

Evolution und Phylogenie der Vögel - Taxonomische Konsequenzen

Michael Wink

Wink M 2011: Evolution and phylogeny of birds - Taxonomic consequences. Vogelwarte 49:17-24.

Nucleotide sequences of mitochondrial and nuclear marker genes are well suited to elucidate the evolution and phylogeny of birds. A recent study with 19 nuclear genes (Hackett et al. 2008) has provided a reliable framework of avian phylogeny at the family level which allows to build up a new systematics of birds. This scheme differs substantially from previous checklists and classification systems. A large number of DNA papers give evidence for a new systematics of song birds, too. DNA based phylogenies have indicated a number of paraphyletic and polyphyletic taxa. In order to avoid such conflicts about 22 genus names had to be changed for birds of the Palaearctic. DNA sequence data suggest a split of at least 44 existing species into new species. Furthermore, about 4 new taxa, mostly living on Macaronesian islands, could be identified during the last 10 years by DNA sequence data. This review is focused on taxonomic and classification changes of bird taxa of the Western Palearctic that have been reported between 1990 and 2010.

✉ MW: Universität Heidelberg, Institut für Pharmazie und Molekulare Biotechnologie, Im Neuenheimer Feld 364, 69120 Heidelberg; E-Mail: wink@uni-hd.de

Einleitung

Die wissenschaftliche Beschäftigung mit der Taxonomie der Vögel beginnt nachweislich mit Aristoteles (384-322 v. Chr.), der bereits 140 Vogelarten kannte. Er unterschied Raubvögel, Schwimmvögel, Tauben, Segler und Schwalben und Singvögel (Stresemann 1951, Walters 2003). Größere Fortschritte machte die Ornithologie im 17. und 18. Jahrhundert, als erste ernstzunehmende Vorschläge für eine Klassifikation der Vögel entwickelt wurden, die sich von den Kriterien des Aristoteles und Plinius befreiten. Wichtige Vogelkundler waren die Pioniere Walter Charleton (1619-1707), Francis Willughby (1635 -1672) und vor allem John Ray (1628-1704). Die Ray'sche Nomenklatur wurde von Carl Linnaeus (1707- 1778) aufgegriffen, der sich auch viele andere Namen z.B. von C. Gessner aneignete. Er führte die binäre Nomenklatur ein und unterschied bereits 6 Ordnungen mit 85 Gattungen, die meist über die Form von Schnäbeln und Füßen definiert wurden.

Die 6 Ordnungen in der 6. Ausgabe der Systema naturae (Linnaeus 1748) waren:

1. Accipitres: Greifvögel, Eulen und Papageien
2. Picae: Spechte, Hornvögel, Kuckucke, Krähen, Paradiesvögel, Wiedehopfe
3. Anseres: Alle Schwimmvögel
4. Scolopaces: Schnepfen
5. Gallinae: Hühner, Strauße, Trappen, Bläßhühner
6. Passeres: Tauben, Drosseln, Lerchen, Kolibris, Kreuzschnäbel, Baumläufer, Stelzen, Meisen und Sturmschwalben

Im 18. und 19. Jahrhundert machten die Ornithologie und die Systematik der Vögel schnelle Fortschritte. Dies wurde durch weite Forschungsreisen rund um den Erd-

ball und die durch sie begründete Entdeckung vieler neuer Arten ausgelöst. Fragen zur Definition von Arten und Unterarten wurden intensiv diskutiert, denn wie sollte man all die neuen Formen benennen und abgrenzen, die aus den Tropen von den diversen Forschungsreisenden angeliefert wurden? Die Großsystematik der Vögel wurde ständig verändert und verfeinert: Walters (2003) führt in seiner „A Concise History of Ornithology“ über 30 Klassifikations-Systeme auf, die im 18. und 19. Jahrhundert diskutiert wurden. Zuerst wurden morphologische und biologische Merkmale nach dem Prinzip der abgestuften Ähnlichkeit genutzt, um verwandte Arten zu taxonomischen Gruppen zusammenzufassen. Da solche Merkmale stark Konvergenzen unterliegen, kam es zu etlichen irreführenden Zuordnungen. Stimuliert durch die Evolutionstheorie Darwins haben Ornithologen ab dem 19. Jahrhundert versucht, ein natürliches System der Vögel zu erstellen, indem die Gattungen, Familien und Ordnungen aufgrund ihrer phylogenetischen Verwandtschaft hierarchisch gegliedert werden. Im 20. Jahrhundert wurden weitere Systeme vorgeschlagen, nach denen sich beispielsweise die Anordnung der Familien in den Vogelführern und Handbüchern richten (Peters 1931-1986; Wetmore 1960; Wolters 1982; Sibley & Monroe 1990; Dickinson 2003; Clements 2007).

Die Forschung ging weiter, und über biochemische Merkmale ist man inzwischen – seit ca. 30 Jahren – bei der DNA als Erbsubstanz angekommen, wobei heute die Nucleotidsequenz von „Marker“-Genen miteinander verglichen wird. Dabei wird angenommen, dass Ähnlichkeit von Sequenzen ein Hinweis auch auf nahe Verwandtschaftsbeziehungen ist. Die DNA-Daten ha-

ben den großen Vorteil, dass sie weniger adaptiv sind und weniger Konvergenzen unterliegen als morphologische Merkmale. Daher gilt die DNA-Analyse heute als die verlässlichste Methode, eine Phylogenie zu erstellen. Über die Auswertung von DNA-Markern, insbesondere von Nucleotidsequenzen mitochondrialer und nucleärer Markergene sowie von ganzen Genomen kann man die Evolution und Phylogenie der Organismen verlässlich rekonstruieren (Wink 2006; Storch et al. 2007). Die molekulare Phylogenieforschung hat auch bei Vögeln in den letzten beiden Jahrzehnten signifikante Fortschritte gemacht, die bereits zu gravierenden Änderungen in der Taxonomie und Systematik der Vögel geführt haben und weiterhin führen werden.

Großsystematik der Vögel

Heute geht man davon aus, dass die Vögel keinen eigenständigen Ast innerhalb der Reptilien darstellen, sondern sich von den Dinosauriern ableiten, die im Erdmittelalter (vor 240 bis 65 Millionen Jahren) ihre Blütezeit hatten. Neben dem berühmten *Archaeopteryx*, der in Süddeutschland gefunden wurde, hat man in China eine größere Anzahl befiederter Dinosaurier entdeckt, die den Übergang von den Dinosauriern und Vögeln klar belegen. Vermutlich waren diese befiederten Dinosaurier aber keine aktiven Flieger, sondern eher fähig, einen Gleitflug durchzuführen. Sie hatten neben den Federn schon weitere Merkmale der modernen Vögel: dreizehige Füße, Federn, hohle Knochen, ein gabelförmiges Schlüsselbein und Eier, die bebrütet wurden (Serenio 1999; O'Connor & Claessens 2005; Norell 2006).

Man geht davon aus, dass die Vögel vor ungefähr 150 Millionen Jahren entstanden und viele Jahre gleichzeitig mit den übrigen Dinosauriern gelebt haben. Am Ende der Kreide, als der Urkontinent Gondwana bereits in die Kontinente Südamerika, Afrika, Antarktis und Australien zerfallen war, lebten vermutlich schon die meisten modernen Vogelordnungen (Brown et al. 2008). Während die Dinosaurier vor 65 Millionen Jahren wohl aufgrund eines Meteoriteneinschlags ausstarben, überlebten die meisten Vogelordnungen. Im anschließenden Tertiär kam es dann zu einer Diversifizierung der Vogelordnungen in die Familien und Gattungen mit fast 10.000 Arten, wie wir sie heute kennen (Clements 2007, Brown et al. 2008).

Die heute lebenden Vögel werden als Neornithes von den fossilen Vorläufern abgetrennt. Die flugunfähigen Palaeognathen (Strauße, Emus etc.), die den flugfähigen Neognathen gegenübergestellt werden, müssen schon vor dem Auseinanderdriften des Urkontinents Gondwana vor 80-100 Millionen Jahren existiert haben. Denn nur über einen gemeinsamen Urkontinent kann man erklären, wieso Vertreter dieser Gruppe auf allen Südkontinenten vorkommen (die sie weder schwimmend noch fliegend hätten erreichen können) (Storch et al. 2007).

Die Phylogenie der Vögel hat durch eine umfassende Analyse von 19 Kerngenen eine tiefgreifende Veränderung erfahren (Ericson et al. 2006; Hackett et al. 2008). Diese Phylogenie und die daraus ableitbare Systematik unterscheiden sich in vielen Zuordnungen von der Systematik von Sibley & Monroe (1990), bei der die DNA-DNA-Hybridisierung als Methode eingesetzt wurde. Die DNA-DNA-Hybridisierung hat sich inzwischen als eine wenig verlässliche Methode herausgestellt. Nach den Sequenzdaten zählen beispielsweise die Greifvögel nun nicht länger zu den Ciconiiformes. Auch sind die Neuweltgeier offenbar doch keine Storchenverwandte, sondern mit den Accipitriformes näher verwandt. Die Falken clustern jedoch außerhalb der Greifvögel und bilden zusammen mit den Papageien eine Schwestergruppe zu den Singvögeln (Abb. 1). Flamingos (Phoenicopteriformes) und Lappentaucher (Podicipediformes) bilden offenbar eine alte Schwestergruppe, die als Mirantornithes zusammengefasst wird. Die Seetaucher, die traditionell mit den Lappentauchern zusammengestellt wurden, stehen basal zu den Pinguinen, Störchen, Reiher und Kormoranen. Eulen und Nachtschwalben stehen sich, obwohl sie nachtaktiv sind und daher viele Merkmale teilen, phylogenetisch nicht nahe. Nachtschwalben clustern mit den Apodiformes, während Eulen in einer gänzlich anderen Klade mit den Accipitriformes gruppieren (Abb. 1).

In Abb. 1 ist eine vereinfachte Phylogenie nach Hackett et al. (2008) dargestellt. Daraus lässt sich folgende vorläufige Klassifikation ableiten (? bedeutet eine noch unsichere Zuordnung):

Palaeognathae

Strutionidae, Rheidae, Tinamidae, Dromaiidae, Casuariidae, Apterygidae

Neognathae

Galloanserae

Anseriformes (Anhimidae, Anseranatidae, Anatidae), Galliformes (Megapodidae, Cracidae, Numididae, Phasianidae, Odontophoridae)

Neoaves

“Metaves”

•Phoenicopteriformes, Podicipediformes, Phaethontidae, Pteroclididae, Mesornithidae, Columbiformes

•Eurypygidae, Rhynochetidae, Caprimulgiformes (Steatornithidae, Nyctibiidae, Podargidae, Caprimulgidae), Aegothelidae, Apodiformes (Trochilidae, Hemiprocridae, Apodidae)

“Coronaves”

•Opisthocomidae (?), Otitidae, Cuculiformes, Gruiformes (Psophidae, Aramidae, Gruidae, Heliornithidae, Rallidae)

•Musophagiformes, Gaviiformes, Sphenisciformes, Procellariiformes (Hydrobatidae, Diomedidae,

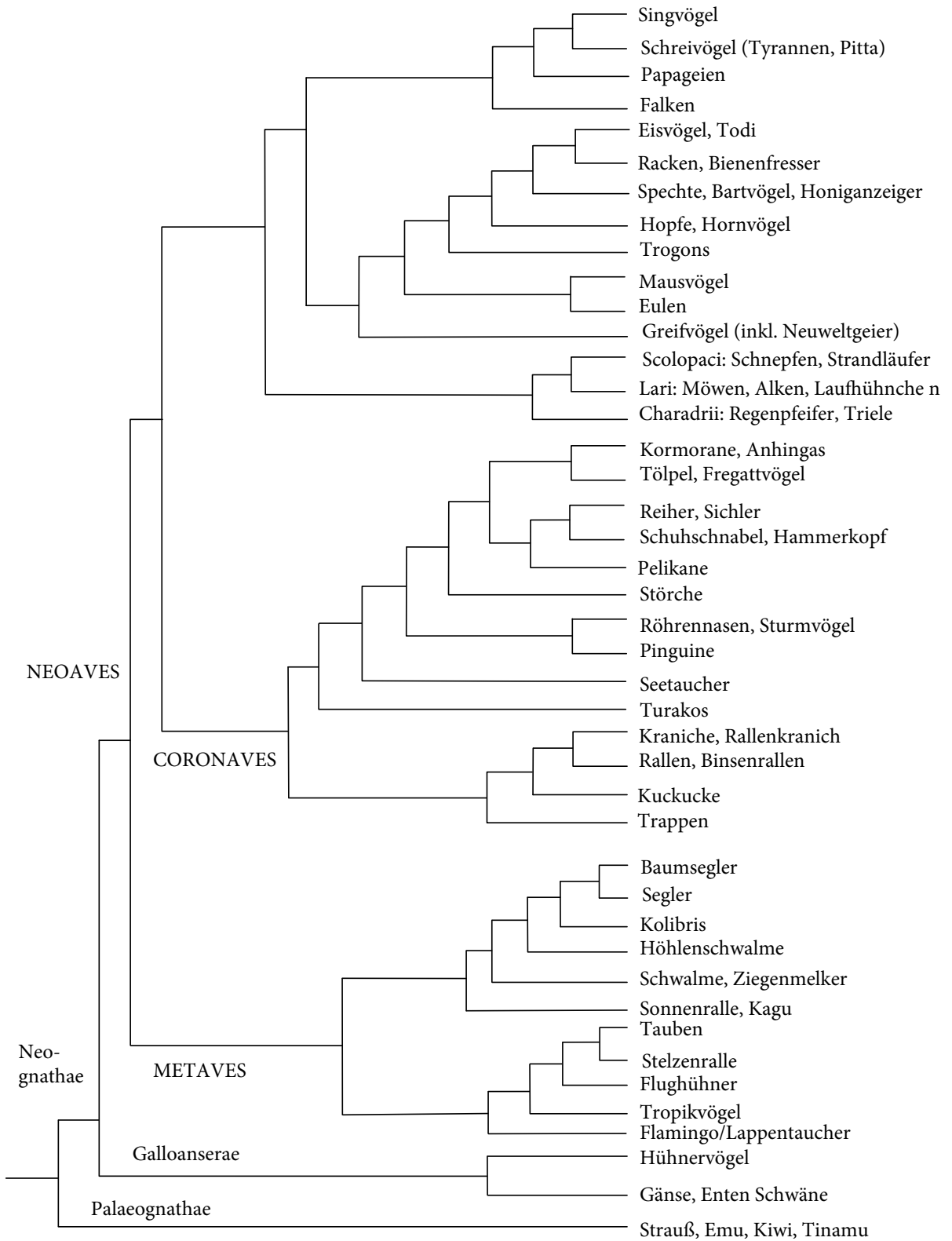


Abb. 1: Phylogenie der Vögel: Vereinfachte Darstellung der molekularen Phylogenie nach Hackett et al. (2008).- *Phylogeny of birds. Simplified phylogenetic tree after Hackett et al. (2008)*

Pelecanoididae, Procellariidae), Ciconiidae, Pelecaniiformes (Fregatidae, Sulidae, Anhingidae, Phalacrocoracidae, Pelecanidae, Scopidae, Balaenicipitidae, Threskiornithidae, Ardeidae)

- Charadriiformes (Charadrii: Burhinidae, Haematopidae, Charadriidae, Recurvirostridae; Lari: Turnicidae, Dromadidae, Glareolidae, Laridae, Stercorariidae, Alcidae; Scolopaci: Scolopacidae, Jacanidae, Rostratulidae, Pedionomidae, Thinocoridae)

- Accipitriformes (Cathartidae, Sagittariidae, Pandionidae, Accipitridae), Strigiformes (Tytonidae, Strigidae), Coliiformes, Leptosomatidae (?), Trogoniformes, Bucerotiformes (Bucorvidae, Bucerotidae, Phoeniculidae, Upupidae), Piciformes (Galbulae: Buconidae, Galbulidae; Pici: Lybiidae, Ramphastidae, Capitonidae, Megalaimidae, Picidae, Indicatoridae), Coraciiformes (Meropidae, Coraciidae, Brachypteraciidae, Todidae, Momotidae, Alcedinidae)

- Cariamidae, Falconidae, Psittaciformes, Suboscines, Oscines

Für die Singvögel wurden auf Basis vielfältiger DNA-Untersuchungen neue Übergruppen vorgeschlagen: Corvida mit Corvoidea und Passerida mit Sylvioidea, Muscicapoeida und Passeroidea (Sangster et al., 2010 und darin zitierte Originalarbeiten). Aufgrund der vorliegenden DNA-Daten schlagen die Autoren nachfolgende Gliederung für die Singvögel vor:

Suboscines

Tyrannides

Tyrannidae

Oscines

Corvida

Corvoidea

Vireonidae, Oriolidae, Laniidae, Corvidae

Passerida

Regulidae (?)

Sylvioidea

Remizidae, Paridae, Panuridae, Alaudidae, Hirundinidae, Cettiidae, Aegithalidae, Phylloscopidae, Sylviidae, Locustellidae, Acrocephalidae, Cisticolidae

Muscicapoeida

Bombycillidae, Tichodromidae, Sittidae, Certhiidae, Troglodytidae, Mimidae, Sturnidae, Cinclidae, Muscicapidae (Turdinae, Muscicapinae)

Passeroidea

Prunellidae, Passeridae, Motacillidae, Fringillidae, Emberizidae (Calcariini, Cardinalini, Emberizini, Icterini, Parulini)

Systematische Änderungen auf der Familien-, Gattungs- und Artebene

Auch die Rekonstruktion der molekularen Phylogenie einzelner Vogelordnungen, Familien und Gattungen ist bedeutend vorangekommen. Die Eliminierung von paraphyletischen und polyphyletischen Gruppen, die in einer kladistischen Systematik nach Hennig nicht erlaubt sind (Hennig 1966), hat eine Umbenennung recht vieler Vogelgattungen, so z. B. von Meisen, Finken, Möwen, Eulen, Greifen und Reihern zur Folge (Tab. 1).

Die DNA-Analysen helfen auch bei der Erkennung und Abgrenzung von Arten (Helbig et al. 2002); etliche Unterarten wurden in den letzten beiden Jahrzehnten als selbstständige Arten eingestuft. Übersichten sind in Knox et al. (2002, 2009), Sangster et al. (1999, 2003, 2004, 2005, 2007, 2008, 2009, 2010) und Martens & Bahr (2007, 2008, 2009, 2010) zu finden, in denen auch die primären Literaturquellen erfasst wurden. Wichtige Beispiele der palaearktischen Vogelwelt sind in Tab. 1 zusammengestellt.

Aber auch neue, bislang übersehene Arten konnten entdeckt werden (Tab. 2) u.a. vier Taxa auf den Makaronesischen Inseln. Martens & Bahr (2007, 2008, 2009, 2010) haben eine Dokumentation der u.a. durch DNA-Forschung neu entdeckten Vogelarten erstellt. Dort finden sich auch alle Originalarbeiten, die in dieser Übersicht weggelassen wurden. In einigen Fällen gibt es aber auch Hinweise, dass bestehende Arten keine „guten“ Arten sind, so z. B. im Komplex der asiatischen Schwanzmeisen (Päckert et al. 2010). Auch die drei Birkenzeisigarten (*Carduelis flamma*, *C. hornemanni* und *C. cabaret*) unterscheiden sich genetisch nicht und stellen vermutlich nur eine Art dar (Marthinsen et al. 2008).

Ausblick

Die ornithologische Taxonomie und Systematik ist mit den DNA-Untersuchungen in eine neue Epoche eingetreten. Die bislang ersichtliche Auswirkung auf die Groß- und Kleinsystematik der Vögel wurde in dieser Arbeit kurz zusammengestellt. Man muss jedoch bedenken, dass die molekulare Forschung erst am Anfang steht und noch viele weitere Erkenntnisse und Änderungsvorschläge folgen werden. Insbesondere ist bei der Großsystematik das letzte Wort noch nicht gesprochen; mit Hinzunahme weiterer Gene und Taxa wird sich das Bild verfeinern und schärfen. Einige Änderungsvorschläge sind jedoch ohne Zweifel berechtigt und wurden z. T. schon in den Handbüchern und Feldführern berücksichtigt. Daher sollte zukünftig auch bei den ornithologischen und avifaunistischen Arbeiten die neue Systematik, sowie sie von einschlägigen Kommissionen anerkannt wurde, berücksichtigt werden, auch wenn dies zunächst zu einem gewissen Chaos führen wird. Denn neue und alte Namen werden sicherlich eine Zeitlang noch parallel verwendet.

Tab. 1: Beispiele für vorgeschlagene taxonomische Änderungen in der palaearktischen Vogelwelt (in alphabetischer Reihenfolge)- *Examples for proposed taxonomic changes of palaeartic birds (in alphabetical sequence)*

Alter Name - old name	Neuer name - new name
Korrektur von Para- und Polyphylien correction of para- and polyphyletic groups	
<i>Andropoides virgo</i>	<i>Grus virgo</i>
<i>Carduelis chloris</i>	<i>Chloris chloris</i>
<i>Casmerodius albus</i>	<i>Ardea alba</i>
<i>Catharacta skua</i>	<i>Stercorarius skua</i>
<i>Ceryle alcyon</i>	<i>Megaceryle alcyon</i>
<i>Diomedea melanophris</i>	<i>Thalassarche melanophris</i>
<i>Heteroscelus brevipes</i>	<i>Tringa brevipes</i>
<i>Hieraaetus fasciatus</i>	<i>Aquila fasciata</i>
<i>Hieraaetus pennatus</i>	<i>Aquila pennata</i>
<i>Hirundo daurica</i>	<i>Cecropis daurica</i>
<i>Ketupa</i>	<i>Bubo</i>
<i>Larus genei</i>	<i>Chroicocephalus genei</i>
<i>Larus minutus</i>	<i>Hydrocoloeus minutus</i>
<i>Larus philadelphia</i>	<i>Chroicocephalus philadelphia</i>
<i>Larus ridibundus</i>	<i>Chroicocephalus ridibundus</i>
<i>Larus sabini</i>	<i>Xema sabini</i>
<i>Micropalama himantopus</i>	<i>Calidris himantopus</i>
<i>Miliaria calandra</i>	<i>Emberiza calandra</i>
<i>Nyctea scandiaca</i>	<i>Bubo scandiacus</i>
<i>Otus leucotis</i>	<i>Ptilopsis leucotis; P. granti</i>
<i>Parus ater</i>	<i>Periparus ater</i>
<i>Parus caeruleus</i>	<i>Cyanistes caeruleus</i>
<i>Parus cristatus</i>	<i>Lophophanes cristatus</i>
<i>Parus montanus</i>	<i>Poecile montana</i>
<i>Parus palustris</i>	<i>Poecile palustris</i>
<i>Sterna albifrons</i>	<i>Sternula albifrons</i>
<i>Sterna anaethetus</i>	<i>Onychoprion anaethetus</i>
<i>Sterna caspica</i>	<i>Hydroprogne caspia</i>
<i>Sterna fuscata</i>	<i>Onychoprion fuscata</i>
<i>Sterna nilotica</i>	<i>Gelochelidon nilotica</i>
<i>Sturnus roseus</i>	<i>Pastor roseus</i>
<i>Sturnus sturninus</i>	<i>Agropsar sturninus</i>
<i>Sula bassana</i>	<i>Morus bassana</i>
<i>Tachymarptis melba</i>	<i>Apus melba</i>
<i>Zoothera naevia</i>	<i>Ixoreus naevius</i>
<i>Zoothera sibirica</i>	<i>Geokichla sibirica</i>
<i>Zonotrichia melodia</i>	<i>Melospiza melodia</i>
Neue Splits - new splits	
<i>Aegithalos caudatus</i>	<i>Aegithalos caudatus, A. glaucogularis</i>
<i>Alauda arvensis</i>	<i>Alauda arvensis, A. pekinensis</i>
<i>Anser fabalis</i>	<i>Anser fabalis, Anser serrirostris</i>

Alter Name - old name	Neuer name - new name
<i>Anthus novaeseelandiae</i>	<i>Anthus novaeseelandiae</i> , <i>A. richardi</i>
<i>Aquila heliaca</i>	<i>Aquila heliaca</i> , <i>A. adalberti</i>
<i>Aquila pomarina</i>	<i>Aquila pomarina</i> , <i>A. hastata</i>
<i>Aquila rapax</i>	<i>Aquila rapax</i> , <i>A. nipalensis</i>
<i>Athene noctua</i>	<i>Athene noctua</i> (polytypisch), <i>A. lilith</i> , <i>A. plumipes</i>
<i>Branta canadensis</i>	<i>Branta canadensis</i> (polytypisch mit <i>canadensis</i> , <i>fulva</i> , <i>interior</i> , <i>maxima</i> , <i>moffitti</i> , <i>occidentalis</i> , <i>parvipes</i>), <i>B. hutchinsii</i> (polytypisch mit <i>hutchinsii</i> , <i>leucopareia</i> , <i>minima</i> , <i>taverneri</i>)
<i>Branta bernicla</i>	<i>Branta bernicla</i> , <i>B. hrota</i> , <i>B. nigricans</i>
<i>Calonectris diomedea</i>	<i>Calonectris diomedea</i> , <i>C. borealis</i> , <i>C. edwardsii</i>
<i>Chlamydotis undulata</i>	<i>Chlamydotis undulate</i> , <i>C. macqueenii</i>
<i>Corvus corone</i>	<i>Corvus corone</i> , <i>C. cornix</i>
<i>Ficedula hypoleuca</i>	<i>Ficedula hypoleuca</i> , <i>F. speculigera</i>
<i>Ficedula parva</i>	<i>Ficedula parva</i> , <i>F. albicilla</i>
<i>Gavia arctica</i>	<i>Gavia arctica</i> , <i>G. pacifica</i>
<i>Hieraaetus fasciatus</i>	<i>Aquila fasciata</i> , <i>A. spilogaster</i>
<i>Lanius excubitor</i>	<i>Lanius excubitor</i> , <i>L. meridionalis</i> , <i>L. algeriensis</i>
<i>Lanius isabellinus</i>	<i>Lanius isabellinus</i> , <i>L. arenarius</i>
<i>Larus argentatus/L. fuscus</i>	<i>Larus argentatus</i> (polytypisch mit <i>argentatus</i> , <i>argenteus</i>), <i>L. fuscus</i> (polytypisch mit <i>fuscus</i> , <i>intermedius</i> , <i>graellsii</i> , <i>heuglini</i> , <i>taimyrensis</i> , <i>barabensis</i>), <i>L. smithsonianus</i> (polytypisch mit <i>smithsonianus</i> , <i>vegae</i> , <i>mongolicus</i>), <i>L. michahellis</i> (polytypisch mit <i>michahellis</i> , <i>atlantis</i>), <i>L. cachinnans</i> , <i>L. armenicus</i>
<i>Melanitta fusca</i>	<i>Melanitta fusca</i> , <i>M. deglandi</i>
<i>Melanitta nigra</i>	<i>Melanitta nigra</i> , <i>M. americana</i>
<i>Merops superciliosus</i>	<i>Merops superciliosus</i> , <i>M. philippinus</i> , <i>M. persicus</i>
<i>Motacilla alba</i>	<i>Motacilla alba</i> , <i>M. yarrellii</i>
<i>Motacilla flava</i>	<i>Motacilla flava</i> , <i>M. flavissima</i> , <i>F. thunbergi</i> , <i>M. feldegg</i>
<i>Oenanthe hispanica</i>	<i>Oenanthe hispanica</i> , <i>O. melanoleuca</i>
<i>Oenanthe pleschanka</i>	<i>Oenanthe pleschanka</i> , <i>O. cypriaca</i>
<i>Phoenicopterus roseus</i>	<i>Phoenicopterus roseus</i> , <i>P. ruber</i> , <i>P. chilensis</i>
<i>Phylloscopus bonelli</i>	<i>Phylloscopus bonelli</i> , <i>P. orientalis</i>
<i>Phylloscopus borealis</i>	<i>Phylloscopus borealis</i> , <i>P. examinandus</i> , <i>P. xanthodryas</i>
<i>Phylloscopus collybita</i>	<i>Phylloscopus collybita</i> , <i>P. ibericus</i> (nicht <i>P. brehmii</i>), <i>P. canariensis</i>
<i>Phylloscopus trochiloides</i>	<i>Phylloscopus trochiloides</i> , <i>P. nitidus</i>
<i>Pterodroma mollis</i>	<i>Pterodroma mollis</i> , <i>P. feae</i> , <i>P. madeira</i>
<i>Puffinus assimilis</i>	<i>Puffinus assimilis</i> , <i>P. baroli</i> , <i>P. lherminieri</i>
<i>Puffinus puffinus</i>	<i>Puffinus puffinus</i> , <i>P. yelkouan</i> , <i>P. mauretanicus</i>
<i>Regulus ignicapilla</i>	<i>Regulus ignicapilla</i> , <i>R. madeirensis</i>
<i>Saxicola torquatus</i>	<i>Saxicola torquatus</i> , <i>S. rubicula</i> , <i>S. maurus</i> , <i>S. [t.] stejnegeri</i>
<i>Serinus citrinella</i>	<i>Carduelis</i> (<i>Serinus</i>) <i>citrinella</i> , <i>C. corsicana</i>
<i>Sylvia cantillans</i>	<i>Sylvia cantillans</i> , <i>S. subalpina</i> = <i>S. moltoni</i> ,
<i>Sylvia nana</i>	<i>Sylvia nana</i> , <i>S. deserti</i>
<i>Tarsiger cyanurus</i>	<i>Tarsiger cyanurus</i> , <i>T. rufilatus</i>
<i>Turdus naumanni</i>	<i>Turdus naumanni</i> , <i>T. eunomus</i>
<i>Turdus ruficollis</i>	<i>Turdus ruficollis</i> , <i>T. atrogularis</i>

Tab. 2: Beispiele für neue Taxa, die mittels DNA-Analyse entdeckt wurden.- *Examples of new bird taxa which had been discovered using DNA sequence data.*

Art - species	Herkunft - origin	Autoren - authors
<i>Cyanistes teneriffae hedwigii</i>	Gran Canaria	Dietzen et al. (2008)
<i>Erithacus marionae</i>	Gran Canaria	Dietzen et al. (2003)
<i>Oceanodroma monteirei</i>	Graciosa, Azoren	Bolten et al. (2008)
<i>Regulus r. ellenthalerae</i>	La Palma	Päckert et al. (2006)

Zusammenfassung

Nucleotidsequenzen von mitochondrialen und nucleären Markergenen eignen sich hervorragend, um die Phylogenie und Evolution der Vögel zu untersuchen. Eine kürzlich publizierte Analyse mit 19 Kerngenen (Hackett et al. 2008) erlaubte erstmalig die Rekonstruktion einer verlässlichen Phylogenie der Vögel auf Familienebene. Auch für die Systematik der Singvögel erbrachten DNA-Daten bedeutsame Fortschritte. Die von diesen Phylogenien ableitbaren Klassifikationen unterscheiden sich signifikant von der bisher akzeptierten Systematik. Die molekularen Phylogenien erlauben es außerdem, para- und polyphyletische Gruppierungen zu erkennen. Da die Kladistik nur monophyletische Gruppen zulässt, sollten mindestens 22 Gattungsnamen paläarktischer Vogelarten geändert werden. Die DNA-Analysen unterstützen eine Trennung (Splits) von mindestens 44 bestehenden Arten in neue Arten. Insgesamt 4 Vogeltaxa von den Kanarischen Inseln und den Azoren konnten in den letzten 10 Jahren mittels DNA-Untersuchungen als neu identifiziert werden. Dieses Review gibt eine Übersicht über die taxonomischen und systematischen Änderungen, die zwischen 1990 und 2010 für die Paläarktisch publiziert wurden.

Literatur

Bolton M, Smith AL, Gomez-Diaz E, Friesen VL, Medeiros R, Bried J, Roscales JL & Furness RW 2008: Monteiro's Storm-petrel *Oceanodroma monteiroi*: a new species from the Azores. *Ibis* 150: 717–727.

Brown JW, Rest JS, Garcia-Moreno J, Sorenson MD & Mindell DP 2008: Strong mitochondrial DNA support for a Cretaceous origin of modern avian lineages. *BMC Biology* 6:6

Clements JB 2007: *The Clements Checklist of Birds of the World*. Cornell University Press, Ithaca

Dickinson EC 2003: *The Howard and Moore complete checklist of the birds of the world*. 3. Aufl. Helm, London

Dietzen C, del Rey EG, Delgado Castro G & Wink M 2008: The phylogeography of the Blue Tit (*Parus caeruleus teneriffae* – group) on the Canary Islands based on mitochondrial DNA sequence data and morphometrics. *J. Ornithol.* 149: 1–12.

Dietzen C, Witt H-H & Wink M 2003: The phylogeographic differentiation of the Robin *Erithacus rubecula* on the Canary Islands revealed by mitochondrial DNA sequence data and morphometrics: evidence for a new robin taxon on Gran Canaria? *Avian Science* 3:115–131.

Ericson P G, Anderson C L, Britton T, Elzanowski A, Johansson US & Källersjö M 2006: Diversification of Neoaves: Integration of molecular sequence data and fossils. *Biol. Lett.* 2: 543–547.

Gill FB 1995: *Ornithology*, 2. Aufl, W.H.Freeman & Co., New York

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

Helbig AJ, Knox AG, Parkin DT, Sangster G & Collinson M 2002: Guidelines for assigning species rank: *Ibis* 144: 518–525

Hennig W 1966: *Phylogenetic Systematics*. Urbana, Chicago

Knox AG, Collinson JM, Helbig AJ, Parkin DT & Sangster G 2002: Taxonomic recommendations for British birds. *Ibis* 144: 707–710

Knox AG, Collinson JM, Parkin DT, Sangster G & Svensson L 2008: Taxonomic recommendations for British birds: Fifth report. *Ibis* 150: 833–835

Martens J & Bahr N 2007: Dokumentation neuer Vogeltaxa-Bericht für 2005. *Vogelwarte* 45: 119–334.

Martens J & Bahr N 2008: Dokumentation neuer Vogeltaxa-Bericht für 2006. *Vogelwarte* 46: 95–120.

Martens J & Bahr N 2009: Dokumentation neuer Vogeltaxa-Bericht für 2007. *Vogelwarte* 47: 97–117.

Martens J & Bahr N 2010: Dokumentation neuer Vogeltaxa-Bericht für 2008. *Vogelwarte* 48: 97–117,161–179.

Marthinsen G, Wennerberg I & Lifeld JT 2008: Low support for separate species within the Redpoll complex (*Carduelis flammea-hornemanni-cabaret*) from analyses of mtDNA and microsatellite markers. *Mol. Phylog. Evol.* 47: 1005–1017.

O'Connor PM & Claessens LPAM 2005: Basic avian pulmonary design and flow-through ventilation in non-avian theropod dinosaurs. *Nature* 436: 253–256.

Päckert M, Martens J & Sun YH 2010 Phylogeny of Long-tailed Tits and allies inferred from mitochondrial and nuclear markers (Aves, Passeriformes, Aegithalidae). *Mol. Phylogen. Evol.* 55: 952–967.

Päckert M, Dietzen C, Martens J, Wink M & Kvist L 2006: Radiation of Goldcrests (*Regulus regulus*) on the Atlantic islands: Evidence of a new taxon from the Canary islands. *J. Avian Biol.* 37: 364–380.

- Peters JL (1931-1986) Checklist of the Birds of the World, Harvard University Press/Museum of Comparative Zoology.
- Sangster G, Collinson JM, Helbig AJ, Knox AG & Parkin DT 2004: Taxonomic recommendations for British birds: second report. *Ibis* 146: 153-157.
- Sangster G, Collinson JM, Helbig AJ, Knox AG & Parkin DT 2005: Taxonomic recommendations for British birds: third report. *Ibis* 147: 821-826.
- Sangster G, Collinson JM, Knox AG, Parkin DT & Svensson L 2010: Taxonomic recommendations for British birds: Sixth report. *Ibis* 152: 180-186.
- Sangster G, Collinson JM, Knox AG, Parkin DT, & Svensson L 2008: Taxonomic recommendations for British birds: Fourth report. *Ibis* 149: 853-857.
- Sangster G, Hazevoet C, van den Berg AB, Roselaar CS & Sluys R 1999: Dutch avifaunal list: taxonomic changes in 1977-1998. *Ardea* 87: 139-166.
- Sangster G, van den Berg AB, van Loon AJ, & Roselaar CS 2003: Dutch avifaunal list: taxonomic changes in 1999-2003. *Ardea* 91: 279-285.
- Sangster G, van den Berg AB, van Loon AJ, & Roselaar CS 2009: Dutch avifaunal list: taxonomic changes in 2004-2008. *Ardea* 97: 373-381
- Sereno PC 1999: The evolution of dinosaurs. *Science*. 284: 2137-2147
- Sibley CG & Monroe BL 1990: Distribution and Taxonomy of Birds of the World. Yale University Press, New Haven & London
- Storch V, Welsch U & Wink M 2007: Evolutionsbiologie. 2. Aufl. Springer Heidelberg
- Stresemann E 1951: Die Entwicklung der Ornithologie. Von Aristoteles bis zur Gegenwart. Peters, Berlin. Nachdruck Aula-Verlag, Wiesbaden 1996.
- Walters M 2003: A Concise History of Ornithology. Helm, London
- Wetmore A 1960: A classification for the birds of the world. *Smithson. Misc. Coll.* 139: 1-37
- Wink M 2006: Use of DNA markers to study bird migration. *J. Ornithol.* 147: 234-244.
- Wolters HE 1982: Die Vogelarten der Erde: eine systematische Liste mit Verbreitungsangaben sowie deutschen und englischen Namen. Parey, Hamburg.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Vogelwarte - Zeitschrift für Vogelkunde](#)

Jahr/Year: 2011

Band/Volume: [49_2011](#)

Autor(en)/Author(s): Wink Michael

Artikel/Article: [Evolution und Phylogenie der Vögel - Taxonomische Konsequenzen 17-24](#)