

Chromosomen bei Vögeln

Das Buch befasst sich mit jenen Vogelordnungen, die im Laufe der geologischen Zeitskala ausgewählte genetische Variationen angesammelt haben. Es bietet den Lesern einen umfassenden Überblick über die Erbträger und führt sie in das Reich der bunten Vogelarten.

Die Leser können durch klare Erklärungen und anschauliche Illustrationen in diesem Buch visuell nachvollziehen, wie chromosomale Umlagerungen in sich kreuzenden Vogelpopulationen fortbestehen und zum Prozess der Artbildung beitragen. Es ist eine erschöpfende Zusammenstellung von 30 Jahren Forschung, die der Autor an verschiedenen Vogelarten durchgeführt hat - eine Fundgrube für Leser, die sich für die Vogelzytogenetik interessieren.

Das vorliegende Buch ist ein praktischer Leitfaden für alle Neugierigen, die Biologie in einer einfachen Form suchen, bei der sich der Kern nicht in einer Unzahl komplexer Wörter versteckt.



Dr. H.K. Garg | Professor für Gentechnik und Biotechnologie am Institute for Excellence in Higher Education, Indien | Autor eines Buches über Forschungstechniken in der Molekularbiologie, Genetik und Biotechnologie | Veröffentlichung von mehr als 100 Forschungsartikeln mit ≥ 700 Zitaten, 282,7 Forschungsinteresse, 26 - i10 Index, 14 h-index und 5.00.000 Lesungen.



- V E R L A G -
Unser Wissen



- V E R L A G -
Unser Wissen



H. K. Garg

Chromosomen bei Vögeln

Aviäre Zytogenetik

H. K. Garg

Chromosomen bei Vögeln

FOR AUTHOR USE ONLY

FOR AUTHOR USE ONLY

H. K. Garg

Chromosomen bei Vögeln

Aviäre Zytogenetik

FOR AUTHOR USE ONLY

ScieniaScripts

Imprint

Any brand names and product names mentioned in this book are subject to trademark, brand or patent protection and are trademarks or registered trademarks of their respective holders. The use of brand names, product names, common names, trade names, product descriptions etc. even without a particular marking in this work is in no way to be construed to mean that such names may be regarded as unrestricted in respect of trademark and brand protection legislation and could thus be used by anyone.

Cover image: www.ingimage.com

This book is a translation from the original published under ISBN 978-620-4-74163-5.

Publisher:

Scientia Scripts

is a trademark of

Dodo Books Indian Ocean Ltd., member of the OmniScriptum S.R.L
Publishing group

str. A.Russo 15, of. 61, Chisinau-2068, Republic of Moldova Europe

Printed at: see last page

ISBN: 978-620-4-50769-9

Copyright © H. K. Garg

Copyright © 2022 Dodo Books Indian Ocean Ltd., member of the
OmniScriptum S.R.L Publishing group

FOR AUTHOR USE ONLY

Chromosomen

Bei Vögeln

FOR AUTHOR USE ONLY

Dr. H.K. Garg

Professor | Zell- und Molekularbiologie

Institut für Exzellenz in der Hochschulbildung | Bhopal | Indien

Vorwort

Das Universum neigt von Natur aus zu Unordnung und Unordnung. Dieser Fluss des Chaos enthält einige vereinzelte Wirbel der Ordnung, und einer der faszinierendsten ist das Leben. In der Tat kann das Leben als ein Geheimnis betrachtet werden, das darin besteht, ungeordnete Komponenten zu hochsymmetrischen Strukturen zusammenzufügen - Strukturen, die im übrigen Universum höchst unwahrscheinlich sind. Der Schlüssel zu diesem unwahrscheinlichen Phänomen des Lebens liegt in den emblematischen biologischen Strukturen, die als Chromosomen bekannt sind.

Unter geeigneten Bedingungen sind Chromosomen in der Lage, bei der Zellteilung originalgetreue Kopien von sich selbst zu erzeugen, die dem Leben von einer Generation zur nächsten seine Kontinuität verleihen. Jedes lebende System besitzt von seinen entfernten Vorfahren überlieferte Anweisungen für den Kampf gegen Unordnung. Diese Kontinuität im Laufe der Zeit ermöglicht wiederum bestimmte Klassen ausgewählter genetischer Variationen, die sich in einer Population manchmal bis zu einem sehr hohen Grad anhäufen. Wenn die Selektion zu einem internen Gleichgewicht führt und die selektiven Unterschiede vollständig von der Strenge der Umwelt, dem Hintergrundgenotyp und dem Genotyp der anderen Organismen in der Population abhängen, kann der Polymorphismus in großer Zahl erhalten bleiben.

Das vorliegende Skript zeichnet ein Bild der Vogelchromosomen mit dem Ziel, ihre Position in der Phylogenie zu bestätigen. Der Schwerpunkt liegt auf jenen Vogelordnungen, die im Laufe der geologischen Zeitskala ausgewählte genetische Variationen angesammelt haben.

Ich möchte Dr. Priyamvada Jaitly, der ehemaligen Direktorin des Government Girls College in Vidisha, Indien, meinen aufrichtigen Dank aussprechen, die mich über viele Fallstricke im Bereich der Chromosomenforschung hinweggeführt hat.

Ich erkenne auch die Großzügigkeit von Dr. RN Shoffner, Professor Emeritus, Department of Animal Sciences, University of Minnesota, USA, und Dr. Krishna Swarup, Professor Emeritus, National Academy of Sciences, Allahabad, Indien, an, die ihr Fachwissen mit mir geteilt und mir geholfen haben, mich für die Vogelzytogenetik zu interessieren.

Mein Dank gilt auch Dr. N. Chaturvedi, Bombay Natural History Society, Mumbai, und Dr. N. Majumdar, Zoological Survey of India, Kolkata, die mir immer bei der Identifizierung der Vögel behilflich waren.

FOR AUTHOR USE ONLY

Index

Einführung	5
Experimentelle Spezies.....	19
Experimentelles Protokoll	20
Chromosomenkomplement.....	26
Chromosomaler Polymorphismus.....	56
Diakinetische Konfiguration.....	71
Konstitutives Heterochromatin	75
Trypsin-Geimsa-Bänder	77
Zusammenfassung	79
Reflexionen.....	85
Referenzen	87

FOR AUTHOR USE ONLY

Einführung

Das biologische Reich weist eine immense Vielfalt an Formen auf, die durch den Prozess der Evolution entstanden sind. Obwohl alle lebenden Organismen einen gemeinsamen Masterplan für die strukturelle und funktionelle Organisation haben, sind sie in gewissem Maße sowohl zytogenetisch als auch taxonomisch heterogen. In einigen Fällen sind die Gene zwar identisch, können aber aufgrund von Veränderungen der Chromosomenabschnitte anders angeordnet sein. Diese Veränderungen haben einen wichtigen Einfluss auf den Kampf ums Dasein, die natürliche Selektion und schließlich auf die Evolution der Art. Die Anzahl der Chromosomen, die Merkmale des Karyotyps, die Gesamtlänge der Chromosomen, das Vorhandensein von metazentrischen Chromosomen und der Inhalt der DNA sind also einige der für das Verständnis der Evolution grundlegenden Größen.

Die Evolution der Vögel vollzog sich im Wesentlichen in drei Phasen: die Abspaltung der Gruppe der Laufvögel (Emu, Strauß usw.) vom Rest, die Abspaltung der Galloanserae (Huhn, Truthahn, Ente, Gans usw.) und die Abspaltung der höheren Land- und Wasservögel. Es gab keine spezifischen Veränderungen, die mit einem der evolutionären Meilensteine verbunden waren, mit Ausnahme der Veränderungen bei den Geschlechtschromosomen. Interessant ist, dass die Vogelordnungen eine bemerkenswert hohe Chromosomenzahl aufweisen. Noch interessanter ist die Tatsache, dass ein großer Teil der kleinen Chromosomen bei Vögeln und Reptilien bestehen bleibt. Das Vorhandensein mehrerer kleiner Elemente scheint ein treues System für den Informationsbestand zu sein (Shoffner, 1974).

In den vergangenen zwei Jahrtausenden wurde weltweit 1/5th der Vogelfauna als Folge ökologischer Veränderungen und menschlicher Eingriffe in Vogelgebiete und -inseln ausgerottet. Trotz der drohenden Gefahr, dass viele Vogelarten in die Liste der gefährdeten oder bedrohten Arten aufgenommen werden, ist zytogenetisch nichts Wesentliches über sie bekannt. Von den 8.948

existierenden Vogelarten wurden 780 karyotypisiert, was chromosomale Informationen für weniger als 9% der weltweiten Vogelfauna liefert.

Die Vogelwelt stellt eine karyologisch einheitliche Gruppe dar, die sich durch das Vorhandensein einiger großer, so genannter Makrochromosomen und einer Reihe morphologisch undeutlicher Mikrochromosomen auszeichnet und als die einzige Linie gilt, bei der die weibliche Heterogamie zytologisch nachgewiesen ist.

Zwischen den Makrochromosomen gibt es jedoch erhebliche morphologische Unterschiede, so dass selbst nahezu verwandte Arten unterschiedliche Karyotypen aufweisen. Diese interspezifischen Chromosomenvariationen kommen durch strukturelle Umlagerungen zum Ausdruck, die sich in Veränderungen der Größe oder Anzahl niederschlagen. Solche Veränderungen sind bei vielen Tierarten dokumentiert worden, aber bei Vögeln fehlen kritische Informationen über solche Variationen, da es an vergleichender Dokumentation von intraspezifischen und interspezifischen Karyotypen mangelt.

Erstens sind nur sehr wenige Vogelarten karyotypisiert worden; zweitens ist der Vergleich von Karyotypen verwandter Vogelgruppen minimal; drittens ist wenig über die Häufigkeit und Art der intraspezifischen Variation bekannt, da die überwiegende Mehrheit der Karyotypen von wenigen Individuen einer Art stammt; Hinzu kommt, dass die meisten Annahmen über Veränderungen in der Chromosomenkonfiguration unter dem Gesichtspunkt getroffen werden, dass sichtbare Unterschiede zwischen Karyotypen auf mutmaßliche chromosomale Umlagerungen zurückzuführen sind, die in früheren Generationen stattgefunden haben, und nicht auf Beweise aus zytochemischen oder zytogenetischen Daten.

Jahrhunderts begonnen wurden (Loyez, 1906; Sonnenbrodt, 1908; Guyer, 1909; Cutler, 1918), konnten nie ein klares Bild der Vogelchromosomen liefern, da die Forscher geschnittenes Gonadengewebe verwendeten. Erst in den 1950er Jahren wurde die Sektion allmählich durch zuverlässigere Techniken wie hypotonische Kürbispräparate, Verwendung von Colchizin, Lufttrocknung und Gewebekultur ersetzt.

Die bisher untersuchten Vogelordnungen zeigen eine Tendenz zur Abnahme der Zahl der Mikrochromosomen und zur Zunahme der Zahl der Makrochromosomen. Es wird angenommen, dass die kleineren Makrochromosomen durch Robertsonische Translokationen größerer Mikrochromosomen entstanden sind und dass die Translokation von Mikrochromosomen zu Makrochromosomen die zentromerische Position von telozentrisch zu submetazentrisch oder metazentrisch verschiebt (Tegelstrom & Rytman, 1981).

Tabelle 1: Bislang ermittelte Vogeltaxa:

Bestellung	Familie	Arten	Referenz
Struthioniformes	Struthionidae	<i>Struthio camelus</i> Linnaeus, 1758	Takagi & Sasaki, 1972
Sphenisciformes	Spheniscidae	<i>Spheniscus humboldti</i>	Takagi & Sasaki, 1974
Gaviiformes	Gaviidae	<i>Gavia stelleri</i>	Hammar, 1970
Podicipediformes	Podicipedidae	<i>Podiceps cristatus</i>	Takagi & Sasaki, 1974
Casuariformes	Dromaiidae	<i>Dromaius novaehollandiae</i> (Latham, 1790)	De Boer, 1980
Apterygiformes	Apterygidae	<i>Apteryx australis</i> Shaw, 1813	De Boer, 1980
Pelecaniformes	Pelecanidae	<i>Pelecanus crispus</i> Bruch, 1832	De Boer, 1976
		<i>Pelecanus occidentalis</i> Linnaeus, 1766	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Pelecanus onocrotalus</i> Linnaeus, 1758	
	Sulidae	<i>Morus bassanus</i> (Linnaeus, 1758)	Belterman & De Boer, 1984
	Phalacrocoracidae	<i>Phalacrocorax carbo</i> (Linnaeus, 1758)	Belterman & De Boer, 1984
Ciconiiformes	Ardeidae	<i>Ardea cinerea</i>	Hammar, 1970
		<i>Ardeola grayii</i>	Ray-Chaudhari, 1976
		<i>Ardea goliath</i> Cretzschmar, 1827	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Cochlearius cochlearius</i>	De Boer & Van

		(Linnaeus,1766)	Brink, 1982
	Balaenicipitidae	<i>Balaeniceps rex</i> Gould, 1850	De Boer & Van Brink, 1982
	Ciconiidae	<i>Ciconia ciconia</i> (Linnaeus, 1758)	De Boer, 1978
		<i>Ciconia episcopus</i> (Boddaert, 1783)	De Boer & Van Brink, 1982
		<i>Ciconia maguari</i> (Gmelin, 1789)	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Ciconia nigra</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Ephippiorhynchus asiaticus</i> (Latham,1790)	
		<i>Ephippiorhynchus senegalensis</i> (Shaw, 1800)	
		<i>Ibis ibis</i> (Linnaeus, 1766)	
		<i>Leptoptilos crumeniferus</i> (Lesson, 1831)	
		<i>Leptoptilos javanicus</i> (Horsfield, 1821)	
	Threskiornithidae	<i>Carphibis spinicollis</i> (Jameson, 1835)	Takagi & Sasaki, 1974
		<i>Geronticus eremita</i> (Linnaeus, 1758)	De Boer & Van Brink, 1982
		<i>Threskiornis molucca</i> (Cuvier, 1829)	
	Phoenicopteridae	<i>Phoenicopterus chilensis</i> Molina, 1782	Takagi & Sasaki, 1974
		<i>Phoenicopterus roseus</i> Pallas, 1811	De Boer & Van Brink, 1982
		<i>Phoenicopterus ruber</i> Linnaeus, 1758	
		<i>Phoenicopterus minor</i> (Geoffroy, 1798)	
Anseriformes	Anhimidae	<i>Chauna chavaria</i> (Linnaeus, 1766)	Takagi & Sasaki, 1974; Belterman & De Boer, 1984
	Anatidae	<i>Anas castanea</i> (Eyton, 1838)	Hammar, 1966

		<i>Anas platyrhynchos</i>	Itoh et al., 1969
		<i>Anser anser</i>	Schoffner, 1974
		<i>Anser cygnoides</i> (Linnaeus, 1758)	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Anseranas semipalmata</i> (Latham, 1798)	
		<i>Cereopsis novaehollandiae</i> Latham, 1801	
		<i>Chloephaga rubidiceps</i> Sclater, 1861	
		<i>Netta rufina</i> (Pallas, 1773)	
Falconiformes	Cathartidae	<i>Sarcorhamphuspapa</i> (Linnaeus, 1758)	De Boer, 1975, 1976
		<i>Vultur gryphus</i> Linnaeus, 1758	
	Accipitridae	<i>Accipiter gentilis</i> (Linnaeus, 1758)	De Boer, 1975, 1976
		<i>Accipiter novaehollandiae</i> (Gmelin, 1788)	De Boer & Sinoo, 1984
		<i>Aegyptius monachus</i> (Linnaeus, 1766)	
		<i>Aquila audax</i> (Latham, 1801)	
		<i>Aquila rapax</i> (Temminck, 1828)	
		<i>Buteo buteo</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Circus aeruginosus</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Circus o'aneus</i> (Linnaeus, 1766)	
		<i>Circus pygargus</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Circaetus gallicus</i> (Gmelin, 1788)	
		<i>Geranoaetus melanoleucus</i> (Vieillot, 1918)	
		<i>Gypaetus barbatus</i> (Linnaeus, 1758)	

		<i>Gyps bengalensis</i> (Gmelin, 1788)	
		<i>Gyps coprotheres</i> (Forster, 1798)	
		<i>Gypsfulvus</i> (Hablizl, 1783)	
		<i>Gyps rueppellii</i> (AE Brehm, 1852)	
		<i>Haliaeetus albicilla</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Blaukehl-Haliaeetus leucocephalus</i> (Linnaeus, 1766)	
		<i>Haliaeetus leucogaster</i> (Gmelin, 1788)	
		<i>Haliaeetus leucoryphus</i> (Pallas, 1771)	
		<i>Haliaeetus vocifer</i> (Daudin, 1800)	
		<i>Haliastur indus</i> (Boddaert, 1783)	
		<i>Lophoaetus occipitalis</i> (Daudin, 1800)	
		<i>Necrosyrtes monachus</i> (Temminck, 1823)	
		<i>Pernis apivorus</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Pithecophaga jefferyi</i> Ogilvie-Grant, 1896	
		<i>Sarcogyps calvus</i> (Scopoli, 1786)	
		<i>Stephanoaetus coronatus</i> (Linnaeus, 1766)	
		<i>Terathopiusecaudatus</i> (Daudin, 1800)	
	Sagittariidae	<i>Sagittarius serpentarius</i> (Miller, 1779)	De Boer, 1975, 1976
	Falconidae	<i>Falco biarmicus</i> Temminck, 1825	De Boer, 1975, 1976
		<i>Falcojugger</i> Gray, 1834	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Milvago chimachima</i>	

		(Vieillot, 1816)	
		<i>Polyborus plancus</i> (Miller, 1777)	
Galliformes	Megapodiidae	<i>Aepyodius arfakianus</i> (Salvadori, 1877)	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Aepyodius bruijnii</i> (Oustalet, 1880)	
	Cracidae	<i>Crax Alektor</i> (Linnaeus, 1766)	De Boer & Belterman, 1981
		<i>Crax mitu</i> (Linnaeus, 1766)	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Ortalis canicollis</i> (Wagler, 1830)	
		<i>Penelopejacquacu</i> Spix, 1825	
	Phasianidae	<i>Afropavo congensis</i> Chapin, 1938	Ray-Chaudhari et al., 1969
		<i>Chrysolophus pictus</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Gallus domesticus</i> (Linnaeus, 1758)	Benirishke und Hsu, 1971
		<i>Lophura edwardsi</i> (Oustalet, 1896)	De Boer & Van Bockstaele, 1981
		<i>Lophura imperialis</i> Delacour et Jabouille, 1924	De Boer et al., 1984
		<i>Lophura swainhoii</i> (Gould, 1862)	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Pavo cristatus</i> Linnaeus, 1758	
		<i>Koturnix-Koturnix</i>	
	Numididae	<i>Acryllium vulturinum</i> (Hardwicke, 1834)	Benirishke & Hsu, 1971
		<i>Gutteraphumifera</i> (Cassin, 1857)	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Guttera edouardi</i> (Hartlaub, 1867)	
		<i>Numida meleagris</i> (Linnaeus, 1758)	
Gruiformes	Gruidae	<i>Anthropoides paradisea</i> (Lichtenstein, 1793)	De Boer, 1975, 1976
		<i>Anthropoides virgo</i>	Belterman & De

		(Linnaeus, 1758)	Boer, 1984
		<i>Balearicapavonina</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Bugeranus carunculatus</i> (Gmelin, 1789)	
		<i>Grus Antigone</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Grus canadensis</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Grus grus</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Grus japonensis</i> (PLS Muller, 1776)	
		<i>Grus ribicunda</i> (Perry, 1810)	
		<i>Grus vipio</i> Pallas, 1811	
	Turnicidae	<i>Turnix-Susciator</i> (Gmelin)	Garg & Shrivastava, 2013
	Psophiidae	<i>Psophia crepitans</i> Linnaeus, 1758	Belterman & De Boer, 1984
	Rallidae	<i>Fulica atra</i>	Hammar, 1970
		<i>Rallus philippensis</i> Linnaeus, 1766	
	Cariamidae	<i>Cariama cristata</i> (Linnaeus, 1766)	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Chunga burmeisteri</i> (Hartlaub, 1860)	
Columbiformes	Columbidae	<i>Columba livia</i>	Stock et al., 1974
		<i>Caloenas nicobarica</i> (Linnaeus, 1758)	De Lucca & Chamma, 1977
		<i>Geopelia cuneata</i>	
		<i>Goura cristata</i> (Pallas, 1764)	De Boer & Belterman, 1980
		<i>Goura scheepmakeri</i> Finsch, 1875	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Goura victoria</i> (Fraser, 1844)	
		<i>Treron phoenicoptera</i> (Latham)	Garg & Garg, 2002 Garg & Shrivastava, 2013

	Pteroclididae	<i>Pterocles exustus</i>	Ray-Chaudhari, 1976
Psittaciformes	Cacatuidae	<i>Cacatua galerita</i> (Latham, 1790)	Van Dongen & De Boer, 1984
		<i>Calyptorhynchus magnificus</i> (Shaw, 1790)	
		<i>Probosciger aterrimus</i> (Gmelin, 1788)	
	Psittacidae	<i>Amazona ochrocephala</i> (Gmelin, 1788)	Rothfels et al., 1963
		<i>Amazona viridigenalis</i> (Cassin, 1853)	De Boer & Belterman, 1980
		<i>Ara ararauna</i> (Linnaeus, 1758)	Van Dongen & De Boer, 1984
		<i>Ara macao</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Melopsittacus undulatus</i> (Shaw, 1805)	
		<i>Nestor notabilis</i> Gould, 1856	
		<i>Psittacus erithacus</i> Linnaeus, 1758	
		<i>Psittichas fulgidens</i> (Lesson, 1830)	
Cuculiformes	Musophagidae	<i>Musophaga violacea</i> Isert, 1789	Belterman & De Boer, 1984
Strigiformes	Tytonidae	<i>Phodilus badius</i> (Horsfield, 1821)	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Tyto alba</i> (Scopoli, 1769)	
	Strigidae	<i>Athene Brama</i>	Ray-Chaudhari et al., 1969
		<i>Bubo africanus</i> (Temminck, 1821)	De Boer, 1976
		<i>Bubo bubo</i> (Linnaeus, 1758)	Biedermann et al., 1980
		<i>Bubo virginianus</i>	
		<i>Ciccaba woodfordii</i> (A. Smith, 1834)	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Ketupa zeylonensis</i> (Gmelin, 1788)	

		<i>Ninox novaeseelandiae</i> (Gmelin, 1788)	
		<i>Nyctea scandiaca</i> (Linnaeus, 1758)	
		<i>Otus leucotis</i> (Temminck, 1820)	
Caprimulgiformes	Podargidae	<i>Podargus strigoides</i> (Latham, 1801)	Belterman & De Boer, 1984
	Caprimulgidae	<i>Caprimulgus aegyptius</i>	Bulatova et al., 1971
Coraciiformes	Alcedinidae	<i>Dacelo novaeguineae</i> (Hermann, 1783)	De Boer & Belterman, 1980
		<i>Ceryle rudis</i> (Linnaeus)	Garg & Shrivastava, 2013
	Coraciidae	<i>Coracias benghalensis</i> (Linnaeus, 1758)	Misra & Srivastava, 1975 Belterman & De Boer, 1984
	Bucerotidae	<i>Aceros undulatus</i> (Shaw, 1811)	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Buceros bicornis</i> Linnaeus, 1758	
		<i>Bucorvus abyssinicus</i> (Boddaert, 1783)	
		<i>Bucorvus leadbeateri</i> Vigors, 1825	
		<i>Tockus fasciatus</i> (Shaw, 1811)	
	Meropidae	<i>Merops orientalis</i> (Linnaeus)	Garg & Shrivastava, 2013
Schreitvögel	Motacillidae	<i>Anthus trivialis</i>	Hammar & Herlin, 1975
		<i>Motacilla flava</i> Linnaeus, 1758	Garg & Shrivastava, 2013
	Cotingidae	<i>Cephalopterus penduliger</i> Sclater, 1859	Belterman & De Boer, 1984
	Muscicapidae	<i>Saxicola torquata</i>	Bulatowa & Panow, 1973
		<i>Picathartes gymnocephalus</i> (Temminck, 1825)	Belterman & De Boer, 1984
	Paridae	<i>Parus major</i>	Hammar, 1970

	Emberizidae	<i>Emberiza citrinella</i>	Hammar & Herlin, 1975
		<i>Emberiza melanocephala</i> Scopoli, 1769	Garg & Shrivastava, 2013
		<i>Melophus lathami</i> (Gray, 1831)	Garg & Shrivastava, 2013
	Fringillidae	<i>Fringilla coelebs</i>	Piccini & Stella, 1970
		<i>Serinus canarius</i> (Linnaeus, 1758)	
	Ploceidae	<i>Passer domesticus</i> (Linnaeus, 1758)	Bulatova et al., 1972
	Sturnidae	<i>Sturnus contra</i> (Linnaeus)	Ray-Chuadhari u. a., 1969; Garg, 2011
	Corvidae	<i>Corvus corax</i> Linnaeus, 1758	Belterman & De Boer, 1984
		<i>Corvus corone</i> Linnaeus, 1758	
	Chloropseidae	<i>Chloropsis aurifrons</i> Temminck, 1829	Garg & Shrivastava, 2013
Zwerghühner	Capitonidae	<i>Megalaima zeylanica caniceps</i> (Franklin)	Garg, 1992 Garg & Garg, 2002, 2003, 2004, 2005 Garg & Shrivastava, 2013

Die meisten dieser Berichte stützten sich auf Chromosomenanalysen von sehr wenigen Individuen, oft nur von einem oder zwei Exemplaren einer Art. Wo immer eine nennenswerte Anzahl von Individuen einer Vogelpopulation untersucht wurde, wurde Chromosomenpolymorphismus des einen oder anderen Typs festgestellt (Tabelle 2).

Tabelle 2: Vorkommen von Chromosomenpolymorphismus bei Vögeln:

Ordnung und Arten	Chromosomaler Polymorphismus	Autor (Jahr)
Schreitvögel		
<i>Zonotrichia albicollis</i>	Perizentrische Inversionen in den Chromosomen 2 und	Thorncroft (1966, 1975)

	3	
<i>Zonotrichia capensis</i>	Perizentrische Inversionen in den Chromosomen 3 und 5	De Lucca & Rocha (1985)
<i>Junco hyemalis</i>	Perizentrische Inversionen in den Chromosomen 2 und 5	Schilde (1973, 76)
<i>Oregano Junco</i>	Perizentrische Inversionen in den Chromosomen 2 und 5	Schilde (1973, 76)
<i>Junco aikini</i>	Perizentrische Inversionen in den Chromosomen 2 und 5	Schilde (1973, 76)
<i>Junco caniceps</i>	Perizentrische Inversionen in den Chromosomen 2 und 5	Schilde (1973, 76)
<i>Junco phaeonotus</i>	Perizentrische Inversionen in den Chromosomen 2 und 5	Schilde (1973, 76)
<i>Kardinalis cardinalis</i>	Perizentrische Inversion im Chromosom 5	Bass (1979)
<i>Carduelis chloris</i>	Perizentrische Inversion im Chromosom 1	Hammar & Herlin (1975)
<i>Carduelis chloris</i>	C-Band-Polymorphismus in Chromosom 1	Capanna et al. (1987)
<i>Carduelis chloris</i>	C-Band-Polymorphismus in Chromosom 1	Christidis (1986)
<i>Lonchura punctulata</i>	C-Band-Polymorphismus in den Chromosomen 1, 3 und 5	Christidis (1986)
<i>Lonchura punctulata</i>	Perizentrische Inversionen in den Chromosomen 6, 7 und 8	Christidis (1986)
<i>Lonchura punctulata</i>	Perizentrische Inversion im Chromosom 8	Ray-Chaudhuri (1976)
<i>Lonchura punctulata</i>	Translokation zwischen den Chromosomen 4 und einem Mikrochromosom	Ansari & Kaul (1978)
<i>Lonchura malabarica</i>	Perizentrische Inversion im Chromosom 8	Ray-Chaudhuri (1976)
<i>Poephila acuticauda</i>	Perizentrische Inversion im Z-Chromosom	Christidis (1986)

<i>Poephila acuticauda</i>	C-Band-Polymorphismus im Z-Chromosom	Christidis (1986)
<i>Poephila cincta</i>	Perizentrische Inversion im Chromosom 7	Christidis (1986)
<i>Poephila guttata</i>	Perizentrische Inversionen in den Chromosomen 6 und W	Christidis (1986)
<i>Poephila bichenovii</i>	C-Band-Polymorphismus im Z-Chromosom	Christidis (1986)
<i>Aegintha temporalis</i>	C-Band-Polymorphismus in den Chromosomen 2 und Z	Christidis (1986)
Columbiformes		
<i>Treron phoenicoptera</i>	Perizentrische Inversionen in den Chromosomen 1 und 5	Garg & Garg (2002) Garg & Shrivastava (2013)
Charadriformes		
<i>Vanellus vanellus</i>	Perizentrische Inversion im Chromosom 1	Hammar (1970)
Zwerghühner		
<i>Megalaima zeylanica caniceps</i>	Translokation zwischen Chromosom 1 und einem Mikrochromosom	Garg (1992); Garg & Garg (2002, 2003, 2005) Garg & Shrivastava, 2013
<i>Megalaima zeylanica caniceps</i>	C- und G-Band-Polymorphismus zwischen Chromosom 1 und einem Mikrochromosom	Garg & Garg (2002)
<i>Megalaima zeylanica caniceps</i>	Perizentrische Inversion im Chromosom 1	Bhunya & Sultana(1983)
Ciconiformes		
<i>Bubulcus ibis</i>	Translokation zwischen Chromosom 1 und einem Mikrochromosom	Misra & Srivastava(1976)
Psittaciformes		
<i>Forpus xanthopterygius</i>	Translokation zwischen den Chromosomen 1 und 5	De Lucca & Marco(1983)

Galliformes		
<i>Gallus domesticus</i>	Translokation zwischen den Chromosomen 1 und 5	Ryan & Bernier(1968)

In diesem Buch wird die chromosomale Zusammensetzung bestimmter Vogelarten dargestellt, um ihre Position in der Phylogenie zu bestätigen und die tatsächliche Variabilität (falls vorhanden) innerhalb der Vogeltaxa herauszufinden.

FOR AUTHOR USE ONLY

Experimentelle Spezies

Die Studie wurde an 10 verschiedenen Vogelarten durchgeführt.

Tabelle 3: Im Rahmen der Studie ermittelte Vogeltaxa:

S.Nr.	Bestellung	Familie	Name der Art	Zoologischer Name
1.	Schreitvögel	Sturnidae	Die Asiatischen Scheckenstare (Myna)	<i>Sturnus contra</i> (Linnaeus)
2.	Schreitvögel	Motacillidae	Der Gelbe Wagenschwanz	<i>Motacilla flava</i> (Linnaeus)
3.	Schreitvögel	Emberizidae	Die Schwarzkopffammer	<i>Emberiza melanocephala</i> , Scopoli
4.	Schreitvögel	Emberizidae	Die Haubenammer	<i>Melophus lathami</i> , Gray
5.	Schreitvögel	Chloropsidae	Der Goldstirn-Blattvogel	<i>Chloropsis aurifrons</i> , Temminck
6.	Gruiformes	Turnicidae	Die Großtrappe Wachtel	<i>Turnix susciator</i> (Gmelin)
7.	Coraciiformes	Aledinidae	Der Zweifarbenfischer	<i>Ceryle rudis</i> (Linnaeus)
8.	Coraciiformes	Meropidae	Der grüne Bienenfresser	<i>Merops orientalis</i> (Latham)
9.	Columbiformes	Columbidae	Die Himalaya-Grüntaube	<i>Treron phoenicoptera</i> (Latham)
10.	Zwerghühner	Capitonoidea	Der Nördliche Grünbartvogel	<i>Megalaima zeylanica caniceps</i> , Franklin

Experimentelles Protokoll

Die Chromosomenpräparate wurden gewonnen, nachdem das Knochenmark des Vogels einer Reihe von Behandlungen nach dem unten angegebenen Schema unterzogen worden war:

1. Die erwachsenen Barben erhielten eine intramuskuläre Injektion von 0,02 ml einer 0,25%igen Colchicinlösung.
2. Nach einer Stunde Colchicin-Behandlung wurden die Vögel durch nasale Verabreichung von Chloroform betäubt.
3. Die Epiphysen der Röhrenknochen wurden abgeschnitten und das Knochenmark mit 0,9 %iger Trinatriumzitatrlösung, die bei 37° °C vorgewärmt wurde, ausgespült.
4. Die so erhaltene Zellsuspension wurde 2 Stunden lang bei 37°C erwärmt und anschließend 5-6 Minuten lang bei 500 U/min zentrifugiert.
5. Der Überstand wurde entfernt, und das so gewonnene Knochenmark wurde mit einem Gummirührer oder Zyklomixer allmählich umgerührt, wobei gleichzeitig das Fixiermittel Aceto-Alkohol hinzugefügt wurde.
6. Nach 30-minütiger Fixierung bei Raumtemperatur wurde der Zellinhalt erneut 5-6 Minuten lang bei 500 U/min zentrifugiert.
7. Der Überstand wurde abgegossen und eine feine Suspension wurde durch Zugabe einer gewünschten Menge Fixiermittel in die Röhrchen hergestellt.
8. Saubere Objektträger wurden entnommen und in der linken Hand in einem halbrechten Winkel gehalten.
9. Das Material wurde dann mit Hilfe eines feinen Glastropfers aus einer Entfernung von 2' 6" in der Mitte des Objektträgers fallen gelassen. Anschließend wird kräftig direkt auf den Tropfen geblasen.

10. Der Objektträger wurde dann sofort für 1 bis 2 Minuten bei 60° °C auf eine Heizplatte gelegt.

Rothfels KH & Siminovitch C (1958): Stain Tech 33, 73-77.

Hoden-Biopsie

1. Der Hoden wurde herauspräpariert und gründlich in destilliertem Wasser gewaschen. Das Material wurde 30 Minuten lang in 0,5%igem KCl bei 37°C° gelagert.
2. In hypotoner Lösung wurde der Hoden gequetscht, um die Hodenkanälchen vom übrigen Hodengewebe zu trennen.
3. Nach der vorgesehenen Zeit von 30 Minuten wurden die Röhrchen für 7 Minuten in 60%ige Essigsäure gelegt.
4. Von diesem Material wurden etwa 5 ml entnommen, ein gleiches Volumen des Fixiermittels hinzugefügt und dann 10 Minuten lang bei 37° °C bebrütet.
5. Die Röhrchen wurden 6 Minuten lang bei 500 U/min zentrifugiert.
6. Der Überstand wurde verworfen, und dem Rückstand wurde erneut ein frisches Fixiermittel zugesetzt.
7. Die Lösung wurde auf einem Zyklomixer geschüttelt, und die Röhrchen wurden dann 10 Minuten lang bei 37° °C bebrütet.
8. Der Inhalt wurde erneut zentrifugiert und der Vorgang wurde mehrmals wiederholt, wobei der Überstand verworfen und jedes Mal frisches Fixiermittel zugegeben wurde.
9. Schließlich bildete sich eine klare Suspension. Ein großer Tropfen dieser Suspension wurde auf einen sauberen, feuchten Objektträger gegeben, der vor der Anfertigung der Objektträger mindestens vier Stunden lang im Gefrierschrank gelagert worden war.

10. Der Objektträger wurde dann angehoben und vorsichtig und kontinuierlich über die Flamme einer Spirituslampe bewegt, bis das restliche Fixiermittel vollständig verdunstet war.

Einfache Färbung

1. Die flammgetrockneten Kürbisse wurden eine halbe Stunde lang in Giemsa getaucht, das Sorenson-Puffer im Verhältnis 1:50 enthielt.
2. Die gefärbten Präparate wurden mit Leitungswasser gut abgespült.
3. Die Objektträger wurden auf ein Blotting-Papier getaucht, in Xylol getränkt und in DPX montiert.

C-Banding

1. Vier Tage alte Objektträger mit Metaphasenplatten wurden bei Raumtemperatur eine Stunde lang mit 0,2 N HCl behandelt.
2. Die Objektträger wurden gründlich in entionisiertem Wasser gespült und 30 Minuten lang in einem Kupplungsglas mit frisch hergestellter 2,5%iger wässriger Lösung von Bariumhydroxid-Octahydrat bei 50° °C eingeweicht.
3. Anschließend wurden die Objektträger in mehreren Wechseln von destilliertem Wasser gründlich gespült, um den sich bildenden Schaum zu entfernen.
4. Die Präparate wurden dann eine Stunde lang in 2 x SSC bei 60° °C inkubiert.
5. Die Objektträger wurden 12 Minuten lang in gepuffertem Giemsa bei pH 6,8 gefärbt.

Au W, Fehheimer NA und Soukup S (1975): Genet Cytol 17, 187-191.

Alternativ wurde auch eine andere Technik eingesetzt, um bestmögliche Ergebnisse zu erzielen:

1. Die Objektträger mit den ausgebreiteten Zellen wurden eine Stunde lang bei Raumtemperatur mit 0,2 N-HCl behandelt.
2. Die mit deionisiertem Wasser gespülten Objektträger wurden 10 Minuten lang in eine frisch hergestellte Bariumhydroxid-Oktahydrat-Lösung bei 50° °C gelegt.
3. Nach gründlichem Spülen mit mehrfachem Wechsel von deionisiertem Wasser wurden die Präparate eine Stunde lang bei 60° °C in 2 x SSC inkubiert.
4. Die Objektträger wurden kurz mit indionisiertem Wasser gespült und 1:30 Stunden lang mit Giemsa gefärbt (GT Gurr's Giemsa R661ml auf 50 ml Puffer; pH 6,8 hergestellt mit Gurr's Puffertabletten).
5. Schließlich wurden die Objektträger in deionisiertem Wasser gespült, abgetupft, gründlich getrocknet, in Xylol getränkt und in DPX montiert.

Sommer AT (1972): Exp Cell Res 75, 304-306.

G-Banding

1. Etwa 4 Tage alte Knochenmarkpräparate wurden in eine horizontale Position gebracht und 1:30 Stunden lang mit 0,25%iger Trypsinlösung (Difco) in hypotoner Kochsalzlösung geflutet.
2. Anschließend wurden die Objektträger gründlich in bidestilliertem Wasser gespült.
3. Die Präparate wurden in gepuffertem Giemsa für etwa 12 Minuten bei pH 6,8 gefärbt (die Färbung wurde durch Untersuchung der Metaphasenplatten während der Färbezeit kontrolliert).
4. Die Objektträger wurden erneut in bidestilliertem Wasser gespült, an der Luft getrocknet und schließlich in DPX eingebettet.

Seabright M (1972): Lancet 2, 971-972.

Morphometrische Analyse

Die morphometrischen Berechnungen der Karyotypen auf der Grundlage gut10 verteilter Metaphasezellen jedes Geschlechts sind in Form einer Tabelle zusammengefasst. Der Mittelwert des Armverhältnisses \bar{r} der Makrochromosomen und ihre Variationsbreite werden zusammen mit der Klassifizierung der Chromosomen nach dem von Levan et al. (1964) vorgeschlagenen System auf der Grundlage der Lage der Zentromere angegeben.

Tabelle 4: Nomenklatur der Metaphasenchromosomen nach Levan et al. (1964).

Gruppe	Zentromerische Position	Verhältnis der Arme	Zentromerischer Index	Nomenklatur	Unterschrift
I	Medianpunkt	1.0	47.5 - 50.0	Metazentrisch	M
II	Mittlere Region	1.0 - 1.7	37.5 - 47.5	Metazentrisch	m
III	Submedianer Region	1.7 - 3.0	25.0 - 37.5	Submetazentrisch	sm
IV	Subterminal-Bereich	3.0 - 7.0	12.5 - 25.0	Subtelozentrisch	st
V	Terminale Region	≥ 7.0	02.5 - 12.5	Akrozentrisch	t
VI	Endpunkt		00.0 - 02.5	Telozentrisch	T

Die prozentuale relative Länge ($\%R_L$), das Armverhältnis (r) oder der zentromerische Index (C_1) wurden als Parameter für die Erstellung von Karyotypen und Idiogrammen verwendet. Diese wurden wie folgt berechnet:

Prozentsatz Relative Länge	$\%R_L$	=	$\frac{\text{Länge des Makrochromosoms}}{\text{Haploide makrochromosomale Gesamtlänge}}$	X 100
Verhältnis der Arme	\textcircled{R}	=	$\frac{\text{Länge des langen Arms des Chromosoms}}{\text{Länge des kurzen Arms des Chromosoms}}$	
Zentromerischer Index	C_I	=	$\frac{\text{Länge des kurzen Arms}}{\text{Gesamtlänge des betreffenden Chromosoms}}$	X 100

Bei weiblichen Platten erhält man die TML, indem man das W abzieht und ein Z hinzufügt, bevor man die TCL durch 2 teilt.

Bei der Erstellung der Karyotypen wurden die Makrochromosomen entsprechend der in der Tabelle angegebenen Klassifizierung gruppiert und in jeder Gruppe nach abnehmender relativer Länge angeordnet. Die Geschlechtschromosomen wurden in der rechten oberen Ecke des Karyotyps dargestellt. Eine grafische Darstellung des Genoms auf der Grundlage der Morphometrie erfolgt in Form eines Ideogramms, in dem jedes Chromosomenpaar durch einen einzelnen Balken gekennzeichnet ist, wobei die Kerbe die Position des Zentromers darstellt.

Chromosomenkomplement

Die Natur eines Organismus lässt sich leichter aus der Sicht der zytologischen Kenntnisse über die Chromosomenstruktur als nur aus der morphologischen Sicht erfassen, da der Genotyp das morphologische Muster eines Organismus bestimmt. Im Allgemeinen spiegeln sich die Unterschiede in der Chromosomenzahl und -form in der Unterscheidung einer Art von ihren Verwandten wider, und daher trägt die zytologische Sequenz in hohem Maße zum Verständnis von Problemen im Zusammenhang mit der Taxonomie bei.

FOR AUTHOR USE ONLY

Die asiatischen Scheckenstare oder Myna

Die Elster, *Sturnus contra* (Linnaeus), gehört zur Ordnung - Sperlingsvögel: Familie - Sturnidae.

Fünf männliche und zwei weibliche Individuen ergaben einhundert gut verteilte Metaphasenplatten. Die Anzahl der diploiden Chromosomen schwankte zwischen 78 und 85, wobei der höchste Wert bei 82 lag, was als diploide Chromosomenzahl dieser Art angenommen wurde.

Es gab keine morphologische Mehrdeutigkeit zwischen Makro- und Mikrochromosomen (Garg & Shrivastava, 2013 a). Makrochromosomen waren in zwei Gruppen unterteilbar:



Abb. 1: Metaphasenplatte und Karyotyp von *Sturnus contra* (männlich)

Gruppe I hatte vier Chromosomenpaare, die drei autosomale Paare (Chromosom 1, 2 und 3) und ein Geschlechtselement (Z) umfassten - alle hatten Zentromere in ihrem mittleren Bezirk. Chromosom 1 ist mit einer Länge von 5,04 μ das größte Element des Satzes und macht 25,33 % der gesamten makrochromosomalen Länge aus. Die Chromosomen 2 und 3 waren 2,96 bzw. 2,37 μ lang. Das Z-Chromosom war etwas kürzer als die Chromosomen 2 und 3 mit einer absoluten Länge von 2,33 μ .

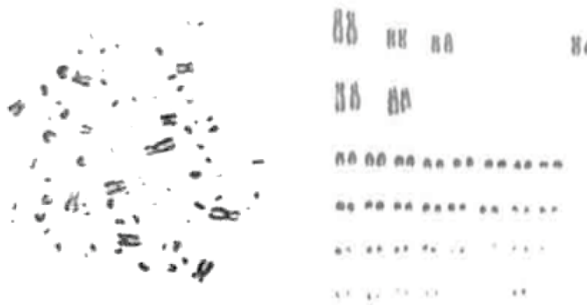


Abb. 2: Metaphasenplatte und Karyotyp von *Sturnus contra* (weiblich)

Gruppe II besteht aus zwei submetazentrischen Chromosomen (Chromosomen 4 und 5). Chromosom 4 ist das zweitgrößte Chromosom der Gruppe und macht 20,01 % der TML aus. Chromosom 5 stand in der Reihenfolge der Größe an dritter Stelle ($R_L = 16,16\%$).

Tabelle - 5: Morphometrische Daten der Makrochromosomen von *Sturnus contra*:

Chromosom Nr.	% Relative Länge	Zentromerischer Index	Chromosomen-Typ
1	25.33 ± 0.39	70.86 ± 0.59	m
2	14.89 ± 0.13	39.95 ± 0.04	m
3	11.90 ± 0.36	42.01 ± 0.37	m
4	20.01 ± 0.22	30.61 ± 0.33	Sm
5	16.16 ± 0.43	27.83 ± 0.78	Sm
Z	11.71 ± 0.26	45.00 ± 0.50	M
W	07.81 ± 0.17	21.81 ± 0.73	St

Obwohl das W-Chromosom im Hinblick auf seinen Anteil an der gesamten makrochromosomalen Länge ein großes Chromosom war, ist es doch das kleinste Element unter den Makrochromosomen. Es hat ein subterminales Zentromer und macht 7,81 % der TML aus.

Die übrigen fünfunddreißig Chromosomenpaare, die mehr als die Hälfte der gesamten Chromosomenlänge ausmachten und über das gesamte Genom verstreut waren, wurden in die Kategorie der Mikrochromosomen eingeordnet, da keines von ihnen $\geq 2,5\%$ der TML für sich allein hatte.

Von den 4.921 Arten von Sitzvögeln gehören 111 zur Familie der Sturnidae. Lediglich sechs Arten, nämlich *Acridotheres facus* (Sharma et al., 1980), *A. ginginianus* (Srivastava & Misra, 1973), *A. tristis* (Patnaik & Prasad, 1980), *Sturnus malabricus* und *S. pagodarum* (Ansari & Kaul, 1977), *S. vulgaris* (Bulatova, 1981) wurden chromosomal untersucht.

Die vorliegende Monographie befasst sich mit einer weiteren Sturnidenart - *S. contra*, die karyologisch mit den anderen confamilialen Arten verwandt ist. Alle Arten besitzen sechs Paare von zweiarmigen Makrochromosomen. Eine kleine Abweichung wurde von Bulatova (1981) bei *S. vulgaris* festgestellt, da das dritte Chromosomenpaar telomerisch war. Höchstwahrscheinlich sind solche geringfügigen Verschiebungen in der Lage des Zentromers auf perizentrische Inversionen zurückzuführen, die ein kleines Chromosomenfragment betreffen. Bei allen bisher berichteten Sturniden wurde festgestellt, dass das ungepaarte Element W übergangsweise von Makro- und Mikrochromosomen flankiert wird.

Der Gelbe Wagenschwanz

Die Schafstelze, *Motacilla flava*, ist ein kleiner Sperlingsvogel aus der Familie der Stelzenvögel (Motacillidae), zu der auch Pieper und Schafstelzen gehören. Dieser insektenfressende Vogel bewohnt offenes Land in der Nähe von Gewässern wie z. B. Feuchtwiesen. Er nistet in Büscheln und legt 4-8 gesprenkelte Eier.

Er ist ein schlanker, 15-16 cm langer Vogel mit dem charakteristischen langen, ständig wedelnden Schwanz. Das brütende erwachsene Männchen ist oben oliv und unten gelb. Die Köpfe der brütenden Männchen weisen je nach Unterart eine Vielzahl von Farben und Mustern auf.

Zwei männliche und ein weibliches Exemplar der Schafstelze wurden im Frühjahr gesammelt. Von einigen 13-plus Metaphasenplatten, die untersucht wurden, hatten neun Zellen 40 Chromosomenpaare ($2n = 80$), während bei den übrigen Zellen die Anzahl der diploiden Chromosomen zwischen 78 und 85 schwankte. Es gab keine morphologische Unklarheit zwischen Makro- und Mikrochromosomen.

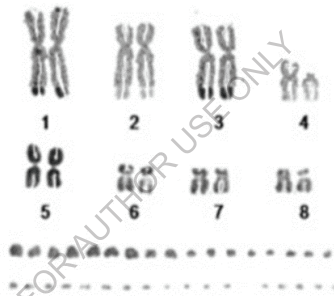


Abb - 3: Karyotyp von *Motacilla flava*

Die Makrochromosomen lassen sich in zwei Gruppen einteilen. Gruppe I wurde durch drei große metazentrische Chromosomen repräsentiert. Sie war das größte Element des Karyotyps ($L_R = 9,54\%$ und $= C_{I44,82}$).

Gruppe II umfasste fünf Paare großer ($\geq 7,5\%$ der TML) bis mittelgroßer ($\geq 2,5\%$ der TML) submedianer Chromosomen (Chromosom 4-8). Z-W waren 4th in der Reihenfolge ihrer Größe, beide submetazentrisch. Die letzten drei Paare waren aufgrund des regelmäßigen Größenabfalls, der vergleichbaren Morphologie und der sich überschneidenden Anordnung der zentromerischen Indizes schwer zu individualisieren.

Abgesehen von diesen acht Paaren gab es vierundsechzig kleine punktförmige telozentrische Elemente ($n = 32$), die in den Zellplatten verstreut waren und 24,11 % des gesamten Genoms ausmachten.

In der Familie der Motacillidae wurde *Anthus trivialis* von Bulatova (1971) untersucht. Der aus ihrer Analyse abgeleitete Karyotyp ist dem von Garg & Shrivastava (2013 i) beobachteten recht ähnlich. Die einzige Ausnahme ist, dass nun auch Z und W identifiziert wurden. Sogar das kongenerische Taxa *Motacilla alba* (Hammar, 1970) hat einen gemeinsamen Karyotyp. Das Z-Chromosom ist gleich groß, Nr. 4 in beiden Arten, mit einem Zentromer im submedialen Bereich, während das W-Chromosom ein telomeres Chromosom in *M. alba* und ein submetazentrisches Chromosom in *M. flava* ist.

Die Kappenammer

Die Schwarzkopffammer (*Emberiza melanocephala*) ist ein Sperlingsvogel aus der Familie der Ammern (Emberizidae), einer Gruppe, die von den meisten modernen Autoren von den Finken (Fringillidae) getrennt wird. Man findet ihn in Schwärmen, wenn er auf Wiesen nach Samen sucht. Seine natürliche Nahrung besteht aus Insekten, wenn er seine Jungen füttert, ansonsten ernährt er sich von Samen.

Die Grauammer brütet in Südosteuropa, östlich bis zum Iran, und zieht im Winter hauptsächlich nach Indien, wobei einige Exemplare weiter nach Südostasien ziehen. Die Grauammer brütet im Sommer in offenem Gebüsch, auch auf landwirtschaftlichen Flächen, und baut ihr Nest in einem niedrigen Busch oder auf dem Boden. Das Nest besteht aus einer Schale aus trockenem Gras, die mit Haaren ausgekleidet ist. Das Gelege besteht aus 4-6 Eiern.

Dieser Vogel ist 17 cm lang und hat einen langen Schwanz. Das Brutmännchen hat eine leuchtend gelbe Unterseite, eine kastanienbraune Oberseite und eine schwarze Haube.

Ein männliches und ein weibliches Individuum ergaben sechzehn gut verteilte Metaphasenplatten. Die Anzahl der diploiden Chromosomen schwankte zwischen 78 und 86, wobei der höchste Wert bei 82 der diploiden Chromosomenzahl dieser Art lag.

Bei der Anordnung der Chromosomen in morphologisch ähnlichen Paaren war eine geringe Variation innerhalb der Chromosomen festzustellen. Die Größe nahm stetig ab, so dass es schwierig war, die Chromosomen in zwei herkömmliche Kategorien einzuteilen. Unter Anwendung des Konzepts von De Boer (1976) wurden jedoch acht Chromosomenpaare, die $\geq 2,5\%$ der gesamten Chromosomenlänge ausmachen, als Makrochromosomen unterschieden.

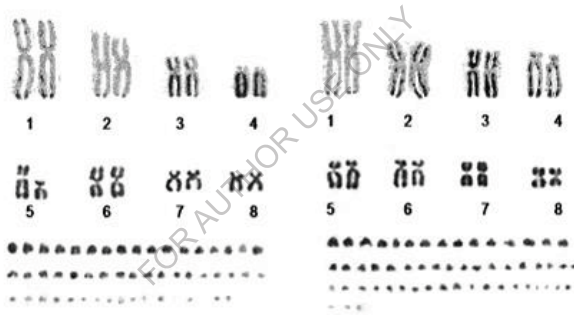


Abb. 4: Karyotyp von *Emberiza melanocephala* (Weibchen und Männchen)

Auf der Grundlage der von Levan et al. (1964) vorgeschlagenen Nomenklatur wurden die Makrochromosomen in zwei Gruppen eingeteilt: Gruppe I umfasste zwei Chromosomenpaare mit autosomalen Elementen (Chromosom 1 und 2) - alle hatten Zentromere in ihrem mittleren Bezirk. Chromosom 1 war mit einer Länge von $4,04\ \mu$ das größte Element des Satzes und machte $16,13\%$ der Gesamtlänge der Makrochromosomen aus. Chromosom 2 war $3,36\ \mu$ lang.

Gruppe II bestand aus sechs Chromosomen {Chromosomen 3, 4 (Z-W), 5, 6, 7 und 8} mit subterminalem Zentromer. Das Z-Chromosom war mit einer

absoluten Länge von 2,73 μ etwas kürzer als die Chromosomen 3. Obwohl das W-Chromosom im Hinblick auf seinen Anteil an der Gesamtlänge der Makrochromosomen ein großes Chromosom war, ist es doch das kleinste Element unter den Makrochromosomen. Es hat ein terminales Zentromer, das 7,81 % der TML ausmacht.

Die verbleibenden dreiunddreißig Chromosomenpaare, die mehr als die Hälfte der gesamten Chromosomenlänge ausmachen und über das gesamte Genom verstreut sind, wurden in die Kategorie der Mikrochromosomen eingeordnet, da keines von ihnen $\geq 2,5$ % der TML auf sich vereinigt.

Neben *Emberiza melanocephala* (vorliegende Arbeit) sind vier Arten auf ihre somatischen Chromosomen untersucht worden (Thorneycroft 1966; Jovanovic & Atkins 1969, Hirschi & Ziswiler 1972). Die Anzahl der diploiden Chromosomen dieser Arten schwankt zwischen 80 und 84. Alle diese Arten besitzen neben dem Geschlechtschromosomenpaar sechs oder sieben Makrochromosomenpaare, mit Ausnahme von *Zonotrichia*, bei der es keine klare Abgrenzung zwischen Makro- und Mikrochromosomen gibt. Chromosomenpolymorphismus scheint ein gemeinsames Merkmal dieser Familie zu sein (Thorneycroft 1966, Shields 1973).

Die Haubenammer

Die Haubenammer, *Melophus lathami*, gehört zur Familie der Emberizidae und ist monotypisch (die einzige Art) in ihrer Gattung *Melophus*. Sie bewohnt subtropisches oder tropisches trockenes Tieflandgrasland. Er kommt in Bangladesch, Bhutan, China, Indien, Laos, Birma, Nepal, Pakistan, Thailand und Vietnam vor.

Zwei männliche und drei weibliche Exemplare wurden aus verschiedenen Teilen des Bundesstaates beschafft. Die Blutproben wurden direkt vor Ort entnommen. Bei allen wurden gut 20 ausgebreitete Metaphasenplatten untersucht, und es wurde festgestellt, dass die modale Diploidenzahl bei 80 lag. Diese Zahl wurde von 60,00 % der untersuchten Zellen angegeben.

Es gab vier Paare von großen Makrochromosomen, einschließlich des Geschlechtselements Z-W. Alle autosomalen Paare hatten ein medianes Zentromer, während Z ein akrozentrisches und W ein telomerisches Element war.

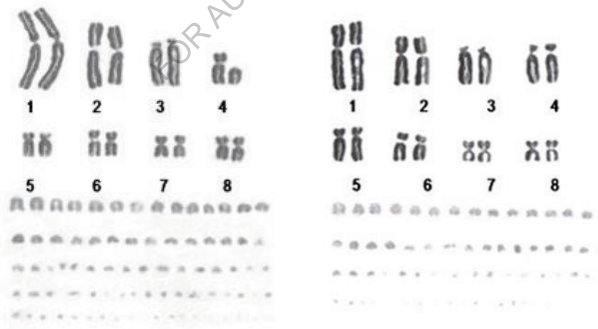


Abb - 5: Karyotyp von *Melophus lathami* (Weibchen und Männchen)

Gruppe II umfasste mittelgroße Chromosomen, die alle metazentrisch in Bezug auf die Position ihres Zentromers waren. Sie waren fast identisch und wiesen keine Bimodalität auf.

Die übrigen zweiunddreißig Paare bildeten eine abgestufte Reihe mit identischer Morphologie und wurden daher in der Kategorie der Mikrochromosomen zusammengefasst.

Die somatischen Chromosomen von sieben Arten der Sperlingsartigen aus sechs Familien wurden untersucht. Die Zahl der diploiden Chromosomen schwankt zwischen 68 und 80. Jede dieser Arten besitzt sieben oder acht Makrochromosomenpaare, außer *Acridotheres tristis* und *Acridotheres ginginianus*, die sechs Makrochromosomenpaare einschließlich der Z-Z-Chromosomen besitzen. Ein exklusives W-Chromosom wurde bei all diesen Arten gefunden. Es liegt entweder in der Größe zwischen den Makro- und Mikrochromosomen oder ist so klein wie ein großes Mikrochromosom. Man hat festgestellt, dass es sich um ein Chromosom vom Typ m, sm oder t handelt.

Aus den oben erörterten Tatsachen lässt sich schließen, dass die Sperlingsvögel eine weitgehende chromosomale Homologie bewahrt haben. In einigen Fällen können jedoch auch interchromosomale Umlagerungen die Ursache für die karyotypische Differenzierung sein.

Der Goldstirn-Blattvogel

Der Goldstirn-Blattvogel, *Chloropsis aurifrons*, ist ein häufiger Brutvogel in Indien, Sri Lanka und einigen Teilen Südostasiens. Er bewohnt Wälder und Gebüsche, ernährt sich von Insekten und Beeren, baut sein Nest in einem Baum und legt 2-3 Eier.

Die Körperoberfläche ist grün mit schwarzem Gesicht und schwarzer Kehle, orangefarbener Stirn und blauer Schnurrhaarlinie. Jungvögel haben einen einfarbig grünen Kopf.

Nur ein weibliches Individuum konnte zur Blutentnahme ausfindig gemacht werden. Unter dem Mikroskop waren kaum zwei Zellteller mit verstreuten Chromosomen zu erkennen. In der zellulären Ausstattung konnte mit bis zu 78 Chromosomen gerechnet werden.

Die Chromosomen ließen sich klar in zwei herkömmliche Kategorien einteilen - Makro- und Mikrochromosomen. In den untersuchten Zellplatten war keine satellitenartige Struktur zu erkennen.

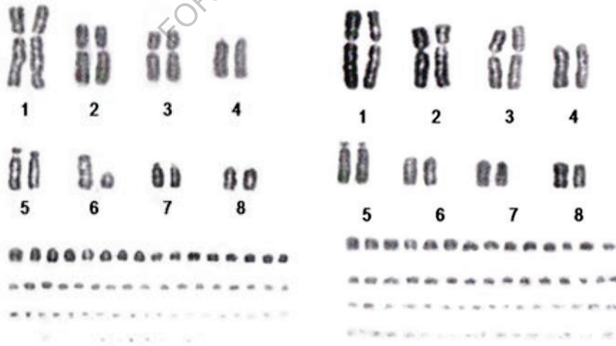


Abb - 6: Karyotyp von *Chloropsis aurifrons* (weiblich und männlich)

Insgesamt gab es drei Paare großer metazentrischer, drei Paare kleiner telozentrischer und zwei Paare mittlerer akrozentrischer Chromosomen. Z hatte eine Größe von 5th mit einem subtelerischen Zentromer, während W das kleinste telomerische Makrochromosom war.

Eine Gesamtzahl von einunddreißig punktförmigen Paaren, außer den acht bisher beschriebenen, bildete eine fortlaufende Reihe und wurde als Mikrochromosomen zusammengesetzt.

Beim Vergleich der Karyotypen der vorliegenden Art *Chloropsis aurifrons* ($2n = 78$) und ihrer Gattungsform *C. cochinchinensis* ($2n = 74$) (Sultana & Bhunya, 1980) wird deutlich, dass die Z- und W-Chromosomen bei *C. aurifrons* metazentrisch und bei *C. cochinchinensis* submetazentrisch sind. Außerdem gibt es bei den erstgenannten Taxa 16 Makrochromosomen, während es bei den letztgenannten Taxa 18 sind. Dieser Unterschied in der Makrochromosomenzahl wird auf die Fusion von zwei ungleichen Telomerpaaren bei *C. aurifrons* zu einem sm-Paar bei *C. cochinchinensis* zurückgeführt. Interessanterweise sind die C-Bandenmuster von *C. cochinchinensis* und *C. aurifrons* (Sultana & Bhunya, 1980) ebenfalls einheitlich. Diese Art der Ähnlichkeit in der Verteilung des konstitutiven Heterochromatins (C-Bande) rechtfertigt ihre taxonomische Nähe weiter.

Die Großtrappe Wachtel

Die Trappenwachtel, *Turnix susciator* (Gmelin), gehört zur Ordnung der Gründlinge (Gruiformes), Familie der Wachteln (Turnicidae).

Sechs männliche und drei weibliche Exemplare wurden aus verschiedenen Teilen des Bundesstaates entnommen. Die Individuen wurden an Ort und Stelle betäubt und ihr Knochenmark, das durch eine Punktion des Brustbeins entnommen wurde, wurde zur weiteren Behandlung ins Labor gebracht.

Insgesamt wurden siebenundneunzig gut verteilte Metaphasenplatten untersucht, und es wurde festgestellt, dass die durchschnittliche Diploidenzahl 82 beträgt. Diese Zahl wurde von 31,96 % der untersuchten Zellen angegeben.

Die Chromosomen waren klar in die beiden herkömmlichen Kategorien eingeteilt: Makro- und Mikrochromosomen. In den untersuchten Zellplatten war keine satellitenartige Struktur sichtbar.

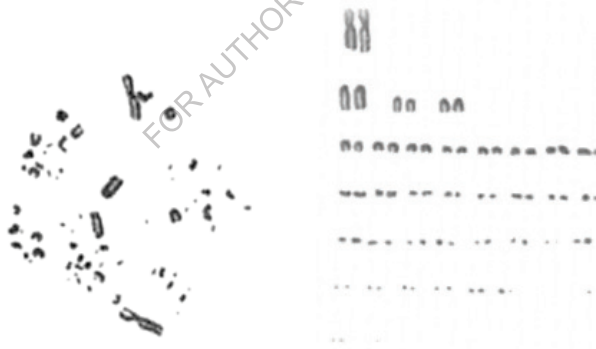


Abb.7: Metaphasenplatte und Karyotyp von *Turnix susciator* (Männchen)

Es gab vier Paare von Makrochromosomen, einschließlich der Geschlechtselemente. Auf der Grundlage der Armverhältnisse wurden die Makrochromosomen in zwei Gruppen eingeteilt:

Gruppe I umfasste ein einziges Chromosomenpaar (Chromosom 1) mit einem submedianen Zentromer. Dieses Paar, das mehr als doppelt so lang ist wie jedes andere Makrochromosom im Karyotyp, konnte leicht identifiziert werden. Es war 6,42 μ lang und machte 46,21 % des TML aus.

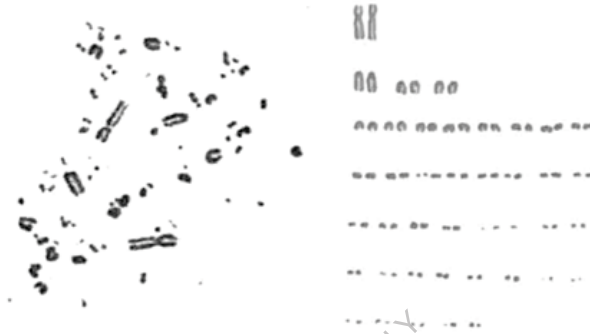


Abb. 8: Metaphasenplatte und Karyotyp von *Turnix susciator* (Weibchen)

Tabelle - 6: Morphometrische Daten der Makrochromosomen von *Turnix susciator*:

Chromosom Nr.	%Relative Länge	Zentromerischer Index	Chromosomen-Typ
1	46.21 \pm 0.53	36.55 \pm 0.63	Sm
2	23.86 \pm 0.30	-	T
3	17.13 \pm 0.52	-	T
4	12.80 \pm 0.35	-	T

Gruppe II umfasste drei Paare telozentrischer Elemente (Chromosomen 2, 3 und 4). Chromosom 2 war 3,52 μ lang (was 25,20 % des TML ausmachte), während die Chromosomen 3 und 4 in Bezug auf die Größe keine Bimodalität aufwiesen und willkürlich angeordnet waren.

Da alle Makrochromosomen sowohl bei den männlichen als auch bei den weiblichen Partnern aufeinander abgestimmt waren (*sensu stricto*), wurde es

schwierig, eine spezifische Individualisierung der Geschlechtschromosomen vorzunehmen. Die verbleibenden siebenunddreißig Paare bildeten eine eigene Größengruppe mit ununterscheidbarer Morphologie und wurden daher in die Kategorie der Mikrochromosomen aufgenommen.

Bei den meisten Gruiformen waren die Makrochromosomen entweder submetazentrisch oder subtelozentrisch (Gruidae, Peophiidae - Sasaki & Takagi, 1981; Belterman & De Boer, 1984), aber bei der vorliegenden Art waren alle Makrochromosomen, außer dem größten, telozentrisch (Garg & Shrivastava, 2013 e). Dies stimmte mit dem Karyotyp von *Cariama cristata* (Belterman & De Boer, 1984) und *Chunga burmeisteri* (Sasaki & Takagi, 1981) überein. Allerdings wiesen *C. cristata* ($2n = 107$) und *C. burmeisteri* ($2n = 108$) eine außergewöhnlich hohe Diploidenzahl auf, wobei die Größe vom größten Makrochromosom bis zum kleinsten Mikrochromosom stetig abnahm.

Andererseits gab es bei *T. suscicator* eine auffällige Abgrenzung zwischen Makro- und Mikrochromosomen. Allerdings war es schwierig, die Z- oder W-Chromosomen abzugrenzen, die selbst bei der Gattungsgenossenschaft *T. tanki* recht auffällig sind (Bian et al., 1988). Nur aus diesem Grund kann der Karyotyp der vorliegenden Art nicht von dem ihrer nahen Verwandten abgeleitet werden.

Der Zweifarbenfischer

Der Graufischer, *Ceryle rudis* (Linnaeus) gehört zur Ordnung - Coraciiformes: Familie - Alcedinidae.

Die Knochenmarkzellen von sechs männlichen und sechs weiblichen Exemplaren ergaben einhundertneunundzwanzig Metaphasenplatten. Die diploide Chromosomenzahl der Art wurde auf 82 mit einer Schwankungsbreite von 78 bis 84 festgelegt.

Im Gegensatz zur allgemeinen Situation bei Vögeln wurde bei dieser Art kaum zwischen Makro- und Mikrochromosomen unterschieden. In Anlehnung an die von De Boer (1976) vorgeschlagenen Normen wurden jedoch die ersten sechzehn Chromosomenpaare, die $\geq 2,5$ % der gesamten Chromosomenlänge ausmachen, als Makrochromosomen eingestuft.

Die Makrochromosomen wurden nach Homologien, die auf dem Kriterium der prozentualen relativen Länge sowie dem Zentromerindex basieren, in vier Gruppen eingeteilt.

Gruppe I bestand aus sechs zweiarmigen metazentrischen Paaren von Autosomen (Chromosomen 1-6). Chromosom 1 war das größte Element des Karyotyps mit einer mittleren absoluten Länge von $5,26 \mu$ und machte 12,54 % des TML aus. Chromosom 2 folgte in der Reihenfolge der Größe und hatte einen höheren zentromerischen Index als Chromosom 1 (Chromosom 1: = $C_{139,53}$; Chromosom 2: = $C_{144,73}$). Die Chromosomen 3, 4, 5 und 6 wiesen eine kontinuierliche Größenabstufung auf ($R_L = 7,02$ %, 6,41 %, 6,01 % bzw. 4,22 %), und es war ziemlich schwierig, sie zu individualisieren.

Die Gruppe II umfasste zwei Paare von Autosomen (Chromosomen 7 und 8) und ein Z-Chromosom. Die Chromosomen 7 und 8 waren jedoch größer als das Chromosom 6 ($R_L =$ Chromosom 6: 4,22 %; Chromosom 7: 5,60 %; Chromosom 8: 5,11 %).



Abb. 9: Metaphasenplatte und Karyotyp von *Ceryle rudis* (Männchen)

Allerdings waren die zentromerischen Indizes bei den drei Paaren deutlich geringer (C_1 = Chromosom 6: 44,54; Chromosom 7: 35,48; Chromosom 8: 29,54). Das Geschlechtselement - Z war ein großes submetazentrisches Chromosom.

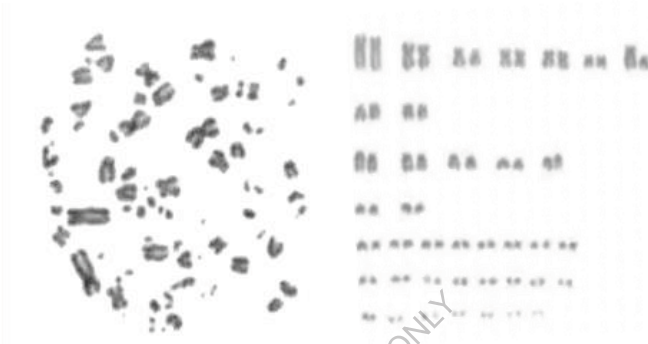


Abb. 10: Metaphasenplatte und Karyotyp von *Ceryle rudis* (Weibchen)

Gruppe III umfasste fünf Paare subtelozentrischer Chromosomen (Chromosom 9-13), deren relative Länge und zentromerische Indizes sich überschneiden.

Gruppe IV wurde durch zwei kleine Telomerpaare, die Chromosomen 14 und 15, repräsentiert, die eine ähnliche Morphologie aufwiesen. Diese Paare waren sogar kleiner als das W-Chromosom (R_L = Chromosom 14: 3,82 %; Chromosom 15: 3,04 %; W-Chromosom: 3,98 %).

Tabelle - 7: Morphometrische Daten der Makrochromosomen von *Ceryle rudis*:

Chromosom Nr.	% Relative Länge	Zentromerischer Index	Chromosomen-Typ
1	12.54 ± 0.16	70.00 ± 0.72	M
2	09.63 ± 0.05	42.64 ± 0.81	M
3	07.02 ± 0.11	40.04 ± 0.44	M
4	06.41 ± 0.07	39.11 ± 0.63	M
5	06.01 ± 0.88	38.17 ± 0.66	M
6	04.22 ± 0.51	44.54 ± 0.46	M

7	05.60 ± 0.63	35.48 ± 0.99	Sm
8	05.11 ± 0.12	29.54 ± 0.30	Sm
9	07.46 ± 0.66	24.21 ± 0.87	St
10	05.44 ± 0.87	25.03 ± 0.34	St
11	05.17 ± 0.52	24.17 ± 0.88	St
12	04.96 ± 0.39	20.05 ± 0.17	St
13	04.44 ± 0.41	19.18 ± 0.12	St
14	03.82 ± 0.64	-	T
15	03.04 ± 0.14	-	T
Z	09.13 ± 0.57	33.33 ± 0.66	Sm
W	03.98 ± 0.77	45.00 ± 0.71	m

Insgesamt fünfundzwanzig punktförmige Paare, die nicht zu den sechzehn bisher beschriebenen gehören, bildeten eine fortlaufende Reihe und wurden als Mikrochromosomen zusammengefügt.

Die Coraciiformes, vertreten durch Eisvögel und Bienenfresser, sind bekanntlich die heterogenste Gruppe unter den Vogelordnungen ($2n$ reicht von 68 bis 126). Bislang wurden zwei Eisvogelarten, nämlich *Dacelo gigas* und *Halcyon smyrnensis*, karyotypisiert (Bhunya & Mohanty, 1987 a). Sie weisen eine große karyologische Einheitlichkeit auf, die durch das Vorhandensein eines außergewöhnlich großen Chromosoms 1 gekennzeichnet ist, das fast dreimal so groß ist wie jedes andere Chromosom im Genom. Im Gegensatz dazu konnte bei *C. rudis* kein ähnliches Chromosom gefunden werden (Garg & Shrivastava, 2013 f). Dies unterstützt die Argumentation von Sibley et al. (1988), die jeder Art einen individuellen Familienrang zuordneten.

Der grüne Bienenfresser

Der Grüne Bienenfresser, *Merops orientalis* Latham, gehört zur Ordnung der Korbblütler: Familie Meropidae

Fünf männliche und sechs weibliche Exemplare des Grünen Bienenfressers wurden während der geeigneten Jahreszeit gesammelt. Von einigen untersuchten 70-plus-Metaphasenplatten hatten die Zellen 30-41 Chromosomenpaare ($2n = 82$), während bei den übrigen Zellen die Anzahl der diploiden Chromosomen zwischen 80 und 85 schwankte.

Bei der Anordnung der Chromosomen in morphologisch ähnlichen Paaren war keine signifikante Variation innerhalb der Chromosomen festzustellen. Die Größe nahm stetig ab, so dass es schwierig war, die Chromosomen in zwei herkömmliche Kategorien einzuteilen. In Anwendung des Konzepts von De Boer (1976) wurden jedoch Chromosomenpaare 17, die $\geq 2,5$ % der gesamten Chromosomenlänge ausmachen, als Makrochromosomen unterschieden.

Auf der Grundlage der von Levan et al. (1964) vorgeschlagenen Nomenklatur wurden die Makrochromosomen in vier Gruppen eingeteilt. Die Gruppe I wurde durch ein Geschlechtschromosom (Z) repräsentiert. Es war das größte Element des Karyotyps ($R_L = 9,54$ % und $= C_1(35,28)$).

Gruppe II umfasste zwei Paare großer ($\geq 7,5$ % der TML) und sechs Paare mittelgroßer ($\geq 2,5$ % der TML) submetazentrischer Chromosomen (Chromosom 1-8). Keines dieser Paare war leicht zu trennen, da die Größe regelmäßig abnahm, die Morphologie vergleichbar war und sich die zentromerischen Indizes überlappten.



Abb. 11: Metaphasenplatte und Karyotyp von *Merops orientalis* (Männchen)

Gruppe III bestand aus zwei Paaren von Autosomen (Chromosom 9 und 10) mit terminal positionierten Zentromeren.

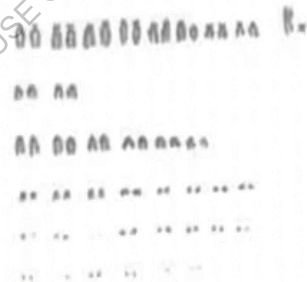


Abb. 12: Metaphasenplatte und Karyotyp von *Merops orientalis* (Weibchen)

Gruppe IV umfasste sechs Paare von Chromosomen mittlerer Größe (Chromosom 11-16). Sie hatten ein terminales Zentromer (*sensu stricto*), das zusammen 25,78 % der TML ausmachte.

W, ein metazentrisches Chromosom, machte 3,99 % des TML aus.

Abgesehen von diesen siebzehn Paaren gab es vierundzwanzig kleine punktförmige telozentrische Elemente, die in den Zellplatten verstreut waren und 24,11 % des gesamten Genoms ausmachten.

Tabelle - 8: Morphometrische Daten der Makrochromosomen von *Merops orientalis*:

Chromosom Nr.	% Relative Länge	Zentromerischer Index	Chromosomen-Typ
1	8.48 ± 0.26	22.20 ± 0.42	st
2	7.60 ± 0.45	18.74 ± 0.67	st
3	7.44 ± 0.11	17.88 ± 0.32	st
4	7.06 ± 0.21	16.54 ± 0.92	St
5	6.61 ± 0.86	17.98 ± 0.74	St
6	6.11 ± 0.34	18.01 ± 0.61	St
7	5.88 ± 0.23	17.77 ± 0.99	St
8	5.76 ± 0.41	21.01 ± 0.83	St
9	5.00 ± 0.72	12.50 ± 0.78	T
10	4.74 ± 0.33	12.29 ± 0.14	T
11	5.03 ± 0.12	-	T
12	4.80 ± 0.09	-	T
13	4.36 ± 0.81		T
14	4.03 ± 0.76		T
15	4.00 ± 0.42		T
16	3.56 ± 0.61		T
Z	9.54 ± 0.49	48.83 ± 0.50	M
W	3.99 ± 0.61	35.28 ± 0.33	Sm

Im Gegensatz zu den Eisvögeln wiesen die Bienenfresser *M. philippinus* und *M. orientalis* (obwohl sie zur gleichen Ordnung gehören) ähnliche karyologische Merkmale auf. Die Genome beider Arten wiesen keine großen Autosomen auf. Das Geschlechtselement (Z-Chromosom) war mit einem Anteil von 9,5 ± % an der TML das größte Element des Karyotyps.

Über die genaue Diploidenzahl und den Mechanismus der Geschlechtsunterscheidung besteht jedoch kein Konsens. In der vorliegenden Studie wurde eine Gesamtzahl von 82 Chromosomen (41 Paare) in mindestens 30 von 72 Metaphasenplatten gezählt. *Au contraire*, Sultana & Bhunya (1987)

berichteten, dass $2n$ bei den Weibchen 78 und bei den Männchen 79 beträgt. Ihnen zufolge gibt es sowohl im männlichen als auch im weiblichen Karyotyp von *M. orientalis* ein telozentrisches C-Band-positives Chromosom, das sie als W-Chromosom interpretierten. Daraus wurde gefolgert, dass es sich um eine Folge der Nicht-Disjunktion des Z-Chromosoms während der Meiose handelt, die zur Bildung von Spermien mit 38 Autosomen + ZZ-Chromosomen geführt haben könnte. Solche Spermien führten bei der Befruchtung mit normalen Eiern (38 Autosomen + W-Chromosomen) zu einem männlichen Nachkommen mit 76A + ZZW und einem weiblichen Nachkommen mit 76A + ZW-Konstitution. In den männlichen Zellplatten war kein solches Element zu erkennen, das dem ungepaarten submetazentrischen Chromosom entspricht, das bei den Weibchen als "W" bezeichnet wird.

Aus dem Karyotyp von Eisvögeln und Bienenfressern geht hervor, dass sie unterschiedliche Formen, Morphologie und Anzahl von Makrochromosomen aufweisen (Garg & Shrivastava, 2013 f). Sogar das Chromosom 1, das in den Vogelordnungen als sehr konserviert gilt, variierte bei Eisvögeln und Bienenfressern erheblich.

Die Himalaya-Grüntaube

Die Gelbschenkelige Himalaya-Grüntaube, *Treron phoenicoptera*, gehört zur Ordnung - Columbiformes, Familie - Columbidae.

Aus dem Knochenmarksextrakt von zwölf männlichen und zehn weiblichen Individuen wurden zweihundertdreißig mitotische Metaphasenplatten für die zelluläre Untersuchung gewonnen. Die Zahl der Diploiden schwankte zwischen 72 und 80 mit einem deutlichen Spitzenwert von 74 bei 43,04 % der untersuchten Zellen.

Unter den einundzwanzig untersuchten Individuen wurden neun verschiedene Karyotypen unabhängig vom Geschlecht gefunden. In natürlichen Populationen des Vogels scheint der Polymorphismus auf zwei unabhängige perizentrische Inversionen zurückzuführen zu sein - eine im größten Autosomenpaar, im Folgenden als I bezeichnet, und eine weitere im fünften Autosomenpaar (zweitgrößtes Paar des Genoms), das als II bezeichnet wird (Garg & Garg, 2002 b; Garg & Shrivastava, 2013 g).

Standard-Karyotyp ($I^m/I^m/II^m/II^m$)

Dies war der am häufigsten anzutreffende Karyotyp, der bei vier Männern und drei Frauen vorkam und daher subjektiv als Standardkaryotyp akzeptiert wurde. Es gab sieben Makrochromosomenpaare, die in fünf Gruppen unterteilt waren:

Zur Gruppe I gehören zwei große autosomale Paare (Chromosomen 1 und 2), deren Zentromer in der Medianregion liegt. Chromosom 1 ist das größte Mitglied des Karyotyps und macht 24,63 % des TML aus. Chromosom 2 liegt in 5th der Größenordnung von Z ($R_L = 10,73$ %) und ist etwas kleiner als Z.



Abb. 13: Metaphasenplatte und Standard-Karyotyp ($I^m/I^m/II^m/II^m$) von *Treron phoenicoptera* (Männchen)

Gruppe II umfasste zwei Paare submetazentrischer Elemente - Chromosom 3 und 4 - mit ähnlicher Größe ($R_L = 10,02\%$ und $8,98\%$) und sich überschneidenden Armverhältnissen ($C_1 = 30,95$ und $30,48$).



Abb. 14: Metaphasenplatte und Standard-Karyotyp ($I^m/I^m/II^m/II^m$) von *Treron phoenicoptera* (Weibchen)

Gruppe III bestand aus Chromosom 5 - dem zweitgrößten Paar mit einem subterminal gelegenen Zentromer. Dieses Chromosom wird in den folgenden Diskussionen als "II" bezeichnet. Es war $6,37\ \mu$ lang und machte $18,88\%$ des

TML aus Gruppe IV wurde durch ein einziges telomeres Chromosomenpaar (Chromosom - 6) repräsentiert. Mit einer absoluten Länge von $5,04 \mu$ ($R_L = 14,94$ % der TML) rangiert es in 3rd der Größenordnung.

Bei allen Chromosomenmorphen war der Mechanismus der Geschlechtsbestimmung streng ZZ-ZW. Beide Geschlechtschromosomen waren metazentrisch (Z: = C₁49,19; W: = C₁40,45). Z war jedoch ein großes Makrochromosom, während W das größte unter den Mikrochromosomen war ($R_L = 7,33$ % der TML).

Tabelle 9: Morphometrische Daten der Makrochromosomen von *Treron phoenicoptera*:

Chromosom Nr.	% Relative Länge	Zentromerischer Index	Chromosomen-Typ
1	24.63 ± 0.32	42.12 ± 0.87	M
	24.91 ± 0.69	21.95 ± 0.73	st*
2	10.73 ± 0.96	45.39 ± 0.23	M
3	10.02 ± 0.53	30.95 ± 0.49	sm
4	08.98 ± 0.34	30.48 ± 0.96	sm
5	18.88 ± 0.42	41.03 ± 0.95	M
	19.98 ± 0.25	19.02 ± 0.58	st*
6	14.94 ± 0.56	12.50 ± 0.35	T
Z	11.82 ± 0.72	49.19 ± 0.55	M
W	06.67 ± 0.13	40.45 ± 0.44	M

Die verbleibenden dreißig Chromosomenpaare hatten eine unklare Identität und wurden als Mikrochromosomen zusammengefasst. Sie machten 42,87 % des gesamten Genoms aus.

Der Nördliche Grünbartvogel

Der Nördliche Grünbartvogel ist eine baumbewohnende Art mit kurzem, kräftigem und schwerem Schnabel. Er ist über 9 cm groß und grasgrün mit

dunkelbraunem Scheitel und Nacken. Der obere Teil des Rückens ist hellbraun und weiß gestreift. Ein großer orangefarbener Hautfleck umgibt das Auge und reicht bis zum Schnabelansatz.

Sie ist in Nordindien von Madhopur (Haryana), Delhi, Mt. Abu, Gujarat östlich bis Bengalen und von den Ausläufern des Himalaya und dem Terai bis nach Ostnepal und südlich des Godavari-Flusses endemisch. Sie kommt in feuchten und trockenen Laubwäldern vor, wo sie paarweise oder in kleinen Gruppen auftritt. Sie ist zahlreich und am häufigsten zwischen 1.500 und 2.500 Fuß über dem mittleren Meeresspiegel anzutreffen.

Die Versuchspersonen wurden aus verschiedenen Teilen des Bundesstaates entnommen, und ihre Knochenmarksextrakte wurden zur weiteren Untersuchung in das Labor gebracht.

Von den 42 geopferten Proben konnte das Knochenmark von 18 männlichen und 18 weiblichen Tieren für die vorliegende Studie verwendet werden. Von jedem Exemplar wurden fast 10 gut ausgebreitete Metaphasenplatten und insgesamt 274 Zellen untersucht.

Tabelle-10: Häufigkeitsverteilung der diploiden Chromosomenzahl bei *Megalaima zeylanica*.

Chromosom Nr.	Sex		Insgesamt
	Männlich	Weiblich	
88	06	03	009
89	05	02	007
90	07	07	014
91	03	05	008
92	02	04	006
93	05	06	011
94	08	17	025
95	18	15	033
96	64	60	124
97	16	15	031

98	04	02	006
Insgesamt	138	136	274

Die Zählungen der Metaphasenplatten aller Individuen deuten darauf hin, dass die Diploidie zwischen 88 und 98 liegt, mit einem Spitzenwert von 96, der von 45,25 % der ausgewerteten Zellen erreicht wird.

Standard-Karyotyp (AB/AB/CD/CD)

Von den 36 untersuchten Individuen wiesen 3 männliche und 3 weibliche Individuen diese Art von genotypischen Mustern auf. Es gibt sechzehn Makrochromosomenpaare (einschließlich der sexuellen Verbindung), die scharf von den anderen abgegrenzt sind. Die Ergebnisse der morphometrischen Analyse der Makrochromosomen sind in der Tabelle - dargestellt 11.

Tabelle-11: Morphometrie der Chromosomen der grünen Barbe (Karyotyp AB/AB/CD/CD)

Chromosom Nr.	Relative Länge % ^L _R		Mittleres Arm-Verhältnis ®	
	Mittlere	Variation Bereich	Mittlere	Variation Bereich
Metazentrisch (M)				
I	6.58	6.02-7.31	1.08	1.00-1.20
II	5.99	5.62-6.39	1.07	1.00-1.14
III	5.39	4.98-5.66	1.10	1.00-1.20
Metazentrisch (m)				
IV A	13.65	11.95-14.54	1.61	1.35-1.86
B	1.48	1.01-1.78		
V	5.71	5.43-6.12	1.18	1.00-1.30
VI	5.30	4.75-5.54	1.22	1.66-1.39
VII.	4.95	4.61-5.29	1.40	1.19-1.67
VII.	4.93	4.65-5.25	1.33	1.30-1.37
Submetazentrisch (sm)				
IX	7.48	7.04-8.05	2.08	1.48-3.00
X	6.55	5.83-7.64	2.16	1.81-2.40
XI	5.34	4.94-5.78	2.87	2.51-3.33

XII	4.66	4.33-4.89	2.94	2.46-3.33
W	7.49	6.57-8.71	2.03	1.85-2.27
Sub telozentrisch (st)				
XIII	4.32	3.95-4.74	4.03	2.62-5.46
XIV	4.08	3.75-4.33	3.77	2.89-4.76
Z	9.70	9.10-10.41	4.52	3.32-6.04
Telozentrisch (T)				
XV	3.71	3.21-4.20	-	-

Gruppe 1 besteht aus drei Chromosomenpaaren, deren Zentromere sich im mittleren Punkt befinden. Sie sind 4th, 6th und 8th in der Reihenfolge ihrer Größe.



Abb. 15: Metaphasenplatte und Karyotyp AB/AB/CD/CD von *Megalaima zeylanica caniceps* (Männchen)

Gruppe 2 umfasst fünf Paare von m Chromosomen. Chromosom IV, das größte Element des Satzes, mit einer mittleren absoluten Länge von 5,55 μ , macht 13,65 % des TML aus. Es wurde in allen zukünftigen Diskussionen als AB bezeichnet. Dann gibt es einen plötzlichen Abfall zwischen den beiden Mitgliedern, so dass das darauf folgende Chromosom nur noch 2,32 μ lang ist. Die letzten beiden Paare dieser Gruppe können nicht anhand ihrer relativen Länge individualisiert werden, da sie sich sowohl in der relativen Länge als auch in den Armverhältnissen überschneiden.



Abb.16: Metaphasenplatte und Karyotyp AB/AB/CD/CD von *Megalaima zeylanica caniceps* (weiblich)

Gruppe 3 umfasst drei Paare submedialer Chromosomen. Diese sind 3rd, 5th, 9 und 13th in der Reihenfolge ihrer Größe. Zwei Paare von Autosomen und ein Z-Chromosom bilden die Gruppe 4. Die letzte Gruppe wird durch ein einziges Paar von T-Chromosomen, Chromosom XV, repräsentiert.

Bei den Weibchen ist eines der Z durch ein W ersetzt. Es steht in der Größenordnung an dritter Stelle und liegt zwischen dem Z und dem Chromosom IX. Die übrigen 32 Chromosomenpaare wurden in der Kategorie der Mikrochromosomen zusammengefasst und machen 32,90 % des TML aus.

Die Chromosomenausstattung von nur fünf Arten der Ordnung Piciformes wurde bisher untersucht, und zwar von *Megalaima zeylanica* (Garg, 1992; Garg & Garg, 2002 a, c; 2003; 2004; 2005 b; Garg & Shrivastava, 2013 b, c) und *Megalaima haemacephala* (Jaitly, 1963), die zur Familie Capitonoidae gehören, sowie *Dinopium benghalense* (Jaitly, 1966), *Picoides mahrattensis* (Kaul & Ansari, 1981) und *Picus viridis* (Hammar, 1970), die zur Familie Picidae gehören.

Tabelle-12: Vergleich der Karyotypen von *M. haemacephala* und *M. zeylanica*

Eigenschaften	<i>M. haemacephala</i>	<i>M. zeylanica</i>
1. Diploide Anzahl	90	96
2. Makrochromosomen	16	32
M		06
M	10	10

	sm	04	08
	st	02	06
	T		02
3.	Z-Chromosom	μ sm 2 größte	3.95 μ st 2 größte
4.	W-Chromosom	1.12 μ T Mikrochromosom	3.05 μ sm 3 rd größte
5.	Absolute Gesamtlänge des Makrochromosoms	52.65 μ (53.09%)	72.08 μ (60.47%)
6.	Absolute Gesamtlänge des Mikrochromosoms	46.52 μ (46.91%)	39.21 μ (32.90%)
7.	Gesamtes Genom	99.17 μ	119.19 μ

Der geschlechtsbestimmende Mechanismus ist Berichten zufolge vom Typ XX-XO (3).

Die diploide Chromosomenzahl von *M. zeylanica* beträgt 96, was von den allgemeinen Bedingungen bei Vögeln abweicht und die höchste bisher erfasste 2n-Zahl für diese Ordnung darstellt. Die Diploidenzahl von *P. viridis* liegt bei 94 und damit an der oberen Grenze für diese Ordnung (Hammar, 1970). Die Chromosomenzahl von *M. haemacephala*, *D. benghalense* und *P. Mahrattensis* beträgt 90, 92 bzw. 84 (Kaul & Ansari, 1989). Daraus lässt sich schließen, dass diese Ordnung Piciformes eine Gruppe mit einer Tendenz zu einer hohen diploiden Chromosomenzahl darstellt.

Die Karyotypen der Capitonidae zeigen eine klare Unterscheidung zwischen Makro- und Mikrochromosomen, während dieses Merkmal bei den Picidae nicht beobachtet wurde (Kaul & Ansari, 1981). Es ist interessant festzustellen, dass zwischen der vorliegenden Art und drei weiteren Arten dieser Ordnung, die zuvor bearbeitet wurden, keine Einheitlichkeit festgestellt werden konnte. Sogar der Karyotyp der Gattungsformen *M. haemacephala* (Jaitly, 1963) und *M. Zeylanica* (Garg, 1992; Garg & Shrivastava, 2013 b) unterscheidet sich auffallend voneinander (Tabelle 5).

Chromosomaler Polymorphismus

Genetische Systeme sind durch einen grundlegenden Konservatismus gekennzeichnet. Normalerweise verhalten sich die Chromosomen bei der Zellteilung regelmäßig und vorhersehbar. Die in den Chromosomen enthaltenen Gene reproduzieren sich zu bestimmten Zeitpunkten im Kernzyklus mit großer Genauigkeit. Ein Genom ist in der Struktur und der Anzahl seiner Chromosomenkomplemente grundsätzlich stabil. Mit anderen Worten, es ist ein kodierter Bauplan für verschiedene genetische Eigenschaften. Wäre dies nicht der Fall, würden wir nicht mit den bekannten genotypischen und phänotypischen Verhältnissen konfrontiert werden, die das regelmäßige Muster der Vererbung so eindrucksvoll belegen. Vor allem aber wäre das Leben anders, als wir es kennen.

Wäre umgekehrt die Genomstruktur vollkommen stabil, so dass andere Gene genau wie die Originale reproduziert werden könnten, würde das Leben wiederum ganz anders aussehen, als wir es vorfinden. Aber die Variation ist in der Tat charakteristisch für das Leben, und die Standardstruktur des Genoms unterliegt einer verwirrenden Vielzahl von realisierbaren Variationen. Einzelne Chromosomen können durch Translokation, Inversion, Defizienz oder Duplikation verändert werden - ganze Chromosomen können verloren gehen oder in einem ungewöhnlichen Ausmaß repliziert werden. Ein einziger Umstand kann ganze Zyklen außergewöhnlichen Chromosomenverhaltens in Gang setzen, die zu chromosomalem Polymorphismus führen.

Die Erkenntnisse aus der genetischen Analyse einer erstaunlichen Vielfalt von Vogelarten auf der Erde - ein Spektrum, das etwa drei Dutzend Vogelarten umfasst - haben in den letzten zwei Jahrzehnten große Fortschritte auf dem Gebiet des chromosomalen Polymorphismus gebracht. Dazu gehören eine Reihe von Berichten über natürlich vorkommenden Inversionspolymorphismus (Ansari & Kaul, 1979 a, b; Bass, 1979; Christidis, 1983, 1986 a, b, c, 1987; De Lucca & Rocha, 1985; De Souza & De Lucca, 1981; Garg & Garg, 2002 b; Garg & Shrivastava, 2013 g; Hammar, 1970; Hammar & Herlin, 1975; Shields, 1973, 1976; Thorneycroft, 1966, 1975) und auch ein Bericht über

Deletionspolymorphismus (Manolache, 1974), aber kein paralleler Bericht über Translokationspolymorphismus (De Lucca & De Marco, 1983, Garg, 1992; Garg & Garg, 2002 a, 2003; 2005 b; Garg & Shrivastava, 2013 c; Misra & Shrivastava, 1976; Ryan & Bernier, 1968).

Inversion Polymorphismus

Das Chromosomenset von acht männlichen und sechs weiblichen Tauben wies deutliche Abweichungen vom so genannten Standard-Karyotyp auf und wurde als aberrante oder invertierte Karyomorphe bezeichnet:

Umgekehrter Karyotyp ($I^m/I^m/II^m/II^{st}$)



Abb. 17: Metaphasenplatte und invertierter Karyotyp ($I^m/I^m/II^m/II^{st}$) von *Treron phoenicoptera* (Männchen)

Hier schienen beide Homologe des Chromosoms I eine Replik des Standardkaryotyps (I^m/I^m) zu sein, jedoch war eines der Mitglieder des Chromosoms II in ein subtelozentrisches Element (II^{st}) umgewandelt worden, vermutlich aufgrund einer perizentrischen Inversion. Der Rest des Karyotyps stimmte mit dem als Standard bezeichneten überein.



Abb. 18: Metaphasenplatte und inverser Karyotyp ($I^m/I^mII^mII^{st}$) von *Treron phoenicoptera* (Weibchen)

Umgekehrter Karyotyp ($I^m/I^m/II^{st}/II^{st}$)

Ein Männchen und zwei Weibchen besaßen diesen Typ von Karyotyp, bei dem die beiden Mitglieder des Chromosomenpaars I (I^m/I^m) dem Chromosom I^m des Standardkaryotyps ähnelten, aber aufgrund perizentrischer Inversionen in den beiden Homo-Logenen von Chromosom II kam es zu einer bemerkenswerten Verschiebung ihrer Zentromerposition ohne entsprechende Änderung ihrer relativen Längen.

Zwei Männchen und ein Weibchen wiesen diese Art der karyologischen Konfiguration auf.

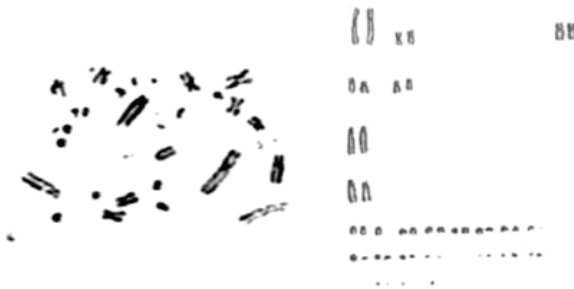


Abb. 19: Metaphasenplatte und inverser Karyotyp ($I^m/I^m/II^{st}/II^{st}$) von *Treron phoenicoptera* (Männchen)

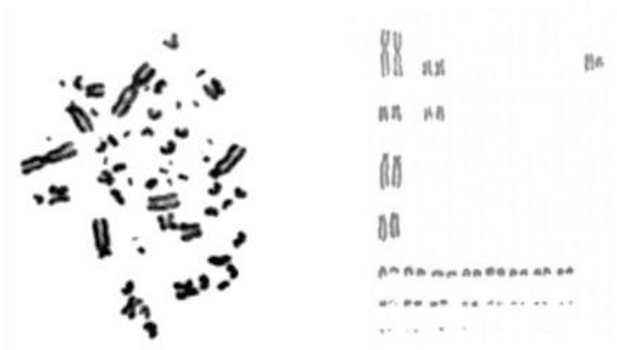


Abb. 20: Metaphasenplatte und inverser Karyotyp ($I^m/I^m/I^{st}/II^{st}$) von *Treron phoenicoptera* (Weibchen)

Umgekehrter Karyotyp ($I^m/I^{st}/II^{st}/II^{st}$)

Dieses Chromosomenkomplement war eine weitere abweichende Form der bisher beschriebenen Karyotypen. Hier behielt das Zentromer von nur einem Homologen des Chromosomenpaars I seine ursprüngliche Morphologie (I^m), während sich alle übrigen drei Chromosomen in subtelozentrische Elemente verwandelt zu haben schienen (Chromosom $I^m/II^m/II^m \rightarrow I^{st}/II^{st}/II^{st}$).



Abb. 21: Metaphasenplatte und invertierter Karyotyp ($I^m/I^{st}/II^{st}/II^{st}$) von *Treron phoenicoptera* (Weibchen)

Umgekehrter Karyotyp ($I^m/I^{st}/II^m/II^{st}$)



Abb. 22: Männliche Metaphasenplatte und inverser Karyotyp ($I^m/I^{st}/II^m/II^{st}$) von *Treron phoenicoptera* (Männchen)

Dies schien ein Zwischenstadium der Umlagerung zu sein, bei dem ein homologes Chromosomenpaar I und II seine ursprüngliche metazentrische Form beibehalten hatte. Dennoch hatten ihre homologen Gegenstücke infolge zweier getrennter Inversionen eine Verschiebung der Position ihrer Zentromere erfahren. Diese karyotypische Konfiguration wurde bei einem einzigen Mann gefunden.

Umgekehrter Karyotyp ($I^m/I^{st}/II^m/II^m$)

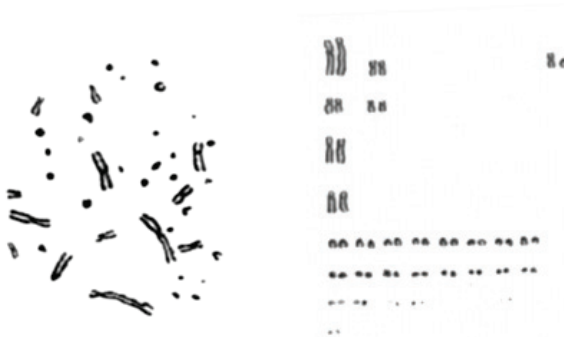


Abb. 23: Metaphasenplatte und invertierter Karyotyp ($I^m/I^{st}/II^m/II^m$) von *Treron phoenicoptera* (Weibchen)

Bei dieser Variante behält das Chromosomenpaar II (II^m/II^m) seine Parität in Bezug auf die relative Länge und den Zentromerindex bei. Allerdings wurde eines der Homologe des größten Chromosomenpaares (I^m/I^m) in I umgewandeltst.

Umgekehrter Karyotyp ($I^{st}/I^{st}/II^m/II^m$)

Bei einem der gesammelten weiblichen Exemplare wurde beim Chromosomenpaar II keine Veränderung festgestellt. Umgekehrt veränderten sich die beiden Elemente des Chromosomenpaares I hinsichtlich der Lage des Zentromers.

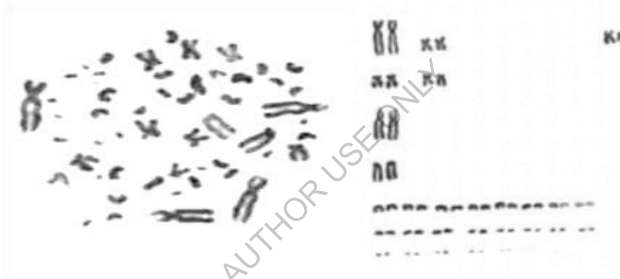


Abb. 24: Metaphasenplatte und inverser Karyotyp ($I^{st}/I^{st}/II^m/II^m$) von *Treron phoenicoptera* (Weibchen)

Umgekehrter Karyotyp ($I^{st}/I^{st}/II^m/II^{st}$)



Abb. 25: Metaphasenplatte und inverser Karyotyp ($I^{st}/I^{st}/II^m/II^{st}$) von *Treron phoenicoptera* (Weibchen)

Diese Art von Chromosomenmorphie wurde als eine weitere Modifikation des Karyotyps $I^{st}/I^{st}/II^m/II^m$ erkannt. Zu diesem Zeitpunkt wurde das Chromosomenpaar II als heteromorph befunden. Von den vier zur Diskussion stehenden Autosomen hatten drei eine perizentrische Inversion durchlaufen.

Umgekehrter Karyotyp ($I^{st}/I^{st}/II^{st}/II^{st}$)

Dies war die seltenste aller Varianten (eine von zweiundzwanzig).

$$\begin{array}{c}
 I^m/I^m/II^m/II^m \\
 \downarrow \downarrow \downarrow \downarrow \\
 I^{st}/I^{st}/II^{st}/II^{st}
 \end{array}$$

Umrechnung von m in st

Die bei dieser Art von Chromosomenkomplement festgestellten Veränderungen waren insofern einzigartig, als alle vier Homologe, die den Paaren I und II entsprechen, vom ursprünglichen metazentrischen Typ in einen subtelozentrischen Typ umgewandelt wurden.



Abb. 26: Metaphasenplatte und inverser Karyotyp ($I^{st}/I^{st}/II^{st}/II^{st}$) von *Treron phoenicoptera* (Männchen)

Bei Vögeln scheint ein Wechsel der zentromerischen Position in einem Chromosom nicht selten zu sein (Hammar, 1970). Der erste Fall von Chromosomenpolymorphismus wurde in Ontario, Kanada, beobachtet, als

Thorneycroft (1966, 1975) in einer natürlichen Population von *Zonotrichia albicollis* sechs verschiedene Karyotypen aufgrund einer perizentrischen Inversion beobachtete, die die Chromosomenpaare 2 und 3 betraf. Einen ähnlichen Polymorphismus meldete er 1968 beim Dunkeläugigen Wacholderdrossel (*Junco hyemalis*) und beim Zedernwachsschwärmer (*Bombycilla cedrorum*).

Aus der brasilianischen Population von *Zonotrichia capensis* wurde ein Inversionspolymorphismus der submetazentrischen Chromosomen 3 und 5 gemeldet (De Lucca & Rocha, 1985; Rocha, 1987; Carvalho & Erdtmann, 1987; De Souza & De Lucca, 1991). Die Tatsache, dass die Morphen der jeweiligen Chromosomen gleich lang sind, unterstützt diese Behauptung.

Sheilds (1973, 1976) berichtete über das Auftreten von zwei unabhängigen Inversionen in Chromosom 2 und 5 bei mehreren Junco-Arten, nämlich *Junco hyemalis*, *J. oreganos*, *J. aikeni*, *J. caniceps* und *J. phaenotus*. Bass (1979) dokumentierte, dass ein weiterer Fransenflügler - *Cardinalis cardinalis* - aufgrund einer perizentrischen Inversion im Chromosom 5 polymorph ist. Ein Heteromorphismus für das Chromosom 1 scheint im gesamten Verbreitungsgebiet von *Carduelis chloris* weit verbreitet zu sein, da die gleiche Inversion in Schweden (Hammar & Herlin, 1975), Italien (Capanna et al. 1987) und sogar in Australien (Christidis, 1986 c) gefunden wurde.

Diese Fälle beschränkten sich jedoch auf nur drei Arten - Emberizidae, Fringillidae und Estrilidae -, die ebenfalls zur einzigen Ordnung - den Sperlingsvögeln - gehören. Außerhalb der Gruppe der Singvögel ist ein gut dokumentierter Fall von perizentrischem Inversionspolymorphismus bei Vögeln die gelbbeinige grüne Taube, *Treron phoenicoptera*. Garg & Garg (2002 b) führten eine vorläufige Untersuchung von sechs Individuen von *T. phoenicoptera* durch und stießen dabei auf drei verschiedene Karyotypen ($I^m/I^m/I^{st}/I^{st}$, $II^{st}/II^{st}/II^m/II^m$) und einen Hybrid aus beiden ($I^m/I^{st}/II^{st}/II^m$). In der indischen Population dieses Vogels existierten die beiden Chromosomenpaare I und II in dimorphem Zustand ($I^m/I^{st}/I^m/I^{st}$) mit neun möglichen Kombinationen (Ansari & Kaul, 1979 b; Roy, 1990; Garg & Garg, 2002 b; Garg & Shrivastava,

2013 g). Dies zeigt eindeutig, dass dieser multiple chromosomale Polymorphismus zumindest kurzfristig nicht vorübergehend ist. Das Vorhandensein eines derart umfangreichen Polymorphismus bei *T. phoenicoptera* sollte treffend als Vorkommen eines "multiplen chromosomalen Heteromorphismus" bezeichnet werden.

Translokation Polymorphismus

Bei den im Rahmen dieser Untersuchung untersuchten Individuen von *Megalaima zeylanica* wurden unabhängig vom Geschlecht drei verschiedene Zytotypen beobachtet. Es scheint, dass eine ungleiche Translokation zwischen dem größten Makrochromosomenpaar und einem der Mikrochromosomen die Populationen polymorph werden lässt.

Es ist zu bedenken, dass in einer Kreuzungspopulation, die einen Chromosomenpolymorphismus aufweist, das Genom im Fluss ist, so dass eine Variante mit geringer Häufigkeit möglicherweise nicht die neue chromosomale Umordnung, sondern ein Überbleibsel der ursprünglichen Standardkonfiguration ist. In Anbetracht dieser Tatsache wurde die niederfrequente Variante im vorangegangenen Kapitel als Standard-Karyotyp beschrieben. Hier werden die beiden anderen Konfigurationen diskutiert.

Heterozygoter Karyotyp (AB/AC/BD/CD)

Dieser Zytotyp, der sich von dem bereits erwähnten unterscheidet, wurde bei 12 männlichen und 07 weiblichen Personen beobachtet, bei denen ein zusätzliches Makrochromosom mit entsprechendem Mangel an einem Mikrochromosom vorliegt.

Das Chromosom AB hat kein Gegenstück und ist ungepaart. In ähnlicher Weise werden zwei neue ungepaarte Elemente makrochromosomaler Natur beobachtet: AC und BD. Das Chromosom AC ist ein metazentrisches Element, dessen langer Arm dem kurzen Arm des Chromosoms AB entspricht. BD ist eher submetazentrisch. Der Rest des Karyotyps entspricht der Standard-Chromosomenkonfiguration.



Abb. 27: Metaphasenplatte und Karyotyp AB/AC/BD/CD von *Megalaima zeylanica caniceps* (Männchen)

Tabelle - 13: Morphometrie der Chromosomen der grünen Barbe (Karyotyp AB/AC/BD/CD)

Chromosom Nr.	Relative Länge % L_R		Mittleres Arm-Verhältnis ®	
	Mittlere	Variation Bereich	Mittlere	Variation Bereich
Metazentrisch (M)				
I	7.28	6.89-7.88	1.07	1.00-1.21
II	6.38	5.40-6.98	1.06	1.00-1.14
III	6.31	4.64-5.98	1.08	1.00-1.25
Metazentrisch (m)				
IV A	13.62	11.97-14.94	1.57	1.46-1.73
B	9.09	8.32-9.98	1.42	1.29-1.55
C	5.77	5.50-6.35	2.56	2.14-3.20
D	1.47	0.73-1.87	-	
V	5.98	5.62-6.46	1.11	1.00-1.26
VI	4.79	4.25-5.52	1.15	1.04-1.30
VII.	4.76	4.35-5.11	1.57	1.30-1.80
VII.	4.67	4.09-5.19	1.28	1.04-1.41
Submetazentrisch (sm)				
IX	7.65	7.02-8.42	2.49	2.09-3.62
X	6.89	6.34-7.45	2.08	1.75-2.44

XI	5.61	5.41-5.79	2.76	2.46-3.01
XII	4.63	3.95-5.02	3.15	2.73-3.52
W	7.72	6.98-8.40	1.87	1.70-2.07
Sub telozentrisch (st)				
XIII	4.07	3.71-4.73	3.90	2.74-4.86
XIV	3.78	3.27-4.26	4.00	3.31-4.85
Z	9.96	9.19-11.69	4.32	3.38-5.53
Telozentrisch (T)				
XV	3.28	2.98-3.67	-	-



Abb. 28: Metaphasenplatte und Karyotyp AB/AC/BD/CD von *Megalaima zeylanica caniceps* (weiblich)

Homozygoter Karyotyp (AC/AC/BD/BD)

Das Chromosomenkomplement von 04 männlichen und 06 weiblichen Exemplaren wies ein anderes Muster auf, bei dem die Anzahl der Makrochromosomen 32 beträgt und alle (mit Ausnahme des Geschlechtselements bei den weiblichen Exemplaren) perfekt gepaart sein können. Das Chromosom AC ist ebenfalls homozygot und es gibt ein

zusätzliches Makrochromosomenpaar, das dem ungepaarten BD-Chromosom des heterozygoten Cytomorphs entspricht.

Tabelle - 14: Morphometrie der Chromosomen der grünen Barbe (Karyotyp AB/AB/CD/CD)

Chromosom Nr.	Relative Länge % L_R		Mittleres Arm-Verhältnis ®	
	Mittlere	Variation Bereich	Mittlere	Variation Bereich
Metazentrisch (M)				
I	6.80	6.42-7.29	1.08	1.00-1.19
II	6.13	5.88-6.50	1.06	1.00-1.14
III	5.30	4.93-5.62	1.08	1.00-1.19
Metazentrisch (m)				
IV AC	8.93	8.34-9.55	1.48	1.36-1.63
BD	5.61	5.12-5.97	2.63	2.37-2.92
V	5.74	5.20-6.13	1.12	1.00-1.31
VI	5.17	4.89-5.55	1.20	1.10-1.28
VII.	5.02	4.87-5.12	1.40	1.19-1.58
VII.	4.89	4.60-5.26	1.26	1.00-1.36
Submetazentrisch (sm)				
IX	7.41	6.89-7.91	2.38	1.83-3.00
X	6.65	6.31-7.28	2.15	1.75-2.60
XI	5.50	5.21-5.79	2.60	2.38-2.84
XII	4.61	4.31-4.92	3.03	2.45-3.47
W	7.76	6.76-8.96	1.95	1.70-2.23
Sub telozentrisch (st)				
XIII	4.52	4.08-4.97	3.12	2.63-3.62
XIV	3.93	3.43-4.30	4.11	3.19-4.98
Z	10.15	9.28-11.39	4.18	3.50-4.87
Telozentrisch (T)				
XV	3.71	3.21-4.20	-	-

Diese Chromosomenvariationen können als Manifestation von Ereignissen in einer zeitlichen Abfolge von kurzer, mittlerer und langer Dauer betrachtet werden. Kurzzeittypen sind solche, die in jeder Zeitskala fast sofort auftreten,

meist nachteiliger Natur sind und in der Regel schnell beseitigt werden. Der bei Hühnern gut dokumentierte Verschwendungstyp ist wahrscheinlich bei allen Vögeln allgegenwärtig.

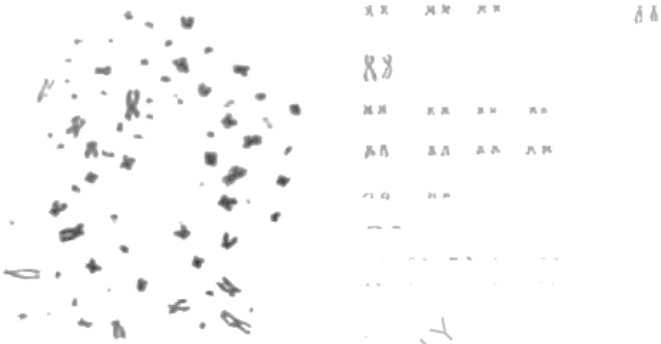


Abb. 29: Metaphasenplatte und Karyotyp AC/AC/BD/BD von *Megalaima zeylanica caniceps* (Männchen)



Abb. 30: Metaphasenplatte und Karyotyp AC/AC/BD/BD von *Megalaima zeylanica caniceps* (weiblich)

Einige Rearrangements bleiben in der Regel als Polymorphismus in einer sich kreuzenden Population bestehen oder überleben als Standardkonfiguration in

einer isolierten Teilpopulation. Bei Vögeln wurden mehrere Beispiele dokumentiert, die als chromosomale Evolution in Aktion betrachtet werden. Bei *Zonotrichia albicollis* wurde eine Korrelation zwischen chromosomaler Morphologie, Phänotyp und Paarungsverhalten festgestellt (Thorncroft, 1966, 1975). Aus einer brasilianischen Population von *Z. capensis* wurde ein Inversionspolymorphismus für Chromosom III und IV gemeldet (De Lucca, 1985; De Souza & De Lucca, 1991). Ein ähnlicher Polymorphismus für Chromosom II und V wurde bei geographisch verteilten *Junco-Arten* beobachtet (Sheilds, 1973, 1976). Mehrere Populationen von *Cardinalis cardinalis* wurden untersucht, und in allen wurden zytotypische Variationen für Chromosom V festgestellt (Bass, 1979). Ein Heteromorphismus für Chromosom I scheint im gesamten Verbreitungsgebiet von *Carduelis chloris* verbreitet zu sein. Die gleiche Variation wurde in Schweden (Hammar, 1975), Italien (Capanna et al. 1982) und sogar in Australien, wo die Vögel aus Großbritannien eingewandert sind, festgestellt (Christidis, 1983, 1987).

Bei Vögeln gibt es nur wenige Aufzeichnungen über den Polymorphismus von Translokationen innerhalb einer Population, obwohl berichtet wurde, dass ein interspezifischer Hybrid zwischen den allopatrischen Arten North Dakota Emperor Goose und Ross-Goose heterozygot für eine Translokation ist, die Chromosom I und III umfasst. Einige Fälle von induzierter Heterozygotie sind ebenfalls bekannt (Shoffner, 1977; Wooster et al., 1977; Zartman, 1971). Es gibt auch einen Fall von induziertem Polymorphismus in der Allahabad-Population des Schwarzkopfpfpirols, der auf der Annahme einer reziproken Translokation zwischen Chromosom AB und CD beruht, aus der die Chromosomen AC und BD hervorgehen. Es konnte jedoch kein Element identifiziert werden, das dem hypothetisch entstandenen Mikrochromosom CD entspricht.

Ein noch interessanterer Fall von chromosomalem Polymorphismus unter den indischen Vögeln ist der nördliche Grünbartvogel, *Megalaima zeylanica*. Die Häufigkeit der drei Zytomorphien, die von Garg (1992) berichtet wurden, ist in der Tabelle 15 dargestellt.

Tabelle - 15: %^R_L und ® der Chromosomen AB/AC/BD/CD in drei verschiedenen Zytotypen von *Megalaima zeylanica*:

Chromosomen	Zytotypen		
	AB/AB/CD/CD	AB/AC/BD/CD	AC/AC/BD/BD
AB	% ^R _L 13.65	% ^R _L 13.62	
	® = 1.61	® = 1.57	
AC		% ^R _L 9.09	% ^R _L 8.93
		® = 1.42	® = 1.48
BD		% ^R _L 5.77	% ^R _L 5.61
		® = 2.56	® = 2.63
CD	% ^R _L 1.48	% ^R _L 1.47	

Das Chromosom IV (AB) der Individuen mit Standard-Chromosomenkonfiguration macht 13,65 % der TML aus und weist ein Armverhältnis von 1,61 auf. Die Biometrie des gleichen Chromosoms in den Exemplaren mit heterozygoter und homozygoter Konfiguration zeigt %^R_L 8,93 (AC) und 5,61 (BD); ® = 1,48 bzw. 2,63. Es ist also offensichtlich, dass ein neues metazentrisches Chromosom gebildet wird, und es gibt eine signifikante Verschiebung sowohl für % als ^R_L auch ® für das Chromosomenpaar IV (Tabelle 15). Dies sind die Anforderungen, die bei der Translokation eines Chromosomensegments zu erfüllen sind (Garg, 1992; Garg & Shrivastava, 2013 b).

Das Vorhandensein eines weit verbreiteten Translokations- und Inversionspolymorphismus bei Vögeln deutet darauf hin, dass er der Art einen adaptiven Wert verleihen könnte. Wie bei *Z. albicollis* konnte der Autor keinen morphologischen Unterschied zwischen den Vögeln der verschiedenen Zytotypen feststellen.

Diakinetische Konfiguration

Translokierte Homozygote weisen keine offensichtlichen zytologischen Besonderheiten auf. Ihre Paarung bei der Meiose ist regelmäßig, und die Übertragung der Chromosomen von einer Kerngeneration auf die nächste kann so unkompliziert sein wie bei den ursprünglichen, nicht translozierten Typen. Wenn die translozierten Segmente in etwa die gleiche Größe haben, kann die zytologische Untersuchung von translozierten Heterozygoten die Details nicht aufdecken, obwohl geeignete Experimente dies tun. Wenn herausragende chromosomale Landmarken betroffen sind, wird die Translokation natürlich durch die Veränderung ihrer physischen Beziehung zueinander aufgedeckt.

Bei Translokations-Heterozygoten geraten die Chromosomen in verschiedene ungünstige Situationen, die durch die Komplikationen bei der engen Paarung homologer Teile während der Meiose entstehen. Um die Konjugation in einem Translokations-Heterozygoten zu erreichen, nehmen die Chromosomen in der Pachytenphase eine kreuzförmige Konfiguration an. Später, wenn die Terminalisierung der Chiasmen in den Armen des Kreuzes sich der Vollendung nähert, kann sich die Figur zu einem viergliedrigen Ring öffnen, oder, was eine recht häufige Variante ist, die kreuzförmige Konfiguration der Pachytene kann sich in eine Zick-Zack-Kette verwandeln.

Um die Konfiguration der vierwertigen Translokation zu bestätigen, wurde die späte Prophase der Meiose-1 untersucht. Das Hodengewebe von 3 männlichen Individuen lieferte 12 haploide Komplemente für eine genaue Beobachtung. Bei guten Präparaten ist es möglich, etwa 14 der 16 großen Elemente zu individualisieren. Das größte Bivalent, das 3 Chiasmata aufweist, wurde als das Geschlechtsbivalent angesehen. Zwei Bivalente, das zweit- und das drittgrößterd, sind so ähnlich, dass ihre eindeutige Identifizierung immer schwierig ist. Es ist zwar schwierig, ihren Typ zu bestimmen, aber es ist immer möglich, sie von den übrigen Bivalenten zu unterscheiden.

Abbildung 31 zeigt meiotische Chromosomen von Vögeln, die heterozygot für die reziproke Translokation sind und eine Kette pro diakinetischer Zelle

aufweisen, die zu groß ist, um mit dem größten Bivalent in den Meiozyten des homozygoten Zytotyps homologisiert zu werden. Die Kette besteht aus 4 Chromosomen AB-AC-BD-CD, die als Quadrivalent assoziiert sind. Die Meinung, dass Chromosom IV und ein Mikrochromosom an dieser abnormalen Konfiguration beteiligt sind, wurde durch sorgfältige Untersuchung des Vierlings, wie er bei mehreren Vögeln gefunden wurde, und durch Vergleich mit dem homozygoten meiotischen Komplement gewonnen. Es wurde davon ausgegangen, dass bei der Translokation zwar eine gewisse Umordnung des chromosomalen Materials stattgefunden hat, aber alle Makrochromosomen bei den abnormen Individuen noch vorhanden sind. Mit dieser Annahme im Hinterkopf war es möglich, die verbleibenden makrochromosomalen Bivalente zu identifizieren.



Abb. 31: Diakinetisches Stadium (Meiose) bei *Megalaima zeylanica caniceps* (Weibchen)

Das sexuelle Element wurde anhand der Gesamtlänge identifiziert. Die heteropyknotische Masse ist in diesem Stadium nicht mehr vorhanden, und die Geschlechtschromosomen scheinen eine ähnliche Form wie die autosomalen Bivalente angenommen zu haben. Feinere Details der Multivalenz können durch Elektronenmikroskopie des synaptonemalen Komplexes aufgelöst werden, wie dies beim Huhn geschehen ist (Kaelbling & Fechheimer, 1983, 1985). Die Analyse des synaptonemalen Komplexes hat ergeben, dass das, was Wooster et al. (1977) lichtmikroskopisch als zentrische Spaltung von Chromosom I

interpretierten, eine Translokation zwischen Chromosom I und einem Mikrochromosom ist.

Ein klares Bild über die Bedeutung dieser Variabilität muss noch gezeichnet werden. Betrachtet man jedoch die schlichte Ring- oder Kettenkonfiguration des Chromosoms IV, so stellt man fest, dass die Verteilung benachbarter Teile des Genoms auf denselben Pol zu Gamaten mit Duplikationen und Defekten führt. Diese drastisch verringerte Fortpflanzungsfähigkeit des Heterozygoten schränkt die Verbreitung der Translokation in der Population stark ein. Daher geht man davon aus, dass die meisten reziproken Translokationen vorübergehend sind und sich selbst auslöschen. Alternativ könnte die Gegenselektion durch den adaptiven Vorteil der Translokation, die genetische Drift oder eine Kombination aus beidem dazu führen, dass sich eine isolierte Zuchtgruppe mit fixierten Translokationschromosomen bildet.

Aus der Häufigkeit der Heterozygoten in der Population, d. h. 50 %, lässt sich jedoch schließen, dass sie normalerweise fruchtbar sind. Die normale Fruchtbarkeit hängt natürlich von der Art der Konfiguration ab, die bei der Meiose auftritt. Diejenigen Umordnungen, die in der Population fortbestehen, sind höchstwahrscheinlich diejenigen, bei denen sich das abweichende Segment in der Meiose nicht paart und daher keine anormalen Gamaten hervorbringt. Durch diesen Mechanismus wird zwar das übliche Problem der Gamatensterilität durch Duplikationseffizienz vermieden, doch führt er nicht zu einem Locked-in-Linkage-Block, der das gesamte aberrante Segment umfasst. Die Aufnahme von vorteilhaften oder nachteiligen Genen aus dem ursprünglichen Chromosom in diese Region wird den selektiven Wert des aberranten Chromosoms stark beeinflussen.



Abb. 32: Partieller Karyotyp der Meiozyten von *Megalaima zeylanica caniceps*
(Männchen)

Wäre dies nicht der Fall, wäre eine rasche Eliminierung der Rearrangements zu erwarten, es sei denn, es gäbe ein entgegenwirkendes Heterozygotenprivileg oder es käme zu zufälligen genetischen Drifts in einer homozygoten Population, die sich nicht mehr mit den Standardchromosomen verpaaren würden.

Konstitutives Heterochromatin

Die innere Organisation des Chromosoms ist eines der aktuellen Rätsel der Biologie. Obwohl die Molekularbiologen viel über die Struktur und Aktivität des wesentlichen Erbmaterials (DNA) herausgefunden haben, besteht keine allgemeine Übereinstimmung darüber, wie es in die makromolekulare Architektur der Chromosomen zusammen mit Proteinen und vielleicht RNA und Lipiden, die bis zu 5 % des Trockengewichts ausmachen können, eingebaut ist.

Bei der Untersuchung der Zytogenetik von Vögeln wurden Bandenverfahren aufgrund der Schwierigkeiten, die sich aus der Chromosomenstruktur selbst ergeben, nur selten eingesetzt. Dennoch haben die von einigen Forschern erzielten Ergebnisse deutlich gezeigt, dass die Bänderanalyse in dieser Tiergruppe für die Lösung vieler zytogenetischer Probleme von entscheidender Bedeutung sein kann.

In der vorliegenden Untersuchung zeigen C-Band-Präparate, dass fast alle Makrochromosomen, einschließlich der Z-Chromosomen, heterochromatische Blöcke in ihren zentromerischen und/oder telomerischen Regionen aufweisen. Ausnahmen bilden die Chromosomenpaare II, III, X, V und VII. Die drei erstgenannten weisen C⁺-Banden an den Endbereichen ihres q-Arms auf, während bei den beiden anderen die gleiche Bande in der p-Region zu finden ist. Bei den Chromosomenpaaren XIII, XIV und XV wurde keine auffällige dunkle C-Bande beobachtet.

Das W-Chromosom ist leicht von den anderen zu unterscheiden, da es fast vollständig heterochromatisch ist. Nur sehr kurze telomere Bereiche in beiden Armen scheinen euchromatisch zu sein. Da die Mikrochromosomen sehr klein sind, ist es schwierig, etwas über die Verteilung des Heterochromatins in diesen Chromosomen zu sagen. Da kein Software-Analysegerät zur Verfügung stand, war es nicht möglich, die Paare zu verfolgen, in denen intensive Banden auftreten.

Konstitutives Heterochromatin wurde bei mehreren Säugetierarten festgestellt. Auch bei Vögeln wurde interstitielles Heterochromatin bei *Picoides*

mahrattensis, *Chrysomma sinense* und sogar bei *Megalaima zeylanica* beobachtet. Bei der vorliegenden Art weisen die C-positiven Chromosomen manchmal nur winzige Segmente von zentromerischem Heterochromatin auf, von denen einige nicht einmal durchgängig in allen Metaphasen zu finden sind. Das W-Chromosom ist das einzige Element, das nach dem C-Banding durchweg sehr deutlich ist. Dies ist darauf zurückzuführen, dass die Chromosomen der Vögel kleiner sind und ihr Kern-DNA-Gehalt nur 40 % desjenigen der Säugetiere beträgt. Außerdem hat ein durchschnittlicher Vogelkaryotyp doppelt so viele Chromosomen wie ein durchschnittliches Säugetiergenom. Nur bei Haushühnern konnten etwa 15 der 37 Chromosomenpaare durch die Bänderungsmethode erkannt werden.

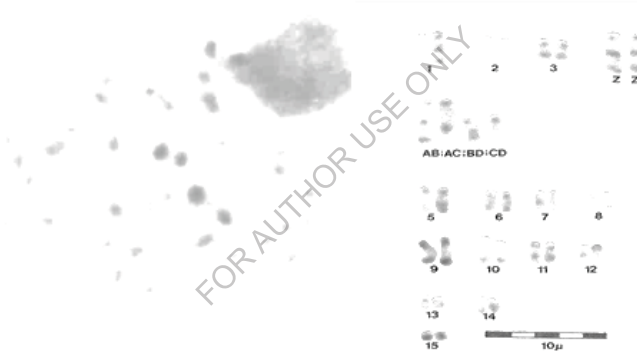


Abb. 33: C-Band-Metaphasenplatte und Karyotyp AB/AC/BD/CD von *Megalaima zeylanica caniceps* (Männchen)

Trypsin-Geimsa-Bänder

Die Techniken der Längsdifferenzierung (G-Banding-Muster), mit denen Lage und Konzentration von DNA-Phänotypen, Histonklassen und nukleolaren Organizzerregionen (NOR) unterschieden werden können, haben den zytogenetischen Möglichkeiten eine weitere Dimension hinzugefügt. Es wurde nun bestätigt, dass es mit der G-Banding-Technik möglich ist, die einzelnen Chromosomen zu unterscheiden und auch die Anordnung der Chromosomen innerhalb und zwischen ihnen zu erkennen. Daher könnten zytogenetische Untersuchungen von gebänderten Chromosomen von Interesse sein, um zu überprüfen, ob solche Umlagerungen den Mechanismus des chromosomalen Polymorphismus erklären können.

Objektträger mit luftgetrockneten Metaphasezellen wurden mit Trypsin behandelt, und etwa 30 Zellen einer Person mit dem Genotyp AB/AC/BD/CD konnten für die vorliegende Studie verwendet werden. Das gesamte makrochromosomale Komplement konnte in G-Band-Präparaten identifiziert werden. Während die verbleibenden Paare homologisiert werden können, tritt Chromosom IV in 2 Varianten auf - AC/BD und AB/CD. Beim Chromosom AB/CD finden sich 6+5 Banden in beiden Armen, während bei AC/BD der p-Arm nur 1 bis 3 Banden enthält. Der q-Arm trägt die üblichen 6 Banden.

Das G-Banden-Muster des mutmaßlichen Z-Chromosoms ist ziemlich identisch. Darüber hinaus waren die G-Banden zwischen diesem und dem W-Chromosom eines Individuums mit AB/AB/CD/CD-Chromosomentyp ebenfalls ähnlich. Letzteres wurde bei einer mikroskopischen Routineuntersuchung gefunden und konnte daher nicht fotografiert werden. Bislang wurde in der Literatur nur selten über G-Banding berichtet. Matescu et al. (1974) wiesen einen Polymorphismus für G-Banding in einer Population von Leghorn-Hühnern nach. Während die Natur des G-Banding nicht vollständig verstanden wird, gibt es eine konsistente Markierung von Regionen mit dieser differenziellen Banding-Technik.

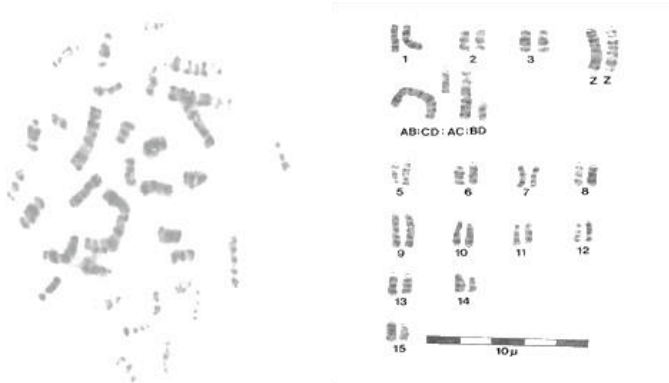


Abb. 34: G-Band-Metaphasenplatte und Karyotyp AB/AC/BD/CD von *Megalaima zeylanica caniceps* (Männchen)

Unsere Erklärung für das Streifenmuster der Chromosomen in trypsinieren Präparaten ist, dass Trypsin die Proteinkomponente des Nukleoproteins hydrolysiert, das durch Aceto-Alkohol denaturiert wurde, so dass die Geimsa-Färbung mit der freigelegten DNA reagieren kann. Das Muster spiegelt höchstwahrscheinlich die zugrunde liegende Organisation der chromosomalen DNA wider.

Trotz der scheinbar konservativen Chromosomenmorphologie von Vogelarten, wie Takagi & Sasaki (1974) und Stock et al. (1974) berichteten, sind die Bänderungsmuster sehr hilfreich bei der Identifizierung einzelner Chromosomen und dem Nachweis von intra- und interchromosomalen Aberrationen. Der Zusammenhang zwischen den Bänderungsmustern und den funktionellen Aspekten spezifischer Chromosomen muss jedoch weiter untersucht werden.

Zusammenfassung

Chromosomen sind die Quintessenz biologischer Dynamik. Als Träger von Genen sind sie die Steuerorgane für vielfältige biologische Aktivitäten - die Grundlage des Lebens. Ihre präzise Bewegung bei der Zellteilung und ihre erstaunliche Replikationskraft sind einige Beispiele für extreme Vitalität.

In gewisser Weise erhalten wir jedoch ein noch lebendigeres Bild von der Lebendigkeit der Chromosomen, wenn wir sie jenseits der vorgesehenen Stadien der Mitose und Meiose oder zu Zeiten, in denen sie nicht den vorgegebenen Normen folgen, untersuchen. Eine dieser Ungereimtheiten ist die Veränderung der strukturellen Anordnung der Chromosomen, die entweder zur Artbildung führt oder durch die Verleihung der Heterozygotenstärke den Polymorphismus in den Populationen aufrechterhält.

Die vorliegende Monographie befasst sich mit i) dem chromosomalen Aufbau bestimmter Vogelarten und ii) dem Vorhandensein echter Variabilität in natürlichen Zuchtpopulationen, falls vorhanden. Zehn Vogelarten, nämlich *Sturnus contra*, *Motacilla flava*, *Emberiza melanocephala*, *Melophus lathami*, *Choropsis aurifrons*, *Turnix susciator*, *Ceryle rudis*, *Merops orientalis*, *Treron phoenicoptera* und *Megaliama zeylanica* wurden zur Untersuchung ausgewählt. Die Chromosomen wurden in vivo aus den Zellen des Knochenmarks nach Rothfels & Siminovitch (1958) gewonnen.

Die morphometrischen Merkmale, die sich aus der Studie ergeben haben, sind in Tabelle 16 (unten) aufgelistet.

Name der Art	Anzahl der beobachteten Individuen		2n	Anzahl der Makrochromosomen						Anzahl der Mikrochromosomen	Geschlechtschromosomen	
	M	F		M	m	s	s	t	T		Z	W
<i>S. kontra</i>	5	2	8	6	4	0	0	0	0	70	M	St
<i>M. flava</i>	2	1	8	6	0	8	0	0	0	64	sm	Sm

<i>E. melanocephala</i>	1	1	8 2	4	0	0	1 0	0	0	66	st	T
<i>M. lathamii</i>	2	3	8 0	6	8	0	0	0	0	64	st	T
<i>C. aurifrons</i>	0	1	7 8	6	0	0	0	4	6	60	st	T
<i>T. Verdächtiger</i>	6	3	8 2	0	0	2	0	0	6	74	-	-
<i>C. rudis</i>	6	6	8 2	0	1 2	4	1 0	0	4	50	sm	M
<i>M. orientalis</i>	5	6	8 2	0	0	0	1 6	4 2	1	48	m	sm
<i>T. phoenicoptera</i>	12	10	7 4	0	6	4	0	2	0	60	M	M
<i>M. zeylanica</i>	18	18	9 6	6	1 0	8	4	0	2	64	st	sm

Die Elster, *Sturnus contra*, kommt in den Ebenen und niedrigen Vorgebirgen des indischen Subkontinents und Südasiens in Höhen von bis zu 700 Metern über MSL vor. Die Anzahl der diploiden Chromosomen schwankte zwischen 78 und 85 mit einem Modalwert von 82. Es gab fünf Autosomenpaare (drei metazentrische und zwei submetazentrische). Das Geschlechtselement Z war metazentrisch, während W subtelozentrisch war.

Die Schafstelze (*Motacilla flava* Linnaeus) ist ein kleiner Sitzvogel mit dem charakteristischen langen, ständig wedelnden Schwanz, der offenes Land in der Nähe von Wasser bewohnt, z. B. Feuchtwiesen. Sie nistet in Büscheln und legt 4-8 gesprenkelte Eier. Die Anzahl der diploiden Chromosomen schwankte zwischen 78 und 85, wobei 80 der Modalwert war. Die Makrochromosomen ließen sich in zwei Gruppen unterteilen: Gruppe I wurde durch drei große metazentrische Chromosomen repräsentiert. Gruppe II hingegen umfasste fünf

Paare großer ($\geq 7,5\%$ der TML) bis mittelgroßer ($\geq 2,5\%$ der TML) submedianer Chromosomen (Chromosom 4-8). Z-W waren 4th in der Reihenfolge ihrer Größe, beide submetazentrisch. Die letzten drei Paare waren fast gleich groß, hatten eine analoge Morphologie und eine überlappende Anordnung zentromerischer Indizes. Außerdem gab es vierundsechzig winzige telomere Elemente ($n=32$), die über die Zellplatten verstreut waren und 24,11 % des gesamten Genoms ausmachten.

Die Schwarzkopffammer, *Emberiza melanocephala* Scopoli, ist 17 cm lang und hat einen langen Schwanz. Sie ist oft in Schwärmen anzutreffen, wenn sie auf Wiesen nach Samen sucht. Sie brütet in offenem Gebüsch und im Sommer auch auf Ackerland. Das Nest besteht aus einer Schale aus trockenem Gras, die mit Haaren ausgekleidet ist. Das Gelege besteht aus 4-6 Eiern. Die Makrochromosomen waren 08 an der Zahl und wurden in zwei Gruppen eingeteilt: Gruppe I hatte zwei Chromosomenpaare (Chromosom 1 und 2) mit Zentromeren in ihrem mittleren Bezirk. Chromosom 1 ist mit einer Länge von 4,04 μ das größte Element des Satzes, während Chromosom 2 3,36 μ lang war. Gruppe II bestand aus sechs Chromosomen [Chromosomen 3, 4 (Z-W), 5, 6, 7 und 8] mit subterminalem Zentromer. W war ebenfalls ein Makrochromosom mit terminalem Zentromer, das 7,81 % der TML ausmachte. Die übrigen dreiunddreißig Chromosomenpaare, die über das gesamte Genom verstreut sind, wurden als Mikrochromosomen zusammengefasst.

Die Haubenammer, *Melophus lathami* (Gray), ist monotypisch (die einzige Art) in ihrer Gattung *Melophus*. Sie bewohnt subtropisches oder tropisches trockenes Flachland in Bangladesch, Bhutan, China, Indien, Laos, Birma, Nepal, Pakistan, Thailand und Vietnam. Die Blutproben wurden zwei männlichen und drei weiblichen Individuen am Fundort selbst entnommen. Insgesamt wurden zwanzig gut verteilte Metaphasenplatten untersucht, und es wurde festgestellt, dass die durchschnittliche Diploidenzahl bei 80 lag. Es gab vier Paare von großen Makrochromosomen, einschließlich des Geschlechtselements Z-W. Alle autosomalen Paare hatten ein medianes Zentromer, während Z ein akrozentrisches und W ein telomeres Element war. Außerdem bildeten

zweiunddreißig Paare eine ununterbrochene Reihe von winzigen Strukturen mit ununterscheidbarer Morphologie und wurden daher als Mikrochromosomen eingestuft.

Der Goldstirn-Blattvogel, *Chloropsis aurifrons* Temminck, ist ein häufiger Brutvogel in Indien. Die Körperoberfläche ist grün mit orangefarbener Stirn und blauer Schnurrbartlinie. Er bewohnt Wälder und Gebüsche und ernährt sich von Insekten und Beeren. Er baut ein Nest in einem Baum und legt 2-3 Eier. Ein erwachsenes Weibchen wurde für zwei Zellplatten beobachtet. In der Zellgarnitur waren 78 Chromosomen deutlich sichtbar. Die Chromosomen wurden scharf in zwei herkömmliche Kategorien eingeteilt - Makro- und Mikrochromosomen. Es gab drei Paare großer metazentrischer, zwei Paare mittlerer akrozentrischer, drei Paare kleiner telozentrischer Chromosomen und einunddreißig Paare punktförmiger Mikrochromosomen. Z war das fünfte mit subterminalem Zentromer. W war ein kleines telomeres Makrochromosom.

Vier der zehn Arten, nämlich *Turnix susciator*, *Ceryle rudis*, *Merops orientalis* und *Sturnus contra*, hatten 82 Chromosomen ($n = 41$) und waren alle monomorph. Dagegen wies allein *T. phoenicoptera* aufgrund von zwei separaten perizentrischen Inversionen - eine in Chromosom 1 und eine in Chromosom 2 - neun verschiedene karyologische Mischungen auf (Tabelle 17).

Tabelle 17: Verschiedene Chromosomenmorphen, die bei *T. phoenicoptera* beobachtet wurden.

Cytomorphs	Anzahl der Personen		2n	Anzahl der Makrochromosomen			
	M	F		m	sm	st	T
$ ^m m ^m ^m$	4	3	74	6	4	0	2
$ ^m m ^m ^{st}$	2	1	74	5	4	1	2
$ ^m m ^{st} ^{st}$	1	2	74	4	4	2	2
$ ^m st ^{st} ^{st}$	0	1	74	3	4	3	2
$ ^m st ^m ^{st}$	4	0	74	4	4	2	2
$ ^m st ^m ^m$	0	1	74	5	4	1	2
$ ^{st} st ^m ^m$	0	1	74	4	4	2	2

st st m st	0	1	74	3	4	3	2
st st st st	1	0	74	2	4	4	2

Das Vorhandensein eines derart umfangreichen Polymorphismus bei *T. phoenicoptera* sollte als Auftreten eines multiplen chromosomalen Heteromorphismus bezeichnet werden.

In ähnlicher Weise wurde bei einem indischen Wildvogel, *Megalaima zeylanica* (Franklin), eine Polymorphie mit drei Strukturvarianten festgestellt. Die Karyotyp-Analyse von 42 Exemplaren des Vogels ergab eine 2n-Zahl von 96 = mit 16 Makrochromosomen einschließlich eines Z-Paares (Z-W im Falle des Weibchens).

Das Z-Chromosom ist nachweislich das größte und subtelozentrische Chromosom, während das W-Chromosom das drittgrößte ist und ein submetazentrisches Element darstellt.

Die C-Banding-Analyse hat das Vorkommen von zentromerischem, interstitiellem und terminalem Heterochromatin in allen Makrochromosomen einschließlich des Z gezeigt. Das W-Chromosom ist aufgrund seiner ausschließlich heterochromatischen Natur leicht zu unterscheiden.

In keiner der untersuchten Metaphasen konnte ein satellitenförmiges Mitglied beobachtet werden. Zwei Karyotypen, die sich von dem als Standard bezeichneten unterscheiden, wurden als homozygot und heterozygot für das größte Chromosomenpaar gefunden.

Auch die Analyse der männlichen Meiose ergab, dass ein Homolog des größten Makrochromosomenpaares und ein Mikrochromosom im Phenol-Menon der Translokation enthalten sind.

G-Banding bestätigte auch die Übertragung von Translokationsheterozygotie auf das größte Chromosomenpaar.



Abb. 35: Vergleichender partieller Karyotyp von 3 verschiedenen Chromosomenvarianten von *Megalaima zeylanica caniceps* (Männchen)

Bei keinem der karyotypisierten Individuen ist eine Korrelation zwischen den geografischen Parametern und dem Genotyp erkennbar.

Reflexionen

Die beeindruckendste Tatsache in der Vogelzytogenetik ist die Erhaltung der Chromosomenzahl. Ein Standard-Karyotyp für Vögel scheint $2n = 80$ mit 8 Makrochromosomen und 32 Mikrochromosomen zu umfassen. Dieser Karyotyp findet sich immer wieder in den Ordnungen Tinamiformes, Anseriformes, Galliformes, Strigiformes und Passeriformes. In Korrelationsstudien zwischen der Anzahl der Makro- und Mikrochromosomen wurde festgestellt, dass die beiden Chromosomentypen innerhalb einer Ordnung negativ korreliert sind. Wenn die Zahl der Makrochromosomen zunimmt, nimmt die Zahl der Mikrochromosomen ab. Dies deutet auf einen evolutionären Zusammenhang zwischen der Anzahl der Chromosomen in den beiden verschiedenen Größen hin. Bei Vögeln mit einer hohen Anzahl von Mikrochromosomen sind die kleinsten Makrochromosomen bevorzugt telozentrisch (79,6 %), bei Vögeln mit einer niedrigen Anzahl von Mikrochromosomen sind die kleinsten Makrochromosomen dagegen metazentrisch (50,0 %) oder submetazentrisch (15,5 %). Auch bei den ersten sechs Makrochromosomen besteht ein signifikanter Unterschied, da sie bei Vögeln mit extrem hoher Mikrochromosomenzahl immer wieder telozentrisch sind.

Es scheint Argumente zu geben, die dafür sprechen, dass es innerhalb einer bestimmten Ordnung einen Prozess der Fusion von Mikrochromosomen zu Makrochromosomen gibt, der insbesondere zu kleineren Makrochromosomen führt. Wie bereits angedeutet, könnte diese Tendenz zur Chromosomenfusion mit dem Speziationsprozess zusammenhängen, und folglich würden die sich schnell entwickelnden Ordnungen diese Tendenz stärker zeigen als andere. Slizynski (1964) stellte drei Hypothesen für die Existenz von Mikrochromosomen auf. Er schlug vor, dass in den meiotischen Mikrochromosomen die Chiasmen spärlich oder gar nicht vorhanden sind. Dadurch verringert sich wahrscheinlich die genetische Variation in einer Art. Die Tendenz zur Verringerung der Zahl der Mikrochromosomen bei bestimmten Arten könnte auf eine Zunahme der genetischen Variation durch die Fusion von Mikrochromosomen zurückzuführen sein.

Wir wissen jedoch nicht viel über die Art des genetischen Materials in den Mikrochromosomen, und eine vermehrte Kreuzung zwischen mikrochromosomalen Genen erhöht die genetische Variation in einer Weise, die einen Selektionsvorteil darstellt. Das Vorhandensein von zwei mehr oder weniger großen Chromosomengruppen bei fast allen Vogelarten legt den Gedanken nahe, dass es funktionelle Unterschiede zwischen den großen und kleinen Chromosomen geben könnte. Es gibt jedoch mehrere Argumente, die gegen diese Annahme sprechen. Die beiden Größengruppen der Chromosomen sind eher die Ausnahme als die Regel, wenn man die Karyotypen von Vogelarten vergleicht, die zu einer Vielzahl von Vogelordnungen gehören. Die Chromosomengröße bildet in vielen Vogelkaryotypen eine kontinuierliche Reihe in der Mitose (Krishna & Shoffner, 1966; Hammar, 1966; Renzoni & Vegni-Talluri, 1966; Ray Chaudhari, et al., 1966). Eine Reihe von Schulen vertrat die Auffassung, dass es keine strukturellen Unterschiede zwischen großen und kleinen Chromosomen (Ford & Woollam, 1964) und keine Unterschiede in der DNA-Synthese (Bianchi & Molina, 1967) gibt. Es gäbe also keinen Grund, eine funktionelle Vielfalt zwischen großen und kleinen Chromosomen zu erwarten. Beim Vergleich der Karyotypen der verschiedenen Arten wurden daher alle Chromosomen und alle Unterschiede berücksichtigt.

Referenzen

- ANSARI HA, KAUL D (1977): Eine vergleichende Studie über die Chromosomen der Sturnidae (Aves: Passeriformes). Proc. Nat. Acad. Sci. India, 47(B) II: 101-105.
- ANSARI HA, KAUL D (1978): Translokationsheterozygotie bei dem Vogel *Lonchura punctuata* (Linn) (Ploceidae: Aves). Nat. Acad. Sci. Letter, 1: 83-84.
- ANSARI HA, KAUL D (1979): Somatic chromosomes of the Black-headed Oriole, *Oriolus xanthornus* (Linn.). A probable case of translocation heterozygosity. Experientia 35, 740-741.
- ANSARI HA, KAUL D (1979): Inversion polymorphism in common Green Pigeon, *Treron phoenicoptera* (Latham) (Aves). Jap. J. Genet. 54, 179-202.
- ANSARI HA, KAUL D (1986): Cytotaxonomic study in the order Falconiformes (Aves). Zoologica Scripta, 15: 351-356.
- ANSARI HA, TAKAGI N, SASAKI M (1988): Cytogenet. Cell. Genet. 47, 185-188.
- BACHMANN K, HARRINGTON BA, KRAIG JP (1972): Genomgröße in Chromosoma, 37: 405-416.
- BASS RA (1979): Chromosomaler Polymorphismus bei Kardinälen (*Cardinalis cardinalis*). Can. J. Genet. Cytol, 21: 549-553.
- BELTERMAN RHR, DE BOER LEM (1984): Eine karyologische Studie von 55 Vogelarten, einschließlich der Karyotypen von 39 Arten, die neu in der Zytologie sind. Genetica, 65: 39-82.
- BENIRISCHKE K, HSU TC (1971, 1973, 1975): Chromosomenatlas: Fische, Amphibien, Reptilien und Vögel. Vols.1 - 3 Springer - Verlag, New York.
- BHUNYA SP, SULTANA T (1983): C-gebundene somatische Chromosomen von *Megalaima zeylanica caniceps* (Franklin) (Capitonidae, Piciformes: Aves). Ein Fall von perizentrischer Inversion. Cytologia, 48: 215-220.
- BHUNYA SP, MOHANTY MK (1985): Lokalisierung von konstitutivem Heterochromatin (C-Band) und Nukleolusorganisatoren (NORs) beim Vogel *Phalacro-corax niger* (Vieillot). Chrom. Inf. Serv., 39: 17-19.

- BHUNYA SP, MOHANTY MK (1987 a): Studien zu den Karyotypen und Bändern von 41 indischen Vogelarten (Aves). *Chrom. Inf. Serv.*, 42: 12-15.
- BHUNYA SP, MOHANTY MK (1987 b): Distribution of constitutive heterochromatin in the collared scops owl. *Hered.*, 78: 204-205.
- BIANCHI NO, MOLINA OJ (1961): Chronologie und Muster der Replikation in den Knochenmarkschromosomen des *Gallus domesticus*. *Chromosoma* 21: 381-391.
- BIAN X, LI Q, TAKAGI N (1988): Karyotypen von vier Lerchenarten (Alaudidae: Passeriformes). *Chrom. Inf. Serv.*, 44: 10-12.
- BIEDERMAN BM, FLORENCEA D, LIN CC (1979): Mus. Nat. Hist. 13: 70-84. Cytogenetische Analyse von Great Horned Owls, *Bubo*. *Cytogenet. Cell Genet.* 28: 79-86.
- BULATOVA NS, PANOV EN, RADZHABLI SI (1971): Beschreibung der Karyotypen einiger Vogelarten der U.S.S.R.-Fauna. *Proc. Acad. Sci., U.S.S.R.* 199: 1420-1423.
- BULATOVA NS, PANOV EN (1973): Vergleichende Analyse der Karyotypen von 18 Arten der Familie Turdidae (Aves). *Caryologia* 26: 229-244.
- BULATOVA NS (1981): Eine vergleichende karyologische Studie von Sperlingsvögeln. *Acta. Sci. Nat. Acad. Brno.*, 15: 1-44.
- CAPANNA E, CIVITELLI MV & CERALICO C (1982): Die Chromosomen von *Hadada ibis* und Kommentare zur Entwicklung des Karyotyps der Threskiornithidae (Aves: Liconiformes). *Cytogenet. Cell. Genet.* 34: 35-42.
- CAPANNA E, RANDUCCI, CIVITELLI MV (1987): On the chromosome polymorphy of the green-finch *Carduelis chloris* (Aves: Passeriformes). *Chrom. Inf. Serv.*, 43: 3-4.
- CARVALHO MUP, ERDTMANN B (1987): Occorencia de polimorfismo cromossomico em tieo-tico (*Zonotrichia capensis*) nos estados de espirito santose eio craned do sul resumos da 390 degree Reuniao. *Anual da SBPC Brasilha*.
- CHRISTIDIS L (1983): *Cytogenet Cell Genet.* 36, 641-648.
- CHRISTIDIS L (1986 a): Chromosomale Evolution innerhalb der Familie Estrilididae (Aves) I - The Poephilae. *Genetica*, 71: 81-97.

- CHRISTIDIS L (1986 b): Chromosomale Evolution innerhalb der Familie Estrilididae (Aves) II - Die Lonchurae. *Genetica*, 71: 99-113.
- CHRISTIDIS L (1986 c): Chromosomale Evolution bei Finken und ihren Verwandten (Familien: Ploceidae, Fringillidae und Emberizidae). *Can. J. Genet. Cytol*, 28: 762-769.
- CHRISTIDIS L (1987): *Genetica* 72, 93-100.
- CUTLER DW (1918): Über die Sterilität von Hybriden zwischen dem Fasan und dem Goldkampfflughuhn. *J. Genet.*, 7: 155-165.
- DE BOER LEM (1975): Karyologische Heterogenität bei den Falconiformes (Aves). *Experientia* 31: 1138 - 1139.
- DE BOER LEM (1976): Die somatischen Chromosomenkomplexe von sechzehn Arten der Falconiformes (Aves) und die karyologischen Beziehungen der Ordnung. *Genetica*, 46: 77-113.
- DE BOER LEM (1978): Chromosomen en de geslachtsbepaling bij vogels en zoogdieren. [Chromosomen und die Identifizierung des Geschlechts bei Vögeln und Säugetieren", Zusammenfassung auf Englisch.] *Zoologische Aufsätze* 2: 1-37. Königliche Zoologische und Botanische Gärten Rotterdam, Rotterdam.
- DE BOER LEM (1980): Do the chromosomes of kiwi provide evidence for a monophyletic origin of ratitae. *Nature* 287: 84-85.
- DE BOER LEM, BELTERMAN RHR (1980): Die Karyotypen von zwei Vögeln aus Neuguinea: *Dacelo gigas* (Coraciiformes: Alcedinidae) und *Goura victoria* (Columbi-Formes: Columbidae). *Chrom. Inf. Serv.* 29: 17-18.
- DE BOER LEM, DE GROEN TAG, FRANKENHUIS MT, ZONNEVELD A, SALLEVELT J, BELTERMAN RHR (1984): Triploidie bei *Gallus domesticus*-Embryonen, Schlüpfingen und erwachsenen intersexuellen Hühnern. *Genetica* 65: 83-87.
- DE BOER LEM, SINOO R P (1984): Eine karyologische Studie der Accipitridae (Aves: Falconiformes) mit karyotypischen Beschreibungen von 16 Arten, die neu in der Zytologie sind. *Genetica* 65: 89-107.

- DE BOER LEM, VAN BOCXSTAELE R (1981): Somatische Chromosomen des Kongo-Pfaues (*Afropavo congensis*) und ihre Bedeutung für die Verwandtschaft der Art. Kondor 83: 204-208.
- DE BOER LEM, VAN BRINK JM (1982): Cytotaxonomy of the Ciconiiformes (Aves), with karyotypes of eight species new to cytology. Cytogenet. Cell Genet. 34: 19-34.
- DE LUCCA EJ, CHAMMA L (1977): Estudo do complement cromossomico de 11 especies de Aves das ordens. Columhiformes, Passeriformes e Tinamiformes. Revta bras. Pesquisas Med. Biol. 10: 97-105.
- DE LUCCA EJ, DE MARCO DA (1983): Chromosomaler Polymorphismus bei *Forpus xanthopterygius* (Psittaciformes: Aves). Caryologia 36: 355-361.
- DE LUCCA EJ, ROCHA GT (1985): Chromosomaler Polymorphismus bei *Zonotrichia capensis* (Passeriformes: Aves). Rev. Bras. Genet, 8: 71-78.
- DE LUCCA EJ, WALDRIGUES A (1986): Ein Karyotyp von *Nictridornus albicollis* (Caprimulgiformes: Aves). Egypt J. Genet. Cytol, 15: 157-158.
- DE SOUZA EB, DE LUCCA EJ (1991): Populationsstudie des chromosomalen Polymorphismus bei *Zonotrichia capensis* (Emberizidae, Passeriformes: Aves). Rev. Brasil Genet, 14 (2): 359-372.
- FORD EHR, WOOLLAM DHM (1964): Hodenchromosomen von *Gallus domesticus* Chromosoma IS: 568 - 581.
- GARG HK (1992): Chromosomaler Polymorphismus in Populationen von *Megalaima zeylanica caniceps* (Franklin) aus M.P. Ph.D. Thesis Barkatullah University, Bhopal India.
- GARG HK, GARG J (1997): Einfache Technik zur Auflösung der linearen Diskriminierung in Vogelchromosomen. Proc. Nat. Sym. Biodiversity, 28.
- GARG HK, GARG J (2002 a): Zytochemische Differenzierung im Chromosomenkomplement von *Megalaima zeylanica caniceps*: Ein Beweis für reziproke Translokation. J. Ecotoxicol. Environ. Monit., 12 (1): 3-8.
- GARG HK, GARG J (2002 b): Inversionspolymorphismus bei der Himalaya-Grüntaube, *Treron phoenicoptera* (Latham). Proc. Nat. Sem. Environ. Toxicol., 2 (7).

- GARG HK, GARG J (2002 c): Genetische Diversität zwischen zwei Gattungsarten der Gattung *Megalaima*. Proc. Nat. Sym. Biodiversity & Sustainable Use of Bioresources, 39.
- GARG HK, GARG J (2003): Chromosomenaberration bei einem pikiformen Vogel, *Megalaima zeylanica caniceps* (Franklin). Ind. J. Appl. Pure Biol., 18 (2): 135-140.
- GARG HK, GARG J (2004): Karyologische Studie über den Nördlichen Grünschnabel, *Megalaima zeylanica caniceps* (Franklin). Proc. M.P. Sci. Cong., 13.
- GARG HK, GARG J (2005 a): Protokoll zum Nachweis von konstitutivem Heterochromatin in Vogelchromosomen. Proc. M.P. Sci. Cong., 245.
- GARG HK, GARG J (2005 b): Diakinetische Konfiguration des Genoms bei *Megalaima zeylanica caniceps* (Franklin): Ein wahrscheinlicher Fall von Translokationsheterozygotie. Proc. M.P. Sci. Cong., 247-248.
- GARG HK, SHRIVASTAVA A (2013 a): A Genotype study of *Sturnus contra*. Global Journal of Biology, Agriculture & Health Sciences 2(4) 124-126.
- GARG HK, SHRIVASTAVA A (2013 b) Genetic Blue-print of the Northern Green Barbet. Indian Journal of Applied Research 3(9) 41-42.
- GARG HK, SHRIVASTAVA A (2013 c) Meiotic evidence for reciprocal translocation in *Megalaima zeylanica caniceps*. International Journal of Innovative Research & Studies 2(10) 562-566.
- GARG HK, SHRIVASTAVA A (2013 d) Chromosome complement of Crested Bunting & Gold Fronted Chloropsis. International Journal of Fauna & Biological Studies, 1(1) 52-54.
- GARG HK, SHRIVASTAVA A (2013 e) Mitotic profile of genome in *Turnix susciator*. International Journal of Pharmaceutical Research & Bioscience, USA. 2(4) 411-414.
- GARG HK, SHRIVASTAVA A (2013 f) Genetische Überwachung von Königfischer und Bienenfresser. Global Journal of Research Analysis, International 2(9) 5-7.

- GARG HK, SHRIVASTAVA A (2013 g) Genetic reorganization in *Treron phoenicoptera*. International Journal of Entomology & Zoology Studies 1(4): 66-72.
- GARG HK, SHRIVASTAVA A (2013 h) Cytological study of *Emberiza melanocephala*. International Journal of Advanced Life Sciences. 6(4) 273-276.
- GARG HK, SHRIVASTAVA A (2013 i) Genetische Organisation von *Motacilla flava*. International Journal of Scientific & Technology Research, Frankreich 2(9) 27-29.
- GARG HK (2016): An Empirical Technique to resolve banding sequences in avian chromosomes. *e-Anveshan: Multidisciplinary Journal of Sarojini Naidu Govt. Girls PG Auto College Bhopal* 2(3) : 45-49.
- GUYER MF (1909): Die Spermatogenese des Haushuhns (*Gallus gallus domesticus*). Anat. Anz., 34: 573-580.
- HAMMAR B (1966): Die Karyotypen von neun Vögeln. Hereditas, 55: 367-358.
- HAMMAR B (1970): Die Karyotypen von einunddreißig Vögeln. Hereditas, 65: 29-58.
- HAMMAR B, HERLIN M (1975): Karyotypen von vier Arten der Ordnung Passeriformes. Hereditas, 80: 177-184.
- HINEGARDNER R (1976): Die Evolution der Genomgröße. In Molecular Evolution. (Ed. F. J. Ayala). Sinauer Ass. 179-199.
- HIRSCHI M, HAUSCHTECK-JUNGEN E, ZISWILER V (1972): Karyotypen von zwei Vogelarten, *Eudice cantans* (Estrildidae) und *Emberiza flaviventris* (Pyrrhuloxiidae. Emberizinae). Cytologia 37: 525-529.
- ITOH M, IKEUCHI T, SHIMBA H, MORI M, SASAKI M, MAKINO S (1969): A comparative karyotype study in fourteen species of birds. Japan J. Genet. 44: 163-170.
- JAITLEY P (1963): Proc. Nat. Acad. Sci. India Sect (B) 33, 314-318.
- JAITLEY P (1966): Proc. Nat. Acad. Sci. India Sect (B) 36, 145-148.
- JAITLEY P, GARG HK (1992): Chromosomal polymorphism in Green Barbet from M.P. Technical Report. M.P. Council Sci. Technol. Indien.

- JENNI L, MULLER H (1983): Chromosomen von zwei Spechtarten (Aves: Piciformes). *Experientia*, 39: 201-202.
- JOVANOVIC V, ATKINS L (1969): A tissue culture technique for the study of avian chromosomes. *Auk*. 86: 696-700.
- KAEHLBLING M, FECHHEIMER NS (1983): *Cytogenet. Cell Genet.* 35, 87-92.
- KAEHLBLING M, FECHHEIMER NS (1983): *Cytogenet. Cell Genet.* 36, 567-572.
- KAEHLBLING M, FECHHEIMER NS (1985): *Cytogenet. Cell Genet.* 39, 82-86.
- KAUL D, ANSARI HA (1978): *Chrom. Inf. Serv.* 25, 19-20.
- KAUL D, ANSARI HA (1979): *Genetica* 48, 193-196.
- KAUL D, ANSARI HA (1981): *Genetica* 54, 241-245.
- KAUL D, ANSARI HA (1983): Chromosomenstudien an zwölf Vogelarten. La Kromosoma.
- KRISHAN A, SHOFFNER RN (1966): Geschlechtschromosomen des Haushuhns (*Gallus domesticus*), des Truthahns (*Meleagris gallopavo*) und des chinesischen Fasans (*Phasianus colchicus*). *Cytogenetics* 5: 53-63.
- LEVAN A, FREDGA K, SANDBERG AA (1964): Nomenklatur für die zentromerische Position auf Chromosomen. *Hereditas*, 52: 201-220.
- LOYEZ M (1906): Recherches sur le développement ovarien des oeufs meroblastiques a vitellus nutritif abundant. *Arch. d'Anat. Micros.* 8: 239.
- MANOLACHE M (1974): *Avian Chrom. Newl.* 3, 10.
- MASCERALLO JT, HSU TC (1976): *Evolution* 30, 152-169.
- MASCERALLO JT, MAZRIMAS JA (1977): *Chromosoma* 64, 207-217.
- MATESCU V, STEFANESCU M, STAVAR P (1974): *Proc XV World's Poultry Sci. Cong. New Orleans*, 321-323.
- MISRA M, SRIVASTAVA MDL (1975): Chromosomen von zwei Arten von Coraciiformes. *Nucleus (Paris)* 18: 89-92.

- MISRA M, SRIVASTAVA MDL (1976): Somatische Chromosomen von *Bubulcus ibis* (L) (Kuhreiher): Ein Fall von reziproker Translokation. *Genetica*, 46: 155-160.
- PATNAIK SC, PRASAD R (1980): Vergleichende karyologische Studien an einigen 12 Arten indischer Sperlingsvögel. *Z. Zool. Sys. Evolut. Forsh.* 18: 297-309.
- PICCINI E, STELLA M (1970): Some avian karyograms. *Caryologia*, 23: 189-202.
- RAY-CHAUDHARI R (1976): Cytotaxonomie und Chromosomenentwicklung bei den Sperlingsartigen (Aves). Eine vergleichende Karyotyp-Studie von siebzehn Arten. *Z. Zool. Syst. Evolut. Forsh*, 14: 299-320.
- RAY-CHAUDHURI R, SHARMA T, RAY-CHAUDHURI SP (1969): A comparative study of the chromosomes of birds. *Chromosoma (Berl.)* 26: 148-168.
- RENZONI A, VEGNI-TALLURI M (1966): The karyotypes of some Falconiformes and Strigiformes. *Chromosoma* 20: 133-150.
- ROCHA GT (1987): Estudo do complemento cromossômico e da região organizadora de nucleolo em algumas espécies de aves. Masterarbeit UNESP Botucatu.
- ROTHFELS K, ASPDEN M, MOLLISON M (1963): Das W-Chromosom des Wellensittichs *Melopsittacus undulatus*. *Chromosoma* 14: 459-467.
- ROTHFELS KH, SIMINOVITCH C (1958): Ein Lufttrocknungsverfahren zur Abflachung von Chromosomen in Säugetierzellen, die in vitro gewachsen sind. *Stain Tech.*, 33: 73-77.
- ROY S (1990): D. Phil. Thesis, Universität von Allahabad, Indien 1-213.
- ROY S, ANSARI HA, KAUL D (1987): Karyologische Verwandtschaft von 5 Eulenarten (Aves: Strigiformes: Strigidae). *The Nucleus*, 30: 54-56.
- RYAN WC, BERNIER PE (1968): Zytologische Beweise für eine spontane Chromosomentranslokation beim Haushuhn. *Experientia*, 24: 623-624.
- SASAKI M, TAKAGI N (1981): Chromosomes in Gruiformes with notes on the chromosomal diagnosis of avian sex. *Proc. Int. Crane Symp. Sapporo*, 1980: 19-23.

- SASAKI M, NISHIDA C (1982): Vergleichende C-Band & G-Band Karyotyp-Analyse bei 12 Kranicharten. La Kromosomo (Abstract of paper presented in Annual Meeting of Society of Chromosomal Research) 766.
- SASAKI M (1981): Chrom. Inf. Serv. 31, 26-29.
- SHARMA GP, MITTAL OP, GUPTA N (1980): Somatische Chromosomen von *Acridotheres fuscus fuscus*. Wagler und *Acridotheres tristis tristis* Linnaeus. Cytologia, 45: 403-410.
- SCHILDE GF (1973): Chromosomaler Polymorphismus bei mehreren Junco-Arten (Aves). Can. J. Genet. Cytol., 15: 461-471.
- SHIELDS GF (1976): Meiotische Beweise für perizentrischen Inversionspolymorphismus bei Junco (Aves). Can. J. Genet. Cytol. 18: 741-751.
- SHIELDS GF, JARREL GH, REDRUPP E (1982): Vergrößerte Geschlechtschromosomen des Spechtes (Piciformes). The Auk., 99: 767-770.
- SHOFFNER R (1974): Chromosomen der Vögel. 223-261. In H Busch (eds.) The Cell Nucleus. Academic Press, New York
- SHOFFNER RN (1977): The Nucleus 20, 112-118.
- SIBLEY GG, AHLQUIST JE, BURT LM Jr (1988): Eine Klassifizierung der lebenden Vögel der Welt auf der Grundlage von DNA-DNA-Hybridisierungsstudien. Der Auk, 105, 409-423.
- SLIZYNSKI BM (1964): Zytologische Beobachtungen an einer Entenhybride: *Anas clypeata* x *Anas penelope*. Genet. Res. 5: 441-447.
- SONNENBRODT R (1908): Die Wachstumsperiode der Eizelle des Huhnes. Arch. Mikr. Anat., 72: 415-480.
- SRIVASTAVA MDL, MISRA M (1973): Somatic chromosomes of certain Indian birds, Avian Chrom. Newsl, 22-23.
- STEFOS K, ARRIHIGI FE (1971): Exp. Cell. Res. 68, 228-231.
- STOCK AD, ARRIHIGI FE, STEFOS K (1974): Chromosomenhomologie bei Vögeln: Bänderungsmuster der Chromosomen von Haushuhn, Ringeltaube und Haustaube. Cytogenet. Cell Genet. 13 : 410-418.

- STOCK AD, BUNCH TD (1982): The evolutionary implications of chromosome banding pattern homologies in the bird order Galliformes. *Cytogenet. Cell Genet*, 34:136-148.
- SULTANA T, BHUNYA SP (1980): Distribution of constitutive heterochromatin (C-bands) in the somatic chromosomes of an Indian bird, *Chrysomma sinensis* (Gmelin). *Experientia* 36, 1288-1289.
- SULTANA T, BHUNYA SP (1987): An unusual chromosomal constitution in male *Merops orientalis* Latham (Meropidae: Coraciformes: Aves). *The Nucleus*, 30: 40-44.
- TAKAGI N, SASAKI M (1972): Chromosomenstudien an vier Arten der Ratitae (Aves). *Chromosoma* 36: 281-291.
- TAKAGI N, SASAKI M (1974): A phylogenetic study of bird karyotypes. *Chromosoma (Berl.)* 46: 91-120.
- TAKAGI N, SASAKI M (1984): Eine phylogenetische Studie des Vogelkaryotyps. *Chromosoma*, 46: 91-120.
- TEGELSTROM H, RYTTMAN H (1981): Chromosomes in birds (Aves): evolutionary implications of macro and microchromosome numbers and lengths. *Hereditas* 94: 225-233.
- THORNEYCROFT HB (1966): Chromosomaler Polymorphismus beim Weißkehlspferling, *Zonotrichia albicollis* (Gmelin). *Wissenschaft*, 154: 1571-1572.
- THORNEYCROFT HB (1968): Eine zytogenetische Studie des Weißkehlspferlings, *Zonotrichia albicollis* (Gmelin). Ph.D. Thesis, University of Toronto.
- THORNEYCROFT HB (1975): Eine zytogenetische Studie des Weißkehlspferlings, *Zonotrichia albicollis* (Gmelin). *Evolution*, 29: 611-621.
- VAN DONGEN MWM DE BOER LEM (1984): Chromosomenstudien an 7 Papageienarten aus den Familien Cacatuidae und Psittacidae (Aves: Psittaciformes). *Genetica* 65: 109-117.
- WALDRIGUES A, FERRARI I (1982): Karyotypische Studie der Cuculiformes-Vögel. I-Karyotyp des Glattschnabelanis (*Crotophaga ani*). *Rev. Brasil Genet.*
- WANG N, SHOFFNER RN (1974): *Chromosoma* 47, 61-69.

- WOOSTER WE, FECHHEIMER NS, JAAP RG (1977): Can. J. Genet. Cytol. 19, 437-446.
- ZARTMAN DL (1971): Genetica 68, 77.

FOR AUTHOR USE ONLY

FOR AUTHOR USE ONLY

**More
Books!**



yes
I want morebooks!

Buy your books fast and straightforward online - at one of world's fastest growing online book stores! Environmentally sound due to Print-on-Demand technologies.

Buy your books online at
www.morebooks.shop

Kaufen Sie Ihre Bücher schnell und unkompliziert online – auf einer der am schnellsten wachsenden Buchhandelsplattformen weltweit! Dank Print-On-Demand umwelt- und ressourcenschonend produziert.

Bücher schneller online kaufen
www.morebooks.shop

KS OmniScriptum Publishing
Brivibas gatve 197
LV-1039 Riga, Latvia
Telefax: +371 686 20455

info@omniscryptum.com
www.omniscryptum.com

OMNIScriptum



FOR AUTHOR USE ONLY