem Bereich geführt. Dennoch sind wir noch weit davon entfernt, jede der ca. 10 000 Vogelarten exakt auf dem Baum des Lebens platzieren zu können. Hackett et al. (2008) haben schon vor fünf Jahren wenigstens für die Großgruppen Verwandtschaftsbeziehungen basierend auf Tausenden Erbgutbuchstaben rekonstruiert (Rückgratstammbaum), die weitgehend anerkannt wurden. Im vergangenen Jahr stellten Jetz et al. (2012) die weltweite Vielfalt der Vögel in Raum und Zeit dar und postulierten

© Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und Partner; download www.do-g.de; www.zobodat.at

dazu Verwandtschaftsverhältnisse zwischen allen 9993 von ihnen anerkannten Arten. Dazu fügten sie die Arten basierend auf vorhandenen Sequenzdaten (für 6663 in der GenBank abrufbar) und traditioneller taxonomischer Stellung in einen Rückgratstammbaum ein. Diese Annäherung an die tatsächliche Phylogenie aller Vogelarten wurde nicht nur von Molekularsystematikern kritisiert. Im Jahr 2005 erschien die neue offizielle „Artenliste der Vögel Deutschlands" (Barthel & Helbig 2005), erarbeitet von einer Kommission der Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und der Deutschen Seltenheitenkommission. Ihrem Stand von Systematik, Taxonomie und avifaunistischer Information folgten viele weitere Publikationen, nicht zuletzt die Neuauflage des Kompendiums der Vögel Mitteleuropas. Nach fast zehn Jahren intensiver molekularsystematischer Studien, die nicht nur Verwandtschaftsverhältnisse neu bewertet, sondern auch Artaufspaltungen („splits") und -zusammenführungen („lumps") zur Folge hatten, bedarf die Liste heimischer Vogelarten einer Revision, damit Reihenfolge, Gliederung und Benennung der Arten dem aktuellen Kenntnisstand entsprechen. Um dafür eine Diskussionsgrundlage zu schaffen, haben wir die Jetz-Phylogenie (http://birdtree.org) auf die Arten der Deutschlandliste reduziert (aus Platzgründen in Abb. 1 nur auf Familienniveau wiedergegeben). Wir fragten, ob einzelne Linien auf diesem Gesamtbaum so repräsentiert werden wie in den Originalstammbaumrekon-

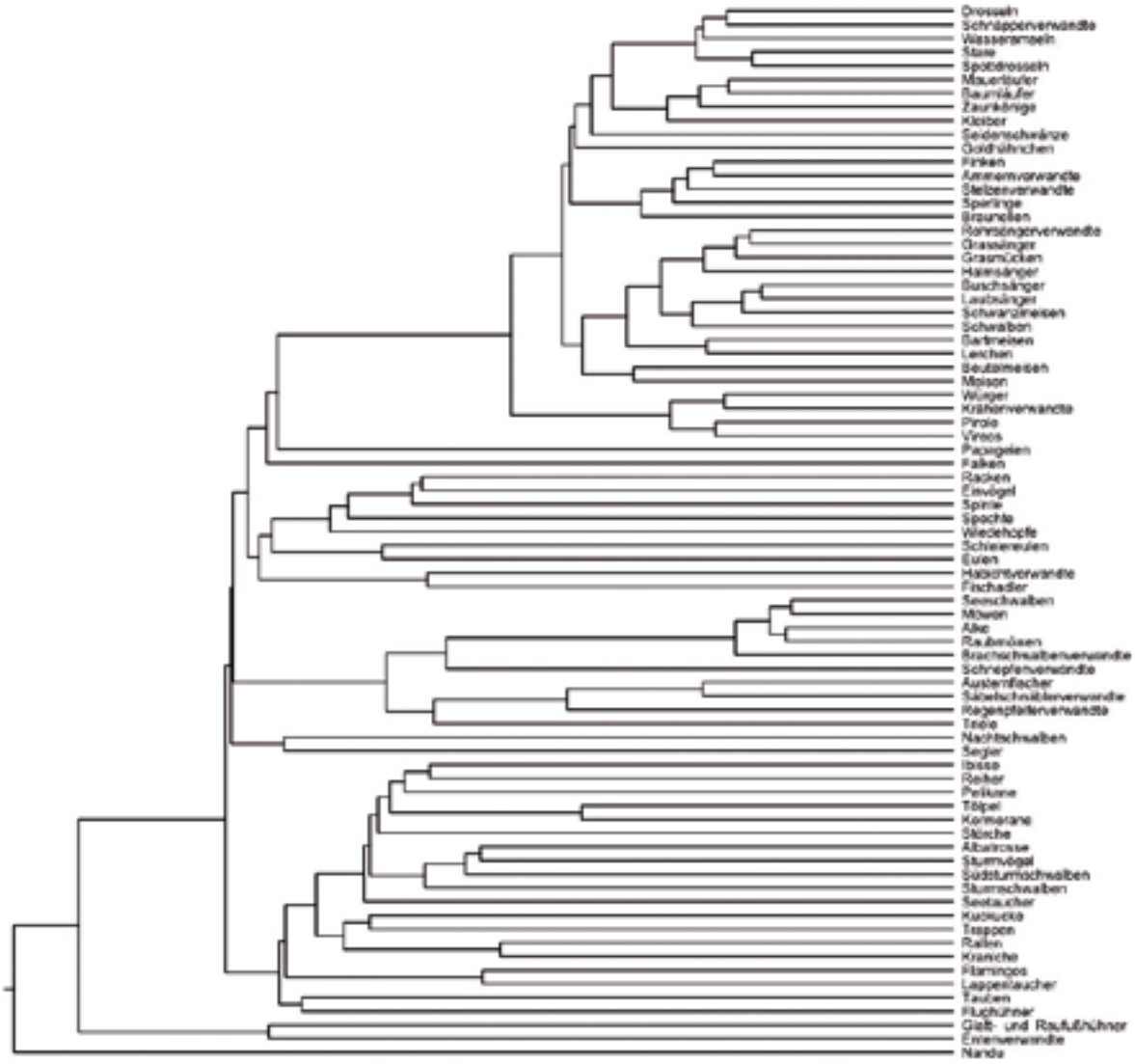

Abb. 1: Verwandtschaftsverhältnisse der in Deutschland nachgewiesenen Vogelfamilien nach Hackett et al. (2008) und Jetz et al. (2012).

© Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und Partner; download www.do-g.de; www.zobodat.at

struktionen, und damit, ob diese Globalphylogenie für regionale Fragestellungen geeignet ist.

Unser von der Globalphylogenie abgeleiteter Stammbaum wies zahlreiche nicht aufgelöste Verzweigungen auf. Dies ist vor allem auf eine schwache Datenbasis zurückzuführen: Je Art wurden nur 3,8±1,9 genetische Marker zugrunde gelegt. Nicht einberechnet sind hierbei einige willkürlich platzierte Arten, für die keine Sequenzinformation verwendet worden war. Darüber hinaus fehlten 16 Arten der Deutschlandliste in der Globalphylogenie.

Anhand von drei Beispielen zeigten wir, dass die Topologie teilweise inkorrekt ist: Bei den Möwen waren nur fünf Artenpaare so einander zugeordnet wie bei Sternkopf (2011). Auch bei den von mehreren unabhängigen Forschungsgruppen untersuchten Laubsängern stimmten nur drei Artenpaare mit denen von Päckert et al. (2012) überein. In der Familie der Meisen wurde gar die Sumpfmeise aus der Nähe der Weidenmeise gerissen und zur Schwester der Kohlmeise gemacht, obwohl für letztere neun und erstere vier Sequenzen berücksichtigt wurden (vgl. Tietze & Borthakur 2012, die ihre plausible Meisen-Phylogenie ebenfalls überwiegend mittels vorhandener GenBank-Sequenzen rekonstruierten). Einige Tagungsbesucher nutzten die Möglichkeit des interaktiven Posters und markierten weitere „Fehler“, basierend auf eigener Erfahrung mit entsprechenden Taxa.

Fazit: Die Globalphylogenie mag – auch auf regionale Maßstäbe heruntergebrochen – bedingt für makroökologische Fragestellungen geeignet sein, zur Revision der Deutschlandliste kann sie nicht sehr hilfreich beitragen. Wir konnten aber Wissenslücken aufzeigen, die Vogelsystematiker im deutschsprachigen Raum leichter als auswärtige Kollegen als Beitrag zum Baum des Lebens schließen könnten.

Literatur

Barthel PH & Helbig AJ 2005: Artenliste der Vögel Deutschlands. Limicola 19: 89–111.

Hackett SJ, Kimball RT, Reddy S, Bowie RCK, Braun EL, Braun MJ, Chojnowski JL, Cox WA, Han K-L, Harshman J, Huddleston CJ, Marks BD, Miglia KJ, Moore WS, Sheldon FH, Steadman DW, Witt CC & Yuri T 2008: A phylogenomic study of birds reveals their evolutionary history. Science 320: 1763–1768.

Jetz W, Thomas GH, Joy JB, Hartmann K & Mooers AO 2012: The global diversity of birds in space and time. Nature 491: 444-448.

Päckert M, Martens J, Sun Y-H, Severinghaus LL, Nazarenko AA, Ji T, Töpfer T & Tietze DT 2012: Horizontal and elevational phylogeographic patterns of Himalayan and Southeast Asian forest passerines (Aves: Passeriformes). Journal of Biogeography 39: 556-573.

Sternkopf V 2011: Molekulargenetische Untersuchung in der Gruppe der Möwen (Laridae) zur Erforschung der Verwandtschaftsbeziehungen und phylogeographischen Differenzierung. Diss. Univ. Greifswald.

Tietze DT & Borthakur U 2012: Historical biogeography of tits (Aves: Paridae, Remizidae). Organisms, Diversity & Evolution 12: 433-444.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Vogelwarte - Zeitschrift für Vogelkunde

Jahr/Year: 2013

Band/Volume: 51_2013

Autor(en)/Author(s): diverse

Artikel/Article: Schwerpunktthema "Evolution und Systematik" 347-352