

Themenbereich „Phylogenie“

• Poster

Müller F & Bininda-Emonds ORP (Wilhelmshaven, Oldenburg):

Ein datierter Superstammbaum der Hühner- und Entenvögelarten (Aves: Galloanserae)

✉ Florian Müller, Siebethsburger Straße 18, D-26386 Wilhelmshaven; E-Mail: flor.mueller@uni-oldenburg.de

Trotz der großen Bedeutung der Galloanserae (Hühner- und Entenvögel) für die globale Wirtschaft und für die biologische Forschung, sowie ihrer besonderen stammesgeschichtlichen Stellung als Schwestergruppe der übrigen „modernen Vögel“ (Neoaves), existiert für diese Gruppe bis heute kein Stammbaum, der ihre Phylogenie auf Artebene in Gänze beschreibt. Der bisher umfangreichste Ansatz stammt aus einer Superstammbaum-Analyse, welche auf Stammbäumen aus der Literatur basiert und 376 der etwa 452 bekannten Arten der Galloanserae umfasst. Der Datensatz dieser Studie wurde durch genetische Sequenzdaten von Genbank in großem Umfang erweitert, um mittels einer weiteren Superstammbaumanalyse den umfangreichsten und aktuellsten phylogenetischen Stammbaum dieses Taxons zu generieren. Die Verwendung genetischer Sequenzen ermöglichte zudem

die Berechnung von Divergenzzeiten innerhalb des gesamten Stammbaums, wobei elf datierte Fossilien zur Kalibrierung der molekularen Uhr genutzt wurden. Insgesamt umfasst der neue Datensatz 390 Arten und basiert auf 160 Stammbäumen aus der Literatur, kombiniert mit 50 neuen Genstammbäumen, welche mehr als 25.000 bp Sequenzdaten umfassen.

Der neue Superstammbaum bestätigt viele traditionelle Hypothesen innerhalb der Galloanserae wie beispielsweise die Monophylie der Anseriformes (Entenvögel) und Galliformes (Hühnervögel) sowie der meisten der traditionellen Familien und Gattungen. Innerhalb der Anseriformes zeigt sich ein Schwestergruppenverhältnis der Anhimidae (Wehrvögel) zu den Anatidae (Enten, Gänse, Schwäne, usw.) und dem monotypischen Taxon Anseranatidae (Spaltfußgans). Die Galliformes umfassen traditionell fünf Familien, die

Megapodiidae (Großfußhühner), die Cracidae (Hokkohühner), die Numididae (Perlhühner), die Phasianidae (Fasanenartige) und die Odontophoridae (Zahnwachteln), von denen lediglich die Phasianidae in dieser Studie nicht als monophyletisches Taxon bestätigt werden konnten. Sie bilden zusammen mit den Odontophoridae eine gemeinsame Gruppe, in dem die neuweltlichen Zahnwachteln ein Schwestergruppenverhältnis zu den afrikanischen Arten *Ptilopachus petrosus* (Felsenhenne) und *Francolinus nahani* (Nahanfrankolin) aufweisen.

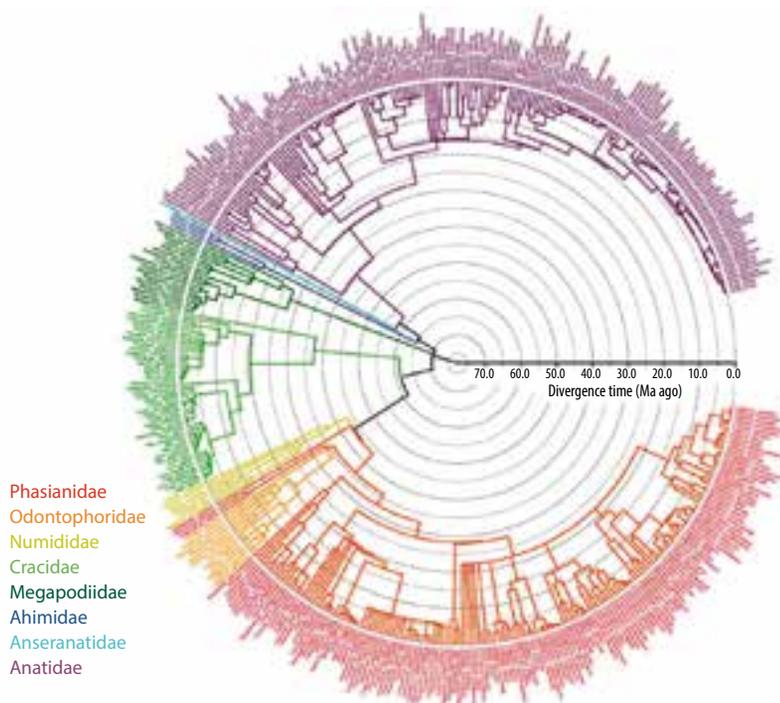


Abb. 1: Datierter MRP Superstammbaum der Galloanserae.

Insgesamt konnten acht der 53 polytypischen Gattungen in dieser Studie nicht als monophyletisch bestätigt werden. Als besonders problematisch erwies sich die Gattung *Francolinus*, deren 41 Arten in dieser Studie an mindestens fünf verschiedenen Positionen im Superstammbaum erscheinen. Hier zeigt sich, dass die Gruppe der Galloanserae weiterhin der Aufmerksamkeit der phylogenetischen und taxonomischen Forschung bedarf. Unser neuer Superstammbaum der Galloanserae macht hierbei einen nächsten Schritt und

bietet die erste umfangreiche Analyse der Divergenzzeiten innerhalb des gesamten Taxons, welche für weiterführende Untersuchungen zu makroevolutionären Fragen genutzt werden kann.

Literatur

Bininda-Emonds ORP & Carroll JP 2009: A phylogenetic supertree of the fowls (Galloanserae, Aves). *Zoologica Scripta* 38: 465–481.

Themenbereich „Populationsbiologie“

• Poster

Heuck C, Albrecht J, Brandl R & Herrmann C (Marburg, Güstrow):

Dichteabhängige Regulation der Seeadler-Population in Mecklenburg-Vorpommern

✉ Christian Heuck, Philipps-Universität Marburg, Fachgebiet Tierökologie, Karl-von-Frisch Str.8, D-35032 Marburg; E-Mail: christian.heuck@gmail.com

Der Einsatz von DDT hatte dramatische Auswirkungen auf den Reproduktionserfolg von Top-Prädatoren wie dem Seeadler *Haliaeetus albicilla*. Mit dem Verbot des DDT in den 1970er Jahren stieg der Reproduktionserfolg wieder an und die Populationen erholten sich (Heller et al. 2012; Hauff 2009). Mit zunehmender Individuenzahl steigt die intraspezifische Konkurrenz um Ressourcen, was wiederum Auswirkungen auf Überlebensraten oder Reproduktionserfolg haben kann. Bestandsanstiege von Tierpopulationen werden durch solche dichteabhängige Mechanismen begrenzt. In Mecklenburg-Vorpommern stagniert seit Mitte der 1990er Jahre der Bruterfolg der Seeadler (Hauff et al. 2011). Es stellt sich daher die Frage, ob die Erholung der Seeadlerpopulation durch dichteabhängige Regulationsmechanismen begrenzt wird. Unsere Analyse soll klären, ob dichteabhängige Einflüsse auf den (1) Bruterfolg (ja/nein) bzw. auf die (2) Jungenanzahl nachweisbar sind.

Die Daten stammen aus dem Monitoring der 280 Revierpaare des Seeadlers in Mecklenburg-Vorpommern (2003 - 2010). Alle 368 bekannten Horste wurden in sieben Jahren vom Boden aus auf Bruterfolg (ja/nein) kontrolliert. Für jedes untersuchte Jahr und jeden besetzten Horst wurde in verschiedenen Radien (2,5 - 30 km) die Anzahl weiterer besetzter Horste berechnet. Jedem Wert für Bruterfolg steht somit für jeden Radius ein Wert zur Brutpaardichte gegenüber ($n_{gesamt} = 1.430$). Zusätzlich wurden einige Horste von Beringern beket-

tert, wodurch die Anzahl der Jungvögel erfasst werden konnte ($n_{ber} = 271$). Mit einem generalisierten additiven Modell (GAM) wurde der Effekt der Brutpaardichte auf die Reproduktion für beide Datensätze untersucht. In dem Modell wurde für räumliche Autokorrelation korrigiert und die Horstidentität als Zufallsfaktor berücksichtigt.

Das Modell zum Bruterfolg (ja/nein) zeigt für die Distanzklassen von 5 bis 12,5 km einen signifikant negativen Zusammenhang zwischen steigender Brutpaardichte und Bruterfolg. Den stärksten negativen Effekt hatten die Klassen 5 und 7,5 km (Abb.1). Das Modell der Beringerdaten zeigt nur bei 5 km einen marginal signifikanten negativen Zusammenhang zwischen Brutpaardichte und der Anzahl an Jungen. Zudem ist der Effekt sehr gering. Für beide Datensätze der Seeadler-Paare können wir somit verringerte Reproduktion als dichteabhängigen Regulationsmechanismus für den Seeadler nachweisen. Mögliche zukünftige Rückgänge des Reproduktionserfolges können demnach nicht uneingeschränkt als Indikator für einen ungünstigen Umweltzustand interpretiert werden. Sie sind vielmehr als dichteabhängiger Mechanismus der Bestandsregulation zu erwarten.

Literatur

Hauff P 2009: Zur Geschichte der Seeadler *Haliaeetus albicilla* in Deutschland. *Denisia* 27: 19–28.