

Themenbereich: „Evolution und Phylogenie“

• Vorträge

Wink M (Heidelberg):

Neue phylogenomische Stammbäume der Vögel

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

Ein Konsortium von 200 Wissenschaftlern aus 80 Laboren und der chinesischen Sequenzierfirma BGI wollen im B10K Projekt die Genome aller 10.500 existierenden Vogelarten sequenzieren. Ziel ist die Rekonstruktion eines umfassenden Stammbaums der Vögel. Als erster Meilenstein wurden 42 Millionen Basenpaare von 48 Vogelarten aus 34 Vogelordnungen, darunter 30 Neognathen, über Next Generation Sequencing (NGS) generiert und ausgewertet. Der Datensatz umfasst die Sequenzen von 8.351 Exons, 2.516 Introns und 3.769 Ultraconserved Elements (UCE) (Jarvis et al 2014).

Der erste phylogenomische Stammbaum der Vögel (s. a. Wink 2015; Kraus & Wink 2015) bestätigt viele Ergebnisse früherer Phylogenieuntersuchungen, insbesondere die von Hackett et al (2008), in der die Sequenzen von 19 Kernmarkern ausgewertet wurden. Überraschenderweise war es auch mit diesem sehr großen Datensatz nicht möglich, alle Verzweigungen im Stammbaum sicher aufzulösen. Dies liegt zum einen daran, dass viele Ordnungen der Vögel nach der Kreide-Tertiärgrenze vor 66 Mio. Jahren in relativ kurzer Zeit entstanden. Die schnelle Radiation kann zu einem „incomplete lineage sorting“ (ILS) führen (Suh et al 2015). Vermutlich leidet der Datensatz zusätzlich unter erheblichen Alignmentfehlern, die bei Genomsequenzierung mittels Illumina, bei der nur sehr kurze Sequenzabschnitte gewonnen werden, immer auftreten können. Bei der Erstellung von Contigs (zusammenhängende DNA-Sequenzen) kann es zur Chimärenbildung kommen, wenn z. B. Sequenzen von kodierenden Genen mit nicht-kodierenden Pseudogenen oder Gendublikaten zufällig vereint werden. Die klare Zuordnung wird bei repetitiven Elementen (z. B. UCE), die in dieser Auswertung ebenfalls berücksichtigt wurden, durch Sequenzähnlichkeiten besonders erschwert. Daher stellt der Stammbaum von Jarvis et al (2014) nur eine vorläufige Hypothese dar, die der Überprüfung bedarf.

Suh et al (2015) haben die Position (Anwesenheit, Abwesenheit) von 2118 Retroposons in der Genomanalyse von Jarvis et al. (2014) isoliert analysiert. Sie fanden Hinweise für ILS. Einige Vogelordnungen liegen im Stammbaum an einer anderen Position als im

Stammbaum von Jarvis et al (2014). Dies betrifft insbesondere die Ordnungen der Mausvögel, des Hoatzins, der Kraniche, Segler, Nachtschwalben, Watvögel und Tauben.

Ein aktuell veröffentlichter neuer genomischer Vogelstammbaum von Prum et al (2015) bestätigt viele der phylogenomischen Zusammenhänge von Jarvis et al (2014) und Suh et al (2015). Gleichzeitig werden neue Verwandtschaftsgruppen postuliert. Dieser Datensatz beruht auf einem Alignment von 390.000 Nucleotiden, die 253 Kernloci abdecken (mit ca. 1.523 Nucleotiden pro Gen) und beinhaltet 198 Arten aus allen Ordnungen und den meisten Familien. Unterschiede zu Jarvis et al. (2014) bestehen unter anderem in den Positionen von der Kolibri/Segler/Nachtschwalben-Klade, der Flamingo/Lappentaucher-Klade, der Wasservögel, Greifvögel und Eulen (Prum et al 2015; Thomas 2015).

Wie man an den schnellen Änderungen sehen kann, wird es noch eine Zeit dauern, bis ein verlässlicher Vogelstammbaum vorliegt, denn bei jeder neuen Analyse mit mehr Taxa und neuen bzw. anderen DNA-Markern kommt es zu Veränderungen der Baumtopologie. Ob die von Prum et al. (2015) postulierte Position des Hoatzin an der Basis zur Klade mit Greifvögeln, Eulen, Papageien, Falken und Singvögeln Bestand haben wird, müssen weitere Arbeiten zeigen.

Literatur

- Hackett et al. 2008: A phylogenomic study of birds reveals their evolutionary history. *Science* 320, 1763–1768.
- Jarvis et al. 2014: Whole-genome analyses resolve early branches in the tree of life of modern birds. *Science* 346:1320–1331.
- Kraus RHS & Wink M 2015: Avian genomics – Fledging into the wild! *J. Ornithol.* 156: 851–865.
- Suh A, Smeds L & Ellegren H 2015: The dynamics of incomplete lineage sorting across the ancient adaptive radiation of neoavian birds. *PLoS Biol* 13(8): e1002224. doi:10.1371/journal.pbio.1002224.
- Thomas GH 2015: An avian explosion. *Nature*. Doi:10.1038/nature15638.
- Wink M 2015: Der erste phylogenomische Stammbaum der Vögel. *Vogelwarte* 53: 45–50.

Immer A, Martens J, Päckert M & Tietze DT (Heidelberg, Mainz, Dresden):

Einfluss des Klimas auf die Evolution von Laubsänger-Gesängen

✉ Dieter Thomas Tietze, IPMB, Universität Heidelberg, Im Neuenheimer Feld 364, D-69120 Heidelberg,
E-Mail: tietze@uni-heidelberg.de.

Singvögel nutzen komplexe Laute, um zu kommunizieren, vor allem in der Brutzeit zur Verteidigung ihrer Reviere und zum Anlocken von Weibchen. Viele Parameter sind an der Übertragung von Informationen durch Gesang beteiligt. Neben morphologischen und physiologischen Einschränkungen, die auf die Vögel einwirken, spielen Umweltbedingungen eine große Rolle. Tietze et al. (2015) korrelierten Gesangsmerkmale von 80 Laubsänger-Taxa mit 15 potenziell erklärenden Variablen. Maße der Breiten- und Längenausdehnung des Brutgebiets stellten sich als die Variablen mit den meisten Korrelationen mit Gesangsmerkmalen heraus. Wir vermuteten, dass klimatische Unterschiede zwischen den Brutgebieten für diese Ergebnisse verantwortlich sind, da klimatische Bedingungen den Lebensraum und die Umwelt von Vögeln direkt beeinflussen. Wir erwarteten, dass einzelne Syntax- oder Frequenzmerk-

male das Ergebnis eines Kompromisses darstellen, sich mit (extremer) Temperatur und/oder Niederschlag zu arrangieren und dennoch attraktive Gesänge zu produzieren. Wir extrahierten mehrere Temperatur- und Niederschlagswerte von bedacht ausgewählten Fundpunkten. Um die 80 Taxa unabhängig von ihrer Verwandtschaft vergleichen zu können, rekonstruierten wir einen datierten Mehrgenstammbaum, der in die statistischen Modelle mit einging.

JM dankt Feldbausch-Stiftung und Wagner-Stiftung am Fachbereich Biologie der Universität Mainz für finanzielle Unterstützung.

Literatur

Tietze DT, Martens J, Fischer BS, Sun Y-H, Klusmann-Kolb A & Päckert M 2015: Evolution of leaf warbler songs (Aves: Phylloscopidae). *Ecol. Evol.* 5: 781-798.

Krueger S & Töpfer T (Bonn):

Die Evolution des Wasseraufnahmevermögens von Flughuhn-Federn

✉ Sandra Krueger, SK: Zoologisches Forschungsmuseum A. Koenig, Sektion Ornithologie, Adenauerallee 160, D-53113 Bonn, E-Mail: sa-krueger@gmx.de

Flughühner nisten als gut getarnte Bodenbrüter in ausgesprochen trockenen Habitaten, häufig in großer Entfernung von Wasserquellen. Die Jungvögel sind bis zum Erreichen der Flugfähigkeit auf die Wasserversorgung durch die Eltern angewiesen. Um ihre Jungen zu tränken, fliegen die Altvögel täglich weite Strecken zu Wasserstellen, benetzen dort ihre Brust- und Bauchfedern und transportieren das im Gefieder gespeicherte Wasser zum Nest, wo es von den Jungen aufgenommen wird. Das Wasser wird von spezialisierten Brust- und Bauchfedern aufgenommen, wobei es nach bisherigem Kenntnisstand sowohl interspezifische als auch geschlechtsspezifische Unterschiede gibt.

Obwohl die Fähigkeit des Wassertransportes bei Flughühnern schon seit dem Ende des 19. Jahrhunderts bekannt ist, gibt es bis heute keine fundierte stammesgeschichtliche Hypothese zur Entstehung dieser einzigartigen Lebensweise. Dieser Beitrag stellt erste Ergebnisse von makro- und mikroskopischen Strukturvergleichen der spezialisierten Brustfedern aller 16 Flughuhn-Arten vor. Diese werden mit morphometrischen Daten abgeglichen sowie mit der Lebensweise der Flughuhn-Arten in Beziehung gesetzt, um eine umfassende phylogenetische Hypothese zur Entstehung des Wasseraufnahmevermögens des Flughuhn-Gefieders vor deren ökologischem Hintergrund zu entwickeln.

Wink M, Wang E, Bastian A, Bastian HV, Carneiro C & van Wijk R (Heidelberg, Kerzenheim, Sempach/Schweiz):

Phylogeographische Differenzierung von Bienenfresser und Wiedehopf in Europa

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

Einige Vogelarten, die im Mittelmeergebiet weit verbreitet sind, haben sich in den letzten Jahrzehnten in Mitteleuropa ausgebreitet. Dazu zählen Bienenfresser *Merops apiaster* und Wiedehopf *Upupa epops*, die zunehmend die klimatisch günstigeren Areale Mitteleuropas besiedeln. Wir sind der Frage nachgegangen, ob man mit genetischen Markern herausfinden kann, woher diese Neusiedler stammen.

Dazu wurden Feder-, Abstrich- und Blutproben von Bienenfressern und Wiedehopfen in mehreren Gebieten Deutschlands und anderen europäischen Ländern gesammelt. Nach Isolation der DNA wurden zwei mitochondriale Markergene (cytb, COI) amplifiziert und sequenziert. Zusätzlich wurden beim Wiedehopf Mikrosatelliten-Analysen durchgeführt, um mit einem Kernmarker, die Ergebnisse der mtDNA zu überprüfen.

Die mtDNA-Analyse des Wiedehopfes zeigt bei über 200 Individuen aus elf unterschiedlichen Populationen eine geringe, aber dennoch erkennbare Haplotypen-diversität auf. Mindestens sechs Haplotypengruppen sind identifizierbar, die sich aber nicht geographisch verteilen. D. h. in den meisten Populationen treten Individuen mit unterschiedlichen Haplotypen auf. Eine erste Mikrosatelliten-Untersuchung mit neun STR-Loci kommt zu einem ähnlichen Ergebnis. Daher nehmen wir an, dass in den aktuellen Wiedehopfpopulationen eine deutliche Panmixie vorliegt und es daher mit diesen Markern nicht möglich ist, den Ursprung der Wiedehopfe zu ermitteln.

Für den Bienenfresser haben wir Proben von drei deutschen Populationen (Rheinland-Pfalz, Baden, Sachsen-Anhalt) mit denen aus Spanien, der Slowakei, der Türkei und Armenien verglichen. Die Analyse des mitochondrialen Cytochrom b-Gens belegt die Existenz von mindestens drei Haplotypengruppen, die aber ähn-

lich wie beim Wiedehopf nicht geographisch zuzuordnen sind. Wir nehmen daher auch für den Bienenfresser eine ausgeprägte Panmixie an.

Wenn man die aktuelle Verbreitung der thermophilen Vogelarten in Europa betrachtet, muss bedacht werden, dass große Teile Eurasiens noch vor 15.000 Jahren von einer dicken Eisschicht bedeckt waren und die nicht-eisbedeckten Areale ausgedehnte Steppentundren aufwiesen. Dies waren sicher keine Lebensräume für Wiedehopf und Bienenfresser, die eher als tropische Arten einzuschätzen sind. Daraus kann man schließen, dass die thermophilen Arten damals vermutlich eher in den wärmeren Teilen Afrikas und Asiens siedelten oder in einigen Refugialräumen des Mittelmeergebietes überlebten. Dort kam es vermutlich bereits zu einer Vermischung der genetischen Linien, die in früheren Warmzeiten entstanden waren (Wink 2013). In der Nordhemisphäre erfolgte in den letzten zwei Millionen Jahren ein regelmäßiger Wechsel von Warm- und Eiszeiten etwa alle 100.000 Jahre. Dies führte wahrscheinlich zu einer steten Vermischung der Entwicklungslinien in den Kaltzeiten und einer allopatrischen Diversifizierung und Arealausbreitung in den jeweiligen Warmzeiten. Daher ist es nicht verwunderlich, dass die genetische Variabilität und Biodiversität vieler Vogelarten in der Nordhemisphäre im Vergleich zu den Tropen oder auf ozeanischen Inseln sehr gering ist (Wink 2015).

Literatur

- Wink M 2013: Out of Africa- Evolution des Vogelzugs. Falke 60: 26-30.
 Wink M 2015: Ozeanische Inseln als Hotspots der Evolution: DNA-Untersuchungen zur Speziation der Vögel auf den Makaronesischen Inseln. Sitzungsberichte der Gesellschaft Naturforschender Freunde zu Berlin 51: 5-26.

• Poster

Braun MP & Wink M (Heidelberg):

Der molekulare Stammbaum der Edelsittiche (Aves: Psittaciformes: Psittacidae: Psittacula)

✉ Michael P. Braun, Universität Heidelberg, Institut für Pharmazie und Molekulare Biotechnologie (IPMB),
Abt. Biologie, Im Neuenheimer Feld 364, D-69120 Heidelberg, E-Mail: psittaciden@yahoo.de

Die überwiegend südasiatischen Edelsittiche *Psittacula* galten bislang als sehr homogene Gruppe innerhalb der Papageien. Morphologisch ähneln sie sich durch den meist roten Schnabel, den langen Schwanz, die schlanke Gestalt und das mehr oder weniger vollständige schwarze Halsband der Männchen. Innerhalb der Gattung gibt es mehrere Gruppen, welche sich morphologisch stark ähneln.

Die Gattung *Psittacula* lässt sich anhand von morphologischen Kriterien wie z. B. dem Färbungsmuster des Kopfbereichs oder dem Vorhandensein eines roten

Schulterflecks in Untergruppen gliedern. Zusätzlich wurden die beiden kurzschwänzigen Papageien-Gattungen *Psittinus* und *Tanygnathus* in die phylogenetische Analyse von zwei Markergenen (mitochondriales cytb und Kerngen RAG1) mit einbezogen. Diese beiden Gattungen kommen in angrenzenden Bioregionen vor und zeigen die typische Merkmalskombination von *Psittacula* nicht.

Die phylogenetische Analyse ergab eine Überraschung: Der Rosenbrustbartsittich *P. alexandri* ist mit *Psittinus* und *Tanygnathus* näher verwandt als mit den meisten anderen *Psittacula*-Arten. Die paraphyletische

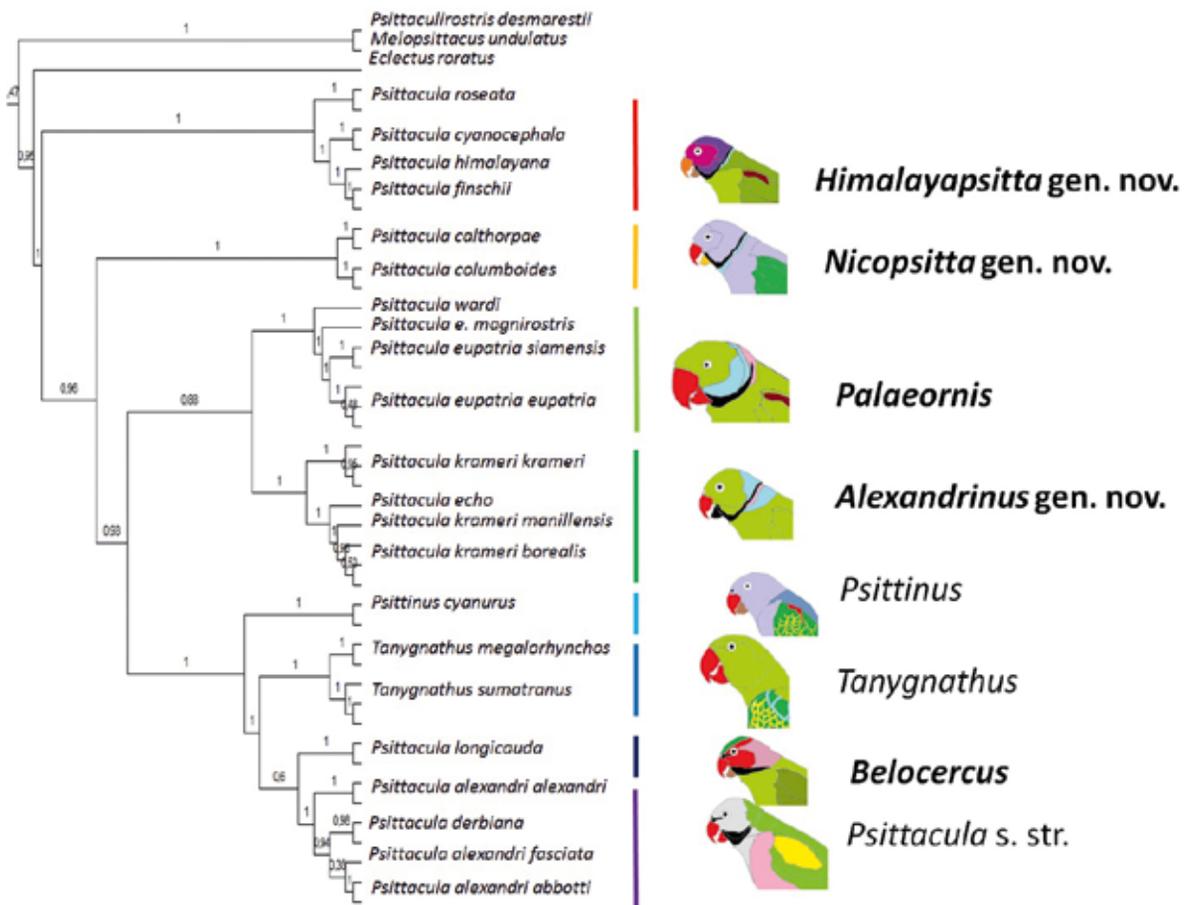


Abb. 1: Phylogramm der Verwandtschaft innerhalb der Gattung *Psittacula* sensu lato (*Psittacula*, *Tanygnathus*, *Psittinus*) mit kombiniertem Datensatz (cytb, RAG1). Bayesianische Analyse, maximum clade credibility tree, HKY model. Posterior probabilities sind als Werte dargestellt.

Gattung *Psittacula* wurde nach streng monophyletischen Regeln in Gruppen aufgetrennt, welche jeweils auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückgehen. Die Gattung *Psittacula* im engeren Sinne besteht nur noch aus den Arten *Psittacula alexandri*, *P. derbiana* und *P. caniceps*. Auf Basis von monophyletischen Gruppen und taxonomischen Kriterien werden zwei alte Gattungsnamen wieder verwendet und drei Gattungen neu benannt.

Die alte Gattung *Belocercus* (Müller & Schlegel 1839) wird wieder für *P. longicauda* gültig, *Palaeornis* (Vigors 1825) für *P. eupatria* und *P. wardi*. Außerdem werden drei Gattungen neu benannt mit den zugehörigen Taxa in Klammern: *Himalayapsitta* gen. nov. (*P. roseata*, *P. cyanocephala*, *P. himalayana*, *P. finschii*), *Nicopsitta* gen. nov. (*P. columboides*, *P. calthorpa*), und *Alexandrinus* gen. nov. (*P. krameri*, *P. echo*, *P. exsul*). Auf Artebene wird eine Spaltung des paraphyletischen Halsband-

sittichs in zwei Arten vorgeschlagen, er integriert phylogenetisch den Echosittich (*P. echo*), die asiatische Gruppe *Alexandrinus* gen. nov. *manillensis* wird von der afrikanischen Gruppe *Alexandrinus* gen. nov. *krameri* getrennt. Beim paraphyletischen Rosenbrustsittich (*Psittacula alexandri*), er integriert phylogenetisch den Chinasittich (*P. derbiana*), wird eine Spaltung in drei Arten vorgeschlagen: *P. alexandri*, *P. fasciata* und *P. abbotti*.

Literatur

Braun MP 2014: Parrots (Aves: Psittaciformes): Evolutionary history, phylogeography, and breeding biology. Faculty of Natural Sciences and Mathematics. Heidelberg University. Dissertation: 145 S.

Müller & Schlegel 1839: Belocercus. Verhandelingen over de Natuurlijke Geschiedenis der Nederlandsche Overzeesche Bezittingen (Land en Volk) 107 & 471.

Vigors 1825: Palaeornis. Zoological Journal II(5), Ap.: 46.

Schirmer S, Becker J & von Rönn JAC (Greifswald, Frankfurt/Oder, Sempach/Schweiz):

Überlebensraten von Nachtigallen, Sprossern und ihren Hybriden in Sympatrie

✉ Saskia Schirmer, E-Mail: accru@gmx.de

Hybridzonen zwischen nahe verwandten Arten ermöglichen als natürliches Experiment die Untersuchung von Artbildungsprozessen im Freiland. Präzygotische Barrieren gegen Genfluss wie Arterkennungsmechanismen und Partnerwahlverhalten sind bei Vögeln im Vergleich zu postzygotischen Barrieren wie Hybridsterilität und reduzierte Lebensfähigkeit gut untersucht (Price 2008). Postzygotische Barrieren sollten vor allem das heterogametische Geschlecht, bei Vögeln also die Weibchen, betreffen (Haldane 1922).

Nachtigallen und Sprosser sind nur unvollständig durch präzygotische Isolation getrennt und eignen sich daher zur Untersuchung von postzygotischen Isolationsmechanismen. Die Brutgebiete der beiden Arten überlappen sich in Mittel- und Osteuropa in einer Hybridzone, in der gemischte Paare vorkommen und lebensfähige Nachkommen produzieren.

Das Untersuchungsgebiet in Frankfurt/Oder liegt in der Hybridzone und einer von uns (JB) sammelte zwischen 1973 und 2005 morphologische und brutbiologische Daten von den dort sympatrisch vorkommenden Sprossern *Luscinia luscinia*, Nachtigallen *Luscinia megarhynchos* und ihren Hybriden. Zum Vergleich der „Lebensfähigkeit“ der Elternarten und Hybriden schätzten wir geschlechts- und altersklassenspezifische lokale Überlebensraten auf Basis von Fang-Wiederfang-Daten von zwischen 1989 und 2005 beringten Individuen.

Die lokalen Überlebensraten der adulten Sprosser und

Nachtigallen beiderlei Geschlechts unterschieden sich kaum, die Überlebensrate der adulten männlichen Hybriden lag eher über jener der Elternarten. Die lokalen Überlebensraten für das erste Jahr sind - vermutlich durch die geringen Ansiedlungswahrscheinlichkeiten - niedrig und unterscheiden sich kaum zwischen den Elternarten und Hybriden. Weibliche Hybriden wurden in der gesamten Untersuchung nicht beobachtet. Es ist unklar, in welchem Ausmaß dies ein Effekt 1) der gemischten Verpaarung auf das Geschlechterverhältnis der Jungen im Nest, 2) äußerst geringer Überlebensraten weiblicher Hybride und/oder 3) weiblicher Hybridsterilität in Kombination mit der Fangmethodik entsprechend sehr geringer Fangwahrscheinlichkeit nicht reproduktiver Weibchen ist.

Gemäß der Regel von Haldane wirken postzygotische Isolationsmechanismen anscheinend besonders auf die Hybrid-Weibchen. Die Überlebensraten hybrider Männchen lassen jedoch vorerst keine Fitnessnachteile erkennen. Eine weitere Untersuchung dieser Form von postzygotischer Barrierebildung verspricht Einblicke in die Komplexität von Speziationsprozessen in Hybridzonen.

Literatur

Haldane JBS (1922): Sex ratio and unisexual sterility in animal hybrids. J. Gen. 12: 101-109.

Price T (2008): Speciation in birds. Roberts, Greenwood Village, CO.

Barabanov M & Töpfer T (Bonn):

Schnabelborsten bei Vögeln

✉ Mikhail Barabanov, Zoologisches Forschungsmuseum A. Koenig, Adenauerallee 160, D-53113 Bonn,
E-Mail: m.barabanov@zfmk.de

Unter der Vielzahl spezialisierter Vogelfedern kommt den Schnabelborsten eine besondere Rolle zu. Es handelt sich dabei um modifizierte, haarähnliche Federn mit stark reduzierten oder nicht vorhandenen Fahnen, die im Schnabelbereich von über 30 Vogelfamilien vorkommen. Die jeweiligen morphologischen Charakteristika variieren dabei teilweise recht stark. So finden sich sowohl zwischen als auch innerhalb einzelner Vogelfamilien nicht nur große Unterschiede in der Anzahl und Positionierung der Schnabelborsten, sondern auch stark unterschiedliche Längen und Steifigkeiten einzelner Borsten bis hin zu verschiedenen Formen von Fiederungen. Schnabelborsten sind offenbar in vielen Vogelfamilien konvergent entstanden, haben aber trotz

ihrer grundsätzlich unterstellten sensorischen Bedeutung nicht automatisch dieselbe Funktion.

Das Ziel des laufenden Projektes ist, das Vorkommen von Schnabelborsten in den unterschiedlichen Vogelgruppen stammesgeschichtlich und ökologisch zu interpretieren. Mit Hilfe von Messungen sowie licht- und elektronenmikroskopischer Methoden beschreiben wir die Feinstruktur von Schnabelborsten und analysieren ihr jeweiliges Vorkommen in ausgewählten Vogelfamilien. Besonderes Augenmerk legen wir dabei auf die Form und die Ausdehnung der ventralen Federschaft-Rinnen. Mit diesem Beitrag präsentierten wir erste Einblicke in die strukturelle Vielfalt dieser spezialisierten Vogelfedern.

Tietze DT, Koch RA & Wink M (Heidelberg):

Stammbaum deutscher Vogelarten

✉ Dieter Thomas Tietze, IPMB, Universität Heidelberg, Im Neuenheimer Feld 364, D-69120 Heidelberg,
E-Mail: tietze@uni-heidelberg.de

Die phylogenetischen Verwandtschaftsverhältnisse von Vogelarten zu kennen, ist auch für ökologische Studien (z. B. Price et al. 2014; Hanzelka & Reif 2015) von fundamentaler Bedeutung. Trotz des erheblichen Wissenszuwachses in der Phylogenetik sind wir noch weit davon entfernt, jede der ca. 11.000 Vogelarten exakt auf dem Baum des Lebens platzieren zu können.

Hackett et al. (2008) haben schon vor sieben Jahren wenigstens für die Großgruppen Verwandtschaftsbeziehungen basierend auf Tausenden Nukleotiden von 19 Kernmarkern rekonstruiert, die weitgehend anerkannt wurden. Jetz et al. (2012) stellten die weltweite Vielfalt der Vögel in Raum und Zeit dar und postulierten dazu Verwandtschaftsverhältnisse zwischen allen 9993 von ihnen anerkannten Arten. Dazu fügten sie die Arten basierend auf vorhandenen Sequenzdaten (für 6663 aus der Genbank abgerufen) und traditioneller taxonomischer Stellung in einen Rückgratstammbaum ein. Diese erste und methodisch riskante Annäherung an die tatsächliche Phylogenie aller Vogelarten wurde nicht nur von Molekularsystematikern kritisiert.

Die offizielle „Artenliste der Vögel Deutschlands“ ist bereits über zehn Jahre alt (Barthel & Helbig 2005). Sie diente als Grundlage für die Systematik, Taxono-

mie und avifaunistische Information in vielen weiteren Publikationen, nicht zuletzt für die Neuauflage des Kompendiums der Vögel Mitteleuropas. Nach einem weiteren Jahrzehnt intensiver molekularsystematischer Forschung, die nicht nur Verwandtschaftsverhältnisse neu bewertet, sondern auch Artaufspaltungen („splits“) und -zusammenführungen („lumps“) zur Folge hatte, bedarf die Liste heimischer Vogelarten einer Revision, damit Gliederung und Benennung der Arten dem aktuellen Kenntnisstand ihrer Verwandtschaft entsprechen.

Daher präsentierten wir einen neuen Stammbaum der deutschen Vögel (Abb. 1), für dessen Rückgrat wir den phylogenomischen Stammbaum der Vögel von Jarvis et al. (2014) verwendet haben. Als Datengrundlage für unsere Analysen dienten Genbanksequenzen von 13 Markergenen für die 566 Arten der Referenzliste deutscher Vogelarten (nach ornitho.de). Diese Sequenzen führten wir zu einem ca. 15.000 Basenpaare langen Multigen-Alignment zusammen und erstellten mithilfe neuester Stammbaumrekonstruktionsverfahren eine datierte Phylogenie für die heimische Vogelwelt.

Einige zumeist junge Verzweigungen weisen trotz der beträchtlichen Gesamtdatenmenge schlechte statistische Absicherungswerte auf. Dies lässt sich in einigen Fällen

durch eine geringe Anzahl an Sequenzen für die beteiligten Arten (z. B. „Schafstelzen“ mit durchschnittlich 2,5 Einzelsequenzen pro Art) oder die geringen genetischen Abstände zwischen den Arten aufgrund sehr junger Aufspaltungen (z. B. Silbermöwen-Komplex) begründen; in anderen Fällen bleibt die Ursache unklar. Zur Auflösung solcher Kladen benötigt man also mehr Sequenzen und/oder längere Laufzeiten des Programms zur Baumerstellung.

Allerdings sind auch einige Kladen zu finden, deren Verzweigungen trotz relativ geringer Sequenzmenge vollständig aufgelöst sind (z. B. Grasmücken mit durchschnittlich 4,7 Sequenzen pro Art).

Interessante Ergebnisse finden sich dort, wo – unterstützt durch große Datenmengen – voll aufgelöste Kladen erscheinen, die nicht den aktuellen Publikationen entsprechen (z. B. Meisen mit durchschnittlich 8,2 Sequenzen pro Art; im Kontrast zu Tietze & Borthakur 2012).

Fazit: Im Großen und Ganzen entsprechen die Kladen des Baums – sofern vollständig aufgelöst – aktuellen Phylogeniehypothesen. Vor allem auf Ordnungs- und Familienebene werden nicht nur die erzwungenen Kladen durch die Daten unterstützt, was die Plausibilität sowohl der hier vorliegenden als auch der für das Rückgrat benutzten Forschungsergebnisse erhöht. Trotz geringer Absicherungswerte für einige Verzweigungen eignet sich der vorliegende Stammbaum als Grundlage für die Revision der offiziellen Liste deutscher Vögel,

bietet für ökologische Fragestellungen die geforderte phylogenetische Korrektur und eröffnet die Möglichkeit für weitere phylogenetisch untermauerte Untersuchungen der mitteleuropäischen Vogelwelt.

Literatur

- Barthel PH & Helbig AJ 2005: Artenliste der Vögel Deutschlands. *Limicola* 19: 89-111.
- Hackett SJ, Kimball RT, Reddy S, Bowie RCK, Braun EL, Braun MJ, Chojnowski JL, Cox WA, Han K-L, Harshman J, Huddleston CJ, Marks BD, Miglia KJ, Moore WS, Sheldon FH, Steadman DW, Witt CC & Yuri T 2008: A phylogenomic study of birds reveals their evolutionary history. *Science* 320: 1763-1768.
- Hanzelka J & Reif J 2015: Responses to the black locust (*Robinia pseudoacacia*) invasion differ between habitat specialists and generalists in central European forest birds. *J. Ornithol.* 156: 1015-1024.
- Jarvis ED et al. 2014: Whole-genome analyses resolve early branches in the tree of life of modern birds. *Science* 346: 1320-1331.
- Jetz W, Thomas GH, Joy JB, Hartmann K & Mooers AO 2012: The global diversity of birds in space and time. *Nature* 491: 444-448.
- Price TD, Hooper DM, Buchanan CD, Johansson US, Tietze DT, Alström P, Olsson U, Ghosh-Harihar M, Ishtiaq F, Gupta SK, Martens J, Harr B, Singh P & Mohan D 2014: Niche filling slows the diversification of Himalayan songbirds. *Nature* 509: 222-225.
- Tietze DT & Borthakur U 2012: Historical biogeography of tits (Aves: Paridae, Remizidae). *Org. Divers. Evol.* 12: 433-444.

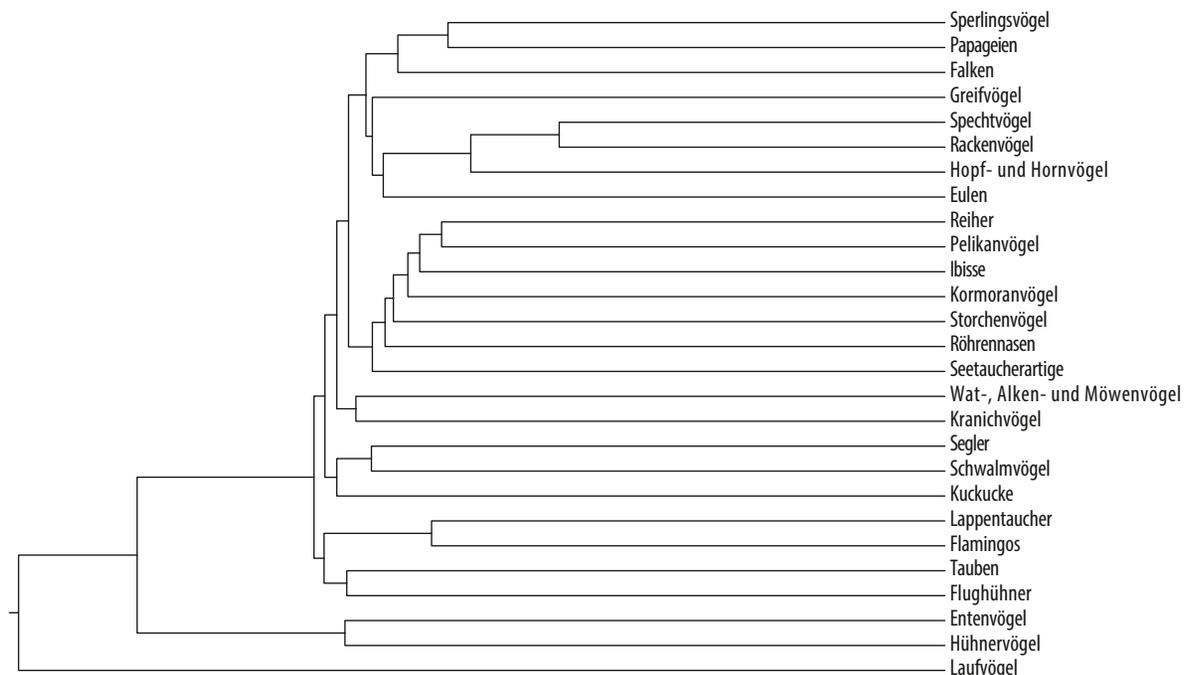


Abb. 1: Stammbaum deutscher Vögel auf Ordnungsebene.

Wasiljew B & Töpfer T (Bonn):

Diversifikation und Adaptation der Eisevögel (Alcedinidae)

✉ Benjamin Wasiljew, Zoologisches Forschungsmuseum A. Koenig, Adenauerallee 160, D-53115 Bonn,
E-Mail: b.wasiljew@zfmk.de

Die Eisevögel bilden mit ihren etwa 90 Arten und durch ihre weltweite Verbreitung eine in vielerlei Hinsicht aufschlussreiche Vogelfamilie, um verschiedene ökologische und evolutionäre Diversifizierungsprozesse einer Abstammungsgemeinschaft zu untersuchen. Die einzelnen Eisevogel-Arten verkörpern innerhalb bestimmter Grenzen verschiedene Anpassungsstrategien; so enthält die Familie neben ausgesprochenen Nahrungs- und Lebensraum-Spezialisten ebenso Vertreter eher generalistischer Lebensweisen. Dementsprechend lassen sich die Arten auf unterschiedlichen Ebenen gruppieren, ohne dass die Mitglieder dieser Gruppen zwangsläufig näher miteinander verwandt sein müssen.

Das Ziel unserer laufenden Studie ist es, vor dem Hintergrund molekulargenetischer und biogeographischer Daten phylogenetisch relevante Aussagen zu treffen, die das Auftreten bestimmter Körperbautypen und Ernährungsweisen sowie das Vorkommen einzelner Arten in bestimmten Lebensräumen erklären. Dabei hat sich gezeigt, dass der Ernährung in damit insbesondere der Schnabelform und -dimensionierung besonderer Erklärungswert zukommt. Mit diesem Beitrag stellen wir erste Erkenntnisse über ökologisch-körperbauliche Gruppierungen bei Eisevögeln vor und diskutierten mögliche Erklärungsansätze.

Bunzel-Drüke M, Neuhäuser M & Zimball O (Soest, Remagen, Soest):

Was beeinflusst die Schnabellänge des Eisevogels *Alcedo atthis*?

✉ Margret Bunzel-Drüke, Mester-Godert-Weg 8, D-59494 Soest, E-Mail: bunzel.drueke@gmx.de

Bei *Alcedo atthis ispida* ist bekannt, dass die Schnabellänge relativ stark variiert und dass sie bei adulten Vögeln im Lauf der Fortpflanzungszeit abnimmt. Als Ursache wird der Bruthöhlenbau vermutet (Guenat in Bezzel 1980).

Seit 1976 führen wir eine Populationsstudie am Eisevogel durch. Das Untersuchungsgebiet umfasst im Norden ca. 650 km² in der Westfälischen Bucht und im Süden 450 km² im Sauerland, getrennt durch den Haarstrang ohne ständig fließende Gewässer. Mit Gewässerhöhen von 60 bis 100 m ü. NN gilt die Westfälische Bucht als Flachland, das Sauerland (130 bis 500 m ü. NN) als Mittelgebirge.

Bei allen gefangenen Eisevögeln werden biometrische Daten genommen. Die Schnabellänge messen wir als „Nalospī“-Maß, das vom distalen Ende des Nasenlochs bis zur Schnabelspitze reicht. Für die Auswertung standen 498 Maße von selbstständigen diesjährigen Eisevögeln zur Verfügung, 2637 Maße von vorjährigen und 1083 Maße von älteren Tieren, außerdem 14.250 Maße von Nestlingen.

Das Nalospī-Maß wurde in einer Varianzanalyse mit den Faktoren Geschlecht, Landschaftsteil (Flachland bzw. Mittelgebirge) und Monat (kategorisiert wegen der Nicht-Linearität) untersucht. Für die Nestlinge wurde eine Kovarianzanalyse durchgeführt, in die das Alter

als „Tage bis zum Ausfliegen“ als Kovariable einging. Da für viele Nestlinge das Geschlecht nicht bestimmt werden konnte, wurde der Faktor Geschlecht in der Kovarianzanalyse nicht berücksichtigt. In den Varianz- und Kovarianzanalysen wurden adjustierte Mittelwerte (LS-Means) berechnet.

Die Schnäbel der Männchen sind länger als die der Weibchen. Der Unterschied ist signifikant ($p < 0,0001$) und beträgt im Durchschnitt 0,398 mm (Differenz der LS-Means). Auch der Einfluss des Monats auf die Schnabellänge ist signifikant ($p < 0,0001$).

Das stetige Schnabelwachstum der Nestlinge setzt sich nach dem Ausfliegen fort und erreicht vor dem Beginn der Brutzeit ein Plateau. Im Laufe der Brutzeit sinkt der Nalospī-Mittelwert bis zu einem Minimum im Juli/August – und zwar in den beiden Landschaftsräumen unterschiedlich stark. Dieser Unterschied ist signifikant ($p < 0,0001$). Im Durchschnitt sind die Schnäbel im Flachland 0,684 mm (Differenz der LS-Means) länger.

Bei den Nestlingen gibt es jedoch keinen signifikanten Unterschied zwischen den Landschaftsteilen ($p = 0,1368$), trotz der großen Fallzahl von $n = 14.250$. Die Differenz der LS-Means beträgt hier 0,034 mm.

Der Schnabel des Männchens ist im Mittel etwas länger als der des Weibchens (vgl. Roselaar 1985), gleichzeitig sind Männchen geringfügig kleiner als

Weibchen. Die „eisvogeltypische Gestalt“ mit großem Kopf, langem Schnabel und kleinem Körper ist also bei Männchen noch stärker ausgeprägt als bei Weibchen.

Der Eisvogelschnabel wächst offenbar lebenslang, wird aber im Jahreszyklus unterschiedlich stark abgenutzt. Infolgedessen sinkt die Nalospil-Länge vom Beginn bis zum Ende der Brutzeit und wächst danach wieder.

Die Abnutzung des Schnabels erfolgt beim Eisvogel vor allem durch

- Berührung der Gewässersohle beim Fischfang
- Totschlagen der Beute auf einer harten Unterlage
- Bau von Bruthöhlen

Bruthöhlen werden vor allem zum Anfang der Saison gebaut. Mit dem Schlüpfen der Jungvögel ab Mitte/Ende April müssen die Altvögel mehr Beute fangen und bearbeiten. Für viele Paare endet im Juli die Brutzeit mit dem Ausfliegen der Jungvögel der zweiten Brut. Da die Schnabellänge der Altvögel die ganze Saison hindurch abnimmt, spielt bei der Abnutzung nicht nur der Höhlenbau, sondern auch das erhöhte Ausmaß des Fischens eine Rolle.

Die Unterschiede der Schnabellängen zwischen Sauerland und Flachland beruhen wahrscheinlich auf unterschiedlicher Beanspruchung des Schnabels. Bruthöhlenbau dürfte in beiden Teilgebieten ähnlich aufwändig sein. Nutzbare alte Höhlen kommen im Sauerland und im Flachland in ähnlicher Menge vor, ebenso weiche und harte Böden in Steilwänden.

Der Umfang des Fischfangs ist in beiden Landschaftsräumen ähnlich. Gewässer im Sauerland weisen jedoch

überwiegend Kiesgrund auf und sind flacher als solche in der Westfälischen Bucht. Ein im Mittelgebirge häufig gefressener Fisch ist die Groppe *Cottus rhenanus*. Beim Ergreifen dieses Bodenfisches ist eine Bodenberührung der Schnabelspitzen fast unvermeidbar, was zu einer stärkeren Abnutzung führt. Die Schnabellänge des Eisvogels wird also beeinflusst durch Alter, Geschlecht, Jahreszeit (bzw. Häufigkeit des Fischens und Höhlenbau) und Habitat.

Dank für Hilfe bei der Feldarbeit und der Dateneingabe an Michael Basse, Christoph Böhmer, Harald Bottin, Josef Brackelmann, Martina Burkhard, Anthony Crease, Kristian Dillenburger, Joachim Drücke, Martin Gellermann, Erich Hennecke, Ernst Hochstein, Manfred Hölker, Peter Hoffmann, Thomas Jaspert, Ralf Joest, Andreas Kämpfer-Lauenstein, Hermann Knüwer, Bernhard Koch, Heinrich König, Gerd Köpke, Gerd Lakmann, Michael Landwehr, Wolf Lederer, Michael Leismann, Alfons Nagel, Erich Neuß, Martina Rheder, Uwe Römer, Katharina Schmidt-Loske, Sören Schweineberg, Reinhard Utzel und Uwe Vogt.

Literatur

- Bezzel E 1980: *Alcedo atthis* Linnaeus 1758 – Eisvogel. In: Glutz von Blotzheim UN (Hrsg): Handbuch der Vögel Mitteleuropas, Band 9: Columbiformes – Piciformes: 735-774. Akademische Verlagsgesellschaft, Wiesbaden.
- Roselaar CS 1985: *Alcedo atthis* Kingfisher. In: Cramp S (Hrsg): Handbook of the Birds of Europe, the Middle East and North Africa, Vol. IV: Terns to Woodpeckers: 711-723. Oxford University Press, Oxford.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

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

Jahr/Year: 2015

Band/Volume: [53_2015](#)

Autor(en)/Author(s): diverse

Artikel/Article: [Themenbereich: "Evolution und Phylogenie" 445-453](#)