

Spannendes im "Journal of Ornithology"

Vogel-Transkriptomik: Was uns eine neue Methode verraten kann

Dank des technologischen Fortschritts der letzten Jahrzehnte steht Wissenschaftlern heute eine Reihe verschiedener Methoden zur Verfügung, die ihnen dabei helfen können, die Funktion von Genen zu entschlüsseln. Diese auch als „Omik-Technologien“ bezeichneten Verfahren setzen auf verschiedenen Ebenen an (Übersicht z. B. in Karahalil 2016). Die Genomik analysiert das Erbgut (Genom), d. h. die gesamte DNA eines Organismus. Allerdings werden viele Gene gar nicht exprimiert, also nicht in Proteine übersetzt, die im Körper eine bestimmte Funktion ausüben. Daher wäre es effizienter, alle in der Zelle produzierten Proteine zu untersuchen (Proteomik), was technisch jedoch nicht einfach ist. Ein hilfreicher Ansatz ist die Transkriptomik, bei der das sogenannte Transkriptom analysiert wird, also die Gesamtheit aller RNA-Moleküle in einer Zelle (in einem als Transkription bezeichneten Prozess wird die DNA in RNA übersetzt, die dann wiederum als Vorlage für Proteine dient). Wegen der großen Anzahl nicht für Proteine codierender DNA macht das Transkriptom nur etwa 4 bis 5 % des Genoms aus. Ein weiterer Vorteil des Transkriptoms ist, dass die Genexpression zudem quantifiziert und zwischen verschiedenen Proben verglichen werden kann. Daher hilft eine Transkriptomanalyse dabei, die Funktionen bestimmter Gene zu untersuchen.

Allerdings ist das Transkriptom deutlich komplexer als das Genom, denn vom selben Genom lassen sich viele mögliche Transkriptome ableiten, je nachdem welche Gene zum Analysezeitpunkt wie stark abgelesen werden. Das Transkriptom unterscheidet sich also zwischen Zellen, Geweben und Entwicklungsstadien. Zudem gab es bis vor kurzem nur wenige Methoden zur Transkriptomanalyse, die überdies kostspielig und zeitaufwendig waren und eine gewisse Kenntnis der zu untersuchenden Gene voraussetzten. Daher waren sie auf wenige Vogelarten beschränkt, deren Genome bereits entschlüsselt waren, nämlich Arten von wirtschaftlicher Bedeutung (z. B. Haushuhn *Gallus gallus*) oder Modellarten (z. B. Zebrafink *Taeniopygia guttata*).

Im letzten Jahrzehnt sind jedoch neue Verfahren entwickelt worden, mit denen das Transkriptom auch ohne vorherige Kenntnis der Gene schnell und relativ kostengünstig analysiert werden kann. Eine mittlerweile weit verbreitete Methode ist RNA-Seq. Hierbei wird die aus den Zellen isolierte RNA in sogenannte cDNA übersetzt, deren Sequenz dann entschlüsselt und interpretiert wird. Existieren Referenzdatenbanken, kann die gewonnene Sequenz mit diesen verglichen werden.

Für einen Übersichtsartikel hat eine deutsche Forschergruppe über 80 veröffentlichte Studien zur Vogel-Transkriptomik zusammengefasst und anhand von Fallbeispielen gezeigt, was für Fragestellungen sich mit RNA-Seq untersuchen lassen (Jax et al. 2018). Eine Vielzahl von Forschungsfeldern kann von der Transkriptomik profitieren, z. B. Evolutions- und Entwicklungsbiologie, Vogelzug- und Infektionsforschung.

Im Bereich der Evolutionsbiologie haben Wissenschaftler mit Hilfe von Transkriptomanalysen Erkenntnisse über Prozesse wie Artbildung oder Anpassung gewonnen. Eine der frühesten RNA-Seq-Studien analysierte beispielsweise Expressionsprofile von Aaskrähe *Corvus (corone) corone* und Nebelkrähe *Corvus (corone) cornix* in der Hybridzone und fand Unterschiede in diesen Profilen, die auf eine beginnende Arttaufspaltung hindeuten (Wolf et al. 2010). Eine Transkriptom-Studie an Sakerfalken *Falco cherrug* zeigte, dass bei in größerer Höhe vorkommenden Populationen die Expression von Genen für den Sauerstofftransport im Blut hochreguliert war (Pan et al. 2017).

In der Entwicklungsbiologie kann ein Vergleich der Expressionsmuster in unterschiedlichen Entwicklungsstadien Hinweise auf die Funktion von Genen liefern. Eine Studie des Transkriptoms der Eierstöcke von Tauben, die Expressionsmuster vor und nach dem Eisprung verglich, zeigte beispielsweise eine verstärkte Expression von Immungenen nach dem Eisprung, was darauf hindeutet, dass die Immunantwort eine Rolle bei der Follikelrückbildung spielen könnte (Xu et al. 2016).

Auch der Vogelzug lässt sich mittels Transkriptomik untersuchen. Dies ist besonders interessant, da er mit vielfältigen Änderungen von Verhalten, Physiologie und Morphologie einhergeht, die wiederum mit Änderungen der Expressionsmuster bestimmter Gene zusammenhängen sollten. Eine Studie an Amseln *Turdus merula* ergab beispielsweise Unterschiede zwischen Stand- und Zugvögeln in der Expression von Genen, die u. a. mit der Mauser und einer gesteigerten Nahrungsaufnahme assoziiert waren (Franchini et al. 2017). Im Gehirn von Zwergdrosseln *Catharus ustulatus* fanden Johnston et al. (2016) Unterschiede in der Expression von 188 Genen zwischen Individuen mit unterschiedlichen Zugstrategien und folgerten, dass zugbedingte Veränderungen möglicherweise durch saisonale Plastizität im Gehirn reguliert werden.

Ein Vergleich der Expressionsprofile gesunder und kranker Tiere kann dabei helfen, der Ursache von Krankheiten auf den Grund zu gehen oder herauszufinden, was bestimmten Individuen oder Arten Im-

munität gegenüber einer Krankheit verleiht. Smith et al. (2015) konnten auf diese Weise eine Reihe von Genen identifizieren, die Enten weniger anfällig für Vogelgrippe macht als Hühner. Zudem ermöglicht RNA-Seq eine gleichzeitige Analyse von Wirts- und Pathogen-Transkriptomen. So zeigte sich, dass bei mit Vogelmalária infizierten Erlenzeisigen *Carduelis spinus* mehrere mit der Immun- und Stressantwort sowie der Zelltod-Regulation assoziierte Gene hochreguliert waren (Videvall et al. 2015) und die Parasiten ihre Genexpression offenbar an die individueller Wirte anpassten (Videvall et al. 2017).

Neben diesen und anderen interessanten Beispielen diskutieren die Autoren auch Probleme, die bei RNA-Seq auftreten können, z.B. den Umgang mit großen Datenmengen und die Interpretation der Ergebnisse (insbesondere wenn diese nicht unter kontrollierten Laborbedingungen gewonnen wurden, sondern in wildlebenden Populationen, in denen Genexpressionsmuster durch eine Vielzahl komplexer Umweltfaktoren beeinflusst werden können). Außerdem liefern sie eine praktische Anleitung zur Durchführung von RNA-Seq-Studien und erläutern mögliche zukünftige Entwicklungen auf dem Gebiet der Transkriptomik.

Franchini P, Irisarri I, Fudickar A, Schmidt A, Meyer A, Wikelski M & Partecke J 2017: Animal tracking meets migration genomics: transcriptomic analysis of a partially migratory bird species. *Mol. Ecol.* 26: 3204-3216.

Jax E, Wink M & Kraus RHS 2018: Avian transcriptomics: opportunities and challenges. *J. Ornithol.* doi 10.1007/s10336-018-1532-5.

Johnston RA, Paxton KL, Moore FR, Wayne RK & Smith TB 2016: Seasonal gene expression in a migratory songbird. *Mol. Ecol.* 25: 5680-5691.

Karahalil B 2016: Overview of systems biology and omics technologies. *Curr. Med. Chem.* 23:4221-4230.

Pan S et al. 2017: Population transcriptomes reveal synergistic responses of DNA polymorphism and RNA expression to extreme environments on the Qinghai-Tibetan Plateau in a predatory bird. *Mol. Ecol.* 26: 2993-3010.

Smith J, Smith N, Yu L, Paton IR et al. 2015: A comparative analysis of host responses to avian influenza infection in ducks and chickens highlights a role for the interferon-induced transmembrane proteins in viral resistance. *BMC Genomics* 16:574.

Videvall E, Cornwallis CK, Palinauskas V, Valkiūnas G & Hellgren O 2015: The avian transcriptome response to malaria infection. *Mol. Biol. Evol.* 32: 1255-1267.

Videvall E, Cornwallis CK, Ahrén D, Palinauskas V, Valkiūnas G & Hellgren O 2017: The transcriptome of the avian malaria parasite *Plasmodium ashfordi* displays host-specific gene expression. *Mol. Ecol.* 26: 2939-2958.

Wolf JB, Bayer T, Haubold B, Schilhabel M, Rosenstiel P & Tautz D 2010: Nucleotide divergence vs. gene expression differentiation: comparative transcriptome sequencing in natural isolates from the Carrion Crow and its hybrid zone with the Hooded Crow. *Mol. Ecol.* 19: 162-175.

Xu X et al. 2016: Transcriptomic analysis of different stages of pigeon ovaries by RNA-sequencing. *Mol. Reprod. Dev.* 83: 640-648.

Verena Dietrich-Bischoff

Kohlmeise: Variable Spermienmorphologie

Paart sich ein Vogelmannchen mit einem Weibchen, werden seine Spermien in speziellen Organen im Eileiter des Weibchens gespeichert, wo sie mehrere Wochen lebensfähig sind. Diese Spermien-speicherung entkoppelt Kopulation und Befruchtung und sorgt außerdem dafür, dass im Falle von Mehrfachverpaarungen die Spermien verschiedener Männchen um die Befruchtung der Eizellen konkurrieren. Dieses als Spermienkonkurrenz bezeichnete Phänomen ist bei Vögeln weit verbreitet (Übersicht z.B. in Birkhead 1998). Im Laufe der Evolution sind daher Anpassungen entstanden, die den Erfolg eines Männchens in der Spermienkonkurrenz erhöhen sollen. Dabei handelt es sich einerseits um Verhaltensweisen, wie beispielsweise die Bewachung des Weibchens nach der Paarung, was die Wahrscheinlichkeit einer Kopulation mit einem anderen Männchen verringern soll. Andererseits spielen auch die Menge der übertragenen Spermien (die von der Hodengröße abhängt) sowie deren Eigenschaften, wie ihre Lebensdauer und Schwimmgeschwindigkeit, eine Rolle. Je schneller die Spermien

zur Eizelle gelangen, desto höher ist die Wahrscheinlichkeit, dass sie diese erfolgreich befruchten. Die Schwimmgeschwindigkeit sollte wiederum von der Spermienmorphologie beeinflusst werden. So könnte beispielsweise die Größe des Spermienkopfes von Bedeutung sein, da sich diese auf den Widerstand beim Schwimmen auswirkt. Auch die Länge der als „Antrieb“ fungierenden Geißel, die Länge des Mittelstücks, das den „Motor“ beherbergt, oder die Gesamtlänge eines Spermiums sind möglicherweise wichtig. So ergab eine vergleichende Studie mehrerer Vogelarten in der Tat einen positiven Zusammenhang zwischen Spermienlänge und Schwimmgeschwindigkeit (Lüpold et al. 2009), doch innerhalb einer Art haben bisherige Studien widersprüchliche Ergebnisse geliefert (Übersicht z.B. in Simmons & Fitzpatrick 2012). Zudem stellt sich die Frage, weshalb es nach wie vor starke Variabilität in diesen Spermienparametern gibt, könnte man doch davon ausgehen, dass sexuelle Selektion ein optimales „Spermien-design“ begünstigen sollte. Daher ist interessant, die Spermienmorphologie näher zu

analysieren und nach Gründen für die Variabilität zu suchen.

Zwei Schweizer Forscher haben dies in einer Population der Kohlmeise *Parus major* in einem Wald in der Nähe von Bern getan (Losdat & Helfenstein 2018). Von insgesamt 75 Männchen, die eine Brut hatten, gewannen sie durch Massage der Kloake jeweils zwei Spermaproben. Die eine Probe wurde sofort analysiert, um die Schwimmleistung der Spermien zu ermitteln. Hierfür wurde sie zwei Minuten lang durch ein Mikroskop gefilmt und die Aufnahmen anschließend mit Hilfe einer speziellen Computersoftware ausgewertet. Die Forscher maßen die Schwimmggeschwindigkeit sowie den Anteil beweglicher Spermien in der Probe und beobachteten außerdem, wie schnell diese abnahmen, um Ausdauer bzw. Lebensdauer der Spermien abzuschätzen. Die andere Probe wurde in Formalin fixiert und zur späteren Messung verschiedener morphologischer Parameter verwendet. Für jedes Männchen wurden etwa zehn intakte Spermien unter dem Mikroskop bei hoher Vergrößerung fotografiert, ihre Gesamtlänge, die Länge des Kopfes, des Mittelstücks und der Geißel gemessen und die Längenverhältnisse dieser Parameter berechnet. Eine statistische Analyse zeigte einen geringen Messfehler, d. h. die Variabilität der Spermienmorphologie sollte dadurch nicht künstlich erhöht worden sein.

Es zeigte sich, dass die Spermien einzelner Männchen keineswegs alle eine ähnliche Morphologie, sondern starke Unterschiede aufwiesen. Auch die Spermienmorphologie verschiedener Männchen variierte recht deutlich. Die Forscher fanden eine Reihe von Zusammenhängen zwischen den untersuchten Parametern, doch waren diese nicht besonders stark. So schwammen die Spermien schneller, wenn sie ein langes Mittelstück besaßen. Die Beweglichkeit war bei insgesamt längeren Spermien höher, und auch die Kopflänge hatte einen positiven Einfluss. Diese Befunde deuten darauf hin, dass die Größe des „Motors“ die Schwimmggeschwindigkeit bestimmt und die Gesamtlänge der Spermien ihre Beweglichkeit. Die Abnahme von Schwimmggeschwindigkeit und Beweglichkeit im Laufe der zwei Minuten hing hingegen mit keinem der untersuchten morphologischen Merkmale zusammen. In der Gesamtstichprobe gab es positive Zusammenhänge zwischen allen drei gemessenen Längen (Kopf-Mittelstück, Kopf-Geißel und Mittelstück-Geißel), während bei einzelnen Männchen nur Mittelstück und Geißel positiv korreliert waren, nicht jedoch die anderen Parameter. Die Wissenschaftler schlossen daraus, dass es konkurrierende Selektionsdrücke gibt, die bei einzelnen Männchen die Variabilität in der Spermienmorphologie aufrechterhalten.

Hierzu liegen bereits Studien an anderen Vogelarten vor. So lieferte beispielsweise eine Untersuchung am

Haussperling *Passer domesticus* Hinweise, dass verschiedene Spermienparameter wie Schwimmggeschwindigkeit und Lebensdauer möglicherweise gegeneinander abgewogen werden müssen (Helfenstein et al. 2010). Bei dieser Vogelart hängt die Spermienmorphologie zudem offenbar mit dem sozialen Status des Männchens zusammen, was für Variabilität in diesem Merkmal sorgt (Rojas Mora et al. 2017). Die Autoren der vorliegenden Studie schlagen noch eine andere interessante Erklärung für die ausgeprägte Variabilität der Spermien innerhalb des Ejakulats vor: Männchen könnten „absichtlich“ variable Spermien produzieren, was dann den Befruchtungserfolg unter verschiedenen Bedingungen erhöhen könnte. Da sich auch bei Weibchen der Reproduktionstrakt individuell unterscheidet, könnten bei manchen Weibchen z. B. kürzere Spermien einen Vorteil haben, bei anderen jedoch längere. Andererseits hat eine Studie an Zebrafinken *Taeniopygia guttata* gerade gezeigt, dass die Spermien, welche die Eizelle tatsächlich erreichten, morphologisch weniger variabel waren als Spermien, denen das nicht gelang (Hemmings et al. 2016), was wiederum auf stabilisierende Selektion hindeutet. Insgesamt gibt es also noch viele spannende Fragen zu beantworten. Auch wäre interessant zu untersuchen, wie die bei den Kohlmeisen analysierten Parameter den Erfolg in der Spermienkonkurrenz beeinflussen, also ob Zusammenhänge mit dem Fortpflanzungserfolg bestehen. So wurde kürzlich ebenfalls bei Zebrafinken nachgewiesen, dass längere Spermien häufiger die Eizelle erreichen und diese dann befruchten als kürzere (Bennison et al. 2015).

- Bennison C, Hemmings N, Slate J & Birkhead T 2015: Long sperm fertilize more eggs in a bird. *Proc. R. Soc. B* 282: 20141897.
- Birkhead TR 1998: Sperm competition in birds. *Rev. Reprod.* 3: 123-129.
- Helfenstein F, Podelvin M & Richner H 2010: Sperm morphology, swimming velocity, and longevity in the House Sparrow *Passer domesticus*. *Behav. Ecol. Sociobiol.* 64: 557.
- Hemmings N, Bennison C & Birkhead TR 2016: Intra-ejaculate sperm selection in female Zebra Finches. *Biol. Lett.* 12.
- Losdat S & Helfenstein F 2018: Relationships between sperm morphological traits and sperm swimming performance in wild Great Tits (*Parus major*). *J. Ornithol.* doi 10.1007/s10336-018-1539-y.
- Lüpold S, Linz GM, Rivers JW, Westneat DF & Birkhead TR 2009: Sperm competition selects beyond relative testes size in birds. *Evolution* 63: 391-402.
- Rojas Mora A, Meniri M, Ciprietti S & Helfenstein F 2017: Social dominance explains within-ejaculate variation in sperm design in a passerine bird. *BMC Evol. Biol.* 17: 66.
- Simmons LW & Fitzpatrick JL 2012: Sperm wars and the evolution of male fertility. *Reproduction* 144: 519-534.

Verena Dietrich-Bischoff

Farbige Puderdunen bei Reiher

Die meisten Vögel fetten ihre Federn mit einem von der Bürzeldrüse produzierten öligen Sekret ein, was diese schützt und wasserabweisend macht. Bei einigen Gruppen, z. B. bei Tauben, Papageien, Reiher und Eulenschwalmen, ist diese Drüse allerdings stark reduziert oder fehlt gänzlich. Stattdessen finden sich hier Puderdunen, spezialisierte, von den Konturfedern verdeckte Federn, die zu einem feinen Keratinpuder zerfallen, der dann im Gefieder verteilt wird (Übersicht in Delhey et al. 2007). Allgemein wird angenommen, dass der Federpuder eine ähnliche Funktion wie das Bürzeldrüsensekret erfüllt, aber er kann offenbar auch dazu dienen, die Farbe der Konturfedern zu verändern. Der Puder ist in der Regel farblos, was dem Gefieder ein mattsches Aussehen verleihen kann, doch ist er bei Rot-schopftrappen *Lophotis ruficrista* rot und bei Reiher gelblich gefärbt. Es gibt Hinweise, dass solche „kosmetischen“ Färbungen eine Rolle bei der Partnerwahl spielen. Beim Pfeifreiher *Syrigma sibilatrix* beispielsweise verstärkt sich die wahrscheinlich auf Federpuder beruhende gelbliche Farbe von Hals und Bauch während der Brutsaison (Kushlan et al. 1982).

Zwei amerikanische Wissenschaftler haben nun die Puderdunen dreier Reiherarten einer genauen chemischen Analyse unterzogen (Thomas & McGraw 2018). Sie entfernten Puderdunen von jeweils einem Nachtreiher *Nycticorax nycticorax*, einem Kuhreiher *Bubulcus ibis* und einem Grünreiher *Butorides virescens*, bevor diese Tiere für ein Museum präpariert wurden. Zum Vergleich wurden jeweils eine weiße und eine braune Schopffeder des Kuhreihers sowie dessen Bürzeldrüse untersucht, ebenso wie eine gelbe Konturfeder eines Rubinleck-Waldsängers *Leiostyris alpestris*. Alle Proben wurden mittels Raman-Spektroskopie analysiert, einer Methode, die für die Analyse von Pigmenten besonders geeignet ist und u. a. auch zur Untersuchung von Kunstgegenständen eingesetzt wird. Die Forscher testeten jeweils mehrere Puderdunen mit unterschiedlicher Farbsättigung. Die Puderdunen des Grünreihers analysierten sie zudem mittels Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (HPLC), einer Methode zur Trennung und Identifikation nicht flüchtiger Substanzen.

In allen Federspektren ließ sich β -Keratin als „Hintergrund“ nachweisen. Die HPLC zeigte zudem, dass in den Grünreiher-Puderdunen mehrere Carotinoide vorkamen, die sich auch in der Konturfeder des Waldsängers fanden. Diese gelblichen Farbstoffe waren in einem fettigen Sekret enthalten, mit dem die Puderdunen überzogen waren. Die Schopffedern und Bürzeldrüse des Kuhreihers enthielten weder Carotinoide noch Fettsäuren, wobei die Wissenschaftler nicht gänzlich ausschließen konnten, dass diese in den Analysen von anderen Substanzen maskiert wurden. Bei einigen anderen Vogelarten, z. B. Rosaflamingos *Phoenicopterus*

roseus, hat man Carotinoide im Bürzeldrüsensekret gefunden, die wohl auch eine kosmetische Funktion haben (Amat et al. 2011).

Der hier präsentierte Befund ist ausgesprochen interessant, da er den ersten Nachweis von Carotinoiden in Federn darstellt, die von anderen Federn verdeckt sind. Das ist ungewöhnlich, da diese Farbstoffe als „kostspielig“ gelten: Sie können von den Vögeln nicht selbst synthetisiert, sondern müssen über die Nahrung aufgenommen werden. Carotinoide fungieren zudem auch als Antioxidantien und sind daher wichtig für die Immunantwort. Nur Tiere, die von hoher Qualität sind, können es sich daher leisten, diese Farbstoffe auch in die Federn einzulagern, wo sie eine Signalfunktion erfüllen und die hohe Qualität des Individuums anzeigen. Allerdings könnte man argumentieren, dass die Puderdunen tatsächlich eine solche Signalfunktion besitzen, wenn der Puder als „Make-up“ eingesetzt wird, und dann wäre es weniger verwunderlich, dass Carotinoide in verdeckten Federn vorkommen. Die Forscher konnten jedoch nicht ausschließen, dass die gelbliche Färbung der Puderdunen lediglich ein Nebenprodukt der chemischen Eigenschaften der Carotinoide ist. Diese Farbstoffe sind nämlich fettlöslich, und die Haut unter den Puderdunenfluren enthielt gelbe Fettspeicher. Die fettige Carotinoidsubstanz könnte also ursprünglich aus diesen Fettspeichern stammen und lediglich auf die Puderdunen transferiert worden sein. Mit Hilfe der gewählten Analysemethoden konnte leider nicht festgestellt werden, ob die Carotinoide verestert (d. h. chemisch an die Fettsäuren gebunden) oder ob die Pigmente mit farblosem Fettsekret vermischt waren. Dies könnte dazu beitragen, die Frage nach ihrer Herkunft zu lösen. Schließlich sollte nicht unerwähnt bleiben, dass Farbstoffe in Federn nicht nur als Signale fungieren, sondern auch andere Funktionen übernehmen können, z. B. Schutz vor federzersetzenden Mikroorganismen, wie vor einigen Jahren bei Papageien gezeigt (Burt et al. 2011), oder schädlicher UV-Strahlung, ähnlich wie in die Haut eingelagertes Melanin.

Amat JA, Rendón MA, Garrido-Fernández J, Garrido A, Rendón-Martos M & Pérez-Gálvez A 2011: Greater Flamingos *Phoenicopterus roseus* use uropygial secretions as make-up. Behav. Ecol. Sociobiol. 65: 665-673.

Burt EH, Schroeder MR, Smith LA, Sroka JE & McGraw KJ 2010: Colourful parrot feathers resist bacterial degradation. Biol. Lett. 7: 214-216.

Delhey K, Peters A & Kempnaers B 2007: Cosmetic coloration in birds: occurrence, function, and evolution. Am. Nat. 169: S145-S158.

Kushlan, JA, Hancock JA, Pinowski J & Pinowska B 1982: Behavior of Whistling and Capped Herons in the seasonal savannas of Venezuela and Argentina. Condor 84: 255-260.

Thomas DB & McGraw KJ 2018: Hidden carotenoids in the powder down of herons. J. Ornithol. doi10.1007/s10336-018-1554-z.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

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

Jahr/Year: 2018

Band/Volume: [56_2018](#)

Autor(en)/Author(s): Dietrich-Bischoff Verena

Artikel/Article: [Spannendes im "Journal of Ornithology": Vogel-Transkriptomik: Was uns eine neue Methode verraten kann 143-146](#)