

Themenbereich „Phylogenie und Systematik“

• Vorträge

Manegold A & Töpfer T (Frankfurt, Dresden):

Neues zur Phylogenie der *Hemicircus*-Spechte (Picinae, Picidae)

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

Die Kurzschwanzspechte (*Hemicircus*) wurden traditionell innerhalb der echten Spechte (Picinae) meist in die Nähe typischer „Hackspechte“ wie z. B. *Dendrocopos*, *Dendropicos* oder *Picoides* gestellt, bis sie mit den südostasiatischen Taxa *Meiglyptes* und *Mulleripicus* zu den Meiglyptini Short, 1982 vereinigt wurden (s. auch Winkler et al. 1995; Winkler & Christie 2002). Dagegen sprechen neuere, auf DNA-Sequenz-Analysen beruhende Studien (Fuchs et al. 2007) dafür, dass *Hemicircus* das Schwestertaxon zu allen übrigen echten Spechten ist. Diese überraschende Hypothese wird auch durch eine Reihe bislang wenig beachteter morphologischer Merkmale an Schädel, Skelett und Gefieder gestützt, die die Grundlage für eine neue kladistische Analyse bilden. So unterscheiden sich Kurzschwanzspechte unter anderem durch ihre auffallend kurzen, abgerundeten Schwanzfedern von den übrigen echten Spechten. Bei *Hemicircus* sind nur die innersten zwei bzw. drei Schwanzfederpaare mit verstärkten Federstäben und starren Federfahnen ausgestattet. Bei den übrigen Picinae sind alle Schwanzfedern bis auf das in der Größe reduzierte äußerste Paar zu Stützfedern umgestaltet, und nur bei diesen Spechten sind die distalen Federäste nach ventral gekrümmmt. Auch deuten Unterschiede im Tarsometatarsus darauf hin, dass *Hemicircus*-Spechte im Gegensatz zu den übrigen Picinae nicht in der Lage sind, ihre Zehen ectropodactyl anzutunen, d.h. die vierte Zehe weit nach lateral abzuspreizen (Bock & Miller 1959). Ein Teil dieser Merkmale wurde bereits von Webb (2002) zur Stammbaumrekonstruktion herangezogen, aber abweichend

interpretiert, so dass in dieser unveröffentlicht gebliebenen Studie *Hemicircus* als *incertae sedis* innerhalb der Picinae klassifiziert wurde. Aus der nun vorliegenden Verwandtschaftshypothese ergeben sich neue Schlussfolgerungen über das Stammmuster der Picinae, und darüber, in welcher Reihenfolge die generell als für echte Spechte typisch geltenden Merkmale wie Stützschwanz, vergrößertes Pygostyl oder Ectropodactylie entstanden sind.

Literatur

- Bock WJ & Miller W DeW 1959: The scansorial foot of the woodpeckers, with comments on the evolution of perching and climbing feet in birds. American Museum Novitates 1931: 1-45.
 Fuchs J, Ohlson JI, Ericson PGP & Pasquet E 2007: Synchronous intercontinental splits between assemblages of woodpeckers suggested by molecular data. Zoologica Scripta 36: 11-25.
 Short LL 1982: Woodpeckers of the World. Delaware Museum of Natural History Monograph Series 4. Greenwill, Delaware.
 Webb DM 2002: Morphological and molecular evolution of the order Piciformes with emphasis of the woodpeckers of the world (subfamily Picinae). Unpublished Ph.D. thesis of Wayne State University, Detroit, Michigan.
 Winkler H & Christie DA 2002: Family Picidae (Woodpeckers). In: del Hoyo J, Elliott A & Sargatal J (Hrsg) Handbook of the Birds of the World. Vol. 7. Jacamars to Woodpeckers: 296-555. Lynx Edicions, Barcelona.
 Winkler H, Christie DA & Nurney D 1995: Woodpeckers: a guide to the woodpeckers, piculets and wrynecks of the world. Pica Press, Mountfield, East Sussex.

Wink M, Dietzen C & Gonzalez J (Heidelberg):

Die Inseln der Glückseligen – Orte der Speziation und Radiation

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

Die Makaronesischen Inseln, welche die Kanaren, Madeira und Azoren umfassen, liegen vor der Westküste Afrikas und Europas und sind alle vulkanischen Ursprungs. Sie waren nie mit einer Landbrücke mit dem Festland verbunden. Diese Inseln sind teilweise schon über zehn Millionen Jahren alt (Fuerteventura, Lanzarote, Gran Canaria, Teneriffa, La Gomera, Porto Santo). Andere Vulkaninseln entstanden dagegen innerhalb der letzten zwei bis drei Millionen Jahre (La Palma, El Hierro, viele Inseln der Azoren). Solche Inseln stellen ideale Experimentallabors für die Evolutionsforschung dar. Durch Charles Darwin wurden die Galapagos unter diesem Aspekt berühmt. Ozeanische Vulkaninseln sind allesamt von Pflanzen und Tieren besiedelt, welche die Inseln durch Langstreckendispersion in irgendeiner Form innerhalb der letzten Jahrtausende erreicht haben. Die Zahl der Gründerindividuen war vermutlich sehr gering. Bedingt durch Isolierung und begrenzten Genfluss kam es auf den Inseln zur allopatrischen Speziation. Da sich die Lebensräume auf den Inseln häufig stark unterscheiden, kann man in einigen Artengruppen sogar eine adaptive Radiation feststellen.

Auch auf den Makaronesischen Inseln, die sehr unterschiedliche Lebensräume, wie z.B. Wüsten, Lavagebiete, Sukkulantenbusch, Kiefernwald bis Lorbeerwald aufweisen, entstanden diverse endemische Taxa, insbesondere bei den Pflanzen, Insekten, Reptilien und Vögeln. Von den 1.758 untersuchten Pilzen sind 101 endemisch, von den 2.489 höheren Pflanzenarten 528, von den 6.378 Arthropodenarten 2.835 und unter den 365 Vertebratenarten kennt man 21 Endemiten. Vier Vogelarten gelten als Endemiten von Makaronesien (*Oceanodroma castro*, *Puffinus baroli*, *Anthus berthelotti*, *Serinus canaria*) und sechs weitere sind Kanarenendemiten (*Columba bollii*, *Columba junoniae*, *Saxicola dacotiae*, *Phylloscopus canariensis*, *Regulus teneriffae*, *Fringilla teydea*).

In einem größeren Forschungsprogramm haben wir die genetische Variabilität der Brutvögel auf den Makaronesischen Inseln genauer analysiert und in vielen Fällen gefunden, dass es inselspezifische Haplotypen und Taxa gibt, die teilweise noch nicht bekannt waren. Obwohl sich die Inseln z.T. in Sichtweite befinden, deuten die genetischen Daten an, dass es nicht oder nur selten zu einem Austausch zwischen den Inseln kommt.

Die phylogenetischen Analysen konnten vier neue Taxa auf den Inseln entdecken, die bislang übersehen

wurden. In anderen Fällen wurden neue Erkenntnisse zum Artstatus oder zum Besiedlungszeitpunkt bzw. Herkunft gewonnen (Dietzen et al., 2003, 2006, 2008a, b; Garcia-del-Rey et al. 2006, 2007; Gonzalez et al. 2009; Heidrich et al. 1996; Helbig et al., 1996; Päckert et al. 2006, 2007; Swatschek et al. 1994; Wink 2011; Wink et al. 2002, 2004, 2008).

Die Forschung aus 15 Jahren zeigt, dass die Makaronesischen Inseln aus evolutionärer Sicht mit den berühmteren Galapagos-Inseln zu vergleichen sind und immer noch spannende Ergebnisse liefern.

Literatur

- Dietzen C, Garcia-del-Rey E, Delgado Castro G & Wink M 2008: Phylogenetic differentiation of *Sylvia* species (Aves Passeriformes) of the Atlantic islands (Macaronesia) based on mitochondrial DNA sequence data and morphometrics. Biol. J. Linnean Society 95: 157-174.
- Dietzen C, Garcia-del-Rey E, 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, Leitner S, Voigt C, Gahr M & Wink M 2006: Phylogeography of Island canary (*Serinus canaria*) populations. J. Ornithol. 147: 485-494.
- Dietzen C, Witt H-H & Wink M 2003: The phylogeographic differentiation of the robin *Erythacus 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.
- Garcia-del-Rey E, Delgado G, Gonzalez J & Wink M 2007: Canary Island Great spotted woodpecker (*Dendrocopos major*) has distinct mtDNA. J. Ornithol. 148: 531-536.
- Garcia-del-Rey E, Delgado Castro G, Gonzalez J & Wink M 2008: Sexual size dimorphism and moult in the endemic Plain Swift *Apus unicolor*? Ringing & Migration 24: 81-87.
- Gonzalez J, Guillermo Delgado G, Garcia-del-Rey E, Berger C & Wink M 2009: Use of mitochondrial and nuclear genes to infer the origin of two endemic pigeons from the Canary Islands. J. Ornithol. 150: 357-367.
- Heidrich P, Ristow D & Wink M 1996: Molekulare Differenzierung von Gelb- und Schwarzschnabelsturmtauchern (*Calonectris diomedea*, *Puffinus puffinus*, *P. yelkouan*) und Großmöwen des Silbermöwenkomplexes (*Larus argentatus*, *L. fuscus*, *L. cachinnans*). J. Ornithol. 137: 281-294.
- Helbig AJ, Martens J, Henning F, Schottler B, Seibold I & Wink M 1996: Phylogeny and species limits in the Palaearctic chiffchaff (*Phylloscopus collybita*) complex: mitochondrial genetic differentiation and bioacoustic evidence. Ibis 138: 650-666.

- 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.
- Päckert M, Martens J, Tietze DT, Dietzen C, Wink M & Kvist L 2007: Calibration of a molecular clock in tits (Paridae)-nucleotide substitution rates of mitochondrial genes deviate from the 2% rule. *Mol. Phyl. Evol.* 44: 1-14.
- Swatschek I, Ristow D & Wink M 1994: Mate fidelity and partage in Cory's shearwater (*Calonectris diomedea*)- Field studies and DNA Fingerprinting. *Mol. Ecol.* 3: 259-262.
- Wink M 2011: Evolution und Phylogenie der Vögel- Taxonomische Konsequenzen. *Vogelwarte* 49: 17-24.
- Wink M, Heidrich P, Sauer-Gürth H, Aziz Elsayed A & Gonzalez J 2008: Molecular phylogeny and systematics of owls (Strigiformes). In: König C & Weick F, *Owls of the world*, 2nd ed.: 42-61, Helm, London.
- Wink M & Sauer-Gürth H 2004: Phylogenetic relationships in diurnal raptors based on nucleotide sequences of mitochondrial and nuclear marker genes. In: Chancelor RD & Meyburg BU, (Hrsg) *Raptors Worldwide*: 483-498, WWGBP, Berlin.
- Wink M, Sauer-Gürth H & Gwinner E 2002: A molecular phylogeny of stonechats and related turdids inferred from mitochondrial DNA sequences and genomic fingerprinting by ISSR-PCR. *Brit. Birds* 95: 349-355.

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

Die genetische Struktur der Tannenmeisen *Periparus ater* in Europa - mitochondriale versus Kern-Marker

✉ Christian Tritsch, Senckenberg Naturhistorische Sammlungen Dresden, Königsbrücker Landstr. 159, 01109 Dresden; E-Mail: ctritsch@senckenberg.de

Die Tannenmeise *Periparus ater* ist eine über weite Teile der Paläarktis verbreitete, genetisch sehr diverse Art. Allein im europäischen und mediterranen Verbreitungsgebiet (inkl. Nordafrika) kommen vier deutlich differenzierte mitochondriale Linien vor, mindestens eine weitere Linie findet sich in Vorderasien (Iran, Aserbaidschan) sowie drei weitere im Himalaya und im angrenzenden China (Tietze et al. 2011).

In Zentraleuropa bilden die beiden großen mitochondrialen Einheiten der *ater*-Subspeziesgruppe (*P. a. ater* und weitere nordpaläarktische Unterarten) und der *abietum*-Gruppe (*P. a. abietum* und weitere süd- und zentraleuropäische Unterarten) eine breite sekundäre Überlappungszone. Diese erstreckt sich während der Brutzeit mindestens vom Süden Baden-Württembergs über ganz Deutschland bis nach Schleswig-Holstein. Die Cluster-Analyse (STRUCTURE) von 16 Mikrosatelliten bestätigte für unseren Datensatz zunächst das großräumige Muster einer Kontaktzone zwischen zwei deutlich differenzierten genetischen Einheiten (k=2). Eine reine *ater*-Population fand sich nach dieser Analyse nur in Ostsibirien, eine reine *abietum*-Population wiederum nur auf Sardinien. Die Zuweisung aller beprobten Individuen zu einem der beiden Cluster bzw. als genetisch intermediäre Form (Schwellenwert $q_i > 0,8$ bzw. $q_i > 0,7$; Randi et al. 2008) zeigte einen nennenswerten Anteil von Hybriden in allen europäischen Populationen vom Mittelmeerraum bis nach Skandinavien (mit Sardinien als einziger Ausnahme). Der mitochondriale Genfluss zwischen *ater*- und *abietum*-Tannenmeisen in der Westpaläarktis ist demnach um ein Vielfaches geringer und kleinräumiger als der nucleäre Genfluss.

Ein zweites Clusterverfahren unter Einbeziehung räumlicher Daten (GENLAND; spatial clustering, Francois & Durand 2010) zeigte zusätzlich zu den beiden kontinentalen Großgruppen kleinräumige Differenzierung im Mittelmeerraum auf. Zwei Inselpopulationen auf Zypern und Sardinien wurden jeweils als eigenständiges Cluster erkannt, wohingegen die Inselpopulation auf Korsika in das kontinentale *abietum*-Cluster eingegliedert wurde. Übereinstimmende kleinräumige Muster wurden auch von STRUCTURE gefunden (k=4) jedoch nie als das wahrscheinlichste Muster erkannt. Der großräumige Genfluss zwischen den beiden nach mitochondrialen Markern unterschiedenen Subspeziesgruppen *ater* und *abietum* über ganz Westeuropa weist sie als Mitglieder einer gemeinsamen Biospezies aus, innerhalb derer potenziell arttrennende Mechanismen wie z.B. unterschiedliche Gesangstypen keinerlei effektive reproduktive Barriere bilden (Tietze et al. 2011).

Die Studie wurde durch das Sächsische Staatsministerium für Wissenschaft und Kunst (SMWK) maßgeblich finanziert und zudem durch die Feldbausch-Stiftung und die Wagner-Stiftung (beide Johannes-Gutenberg-Universität Mainz) gefördert.

Literatur

- Francois O & Durand E 2008: Spatially explicit Bayesian clustering models in population genetics. *Mol. Ecol. Res.* 10: 773-784.
- Randi E 2008: Detecting hybridization between wild species and their domesticated relatives. *Mol. Ecol.* 17: 285-293.
- Tietze T, Martens J, Sun Y-H, Severinghaus LL & Päckert M 2010: Song evolution in the coal tit. *J. Avian Biol.* 42: 214-234.

**Sternkopf V, Liebers-Helbig D, Helbig AJ, de Knijff P (Großlobichau, Stralsund, Leiden/Niederlande):
Nicht *Larus* oder *Larus*? - Verwirrung im Stammbaum der Möwen**

✉ Viviane Sternkopf; E-Mail: viv.eco@gmx.de

Unterschiede zwischen Phylogenien, die auf unterschiedlichen, sowohl geno- als auch phänotypischen Merkmalen beruhen, zeigen anschaulich, dass es keine universelle Herangehensweise zur Klärung der Evolutions- und Stammesgeschichte einer Organismengruppe gibt. Wenn aber verschiedene, unabhängige Untersuchungen zu kongruenten Ergebnissen führen, kann davon ausgegangen werden, dass sie der wahren Evolutionsgeschichte der Organismen sehr nahe kommen. Bei molekularen Untersuchungen ist es von enormer Wichtigkeit, einen umfassenden und nicht zu kleinen Datensatz zu behandeln. Die nun erstellte Stammbaumrekonstruktion der Möwen (Laridae) beruht auf den DNA-Sequenzen des Cytochrome b-Gens, der Hypervariablen Region I und der nuklearen Introns LDH 3, GAP11, VLD 9 und BRM 15.

Bisher bekannte Gruppierungen der Möwen konnten bestätigt werden. Das wahrscheinlich wichtigste Ergebnis dieser Studie ist, dass die Gattung *Larus* monophyletisch ist. Somit verlieren die Vorschläge zur Nomenklaturänderung von Pons et al. (2005) ihre Grundlage. Auch entdeckt wurde in der Untersuchung ein Signal (Deletion in den LDH - Sequenzen), das entscheidend zur Bestimmung der Gruppenmitglieder der basalen nicht-Larus Möwengattungen beiträgt.

Literatur

Pons JM, Hassanin A, Crochet PA 2005. Phylogenetic relationships within the Laridae (Charadriiformes: Aves) inferred from mitochondrial markers. Mol. Phylogenet. Evol. 37: 686-699.

• **Poster**

Cole TCH & Wink M (Heidelberg):

Phylogenie der Vögel – Eine Übersichtsdarstellung von Ordnungen und Familien der Neoaves

✉ Kontakt: Michael Wink, Universität Heidelberg, IPMB, Abt. Biologie, INF 364, 69120 Heidelberg;
E-Mail: wink@uni-hd.de

Die Rekonstruktion der Phylogenie der Vögel hat in den letzten Jahren erhebliche Fortschritte gemacht. Nucleotidsequenzen von mitochondrialen und nuklearen Markergenen eignen sich hervorragend, um die Phylogenie und Evolution der Vögel zu untersuchen. Diese neuen Untersuchungen haben eine deutlich bessere Auflösung als die DNA-DNA-Hybridisierungen, die von Charles Sibley vor 30-40 Jahren eingesetzt wurden (Sibley & Ahlquist 1990). Daher sind viele der taxonomischen Schlussfolgerungen (Sibley & Monroe, 1990) heute nicht mehr gültig.

Eine kürzlich publizierte Sequenzanalyse 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 signifikante Fortschritte. Kürzlich erschien eine deutschsprachige Zusammenfassung der DNA-Befunde für Veränderungen in der Groß- und Kleinphylogenie und Taxonomie der

Vögel (Wink 2011). Die von diesen Phylogenien ableitbaren Klassifikationen unterscheiden sich signifikant von der bisher akzeptierten Systematik (wie jene in Sibley & Monroe 1990). Die IOC hat in ihrer Liste bereits die neuen molekularen Daten einbezogen, und dementsprechend neue Familien und Ordnungen aufgenommen (IOC World Bird List Version 2.9).

Wir haben aus den Daten von Hackett et al. (2008) und den IOC-Empfehlungen ein Stammbaum-Poster erstellt, das frei zugänglich und bis zu A0 ausdruckbar ist. Das Poster fasst fortwährend alle aktuellen Daten zusammen und präsentiert eine übersichtliche, formale Hypothese für die Vogelsystematik auf Ordnungs- und Familienebene. Dieses Poster ist als Überblick konzipiert und enthält nicht alle der derzeit von der IOC anerkannten 40 Ordnungen und 233 Familien; insbesondere innerhalb der Sperlingsvögel, die über 50% aller Vogelarten umfassen, sind die Zusammenhänge zwischen den Familien nur teilweise aufgeklärt.

Literatur

- Hackett SJ, Kimball RT, Reddy S et al. 2008: A phylogenomic study of birds reveals their evolutionary history. *Science* 320: 1763-1768.
- IOC World Bird List, Vers. 2.9 (2011)
- Sibley CG & Ahlquist JE 1990: Phylogeny and Classification of Birds. Yale Univ. Press, New York
- Sibley CG & Monroe BL 1990: Distribution and Taxonomy of Birds of the World. Yale Univ. Press, New York
- Wink M 2011: Evolution und Phylogenie der Vögel – Taxonomische Konsequenzen. *Vogelwarte* 49: 17-24

Poster im Internet

- Cole TCH & Wink M, Poster: Stammbaum der Vögel – Phylogeny of Birds (OpenPDF, 2011, fortlaufend aktualisiert) (Druckqualität bis A0) – zu Lehrzwecken uneingeschränkt nutzbar
<http://www.uni-heidelberg.de/institute/fak14/ipmb/phazb/ToL/Aves-D.pdf> (deutsch)
<http://www.uni-heidelberg.de/institute/fak14/ipmb/phazb/ToL/Aves-E.pdf> (englisch)

Fischer BS, Martens J, Klussmann-Kolb A & Päckert M (Dresden, Mainz, Frankfurt a. M.):

Sing... und ich sage dir, woher Du kommst! - Intraspezifische Strukturierung im Gesang von zwei asiatischen Laubsängern (Gattung *Phylloscopus*)

✉ Balduin S. Fischer, Senckenberg Naturhistorische Sammlungen, Museum für Tierkunde, Königsbrücker Landstraße 159, 01109 Dresden; E-Mail: balduin.fischer@gmail.com

In dieser Arbeit wird die populationsspezifische Strukturierung im Reviergesang von zwei asiatischen Singvögeln untersucht, dem Tienschan-Laubsänger (*P. humei*) und dem Goldbinden-Laubsänger (*P. pulcher*). Die Analyse ist ein Nebenprojekt einer laufenden Studie über die Evolution von Gesangsmerkmalen in der Familie der Laubsänger (Phylloscopidae).

Nach der Vermessung von maximal 13 Gesangssparametern am Sonogramm wurden die Daten mittels Diskriminanzanalyse ausgewertet. Für beide Arten wurden in der Analyse die Messdatensätze a priori in je vier Gruppen unterteilt: zwei Strophentypen sowie westliche und östliche Populationen. Die Westpopulation schließt bei *P. humei* (Unterart *humei*) das Pamir-Tien Shan-Gebiet bzw. bei *P. pulcher* den West- und Zentralhimalaya ein. Die Ostpopulation umfasst bei *P. humei* Südchina (Unterart *mandellii*) und bei *P. pulcher* Zentralchina.

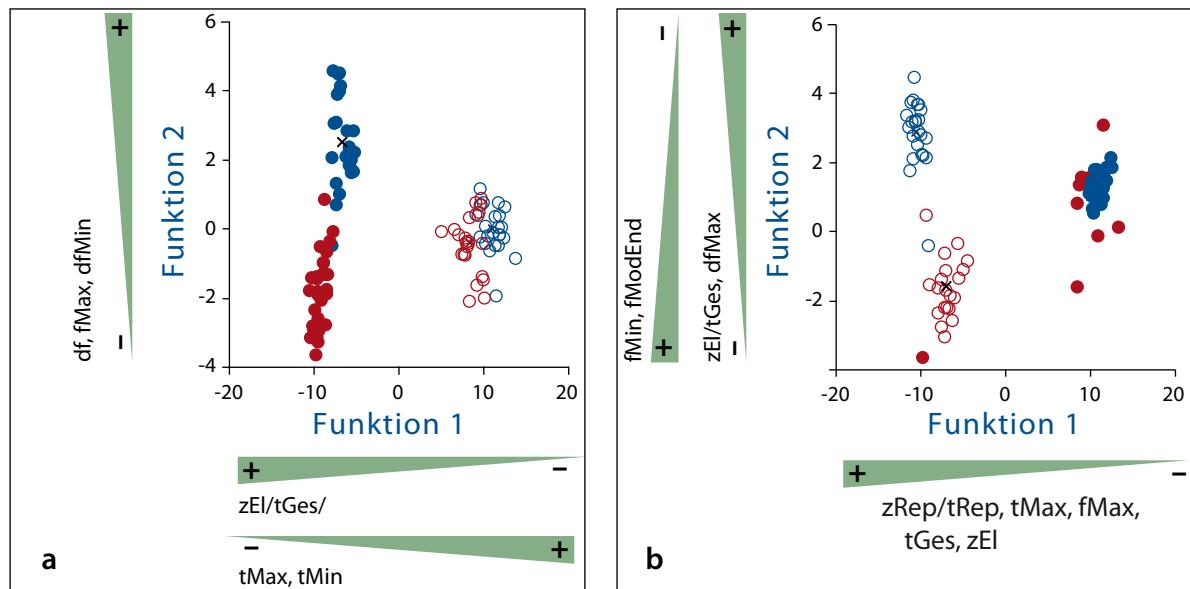
Durch die Diskriminanzanalyse lassen sich die jeweiligen Strophentypen exakt (100%) und die Populationen sehr genau (etwa 95 %) voneinander abgrenzen. Bei beiden Analysen erklärt die Funktion 1 den Großteil der Gesamtvariation des Datensatzes (95-96 %) und Zeit- und Strukturparameter korrelieren mit ihr am stärksten. Demgegenüber erklärt die Funktion 2 nur einen geringen Anteil der Gesamtvariation (3-4 %) und wird insbesondere durch Frequenzparameter bestimmt. Die jeweiligen Strophentypen werden durch die Diskriminanzfunktion 1 klar getrennt. Westliche und östliche Populationen lassen sich jeweils nur durch einen der beiden Strophentypen unterscheiden, wobei die Differenzierung hier insbesondere durch Funktion 2 definiert wird (Abb. 1).

Die Übereinstimmung der Ergebnisse ist bemerkenswert: Beide Arten zeigen zwei fundamental ver-

schiedene Gesangstypen von denen je einer populationsspezifisch deutlich differenziert ist. Die intraspezifische Strukturierung aufgrund der Gesangsmerkmale korreliert mit einer genetischen Divergenz zwischen den Populationen, die bei *P. humei* 4,2 % und bei *P. pulcher* 1,2 % beträgt (Cytochrom b; p-Distanz, eigene Daten). Derartige akustische und genetische Differenzierungen zwischen Singvogelpopulationen des Himalaya und dem angrenzenden China sind ein häufiges biogeographisches Phänomen (Martens et al. 2011). Für *P. pulcher* wird dieses Muster hier erstmalig demonstriert. Für *P. humei* war eine intraspezifische Gliederung bekannt, doch fehlte bislang eine bioakustische Studie mit multivariatem Ansatz (Irwin et al. 2001).

Die Untersuchung ist Teil einer umfangreichen quantitativen Analyse der Evolution von Gesangsmerkmalen bei Laubsängern. Untersuchungsschwerpunkte bilden der Einfluss vertikaler Höhenzonierung auf den Reviergesang sowie die Identifizierung von homologen bzw. konvergenten Merkmalen. Grundlage der Studie bildet die Rekonstruktion der Stammesgeschichte anhand genetischer Marker.

Die vorliegende Untersuchung wird in Kooperation mit dem Biodiversität und Klima Forschungszentrum (BiK-F), Frankfurt a.M., durchgeführt und durch das Forschungsförderungsprogramm „LOEWE – Landes-Offensive zur Entwicklung Wissenschaftlich-ökonomischer Exzellenz“ des Hessischen Ministeriums für Wissenschaft und Kunst unterstützt. Weiterhin wurde die Arbeit durch die Feldbausch-Stiftung und die Wagner-Stiftung (beide Johannes-Gutenberg-Universität Mainz) gefördert

**Abb. 1:** Streudiagramme für *P. humei* (a) und *P. pulcher* (b).

Diskriminanzanalyse von 101/77 (*humei/pulcher*) Gesangsstrophen, 11/13 Messparametern, 13/11 Männchen. Gesangsstrophen: rote Symbole = westliche Population, blaue Symbole = östliche Population, offene Symbole = Krrlaut/Schwirrstrophen, geschlossene Symbole = Doppelaut/Klapperstrophen. Strophenparameter: df= Frequenzumfang, dfMax= Frequenzumfang breitestes Element, dfMin= Frequenzumfang schmalstes Element, fMax= Maximalfrequenz, fMin= Minimalfrequenz, fModEnd= Frequenzverlauf, tGes= Gesamtdauer, tMax= Dauer längstes Element, tMin= Dauer kürzestes Element, zEl/tGes= Tempo (Elementanzahl pro Gesamtstrophendauer), zRep/tRep= Tempo Wiederholungseinheiten (Silben-/ Elementanzahl pro Trillerdauer).

Literatur

Martens J, Tietze DT & Päckert M 2011: Phylogeny, biodiversity, and species limits of passerine birds in the Sino-Himalayan region - a critical review. Ornithological Monographs 70: 64–94.

Irwin DE, Alström P, Olsson U & Benowitz-Fredericks ZM 2001: Cryptic species in the genus *Phylloscopus* (Old World leaf warblers). Ibis 143: 233–247.

Tietze DT, Sun Y-H & Martens J (Mainz, Beijing/China):

Was ist ein Karmingimpel?

Dieter Thomas Tietze, Am Stollhenn 10, 55120 Mainz; E-Mail: mail@dieterthomastietze.de

Die Gattung *Carpodacus* (Karmingimpel) umfasst nach Dickinson (2003) 21 Arten cardueliner Finken mit überwiegend paläarktischer Verbreitung. Die meisten eurasischen Arten sind Hochgebirgsvögel mit z.T. sehr kleinen Arealen im Sino-Himalaya sowie im Nahen Osten, in Afghanistan und dem Tian Shan. Auch wenn die in verschiedenen Rottönen ausgefärbten Männchen sehr auffallen, so sind die einzelnen Arten nach äußeren Merkmalen dennoch nur schwer zu unterscheiden, was noch mehr für die Weibchen und die unausgefärbten Männchen gilt. Auch deshalb sind die verwandtschaft-

lichen Verhältnisse innerhalb der Karmingimpel bis heute nicht befriedigend geklärt.

Mit Hilfe eines datierten Mehr-Gen-Stammbaums können wir bestätigen, dass

1. die drei nearktischen Arten *C. cassinii*, *C. mexicanus* und *C. purpureus* konvergent zu den paläarktischen Arten entstanden und mit diesen nicht nahe verwandt sind (Arnaiz-Villena 2001, 2007),
2. die paläarktischen *Carpodacus*-Arten (Abb. 1) zwei Monophyla zuzuordnen sind, die keine Schwestergruppen sind, und

3. Vertreter weiterer Finkengattungen in diese beiden Gruppen einbezogen werden müssen, um die Monophylie dieser Gruppen zu wahren (Arnaiz-Villena 2001, 2007).

Wir überprüfen, ob die von Rasmussen (2005) innerhalb von *Carpodacus* vorgeschlagenen Artaufspaltungen berechtigt sind (*C. pulcherrimus/C. davidianus*, *C. thura/C. dubius*, *C. rodopeplus/C. verreauxii*, *C. rubicilla/C. severtzovi*; vgl. Martens & Bahr 2007), und bestätigen die Abspaltung von *C. formosanus* von *C. vinaceus* (Wu et al. 2011). Schließlich rekonstruieren wir mittels Parsimony- und Maximum-Likelihood-Methoden, wo die Vorfahren der beiden Finken-Gruppen gelebt haben, zu denen die paläarktischen Karmingimpel nun gestellt werden müssen.

Finanziert durch die Feldbausch- und die Wagner-Stiftung am Fachbereich Biologie, Universität Mainz, die Deutsche Forschungsgemeinschaft, das Biodiversität und Klima Forschungszentrum (BiK-F), Frankfurt am Main, sowie das Forschungsförderungsprogramm „LOEWE – Landes-Offensive zur Entwicklung Wissenschaftlich-ökonomischer Exzellenz“ des Hessischen Ministeriums für Wissenschaft und Kunst.

Literatur

- Arnaiz-Villena A, Guillén J, Ruiz-del-Valle V, Lowy E, Zamora J, Varela P, Stefanib D & Allende LM 2001: Phylogeny of crossbills, bullfinches, grosbeaks, and rose-finches. *Cellular and Molecular Life Sciences* 58: 1159-1166.
 Arnaiz-Villena A, Moscoso J, Ruiz-del-Valle V, Gonzalez J, Reguera R, Wink M & Serrano-Vela JI 2007: Bayesian phylogeny of Fringillinae birds: status of the singular African oriole finch *Linurgus olivaceus* and evolution and heterogeneity of the genus *Carpodacus*. *Acta Zoologica Sinica* 53: 826-834.
 Dickinson EC (Hg.) 2003: The Howard and Moore Complete Checklist of Birds of the World. 3. Auflage. Christopher Helm, London.
 Martens J & Bahr N 2007: Dokumentation neuer Vogel-Taxa – Bericht für 2005. *Vogelwarte* 45: 119-134.
 Rasmussen PC 2005: Revised species limits and field identification of Asian rosefinches. *Birding Asia* 3: 18-27.
 Wu H-C, Lin R-C, Hung H-Y, Yeh C-F, Chu J-H, Yang X-J, Yao C-J, Zou F-S, Yao C-T, Li S-H & Lei F-M 2011: Molecular and morphological evidences reveal a cryptic species in the Vinaceous Rosefinch *Carpodacus vinaceus* (Fringillidae; Aves). *Zoologica Scripta* 40: 468-478.



Abb. 1: Der Rosengimpel (*Carpodacus r. roseus*; links) gehört zu den Karmingimpeln im engeren Sinne (ad. ♂, in Ussuriland, Russland, von Schneider gefangen, Mus. Dresden, C38967b); der Dünnschnabelgimpel (*Carpodacus n. nipalensis*; rechts) ist kein echter Karmingimpel (ad. ♂, 1914 bei Sungpan in China gefangen von H. Weigold, Mus. Dresden, C24054, beide Zeichnungen von K. Rehbinder).

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): diverse

Artikel/Article: [Themenbereich "Phylogenie und Systematik" 283-289](#)