

Band 55 • Heft 4 • Dezember 2017

150. Jahresversammlung

Vogelwarte

Zeitschrift für Vogelkunde

biologisch verschieden sind, d. h. ob sie artspezifisch unterschiedliche ökologische Nischen bewohnen oder durch reproduktive Schranken voneinander getrennt sind.

Außerdem geht die Barcode-Taxonomie von der Prämisse aus, dass die Mitochondrien-Genome sich stammesgeschichtlich zeitgleich mit den Arten aufspalten. Jedoch führen die allelen Mitochondriengenom-Zweige in zwei Schwesterarten bei der Zurückverfolgung im Stammbaum nicht zum selben Zeitpunkt zusammen wie die Arten. Es ist nicht so (wie man intuitiv erwartet), dass die allele Aufspaltung der Mitochondriengenome erst in den bereits entstandenen Tochterarten einsetzt. Viele Aufspaltungen sind bereits vorher in den Individuen der Elternart als intraspezifische Variationen vorhanden (Abb. 1). Dadurch sind bestimmte Mitochondriensequenzen mit der „falschen“ Art verbunden. Sie täuschen eine falsche Verwandtschaft der Arten vor.

Abhängig von der Populationsgröße kommt es erst im Laufe mehrerer Millionen Generationen zur Sortierung der Allel-Linien („lineage sorting“, Hickerson et al. 2006). Durch genetische Drift gehen viele Allelzweige in den beiden Tochterarten verloren, bis schließlich nur

ein einziges ursprüngliches Allel des Ausgangs-Mitochondriums der Elternart (Ur-mt-Genom in Abb. 1) in jeder Tochterspezies überlebt. Erst dann indizieren alle Mitochondrien-Linien in jeder Tochterart den Spezies-Status. Mitochondrien-Sequenzvergleiche können nicht unkontrolliert angewendet werden, um damit den Spezies-Status einer Art festzulegen, insbesondere nicht bei evolutionär jungen Arten.

Dazu gehören viele Vogelarten. Während die vorliegende Barcode-Datenbank (<http://www.barcodingbirds.org/>) für die Artbestimmung große Dienste leistet, ist es sehr umstritten, ob die Daten es rechtfertigen, Splits und Fusionen vorzunehmen und damit viele Arten neu zu definieren. Z. B. müssten fast alle Großmöwen des Nordatlantiks wegen ihrer Übereinstimmung in der CO1-Sequenz zu einer einzigen gemeinsamen Art zusammengefasst werden (Aliabadian et al. 2013). Damit würden typologische, ökologische und reproduktive Differenzen ignoriert.

Daher hat sich das führende Werk der Vogel-Systematik „Checklist of the Birds of the World“, herausgegeben von HBW (Handbook of the Birds of the World) und BirdLife International entschlossen, den molekularge-

netischen Daten für die Artabgrenzung nur ein geringes Gewicht zu geben (del Hoyo & Collar 2014). Das von der Checklist verwendete Konzept ist ein integratives Artkonzept. Es beruht auf dem klassischen Konzept der Reproduktionsgemeinschaft, jedoch werden die allopatrisch verbreiteten Populationen (auf die das Konzept der Reproduktionsgemeinschaft nicht anwendbar ist) typologisch klassifiziert. Als Artgrenzen gelten hier Schwellenwert-Überschreitungen bei Unterschieden zwischen den Arten in Morphologie, Ökologie und Verhalten. Als Resultat dieser Arzteilung hat sich eine Erhöhung der Zahl der auf der Erde lebenden Vogelarten von ca. 10.000 um 10 % auf ca. 11.000 ergeben. Obwohl die Arzteilung der Checklist durch ihre nachvollziehbare Pragmatik überzeugt, bleibt abzuwarten, ob sich die neue Vogel-Systematik (vor allem gegenüber der Barcode-Taxonomie) durchsetzen wird.

Literatur

- Aliabadian M, Beentjes KK, Roselaar CS, van Brandwijk H, Nijman V & Vonk R 2013: DNA barcoding of Dutch birds. In: Nagy ZT, Backeljau T, De Meyer M, & Jordaens K (Hrsg) DNA barcoding: a practical tool for fundamental and applied biodiversity research: 25-48.
- del Hoyo J & Collar NJ 2014: Illustrated Checklist of the Birds of the World - Non-Passerines. Lynx Edicions, Barcelona.
- Hebert PDN, Ratnasingham S & deWaard JR 2003: Barcoding animal life: cytochrome *c* oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proc. R. Soc. Lond. B, Biol. Sci.* 270: 596-599.
- Hickerson M, Meyer C & Moritz C 2006: DNA barcoding will often fail to discover new animal species over broad parameter space. *Syst. Biol.* 55: 739.
- Kunz W 2012: Do species exist? - Principles of taxonomic classification. Wiley-VCH, Weinheim.
- Steinke D & Brede N 2006: DNA-Barcoding. *Taxonomie des 21. Jahrhunderts. Biologie in unserer Zeit* 36: 40-46.