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

Stochern als zum Fang fliegender Insekten geeignet (Winkler & Leisler 2006).

Stärker fielen die Änderungen bei der Hinterextremität aus. Durch den Wechsel von Röhrichten in Gebüsche und Bäume wurden die Läufe bei allen Inselarten stärker. Bei Calamocichla wurden sie zusätzlich kürzer und die Füße kleiner.

Nur Arten aus der Untergruppe *Acrocephalus*, die einige Zugvögel enthält, änderten auf Inseln ihre Flugapparatur deutlich in Richtung höhere Manövrierfähigkeit. Die Inselformen der Calamocichla-Gruppe schienen dafür bereits präadaptiert gewesen zu sein, sie brauchten ihre Flügel gegenüber den verwandten Standvögeln des kontinentalen Afrika nicht zu ändern.

Da wir keine durchgehenden Regelhaftigkeiten nachweisen konnten, bezweifeln wir auch den Sinn allgemeingültige Prinzipien aufzustellen, um die evolutiven Änderungen auf Inseln zu erklären. Schon allein deswegen, weil Inseln bzw. Inselgruppen sehr individuelle Geschichten haben, müssen mögliche Anpassungen ihrer Bewohner von Fall zu Fall untersucht werden und die entsprechenden Erklärungen historischer und gesetzmäßiger Natur sein (Bock 2007).

Literatur

Bock WJ 2007: Explanations in evolutionary theory. J. Zool. Syst. Evol. Research 45: 89-103.

Clegg SM & Owens IPF 2002: The 'island rule' in birds: medium body size and its ecological explanation. Proc. R. Soc. London B 269: 1359-1365.

Scott SN, Clegg SM, Blomberg SP, Kikkawa J & Owens IPF 2003: Morphological shifts in island-dwelling birds: the roles of generalist foraging and niche expansion. Evolution 57: 2147-2156.

Winkler H & Leisler B 2006: Evolution of morphology and behavior in island passerines. J. Ornithol. 147 suppl: 273.

Kontakt: Hans Winkler, Konrad-Lorenz-Institut für Vergleichende Verhaltensforschung der Österreichischen Akademie der Wissenschaften, Savoyenstraße 1A, 1160 Wien, Österreich, E-Mail: h.winkler@klivv.oeaw.ac.at.

Themenbereich „Morphologie und Phylogenie"

• Vorträge

Töpfer T (Dresden):

Möglichkeiten und Grenzen der stammesgeschichtlichen Interpretation unterschiedlicher Merkmalsdifferenzierungen – Erfahrungen aus einer Verwandtschaftsstudie an Gimpeln *Pyrrhula*

Die Erforschung der Verwandtschaftsverhältnisse bei Vögeln hat im letzten Jahrzehnt insbesondere durch die weit verbreitete Anwendung molekulargenetischer Methoden zu einer neuen Sicht auf die Stammesgeschichte der Vögel geführt. Daraus resultierend erleben wir derzeit eine anhaltende Neustrukturierung der ornithologischen Klassifikation mit den entsprechenden taxonomischen Konsequenzen. Manche dieser Änderungen sind insofern irritierend, als dass sie den althergebrachten, vornehmlich morphologisch orientierten Arrangements widersprechen. Der große Wert dieser neuen Erkenntnisse liegt nun aber vor allem darin, die Bandbreite phylogenetisch relevanter Informationen verbreitert zu haben. Unter Zuhilfenahme dieses erweiterten Methodenspektrums können Phylogenien wesentlich aussagekräftiger begründet werden, sofern die jeweiligen Teildisziplinen gleichrangig berücksichtigt werden. Am Beispiel der Gimpel der Gattung *Pyrrhula* soll eine solche vergleichende Verfahrensweise vorgestellt sowie deren Möglichkeiten und Grenzen für phylogenetische Interpretationen diskutiert werden. Der dabei angewandte Untersuchungsansatz beinhaltet morphologische, molekulargenetische und bioakustische Methoden, deren Ergebnisse vor ihrem biogeographischen Hintergrund analysiert werden. Die überschaubare Anzahl von 26 Taxa macht die Gattung zu einer geeigneten Vogelgruppe, um die Prinzipien phylogenetischer Differenzierungen aufzudecken.

Außerdem ist sie äußerlich scharf umgrenzt und auch in sich in klare morphologische Gruppierungen mit eigenem Areal unterteilbar. Da die *Pyrrhula*-Formen nur in einem bestimmten Verwandtschaftsverhältnis zueinander stehen können, wird vor allem der Deckungsgrad der einzelnen Differenzierungsmuster analysiert. Ebenso wird der Einfluss umweltbedingter Merkmalsumbildungen (vgl. ökogeographische Regeln) hinsichtlich ihrer phylogenetischen Aussagekraft diskutiert. Abschließend soll ein Vorschlag für eine moderne Art-Systematik der Gattung *Pyrrhula* vorgestellt werden.

Kontakt: Till Töpfer, Staatliche Naturhistorische Sammlungen Dresden, Museum für Tierkunde, Königsbrücker Landstr. 159, 1109 Dresden, E-Mail: Till.Toepfer@snsd.smwk.sachsen.de.

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

Manegold A (Frankfurt):

Zur Phylogenie der madagassischen Vangas (Vangidae, Oscines, Passeriformes)

Morphologische Studien über die Verwandtschaftsbeziehungen der Vangas wurden zuletzt vor fast 50 Jahren durchgeführt (Beecher 1953; Dorst 1960). Ihnen zufolge sind neben anderen die Crossley-Timalie *Mystacornis crossleyi* und der Bülbülvanga *Tylas eduardi* zu den Vangas zu rechnen. Erst vor wenigen Jahren wurde die Liste der Vanga-Arten u.a. um die Newtonien (*Newtonia* spp.) erweitert, die ebenfalls nur auf Madagaskar vorkommen. Grundlage dafür sind aktuelle auf DNA-Sequenzanalysen beruhende Verwandtschaftshypothesen (Yamagishi et al. 2001; Fuchs et al. 2006). Alle genannten Arbeiten gehen davon aus, dass die nächsten Verwandten der Vangas unter den afrikanischen Schnäpper-, Busch- und Brillenwürgern (Platysteiridae, Malaconotidae und Prionopidae) zu suchen sind, und dass die letzte gemeinsame Stammart der Vangas Madagaskar vom afrikanischen Kontinent aus besiedelte.

Eigene morphologische Untersuchungen zur Phylogenie der Vangas (Manegold, eingereicht) stehen in Widerspruch zu diesen Hypothesen, stimmen aber in vielen Einzelheiten mit den Beobachtungen von William Pycraft überein, der bereits vor 100 Jahren vorschlug, verschiedene Vanga-Arten mit den australasiatischen Schwalbenstaren (Artamidae) in einem einzigen Familientaxon zu vereinen (Pycraft 1907). Tatsächlich sprechen eine Reihe morphologischer Merkmale dafür, dass Schwalbenstare, Würgerkrähen (Cracticidae) und eine Reihe von Vanga-Arten (im Folgenden als eigentliche Vangas [Vangidae s. str.] bezeichnet) auf eine nur ihnen gemeinsame Stammart zurückzuführen sind. Dagegen ließ sich nicht bestätigen, dass Bülbülvanga, Crossley-Timalie oder eine der Newtonien zu den Vangas zu rechnen sind. Der Rotschwanzvanga *Calicalicus madagascariensis* fehlen ebenfalls alle abgeleiteten Merkmale, die Vangidae s. str. und ihre nächsten Verwandten kennzeichnen. Der bislang zu den Cracticidae gestellte, nur auf Neuguinea vorkommende Bergpeltops *Peltops montanus* lässt sich als Schwestergruppe zu dem Taxon Artamidae + Cracticidae + Vangidae s. str. begründen.

Die neue Verwandtschaftshypothese lässt den Schluss zu, dass die letzte gemeinsame Stammart der eigentlichen Vangas Madagaskar von Osten her über den Indischen Ozean hinweg besiedelte. Möglicherweise wurde eine solche Ausbreitung durch Ostwinde gefördert, die in den entsprechenden Breiten über dem Indischen Ozean vorherrschend sind (Dijkstra 2007).

Literatur

Beecher WJ 1953: A phylogeny of the Oscines. Auk 70: 270-333.

Dorst J 1960: A propos des affinités systématiques de deux oiseaux malagaches: *Tylas eduardi* et *Hipositta corallirostris*. Oiseau Rev. Fr. Ornithol. 30: 259-269.

Fuchs J, Fjeldså J & Pasquet E 2006: An ancient African radiation of corvoid birds (Aves: Passeriformes) detected by mitochondrial and nuclear sequence data. Zool. Scr. 35: 375-385.

Manegold A (im Druck): Composition and phylogenetic affinities of Vangas (Vangidae, Oscines, Passeriformes) based on morphological characters. J Zool Sys Evol Res.

Pycraft WP 1907: Contribution to the osteology of birds – part IX. Tyranni; Hirundines; Muscicapae; Lanii, and Gymnorhines. Proc. Zool. Soc. London 1907: 352-379.

Yamagishi S, Honda M, Eguchi K & Thorstrom R 2001: Extreme endemic radiation of the Malagasy Vangas (Aves: Passeriformes). J. Mol. Evol. 53: 39-46.

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

• Poster

Braun M & Wink M (Heidelberg):

Artbildungsprozesse bei australasischen Papageien

Papageien (Ordnung Psittaciformes) sind eine große (350 Arten) und vielgestaltige Vogelordnung (Größe 8-100 cm). Die Mehrzahl der Arten lebt im australisch-indomalayischen Raum und in Südamerika. Die Inselwelt zwischen Asien und Australien beherbergt eine Vielzahl unterschiedlicher Arten und ist gleichzeitig Zentrum der Artbildung innerhalb verschiedener Papageiengruppen. Der Vergleich von mitochondrialen DNA-Sequenzen (cytb) zeigte in zwei verschiedenen australischen Gruppen (*Trichoglossus*, Loriidae, *Eclectus roratus*, Psittacidae) unterschiedliche Divergenzzeiten, aber dennoch ähnliche Muster der Artbildung im gleichen Verbreitungsgebiet. Genetische Distanzen von weniger als 2% reichten bei *Trichoglossus* aus, um zwei eigenständige Arten voneinander zu trennen, während zwischen den als Unterarten angesehenen Taxa von *Eclectus roratus* Distanzwerte bis zu 2,7% auftraten.

Phylogenetische Analysen wurden mit den Computerprogrammen Paup und Mega durchgeführt.

Kontakt: Michael Braun, Im Neuenheimer Feld 364, 4. OG, 69120 Heidelberg, E-Mail: Michael.Braun@urz.uni-heidelberg.de.

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

Matzke A, Churakov G, Brosius J, Schmitz J & Kriegs JO (Münster):

Perlhuhn oder Pfau? – Der Platz des Kongopfaus *Afropavo congensis* im Stammbaum der Hühnervögel (Aves: Galliformes)

Das Genom des Haushuhns *Gallus gallus* beinhaltet mehr als 200.000 Kopien des CR1-Retro-Transposons. Diese Familie „springender Gene" vervielfältigt sich über einen „copy/paste"-Mechanismus, wobei die genomische Insertion neuer Elemente ungerichtet ist. Findet man ein solches Retro-Transposon in zwei unterschiedlichen Arten an exakt der gleichen Stelle im Genom, lässt dies auf die Insertion in einem gemeinsamen Vorfahren schließen. Fehlt diese Insertion bei einer anderen Art, so deutet das auf eine frühere Abspaltung der Art(-engruppe) hin. Über das (Nicht-) Vorhandensein von Retro-Transposons kann somit ein zuverlässiges, weitgehend homoplasiefreies Verwandtschaftsbild erstellt werden (Kriegs J O et al. 2006; 2007a). Diese Methode wurde genutzt, um die umstrittene Verwandtschaft des seltenen Kongopfaus *Afropavo congensis* zu klären und einem eindeutigen Ast im phylogenetischen Baum der Hühnervögel zuzuordnen.

Der Kongopfau bewohnt bewaldete Habitate im Kongobecken Zentralafrikas. Er besitzt sowohl Merkmale der beiden asiatischen Pfauenarten *Pavo cristatus* und *Pavo muticus* als auch der afrikanischen Perlhühner (Numididae). Erstmals wurde die Existenz des Kongopfaus im letzten Jahrhundert durch das Auftauchen von Federn im Kopfschmuck von Einheimischen entdeckt. Ein lebendiges Exemplar konnte erst Jahre später gesehen und 1936 von James Chapin beschrieben werden (Verheyen R 1956; Chapin J P 1936).

Retro-Transposons als phylogenetische Marker

CR1-Elemente verbreiten sich im Vogelgenom ausgehend von wenigen sogenannten Master-Genen durch einen „copy/paste"-Mechanismus. Im Hühnergenom wurden 22 CR1-Subtypen identifiziert, die zu unterschiedlichen evolutiven Zeiten aktiv waren. Die Komplexität des Insertionsmechanismus macht es sehr unwahrscheinlich, dass zwei Elemente desselben Subtyps zufällig in genau dieselbe genomische Stelle in zwei unterschiedlichen Tieren inserieren. Nach erfolgter Insertion muss jedes neue Retro-Transposon in der Population fixiert werden. Der Nachweis gemeinsamer Retro-Transposons und damit gemeinsamer Abstammung lässt sich über DNA-Vergleiche orthologer Genorte (Loci) durchführen.

Methode

Nach der Identifizierung von CR1-Elementen aus vorhandenen Sequenzinformationen mit Hilfe einer speziellen Software (Repeatmasker: http://www.repeatmasker.org) werden orthologe Loci verschiedener Spezies auf Anwesenheit oder Abwesenheit dieser Elemente untersucht. Dies erfolgt über einen Größenvergleich, nachdem entsprechende Genom-Loci mittels einer Polymerasekettenreaktion (PCR) vervielfältigt wurden. Große PCR-Produkte (Anwesenheit eines Elements) lassen sich gelelektrophoretisch von kleinen PCR-Produkten (Abwesenheit eines Elements) unterscheiden. Zur Verifizierung des Größenunterschiedes und der An-/Abwesenheit von Elementen müssen alle PCR-Produkte einer Sequenzanalyse unterzogen werden. Durch die Sequenzierung werden auch der Subtyp und die genaue Insertionsstelle festgestellt. Stimmen beide Merkmale in unterschiedlichen Spezies überein, kann von einer gemeinsamen Abstammung ausgegangen werden (s. Abb. 1a).

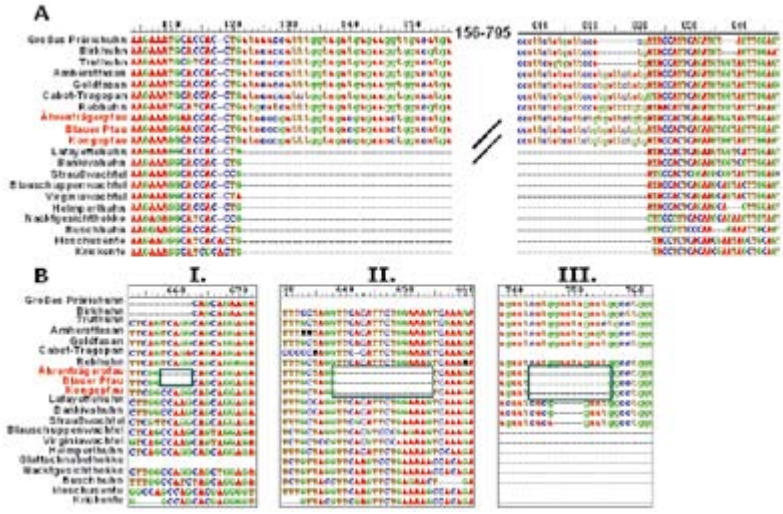

Abb.1: a: Ausschnitt aus dem Alignment genomischer DNA-Sequenzen eines Retro-Transposon-Markers. Ährenträgerpfau, Blauer Pfau und Kongopfau sind rot hervorgehoben. Das CR1-Retro-Transposon ist mit kleinen Buchstaben, flankierende Bereiche mit großen Buchstaben dargestellt. Der Bereich von Nukleotid 156 bis 795 ist nicht dargestellt. **b**: Ausschnitte aus Alignments genomischer DNA-Sequenzen dreier Indel-Marker. Ährenträgerpfau, Blauer Pfau und Kongopfau sind rot hervorgehoben. (I.) Indel, das Ährenträgerpfau und Blauen Pfau vereinigt. II. und III. gruppieren die beiden *Pavo*-Arten und den Kongopfau zusammen; Leere Zeilen: Keine Sequenzinformation für die jeweilige Art vorhanden.

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

Ergebnisse:
Vierzehn CR1-Marker schließen aus, dass sich der Kongopfau auf einem gemeinsamen Ast mit den Perlhühnern befindet und widerlegen somit die morphologischbasierte Hypothese einer monophyletischen Gruppe von Kongopfau und Perlhühnern (Verheyen 1956). Neun CR1-Marker zeigen, dass weder Pfauen (*Pavo*) noch Kongopfau zu einer Gruppe von Gattungen auf den Ast der Phasianiden gehören, zu denen Truthuhn *Meleagris gallopavo*, Rauhfußhühner (Tetraoninae), Fasane (*Chrysolophus*), Tragopane (*Tragopan*) und Rebhühner (*Perdix*) gehören. CR1-Marker, die eine monophyletische Gruppe von Pfauen und Kongopfau unterstützen, wurden bisher nicht gefunden, doch geben sieben Indel-Marker (basierend auf Insertionen und Deletionen kurzer DNA-Bereiche) starke Hinweise auf ein solches Taxon (s. Abb. 1b) und unterstützen somit eine auf Cytochrom-*C* basierende Hypothese (Kimball et al. 1997). Vier Indel-Marker gruppieren zudem die beiden untersuchten *Pavo*-Arten, während sie den Kongopfau ausschließen (Kriegs JO et al. 2007b).

Dank. Für Gewebematerial danken wir: Nils Anthes, Roland van Bocxstaele, Herbert Grimm, Lorenz Husterer, Gerald Mayr, Franz Müller, Julian Schnare und Alexandra Wilms. Für finanzielle Unterstützung bedanken wir uns bei der DFG (SCHM 1469).

Literatur

Chapin JP 1936: A new peacock-like bird from the Belgian Congo. Bull. Brit. Orn. Club 57: 84-85.

Kimball RT, Braun EL & Ligon JD 1997: Resolution of the phylogenetic position of the Congo peafowl, *Afropavo congensis*: a biogeographic and evolutionary enigma. Proceedings of the Royal Society B: Biol. Sci. 264: 1517-1523.

Kriegs JO, Churakov G, Kiefmann M, Jordan U, Brosius J & Schmitz J 2006: Retroposed elements as archives for the evolutionary history of placental mammals. PLoS Biol. 4: e91.

Kriegs JO, Churakov G, Jurka J, Brosius J & Schmitz J 2007a: history of 7SL RNA-derived SINEs in Supraprimates. Trends in Genetics 23: 58-161.

Kriegs JO, Matzke A, Churakov G, Kuritzin A, Mayr G, Brosius J & Schmitz J 2007b: Waves of genomic hitchhikers shed light on the evolution of gamebirds (Aves: Galliformes). BMC Evol. Biol. 7: 190.

Verheyen R 1956: Contribution de l'anatomie et a la systématique des Galliformes. Bull. Inst. Roy. Sci. Nat. Belgique 32: 1-24.

Kontakt: Andreas Matzke, Institut für Experimentelle Pathologie, ZMBE, Westfälische Wilhelms-Universität Münster, Von-Esmarch-Str. 56, 48149 Münster, E-Mail: matzkea@uni-muenster.de.

Päckert M, Martens J & Severinghaus LL (Dresden, Mainz):

Endemische Singvogeltaxa Taiwans – Molekulargenetik und Bioakustik

Die Avifauna Taiwans schließt sowohl paläarktische als auch orientalische Faunenelemente ein, darunter 14 valide endemische Arten und 67 endemische Unterarten. In Zusammenarbeit mit dem Research Institute for Biodiversity wurden verschiedene Zielarten auf Taiwan auf molekulargenetische und bioakustische Differenzierung von ihren nächsten südostasiatischen Verwandten untersucht: Taiwan Goldhähnchen *Regulus goodfellowi*, Nepal- und Maskengimpel (*Pyrrhula nipalensis*, *Pyrrhula erythaca*) Burgundergimpel *Carpodacus vinaceus* und Formosameise *Parus holsti*. Zwischenergebnisse der Studie werden hier exemplarisch am Taiwan-Goldhähnchen präsentiert. *Regulus goodfellowi* erscheint im genetischen Stammbaum entgegen der landläufigen Auffassung nicht als Verwandter der Sommergoldhähnchen, sondern steht den Wintergoldhähnchen nahe. Die phylogenetischen Beziehungen der beiden Taxa sind allerdings abhängig von dem untersuchten mitochondrialen Genfragment widersprüchlich: Im Cytochrom-b-Stammbaum bilden die Schwestergruppe der Taiwanesen die sinohimalayanischen Subspezies der *R. r. himalayensis*-Gruppe. Stammbaumrekonstruktionen anhand von 16S-Daten bilden *R. goodfellowi* als Schwesterart aller Wintergoldhähnchen ab. Genetische Distanzwerte von über 5 % zwischen den Populationen Taiwans und Chinas lassen auf lang anhaltende geographische Isolation des Inselendemiten schließen (~ 3 Millionen Jahre). Der Vergleich der Reviergesänge bestätigt die genetischen Verwandtschaftsverhältnisse für die Goldhähnchen: Im Himalaya, China und auf Taiwan wird von den Männchen ausschließlich ein und derselbe Trillergesang vorgetragen, der sich von den Gesängen der übrigen asiatischen und europäischen Wintergoldhähnchen strukturell aber auch durch seine extrem hohe Lage im Frequenzspektrum unterscheidet (Abb. 1). Des Weiteren bauen die beiden Südostasiaten ähnliche Serien aus rufähnlichen Elementen in ihre Strophen ein. In der Taiwanpopulation ist jedoch das individuelle Repertoire an Schlussschnörkeln der Männchen auf ein einziges Motiv reduziert – ähnlich dem Weija-Schnörkel der Sommergoldhähnchen.

Vergleichbar hoch sind die molekulargenetischen Distanzwerte und damit die Alterseinschätzungen der Taiwanpopulationen der übrigen Zielarten – etwa 2,6 - 4,3%.

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

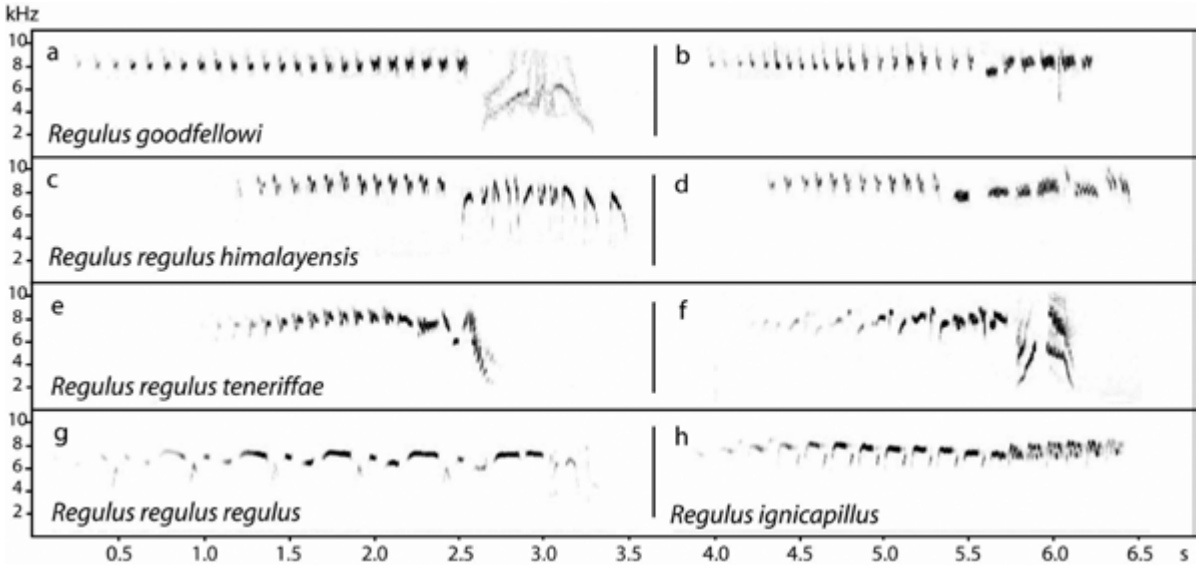

Abb. 1: Reviergesang von Taiwan-Goldhähnchen (*Regulus goodfellowi*: a, b; Alishan, Taiwan 2006, M.P.), Wintergoldhähnchen aus Nepal (*R. r. himalayensis*: c, d; Nepal 1973, J.M.) und Mitteleuropa (*R. r. regulus*: g; Deutschland, Taunus 1996, M.P.), Teneriffa-Goldhähnchen (*R. r. teneriffae*: e, f, Teneriffa 2003, M.P.) und Sommergoldhähnchen (*R. ignicapillus*: h, Deutschland, Taunus 1996, M.P.).

In den mitochondrialen Stammeslinien aller drei Gimpelarten bildet jeweils die Population von Taiwan den basalen Abzweig und damit die Schwestergruppe aller übrigen kontinentalen Populationen. Zusammenfassend kann bereits aufgrund der vorläufigen Befunde für alle Zielarten die markante Differenzierung und Eigenständigkeit der Taiwanesischen Populationen (auch der endemischen Subspezies) gegenüber ihren chinesischen Festlandsverwandten festgestellt werden.

Kontakt: Martin Päckert, Staatliche Naturhistorische Sammlungen Dresden, Museum für Tierkunde, Königsbrücker Landstr. 159, 1109 Dresden, E-Mail: Martin.Paeckert@snsd.smwk.sachsen.de.

Tietze DT & Martens J (Mainz):

Stammbaum und Stimme des Stammsteigers *Salpornis spilonotus*

Der Stammsteiger *Salpornis spilonotus*, der im tropischen Afrika und in Indien beheimatet ist, ähnelt in zahlreichen Merkmalen unseren einheimischen Baumläufern der Gattung Certhia, weshalb beide Gattungen in die Familie Certhiidae gestellt werden: Mit langem gebogenen Schnabel, langen Hinterkrallen und rindenfarbiger Oberseite ist auch er an ein Leben an Baumstämmen angepasst. Versteifte Schwanzfedern, die Spechten und Baumläufern das Klettern erleichtern, fehlen ihm, und er unterscheidet sich auch in vielen Verhaltensweisen von „echten" Baumläufern. Anhand eines molekularen Markers sowie durch den Vergleich der Lautäußerungen und der Morphologie versuchten wir eine Einordnung dieses Vogels zwischen Baumläufern, Mauerläufer *Tichodroma muraria* und Kleibern (Sittidae). Außerdem zeigten wir, dass die Differenzierung zwischen den afrikanischen und indischen Populationen des Stammsteigers weit fortgeschritten ist.

Mit Unterstützung des SYNTHESYS-Programms sowie der Feldbausch- und der Wagner-Stiftung am Fachbereich Biologie der Universität Mainz

Literatur (mit Abbildungen und Sonagrammen):
Fry CH, Keith S & Urban EK (eds.) 2000: The birds of Africa. Vol. VI. Academic Press, London.
Harrap S & Quinn D 1996: Tits, Nuthatches & Treecreepers. A & C Black, London.
Rasmussen PC & Anderton JC 2005: Birds of South Asia. The Ripley Guide. Smithsonian Institution & Lynx Edicions, Washington, D. C. & Barcelona.

Kontakt: Dieter Thomas Tietze, Institut für Zoologie, Johannes Gutenberg Universität, 55099 Mainz, E-Mail: tietze@uni-mainz.de.

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

Sternkopf V, Liebers-Helbig D, de Knijff P, Ritz M & Helbig AJ† (Stralsund, Greifswald, Leiden/Niederlande, Jena):

Populationsdifferenzierung von Großmöwen *Larus* basierend auf AFLP-Daten

Einleitung

Bis heute wird die Phylogenie von Großmöwen der Gattung *Larus* kontrovers diskutiert. Unter anderem fanden Liebers et al. (2004) heraus, dass es innerhalb des Silbermöwenkomplexes in der mitochondrialen DNA zwei separate Gruppen gibt, nämlich Clade I (u.a. Weisskopfmöwe *Larus cachinnans* und Nord-Amerikanische Silbermöwe *L. smithsonianus*) und Clade II (u.a. Mittelmeermöwe *L. michahellis* und Eismöwe *L. hyperboreus*). Von besonderem Interesse ist dabei die Zugehörigkeit der Europäischen Silbermöwen *Larus argentatus* zu beiden Clades. Individuen der nördlichen Populationen (z.B. Island, Norwegen, Weißes Meer) gehören überwiegend Clade I an, Individuen der südlichen Populationen (Baltikum, Polen, Deutschland, Holland) signifikant häufiger Clade II.

Die verwendete AFLP-Technik (Amplified Fragment Length Polymorphism) sollte klären, ob sich die mitochondriale Differenzierung auch auf nuklearer Ebene widerspiegelt.

Material und Methoden

Das AFLP-Verfahren erlaubt eine Analyse nuklearer DNA ohne vorherige Kenntnis der Sequenzabfolge. Die Methode nach Vos et al. (1995) basiert auf (1) der Restriktion nuklearer DNA mittels Enzymverdau, (2) Ligation spezifischer Adapter an die verdauten Fragmente und deren selektive Amplifikation sowie (3) der gelelektrophoretischen Trennung der amplifizierten Fragmente.

Insgesamt 369 Individuen von sieben *Larus*-Taxa (Silbermöwe *L. argentatus*, Weisskopfmöwe *L. cachinnans*, Eismöwe *L. hyperboreus*, Heringsmöwe *L. fuscus*, Mantelmöwe *L. marinus*, Mittelmeermöwe *L. michahellis* und Nord-Amerikanischer Silbermöwe *L. smithsonianus*) wurden untersucht. 17 verschiedene EcoRI-MseI Primerkombinationen resultierten in 230 informativen polymorphen Loci. Geschlechtsspezifische Bandenmuster wurden bei der Auswertung nicht berücksichtigt. Die resultierende 0-1 Datenmatrix wurde mit den Statistikprogrammen SPSS v. 11.01 (©1986-2001 SPSS Inc.), STRUCTURE v. 2.0 (Pritchard et al. 2000; Falush et al. 2003), TFPGA v. 1.3 (Miller 1997), PHYLIP v. 3.65 (Felsenstein 1995) und ARLEQUIN v. 3.01 (Excoffier et al. 2005) ausgewertet.

Ergebnisse

Die Diskriminanzanalyse (SPSS) über alle Loci und alle Individuen zeigt eine klare Differenzierung in sechs

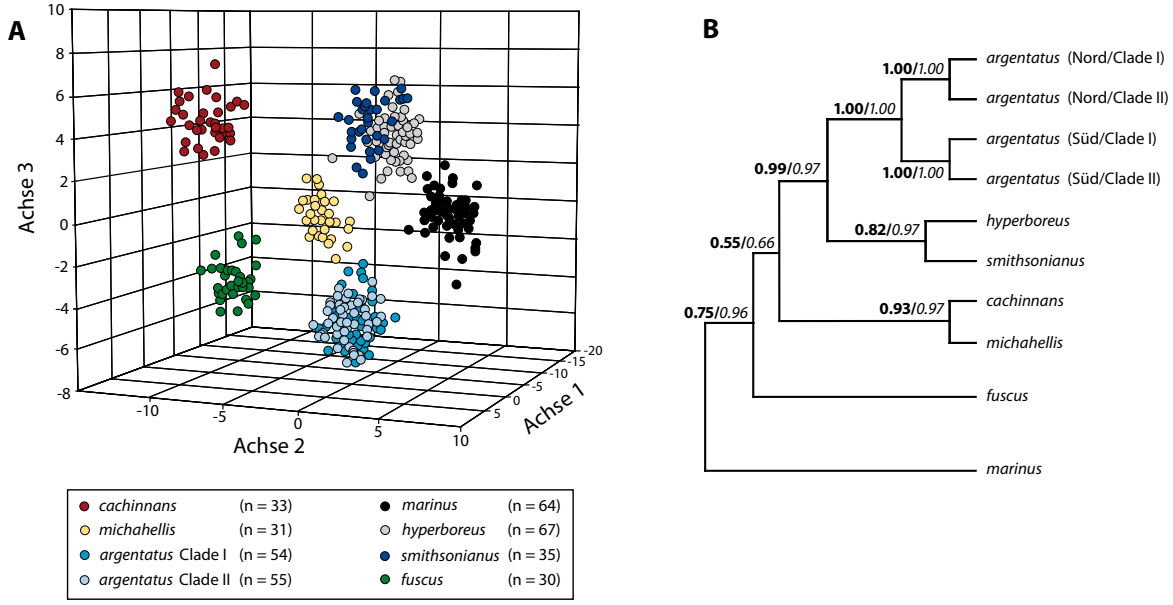

Abb. 1: A Diskriminanzanalyse der AFLP-Matrix aller 369 untersuchten Individuen (SPSS). Deutlich erkennbar sind sechs definierte Gruppen. Silbermöwen *(L. argentatus)* aus den mitochondrialen Clades I und II bilden eine einheitliche Punktwolke. Eismöwen (*L. hyperboreus)* und Nord-Amerikanische Silbermöwen (*L. smithsonianus)* lassen sich in dieser Analyse nicht eindeutig voneinander differenzieren. B Consensus-Populationsstammbaum (UPGMA). Bootstrap-Werte basieren auf 1000 Wiederholungen mit Nei's genetischer Distanz (fett) und 100 Repeats mit Φst-Werten (*kursiv*).

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

Gruppen (Abb. 1A). Die Achsen eins bis drei erklären 72,7% der Varianz der Daten. Nord-Amerikanische Silbermöwen (*L. smithsonianus*) und Eismöwen (*L. hyperboreus*) gruppieren zusammen. *L. argentatus* wird nicht unterteilt.

Die Analyse mit STRUCTURE ergibt eine Differenzierung in sieben Gruppen. Sie entsprechen den untersuchten Taxa. Auch hier werden Silbermöwen aus den mitochondrialen Clades I und II in eine Gruppe gestellt. Bei den Eismöwen zeigen einige Individuen eine hohe genetische Übereinstimmung mit Nord-Amerikanischen Silbermöwen und werden in der Analyse diesem Taxon zugeordnet.

Abbildung 1B zeigt den Consensus-Populationsstammbaum. Er basiert auf Nei's genetischer Distanz zwischen den Populationen (TFPGA) bzw. AMOVA-basierten Φst-Distanzen (ARLEQUIN). Die Europäischen Silbermöwen wurden in vier Gruppen unterteilt, basierend auf der geographischen Herkunft und Clade-Zugehörigkeit der Individuen. Sie sind in eine nördliche und eine südliche Gruppe differenziert, allerdings vollkommen unabhängig von ihrer Zugehörigkeit zu den mitochondrialen Clades I und II.

Diskussion

Die mitochondriale Zweiteilung innerhalb der Europäischen Silbermöwen wird von vorwiegend nuklearen AFLP-Daten nicht bestätigt. Individuen aus den mitochondrialen Clades I und II bilden in den Analysen eine einheitliche Gruppe. Dies bedeutet, dass mitochondriale Clade II-Haplotypen (*heuglini*-Vorläufer) in die ursprüngliche *argentatus*-Population (Clade I) eingewandert sind.

Des Weiteren wurde deutlich, dass Nord-Amerikanische Silbermöwen mit Eismöwen nächst verwandt sind – und nicht mit Europäischen Silbermöwen. Dieser Befund spricht erneut gegen die Ringspezies-Theorie von Mayr (1963). Silbermöwen aus Nord-Amerika sind nicht nach Europa eingewandert, das heißt der trans-atlantische Ringschluss hat (bisher) nicht stattgefunden.

Literatur

Excoffier L, Laval LG & Schneider S 2005: Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. Evolutionary Bioinformatics Online 1:47-50. (http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3).

Falush D, Stephens M & Pritchard JK 2003: Inference of population structure using mulitilocus genotype data: Linked Loci and correlated allele frequencies. Genetics 164: 1567-1587.

Felsenstein J 1995: PHYLIP (phylogeny inference package), version 3.65. Distributed by the author, Department of Genetics, University of Washington, Seattl. (http://evolution.gs.washington.edu/phylip/software.html)

Liebers D, de Knijff P & Helbig AJ 2004: The herring gull complex is not a ring species. Proc. R. Soc. Lond. B. 271: 893–901.

Mayr E 1963: Animal Species and Evolution. Harvard University Press, Cambridge.

Miller MP 1997: Tools for population genetic analses (TFPGA). A Windows© program for the analysis of allozyme and molecular population genetic data. Version 1.3, Distributed by the author, Department of Biological Sciences, Northern Arizona University.

Pritchard JK, Stephens M & Donnelly P. 2000: Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945-959. (http://pritch.bsd.uchicago.edu)

Vos P, Hogers R, Bleeker M, Reijans M, van de Lee T, Hornes M, Frijters A, Pot J, Peleman J, Kupier M & Zabeau M 1995: AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Research 23: 4407-4414.

Kontakt: Viviane Sternkopf, Deutsches Meeresmuseum Stralsund, Katharinenberg 14/20, 18439 Stralsund; E-Mail: viv.eco@gmx.de.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Vogelwarte - Zeitschrift für Vogelkunde

Jahr/Year: 2007

Band/Volume: 45_2007

Autor(en)/Author(s): diverse

Artikel/Article: Themenbereich "Morphologie und Phylogenie" 343-349