

Zeitschrift: Contributions to Natural History : Scientific Papers from the Natural History Museum Bern

Herausgeber: Naturhistorisches Museum Bern

Band: - (2003)

Heft: 2

Artikel: Eignung mitochondrialer Gene zur Klärung der Verwandtschaftsverhältnisse von Kletternattern (Elaphe) (Serpentes)

Autor: Utiger, Urs

DOI: <https://doi.org/10.5169/seals-786954>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. [Siehe Rechtliche Hinweise.](#)

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. [Voir Informations légales.](#)

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. [See Legal notice.](#)

Download PDF: 26.04.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>

Eignung mitochondrialer Gene zur Klärung der Verwandtschaftsverhältnisse von Kletternattern (*Elaphe*) (Serpentes)

Urs Utiger, Zoologisches Museum der Universität Zürich, Winterthurerstrasse 190, 8057 Zürich. (utiger@zoolmus.unizh.ch)

Die Kletternattern bilden mit über vierzig Vertretern eine grosse Artengruppe, die über weite Teile der Paläarktis und der Orientalis bis hin zu den nördlichsten Inseln der Australis vorkommt. In der Neuen Welt beschränkt sich ihre Verbreitung auf Nord- und Mittelamerika. Die Gattung unterscheidet sich durch eine Kombination von morphologischen Merkmalen von anderen Colubrinen, wobei keines davon exklusiv ist. Im Rahmen einer umfassenden Verwandtschaftsanalyse sollen die Eigenschaften verschiedener mitochondrialer Gene untersucht und deren Tauglichkeit für die Erstellung einer molekularen Phylogenie diskutiert werden. Dafür wurden Teile des Cytochrom Oxidase I - Gens (COI-Sequenz), des Cytochrom Oxidase II - Gens (COII-Sequenz) und des 12S ribosomalen RNA-Gens (12S rRNA-Sequenz) sequenziert und zwischen den Taxa verglichen.

Die beiden codierenden Gene, COI und COII, zeigen an der ersten Position des Aminosäurecodons kaum und an der zweiten Position überhaupt keine Variabilität. An der dritten Position dagegen scheinen bereits starke Sättigungstendenzen aufzutreten, so dass die resultierenden Stammbäume interspezifisch tiefe Bootstrap-Werte erhalten und kaum aussagekräftig sind. Im Gegensatz dazu vermag die Phylogenie aus der 12S rRNA-Sequenz die Arten in gut abgesicherte Gruppen mit hohen Bootstrapwerten aufzulösen. Statistische Tests zeigen weiter, dass sich die Information aus der COII-Sequenz als einzige signifikant von der Gesamtinformation aus der zusammengesetzten Sequenz aller drei Gene unterscheiden. Die zu einem Datenset vereinigten Sequenzen von COI und 12S rDNA dienen der Berechnung einer Phylogenie, deren Bootstrapwerte bei den meisten Verzweigungen höher waren als bei den Phylogenien aus Genkombinationen mit COII.

Diese „optimierte“ Phylogenie aus COI und 12S rDNA fasst die endemisch auf Japan vorkommenden *E. climacophora* und *E. quadrivirgata* mit den ostasiatischen *E. bimaculata* und *E. dione* zu einer gut abgesicherten monophyletischen Artengruppe zusammen. Die beiden nearktischen Vertreter, *E. guttata* und *E. vulpina*, sind ebenfalls miteinander verwandt, wogegen die lecithotrophe und semiaquatische *E. rufodorsata* keinen nahen Verwandten hat. Die Indo-Malayische Art *E. flavolineata* hat sich als erste abgespalten und hat genetisch (und morphologisch) nur noch wenige Gemeinsamkeiten mit den untersuchten Kletternattern.