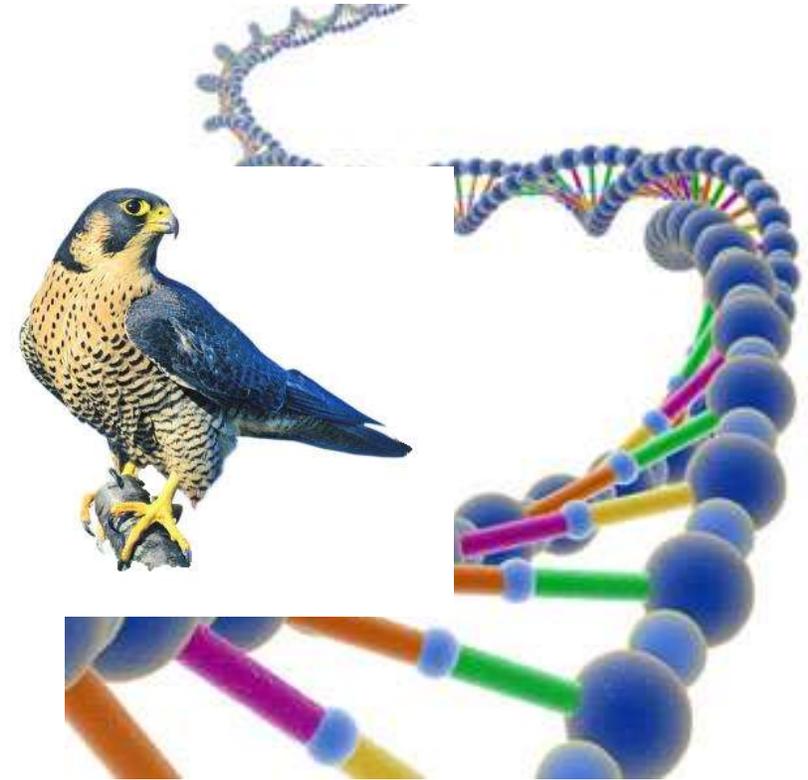




Neue Erkenntnisse der DNA-Systema

Michael Wink
Institut für Pharmazie &
Molekulare Biotechnologie
Abt. Biologie
Universität Heidelberg
Wink@uni-heidelberg.de



Gliederung

- Grundlagen der molekularen Evolutions- und Biodiversitätsforschung
- Evolution der Vögel- Neue Systematik
- Verwandtschaftsbeziehungen bei Eulen, Greifvögeln und Falken
- Phylogeographie
 - Kanarische Inseln
 - Südamerika
 - Eurasien

Biodiversität auf der Erde

→ Herausforderung für
Taxonomie und Systematik

Organismen

Anzahl bekannter Arten

Unbekannte Arten ???

Prokaryoten

Archaea 260

Bacteria 9 000

Eukaryoten

Protozoa 240 000

Pflanzen

Sporenpflanzen 35 400

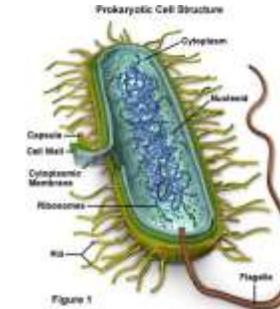
Samenpflanzen 272 000

Tiere

Lophotrochozoa >150 000

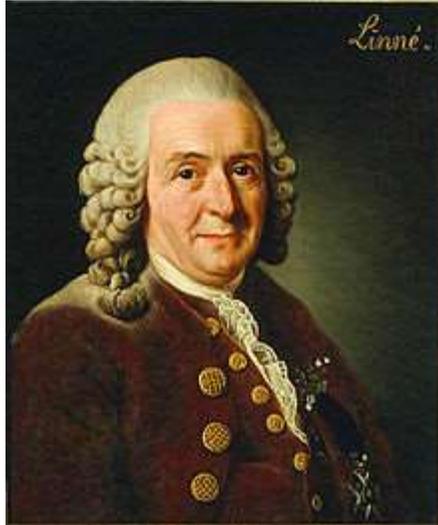
Ecdysozoa >1 000 000

Deuterostomia 60 000



Grundlagen der Systematik

Wissenschaftliche Klassifikation



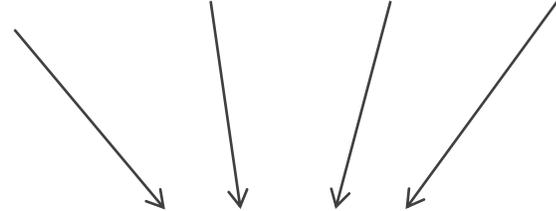
Carl Linnaeus
1707-1778

Species plantarum, 1753
Systema naturae, 1758



Bubo bubo

Art 1 Art2 Art3 Art4



Gattung (Bubo)



Familie (Strigidae)



Ordnung (Strigiformes)

„Ähnlichkeit“

→ Phylogenie
→ Stammbaum

mtDNA

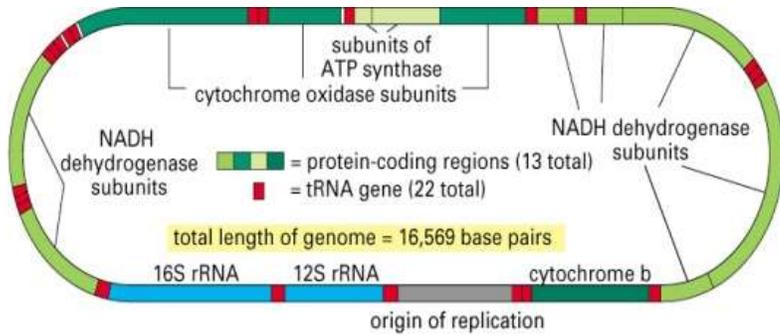
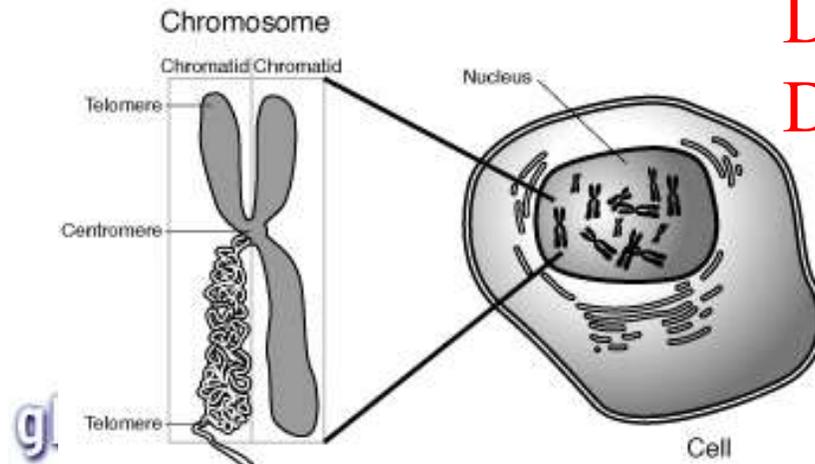


Figure 14-58. Molecular Biology of the Cell, 4th Edition.

16569 Basenpaare

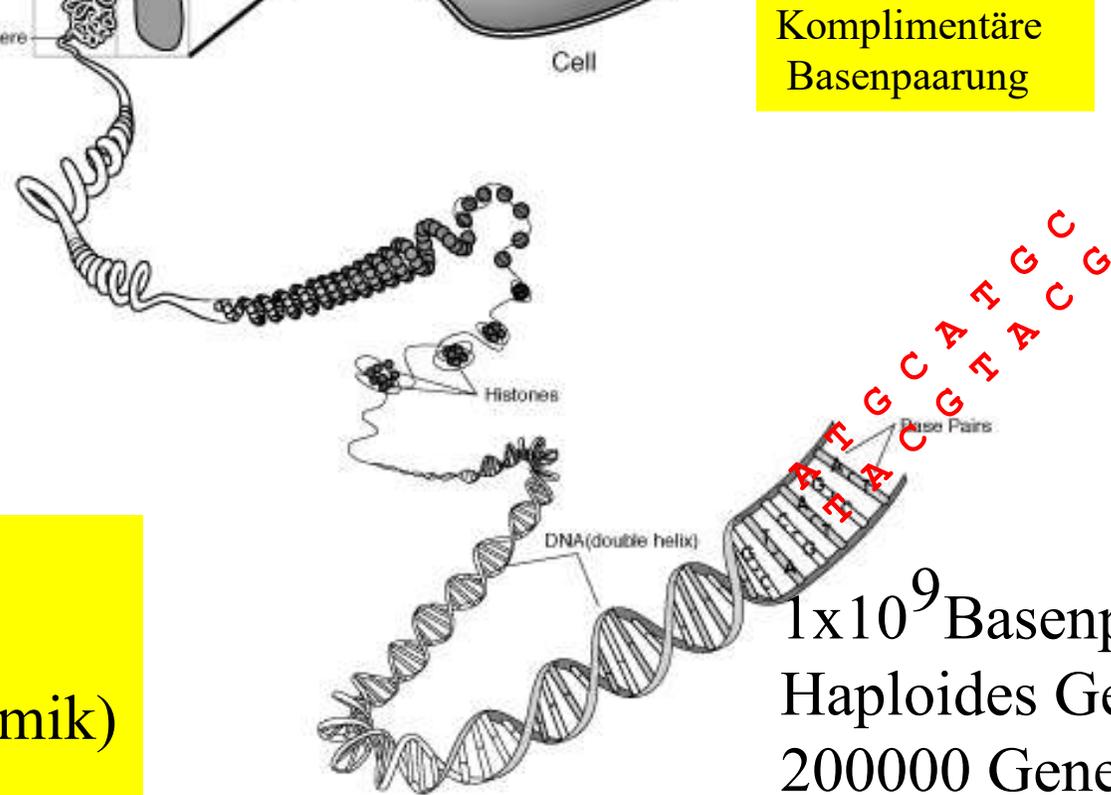
Analyse von

- Markergenen
 - Genomen (Genomik & Transcriptomik)
- NEXT GENERATION SEQUENCING



DNA (1953)
DNA-Analyse

A T G C
Doppelhelix
Komplimentäre
Basenpaarung



1×10^9 Basenpaare
Haploides Genom
200000 Gene

(= 50 Bücher mit je 1000 Seiten)

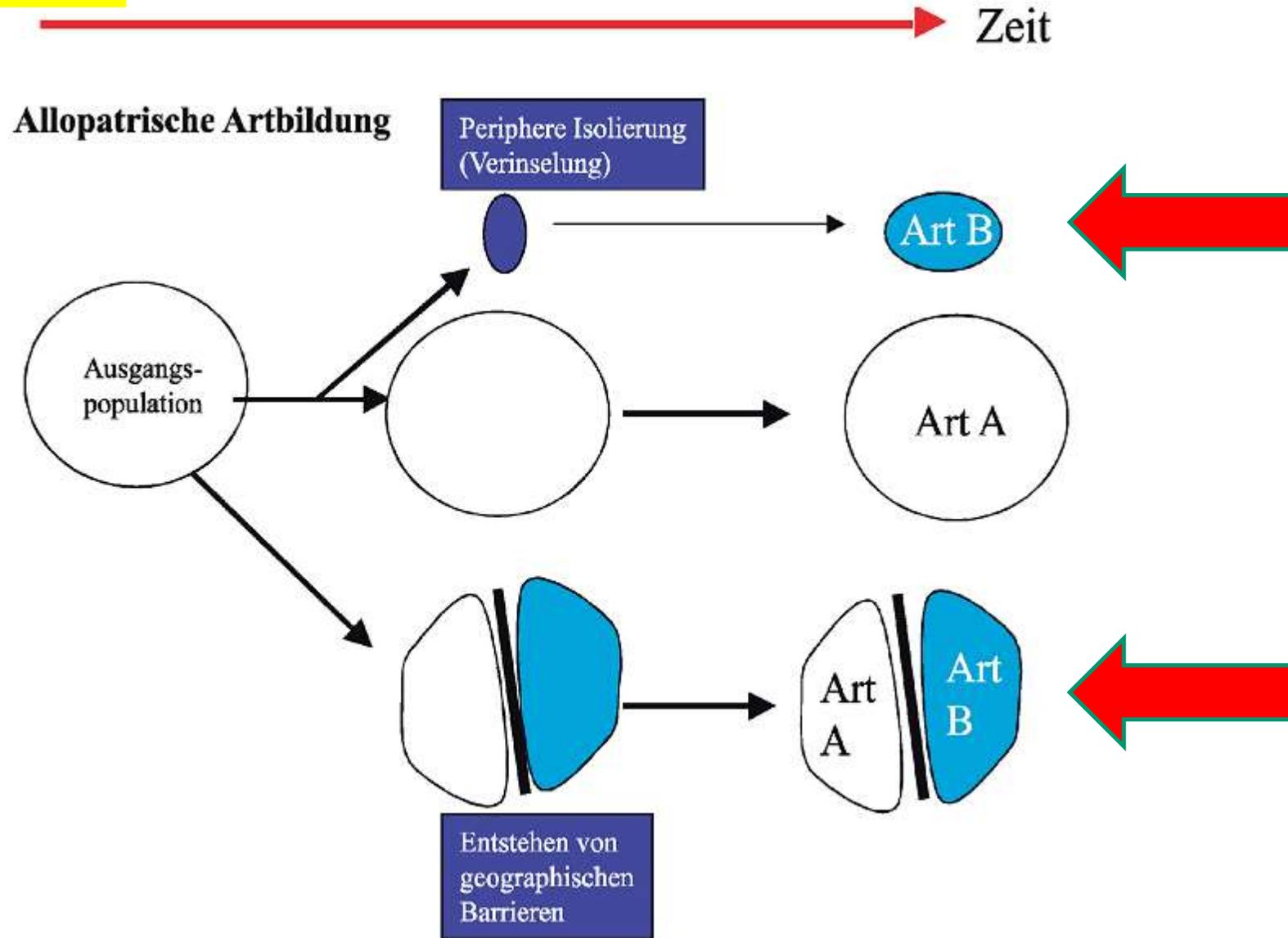
Veränderlichkeit der DNA

Mit jeder Zellteilung treten einige wenige Mutationen (Basenaustausch) auf, die meist repariert werden

Nicht reparierte Mutationen →

- in Körperzellen: werden mit jeder Zellteilung weitergegeben
- in Geschlechtszellen: werden nach den Regeln der Mendelgenetik und der Rekombination vererbt
- in mitochondrialer DNA: nur maternal und ohne Rekombination

Wie entstehen Arten?



Aber auch sympatrische und parapatrische Artbildung

ATG GGG ACC TTT (Marker-Gen)

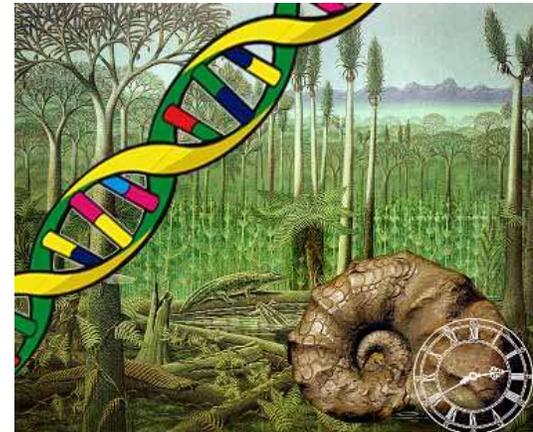
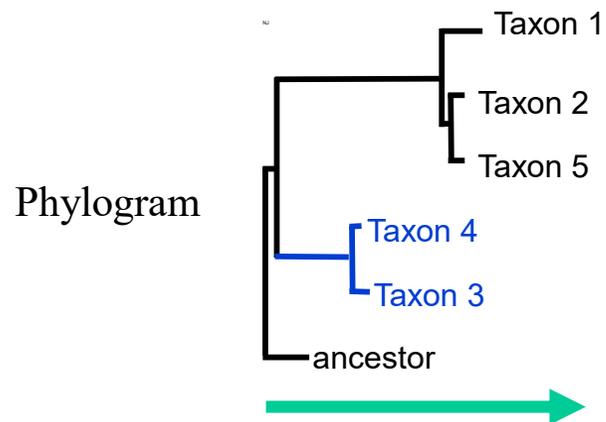
Geographische Trennung

ATG GGG ACC TTT

ATG GGG ACC TTT

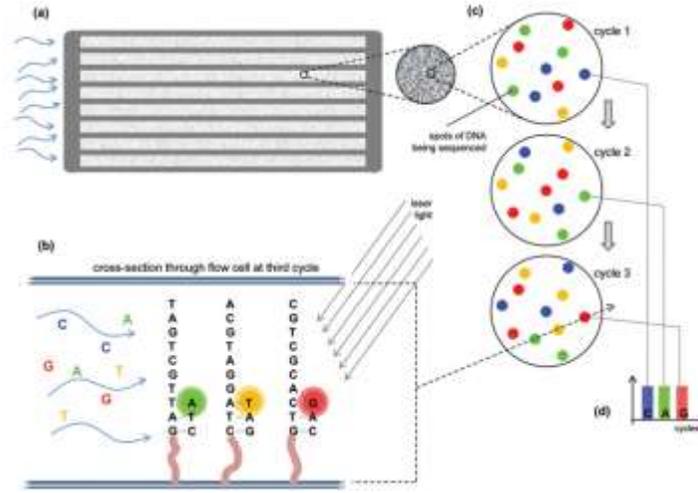
ATT GGA CCA TTA

GTG GCG ATC TTC



NEXT GENERATION SEQUENCING

NGS Instruments



Sequencing

First Generation: Sanger-methodology

- Polyacrylamide-Gelelectrophoresis
- Capillary-Electrophoresis

Next Generation Sequencing - NGS:

- Pyrosequencing (454)
- **Sequencing by synthesis (Illumina)**
- Ion semiconductor sequencing (Ion Torrent)
- Single-molecule real time sequencing (PacBio)

Parameter	Sanger-Sequencing	Illumina
Read length	400-1200	50-200
Accuracy	99.9%	98%
Sequences/run	1-96	30-250 Millions
Time/run	bis 3 h	1-10 d
Costs for 1 Million bp (\$)	2400	0.1
Advantages	Read length	big data

- komplette Genome (Genomik)
- Entwicklung von STR- und SNP-Markern
- Transcriptome (funktionelle Genomik)

Evolution der Vögel

Großsystematik

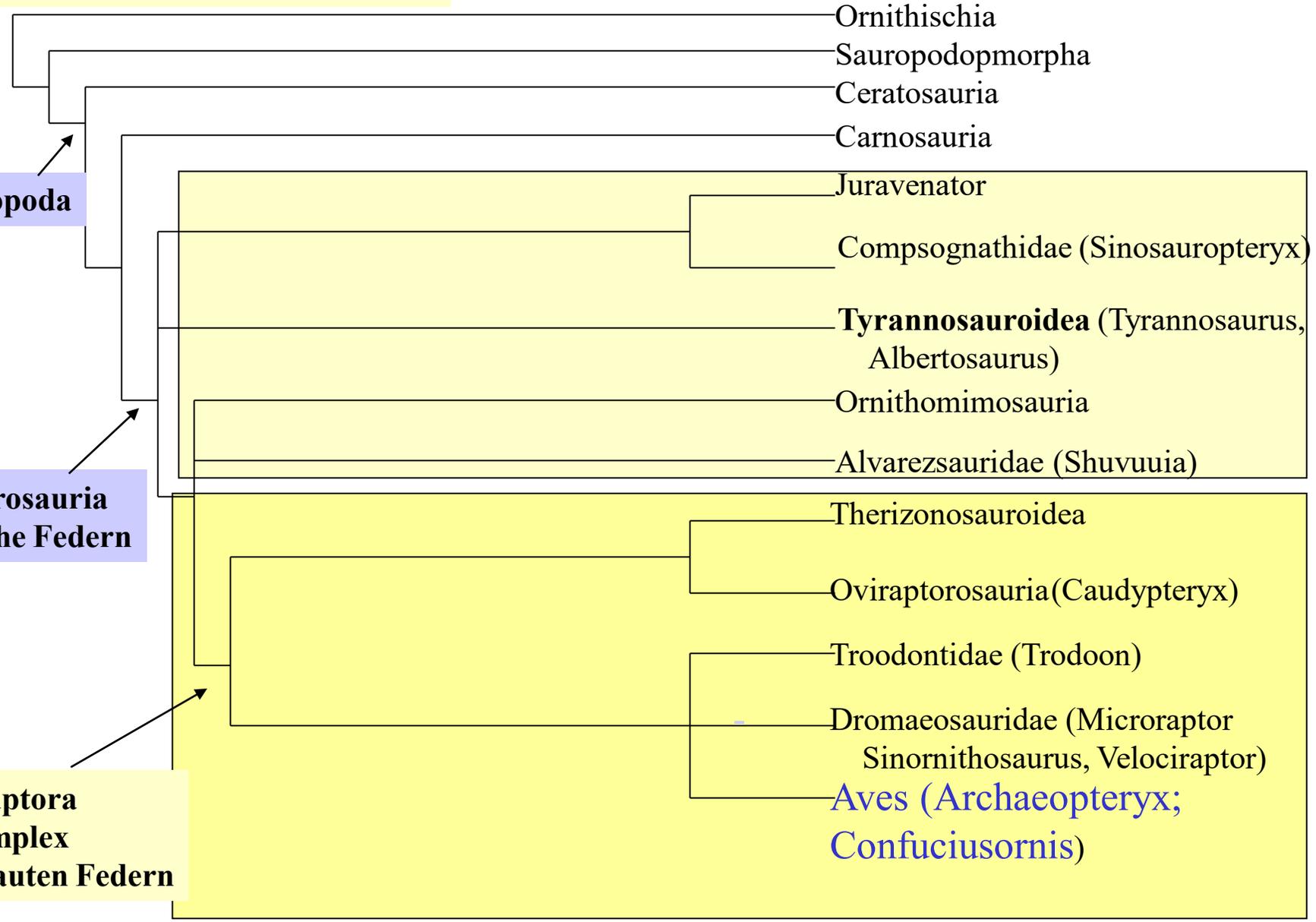
Vögel sind die Nachfahren der Dinosaurier



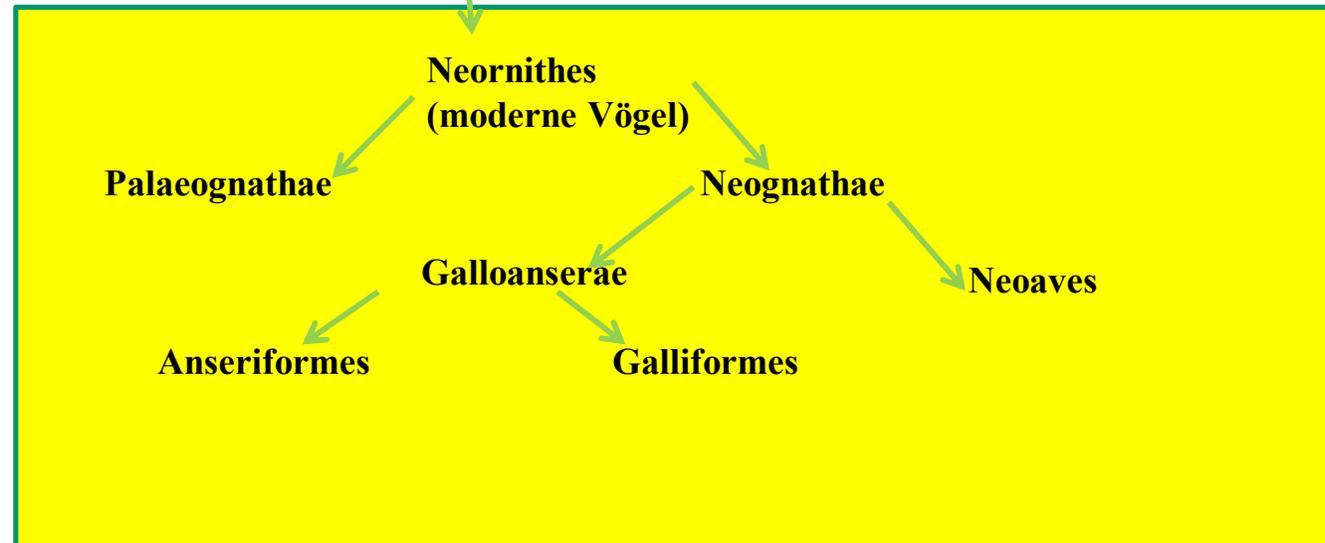
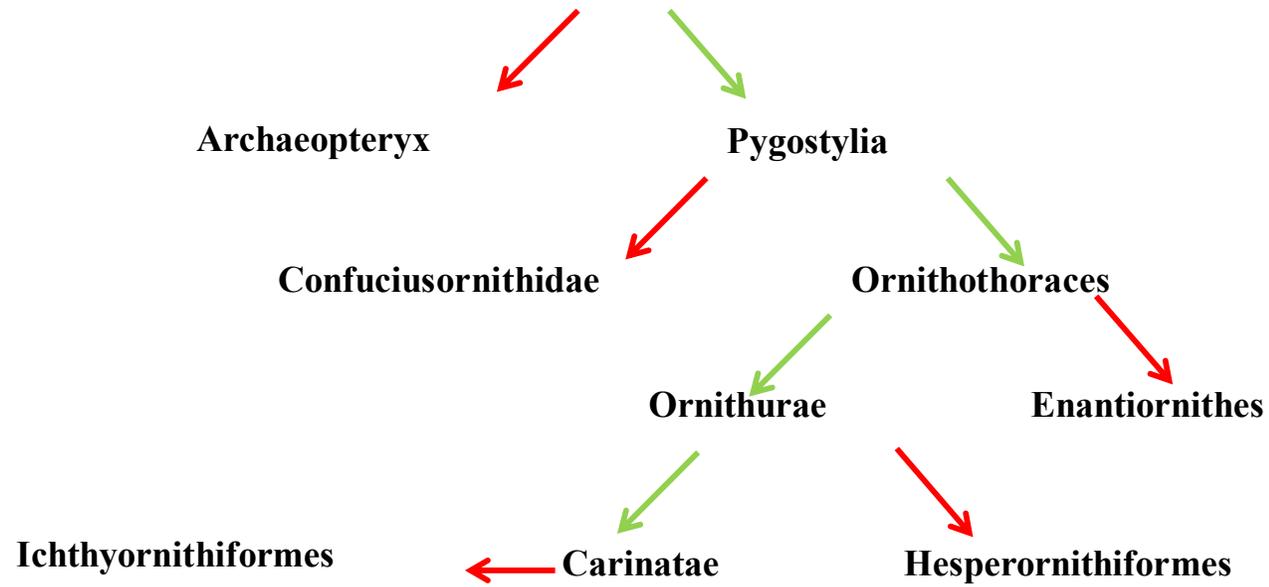
Theropoda

**Coelurosauria
einfache Federn**

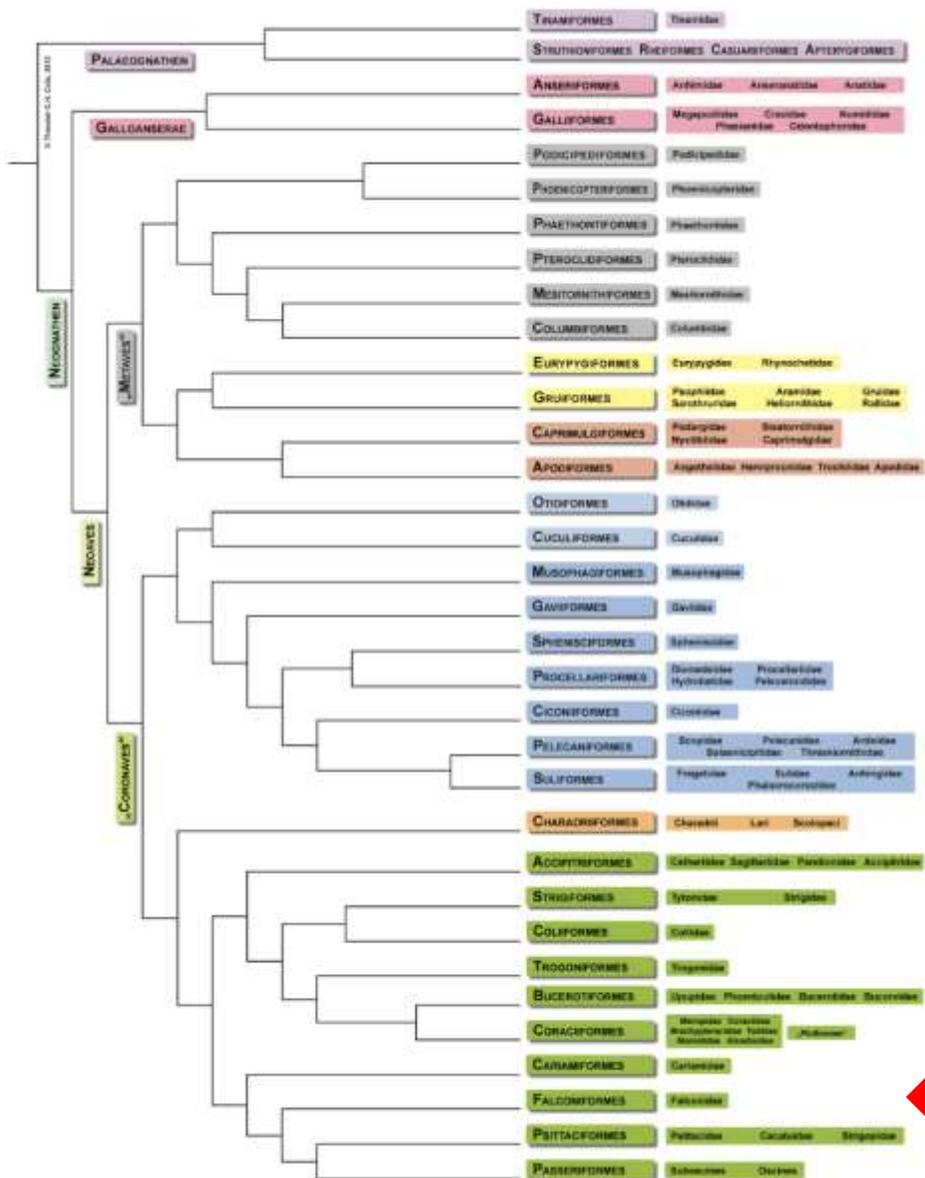
**Maniraptora
mit komplex
aufgebauten Federn**



Aves/Avialae



Systematik und Phylogenie der Vögel



Sibley & Ahlquist 1990: DNA-DNA-Hybridisierung
 • heute obsolet!

Hackett et al. 2008: *A phylogenomic study of birds reveals their evolutionary history.*
 Science 320, 1763–1768

Basis: Sequenzen von 19 Kerngenen

Kraus RHS, & M. Wink 2015. Avian Genomics – Fledging into the Wild!
 Journal of Ornithology, 156, 851-865

B10K Project

→ Genom-Sequenzierung

<10% des Gesamtgenoms von 34 Ordnungen und 48 Arten

- 20 Taxa 50-fold coverage
- 38 Taxa 30-fold coverage

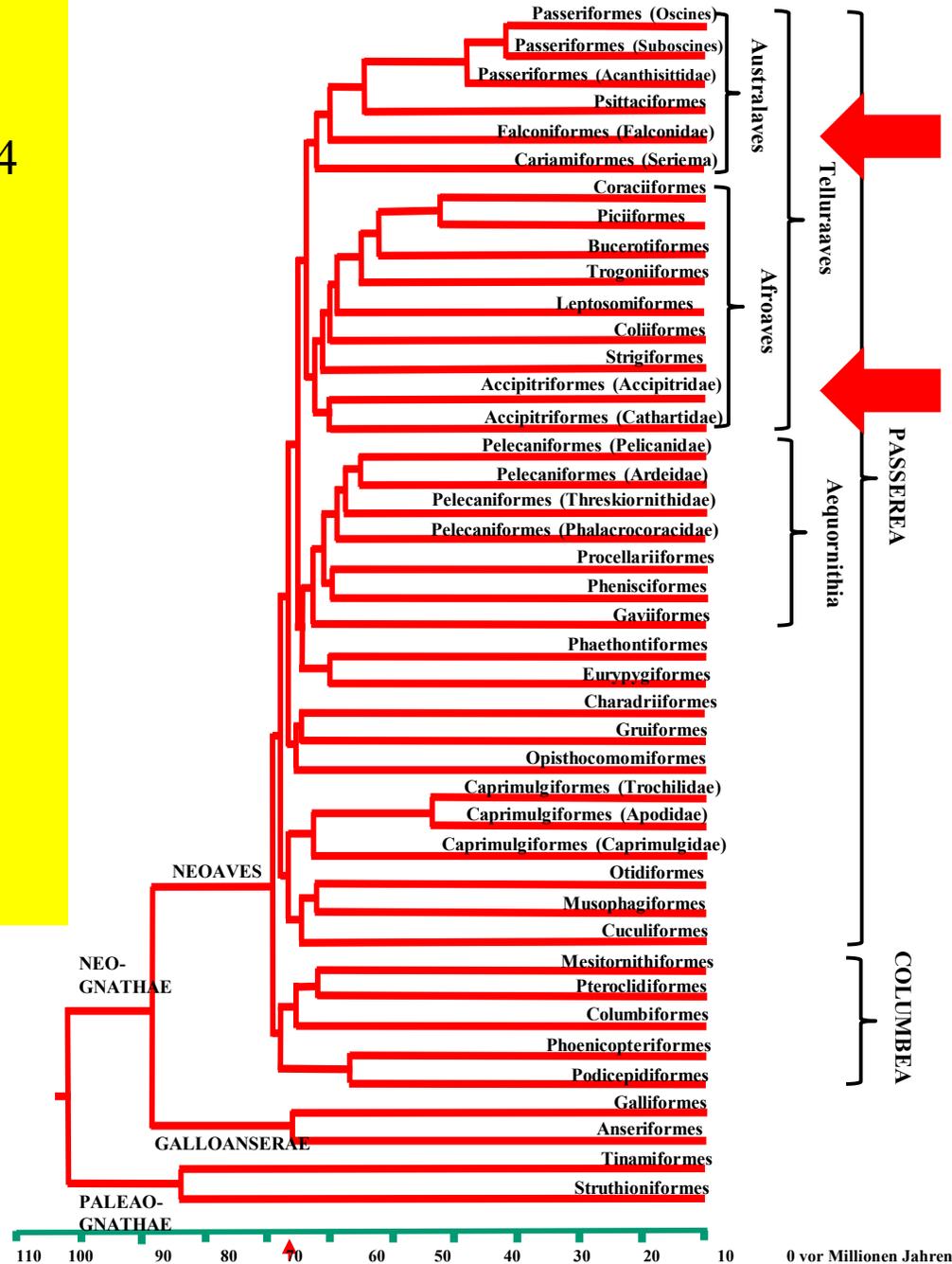
→ 8351 Exons

→ 2516 Introns

→ 3769 Ultra-conserved elements

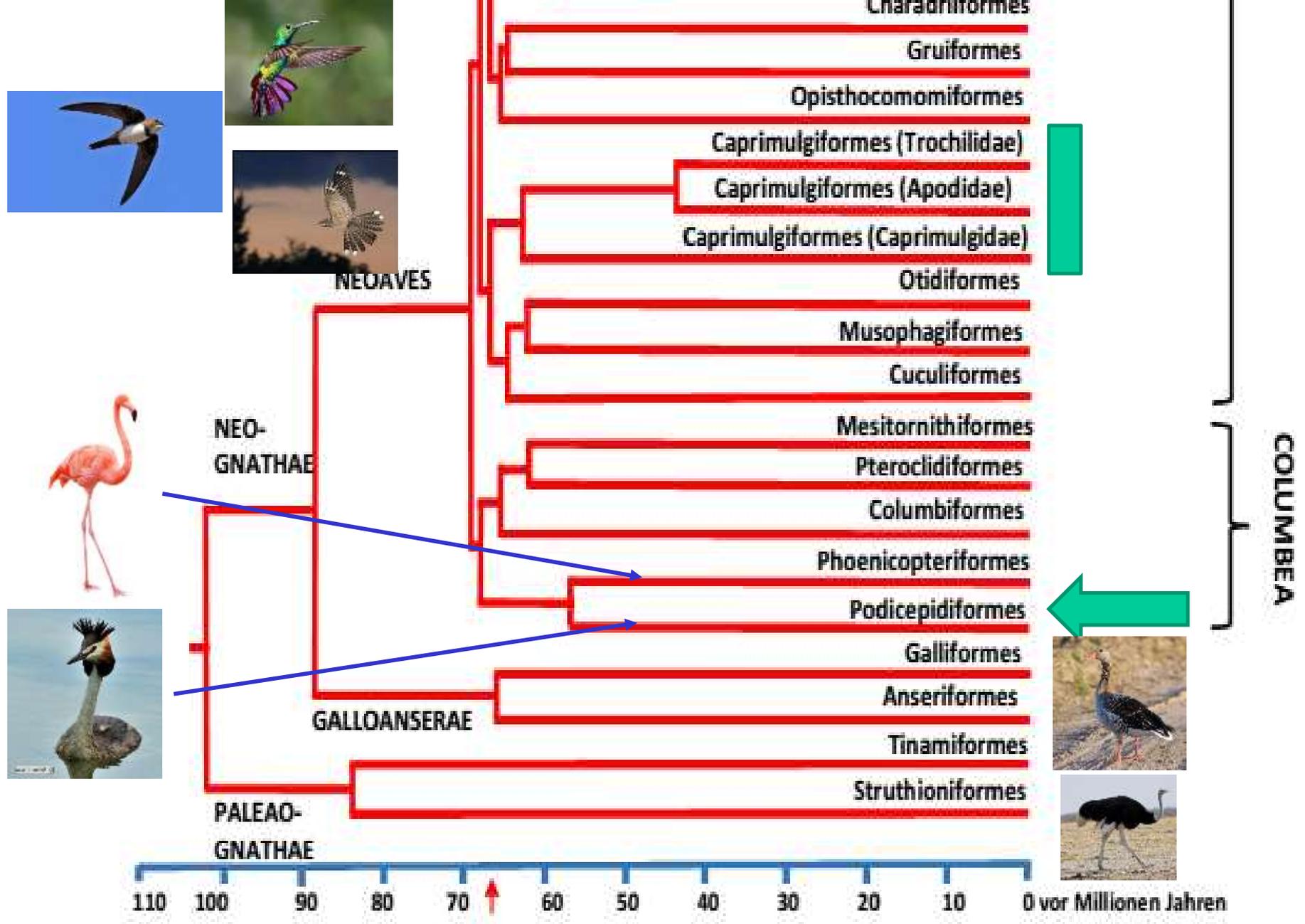
→ 2016 Phylogenie mit 200 Familien

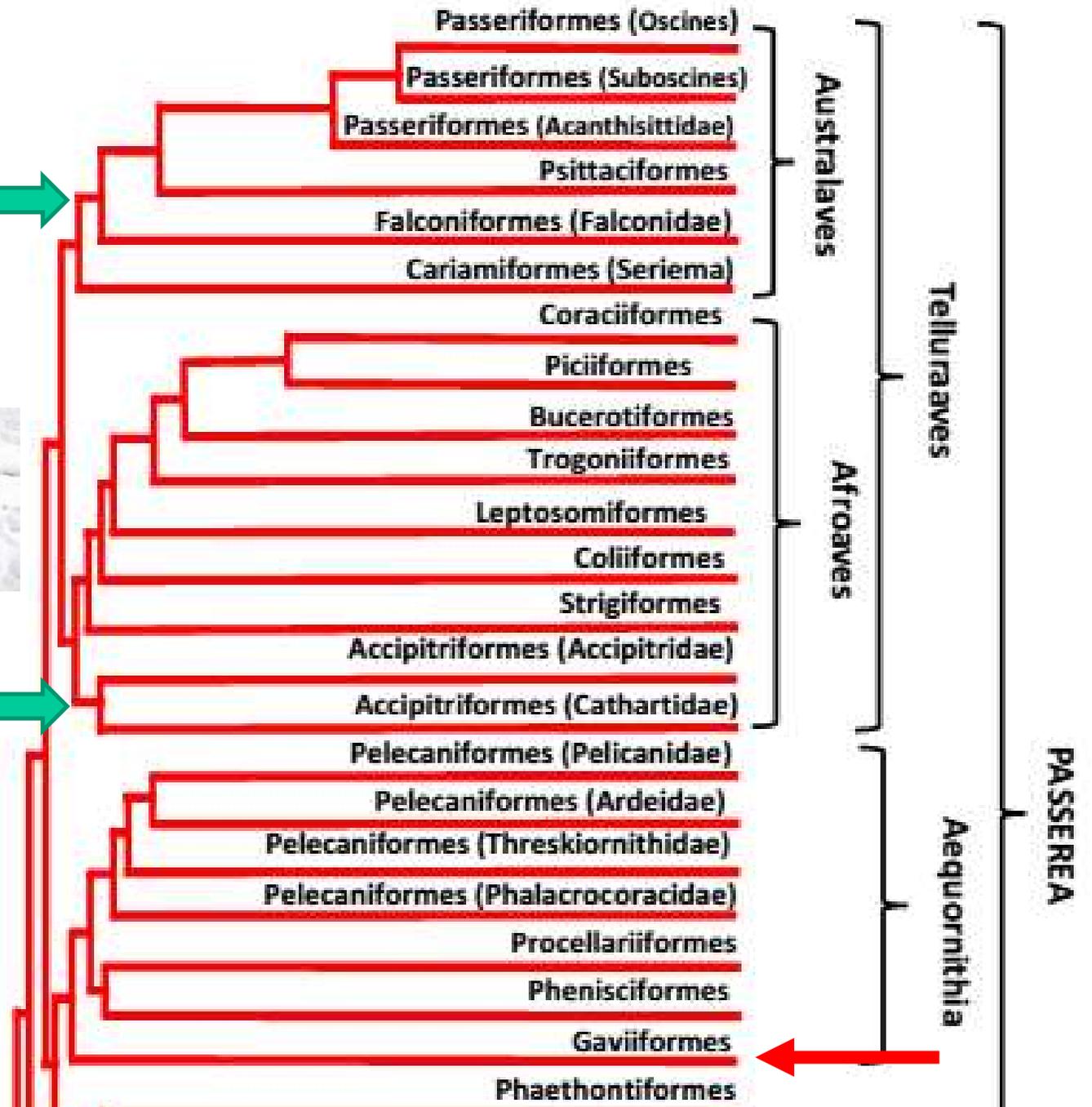
→ ? alle 10500 Arten



Jarvis et al. 2014
Science 346:1320-1331







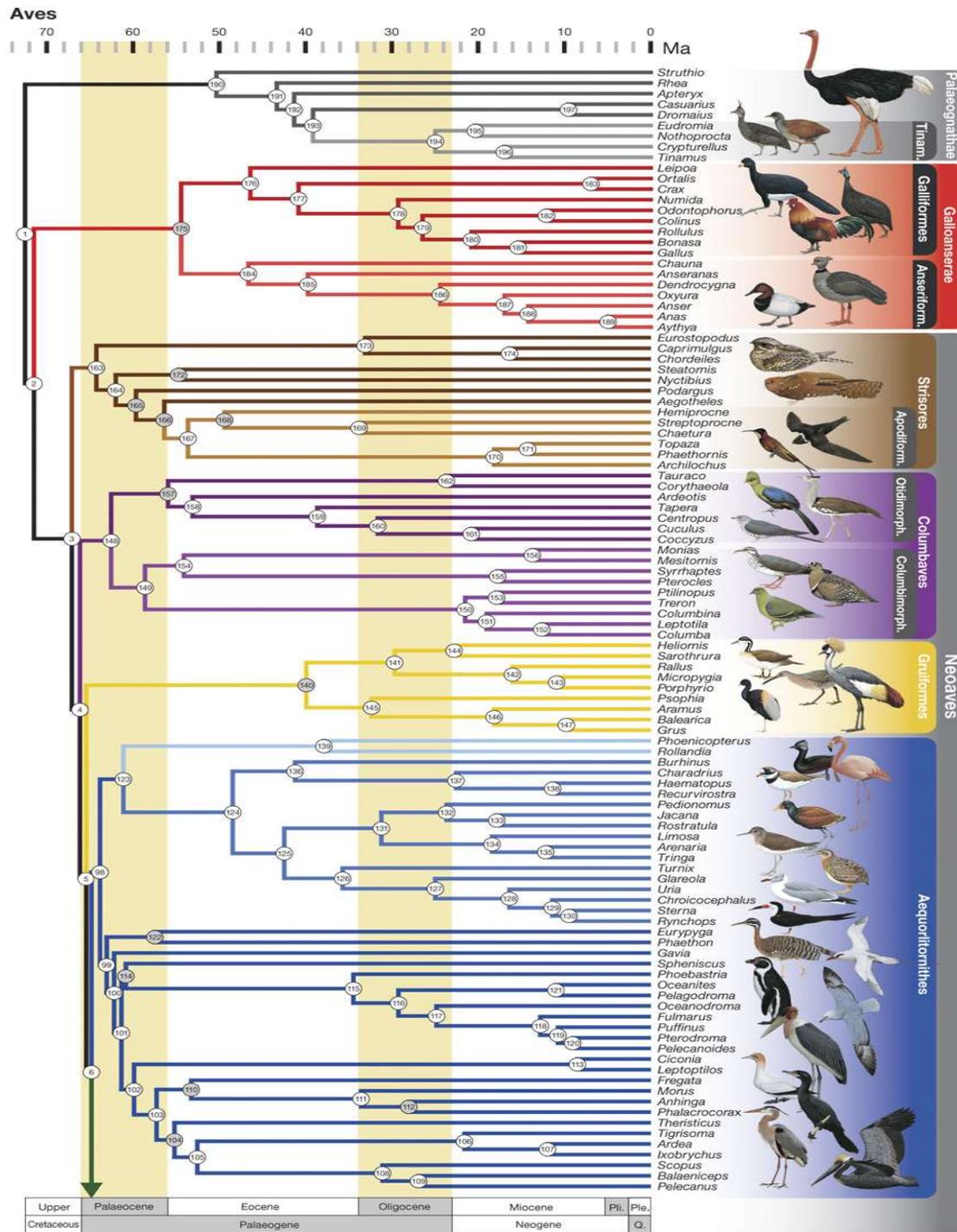
Ist die Phylogenie von Jarvis et al. (2014) der Weisheit letzter Schluss?

Probleme:

- Rekonstruktion fehlerhafter Contigs (→ chimäre Sequenzen)
- Wurden nur homologe DNA-Sequenzen analysiert?
(Pseudogene, Genduplikationen)
- Schwierigkeit, repetitive DNA als eindeutige Contigs abzubilden und einem Genlocus zuzuweisen

Der Retroposon-Baum von Suh et al. (2015) zeigt teilweise eine andere Topologie

Erklärung: Incomplete Lineage Sorting (ILS)



Prum *et al.* 2015: A comprehensive phylogeny of birds (Aves) using targeted next-generation DNA sequencing. doi:10.1038/nature15697

Fast 200 Arten

259 Kerngene

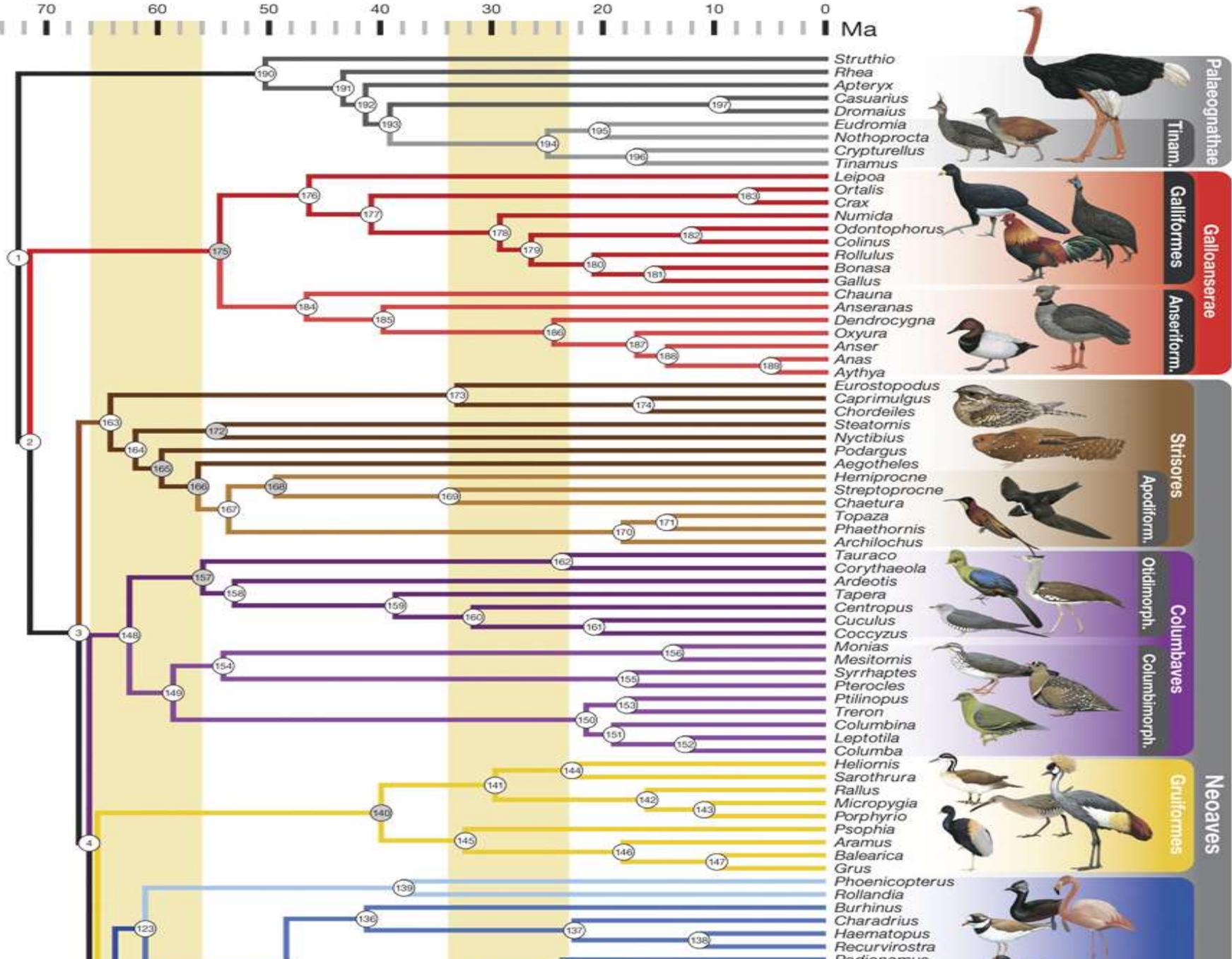
Länge des Alignments 390000 bp

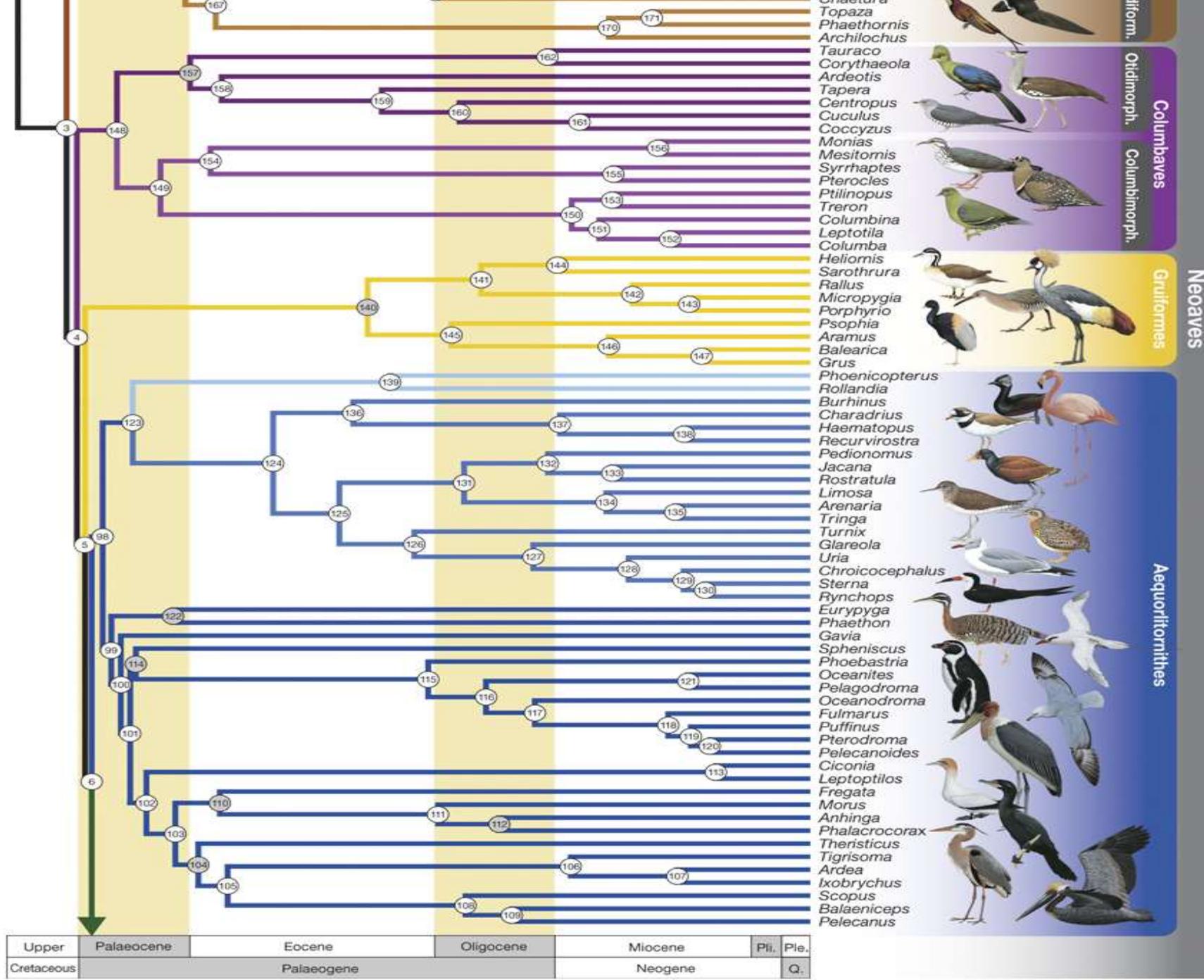
(je Art ein Dokument mit 20 Seiten à 20000

Buchstaben)

Aves

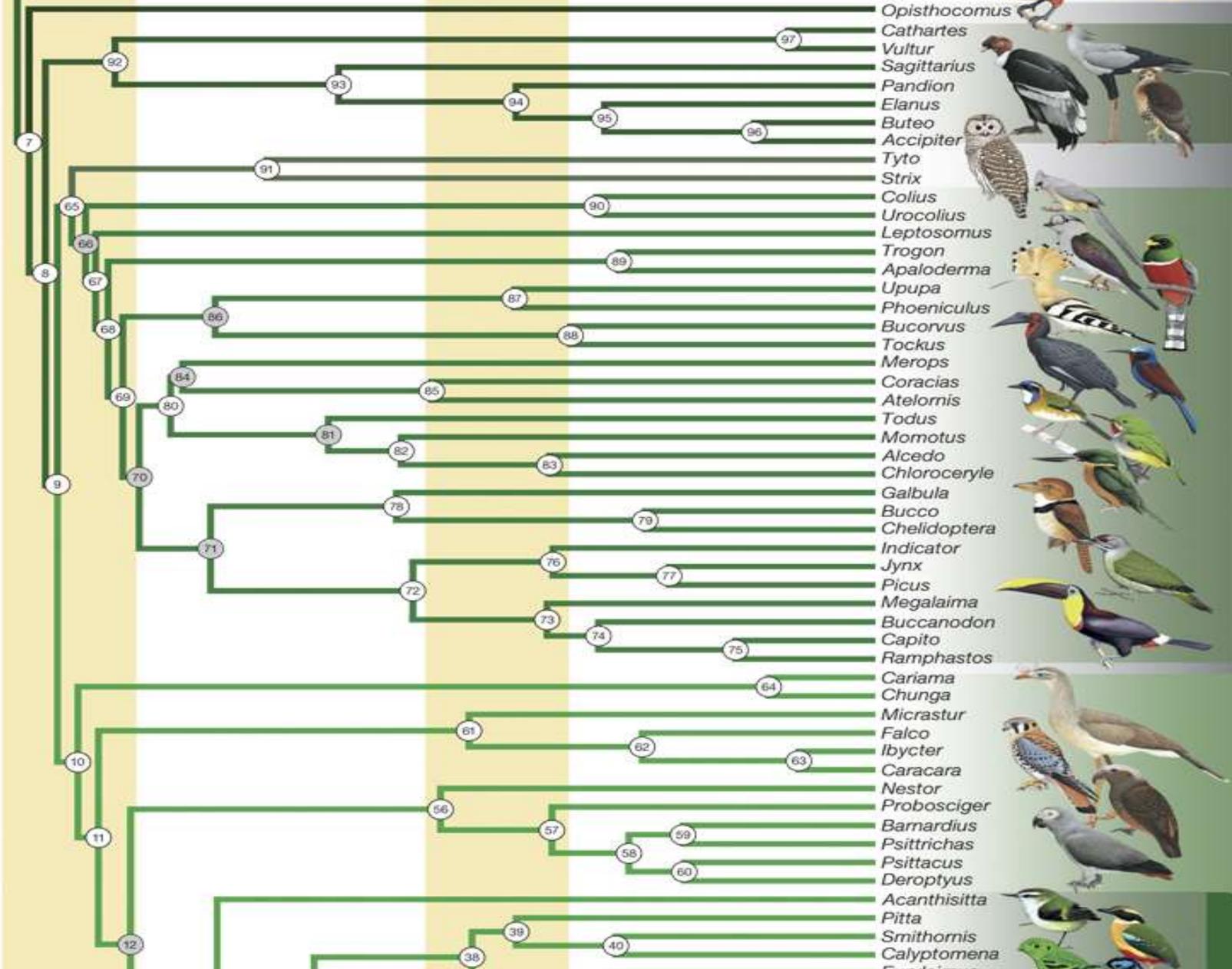
70 60 50 40 30 20 10 0 Ma





70 60 50 40 30 20 10 0

Ma



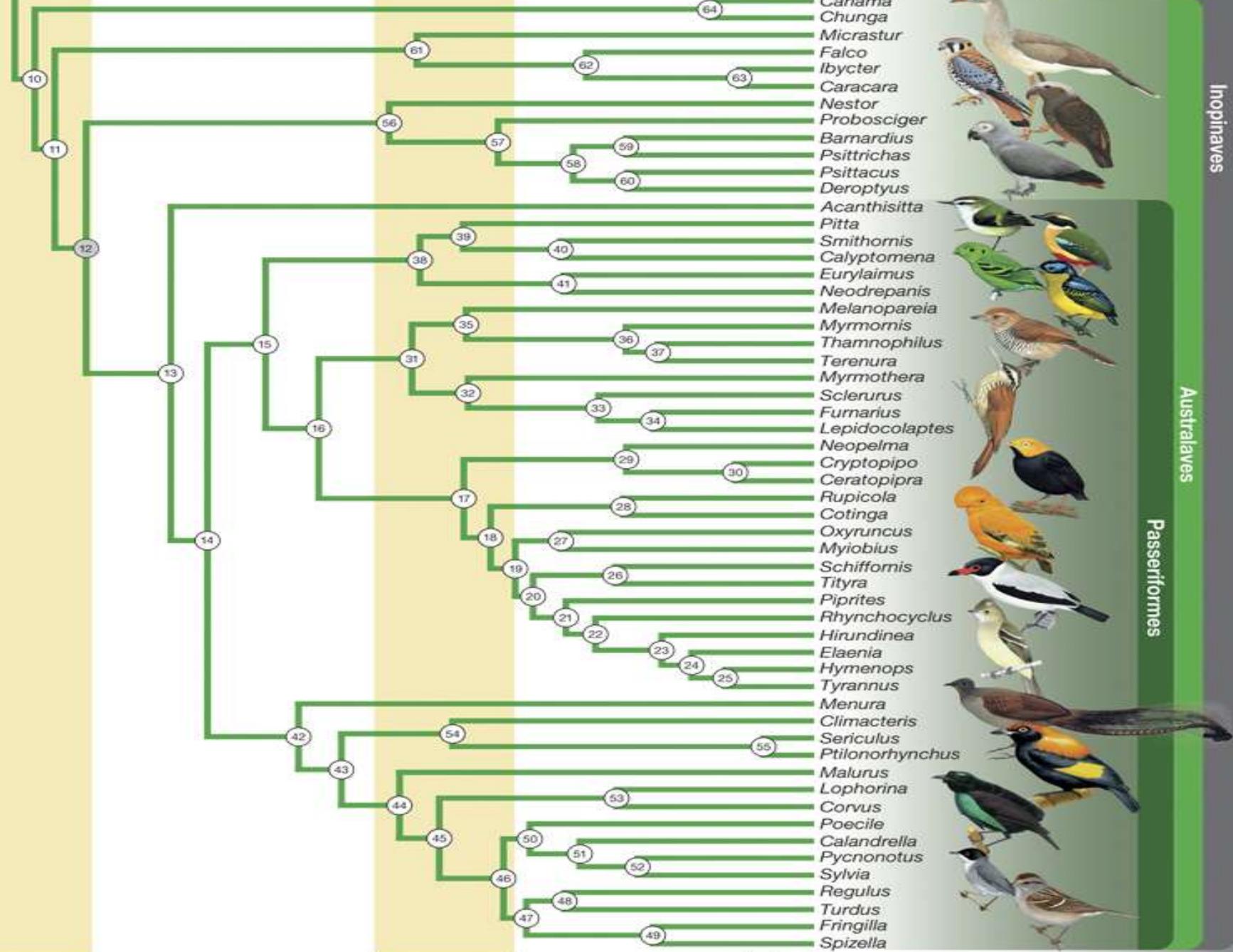
Accipitriformes

Coraciimorphae

Inopinaves

Neaves continued





Upper	Palaeocene	Eocene	Oligocene	Miocene	Pli.	Ple.
Cretaceous	Palaeogene			Neogene		Q.

Systematische Anordnung der Familien wird sich ändern Bird guides & Handbücher

traditionell

- Seetaucher & Lappentaucher
- Sturmtaucher, Tölpel
- Pelikane, Kormorane
- Reiher, Störche
- Flamingos
- Schwäne, Gänse, Enten
- Greifvögel
- Limikolen, Möwen, Seeschwalben
- Tauben
- Racken, Segler
- Eulen, Nachtschwalben
- Spechte
- Sperlingsvögel

Aktuell: IOC World Bird List

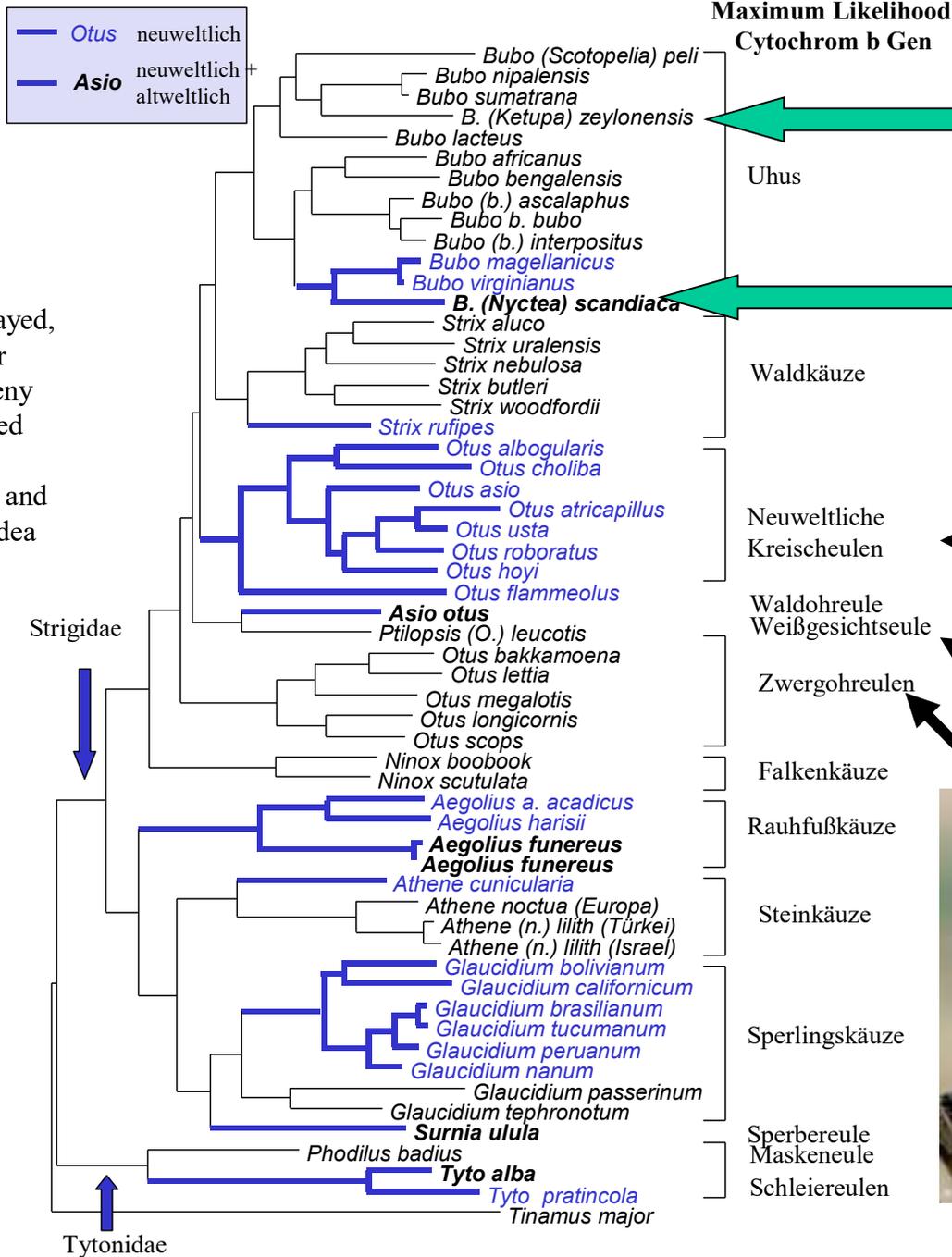
- Gänse, Enten, Schwäne
- Fasane, Hühner, Raufußhühner
- Nachtschwalben, Segler, Kolibris
- Kuckucke, Trappen
- Tauben, Sandflughühner
- Kraniche, Rallen
- Lappentaucher, Flamingos
- Limikolen, Möwen, Seeschwalben
- Seetaucher
- Pinguine, Röhrennasen
- Kormorane, Reiher, Ibis, Störche
Pelikane
- Adler, Geier, Bussarde & Co
- Eulen, Mausvögel
- Racken, Spechte
- Papageien, Falken
- Sperlingsvögel

DNA-Analytik & Systematik

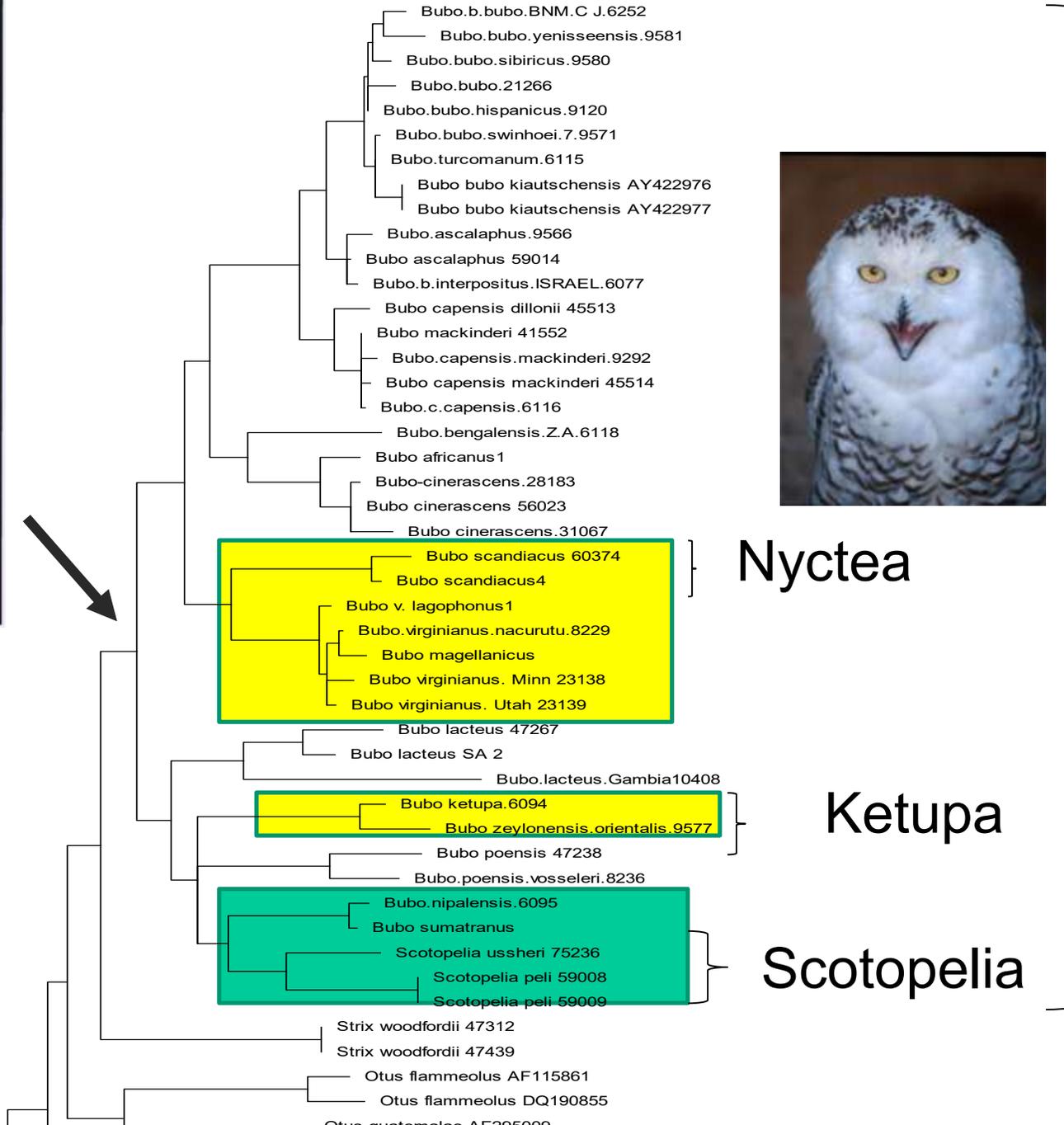
nicht nur die Großsystematik ändert sich, sondern auch die Systematik auf Gattungs- und Artebene

- Vermeidung von para- oder polyphyletischen Gruppen (Kladistik)
 - nur monophyletische Gruppen sind erlaubt
- Lumping von Gattungen
- Splitting von Gattungen
- Splitting von Artkomplexen
- Identifizierung kryptischer Arten

Eulen



Wink, M., Abdel-Aziz El-Sayed, Hedi Sauer-Gürth, and Javier Gonzalez Molecular phylogeny of owls (Strigiformes) inferred from DNA sequences of the mitochondrial cytochrome b and the nuclear RAG-1 gene. *Ardea* 97, 209-219, 2009



Bubo

Nyctea

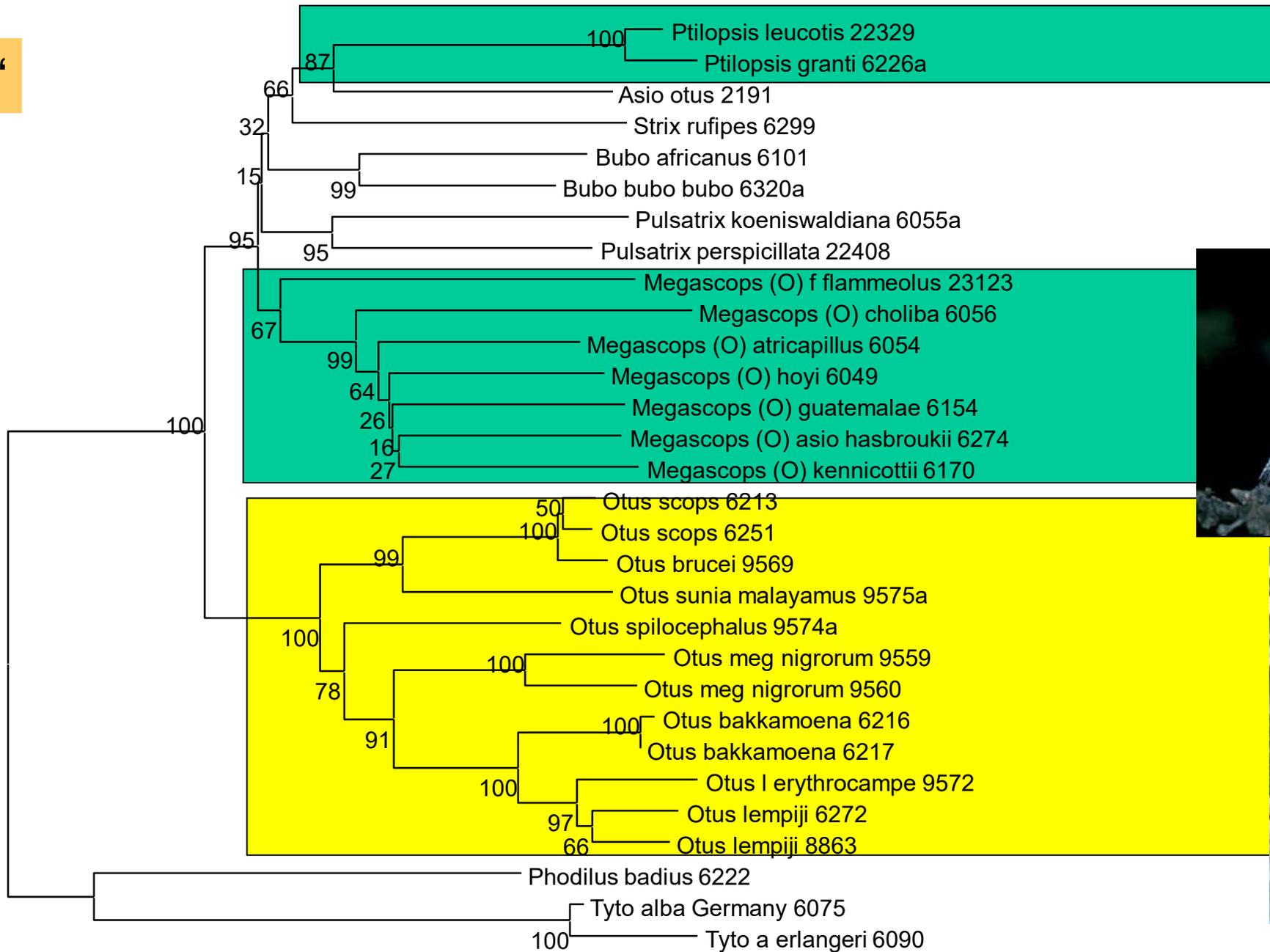


Ketupa



Scotopelia

„Otus“



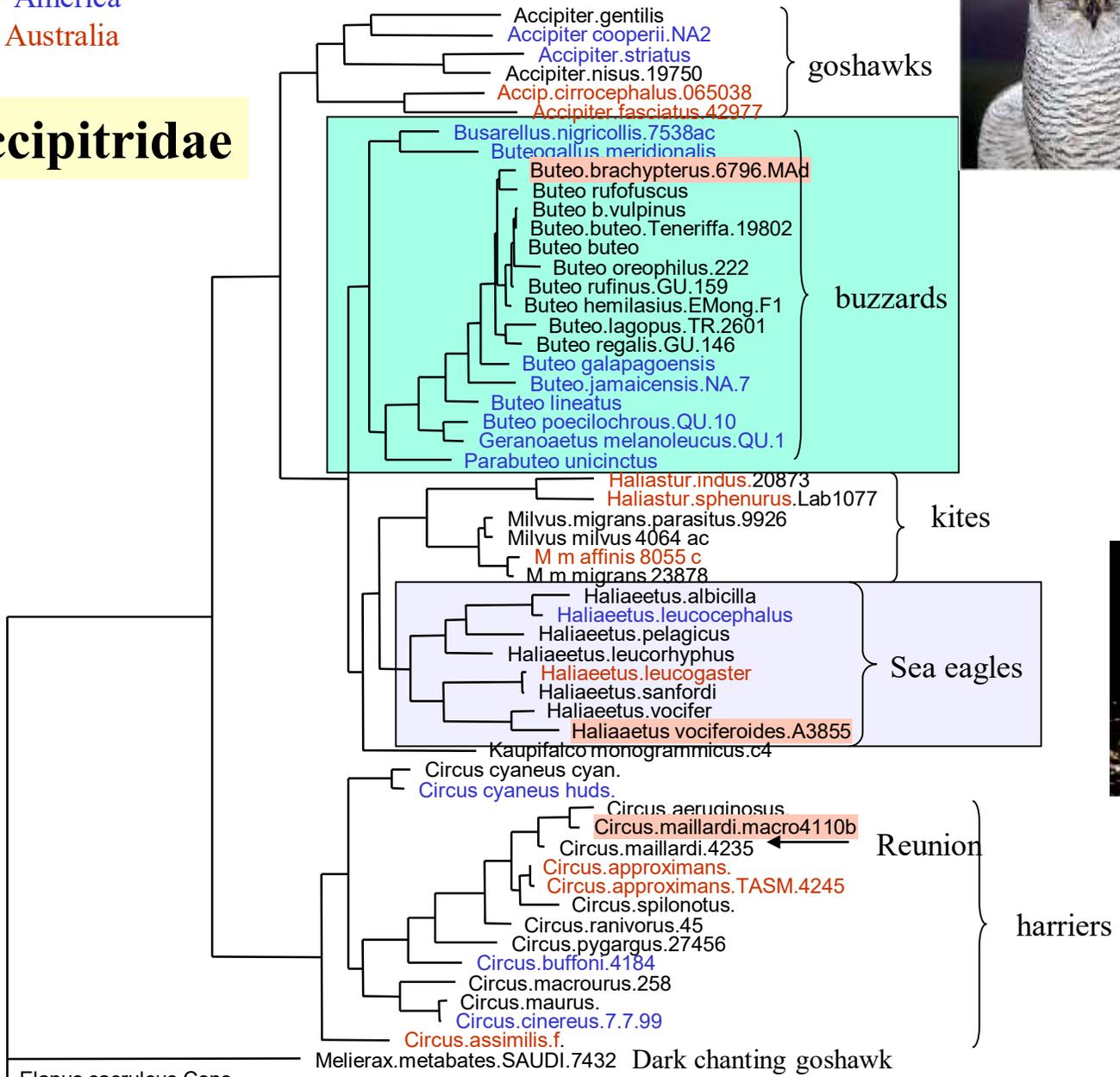
Taxonomische Änderungen

- Gattung *Otus* wurde gesplittet:
 - *Ptilopsis* (Afrika)
 - *Megascops* (Neuwelt- Otus)
 - *Otus* (Altwelt-Otus)
- Gattung *Bubo* wird umfassender
 - *Nyctea scandiaca* → *Bubo scandiacus*
 - *Ketupa* → *Bubo*
 - *Scotopelia* → *Bubo*
- *Ninox superciliaris* → *Athene superciliaris*
- *Tyto*, *Glaucidium*, *Megascops*, *Athene*
 - Einige „neue“ Arten aufgrund von DNA-Unterschieden
 - Rufe und Verbreitung
 - Artenkomplexe mit unbekanntem Arten
- Hohe Philopatrie → allopatrische Artbildung

Blue= America

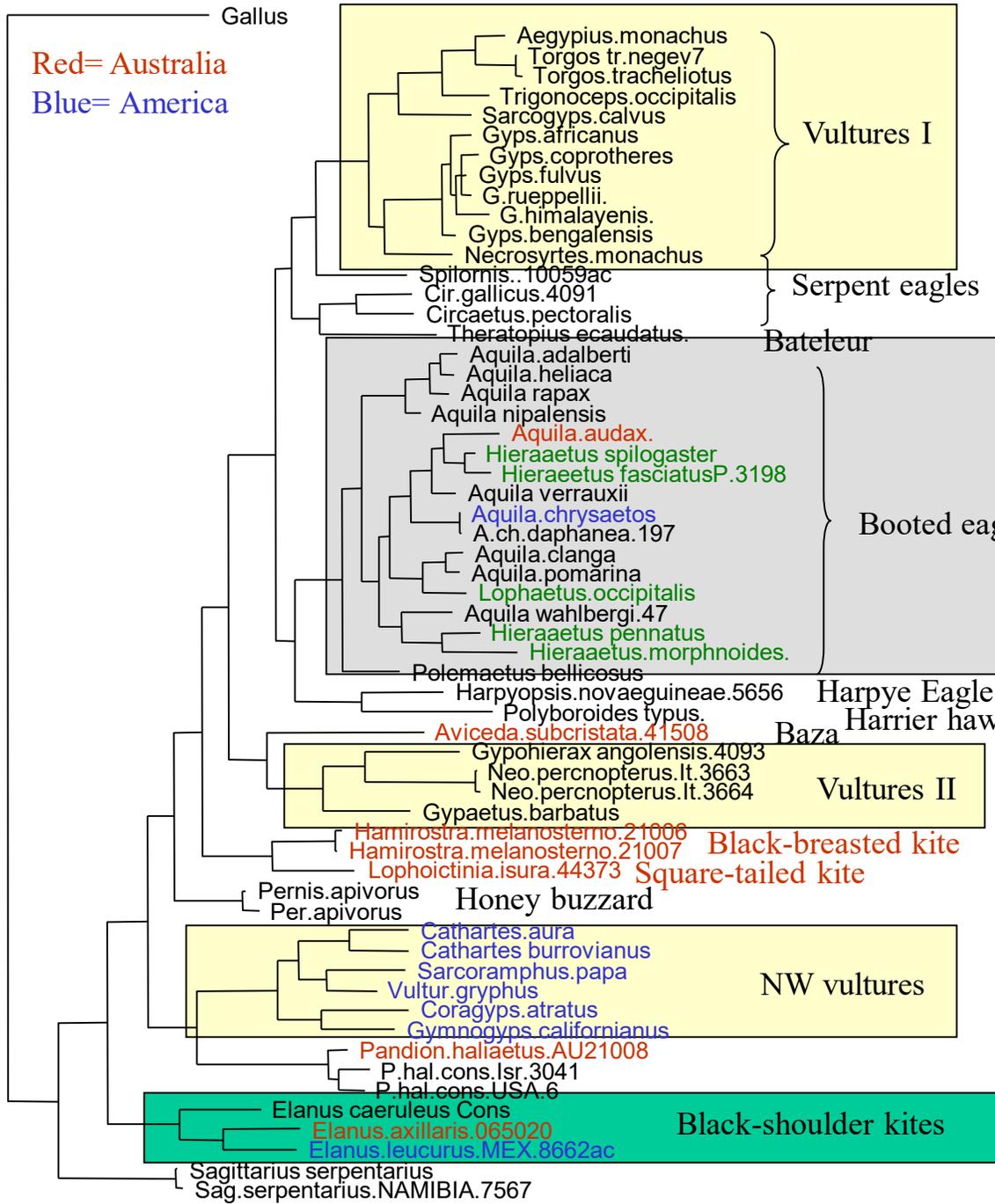
Red= Australia

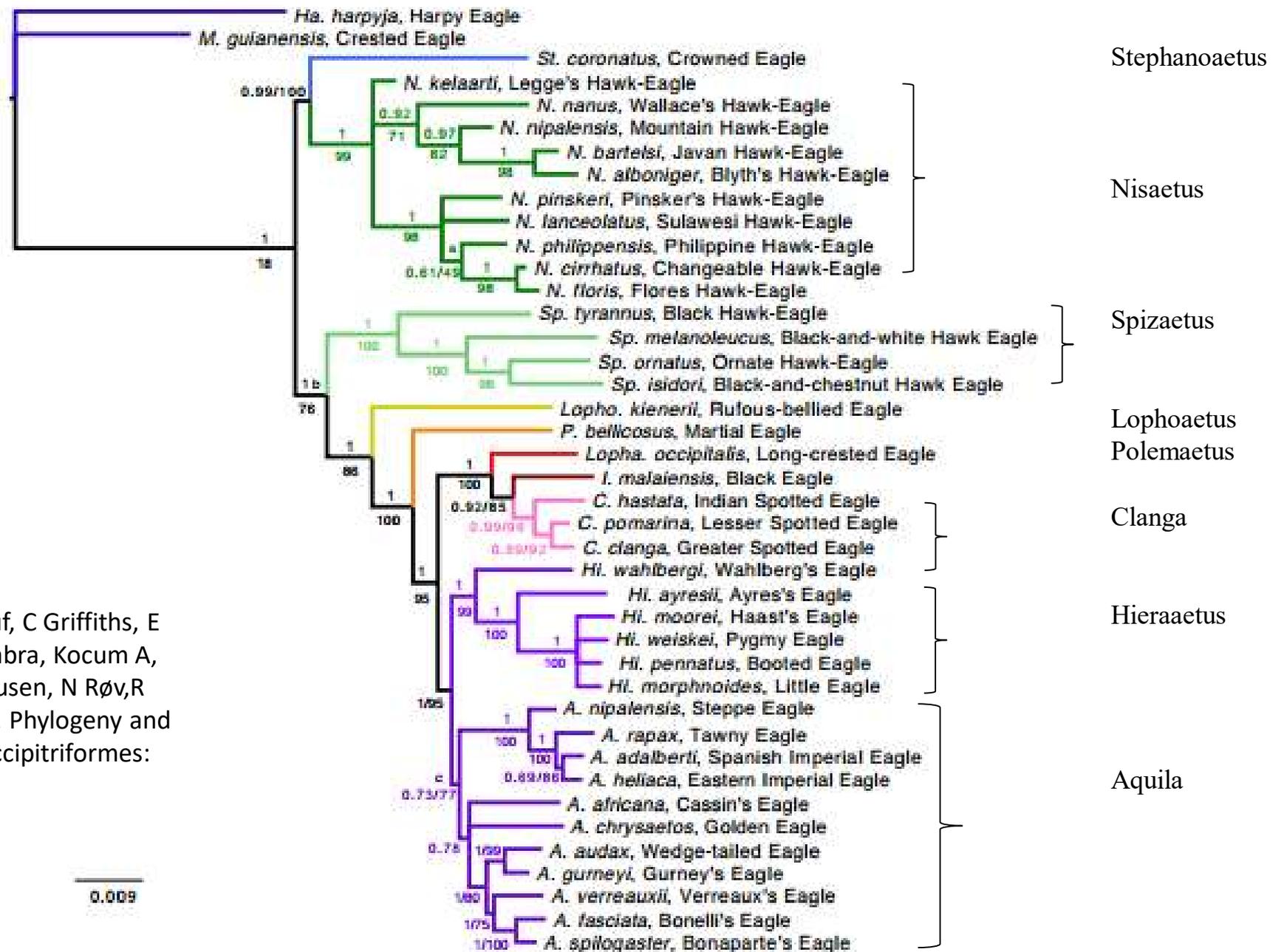
Accipitridae



— 10 changes







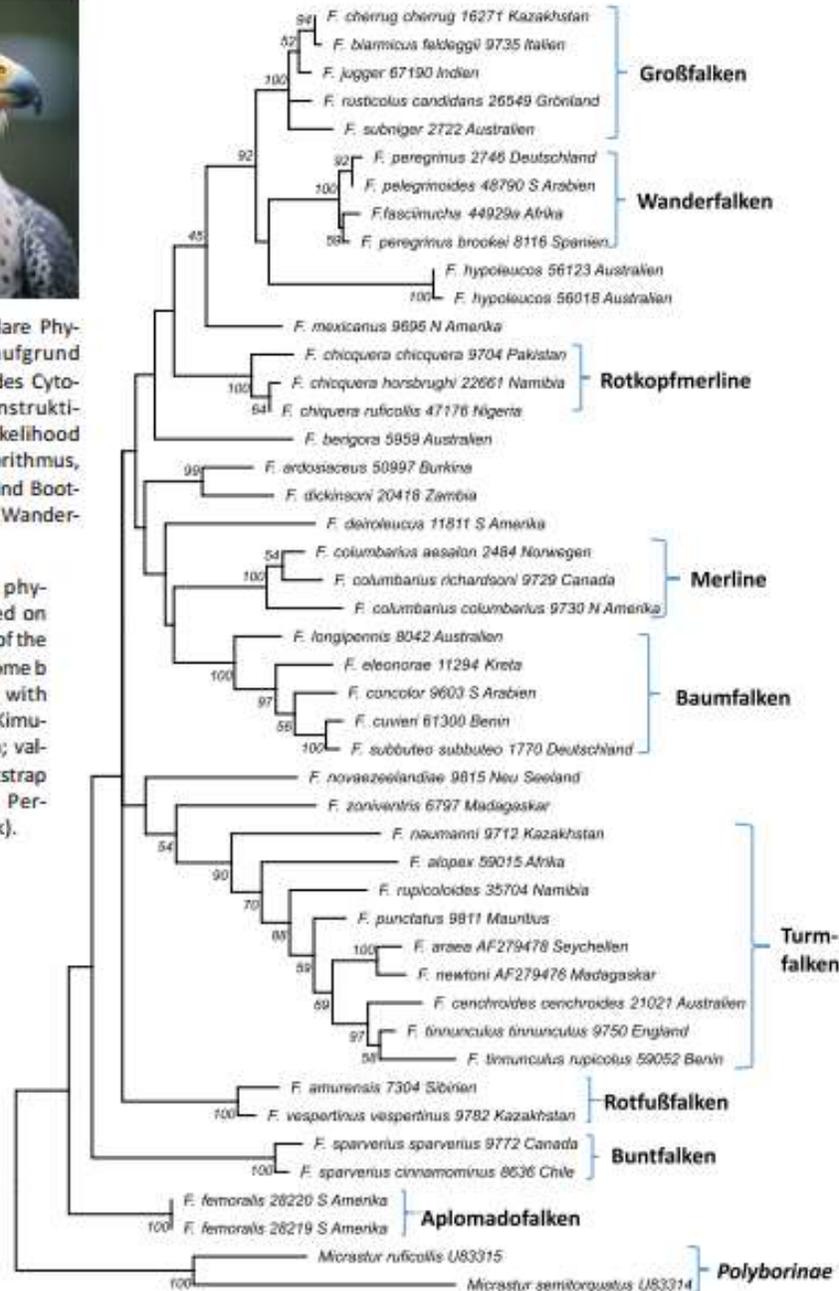
Lerner H, M Braun, I Christidis, A Gamauf, C Griffiths, E Haring, W Holznagel, C Huddleston, S Kabra, Kocum A, M. Krosby, K.Kkvaløy, D Mindell, P. Rasmusen, N Rø, R Wadleigh, **M Wink**, JO Gjershaug **2017**. Phylogeny and New Taxonomy of the Booted Eagles (Accipitriformes: Aquilinae). Zootaxa, 4216: 301-320

Falken



Abbildung 3: Molekulare Phylogenie der Falken aufgrund von DNA-Sequenzen des Cytochrom b-Gens. Rekonstruktion über Maximum Likelihood (Kimura2-Distanz-Algorithmus, Werte an den Ästen sind Bootstrapwerte in %). Foto: Wanderfalke (M. Wink).

Figure 3: Molecular phylogeny of falcons based on nucleotide sequences of the mitochondrial cytochrome b gene. Reconstruction with Maximum Likelihood (Kimura2-distance algorithm; values at nodes are bootstrap values in %). Photo: Peregrine Falcon (M. Wink).



RAG1+Cytb

Lanner

- F b biarmicus 9738 SAF
- F b biarmicus 9739 SAF
- F biarmicus 7316 SAF
- F biarmicus 16497 SAF
- F biarmicus 16490 SAF
- F biarmicus 16491 SAF
- F biarmicus 16492 SAF
- F biarmicus 16493 SAF
- F biarmicus 16486 SAF
- F biarmicus 16488 SAF
- F b feldeggi 9735c Italy



Saker

- F cher cyanopus 24060 Nost
- F jugger 9695
- F cherrug 2033 Mong
- F cherrug 9648a Turkey
- F cherrug 2025 Mong
- F cherrug altai 9654
- F cherrug altai 9653
- F cherrug 23011 Russ
- F cherrug 23012 Russ
- F cherrug 16270 Kas
- F cherrug 16271 Kas
- F cherrug 9650a Afghanis
- F cherrug 9650b Afghanis



Lugger/ Rußfalke

- F subniger 2722 Aust
- F jugger 9693 Indian
- F jugger 9693c Bendarek
- F jugger 28221a UK
- F jugger 28221b UK



Ger

- F rust 9688 OstseeSibirien
- F rust 33799 Nor
- F rusticolus 9689 Gronland
- F rusticolus 26549 Gronland
- F rusticolus 9690 Gronland



- F per brookei 8117 Span
- F pelegrinoides 944 Dubai
- F peregrinus 11795 Russ
- F mexicanus 9696 NA
- F sparverius 8636 Chile
- F femoralis 28219a UK
- F naumanni 9107 Isr
- F rupicoloides 33235 SAF
- F tinnunculus 2591 Nor

0.005



DNA-Analytik und Vogelsystematik

- ✓ Vermeidung von para- oder polyphyletischen Gruppen
- ✓ Splitten von Gattungen: monophyletische Gruppen als neue Gattungen abgetrennt
- Aufsplitten von Artkomplexen in Einzelarten
- Erkennen von (kryptischen) neuen Arten



z.B. Schwarzkehlchen in

- Europäisches Schwarzkehlchen
- Afrikanisches Schwarzkehlchen
- Sibirisches Schwarzkehlchen

Aktuelle Übersicht in: IOC World Bird List
<http://www.worldbirdnames.org>

Heute 10 300 Arten

→ 2030 vermutlich >18 000 Arten

**Warnung: Unsere Ergebnisse sind Hypothesen,
die sich bei neuer Erkenntnis weiter ändern können**

Gliederung

- ✓ Grundlagen der molekularen Evolutions- und Biodiversitätsforschung
- ✓ Evolution der Vögel- Neue Systematik
- ✓ Verwandtschaftsbeziehungen bei Eulen, Greifvögeln und Falken
- Phylogeographie
 - Kanarische Inseln
 - Südamerika
 - Eurasien

Rekonstruktion der Phylogeographie

→mtDNA:

- geeignet für philopatrische Inselarten oder tropische Regenwaldarten mit langen Speziationszeiten ohne Genfluss
- Weniger geeignet für junge Entwicklungslinien mit Introgression

Herausforderungen für Phylogeographieforschung

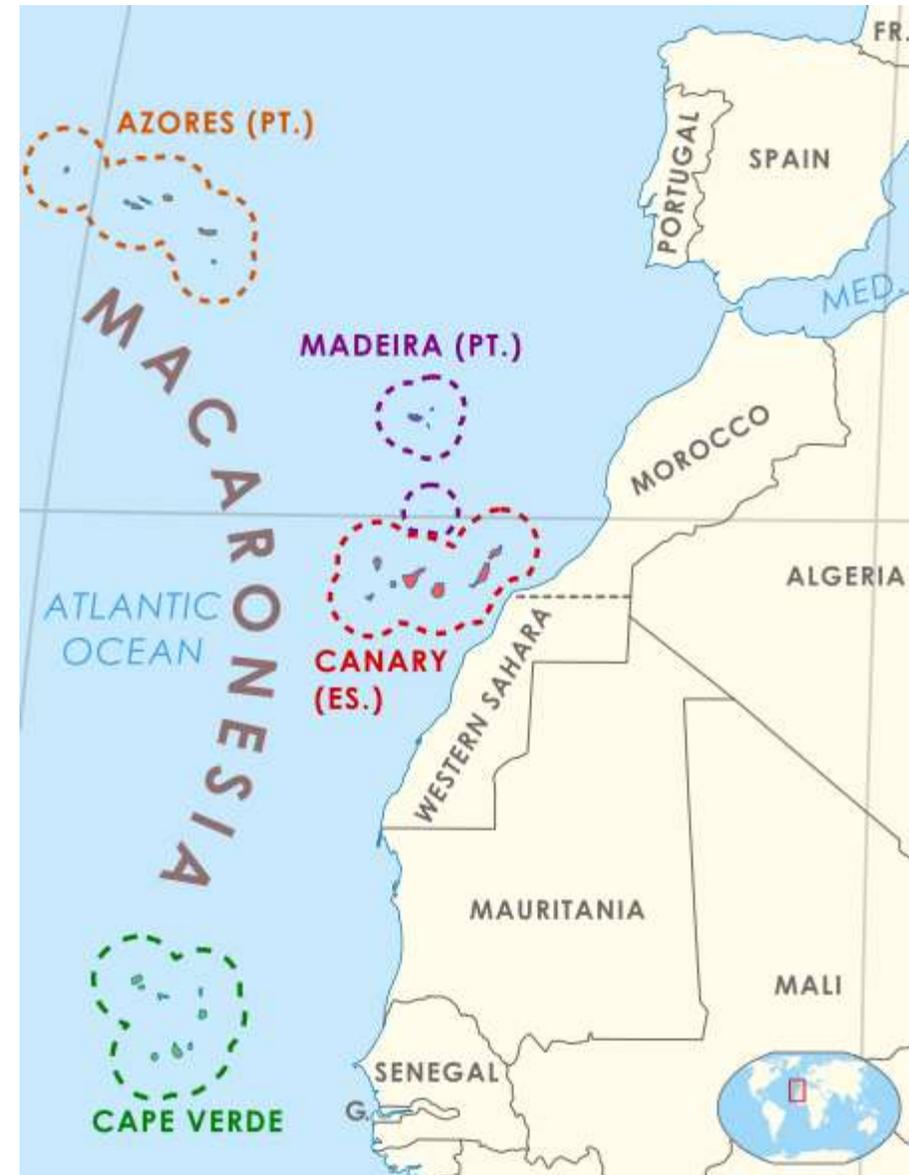
- Viele Proben (→ Kosten, Zeit, Probenbeschaffung)
- Aktuelle Verbreitung ist häufig das Ergebnis von jungen evolutionären Ereignissen
 - Bedarf für hochauflösende und hochvariable DNA-Marker
 - mtDNA
 - Mikrosatelliten
 - **Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs)**
 - → NGS (→ Reduktion der Komplexität & Kosten)
 - RADSeq

Phylogenie & Phylogeographie auf ozeanischen Inseln?

Makaronesien

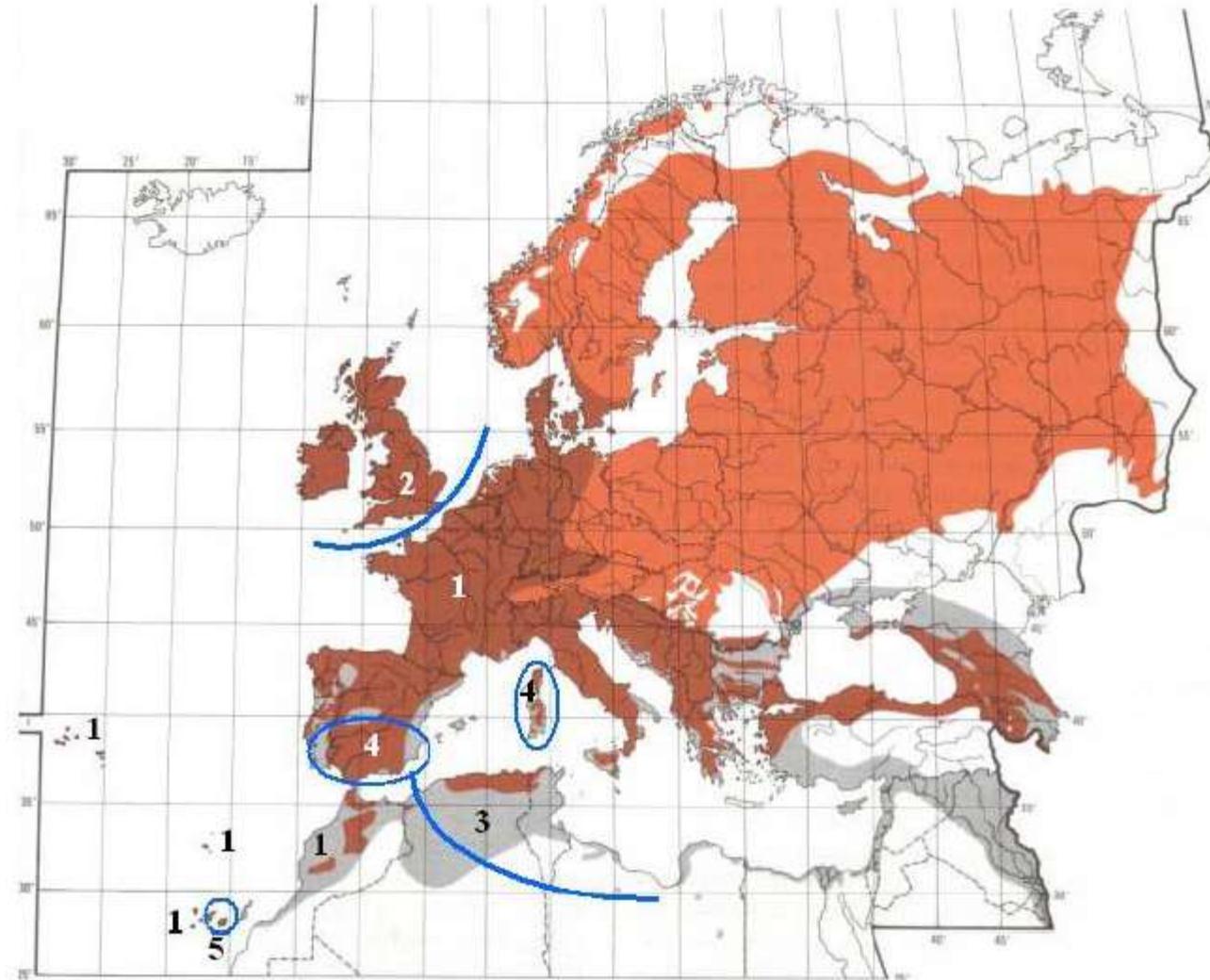
82 Brutvogelarten

- 21 endemische Arten
- 70 endemische Unterarten

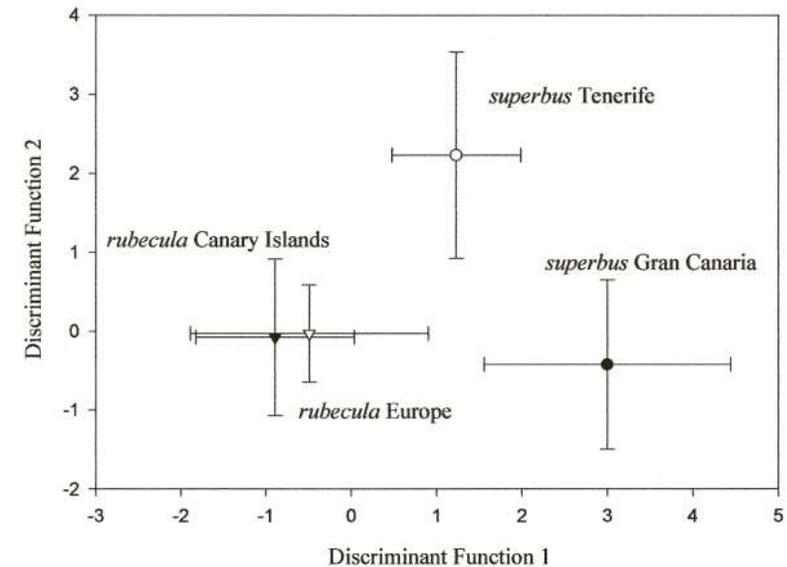
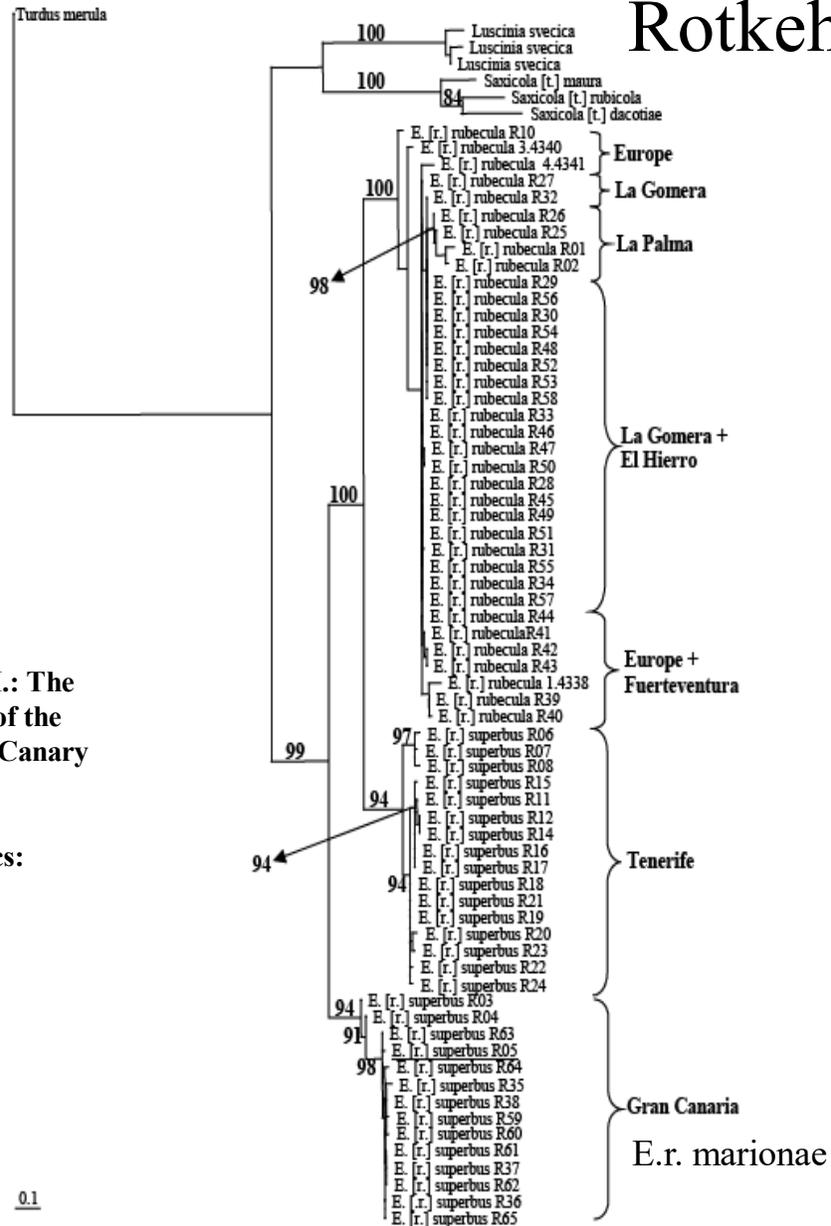


Rotkehlchen (*Erithacus rubecula*)

1. *E. r. rubecula*
2. *E. r. melophilus*
3. *E. r. witherby*
4. *E. r. sardus*
5. *E. r. superbus*



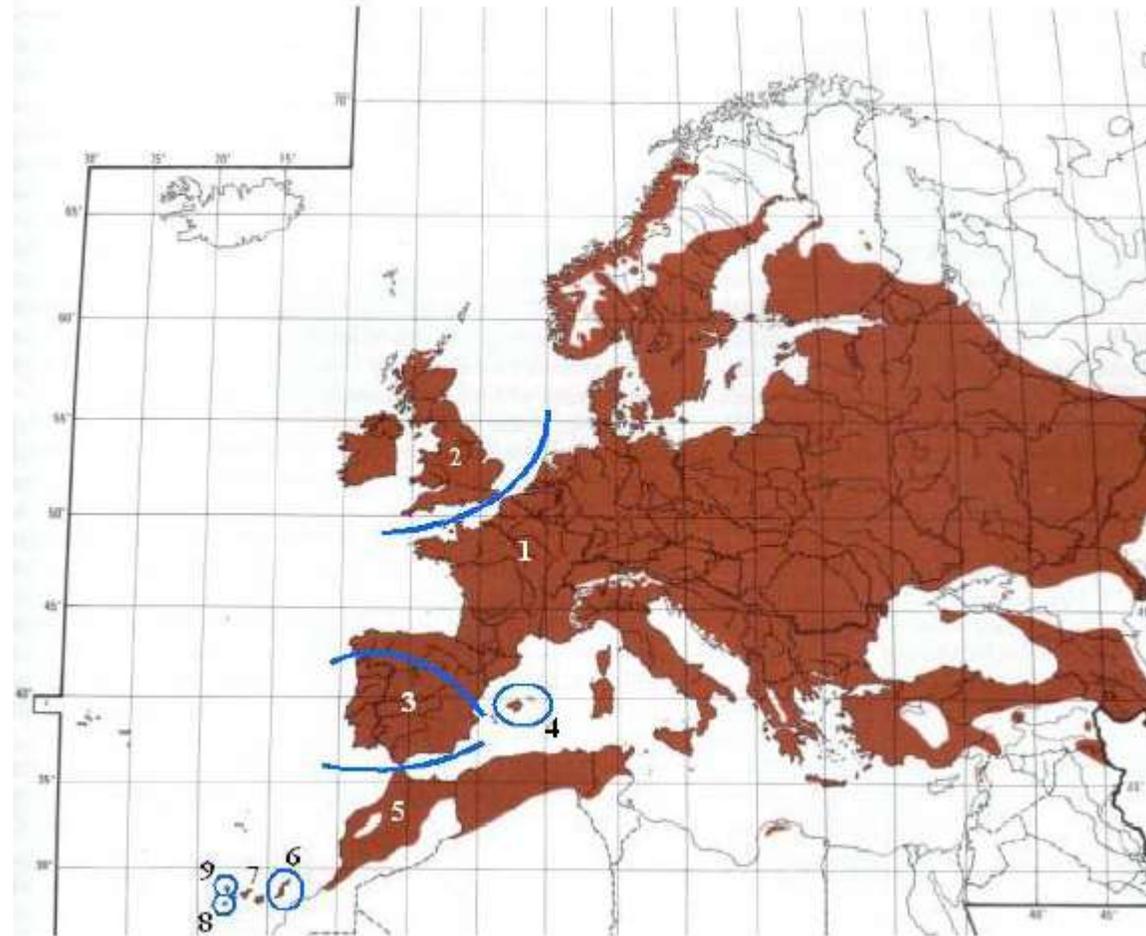
Phylogeographie der Rotkehlchen



Dietzen, C., Witt, H-H., Wink, M.: The phylogeographic differentiation of the robin *Erithacus rubecula* on the Canary Islands revealed by mitochondrial DNA sequence data and morphometrics: *Avian Science*, 3, 115-131, 2003

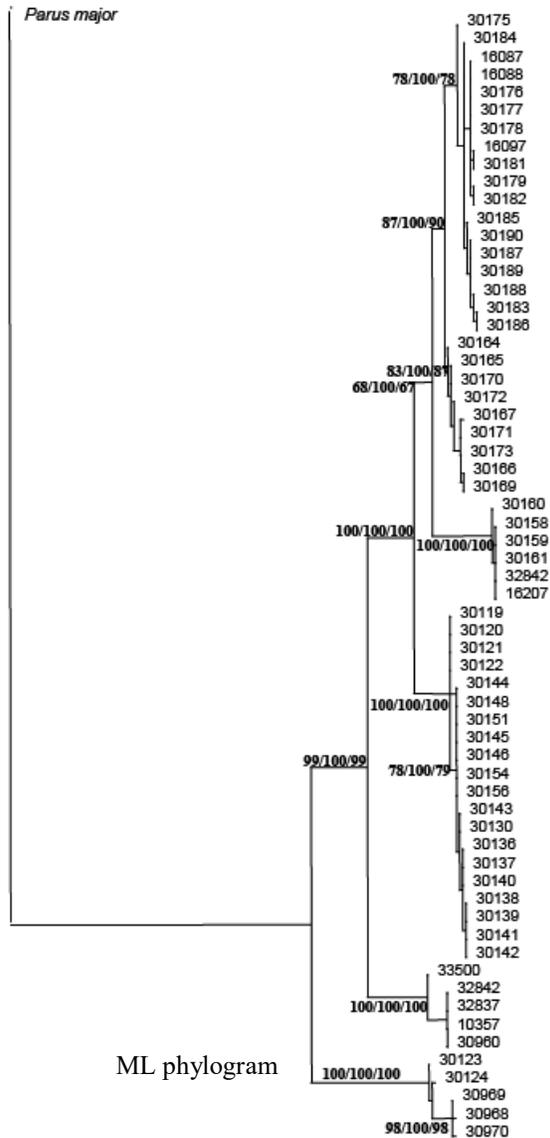
Verbreitung und Systematik der Blaumeisen (*Cyanistes teneriffae* – Gruppe)

1. *C. caeruleus caeruleus*
2. *C. c. obscurus*
3. *C. c. ogilastreae*
4. *C. c. balearicus*
5. *C. teneriffae ultramarinus*
6. *C. t. degener*
7. *C. t. teneriffae*
8. *C. t. ombriosus*
9. *C. t. palmensis*



Christian Dietzen, Eduardo Garcia del Rey, Guillermo Delgado Castro and Michael Wink
The phylogeography of the blue tit (*Parus caeruleus teneriffae* – group) on the Canary Islands based on mitochondrial DNA sequence data and morphometrics. *J. Ornithology* 149 1-12, 2008

Phylogeographie der Blaumeisen



teneriffae
Tenerife / La Gomera

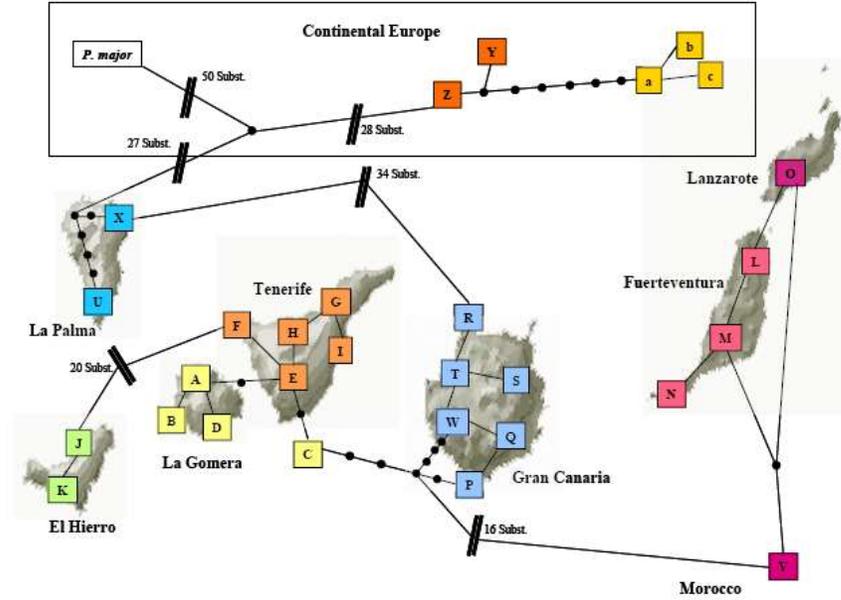
'teneriffae'
Gran Canaria

ombriosus
El Hierro

degener / ultramarinus
Fuerteventura, Lanzarote,
Morocco

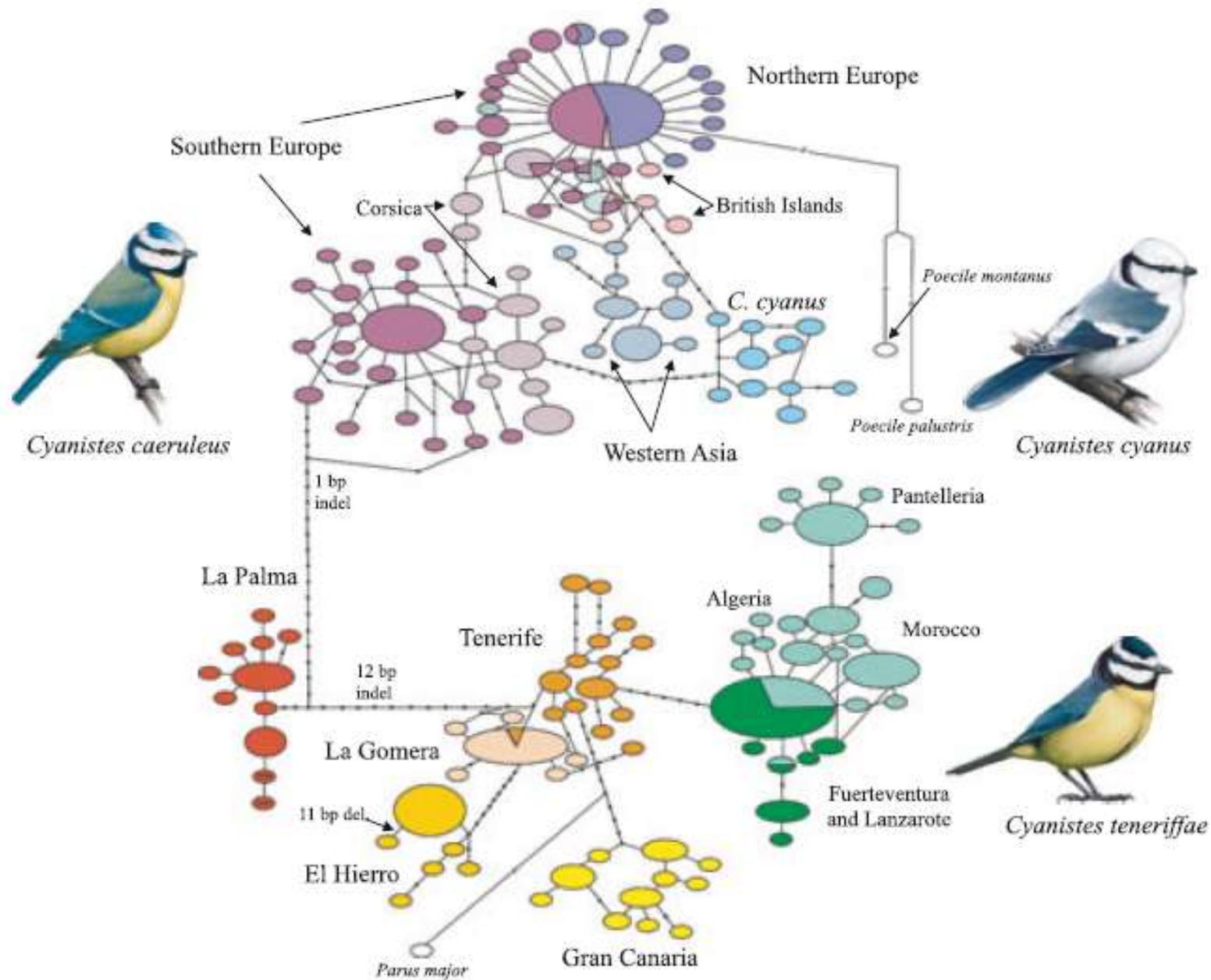
palmensis
La Palma

caeruleus / ogliastrae
France, Portugal



Ähnlich bei

- Fringilla coelebs
- Regulus regulus
- Phylloscopus canariensis
- Erithacus rubecula



The evolutionary history of Afrocanarian blue tits inferred from genomewide SNPs

JOSTEIN GOHLI,* ERICA H. LEDER,† EDUARDO GARCÍA-DEL-REY,‡ LARS ERIK JOHANNESSEN,† ARILD JOHNSEN,† TERJE LASKEMOEN,† MAGNUS POPP† and JAN T. LIJFELI*
 *University Museum of Bergen, P.O. Box 7800, 5007 Bergen, Norway, †Natural History Museum, University of Oslo, P.O. Box 112 Blindern, 0318 Oslo, Norway, ‡Division of Genetics and Physiology, Department of Biological Sciences, University of Turku, Vuolteenkatu 5, 20014 Turku, Finland, §Museum Institute of Field Ornithology, C/Estrada 16/166 11-3, 36004 Santa Cruz de Tenerife, Spain

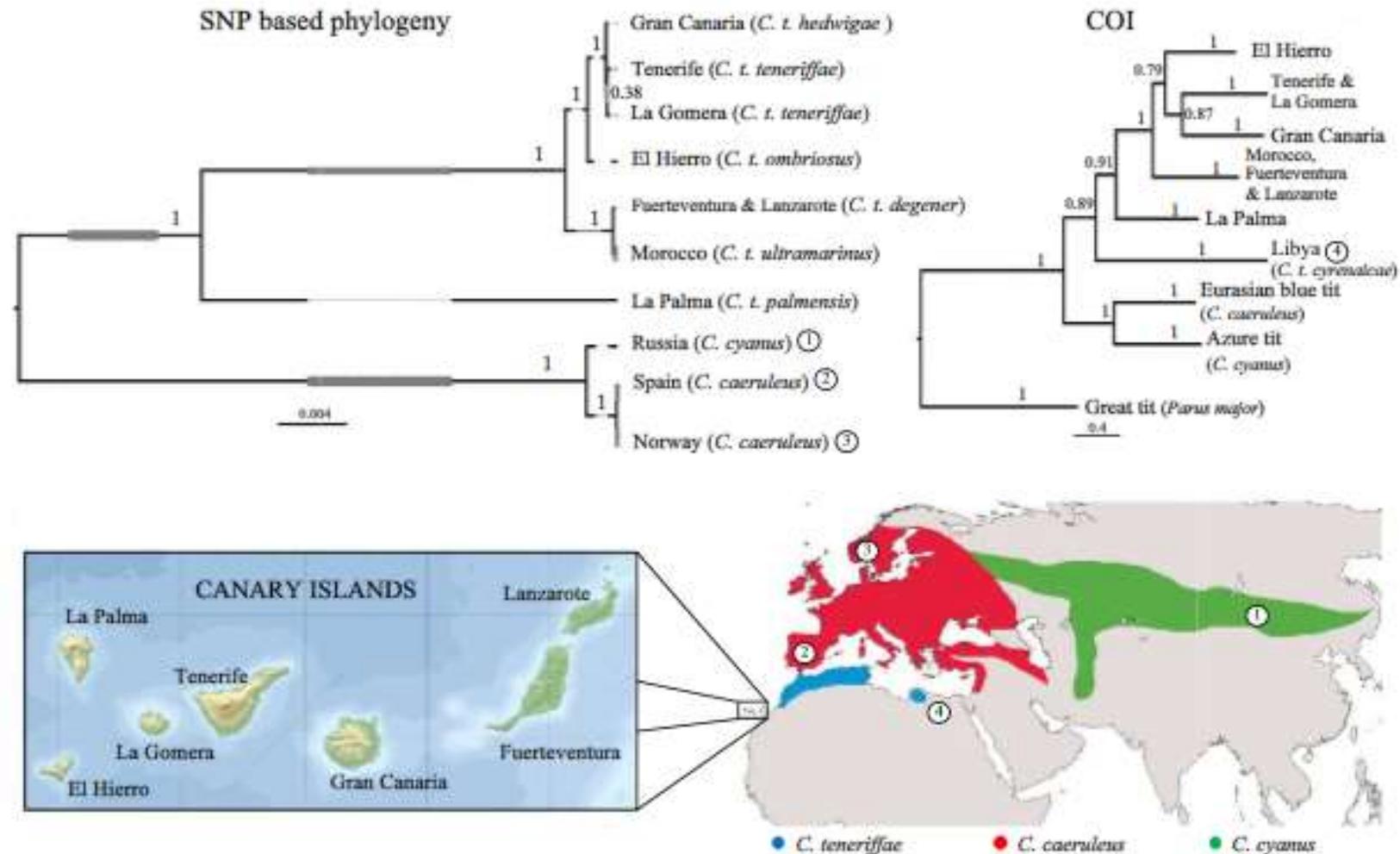


Fig. 2 A SNP-based phylogeny and a mitochondrial gene tree for blue tits (*Cyanistes* spp.) on the Canary Islands and nearby continents. The SNP-based phylogeny is inferred from a data set of 2000 SNPs and 59 individuals, and the coalescent software *SNAPP*. Theta (θ) values for the SNP-based phylogeny are indicated by branch width (grey boxes). The Eurasian blue tit branch contains samples from Norway, Sweden and Spain. The sister species of *C. caeruleus*, the azure tit (*Cyanistes cyaneus*), is also included. All branches annotated with geographical locations (as opposed to species name) are Afrocanarian blue tits (*Cyanistes teneriffae*). The support values on terminal branches in the *COI* phylogeny are for the monophyly of the groups of individuals representing distinct populations. Scale bars indicate expected number of substitutions per site, and branch labels are posterior probabilities in both phylogenies. The sample localities of the two *C. caeruleus* populations and the *C. cyaneus* population are indicated by circled numbers on the phylogeny and the map of Eurasia and North Africa.

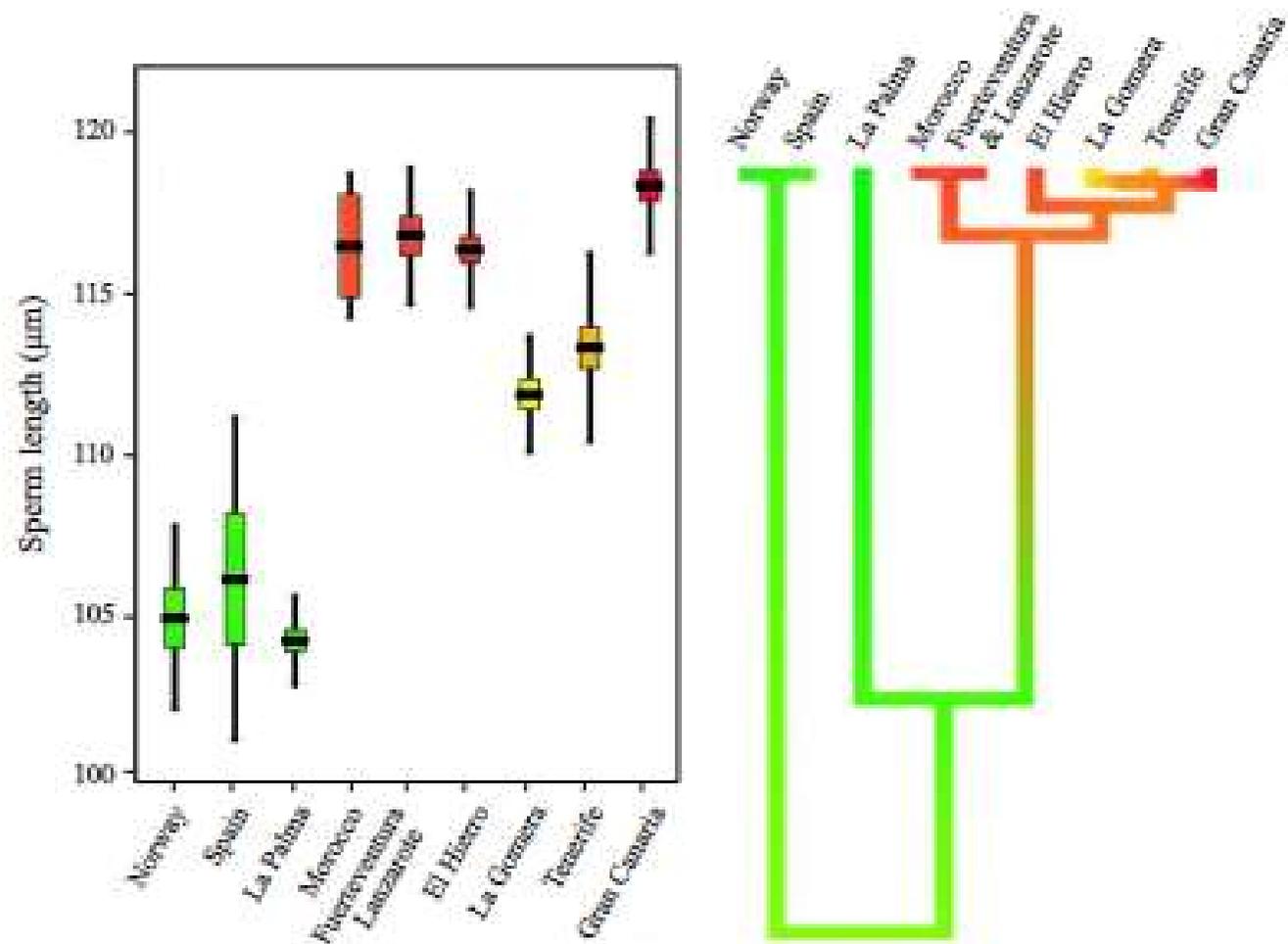
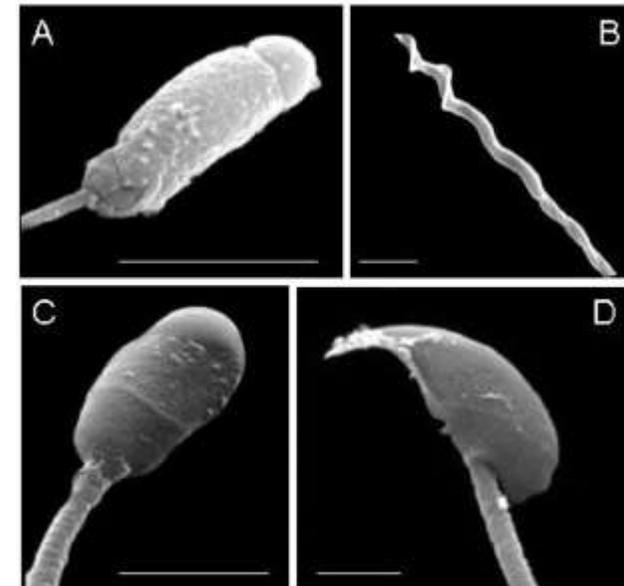


Fig. 4 Sperm length differentiation in relation to phylogeny of blue tit populations. Left: Box plot of sperm lengths (horizontal line indicates population mean, coloured boxes are $\pm 1SE$, and whiskers are $\pm 1SD$; colours in boxes range from green to red with redder colours indicating longer sperm). Right: sperm lengths reconstructed for interior nodes and mapped onto the phylogeny (the SNPs tree, Fig. 2) with colour codes matching that in the box plot.



Hylophylax naevius (Thamnophilidae)

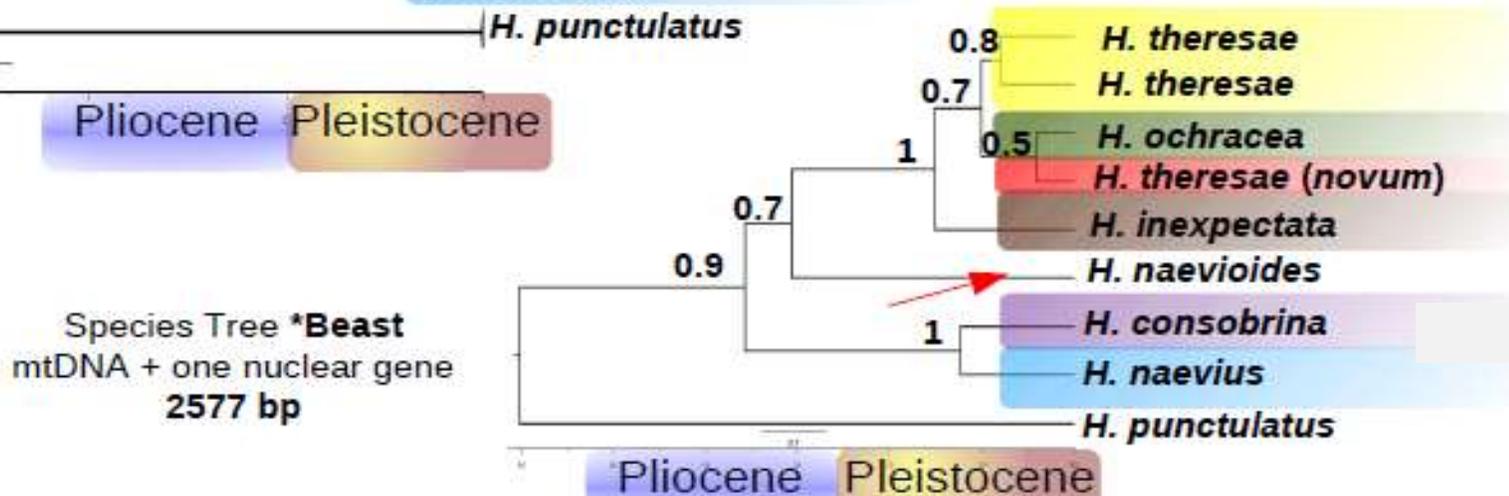
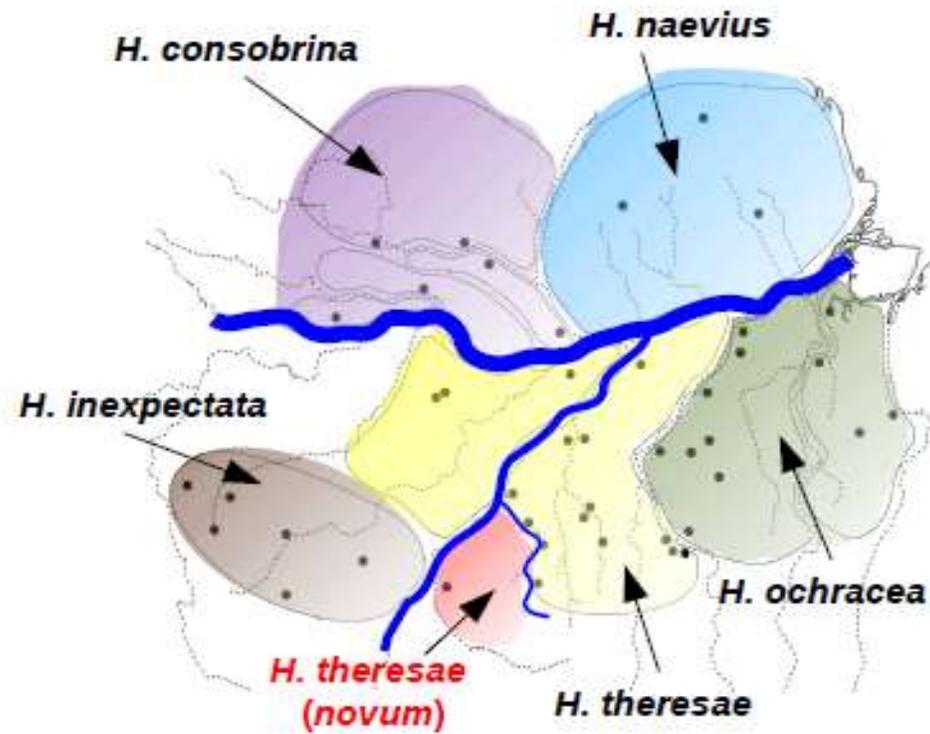
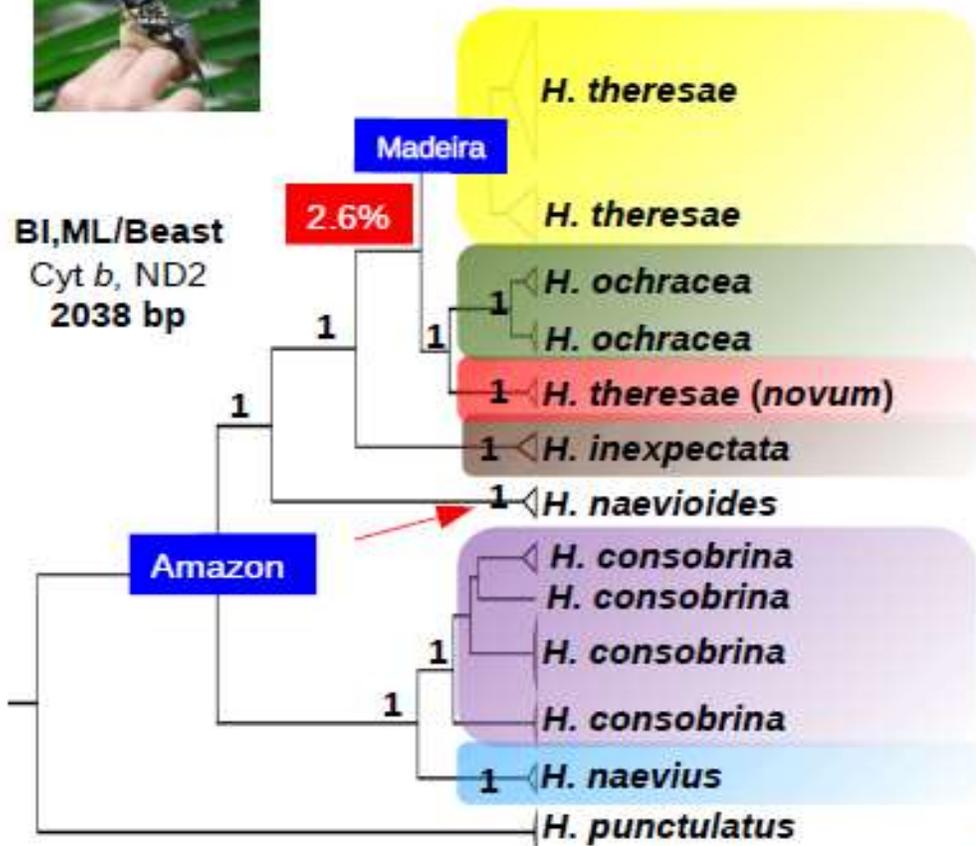
Ockerflecken-Ameisenwächter



➤ six subspecies

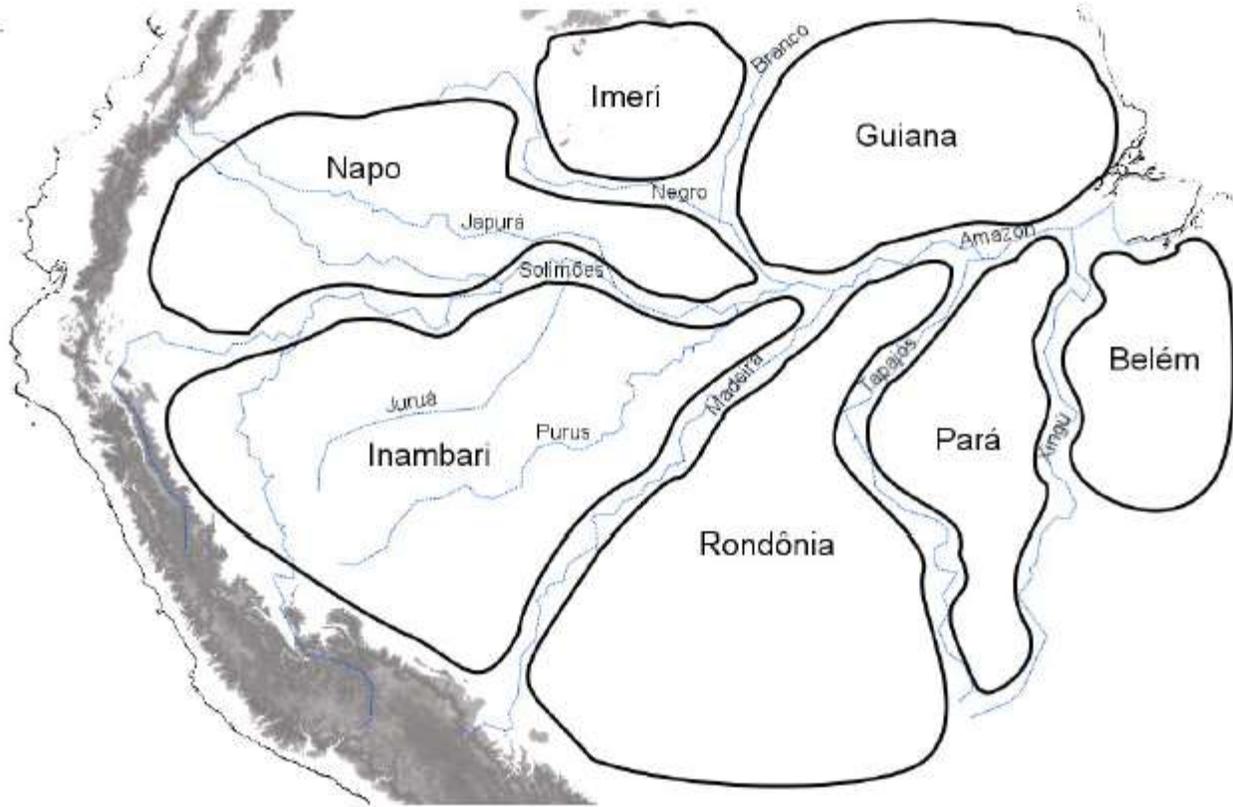
Habitat = *terra firme* (rainforest)

H. naevius, N = 80



Fernandes A, M Wink, C H. Sardelli, and A Aleixo 2014. Multiple speciation across the Andes and throughout Amazonia: the case of the Spot-backed Antbird species complex (*Hylophylax naevius* / *Hylophylax naevioides*). Journal Biogeography, 41: 1094-1104

Areas of bird endemism in the Amazon



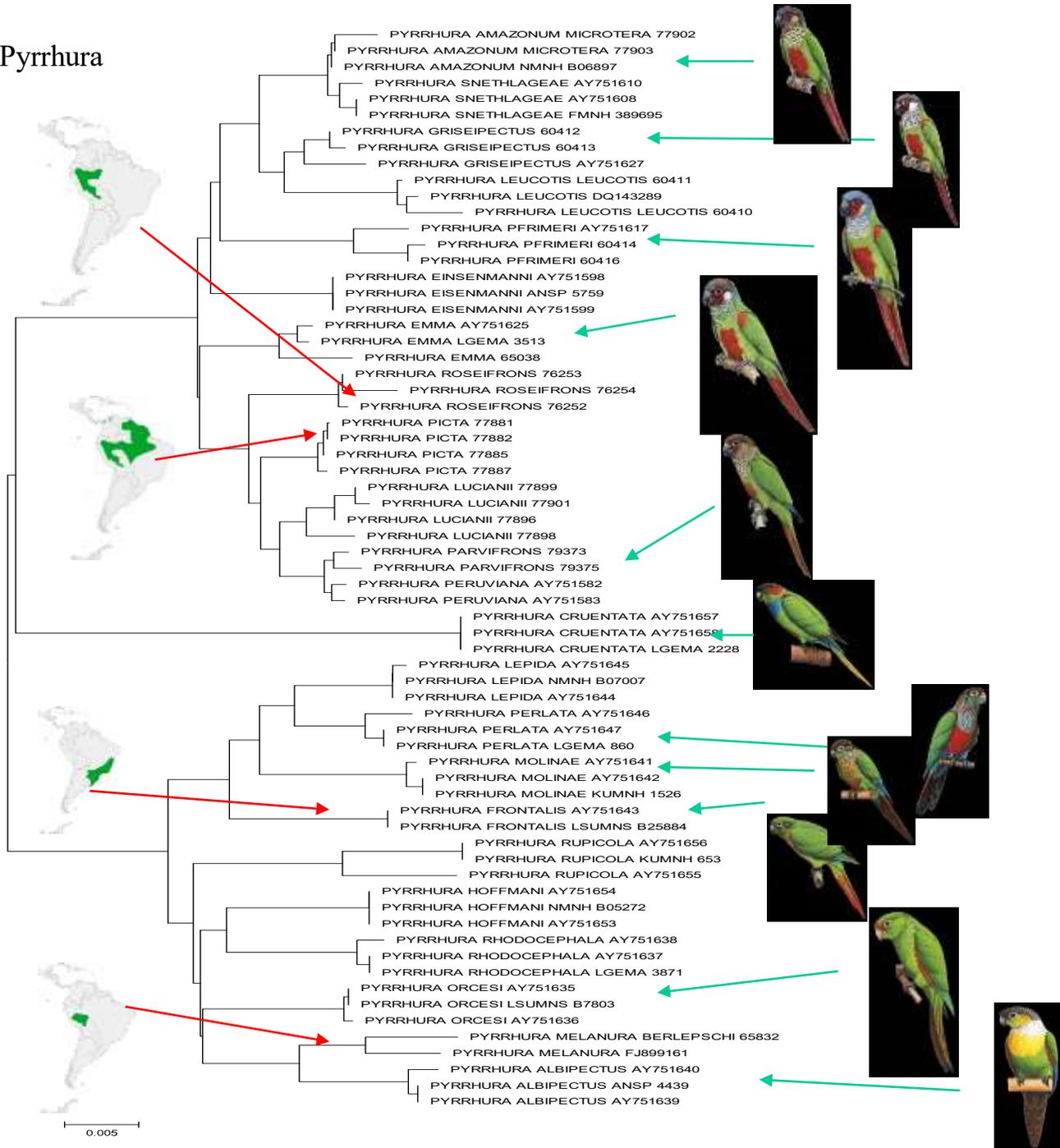
Flusssysteme bilden Barrieren
→ allopatrische Artbildung

Amazonia ≈ 1300 bird species¹

8–9 centers of endemism²

¹Ridgely et al., 2003; ²Cracraft, 1985

Pyrrhura



Phylogenie der Rotschwanzsittiche (cyt b)

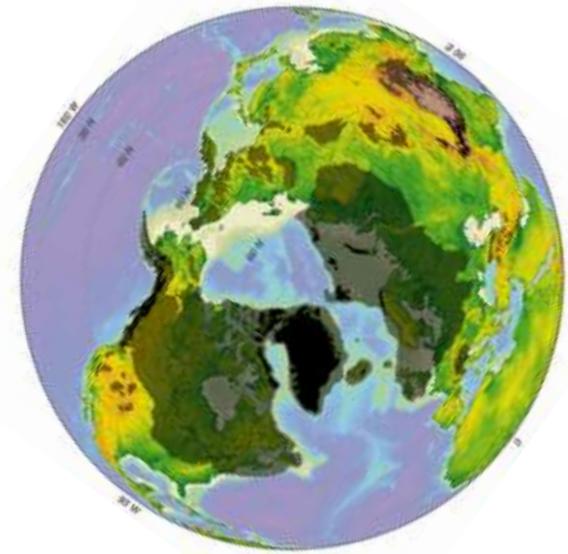
Arndt, T., M Wink 2017. Molecular systematics, taxonomy and distribution of the *Pyrrhura picta-leucotis* complex. Open Ornithology Journal, 10, 53-91

Radiation in den Anden

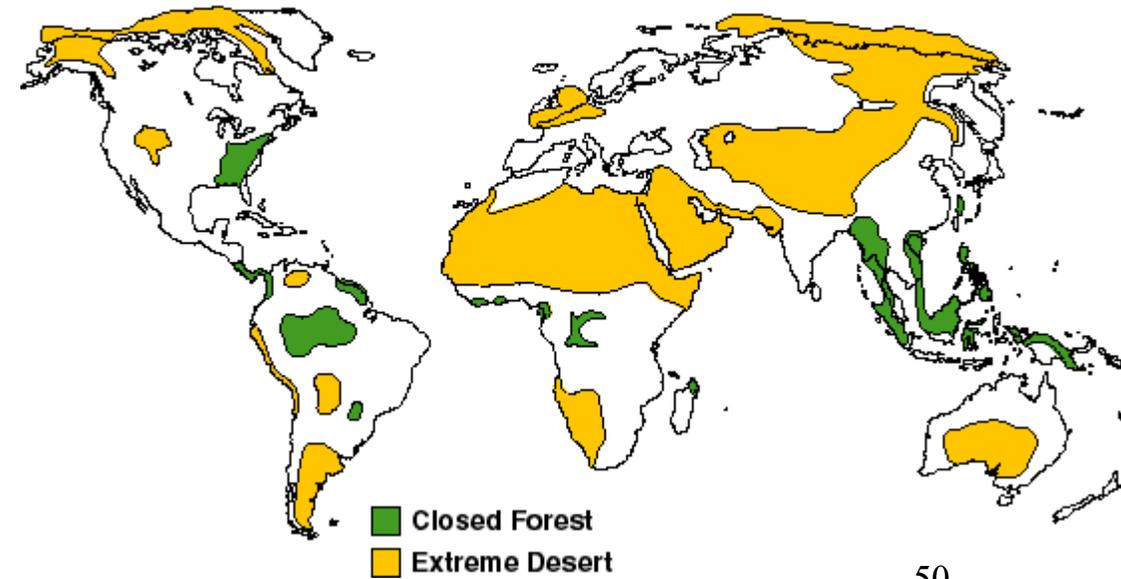
Orogenese im Eozän (vor 45 Mio Jahren)
Intensive Hebung der Zentralanden im Miozän (10-4 Mio)

Mögliche Gründe für Radiationen

- Vielfältige Gebirgsbildung mit isolierten Tälern und Bergen (→ Refugien)
- Vulkanismus
- Große Waldgebiete, die durch große Flüsse abgegrenzt werden
- Keine Eiszeiten in den Tropen/Subtropen
- Reduktion der Waldflächen bei Eiszeiten auf der Nordhemisphäre



Last Glacial Maximum (18,000 ¹⁴C years ago)



Phylogeographie eurasischer Vogelarten



Wiedehopf *Upupa epops*

U. e. epops- Europe

U. e. saturata- eastern Eurasien

U. e. longirostris

U. e. ceylonensis,

U. e. major

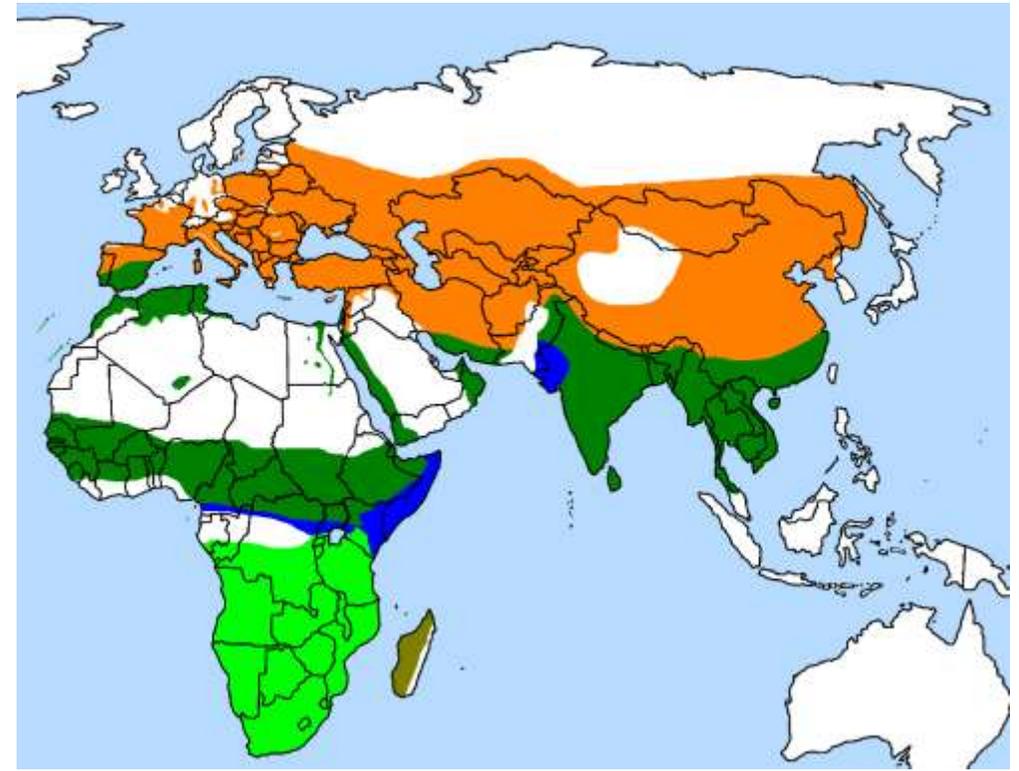
U. e. senegalensis

U. e. waibeli

U. e. africana

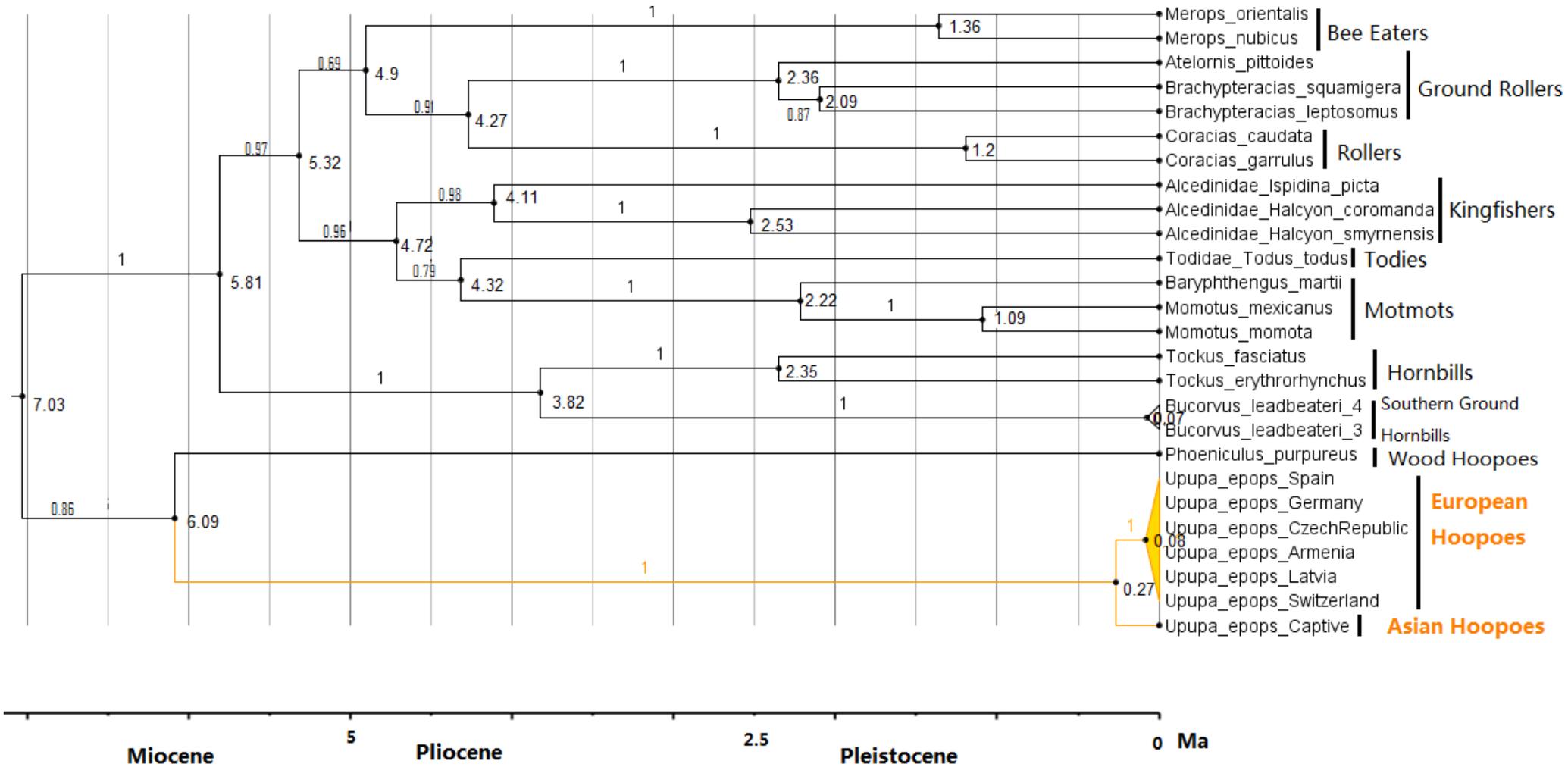
} SE Asia

} Africa



Wang E, R E. Van Wijk, M S Braun and **M Wink** 2017 · Gene flow and genetic drift contribute to high genetic diversity with low phylogeographical structure in European Hoopoes (*Upupa epops*), Molecular Phylogeny and Evolution, 113, 113-125

Speziation des Wiedehopfes (BEAST-Analyse)

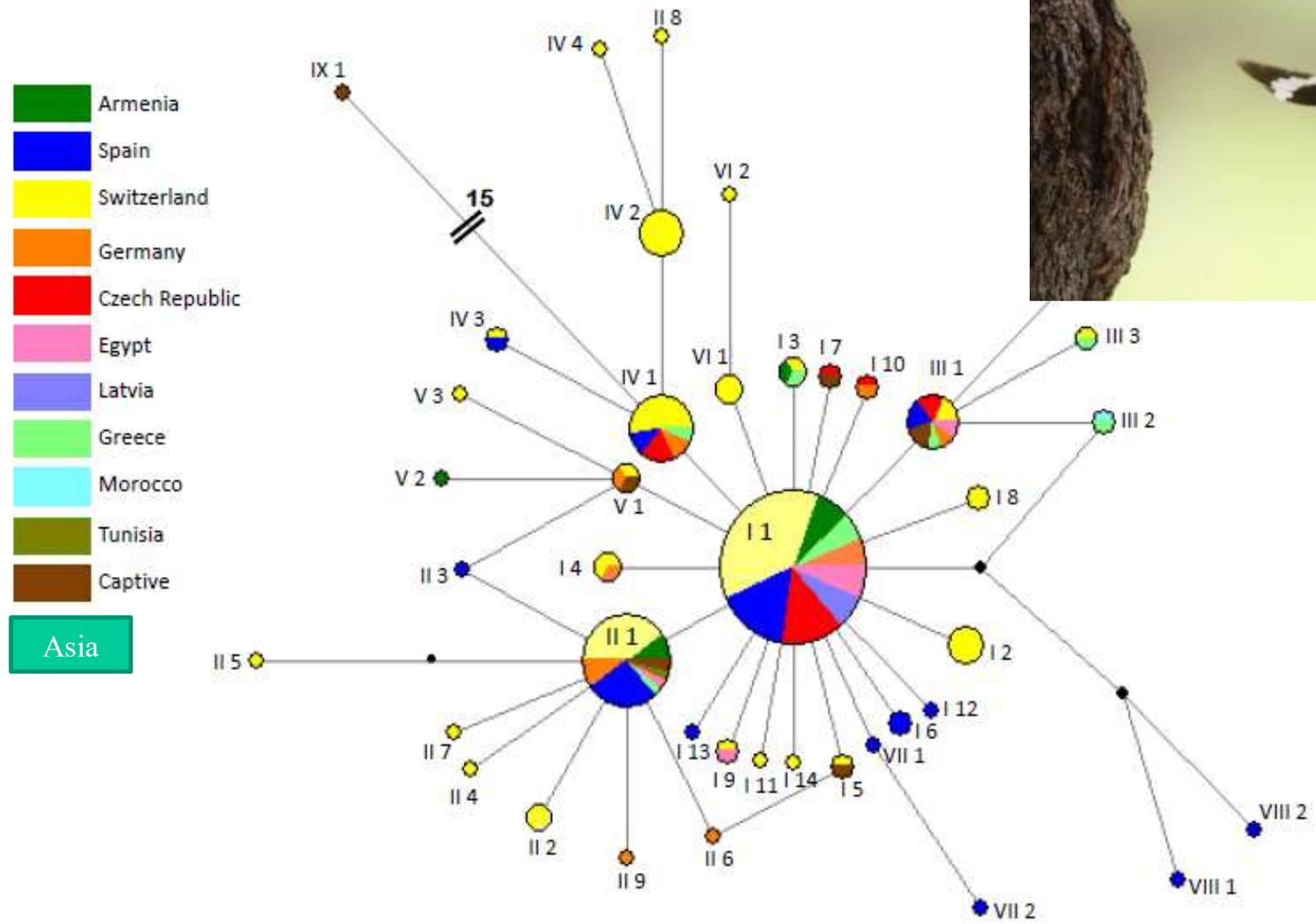


Wiedehopf: Cyt b: Haplotypenhäufigkeit

Site no.						F	Distribution
					111 1111		
1112222	2222333333	3444455566	6666677777	7999999000	0011		
5892490112	2358135569	9036708903	3678911238	9369999025	6912		
1807481390	2582561603	6826440133	4398015030	5090349293	0268		
TGCGTCACCG	CTCCCGCTCT	TGCTTGGCAC	CCCGCCTTCC	TAAACAGTAT	CTTA		
HI					81	GEC (5), EGP (5), SLZ (1), GBD (3), SFV (3), SPN (9), SWA (20), LAT (6), CZK (1), CZB (6), CZS (2), CZP (2), SCO (10), GLH (1), ARM (6), GEB (1)
IIIT.....					30	UNK (1), TUS (1), EGP (1), GBD (1), SPN (8), SWA (10), GST (2), GEC (1), SCO (2), ARM (3)
IIIT.....					10	EGP (1), GEC (1), CAP (2), GBD (1), SPN (2), CZK (1), SWA (1), CZB (1)
HIVA..					17	GBD (1), SPN (1), GST (1), CZK (2), CZB (1), SCO (8), SWA (1), GEC (1), SFV (1)
HVC..A..					8	SWA (8)



Cyt b-Haplotype-Net work



Geographische Verteilung der Haplotypen

Cyt b: 8 Haplotypes



N=110

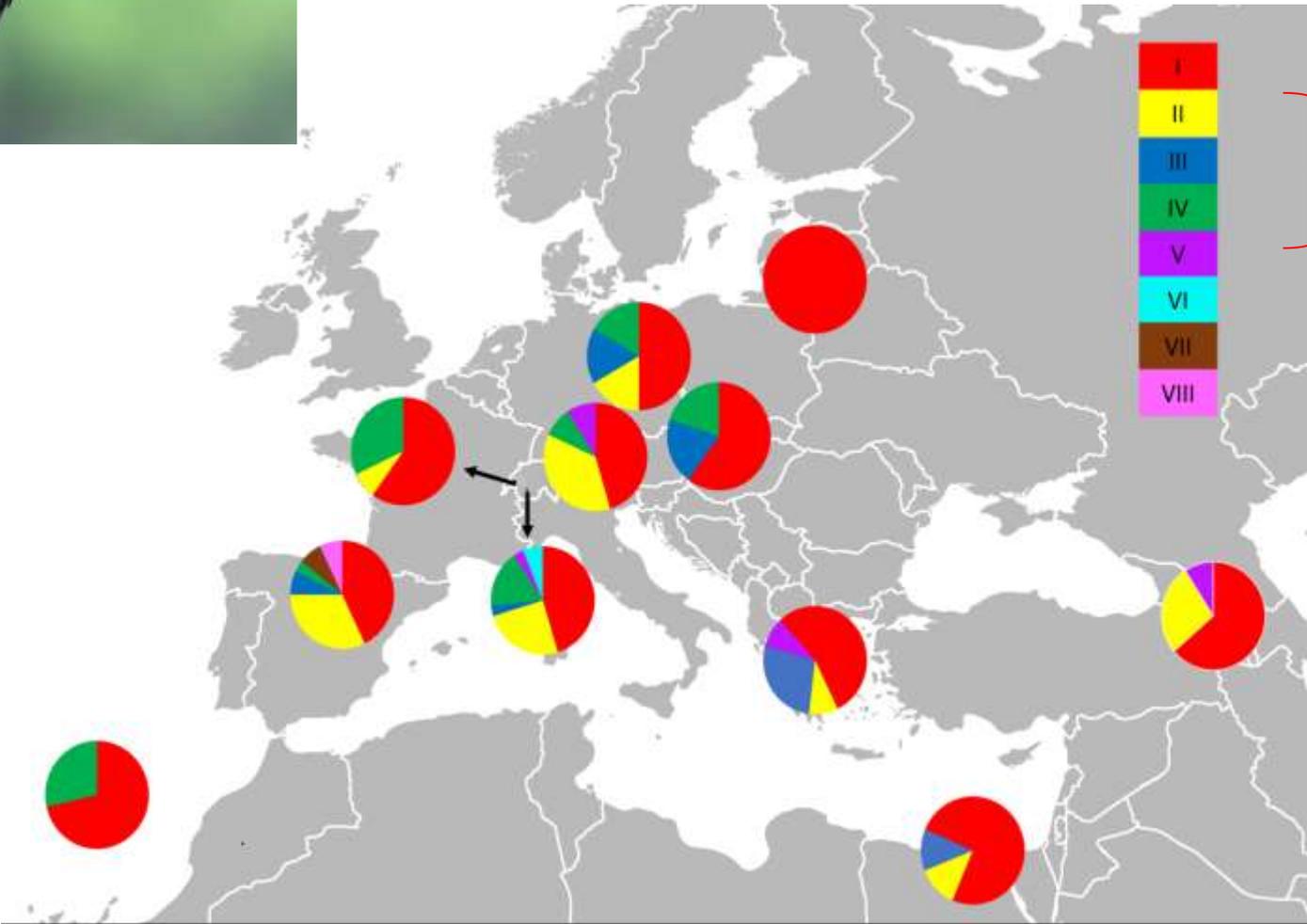
N=40

N=15

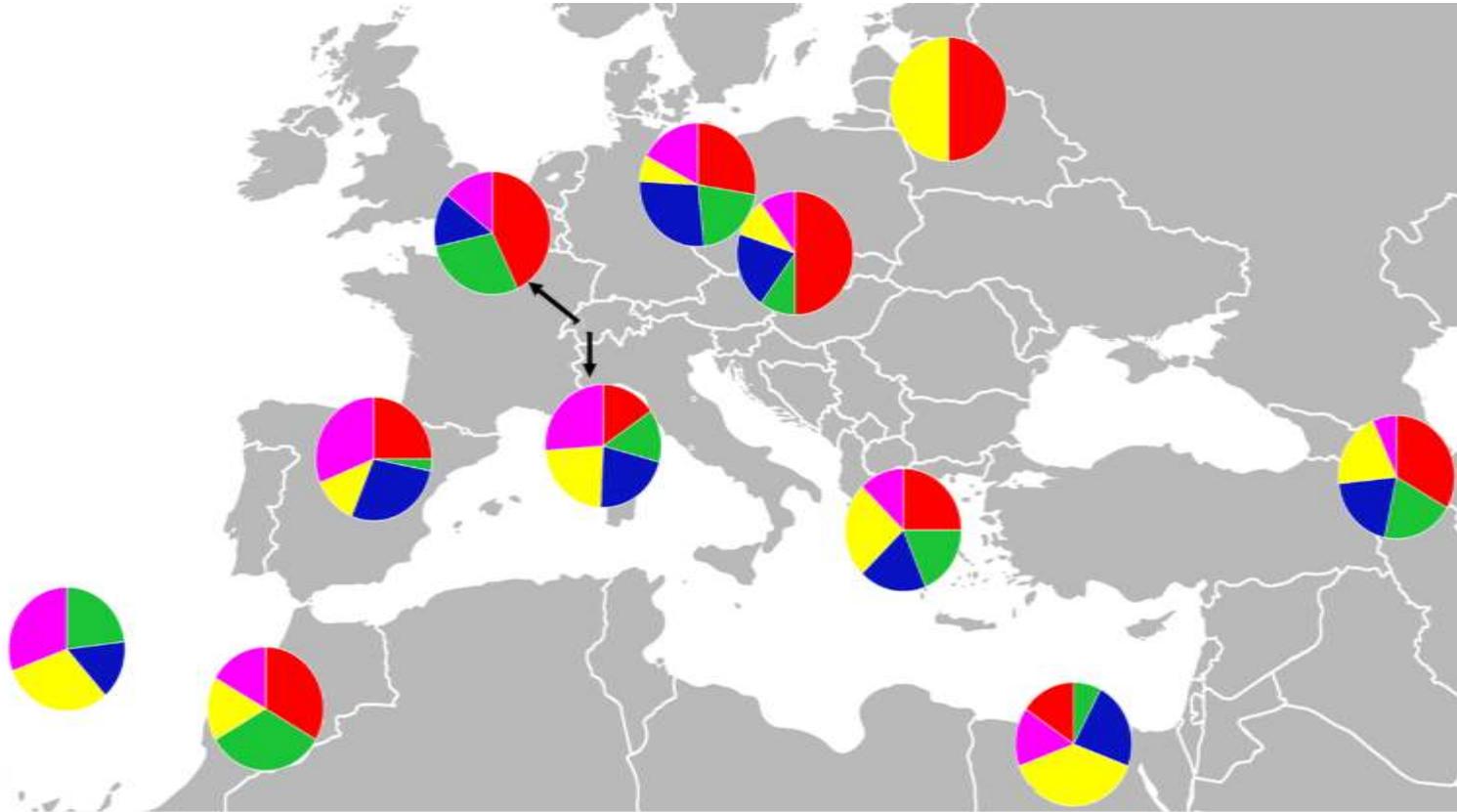
N=28

N=2-5

→ PANMIXIE



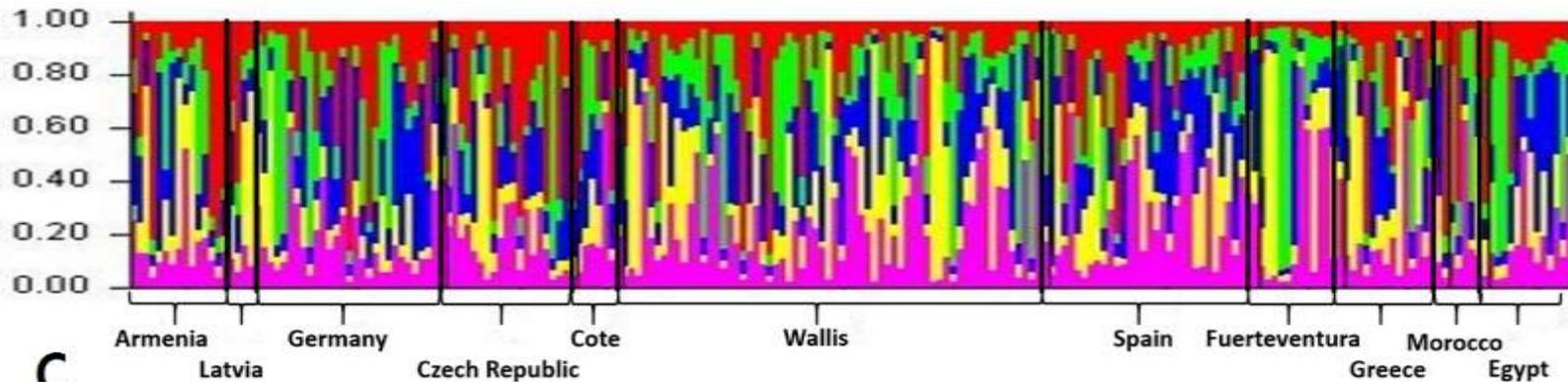
A



Microsatelliten-
Analyse
(9 STR Loci)

keine klare geographische
Differenzierung
→ PANMIXIE

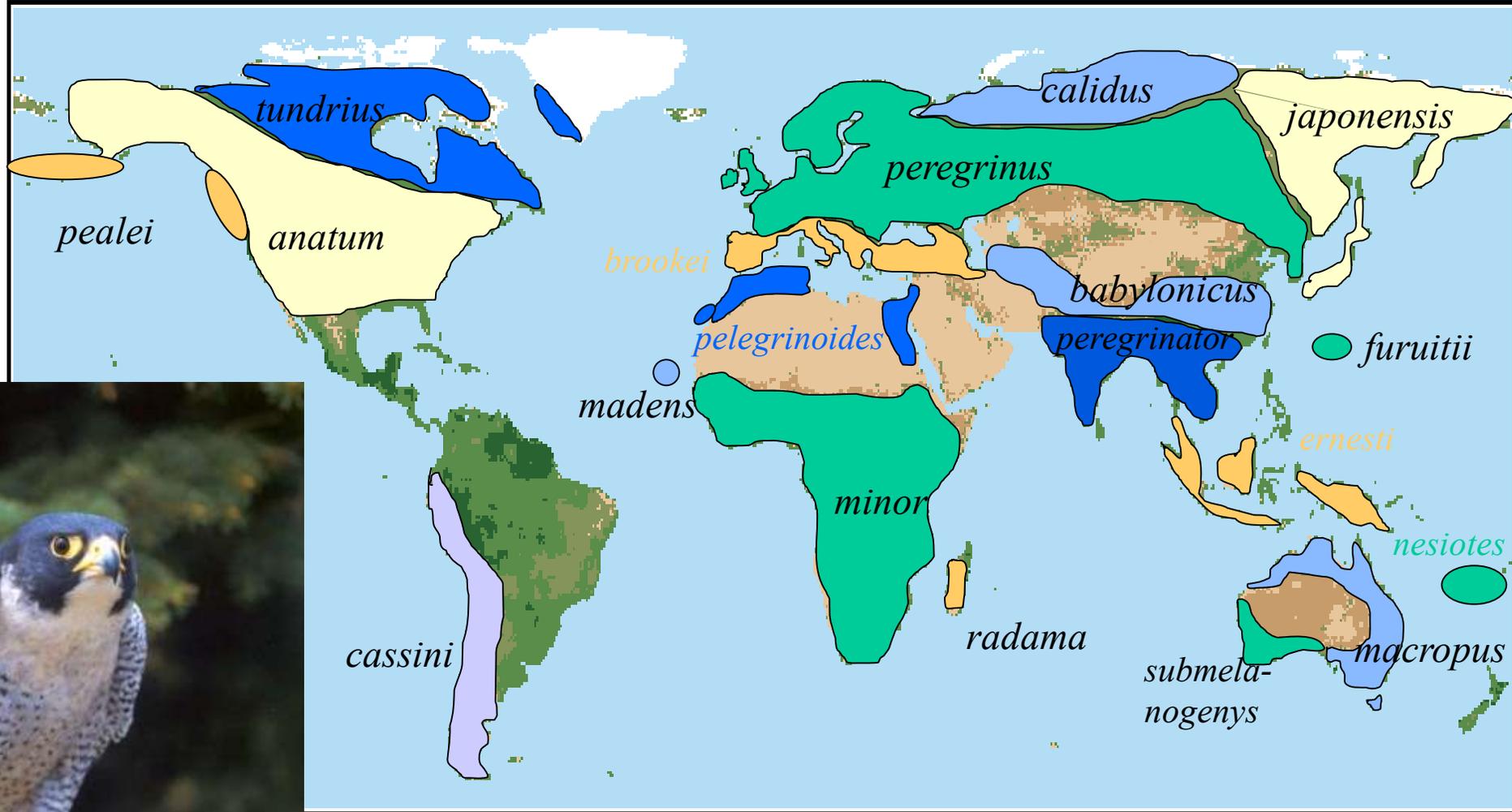
B



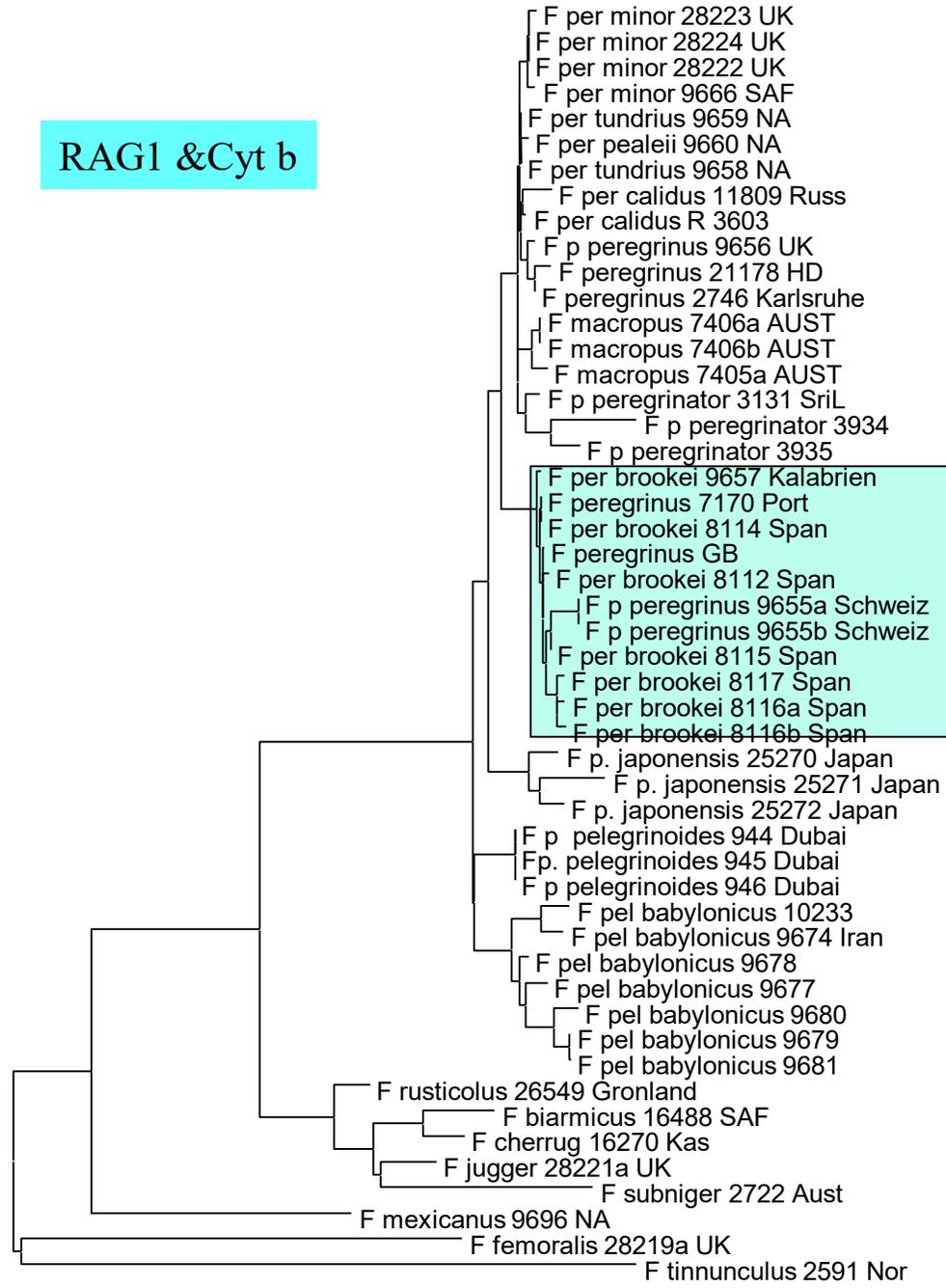
Ähnlich für viele
andere eurasische Arten

C

Wanderfalken



RAG1 & Cyt b



- minor
- tundrius/pealei
- calidus
- peregrinus
- macropus
- perigrinator
- brookei
- japonensis
- pelegrinoides
- babylonicus
- HIEROFALCO

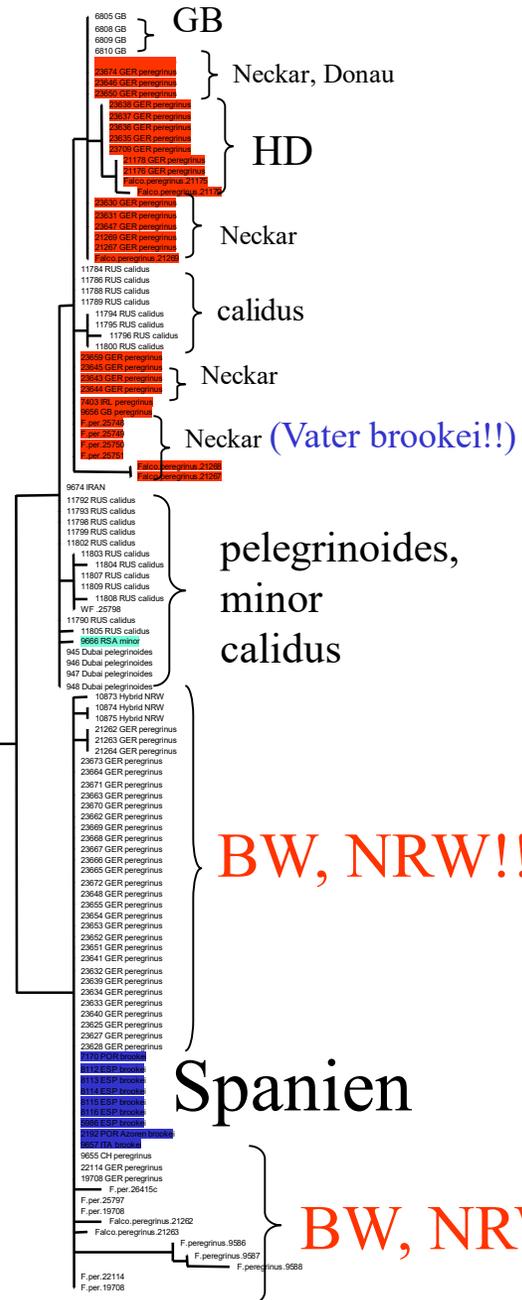


Wanderfalken

b. 5: Parsimony-informative Positionen im Cytochrom-b-Gen des Wanderfalken (*Falco peregrinus*). Dargestellt sind 27 Individuen, die die Bandbreite der gefundenen Haplotypen repräsentieren. Träger des *brookei*-Haplotyps sind rot markiert.

	1	2	4	5	5	7	7	8	8	9	9	9	10
	1	1	2	4	4	5	7	7	8	8	9	9	10
	3	7	2	4	9	2	7	1	8	5	7	1	2
	8	8	7	1	2	2	0	4	7	4	0	5	4
3043 AUS_macropus	G	A	A	T	A	A	G	G	T	T	C	T	T
11022 AUS_macropus											S		
11786 RUS_calidus					G						C	C	
11794 RUS_calidus			G		G						C	C	
11798 RUS_calidus											C	C	
11803 RUS_calidus					C						C	C	
21268 GER_peregrinus	T				G	N					C	C	
23646 GER_peregrinus	T				G						C	C	
23635 GER_peregrinus	T				G				T		C	C	
7403 IRL_peregrinus					G						C	C	
9556 GB_peregrinus					G						C	C	
9559 NA_anatum											C	C	
9886 RSA_minor			N								C	C	A
3936 SRL_peregrinator			N								C	C	N
3934 SRL_peregrinator			N								C	C	
945 Dubai_pelegrinoides											C	C	
947 Dubai_pelegrinoides											C	C	
10873 Hybrid_NRW			C			T	C	C	G			G	
10874 Hybrid_NRW						T	C	C				G	
10875 Hybrid_NRW			N			T	C	C				G	
21262 GER_peregrinus	G		C			T	C	C				G	
23662 GER_peregrinus			C			T	C	C				G	
23632 GER_peregrinus			C			T	C	C				G	
7170 POR_brookei			C			T	C	C				G	
8115 ESP_brookei			C			T	C	C				G	
2182 POR_Azoren_brookei			C			T	C	C				G	
9657 ITA_brookei			C			T	C	C				N	

F.nesticolus.TM.2472
F.nesticolus.TM.2476
F.biarmicus.PO.3859Fb
F.biarmicus.16495



peregrinus

brookei

Spanien

BW, NRW!!!!

Ergebnisse der Haplotypenanalyse

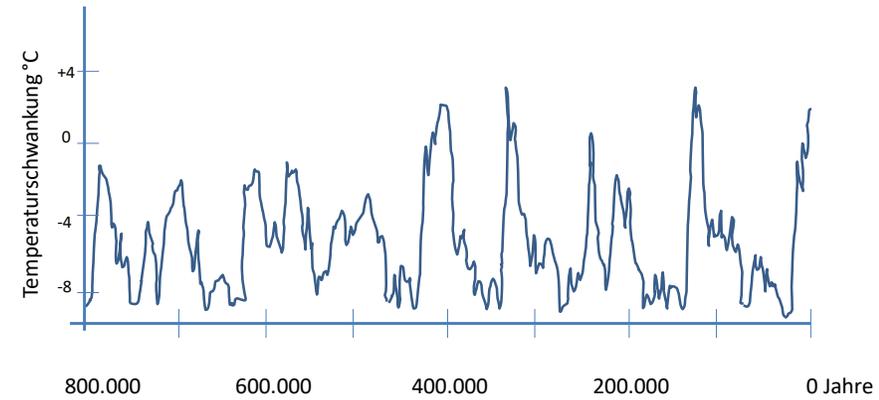
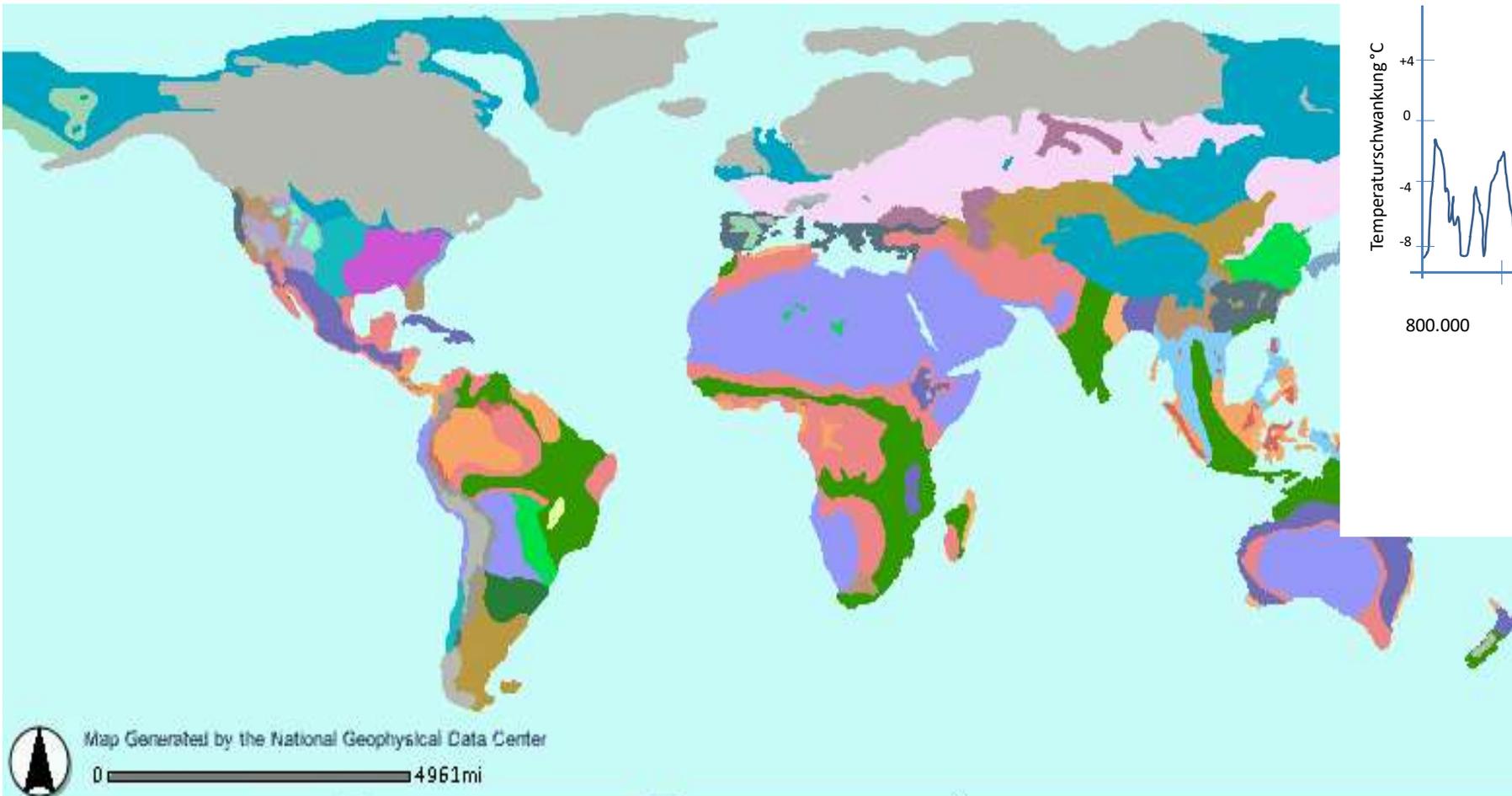
Gebiet	peregrinus	brookei
Mittelmeer	0	19
GB, IR	13	2
Baden	50	27
Württemberg	17	61
NRW	0	5
RLP	7	5
HE, BAY	0	2
Nordseeküste	4	0
Ostdeutschland	15	39
Schweiz	6	17
Prof. Saar	2	29
Summe	107 (37%)	185 (63%)

Erste Daten von Haplotypenbestimmung an Wanderfalkenbälgen aus der Zeit vor 1960

- Von 5 süddeutschen Wanderfalken hatten 4 den brookei-Haplotyp
- Von 8 ostdeutschen Wanderfalken hatten 7 den peregrinus und 1 den brookei Haplotyp
- Von 13 norwegischen Falken hatten 10 den peregrinus und 3 den brookei Haplotyp

Schlußfolgerungen

- Keine klaren Verbreitungsgrenzen zwischen Unterarten
- Mitteleuropa offenbar schon länger Kontaktzone zwischen brookei und peregrinus
- Mischpaare zwischen beiden Unterarten häufig
- Aussetzen von brookei hat vermutlich den Anteil von brookei erhöht

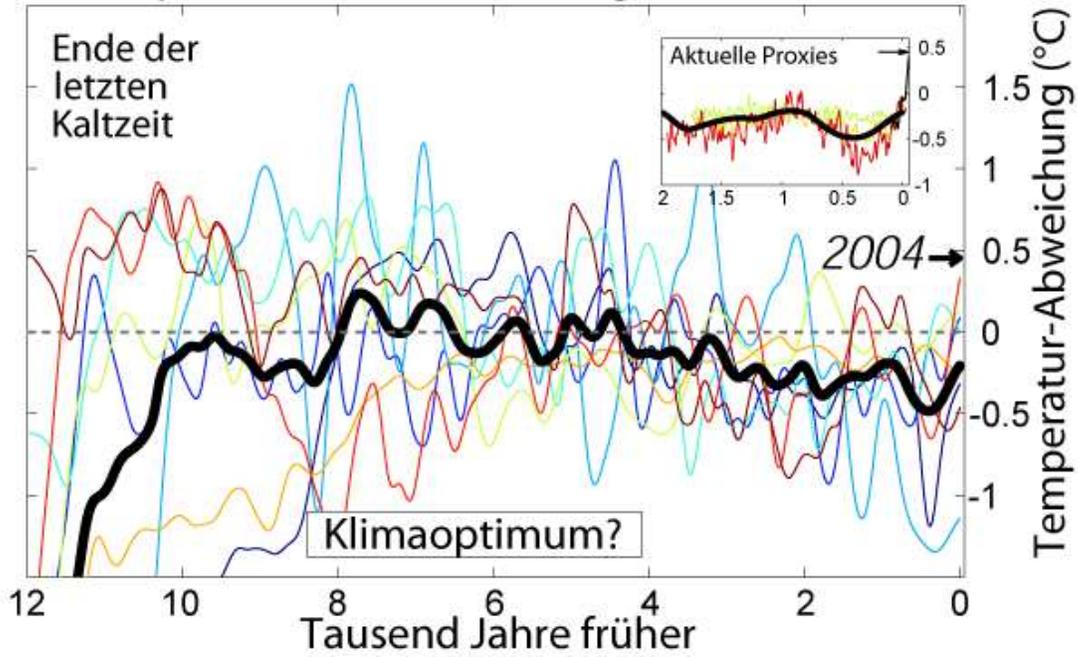


Map Generated by the National Geophysical Data Center
 0 4961mi

- Legend**
 Last Glacial Maximum Vegetation
- Alpine tundra
 - Broadleaved temperate evergreen fores
 - Dry steppe
 - Forest steppe
 - ice sheet or other permanent ice
 - Lakes and open water
 - Main Taiga
 - Monsoon or dry forest
 - Montane Mosaic
 - Montane tropical forest
 - Open boreal woodlands
 - Polar and alpine desert
 - Savanna
 - Semi-arid temperate woodland or scrub
 - Steppe-tundra
 - Subalpine parkland
 - Temperate desert
 - Temperate semi-desert
 - Temperate steppe grassland
 - Tropical extreme desert
 - Tropical grassland
 - Tropical rainforest
 - Tropical semi-desert
 - Tropical thorn scrub and scrub woodla
 - Tropical woodland
 - Tundra
 - Lakes
 - Continents

Eisbedeckung & Vegetation Letzte Eiszeit (15000)

Temperatur-Veränderungen im Holozän



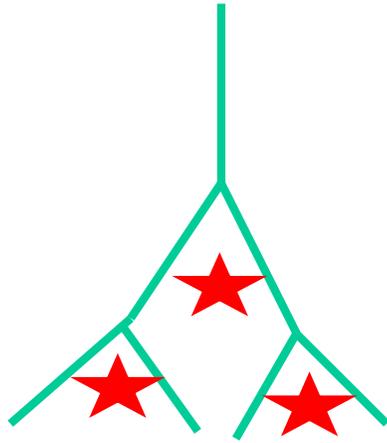
Tundra



Waldlandschaften

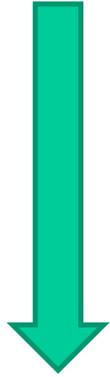


Kulturlandschaften

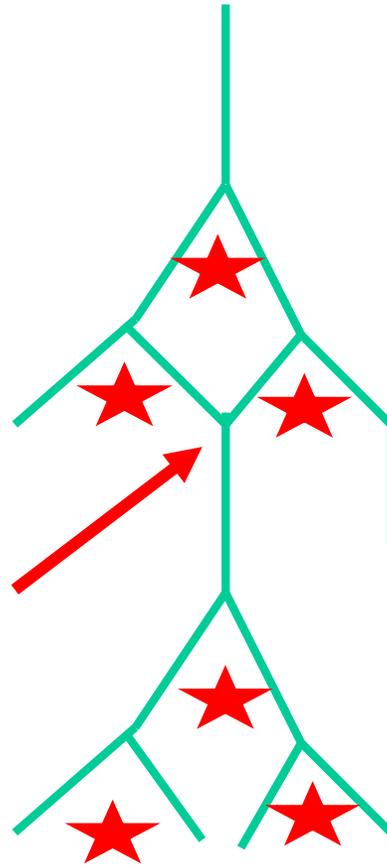


Reine Allopatrie
→ Getrennte Linien

(z.B. ozeanische Inseln)



ZEIT



★
Trennung durch Raum oder Ökologie

Allopatrie +
mehrfache Vermischung der Linien
→ zyklische Allopatrie (Wechsel von Warm- und Kaltzeiten)
→ Panmixie

Phylogenie & Systematik-Quo vadis?

- Analyse von mtDNA und Kernmarkern
Ziel: alle Arten & Unterarten
- Genomanalysen mittels NGS (B10K-Projekt)
Ziel: alle Familien & Gattungen
- **Phylogeographie**
- mtDNA, Mikrosatelliten & SNPs
- Reduktion der Komplexität
 - RADSeq für SNP-Analyse
- **Phänotypanalysen**
- Transkriptomanalysen mittels NGS (RNASeq)

Besten Dank für das Zuhören!



Hedi Sauer-Gürth
Heidi Staudter
Erja Wang
Carina Carneiro
Roberto Frias
Christian Dietzen
Javier Gonzalez
Fatemeh Lotfikah
Petra Heidrich
Ingrid Seibold
Ingrid Swatschek
Susan Janowski
Alexandre Fernandes
Tayebeh Arbadi
Andreas Bauer
Michael Braun
Mohammad Arshad
Abdel El-Sayed
Tsensesmee Treutlein

Bioinformatics

Prof. Dr. B. Brors (DKFZ)
Dr. Agnes Hotz-Wagenblatt (DKFZ)
Dr. Lilian Villarín (MPI MG)
Prof. Alex Stamatakis

Funding

DFG
BMBF
DAAD
AvH
CSC
Conacyt
CNPq and Capes
Egyptian Government fellowships

Viele Kollegen als Kooperationspartner



66

