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

Themenbereich „Evolution und Phylogenie“

• Vorträge

Wink M (Heidelberg):

Evolution und Phylogenie der Vögel – Taxonomische Konsequenzen

✉ Michael Wink; E-Mail: wink@uni-hd.de

Über die Auswertung von DNA-Markern, insbesondere Nucleotidsequenzen von mitochondrialen und nucleären Markergenen sowie von ganzen Genomen kann man die Evolution und Phylogenie der Organismen rekonstruieren. Die Phylogenieforschung hat auch bei Vögeln in den letzten beiden Jahrzehnten signifikante Fortschritte gemacht, die zu gravierenden Änderungen in der Taxonomie der Vögel führen werden.

Die Großsystematik der Vögel hat durch eine umfassende Analyse von 19 Kerngenen ein tiefgreifende Veränderung erfahren (Hackett et al., 2008). Diese Systematik unterscheidet sich in vielen Zuordnungen von der Systematik nach Charles Sibley (1990). Details werden demnächst in der „Vogelwarte“ ausführlicher dargestellt.

Sternkopf V, Liebers-Helbig D & de Knijff P (Stralsund, Leiden/Niederlande):

Populationsgeschichte der Dominikanermöwen: Entlang welcher Routen besiedelten diese Großmöwen die Südhalbkugel?

✉ Viviane Sternkopf, Dorfstr. 58, 07751 Großlöbichau; E-Mail: viv.eco@web.de

Dominikanermöwen *Larus dominicanus* gehören zum Silbermöwenkomplex und sind vermutlich nächstverwandt mit Heringsmöwen *Larus fuscus* (Liebers et al. 2004). Auf der Südhalbkugel sind sie die einzigen Vertreter der Großmöwen. Ihr Bestand ist stabil bzw. steigend und wird auf 10,8 Mrd. Brutpaare geschätzt.

Nach Jiguet (2002) differenzierten sich Dominikanermöwen in mehrere Unterarten, die sich in Irisfärbung, Zeichnung der Handschwingen sowie Körper- und Schnabelgröße unterscheiden. Die Vögel aus Australien, Neuseeland, der Antarktis sowie Südamerikas werden der Nominatform *dominicanus* zugeordnet. In Südafrika ist die dort brütende Kapmöwe als eigene Unterart *vetula* bekannt, charakterisiert durch eine dunkle Iris. Die Möwen der Kerguelen-Inseln werden der Unterart *judithae* zugeordnet, dem kleinsten Taxon der Art. Die Brutvögel Madagaskars gehören der Unterart *melisandae* an.

Mit Hilfe der mitochondrialen DNA-Sequenzierung sollte geklärt werden, ob und welche populationsgenetischen Signale in Dominikanermöwen nachgewiesen werden können und welche Hinweise sich daraus auf ihre Besiedlungsgeschichte ableiten lassen. Insgesamt analysierten wir 113 Blut- und Gewebeproben aus sieben Kolonien (siehe Abb. 1). Im Labor wurden die Sequenzen des Cytochrom b – Gens (1143 bp), des ND 2 – Gens (1041 bp) und der hypervariablen Region 1 (381 bp) ermittelt. Von den 68 variablen Nukleotidpositionen waren 46 informativ, d.h. in mehr als einem Individuum vorhanden.

Der Stammbaum in Abbildung 1 zeigt, dass Tiere derselben Kolonie (Farbcode) genetisch nächst verwand zueinander sind. Eine Ausnahme bilden zwei Individuen aus Chile und Argentinien, die zur jeweils anderen Kolonie näher verwandt sind. Die Vögel aus Namibia sind nächstverwandt mit denen aus Chile, wobei die Namibianischen Möwen polyphyletisch sind und eine basale Stellung im Stammbaum einnehmen.

Für die Berechnung der Evolutionszeiten wurde das Programm BEAST (Drummond et al. 2007) verwendet. Berücksichtigung fanden die Sequenzen der zwei codierenden Gene Cytochrom b und ND 2, für die eine Mutationsrate von 2 % angenommen wird (Avise 2000).

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

Dabei zeigte sich, dass Dominikanermöwen ihren letzten gemeinsamen Vorfahren mit anderen Großmöwen vor ca. 180.000 Jahren hatten. Die erste Auswanderungswelle erfolgte von Südafrika westwärts an die Ostküste Südamerikas vor etwa 130.000 Jahren, wo sie u.a. Argentinien besiedelten. Eine zweite, spätere Migrationswelle erfolgte in südöstlicher Richtung. Die sub-antarktischen Kerguelen-Inseln wurden vor ca. 82.000 Jahren kolonisiert. Möglicherweise erfolgte von dort vor ca. 55.000 Jahren die Besiedlung des antarktischen Kontinents. Nach Neuseeland und Chatham wanderten Dominikanermöwen erst in jüngerer Zeit vor ca. 40.000 Jahren ein.

Völlig unerwartet ist die phylogenetische Position der chilenischen Vögel. Erstaunlicher Weise sind sie nicht nächstverwandt mit den Argentinischen Vögeln, sondern mit Dominikanermöwen aus Namibia. Ihre enge genetische Verwandtschaft und das berechnete junge Alter von ca. 27.000 Jahren weist darauf hin, dass Chile möglicherweise unabhängig von Argentinien und deutlich später besiedelt wurde. Derzeit werden nukleare DNA-Sequenzen analysiert, um die bisherigen Ergebnisse zu verifizieren.

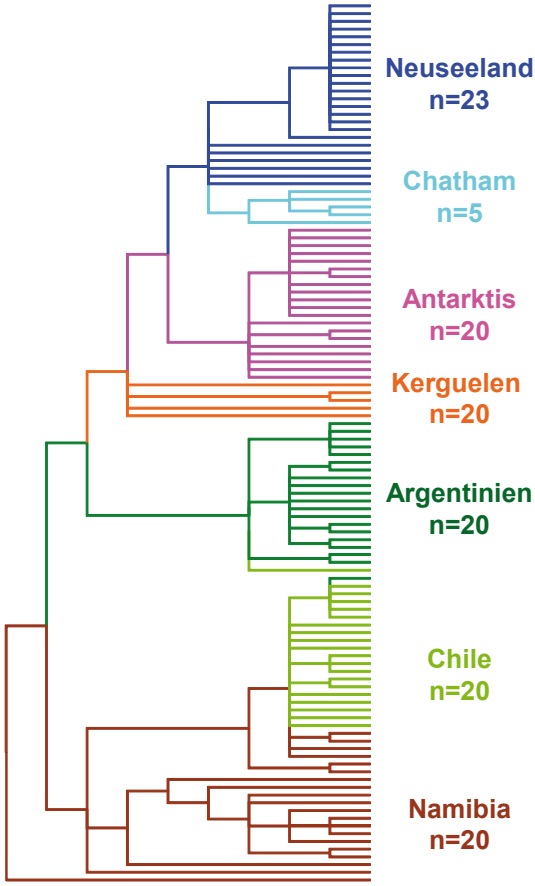

Abb. 1: Phylogenetischer Stammbaum der Dominikanermöwen, basierend auf mitochondrialen DNA-Sequenzen (n=2565 bp). Die Zahlen an den Ästen geben die Posterior Probabilities der Bayesischen Analyse wieder (Bedingungen: MCMC 20 Mill., burnin 20 000; Partitionsbedingungen nach MrModeltest).

Literatur

Avise JC 2000. Phylogeography. Havard Univ. Press, Cambridge.

Drummond AJ & Rambaut A 2007: BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. BMC Evol Biol 7:214. doi:10.1186/1471-2148-7-214.

Jiguet F 2002: Taxonomy of the Kelp Gull *Larus dominicanus* Lichtenstein inferred from biometrics and wing plumage pattern, including two previously undescribed subspecies. Bull BOC 122: 50-71.

Liebers D, de Knijff P & Helbig AJ 2004: The Herring Gull (*Larus argentatus*) complex is not a ring species. Proc Roy Soc London B, Biol Sci 271: 893-901.

Tietzt DT (Chicago/USA):

Zur Arealgeschichte der Meisen (Paridae)

✉ Dieter Thomas Tietze; E-Mail: mail@dieterthomastietze.de

Im Handbuch der Vögel der Welt werden 53 Meisenarten unterschieden. Die Abgrenzung der Arten voneinander ist jedoch umstritten. Insbesondere erscheint die Aufspaltung der vormals fast alle Arten umfassenden Gattung Parus in sieben Gattungen als etwas willkürlich oder zumindest verfrüht. Grundlage für die präsentierte Taxonomie ist eine fünf Jahre alte Phylogenie, die wiederum einzig auf partiellen Cytochrom-b-Sequenzen für nicht einmal 80 % aller Arten basiert.

Ich versuche mittels eines etwas erweiterten Datensatzes und neuerer Rekonstruktionsmethoden Verzweigungen besser abzusichern. Zudem sollen es mir moderne Rechenverfahren ermöglichen, anzestrale Arealzustände (vorläufig) zu rekonstruieren. Mehr oder minder gleich artenreiche Mannigfaltigkeitszentren der Meisen sind China und das tropische Afrika. Eine dieser Regionen könnte somit auch das Entstehungsgebiet dieser auf die Nordhalbkugel und Afrika beschränkten Singvogelfamilie sein.

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

• Poster

Luu P, DeFilippis L & Munro U (Sydney/Australien):

Genetische Diversität in kommerziellen Haushühnern *Gallus gallus*; ein Vergleich zwischen Stämmen und Geschlechtern

✉ Ursula Munro, Department of Environmental Sciences, Centre of Environmental Sustainability (CenS), University of Technology, Sydney, PO Box 123, Broadway 2007, Australien; E-Mail: Ursula.Munro@uts.edu.au

Das Haushuhn, *Gallus gallus*, wird weltweit gezüchtet und ist ein wichtiger Eiweißlieferant für die menschliche Bevölkerung. Selektive Züchtung hat über die Jahre zu hochspezialisierten Hühnerstämmen für die Fleisch- und Eiproduktion geführt. Im Gegensatz zu anderen Haustieren scheinen Hühner weniger genetisch divers zu sein. Dieser Verlust an genetischer Diversität ist bis jetzt noch nicht quantifiziert worden. Des Weiteren ist unbekannt, ob Diversitätsunterschiede zwischen den Geschlechtern bestehen. Sollte dies der Fall sein, so muss dies in der Interpretation von Hühnerdaten berücksichtigt werden. Ziel unserer Arbeit ist es, die genetische Diversität von zwei Hühnerstämmen (Lege- und Fleischhühnern) genauer zu bestimmen und die Unterschiede zwischen Individuen and Geschlechtern herauszustellen.

Wir extrahierten DNA aus Blut von je 30 Hühnern eines kommerziellen Lege- und Fleischhuhnstamms (15 ♂ und 15 ♀ pro Stamm) (Baiada Poultry, Marsden Park, Australien) unter Anwendung der Ammoniumacetat-Methode (Nicholls et al. 2000). Die DNA wurde über Polymerase-Kettenreaktionen (PCR) unter Verwendung von sechs RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) Primern amplifiziert und daraufhin mit

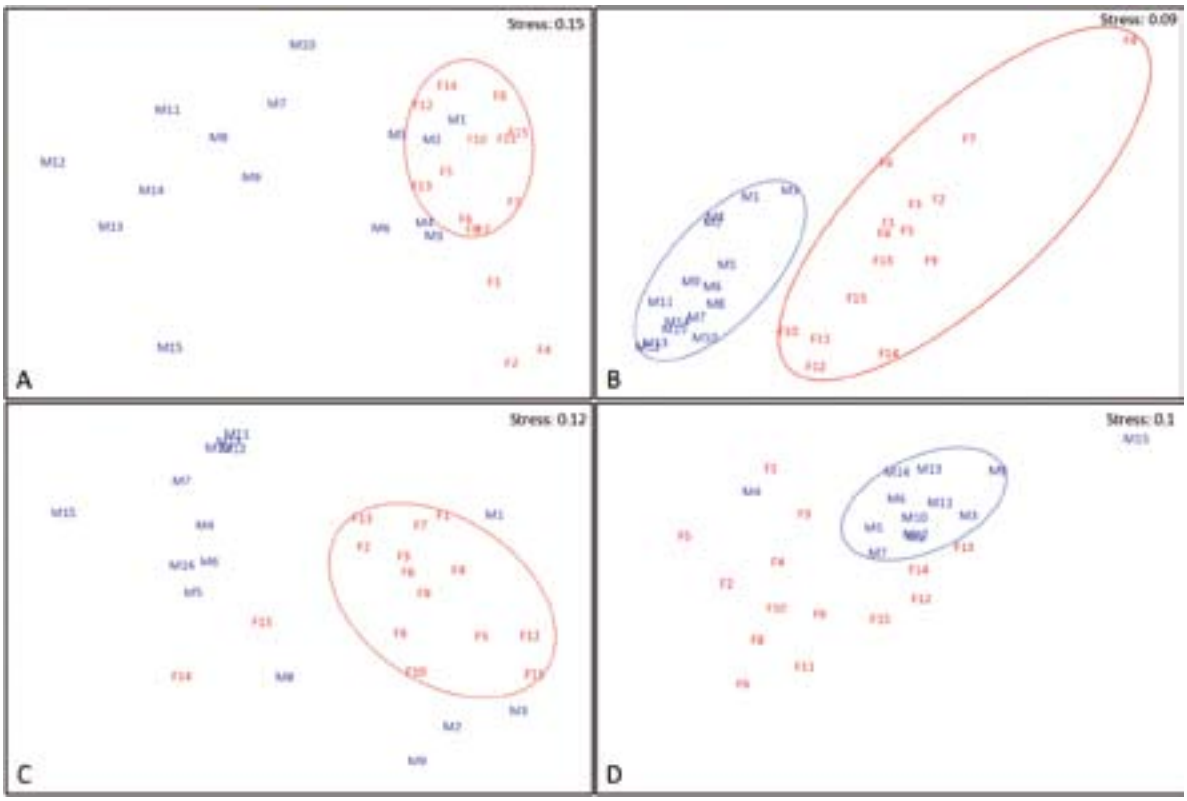

Abb. 1: Multidimensionale Skalierung (MDS) der genetischen Diversität von zwei verschiedenen Hühnerstämmen (Lege- und Fleischhuhnstamm) und mit verschiedenen Primern. Genetische Diversität eines Legehuhnstamms analysiert mit (A) RAPD-Primern und (B) RAMP-Primern. Genetische Diversität eines Fleischhuhnstamms analysiert mit (C) RAPD-Primern und (D) RAMP-Primern. Blaue Buchstaben = Hähne, rote Buchstaben = Hennen.

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

einer Kombination von RAPD- und Mikrosatellite-Primern analysiert. Die entstehenden PCR-Produkte wurden mit Hilfe der Agarose-Gel-Elektrophorese getrennt und die Bandverteilung (d.h. das Vorliegen oder Fehlen von Banden) analysiert.

RAPD-PCRs von Legehühnern weisen auf eine höhere genetische Diversität bei Hähnen als bei Hennen hin, die sich genetisch ähnlicher sind (Abb. 1A, rote Elypse). RAMP (Random Amplified Microsatellite Polymorphism)-PCRs führen zu einer vollständigen Trennung zwischen Hähnen (blaue Elypse) und Hennen (rote Elypse) (Abb. 1B). Des Weiteren zeigen hier Hennen eine höhere genetische Diversität als Hähne (Abb. 1B), was der RAPD-PCR-Analyse widerspricht (Abb.1A).

Fleischhühner liefern ähnliche Ergebnisse wie Legehühner. Wie bei dem Legestamm lassen die RAPD-PCRs auf eine höhere genetische Diversität bei Hähnen als bei Hennen schließen (Abb. 1C), wogegen RAMP-PCRs den umgekehrten Fall nahelegen (Abb. 1D).

Beide Stämme haben eine moderate genetische Diversität, die sich zwischen den Geschlechtern unterscheidet.

Die Analyse mit RAPD-PCR-Primern weist daraufhin, dass die Hennen genetisch ähnlicher sind als Hähne. Dies gilt für beide Stämme (Abb. 1A,C). RAMP-PCRs ermöglichten eine gezielte Untersuchung von spezifischen Mikrosatellitenbereichen im Genom und erlaubte uns, die genetische Variation innerhalb und zwischen den Stämmen genauer zu untersuchen. Hierbei zeigte sich, dass Hähne sich genetisch ähnlicher sind als Hennen (Abb. 1B,D). Unsere Untersuchungen verdeutlichen, dass verschiedene PCR-Primer verschiedene Target-Bereiche im Genom haben, was zu sich widersprechenden Schlussfolgerungen führen kann.

Beide PCR-Techniken weisen daraufhin, dass beide Hühnerstämme eine moderate genetische Diversität haben und dass Unterschiede zwischen den Geschlechtern bestehen. Dies muss in Betracht gezogen werden, wenn kommerzielle Hühnerstämme in genetischen Untersuchungen eingesetzt werden. Insbesondere ist dies bei der Versuchsplanung und Dateninterpretation zu berücksichtigen.

Literatur

Granevitze Z, Hillel J, Chen GH, Cuc NTK, Feldman M, Eding H & Weigend S et al. 2007: Genetic diversity within chicken populations from different continents and management histories. Animal Genetics 38: 576-583.

Nicholls JA, Double MC, Rowell DM & Magrath RD 2000: The evolution of cooperative and pair breeding in thornbills Acanthiza (Pardalotidae). Journal of Avian Biology 31: 165-176.

Tritsch C, Pentzold S, Martens J & Päckert M (Dresden, Mainz):

Genfluss und Artgrenzen innerhalb des *Periparus ater - P. melanolophus*-Komplexes

✉ Christiane Tritsch; E-Mail: christian.tritsch@senckenberg.de

Die Tannenmeise *Periparus ater* ist ähnlich wie die Kohlmeise *Parus major* über die gesamte Nordpaläarktis - von Nordafrika über Europa bis zur Pazifikküste und Japan - verbreitet.Ein zweiter Schwerpunkt der Verbreitung liegt in Zentral-China, Taiwan und dem Himalaya.Die Art ist in unzählige Subspezies klassifiziert, die sich verschiedenen mitochondrialen Linien zuordnen lassen.

Alle nordasiatischen Tannenmeisen (ssp. *P. a. ater*) bilden hierbei einen einheitlichen mitochondrialen Cluster. Eine zweite, morphologisch nicht unterscheidbare genetische Linie (ssp. *P. a. abietum*) kommt im südwesteuropäischen Raum vor.Beide treffen in einer in Zentraleuropa gelegenen Überlappungszone aufeinander. Im südasiatischen Arealgebiet - das mit drei mtDNA-Clustern ein wichtiges Diversifikationzentrum der Tannenmeisen ist - wird eine Hybridisierung mit der Schwarzschopfmeise *Periparus melanolophus* postuliert.In einer Mikrosatellitenstudie von Tannenmeisen aus dem gesamten Verbreitungsgebiet der Art soll (a) die Situation in der europäischen Kontaktzone charakterisiert werden. Desweiteren sollen (b) die bislang teilweise unklaren Verwandtschaftsverhältnisse zwischen den differenzierten genetischen Linien sowie die strittigen Artgrenzen im Himalaya geklärt werden. Eine phylogeographische Analyse soll außerdem Auskunft über die Besiedlung des heutigen Verbreitungsgebietes geben.

Die Studie wird durch das Sächsische Staatsministerium für Wissenschaft und Kunst (SMWK) finanziert.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Vogelwarte - Zeitschrift für Vogelkunde

Jahr/Year: 2010

Band/Volume: 48_2010

Autor(en)/Author(s): diverse

Artikel/Article: Themenbereich "Evolution und Phylogenie" 401-404