

Molekulare Taxonomie und Systematik der Eulen (Strigiformes)¹

Von Michael Wink

Abb. 1: Stellung der Eulen im Stammbaum der Vögel (vereinfacht nach PRUM et al. 2015). Der Originalstammbaum enthält Genomsequenzen von 198 Arten (mit 259 Kerngenen mit insgesamt 390.000 Nucleotiden pro Taxon). Die Rackenvögel und Singvögel wurden als Dreiecke dargestellt, da diese viele Familien umfassen (alle Fotos: M. WINK, außer Seriemas: aus Wikimedia Commons).

Zusammenfassung

Die aktuellen genomischen Stammbäume der Vögel belegen, dass die Eulen den Taggreifvögeln nahestehen, nicht aber den Falken oder Ziegenmelkern. Die Strigiformes werden in 2 monophyletische Familien Tytonidae und Strigidae unterteilt. Die Tytonidae enthalten die beiden monophyletischen Unterfamilien Tytoninae (mit *Tyto*) und Phodilinae (mit *Phodilus*). Die Familie Strigidae wird in 3 Unterfamilien unterteilt: Striginae, Surniinae und Ninoxinae (mit der Gattung *Ninox* und vermutlich den monotypischen Gattungen *Uroglaux* und *Sceloglaux*). In den Surniinae unterscheidet man die 2 Triben Surniini (mit den Gattungen *Surnia*, *Athene*, *Glaucidium* und *Taenioglaux*) und Aegolini (mit *Aegolius*). Die Striginae gliedern sich in 6 Triben: Bubonini (mit der Gattung *Bubo*, mit der die früheren Gattungen *Nyctea*, *Ketupa*, *Scotopelia* vereint wurden), Strigini (mit *Strix*, *Jubula*), Pulsatrigini (mit *Pulsatrix*, *Lophotrix*), Megascopini (mit *Megascops*, *Psiloscops*), Otiini (mit *Otus*, *Mimizuku*) und Asionini (mit *Asio*, *Ptilopsis* und vermutlich den monotypischen Gattungen *Nesasio* und *Pseudoscops*).

Summary

According to the latest genomic avian tree of life owls are closely related with diurnal raptors, but different from falcons and nightjars. By establishing a molecular phylogeny a taxonomic framework was established. In accordance to the rules of cladistics, several changes (splitting or lumping of taxa) have been proposed. Strigiformes are divided into 2 families Tytonidae and Strigidae. The Tytonidae are subdivided into the subfamilies Tytoninae (with *Tyto*) and Phodilinae (with *Phodilus*). The Strigidae cluster in 3 subfamilies: Striginae, Surniinae and Ninoxinae (with the genera *Ninox* and possibly the monotypic *Uroglaux* and *Sceloglaux*). The Surniinae are subdivided into 2 tribes Surniini (with *Surnia*, *Athene*, *Glaucidium*, and *Taenioglaux*) and Aegolini (with *Aegolius*). The Striginae are subdivided into 6 tribes: Bubonini (with *Bubo*, including the former *Nyctea*, *Ketupa*, *Scotopelia*), Strigini (with *Strix*, *Jubula*), Pulsatrigini (with *Pulsatrix*, *Lophotrix*), Megascopini (with *Megascops*, *Psiloscops*), Otiini (with *Otus*, *Mimizuku*), and Asionini (with *Asio*, *Ptilopsis*, and possibly the monotypic *Nesasio* and *Pseudoscops*).

Wo stehen die Eulen im Stammbaum der Vögel?

Seit vielen Jahren haben sich Ornithologen gefragt, mit wem unsere Eulen verwandt sind. Da die Eulen als Beutegreifer funktionell den Taggreifvögeln ähneln, wurden sie von LINNÉ den Accipitres zugeordnet; L'HERMINIER trennte 1827 die Eulen aber schon 70 Jahre später von den Taggreifvögeln in eine eigenständige Ordnung ab. Nächtlich lebende Vögel (Eulen, Nachtschwalben, Triele) weisen eine Reihe von Gemeinsamkeiten (große Augen, Tarnfarben) auf; als Konsequenz wurden die Eulen auch in die Nähe der Nachtschwalben (Caprimulgiformes) platziert (FÜRBRINGER 1888; GADOW 1892; MAYR & AMADON 1951; SIBLEY & AHLQUIST 1990). Dagegen ging CRACRAFT (1981) von einer näheren Verwandtschaft zwischen Eulen und Falken aus. Neuere Genomanalysen der wichtigsten Vogelordnungen haben Klarheit in diese Beziehungen gebracht. Nach der neuesten Großsystematik (PRUM et al. 2015) stehen die Accipitriformes (Neuweltgeier, Altweltgeier, Adler, Bussarde, Weihen, Fischadler, Gleitaar, Sekretär) an der Basis zu zwei Entwicklungslinien (Abb. 1). Die eine umfasst die Eulen (Strigiformes) und Mausvögel (Coliiformes) sowie Rackenvögel (Coraciimorphae: Trogone, Wiedehopfe, Bienenfresser, Hornvögel, Eisvögel, Spechte, Tukane). Die zweite Linie führt über die Seriemas zu den Falken (die nicht länger zu den Taggreifvögeln gehören), Papageien und der sehr großen Ordnung der Singvögel (siehe auch WINK 2011, 2013, 2015a).

Stammbaum der Eulen

Vor fast 25 Jahren haben wir in Heidelberg begonnen, die Systematik der Greifvögel und Eulen auf der DNA-Ebene zu analysieren (SEIBOLD et al. 1993; WINK 1995, 2000a, 2014; WINK & SAUER-GÜRTH 2000, 2004; WINK & HEIDRICH 1999, 2000; Wink et al. 1996, 2000, 2004, 2008, 2009). Dazu wird die DNA aus Blut-, Gewebe- oder Federproben oder aus Schleimhautabstrichen isoliert und Zielgene werden mittels Polymerase-Kettenreaktion (PCR)² so häufig kopiert, dass man sie sequenzieren kann. Die erhaltenen

Nucleotidsequenzen³ werden aligniert (in einer Matrix angeordnet) und mit bioinformatischen Rechenprogrammen ausgewertet. Das Ergebnis ist ein Stammbaum (Phylogramm) aus dem man die Verwandtschaftsbeziehungen ablesen kann (Abb. 1, 2). Für unsere Zwecke hat sich das mitochondriale Cytochrom b Gen als informatives Marker-Gen erwiesen. Die Untersuchungsmethoden werden in WINK & SAUER-GÜRTH (2000, 2004), STORCH et al. (2013) und WINK (2013) ausführlich beschrieben. Die Eulen bilden die monophyletische Vogelordnung Strigiformes mit nur zwei Familien Tytonidae und Strigidae (SIBLEY & MONROE 1990; DEL HOYO et al. 1999; WEICK 2006, 2013; KÖNIG & WEICK 2008; MIKKOLA 2013)⁴. Die Tytonidae sind eine relativ kleine Vogelfamilie und bestehen nur aus zwei Unterfamilien mit jeweils einer Gattung (*Tyto* bzw. *Phodilus* mit nur zwei Arten). Die Strigidae dagegen lassen sich in drei Unterfamilien Striginae, Asioninae und Surniinae mit über mehr als 230 Arten unterteilen (Tab. 1; Abb. 2).

Tytonidae

Für LINNÉ gab es nur eine einzige Schleiereule (*Tyto alba*) mit kosmopolitischer Verbreitung. Inzwischen wurde aber erkannt (insbesondere durch die DNA-Forschung), dass die Schleiereule einen taxonreichen Artenkomplex bildet, in dem bereits einige Taxa als eigenständige Arten beschrieben wurden (SIBLEY & MONROE 1990, KÖNIG et al. 1999; WEICK 2006, 2013; KÖNIG & WEICK 2008). KÖNIG & WEICK (2008) und MIKKOLA (2013) unterscheiden bereits 24-25 Schleiereulenarten. Vermutlich wird diese Zahl noch steigen, wenn alle geographisch isolierten Populationen genetisch untersucht wurden, denn die Schleiereulen sind ausgesprochen ortstreu und führen kaum Wanderungen durch. Australien weist zwei Entwicklungslinien der Schleiereule auf. Linie 1 umfasst die Arten *T. novaehollandiae*, *T. castanops*, *T. multipuncta*, *T. longimembris* und *T. tenebricosa*; Linie 2 *T. delicatula* (enthält auch die Unterart der Sumbainseln *T. [d.] sumbaensis*, der vermutlich Artstatus



zukommt) und *T. javanica* (Abb. 2). Die eurasische Schleiereule *Tyto alba* zeigt einige genetische Linien, die teilweise als Unterarten behandelt werden. Während sich die Unterarten *T. a. alba* und *T. a. guttata* genetisch kaum unterscheiden, sind *T. a. erlangeri* des östlichen Mittelmeergebietes und die afrikanische *T. a. affinis* besser abzugrenzen. *Tyto soumagnei* aus Madagaskar bildet eine Schwestergruppe zu *T. alba* und den neuweltlichen Schleiereulen *T. furcata* und *T. glaucops*, die sich wiederum mit der *T. delicatula* Gruppe in Australasien einen gemeinsamen Vorfahren teilen (Abb. 2; WINK et al. 2008).

Strigidae

Wie erwähnt, repräsentieren die Strigidae mit über 230 Arten eine deutlich größere Familie als die Tytonidae. Die Strigidae wurden traditionell in drei Unterfamilien (UF) unterteilt: Striginae, Asioninae und Surniinae. Die UF Striginae wurde weiterhin in drei Triben aufgliedert (WEICK 2006, 2013; KÖNIG & WEICK 2008): Strigini, Bubonini und Otini (Tab. 1).

Im Tribus Strigini finden wir die Gattungen *Strix*, *Jubula*, *Lophostrix* und *Pulsatrix*. Für die monophyletische Gattung *Strix* mit alt- und neuweltlicher Verbreitung werden augenblicklich 23 Arten aufgeführt (MIKKOLA 2013), die sich als Schwestergruppe zum *Bubo*-Komplex (Tribus Bubonini) abgliedern lassen (Abb. 2). In Nordafrika und im Nahen Osten liegt das Verbreitungsgebiet von *Strix woodfordii*. Inzwischen wurden zwei neue Arten gefunden: *Strix butleri* (= *S. omanensis*) im Oman bis zum Iran und *S. hadorami* für alle anderen Gebiete (früher: *S. butleri*; ROBB et al. 2015).

Die Gattung *Pulsatrix* ist neuweltlich und umfasst drei Arten (MIKKOLA 2013). Für die monotypischen Gattungen (mit nur je einer Art) *Lophostrix cristata* (Mittel- und Südamerika) und *Jubula lettii* (West- und Zentralafrika) haben wir keine eigenen DNA-Sequenzen. Aufgrund einer kurzen mitochondrialen Cytochrom b-Sequenz aus der „GenBank“ nehmen wir an, dass *L. cristata* eine Schwester-

gruppe zu *Pulsatrix* bildet (WINK et al. 2008); es wurde deshalb vorgeschlagen eine neue Tribus Pulsatrigini für die Gattungen *Lophostrix* und *Pulsatrix* einzuführen.

Die monophyletische Tribus Bubonini enthielt die Gattungen *Bubo*, *Nyctea*, *Ketupa* und *Scotopelia*. Die DNA-Analysen haben gezeigt, dass die Vertreter der Gattungen *Nyctea*, *Ketupa* und *Scotopelia* alle der Gattung *Bubo* zuzuordnen sind (Abb. 2; WINK & HEIDRICH 1999; KÖNIG & WEICK 2008; MIKKOLA 2013; WINK et al. 2008; WINK 2013; OMOTE et al. 2013). Da die Kladistik (eine Methode innerhalb der biologischen Systematik) solche paraphyletischen Gruppierungen zu vermeiden sucht, haben wir uns entschlossen, diese Gattungen mit der Gattung *Bubo* zu vereinen (Abb. 2; WINK & HEIDRICH 1999; KÖNIG & WEICK 2008; MIKKOLA 2013; WINK et al. 2008; WINK 2013). D. h. Vertreter von *Nyctea*, *Ketupa* und *Scotopelia* sollten unter dem Gattungsnamen *Bubo* geführt werden.

Innerhalb der Tribus Otini (mit den Gattungen *Otus*, *Megascops*, *Macabra*, *Pyroglaux*, *Gymnoglax*, *Psilosops* und *Mimizuku*) konnten wir drei unterschiedliche Entwicklungslinien erkennen, die mehrere para- und polyphyletische Gruppen aufweisen. Als Konsequenz kam es deshalb inzwischen zu einer besonders auffälligen Neuordnung der Gattungsnamen (WINK & HEIDRICH 1999; KÖNIG & WEICK 2008; MIKKOLA 2013): Die neuweltlichen Ohreulen mit inzwischen 28 Arten gehören nicht länger zur Gattung *Otus*, sondern wurden in die Gattung *Megascops* gestellt (WINK et al. 2008). Nur *Otus flammeolus* wurde in eine monotypische Gattung *Psilosops flammeolus* überführt (WINK et al. 2009; PENHALLURICK 2002; WEICK 2006; KÖNIG & WEICK 2008; MIKKOLA 2013; DANTAS et al. 2015). Die artenreichen altweltlichen Zwergohreulen (47 Arten) verbleiben in der Gattung *Otus* (WINK et al. 2009; MIKKOLA 2013). PONS et al. (2013) haben die Systematik der Zwergohreulen von Sokotra, Ostafrika, und der Arabischen Halbinseln genauer analysiert. Auch die afrikanischen Büscheulen (früher *Otus leucotis*) sind von der Gattung *Otus* verschieden und wurden daher

in eine eigene Gattung *Ptilopsis* gestellt. Da die Büscheulen in Zentral- und Südafrika deutlich anders aussehen, wurde die Art in zwei neue Arten aufgesplittet: *P. leucotis* (West-, Zentral- und Ostafrika) und *P. granti* (im südlichen Afrika; KÖNIG & WEICK 2008; MIKKOLA 2013; WINK et al. 2009).

Die Gattung *Asio* (u. a. Wald- und Sumpfohreule; Mikkola 2013) und die monotypischen Gattungen *Pseudoscops* und *Nesasio* wurden früher in die kleine Unterfamilie Asioninae gestellt (WEICK 2006). Die Gattung *Asio* bildet eine Schwestergruppe zur Gattung *Ptilopsis* (Abb. 2). Aufgrund der DNA-Daten bietet sich eine andere Tribus-Gliederung an, wie in Tab. 1 ausgeführt.

Für die Unterfamilie Surniinae werden traditionell drei Triben aufgeführt (WEICK 2006): *Surniini*, *Aegolini* und *Ninoxini*. Im Tribus Surniini finden wir die artenreiche Gruppe der Sperlingskäuze (*Glaucidium*) mit 33 Arten und die monotypische Gattung *Surnia* (Sperbereule), deren Populationen genetisch alle sehr ähnlich sind. Die morphologisch ähnlich aussehenden Sperlingskäuze haben eine weite Verbreitung in der Alten und Neuen Welt. Ihre Lautäußerungen und DNA-Sequenzen sind jedoch häufig sehr unterschiedlich, so-

dass wir Sperlingskäuze aufgrund von unterschiedlichen Gesängen und DNA-Sequenzen in neue Arten aufspalten konnten (KÖNIG 1994b; HEIDRICH et al. 1995b). Die altweltlichen Sperlingskäuze sind von den neuweltlichen Arten seit vermutlich 6-7 Millionen Jahren getrennt. Man könnte sie daher als eigene Gattung abtrennen (WINK & HEIDRICH 1999). Innerhalb der altweltlichen Sperlingskäuze wird ein Subgenus *Taenioglaux* Kaup 1848 mit 9 Arten unterschieden (MIKKOLA 2013), dem in unserem Datensatz *G. capense* und *G. cuculoides* angehören (WINK et al. 2008).

Eine weitere Gattung der Surniinae sind die Steinkäuze. Bislang wurden 3 Arten unterschieden: *Athene noctua* (in Eurasien), *A. brama* (Südost-Asien) und *A. blewitti* (Indien); letzte Art wird neuerdings als *Heteroglaux blewittii* abgetrennt (MIKKOLA 2013). Die genetischen Untersuchungen zeigen, dass *Athene noctua* nicht monotypisch ist, sondern viele, geographisch bedingte Entwicklungslinien aufweist (Abb. 2; s. a. VAN NIEUWENHUYSE et al. 2008; PELLEGRINO et al. 2014). Ähnlich wie im Fall der Schleiereulen oder Sperlingskäuze könnte man *A. noctua* in diverse neue Arten auftrennen: Steinkäuze aus Israel, der Türkei und von Zypern wurden der Unterart *A. n.*

Familie	Unterfamilie	Tribus	Gattungen
Tytonidae	Tytoniae		<i>Tyto</i>
	Phodilinae		<i>Phodilus</i>
Strigidae	Striginae	Bubonini	<i>Bubo</i> (inklusive der früheren Gattungen <i>Nyctea</i> , <i>Ketupa</i> , <i>Scotopelia</i>)
		Strigini	<i>Strix</i> , <i>Jubula</i>
		Pulsatrigini	<i>Pulsatrix</i> , <i>Lophostrix</i>
		Megascopini	<i>Megascops</i> , <i>Psilosops</i>
		Asionini	<i>Asio</i> , <i>Ptilopsis</i>
		Otini	<i>Otus</i> , <i>Mimizuku</i>
		Surniinae	<i>Surnia</i> , <i>Glaucidium</i> , <i>Taenioglaux</i> , <i>Athene</i>
		Aegolini	<i>Aegolius</i>
	Ninixinae		<i>Ninox</i> , <i>Uroglaux</i> , <i>Sceloglaux</i>

Tab. 1: Die Eulensystematik aufgrund von DNA-Untersuchungen im Überblick (WINK et al. 2009)



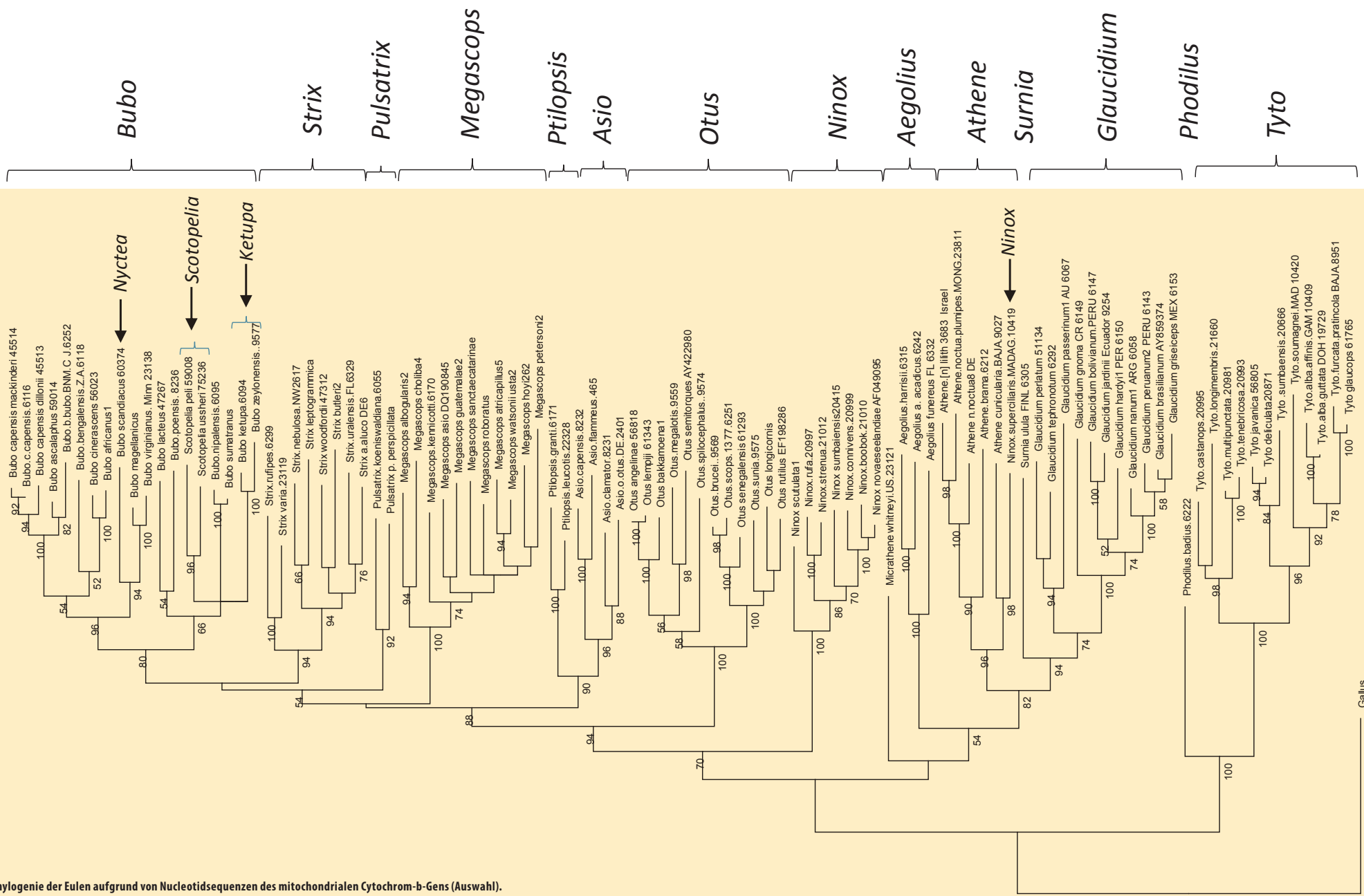


Abb. 2: Phylogenie der Eulen aufgrund von Nucleotidsequenzen des mitochondrialen Cytochrom-b-Gens (Auswahl).

Rekonstruktion der Phylogenie mit Maximum Likelihood; Bootstrapwerte über 50% stehen an den Verzweigungen.⁵

lilith zugerechnet. Da sich *A. n. lilith* phylogenetisch und geographisch von den europäischen Steinkäuzen *A. n. noctua* und *A. n. vidalii* unterscheidet, könnte man der Linie Artstatus zuerkennen (WINK et al. 2008; MIKKOLA 2013). Die Zwergohreulen auf Zypern konnten kürzlich auch als eigenständiges Taxon *Otus cyprius* beschrieben werden, da es sich genetisch und durch Lautäußerungen differenzieren lässt (FLINT et al. 2015). Auch der Unterart *A. n. plumipes* aus der Mongolei und China dürfte Artstatus zukommen (Abb. 2; MIKKOLA 2013). Die neuweltlichen Kanincheneulen (früher *Speotyto*) bilden eine Schwestergruppe zu den altweltlichen Steinkäuzen, die sich vor 6 Millionen Jahren noch gemeinsame Vorfahren teilten: Deshalb hatten wir vorgeschlagen, die monotypische Gattung *Speotyto* in *Athene* zu überführen und als *Athene cunicularia* zu benennen (KÖNIG et al. 1999, KÖNIG & WEICK 2008). Innerhalb der Kanincheneulen sind diverse geographische Unterarten bekannt, die sich teilweise auch genetisch unterscheiden. *Athene* wird heute der Tribus Surniini zugerechnet (Tab. 1). Die monophyletischen Raufußkäuze (Gattung *Aegolius* mit 4 Arten) bilden eine Schwestergruppe zur Tribus Surniini und werden als eigene Tribus Aegolini abgetrennt (Abb. 2). Die genetische Variabilität ist bei *A. funereus* relativ klein (WINK et al. 2008), jedoch größer bei den Unterarten von *A. acadicus* (WITHROW et al. 2014). Die artenreichen Buschkäuze der Gattung *Ninox* (26 Arten) sehen den Sperlings- und Steinkäuzen recht ähnlich und „ersetzen“ diese in der australasiatischen Region (MIKKOLA 2013). Sie werden besser in einer eigen-

ständigen UF *Ninoxinae* (anstelle von Tribus Ninoxini) zusammengefasst (Tab. 1), die von den Triben Aegolini und Surniinae deutlich verschieden ist (Abb. 2). Der auf Madagaskar lebende Madagaskar-Kauz (*Ninox superciliaris*) ist aufgrund von DNA-Daten jedoch kein Vertreter der Gattung *Ninox*, sondern gehört offensichtlich zu den Steinkäuzen der Gattung *Athene* (Abb. 2). In diesem Fall empfehlen wir eine Umbenennung der Art in *Athene superciliaris*, denn sonst wäre die Gattung *Ninox* polyphyletisch (WINK 2014).

Ausblick

Die Erforschung der Eulensystematik hat in den letzten Jahrzehnten durch intensive Untersuchungen der Biologie, Lautäußerungen und Phylogenie an Intensität gewonnen (KÖNIG & WEICK 2008; WEICK 2013; MIKKOLA 2013). Nach wie vor sind viele Fragen offen, da viele Taxa bislang noch nicht ausführlich untersucht wurden. Da Eulen vergleichsweise sesshaft sind, ist es nur wahrscheinlich, dass sich isolierte Populationen auf Inseln, in Gebirgen oder im Regenwald von den Stammarten unterscheiden. Vermutlich wird daher die Zahl der neuen Eulenarten in den nächsten Jahren noch weiter steigen. Andererseits sind viele dieser isolierten Eulenpopulationen sehr klein und häufig durch Habitatverluste gefährdet. Leider stehen einige Eulenarten auf der Liste der vom Aussterben bedrohten Vogelarten.

Prof. Dr. Michael Wink
wink@uni-heidelberg.de

Anmerkungen und Literatur

¹Dieser Artikel ist in ähnlicher Form im Eulen-Rundblick 66 erschienen (WINK, M. [2016]: Evolution und Systematik der Eulen [Strigiformes]. - Eulen-Rundblick 66: 4-12).

²Vervielfachung der Erbsubstanz DNA (Desoxyribonucleinsäure)

³ Abschnitte auf der DNA oder RNA (Ribonucleinsäure)

⁴ monophyletisch: Gruppe, die von einer gemeinsamen Stammart abstammt und die alle Nachkommen umfasst;

paraphyletisch: Gruppe, die von einer gemeinsamen Stammart abstammt, aber nicht alle Mitglieder einschließt; polyphyletisch: Gruppe, die Nachkommen von verschiedenen

Stammarten enthält.

⁵Vgl. <http://www.mathematik.uni-ulm.de/stochastik/lehre/ss04/statistik1/skript/node25.html>; <http://www.spektrum.de/lexikon/biologie/bootstrap-test/10036>.

CRACRAFT, J. (1981): Towards a phylogenetic classification of recent birds of the world (class Aves). - The Auk 98: 681-714.

DANTAS, S.M.; WECKSTEIN, J.D.; BATES, J.M.; KRABBE, N.K.; CADENA, C.D.; ROBBINS, M.B.; VALDERRAMA, E. & ALEIXO, A. (2015): Molecular systematics of the new world screech owls (Megascops: Aves, Strigidae): biogeographic and taxonomic implications. - Mol. Phylog. Evol.; Dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2015.09.025.

DEL HOYO, J.; ELLIOTT, A. & SARGATAL, J. (Hrsg., 1999): Handbook of the birds of the world. 5 (Barn-owls to Hummingbirds). - Lynx Edicions, Barcelona.

FLINT, P.; WHALEY, D.; KIRWAN, G.M.; CHARALAMBOIDES, M.; SCHWEIZER, M. & WINK, M. (2015): Reprising the taxonomy of Cyprus Scops Owl *Otus cyprius*, a neglected island endemic. - Zootaxa 4040: 301-316.

FÜRBRINGER, M. (1888): Untersuchungen zur Morphologie und Systematik der Vögel. Amsterdam.

GADWOD, H. (1892): On the classification of birds. - Proc. Zool. Soc. London: 229-256.

HEIDRICH, P.C.; KÖNIG, C. & WINK, M. (1995a): Molecular phylogeny of the South American Screech Owls of the *Otus atricapillus* complex (Aves, Strigidae) inferred from nucleotide sequences of the mitochondrial cytochrome b gene. - Z. Naturforsch. 50C: 294-302.

HEIDRICH, P.C.; KÖNIG, C. & WINK, M. (1995b): Bioakustik, Taxonomie und molekulare Systematik amerikanischer Sperlingskäuze (Strigidae: Glaucidium spp.). - Stuttgarter Beitr. Naturkunde A 534: 1-47.

KÖNIG, C. (1994a): Lautäußerungen als interspezifische Isolationsmechanismen bei Eulen der Gattung *Otus* (Aves: Strigidae) aus dem südlichen Südamerika. - Stuttgarter Beitr. Naturkunde A 511: 1-35.

KÖNIG, C. (1994b): Biological patterns in owl taxonomy, with emphasis on bioacoustical studies on neotropical pygmy (Glaucidium) and screech owls (*Otus*). In: MEYBURG, B.-U. & CHANCELLOR, R.D. (Hrsg.): Raptor conservation today 1-19. Pica Press Sussex.

KÖNIG, C. & WEICK, F. (2008): Owls of the World. - Christopher Helm London.

KÖNIG, C., WEICK, F. & BECKING, J.-H. (1999): Owls. A Guide to the Owls of the World. Pica Press Mountfield.

MAYR, E. & AMADON, D. (1951): A classification of recent birds. - Amer. Mus. Novit. 1496.

MIKKOLA, H. (2013): Handbuch der Eulen der Welt - Kosmos Stuttgart.

OMOTE, K.; NISHIDA, C.; DICK, M. H. & MASUDA, R. (2013): Limited genetic distribution of a long-tandem repeat cluster in the mitochondrial control region in *Bubo* (Aves, Strigidae) and cluster variation in Blakiston's dish owl (*Bubo blakistonii*). - Mol. Phylog. Evol. 66: 889-897.

PELLEGRINO, I.; NEGRI, A.; CUCCO, M.; MUCCI, N.; PAVIA M.; SALEK, M.; BOANO, G. & RANDI, E. (2014): Phylogeography and Pleistocene refugia of the Little Owls *Athene noctua* inferred from mtDNA sequence data. - Ibis 156: 639-657.

PENHALLURICK, J.M. (2002): The taxonomy and conservation status of the owls of the world: a review. In: NEWTON, I.; KAVANAGH, R.; OLSEN, J. & TAYLOR, I. (Hrsg.): Ecology and conservation of Owls. - SIRO Publishing: 343-354.

POINS, J.M.; KIRWAN, G.M.; PORTER, R.F. & FUCHS, J. (2013): A reappraisal of the systematic affinities of Socotran, Arabian and East African scops owls (*Otus*, Strigidae) using a combination of molecular, biometric and acoustic data. - Ibis 155: 518-533.

PROUDFOOT, G.A.; GEHLBACH, F.R. & HONEYCUTT, R.L. (2007): Mitochondrial DNA variation and phylogeography of the Eastern and Western screech-owls. - Condor 109: 617-627.

PROUDFOOT, G.A.; HONEYCUTT, R.L. & SLACK, R.D. (2006): Mitochondrial DNA variation and phylogeography of the Ferruginous Pygmy-Owl (*Glaucidium brasilianum*). - Conserv. Genet. 7: 1-12.

PRUM, R.O.; BERV, J.S.; DORNBERG, A.; FIELD, D.J.; TOWNSEND, J.P.; LEMMON, E.M. & LEMMON, A.R. (2015): A comprehensive phylogeny of birds (Aves) using targeted next-generation DNA sequencing. - Nature, Doi: 10.1038/nature15697.

ROBB, M.S.; SANGSTER, G.; ALIABADIAN, M.; VAN DEN BERG, A.B.; CONSTANTINE, M.; IRESTEDT, M.; KHANI, A.; MUSAWI, S.B.; NUNES J.M.G.; WILLSON, M.S. & WALSH, A.J. (2013): The rediscovery of *Strix butleri* (Hume, 1878) in Oman and Iran, with molecular resolution of the identity of *Strix omanensis*. - Doi.org/10.1101/025122.

SEIBOLD, I.; HELBIG, A. & WINK, M. (1993): Molecular systematics of falcons (family Falconidae). - Naturwissenschaften 80: 87-90.

SIBLEY, C.G. & AHLQUIST, J.E. (1990): Phylogeny and classification of birds. - Yale University Press, New Haven, London.

SIBLEY, C.G. & MONROE, B.L. (1990): Distribution and Taxonomy of Birds of the World. - Yale University Press, New Haven, London.

STORCH, V., WELSCH, U. & WINK, M. (2013): Evolutionsbiologie. - Springer Heidelberg.

VAN NIEUWENHUYSE, D.; GENOT, J.C. & JOHNSON, D.H. (2008): The Little Owl. Conservation, Ecology and Behaviour of *Athene noctua*. - Cambridge University Press, Cambridge.

WEICK, F. (2006): Owls (Strigiformes) - Annotated and illustrated checklist. - Springer Heidelberg.

WEICK, F. (2013): Faszinierende Welt der Eulen. - Neumann-Neudamm Melsungen.

WINK, M. (1995): Phylogeny of Old and New World vultures (Aves: Accipitridae and Cathartidae) inferred from nucleotide sequences of the mitochondrial cytochrome b gene. - Z. Naturforsch. 50C: 868-882.

WINK, M. (2000a): Advances in DNA studies of diurnal and nocturnal raptors. In: CHANCELLOR, R.D. & MEYBURG, B.-U. (Hrsg.): Raptors at Risk. WWGBP/Hancock House London: 831-844.

WINK, M. (2000b): Fortschritte in der molekularen Systematik der Eulen (Strigiformes). -

Kauzbrief 9: 15-25.

WINK, M. (2011): Evolution und Phylogenie der Vögel - Taxonomische Konsequenzen. - Vogelwarte 49: 17-24.

WINK, M. (2013): Ornithologie für Einsteiger. - Springer-Spektrum Heidelberg.

WINK, M. (2014): Molekulare Phylogenie der Eulen (Strigiformes). - Vogelwarte 52: 325-326.

WINK, M. (2015a): Der erste phylogenomische Stammbaum der Vögel. - Vogelwarte 53: 45-50.

WINK, M. (2015b): DNA-Analysen von Vögeln: Nicht-invasive Probengewinnung durch Schleimhautabstriche („Tupfer-Methode“). - Vogelwarte 53: 59-60.

WINK, M.; EL-SAYED, A.A.; SAUER-GÜRTH, H. & GONZALEZ, J. (2009): Molecular phylogeny of owls (Strigiformes) inferred from DNA sequences of the mitochondrial cytochrome b and the nuclear RAG-1 gene. - Ardea 97: 209-219.

WINK, M. & HEIDRICH, P. (1999): Molecular evolution and systematics of owls (Strigiformes). In: KÖNIG, C., WEICK, F. & BECKING, J.-H. (1999): Owls. A Guide to the Owls of the World. Pica Press Mountfield: 39-57.

WINK, M. & HEIDRICH, P. (2000): Molecular systematics of owls (Strigiformes) based on DNA sequences of the mitochondrial cytochrome b gene. In: CHANCELLOR, R.D. & MEYBURG, B.-U. (Hrsg.): Raptors at Risk. WWGBP/Hancock House London: 819-828.

WINK, M., HEIDRICH, P. & FENTZLOFF, C. (1996): A mtDNA phylogeny of sea eagles (genus *Haliaeetus*) based on nucleotide sequences of the cytochrome b gene. - Biochemical Systematics and Ecology 24: 783-791.

WINK, M.; HEIDRICH, P.; SAUER-GÜRTH, H.; EL-SAYED, A.-A. & GONZALEZ, J.M. (2008): Molecular phylogeny and systematics of owls (Strigiformes). In: KÖNIG, C. & WEICK, F. (2008): Owls of the World. - Christopher Helm London: 42-63.

WINK, M. & SAUER-GÜRTH, H. (2000): Advances in the molecular systematics of African raptors. In: CHANCELLOR, R.D. & MEYBURG, B.-U. (Hrsg.): Raptors at Risk. WWGBP/Hancock House London: 135-147.

WINK, M. & SAUER-GÜRTH, H. (2004): Phylogenetic relationships in diurnal raptors based on nucleotide sequences of mitochondrial and nuclear marker genes. In: CHANCELLOR, R.D. & MEYBURG, B.-U. (Hrsg.): Raptors Worldwide. - WWGBP Berlin: 483-498.

WINK, M.; SAUER-GÜRTH, H. & FUCHS, M. (2004): Phylogenetic relationships in owls based on nucleotide sequences of mitochondrial and nuclear marker genes. In: CHANCELLOR, R.D. & MEYBURG, B.-U. (Hrsg.): Raptors Worldwide. - WWGBP Berlin: 517-526.

WITHROW, J.J.; SEALEY, S.G. & WINKLER, K. (2014): Genetic divergence in the Northern Saw-whet Owl (*Aegolius acadicus*). - The Auk 131: 73-85.

