

Systematik der Metazoa

Eine phylogenetische Übersicht

Version 2.0



Alle Bilder von Ernst Haeckel aus: Kunstformen der Natur (1904).



Systematik der Metazoa Eine phylogenetische Übersicht

Version 2.0

Vorwort



Angeregt durch das Buch „Geschichten vom Ursprung des Lebens. Eine Zeitreise auf Darwins Spuren“ von Richard Dawkins (2009) nahm ich mir vor, meine Datei zur phylogenetischen Systematik der vielzelligen Tiere (Metazoa) zu überarbeiten.

Meine erste Datei habe ich 2005 fertig gestellt, was in meinem letzten Studienjahr war. Ich erstellte sie, um mir einen Überblick über die Verwandtschaftsverhältnisse zu verschaffen und sie diente mir als Lerngrundlage für die anstehende Diplomprüfung.

Nach Abschluss meines Studiums bot ich diese Datei auf meiner eigenen Internetseite frei zum herunterladen an.

Meine Hauptintention war es, Biologiestudenten und allen anderen Interessierten die Verwandtschaftsverhältnisse der Metazoa in einer einzigen, recht umfassenden Datei zur Verfügung zu stellen, so dass diese die Informationen nicht mühsam zusammengesucht werden müssen. Den Biologiestudenten, so hoffte ich, sollte diese Datei ebenfalls als Lerngrundlage für mögliche Prüfungen im Bereich der phylogenetischen Systematik dienen.

Schon damals war mir bewusst, dass diese Datei in einigen Belangen nicht mehr auf dem „neusten“ Stand war, war aber weiterhin der Überzeugung, dass sie als Lerngrundlage dienen könnte.

In den letzten Jahren hat sich, besonders aufgrund von molekularbiologischen Untersuchungen, bei zahlreichen Verwandtschaftshypothesen allerdings soviel geändert, dass eine Überarbeitung der Datei nötig war, um diesem Anspruch wieder gerecht zu werden.

Im folgenden werde ich etwas die Struktur der Datei erklären ¹.

Nach den einleitenden Sätzen der Vorbemerkungen werden die Verwandtschaftsverhältnisse der Metazoa in Form von sich verzweigenden Stammbäumen dargestellt. Dabei sind in der Regel pro Seite immer zwei Gruppen (Taxa) dargestellt, die zueinander Schwestergruppen sind und die auf nur eine ihnen gemeinsame Stammart zurückzuführen sind (monophyletische Taxa).

Wenn ein Taxon weiter aufgesplittet wird, erfolgt die Darstellung auf den folgenden Seiten hierarchisch vom umfangreichen bis zu weniger umfangreichen Taxa (Abbildung 1).

¹ Ich möchte darauf hinweisen, dass es für das Verständnis der Arbeit von Vorteil ist, grundlegende Kenntnisse zur phylogenetischen Systematik zu haben. Ich kann leider an dieser Stelle nicht näher auf die Grundprinzipien der phylogenetischen Systematik eingehen, da dies den Rahmen sprengen würde. Ich möchte diesbezüglich vor allem auf das Buch von Sudhaus & Rehfeld (1992) verweisen. Des Weiteren empfehle ich das Buch von Wiesemüller, Rothe & Hanke (2002) sowie allgemein die Bücher von Peter Ax und selbstverständlich auch die Werke von Willi Hennig †, der die Methodik der Phylogenetischen Systematik „entwickelte“. In diesen Werken kann man sich grundlegend über die Methodik der Phylogenetischen Systematik informieren.

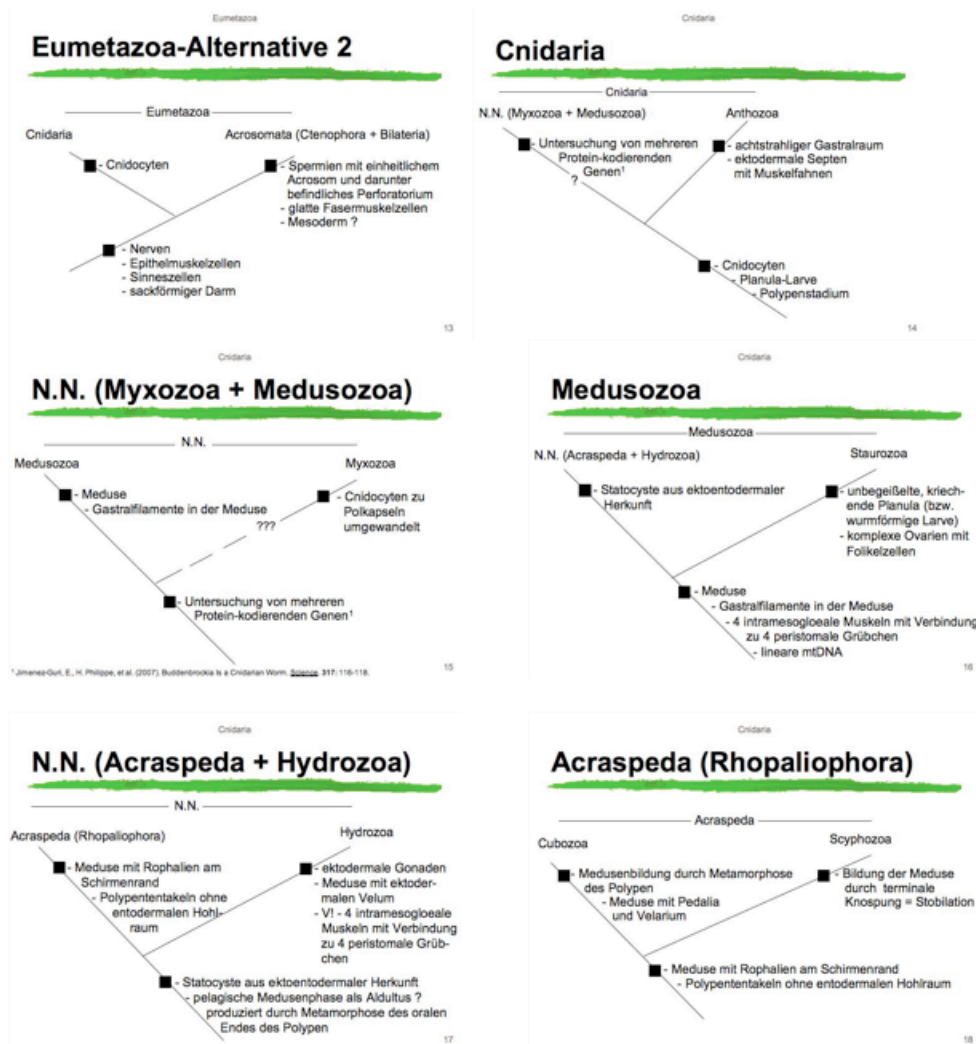


Abbildung 1: Hierarchische Darstellung des Taxons Cnidaria von umfangreicheren (oben links) bis weniger umfangreicheren Teilgruppen (unten rechts).

Jedes Taxon ist mindestens durch eine evolutive Neuheit (Apomorphie), also eine neu erworbene Eigenschaft gekennzeichnet².

Beim Erstellen dieser Arbeit sind die meisten Apomorphien direkt der Literatur entnommen. Nur in wenigen Fällen wurden durch Literaturvergleiche weitere mögliche Apomorphien ermittelt. Apomorphien werden nach Konversion in Stammbäumen durch ausgefüllte und Plesiomorphien (evolutiv alte Eigenschaften) in Form von unausgefüllten Rechtecken dargestellt (Abbildung 2).

² Einzelne Arten sind durch ihre genetische Isolation (ausschließlich Paarung mit Individuen der gleichen Population = biologisches Artkonzept), ihren spezifischen Umweltansprüchen und der damit verbundene Einnischung sowie Realisierung einer speziellen Ökologischen Nische (Ökospezieskonzept) von allen anderen Arten oder mehrere Arten umfassende Taxa abgrenzbar. Deshalb ist ein Aufführen weiterer Merkmale in Form von Apomorphien für einzelne Arten nicht zwingend nötig.

Ob eine Eigenschaft eine Apomorphie darstellt wird in der Regel über den sog. Außengruppenvergleich ermittelt. Dabei wird die Organismengruppe, für die man annimmt, dass sie nur auf eine ihnen gemeinsame Stammart zurückzuführen ist (Innengruppe), mit anderen Organismen verglichen, die nicht dazu gerechnet werden (Außengruppe). Nach dem Sparsamkeitsprinzip wird schließlich davon ausgegangen, dass es sich bei einer Eigenschaft, die auch in der Außengruppe vertreten ist, um eine evolutiv alte Eigenschaft handelt (Plesiomorphie) und wenn eine Eigenschaft nur in der Innengruppe vorkommt es sich dabei um eine evolutiv neue Eigenschaft handelt, die man als apomorphes Merkmal zur Begründung des Taxons nennen kann.

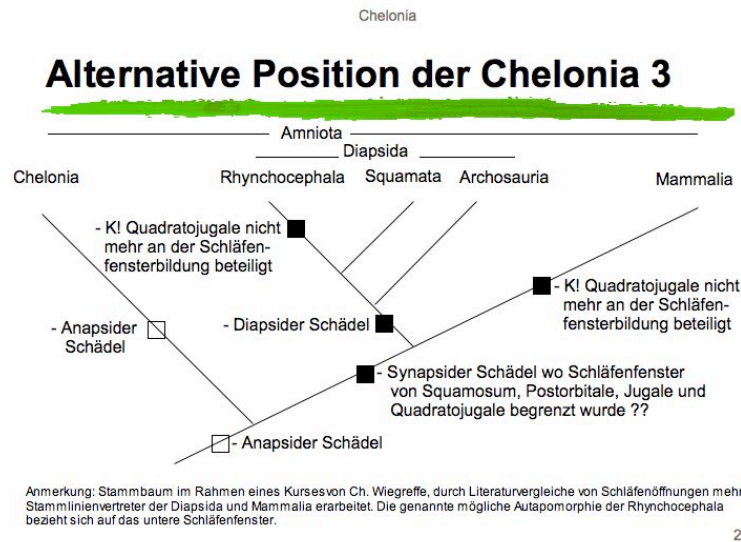


Abbildung 2: Darstellung von Apomorphien (ausgefüllte Rechtecke) und Plesiomorphien (unausgefüllte Rechtecke).

In der phylogenetischen Systematik (Cladistik) werden nur monophyletische Taxa zugelassen und die Dichotomie als methodische Grundvoraussetzung angenommen. Die Darstellung von Verwandtschaftsverhältnissen in der phylogenetischen Systematik sollte somit in einem konsequenten dichotomen Verzweigungsmuster geschehen.

Da die systematische Stellung vieler Tiergruppen ungewiss ist und kontrovers diskutiert wird, findet man aber in vielen Veröffentlichungen (z.B. Giribet et. al. 2009, Knoop & Müller 2009, Giribet 2008, Giribet et. al. 2007, Philippe & Telford 2006, Telford 2006, Todaro et. al. 2006, Wink 2006) zusammenfassende Stammbaumdarstellungen der Metazoa (oder größerer Teilgruppen der Metazoa) in Form von vielen Polytomien. Diese Art der Darstellung soll auf aktuelle Schwachstellen im System hinweisen und die Notwendigkeit weiterer Forschungen aufzeigen.

Ich entschloss mich hingegen, bei vielen strittigen Verwandtschaftsverhältnissen, für eine der gängigen Hypothesen. Somit konnte ich ein dichotomes Verzweigungsmuster nahezu konsequent beibehalten.

Für einige Verwandtschaftsverhältnisse werden zusätzlich Alternativhypothesen dargestellt oder bei den Anmerkungen auf diese hingewiesen.

Bei sehr unsicheren Positionen im System habe ich die entsprechende Verzweigung mit Fragezeichen versehen. Je mehr Fragezeichen aufgeführt sind, um so unsicherer ist die Stellung der jeweiligen Tiergruppe oder Tierart. In einigen Fällen habe ich die zum Taxon führende Linie zusätzlich gestrichelt und nicht wie sonst durchgehend dargestellt, um die unsichere Position noch zu betonen (Abbildung 3, siehe auch Abbildung 1).

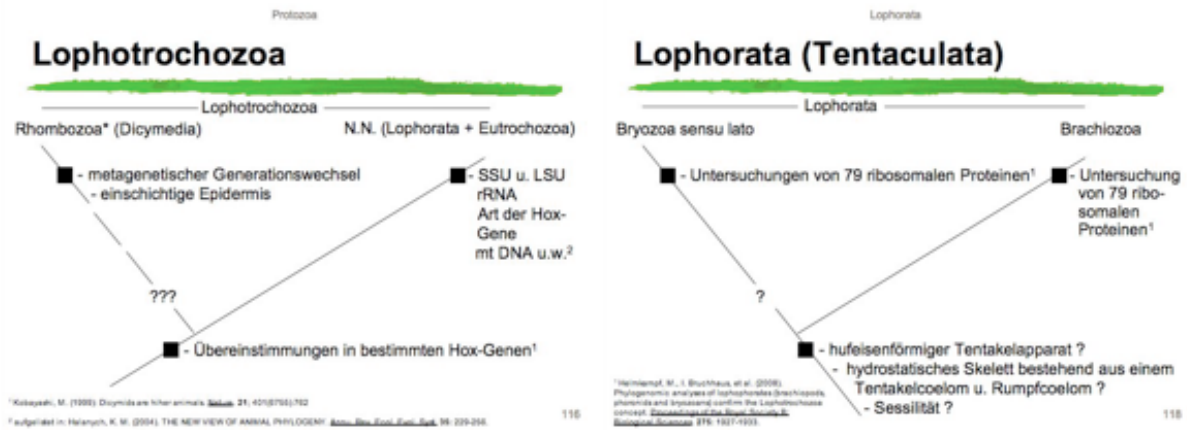


Abbildung 3: Darstellung von Taxa mit unsicheren Stellungen im System, dargestellt durch gestrichelte Linie und Fragezeichen bzw. nur Fragezeichen (links: sehr unsichere Stellung, rechts: etwas unsichere Stellung des Taxons).

Für die jeweiligen Hypothesen gebe ich entweder

1. „nicht molekularbiologische Merkmale“ (hauptsächlich sind das morphologische Merkmale aber es können auch z.B. Verhaltensweisen sein) oder
2. „nicht molekularbiologische + molekularbiologische Merkmale“ oder
3. nur „molekularbiologische Merkmale“ als Apomorphien an.

Die aufgeführten „molekularbiologischen Merkmale“ sind genauer gesagt Hinweise auf die jeweiligen herangezogenen molekularbiologische Untersuchungen, die die dargestellten Verwandtschaftsverhältnisse stützen. Diese Hinweise sind mit Fußnoten versehen, die auf der jeweiligen Seite aufgeführt sind. Die Fußnote besteht aus der vollständigen Quellenangabe der entsprechenden Arbeit bzw. Arbeiten³ (siehe z.B. Abbildung 3). In wenigen Fällen gibt es auch Fußnoten mit Hinweisen auf Arbeiten denen morphologische Merkmale entnommen wurden.

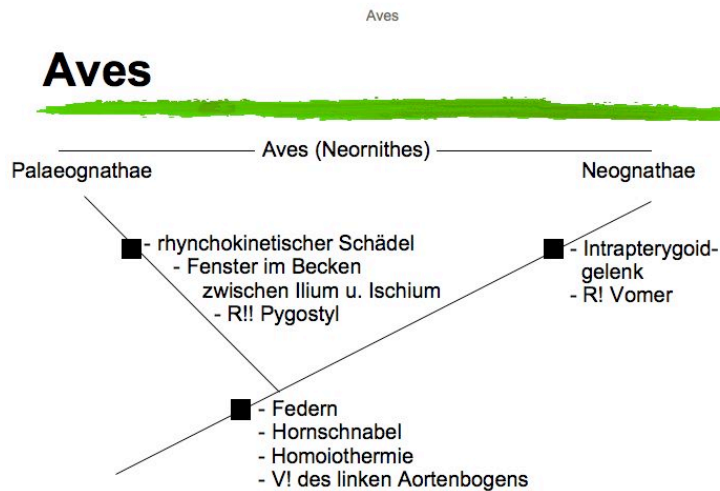
Fragliche bzw. unsichere Apomorphien sind mit Fragezeichen versehen.

Auf den einzelnen Seiten verwende ich des Öfteren die Abkürzungen R! und V! vor oder seltener hinter Merkmalen.

Das R! Steht für die Reduktion eines Merkmales und V! für den Verlust eines Merkmales. In anderen Arbeiten (z.B. Hennig 1984 und 1986, Ax 1995, 1999 und 2001) wird nicht zwischen Verlust und Reduktion unterschieden sondern nur von Reduktionsmerkmalen gesprochen.

In dem Fall wenn ich nicht ermitteln konnte, ob ein Merkmal tatsächlich verloren gegangen ist oder „nur“ stark reduziert wurde habe ich es als Reduktionsmerkmal aufgeführt, wobei eine höhere Anzahl von Ausrufungszeichen für die Stärke der Reduktion steht (Abbildung 4).

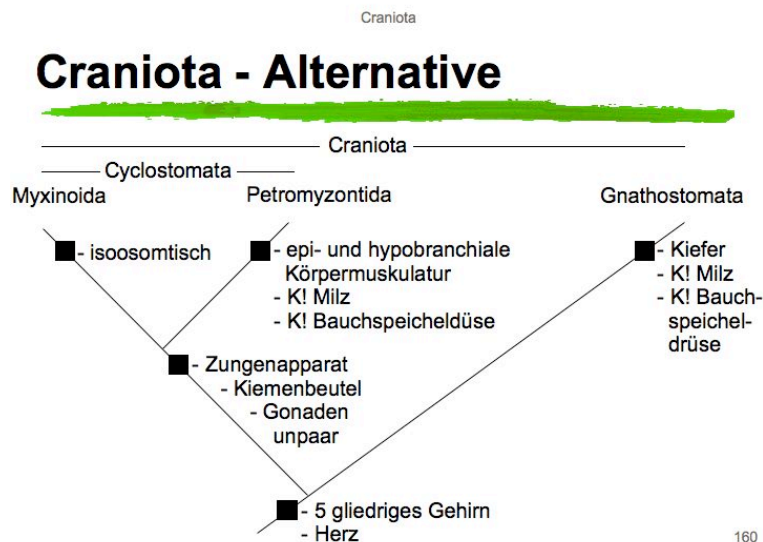
³ Selbstverständlich können nicht die Untersuchungen als solches eine Apomorphie für die jeweiligen Taxa sein sondern nur die jeweiligen Ergebnisse, also z.B. das Feststellen von Unterschieden in der Nukleotidsequenz bestimmter Gene an ganz bestimmten Stellen der Nukleotidfolge oder ähnliches. Der Einfachheit wegen wurde aber nur auf die jeweilige Arbeit bzw. Arbeiten hingewiesen. Jeder weiter Interessierte kann sich die zitierte Arbeit anschauen, um genauer die Ergebnisse zu begutachten.



235

Abbildung 4: Darstellung von Reduktionsmerkmalen (R!, R!!) unterschiedlicher Stärke und von einem Verlustmerkmal (V!).

In wenigen Fällen wird noch die Abkürzung K! verwendet, was für „Konvergenz“ steht und auf Merkmale hinweist, die bei der entsprechenden Verwandtschaftshypothese bei Taxa unabhängig voneinander entstanden sein müssen (Abbildung 5, siehe auch Abbildung 2).



160

Abbildung 5: Darstellung von Konvergenzen (K!).

Viele Taxa haben noch keinen wissenschaftlichen Namen. Solche Taxa sind mit N.N. benannt (Abbildung 6, siehe auch Abbildung 1). Diese Abkürzung steht für „Nomen nominandum“ was lateinisch ist und für „zu nennender Namen“ steht. Hier muss bzw. sollte für das jeweilige Taxon noch ein Name vergeben werden. Für einige in der Datei mit N.N. bezeichneten Taxa existieren bereits wissenschaftliche Namen, auf die ich leider erst spät gestossen bin und daher nicht mehr eingearbeitet habe. Hier sei auf die Internetseite von Stefan Hintsche verwiesen (<http://www.sthco.de/Phylogenetik/index.htm>), wo der Versuch unternommen wird alle Lebewesen in ihren natürlichen Verwandtschaftsverhältnissen darzustellen und für einige, in meiner Datei mit N.N. bezeichneten Taxa, wissenschaftliche Namen aufgeführt sind (z.B. Cetruminantia für das Taxon Ruminantia plus Whippomorpha). In wenigen Fällen habe ich selber ein Taxonname vergeben, worauf in den Anmerkungen hingewiesen wird.

N.N. (Xenacoelomorpha + Ambulacraria)

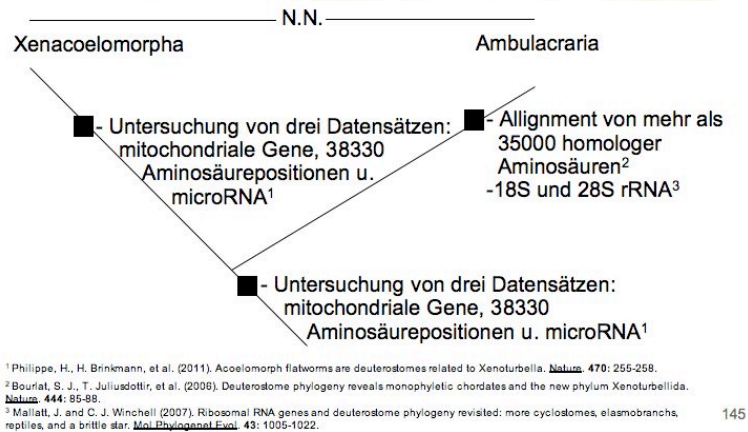


Abbildung 6: Darstellung eines noch nicht wissenschaftlich benannten Taxons. Dieses mit N.N. bezeichnete Taxon besteht aus Xenacoelomorpha und Ambulacraria.

Für manche Taxonnamen wird in Klammern dahinter ein zweiter Taxonname angegeben, der in der Literatur ebenfalls häufig gebraucht wird (siehe Abbildung 3 für das Taxon: Rhombozoa und Lophorata oder Abbildung 4 für das Taxon: Aves). Dies kann auch der Fall sein, wenn eine einzelne, rezente Art die Schwestergruppe bzw. Schwesterart eines, viele Arten umfassendes Taxon ist⁴ (Abbildung 7).

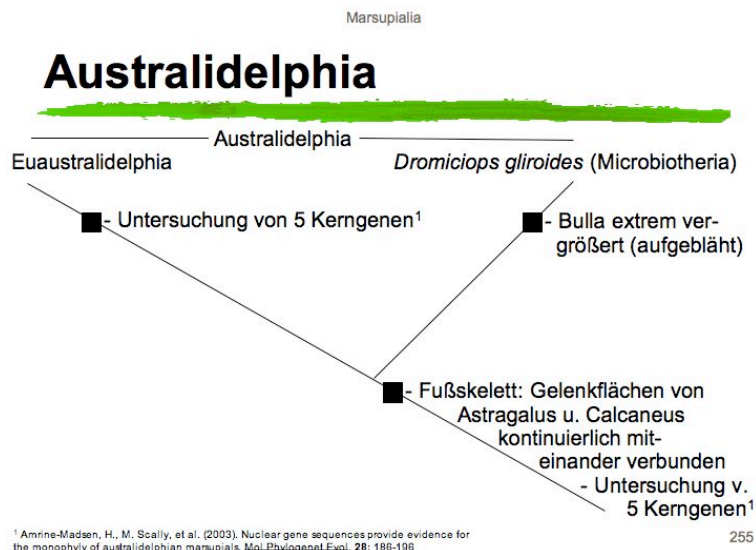


Abbildung 7: Darstellung eines Falls, indem eine einzige Art die Schwesterart für ein viele Arten umfassendes Taxon ist. Für die einzelne Art ist in Klammern ein weiterer wissenschaftlicher Name in Klammern aufgeführt, der ebenfalls verwendet wird.

⁴ Der Grund warum für einzelne, rezente Arten ein Taxonname mit höherrangigen, kategorialen Rang existiert besteht meist darin, dass Fossilien gefunden wurden, die in nahe Verwandtschaft mit der noch lebenden Art gebracht werden. Für Verwandtschaftsdarstellung rezenter Arten ist dieser, die Fossilien umfassender, Taxonname nicht nötig.

Auf manchen Seiten sind Taxonnamen oder Merkmale mit einem Sternchen * versehen (Abbildung 8, siehe auch Abbildung 3). In wenigen Fällen wird auf der Seite selbst erklärt was das Sternchen zu bedeuten hat (Abbildung 8). In den meisten Fällen sind die Erläuterungen zu den Sternchen allerdings im Anhang bei „Anmerkungen“ zu finden.

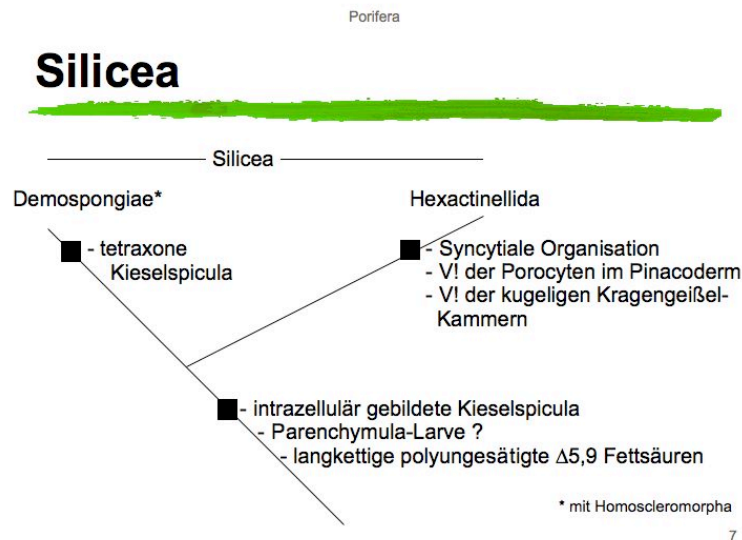


Abbildung 8: Darstellung eines Taxons, welches mit einem Sternchen * versehen ist und wo direkt auf der Seite dessen Bedeutung erklärt wird.

Nach den Seiten mit Darstellungen der einzelnen Stammbaumverzweigungen ist ein geschriebenes System der Metazoa dargestellt. Bei diesem geschriebenen System wurde, der Übersicht wegen, auf alle Alternativhypothesen und auf die in der Arbeit wenig vorkommenden, nicht aufgelösten Polytomien, verzichtet. Dieses geschriebene System stellt also eine gängige Hypothese zu den Verwandtschaftsverhältnissen innerhalb der Metazoa dar, die in der vorliegenden Datei primär gefolgt wurde. Dieses System kann als Lerngrundlage dienen und könnte sofort in einen dichotomen Gesamtstammbaum umgewandelt werden.

Im Anschluss des geschriebenen Systems folgen die Anmerkungen zu den auf einigen Seiten vorhandenen Sternchen *. Bei diesen Anmerkungen handelt es sich um zusätzliche Informationen oder Erklärungen, die ich an der jeweiligen Stelle für erwähnenswert hielt.

Nach den Anmerkungen folgt das Literaturverzeichnis. Hierbei habe ich eine Unterteilung in vier Kategorien vorgenommen.

Am Anfang sind verwendete Bücher aufgeführt, darauf folgt eine Auflistung verwendeter Mitschriften aus Kursen, Seminaren oder Vorlesungen aus meiner Studienzeit. Als drittes folgen Artikel, die auf den Seiten aufgeführt sind und als viertes Artikel, die mir der Bearbeitung dienten aber nicht direkt auf den einzelnen Seiten aufgeführt sind. Die letztgenannten Artikel sind zum Teil nicht minder wichtig als die Artikel, die direkt auf den Seiten aufgelistet sind.

Alle Artikel sind alphabetisch nach den Autorennamen sortiert und im Falle gleicher Autorennamen, steht die aktuellere, „jüngere“ Arbeit zuerst.

Auf eine Auflistung von Internetseiten wurde im Literaturverzeichnis in der Metazoa-Datei verzichtet, weil für die Erstellung und Überprüfung der vorliegenden Datei keine weiteren Quellen als die aufgeführten nötig sind.

Diese aufgeführte Struktur ist vom Prinzip auch bei anderen Dateien, die Verwandtschaftsverhältnisse bestimmter Teilgruppen der Metazoa behandeln (z.B. „Systematik der Chiroptera“) verwendet worden. Dieser Aufbau wird von mir bei möglichen zukünftigen Dateien auch beibehalten.

Generell bleibt noch zu sagen, dass die „Metazoa-Datei“ als nicht beendet angesehen werden kann. Sie liegt jetzt ausschließlich in einer Form vor, die ich für präsentierbar halte, auch wenn das Layout noch an mehreren Stellen eine Feintuning nötig hätte. Auch inhaltlich könnten oder sollten viele Tiergruppen in einem noch umfangreicheren Maße behandelt werden.

Auch trifft es sicherlich zu, dass es zu einigen Gruppen noch neuere Verwandtschaftshypothesen gibt, die keine Berücksichtigung fanden. Insgesamt wurde versucht einen recht aktuellen Stand der Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der Metazoa zu präsentieren. Ich denke und hoffe, dass dies im Großen und Ganzen auch gelungen ist, so dass diese Datei wieder als Lerngrundlage für Biologiestudenten dienen kann und generell eine umfassende Übersicht über die Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der Metazoa bietet.

Des Weiteren sei an dieser Stelle darauf hingewiesen, dass viele der aufgeführten Apomorphien nur mittels Fachbüchern mit Abbildungen zu den jeweiligen Merkmalen wirklich verstanden werden können. Für z.B. Lernvorbereitungen oder bei allgemeinem Verständnisinteresse sollten die entsprechenden Fachbücher herangezogen werden, wie z.B. die Bücher, die in der Literaturliste aufgeführt sind (speziell Ax 1995, 1999 u. 2001; Mickoleit 2004; Westheide & Rieger (Hrsg.) 2003 bzw. die mir nicht vorliegende neuere Ausgabe von 2006).

Ich wünsche Ihnen / euch viel Spaß mit der Datei.

Ihr/Euer

Benjamin Nitsche

PS: Über Anmerkungen und/ oder konstruktiver Kritik würde ich mich freuen.

Zitationsvorschlag für die vorliegende Arbeit:

Nitsche, Benjamin (2012). Systematik der Metazoa. Eine phylogenetische Übersicht. Version 2.0. Online im Internet: http://nitsche-benjamin.de/Zum_Herunterladen.html; http://nitsche-benjamin.de/resources/Systematik_der_Metazoa.pdf [pdf-Datei, Online veröffentlicht am 01.05.2012]

Systematik der Metazoa

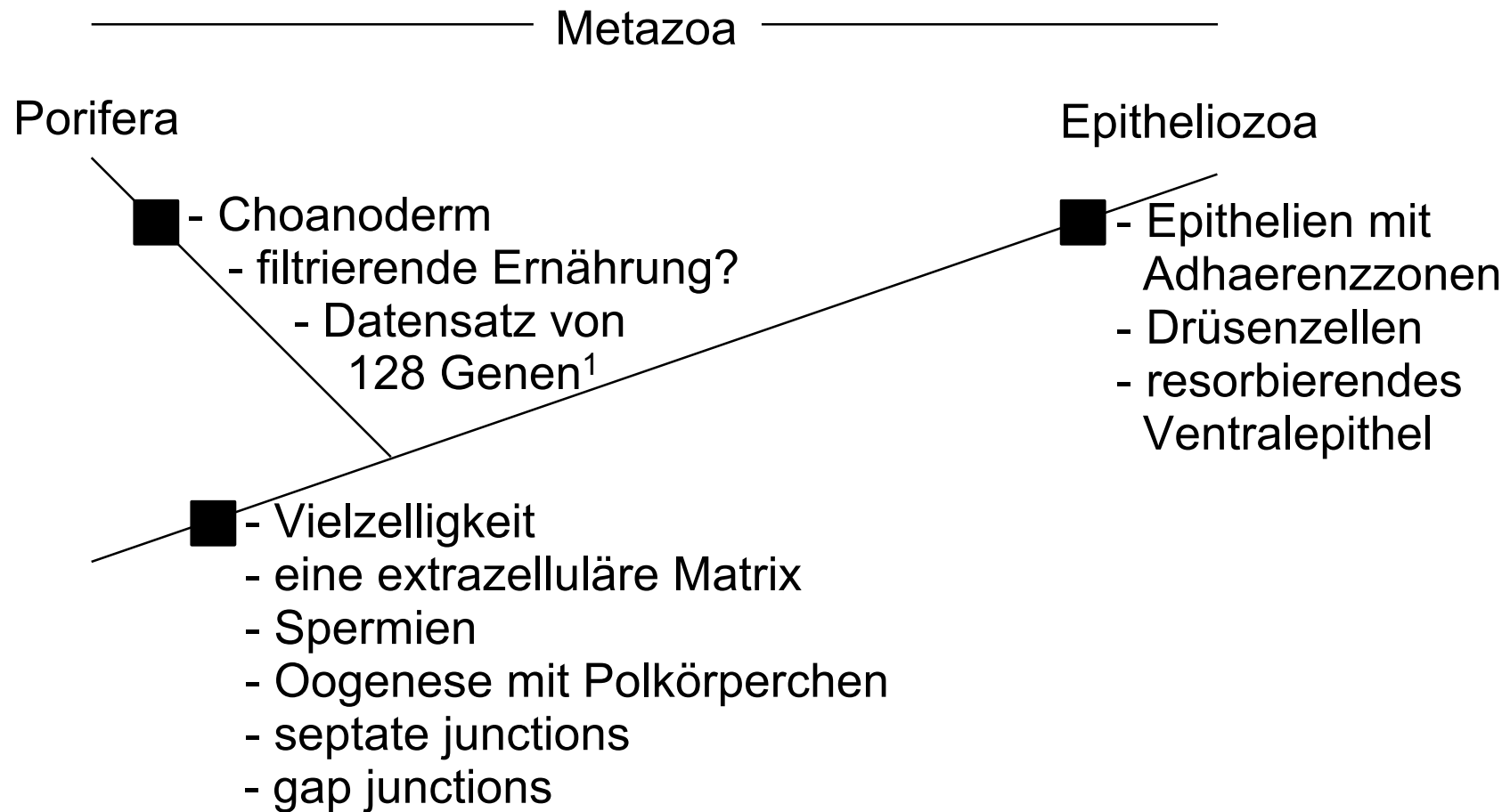
Eine phylogenetische Übersicht

Version 2.0



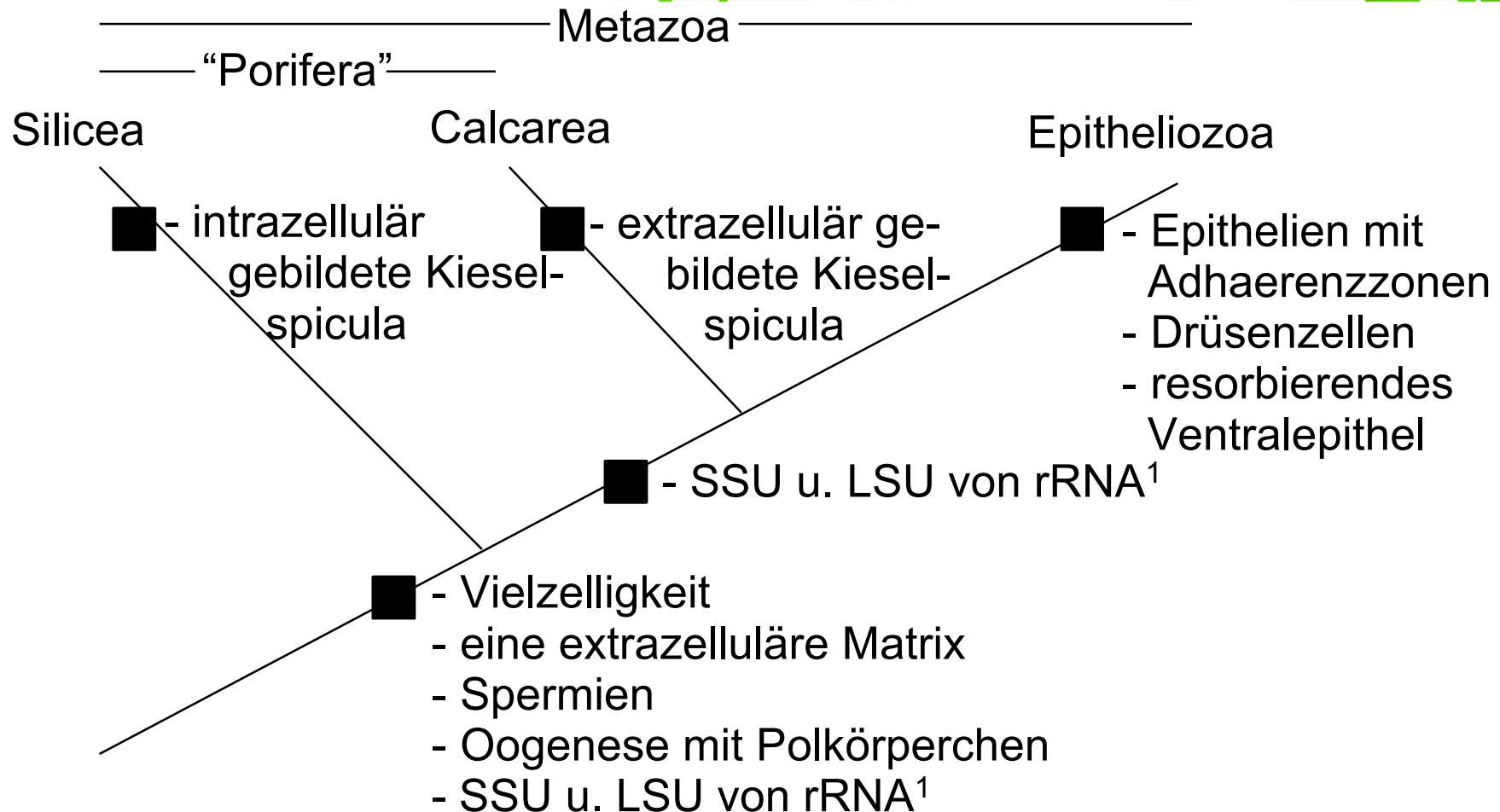
© 2012 Benjamin Nitsche

Metazoa



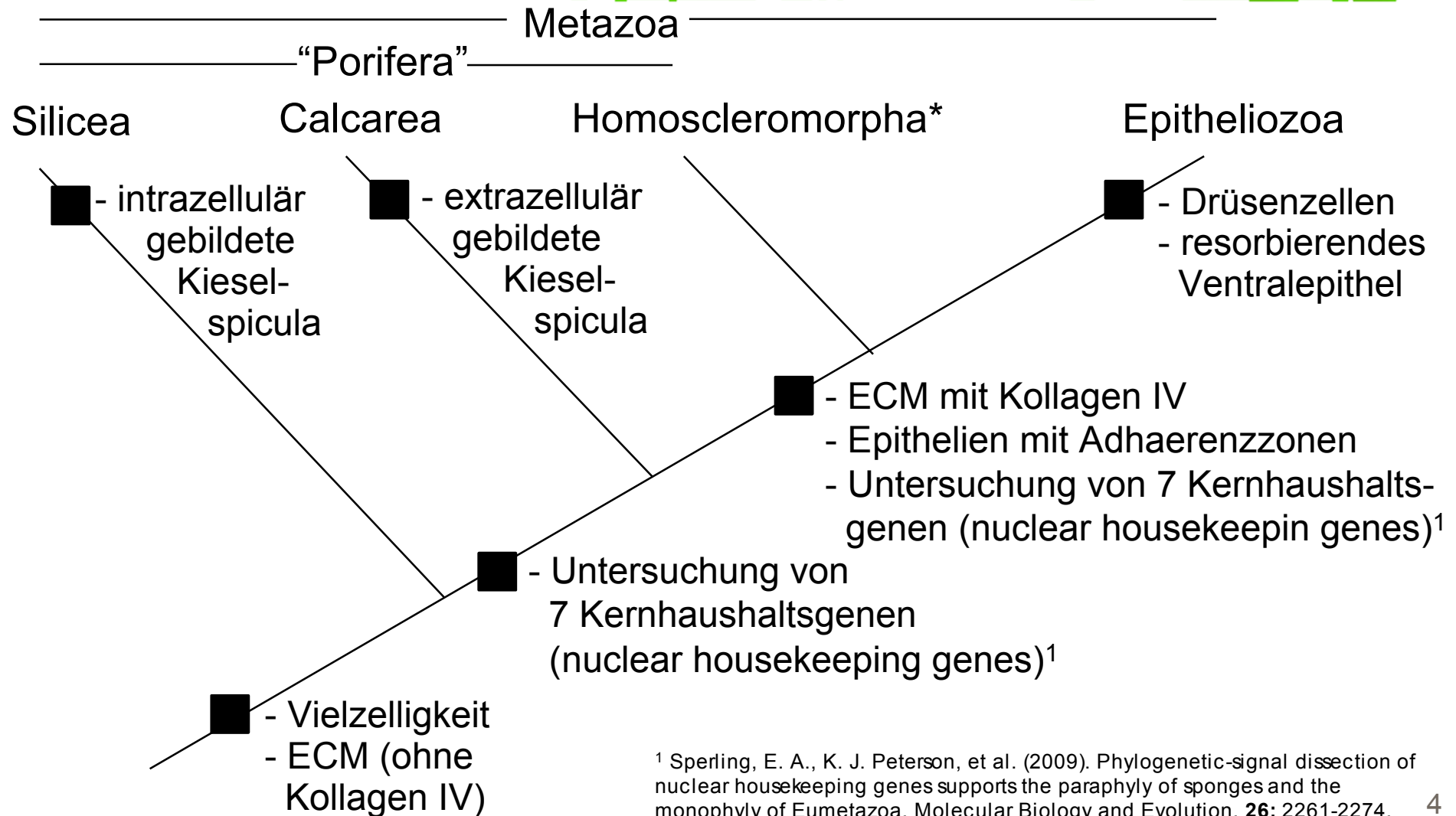
¹ Philippe, H., R. Derelle, et al. (2009). Phylogenomics Revives Traditional Views on Deep Animal Relationships Current Biology. 19: 706-712.

Metazoa-Alternative

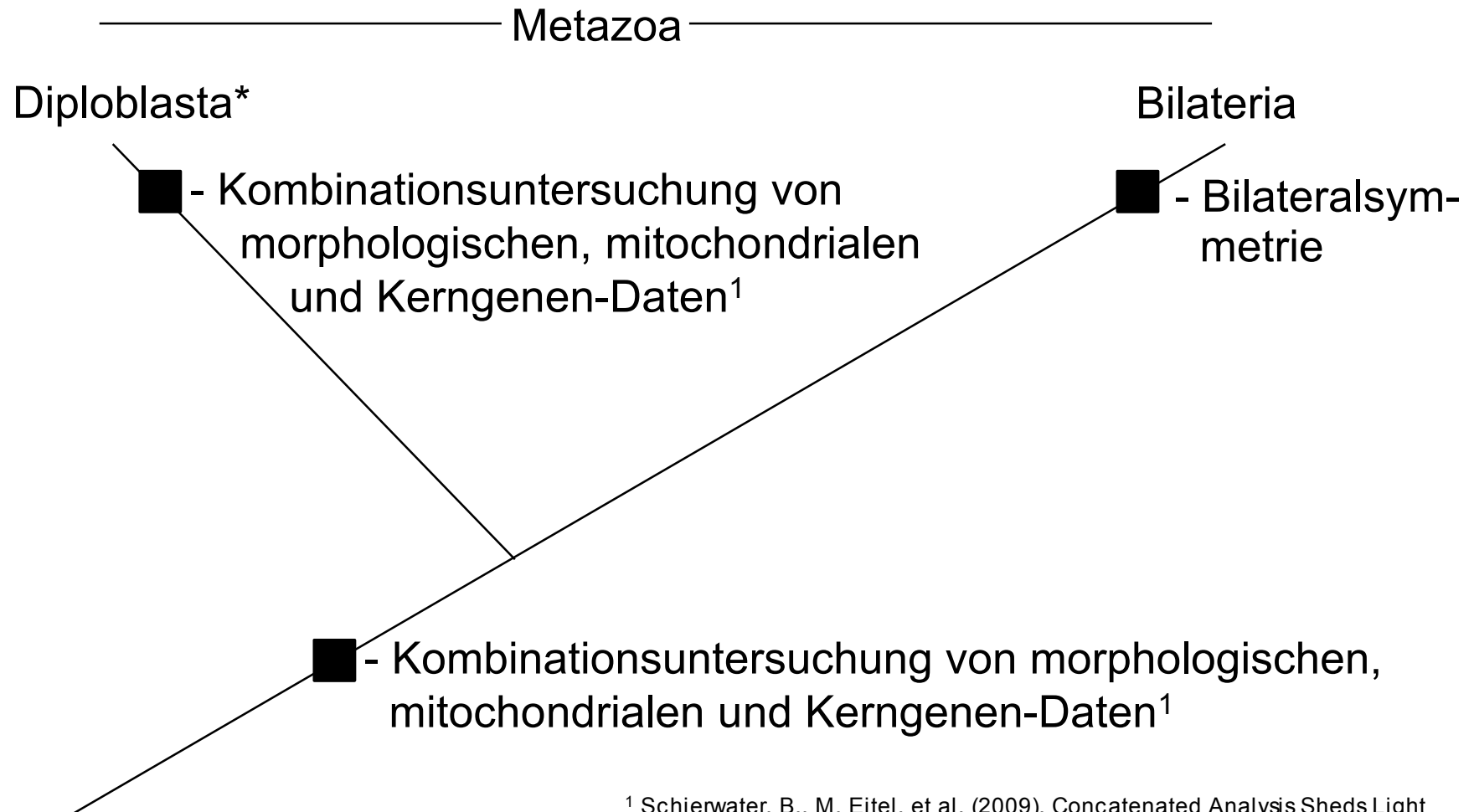


¹ Medina, M., A. G. Collins, et al. (2001). Evaluating hypotheses of basal animal phylogeny using complete sequences of large and small subunit rRNA. *Proc Natl Acad Sci USA*. **98**: 9707-9712.

Metazoa-Alternative 2

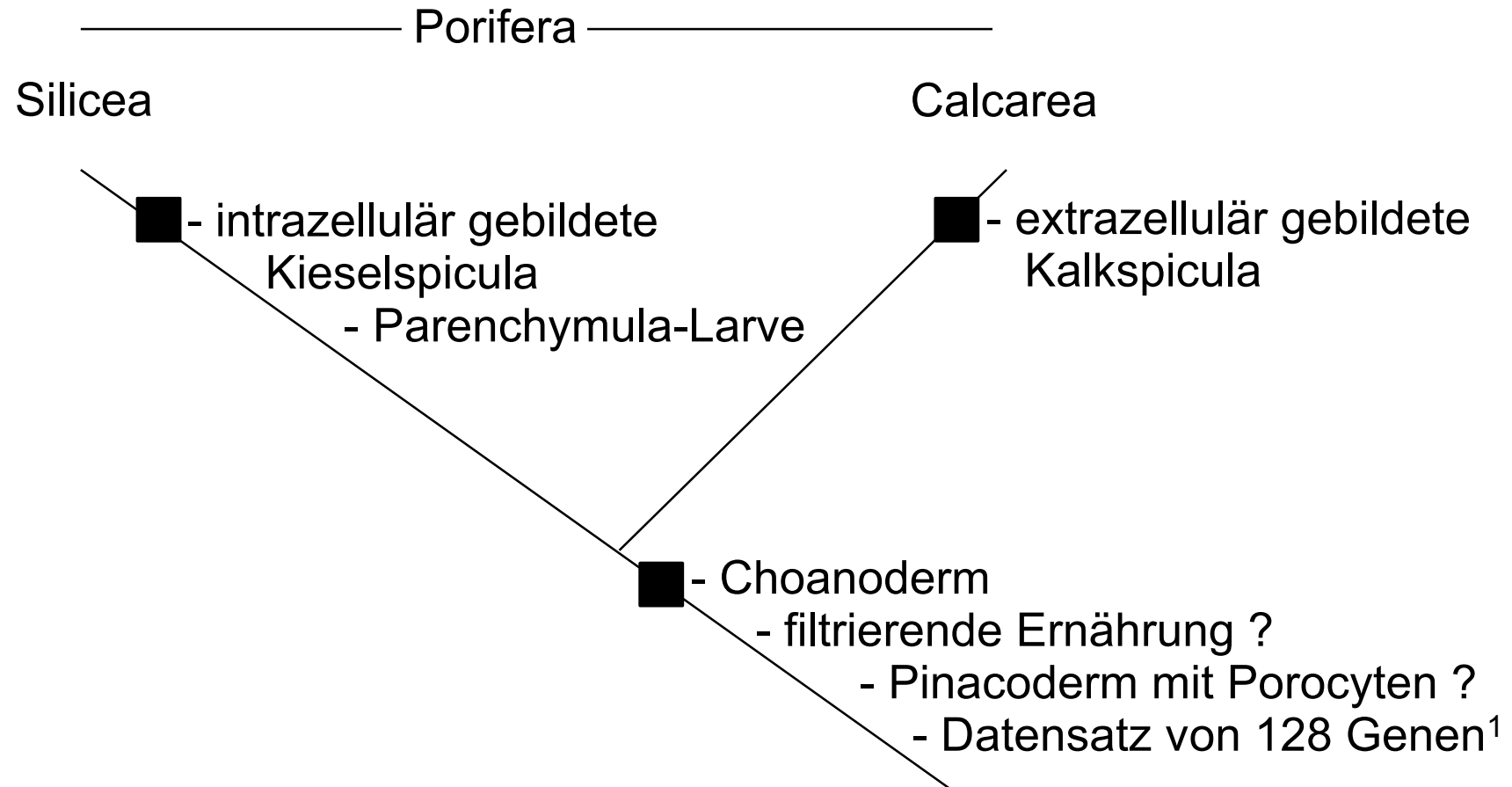


Metazoa-Alternative 3



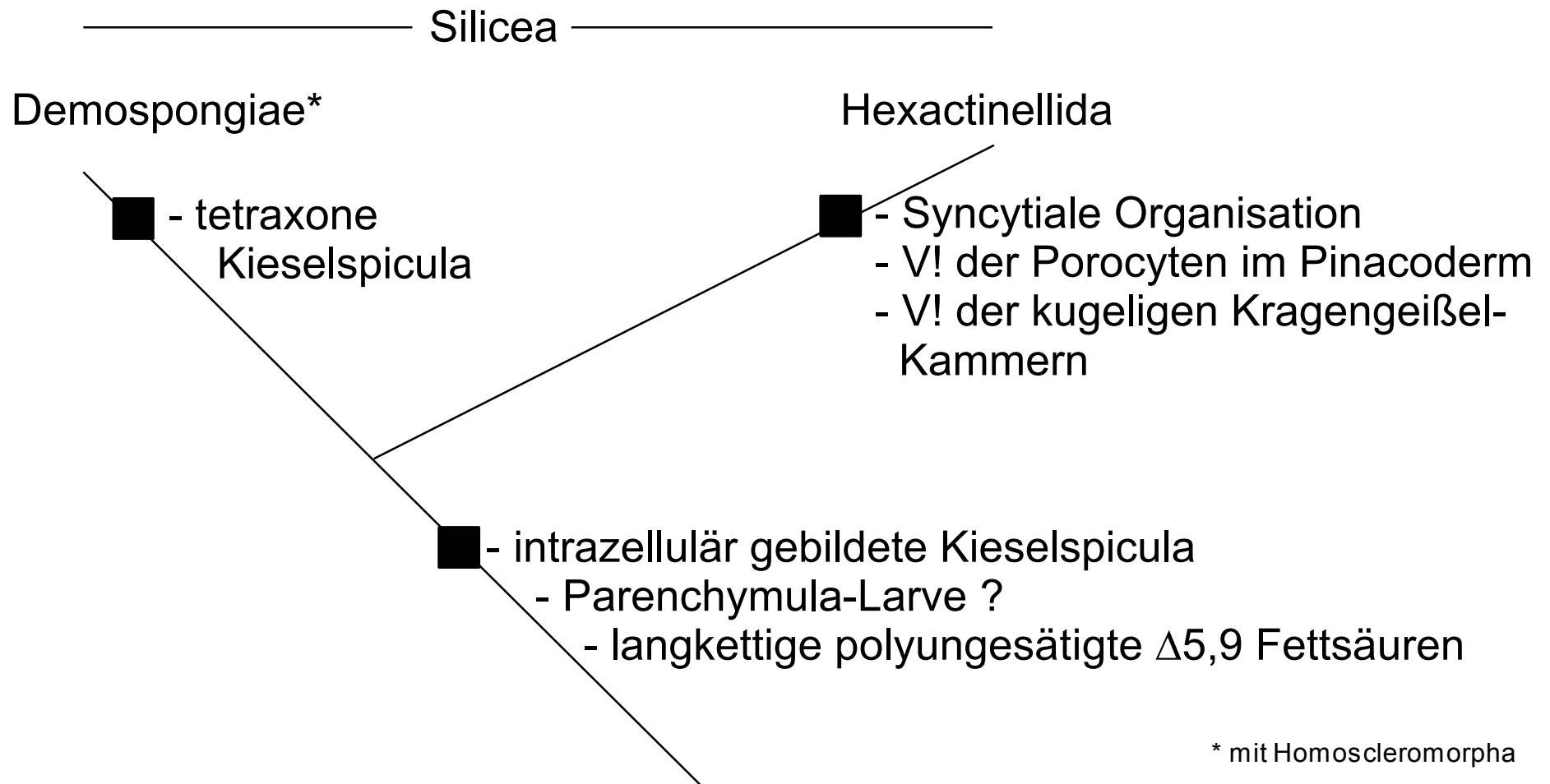
¹ Schierwater, B., M. Eitel, et al. (2009). Concatenated Analysis Sheds Light on Early Metazoan Evolution and Fuels a Modern „Urmetazoon“ Hypothesis. *PLoS Biol.* 7: e20.

Porifera



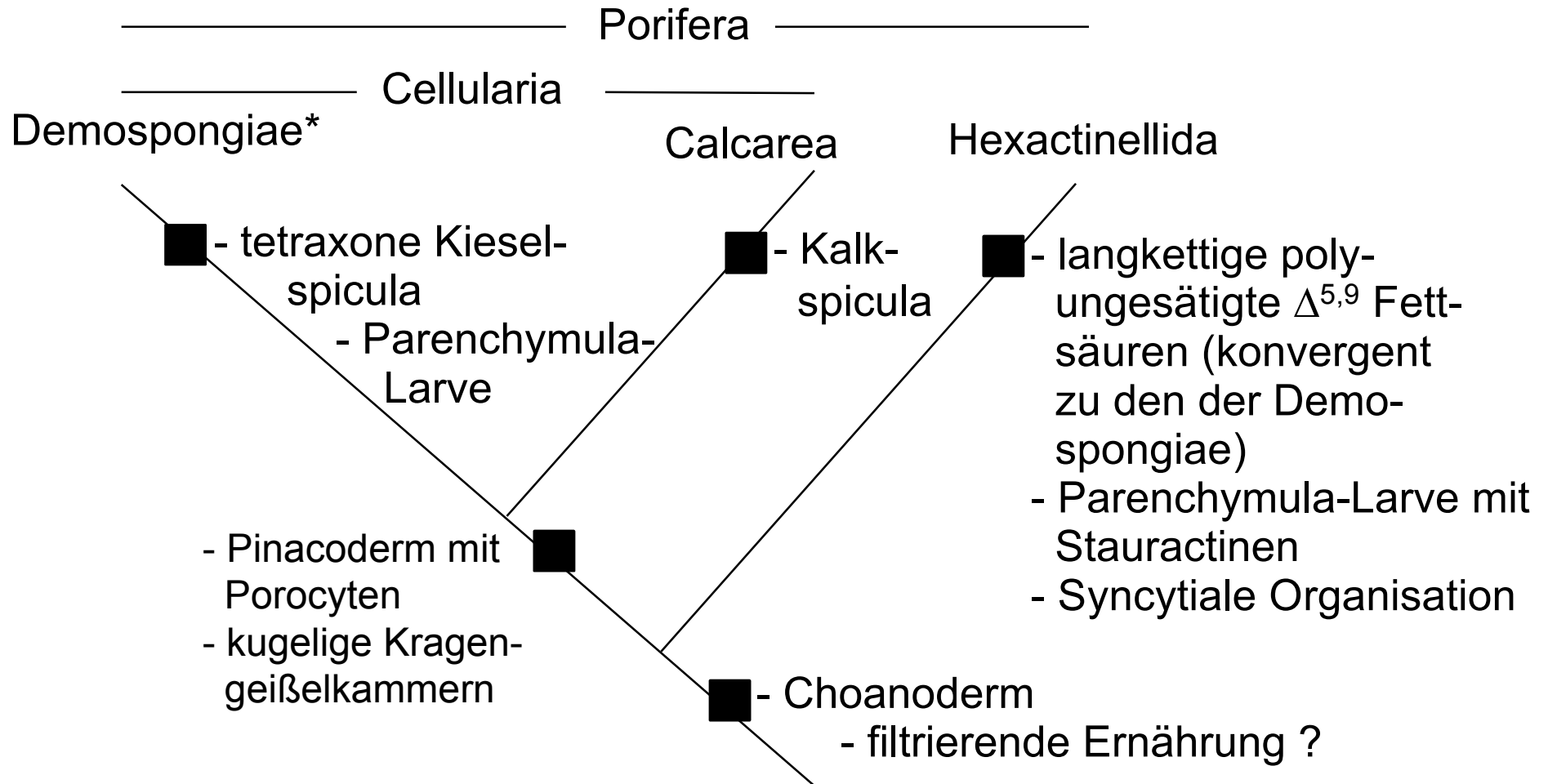
¹ Philippe, H., R. Derelle, et al. (2009). Phylogenomics Revives Traditional Views on Deep Animal Relationships *Current Biology*. 19: 706-712.

Silicea



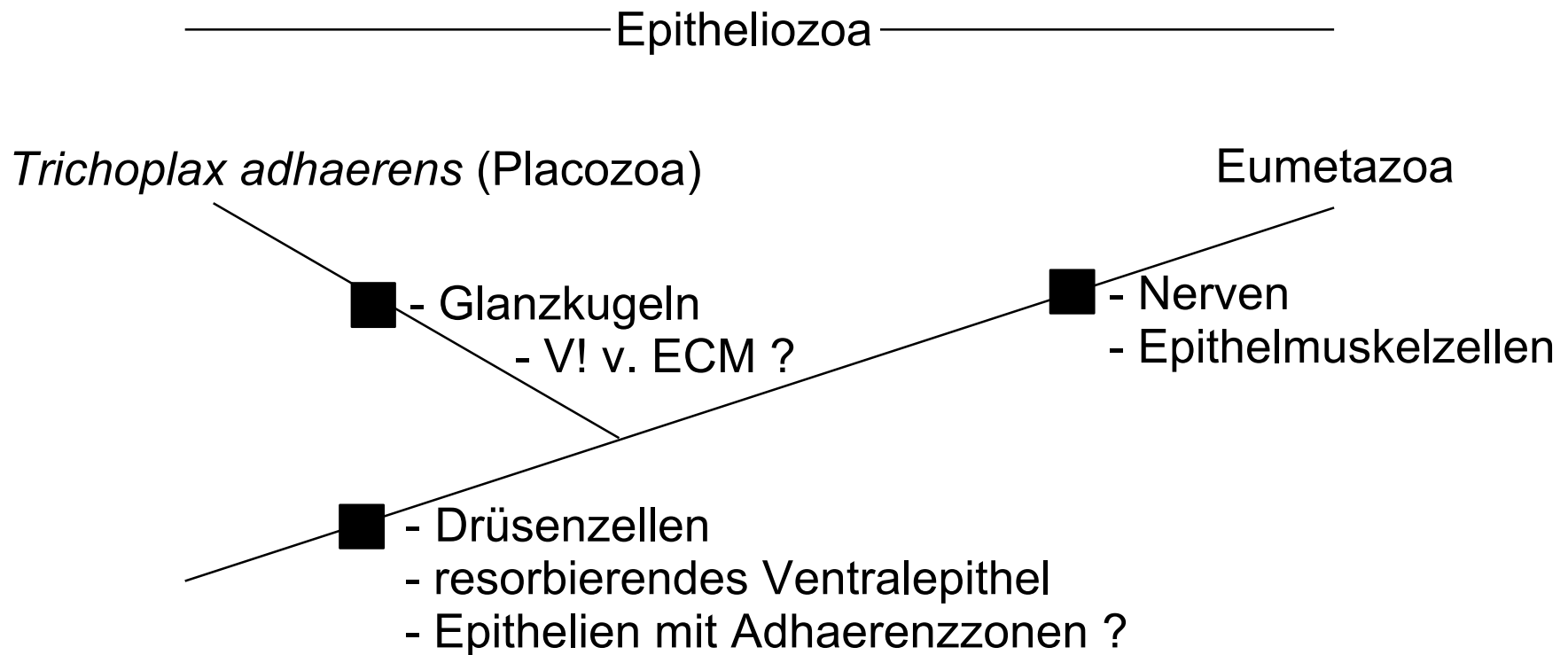
* mit Homoscleromorpha

Porifera-Alternative

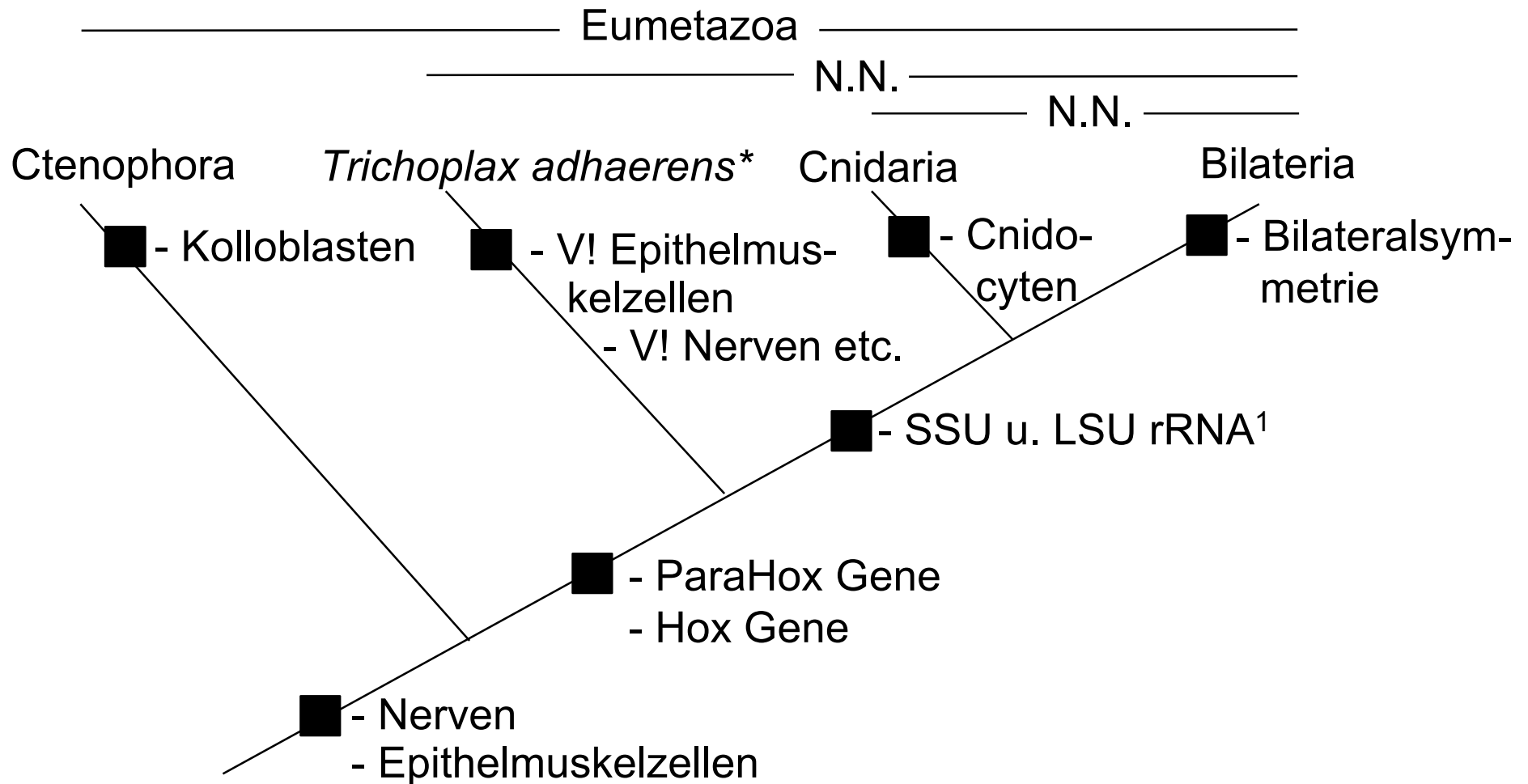


* mit Homoscleromorpha

Epitheliozoa

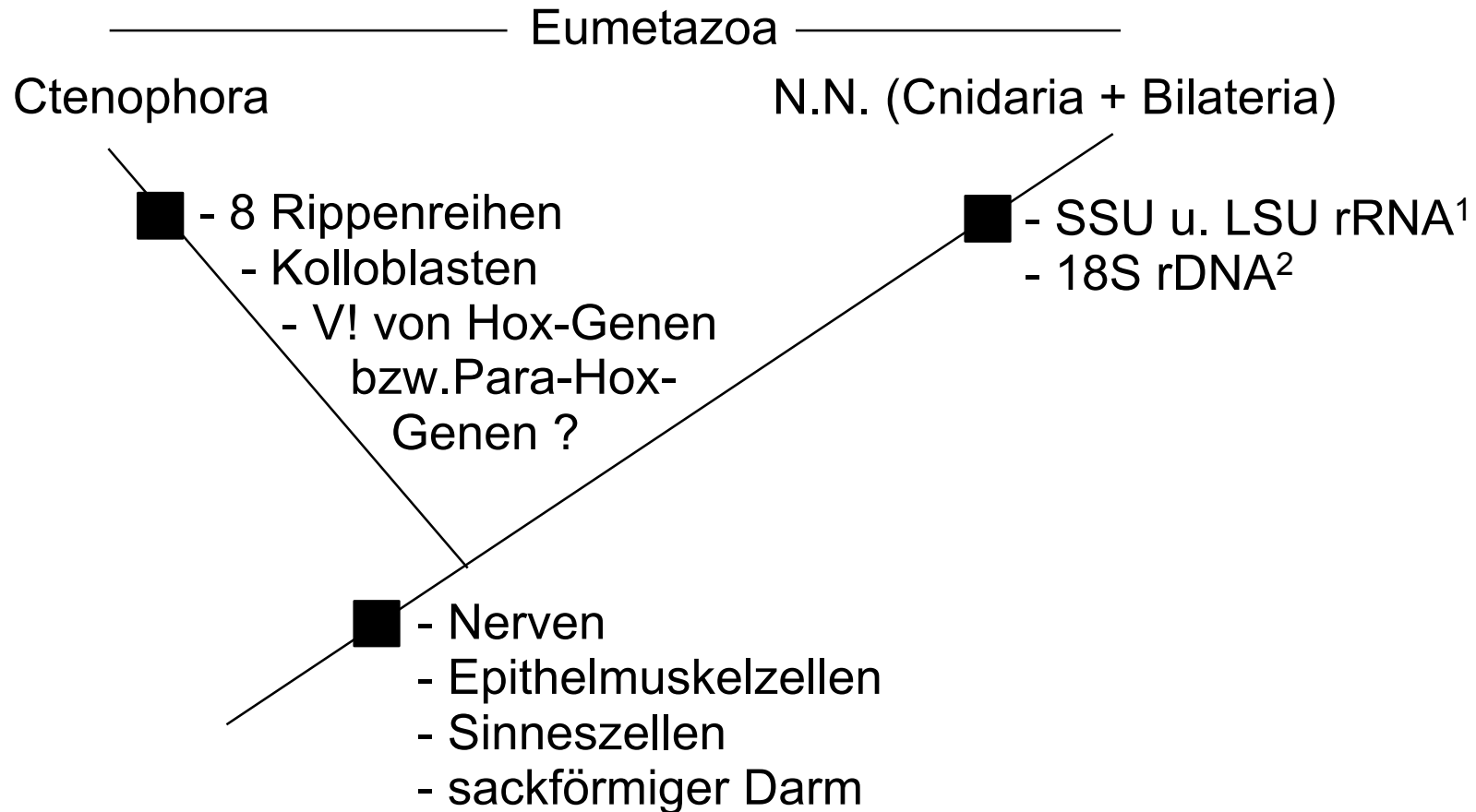


Alternative Stellung von *Trichoplax* (innerhalb der Eumetazoa)



¹ Medina, M., A. G. Collins, et al. (2001). Evaluating hypotheses of basal animal phylogeny using complete sequences of large and small subunit rRNA. *Proc Natl Acad Sci USA*. **98**: 9707-9712.

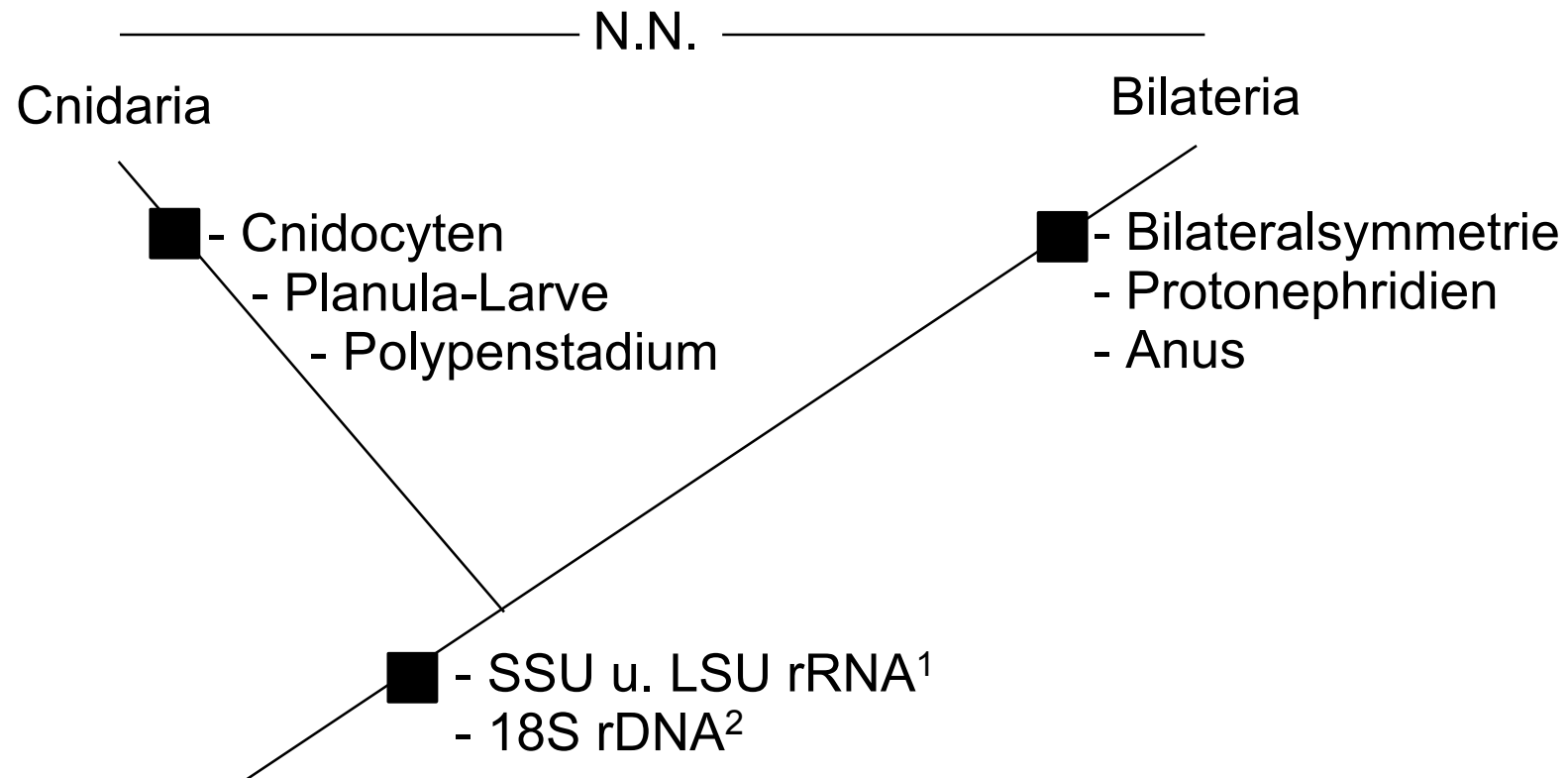
Eumetazoa



¹ Medina, M., A. G. Collins, et al. (2001). Evaluating hypotheses of basal animal phylogeny using complete sequences of large and small subunit rRNA. *Proc Natl Acad Sci USA*. **98**: 9707-9712.

² Peterson, K. J. and D. J. Eernisse (2001). Animal phylogeny and the ancestry of bilaterians: inferences from morphology and 18S rDNA gene sequences. *Evolution & Development*. **3**: 170-205.

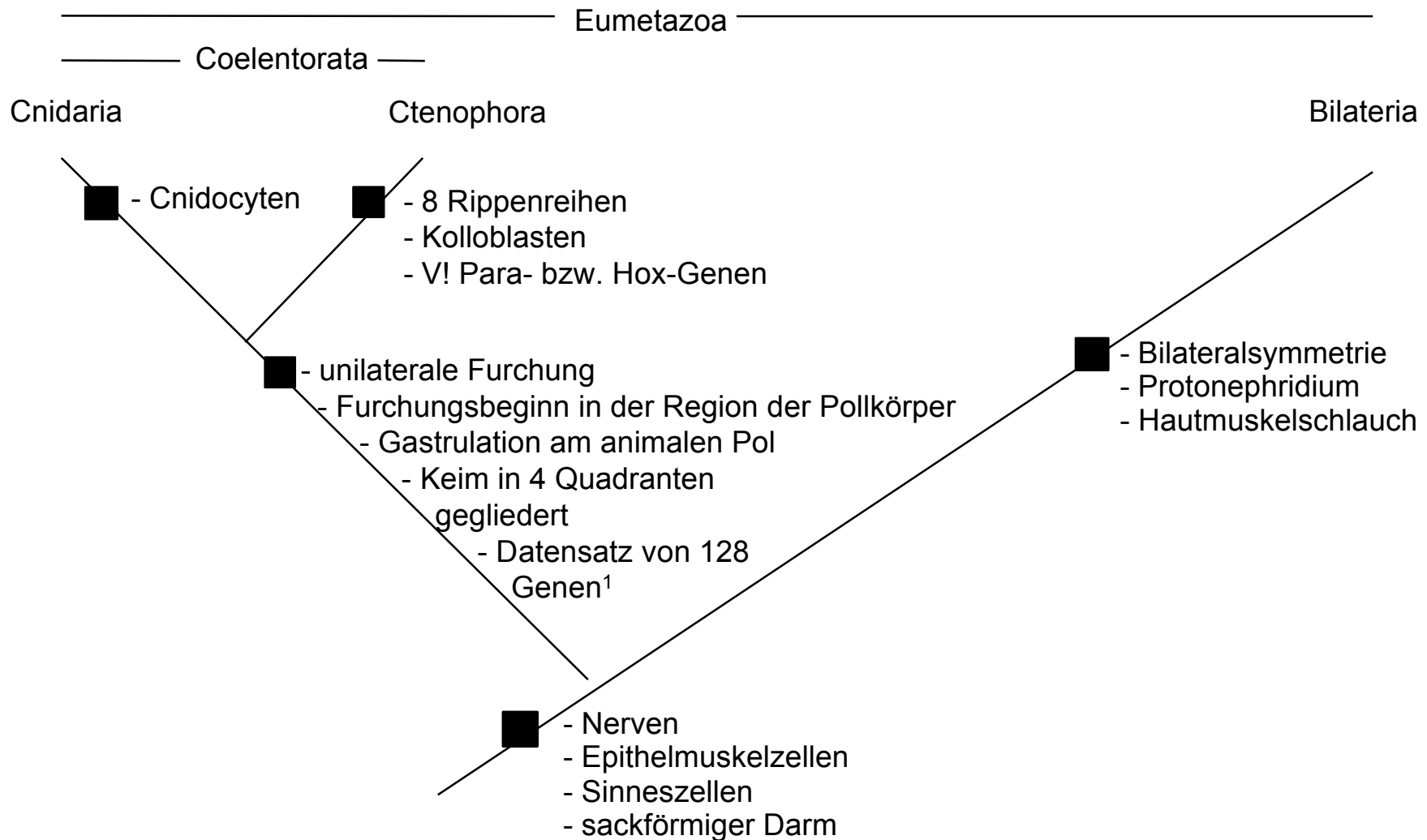
N.N. (Cnidaria + Bilateria)



¹ Medina, M., A. G. Collins, et al. (2001). Evaluating hypotheses of basal animal phylogeny using complete sequences of large and small subunit rRNA. *Proc Natl Acad Sci USA*. **98**: 9707-9712.

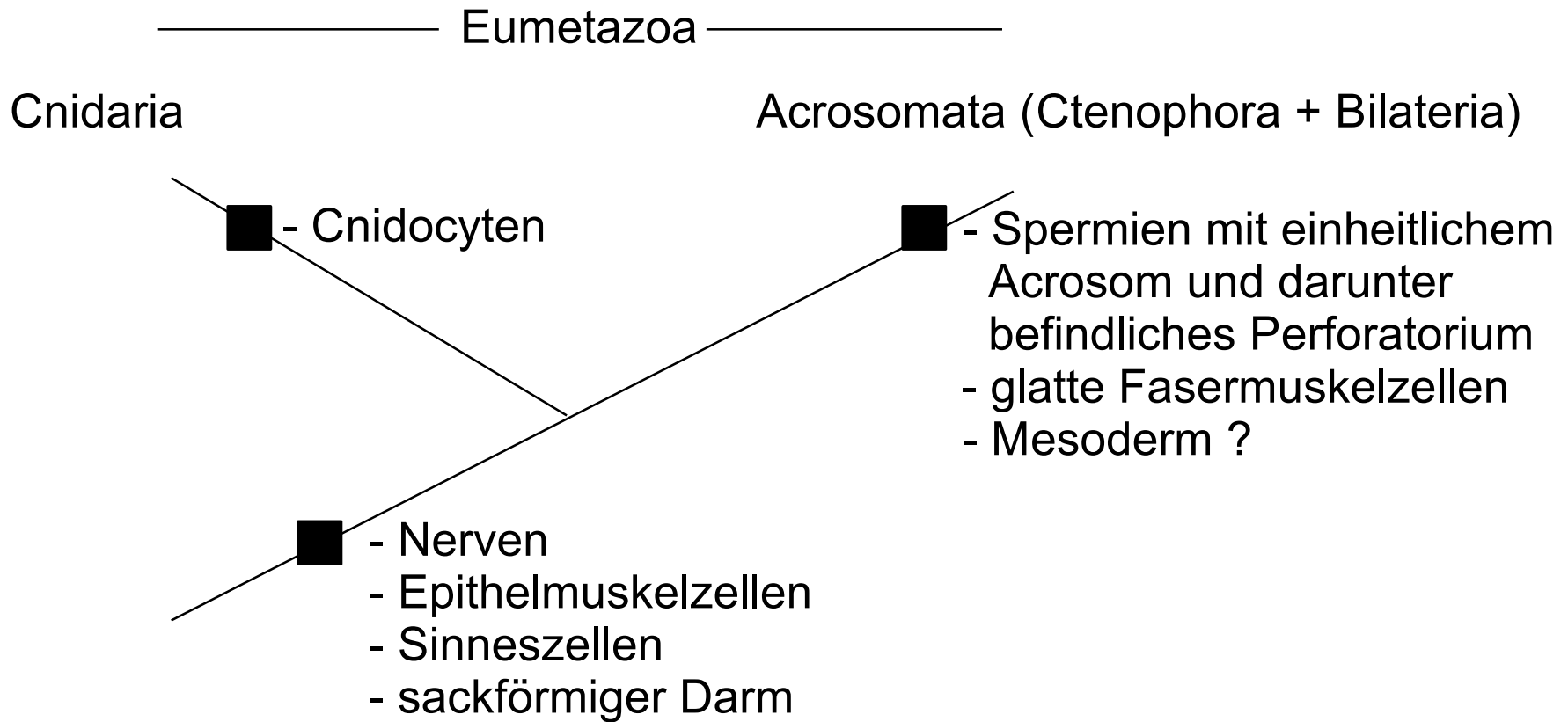
² Peterson, K. J. and D. J. Eernisse (2001). Animal phylogeny and the ancestry of bilaterians: inferences from morphology and 18S rDNA gene sequences. *Evolution & Development*. **3**: 170-205.

Eumetazoa-Alternative

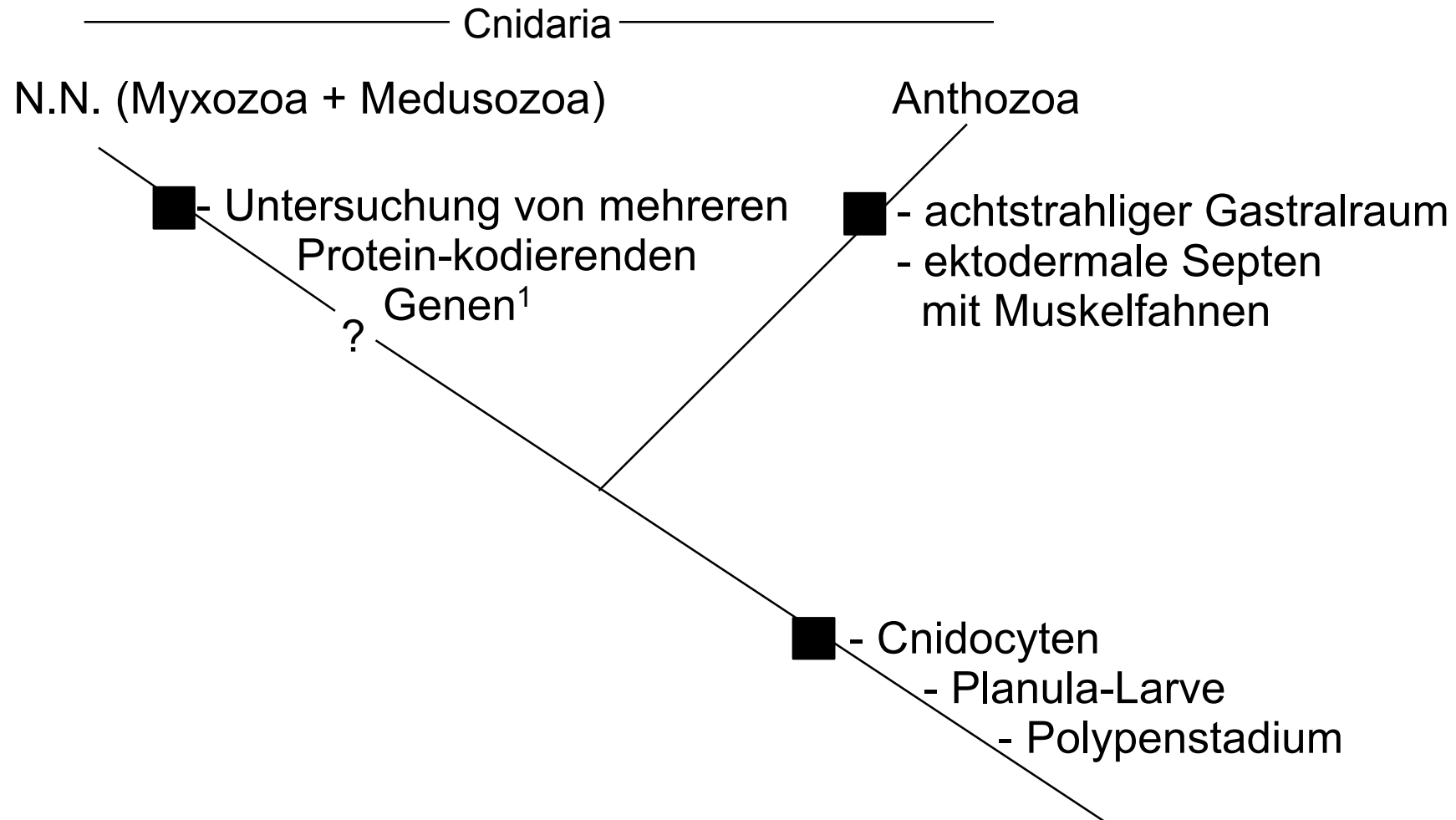


¹ Philippe, H., R. Derelle, et al. (2009). Phylogenomics Revives Traditional Views on Deep Animal Relationships *Current Biology*. 19: 706-712.

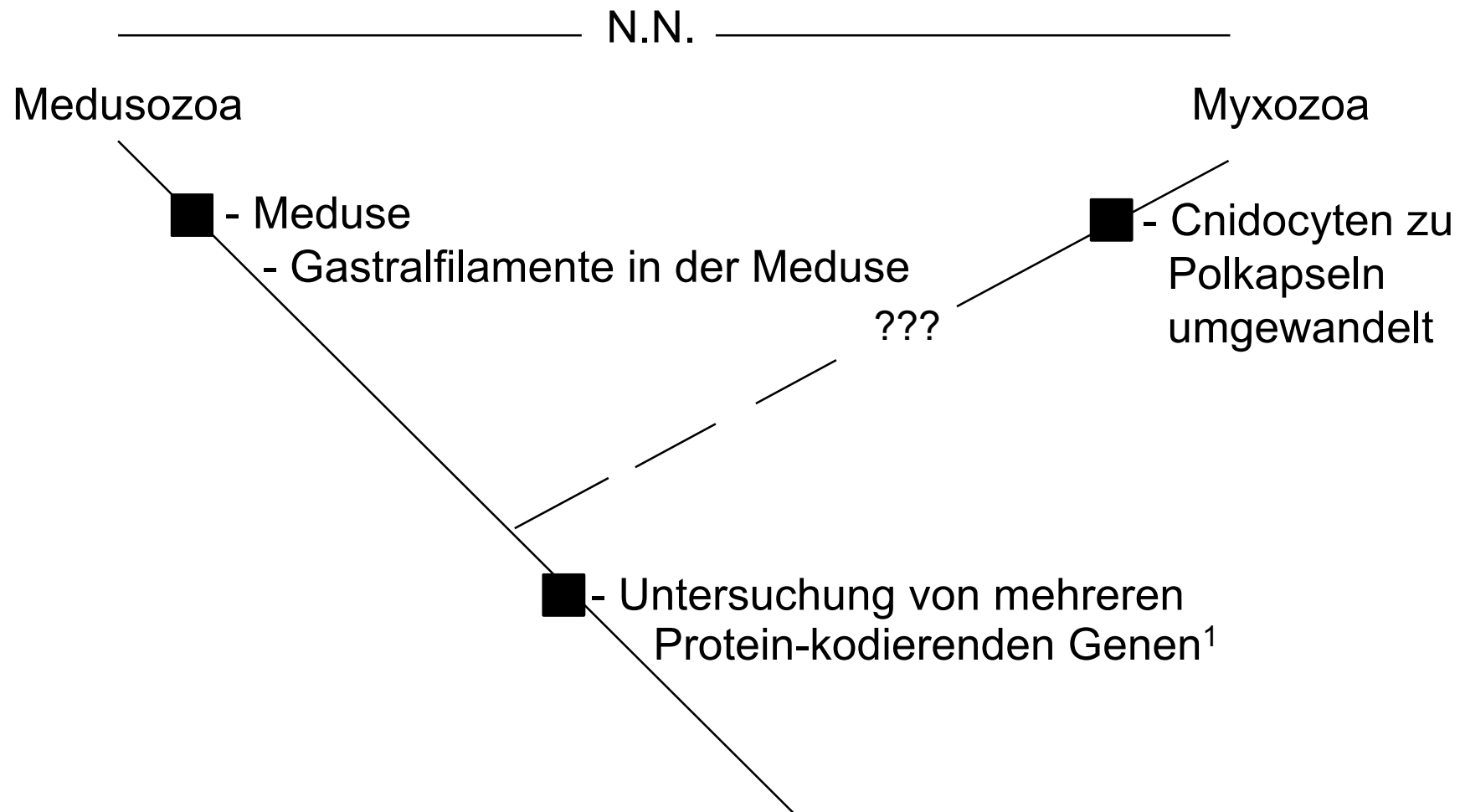
Eumetazoa-Alternative 2



Cnidaria

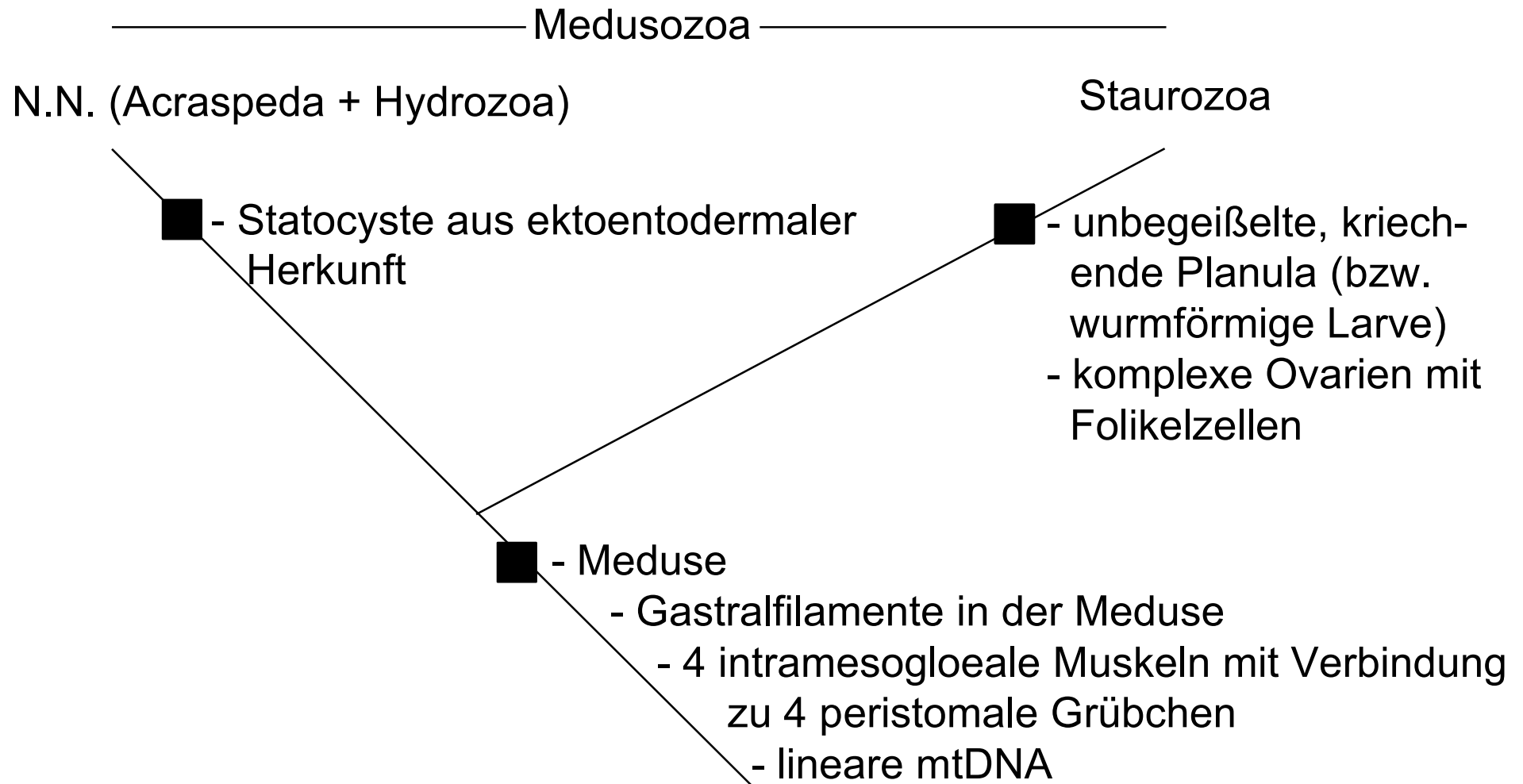


N.N. (Myxozoa + Medusozoa)



¹ Jimenez-Guri, E., H. Philippe, et al. (2007). Buddenbrockia Is a Cnidarian Worm. *Science*. **317**: 116-118.

Medusozoa



N.N. (Acraspeda + Hydrozoa)

————— N.N. —————

Acraspeda (Rhopaliophora)

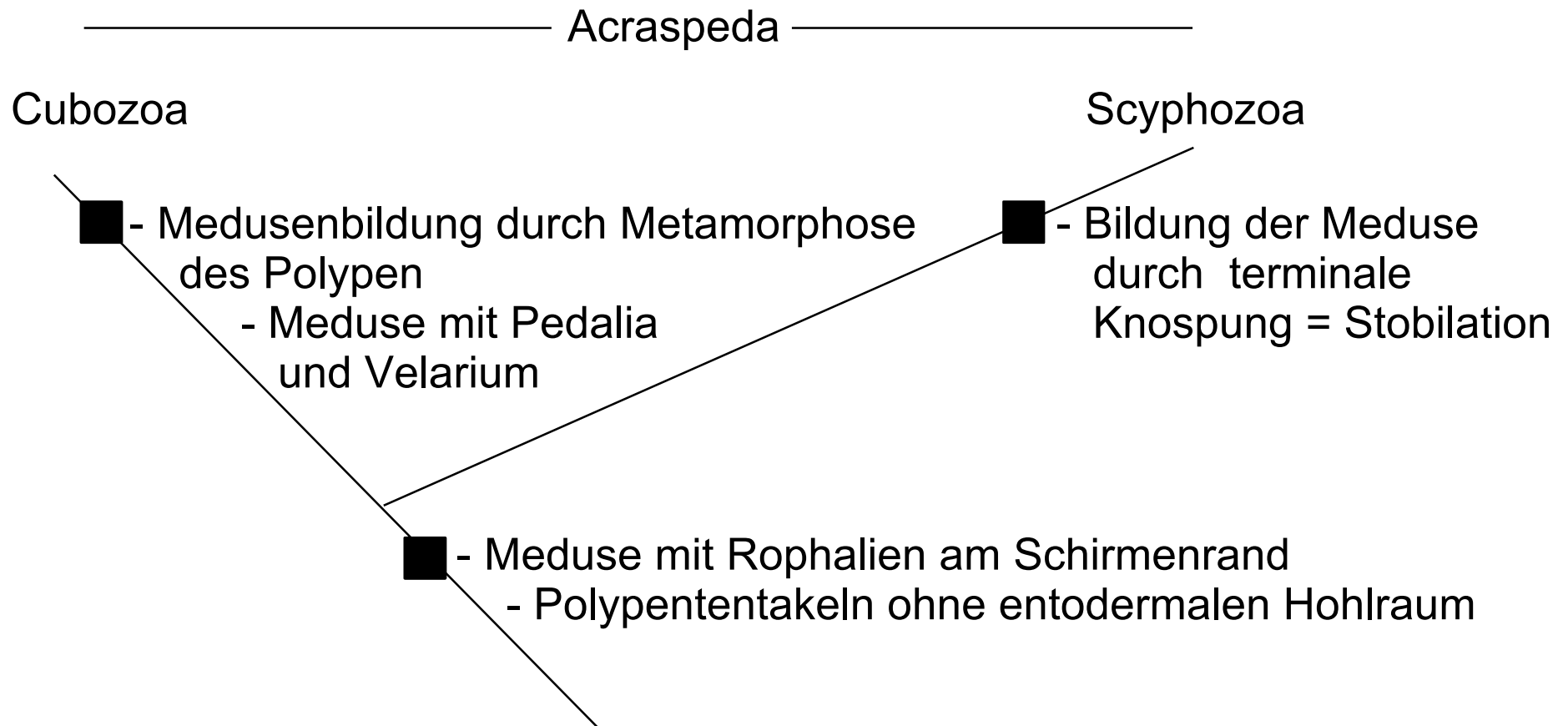
Hydrozoa

- - Meduse mit Rophalien am Schirmenrand
- Polypententakeln ohne entodermalen Hohlraum

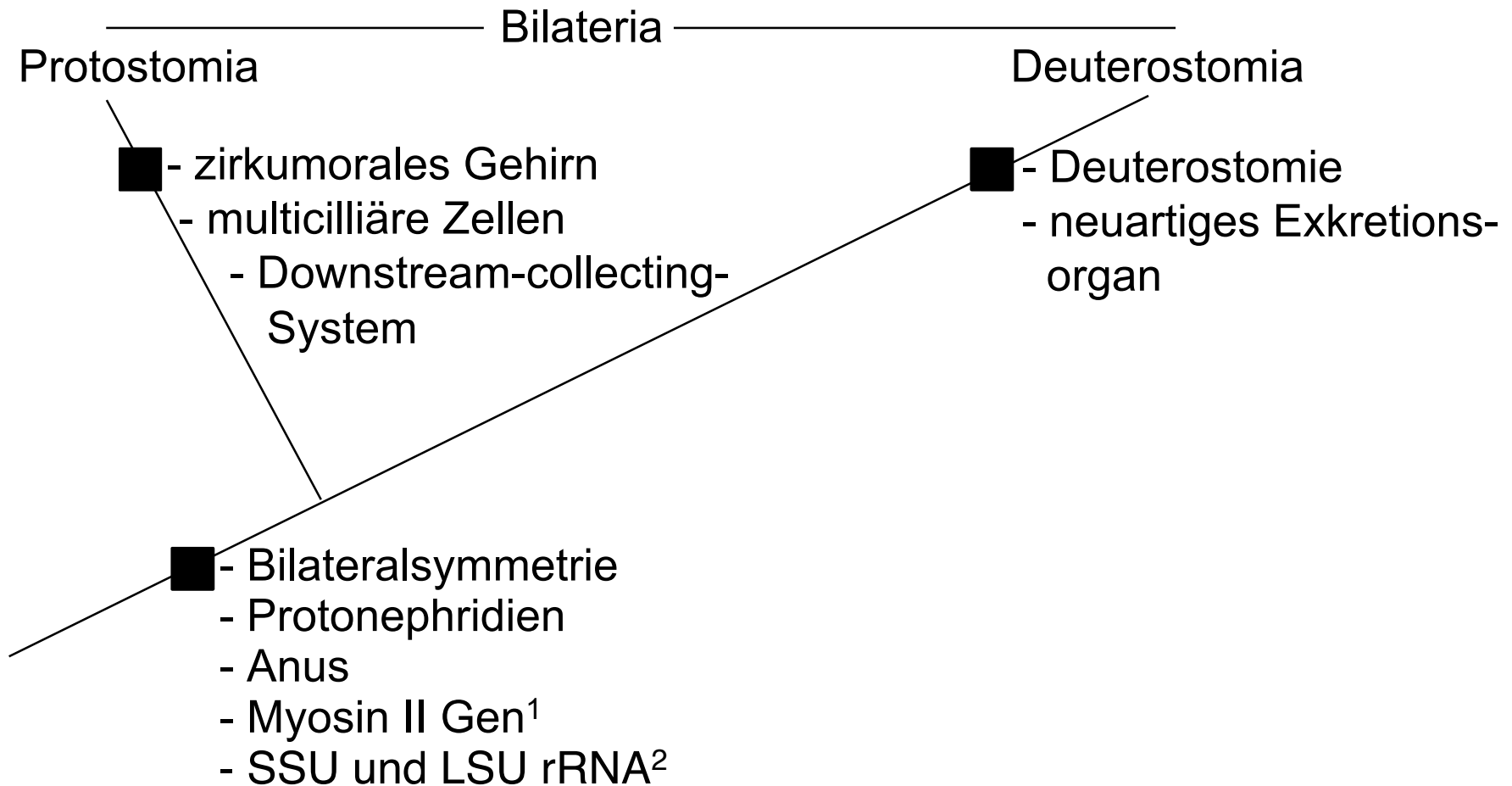
- - ektodermale Gonaden
- Meduse mit ektodermalem Velum
- V! - 4 intramesogloeale Muskeln mit Verbindung zu 4 peristomale Grübchen

- - Statocyste aus ektoentodermaler Herkunft
- pelagische Medusenphase als Aldultus ?
produziert durch Metamorphose des oralen Endes des Polypen

Acraspeda (Rhopaliophora)



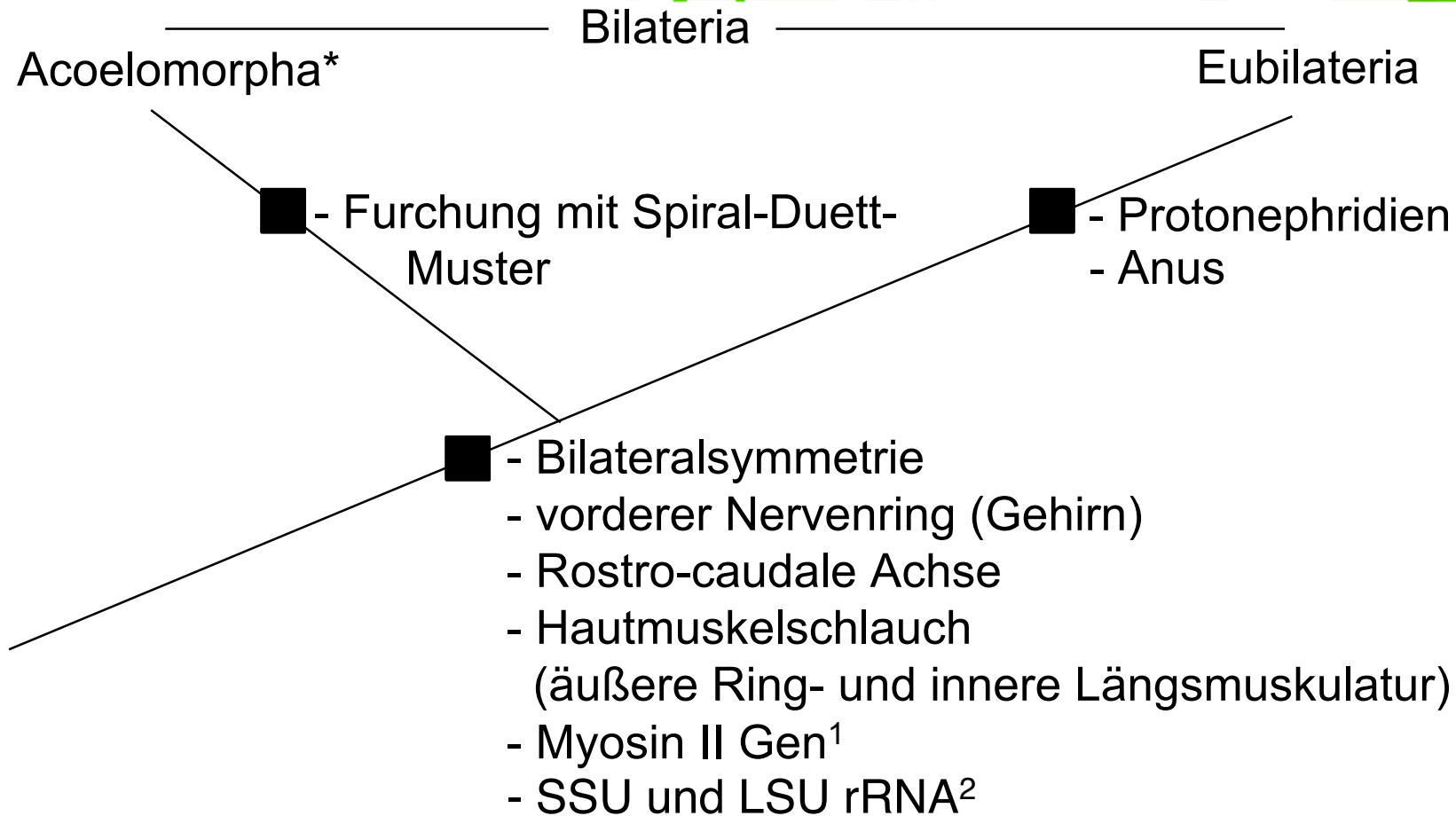
Bilateria (Eubilateria)



¹ Ruiz-Trillo, I., J. Paps, et al. (2002). A phylogenetic analysis of myosin heavy chain type II sequences corroborates that Acoela and Nemertodermatida are basal bilaterians. *Proc Natl Acad Sci USA*. **99**: 11246-11251.

² Telford, M. J., A. E. Lockyer, et al. (2003). Combined large and small subunit ribosomal RNA phylogenies support a basal position of the acoelomorph flatworms. *Proc Biol Sci*. **270**: 1077-1083.

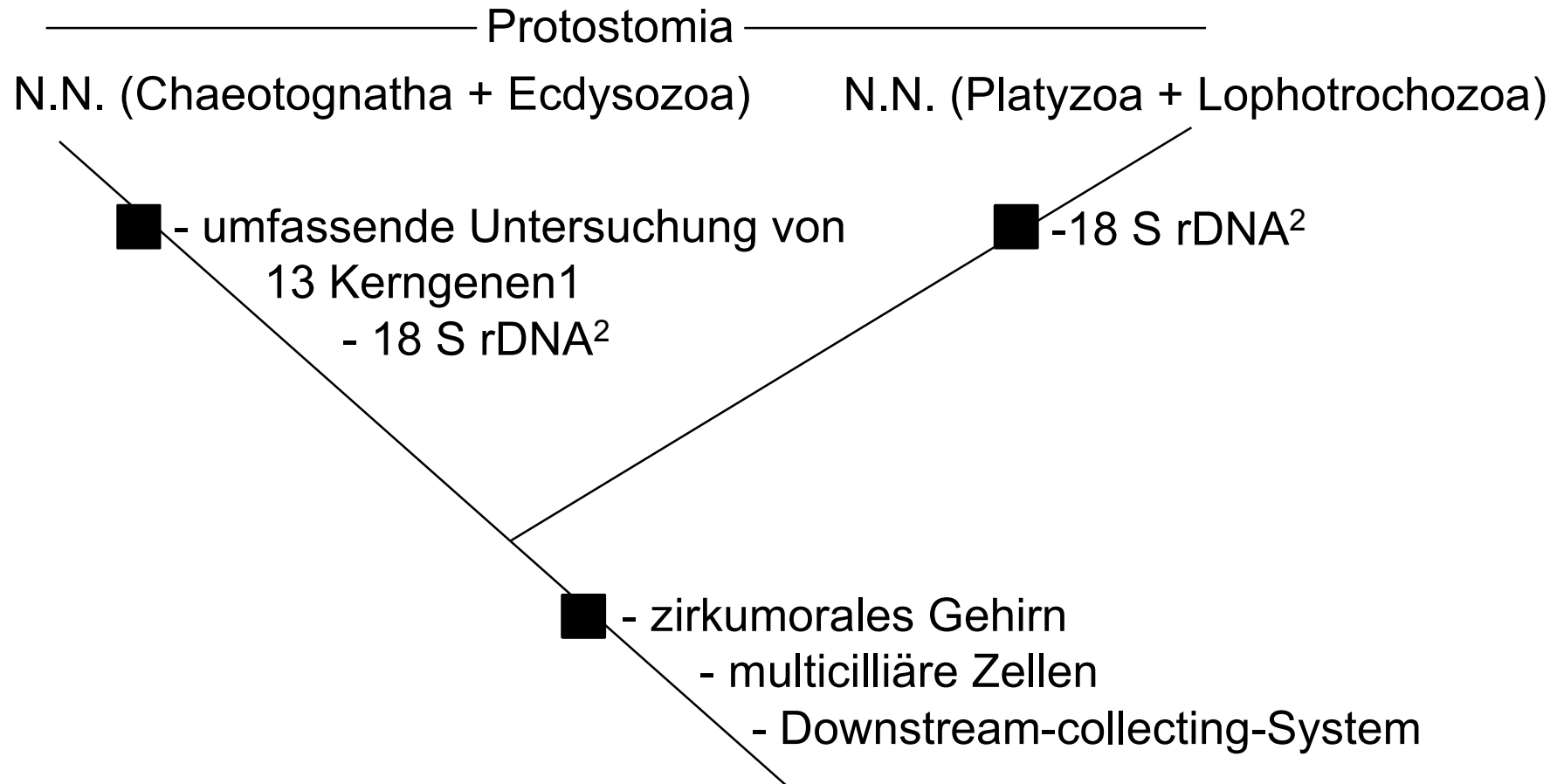
Bilateria-Alternative



¹ Ruiz-Trillo, I., J. Paps, et al. (2002). A phylogenetic analysis of myosin heavy chain type II sequences corroborates that Acoela and Nemertodermatida are basal bilaterians. *Proc Natl Acad Sci USA*. **99**: 11246-11251.

² Telford, M. J., A. E. Lockyer, et al. (2003). Combined large and small subunit ribosomal RNA phylogenies support a basal position of the acoelomorph flatworms. *Proc Biol Sci*. **270**: 1077-1083.

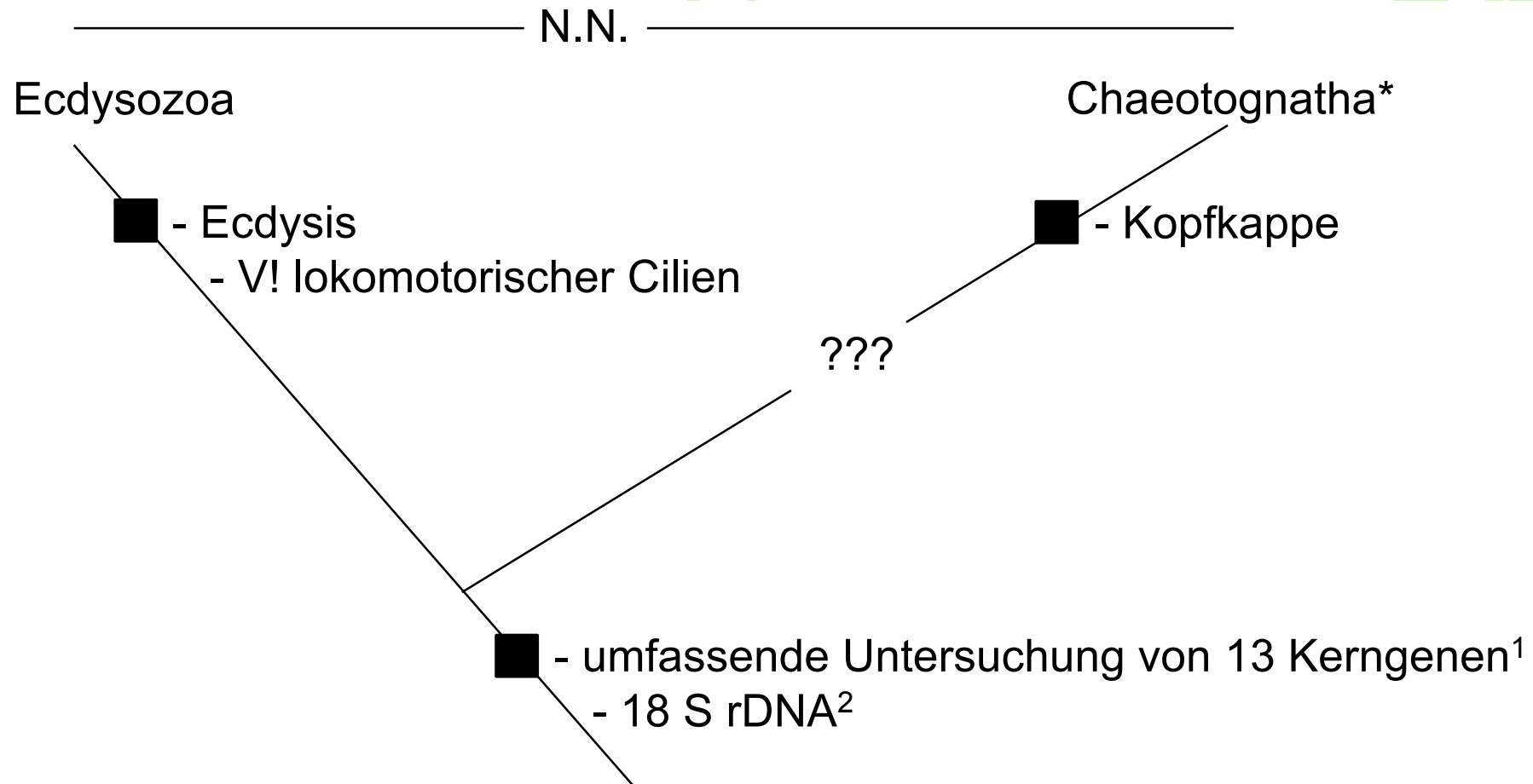
Protostomia



¹ Paps, J., J. Baguna, et al. (2009). Bilaterian Phylogeny: A Broad Sampling of 13 Nuclear Genes Provides a New Lophotrochozoa Phylogeny and Supports a Paraphyletic Basal Acoelomorpha. *Molecular Biology and Evolution*. **26**: 2397-2406.

² Peterson, K. J. and D. J. Eernisse (2001). Animal phylogeny and the ancestry of bilaterians: inferences from morphology and 18S rDNA gene sequences. *Evolution & Development*. **3**: 170-205.

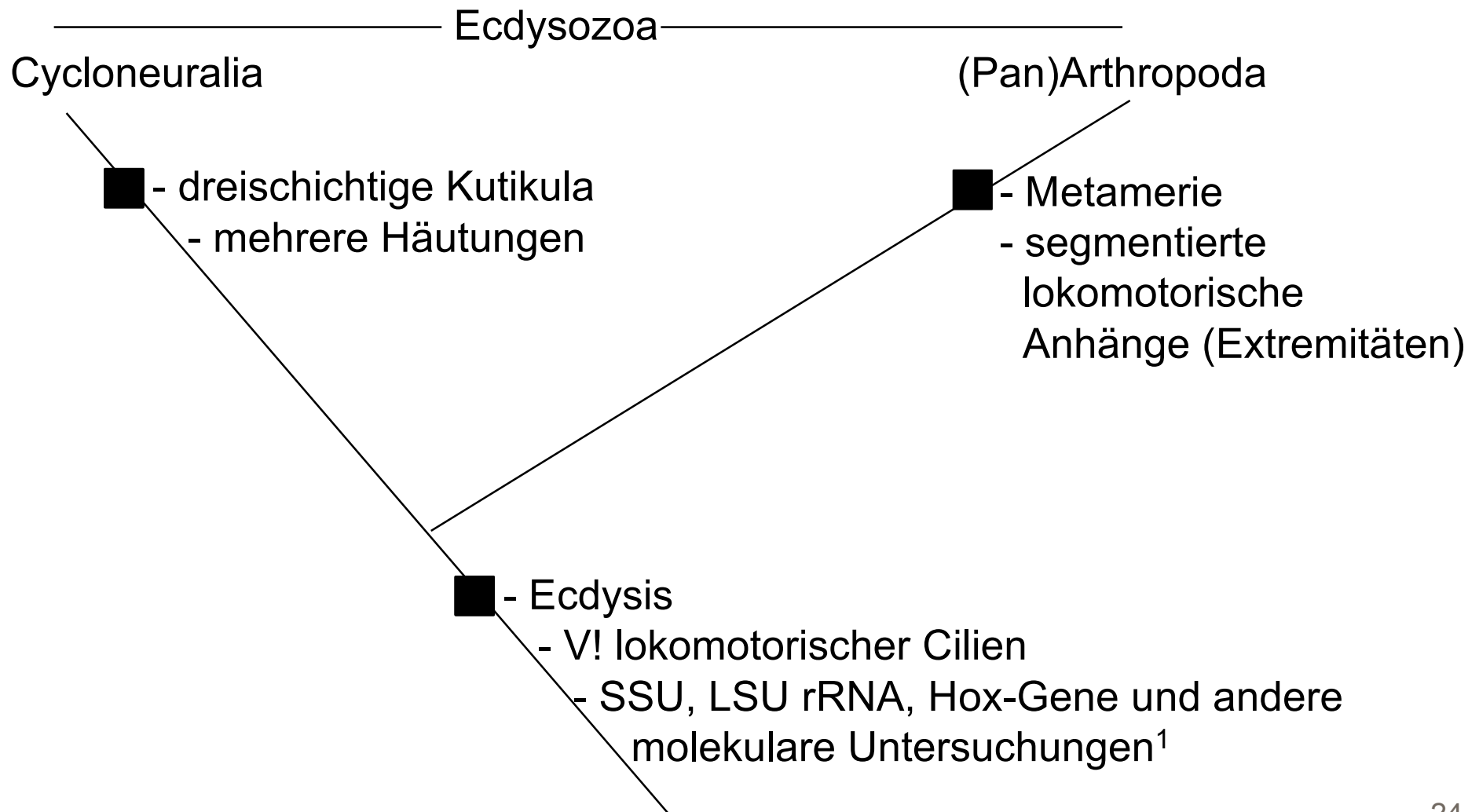
N.N. (Chaeotognatha + Ecdysozoa)



¹ Paps, J., J. Baguna, et al. (2009). Bilaterian Phylogeny: A Broad Sampling of 13 Nuclear Genes Provides a New Lophotrochozoa Phylogeny and Supports a Paraphyletic Basal Acoelomorpha. *Molecular Biology and Evolution*. **26**: 2397-2406.

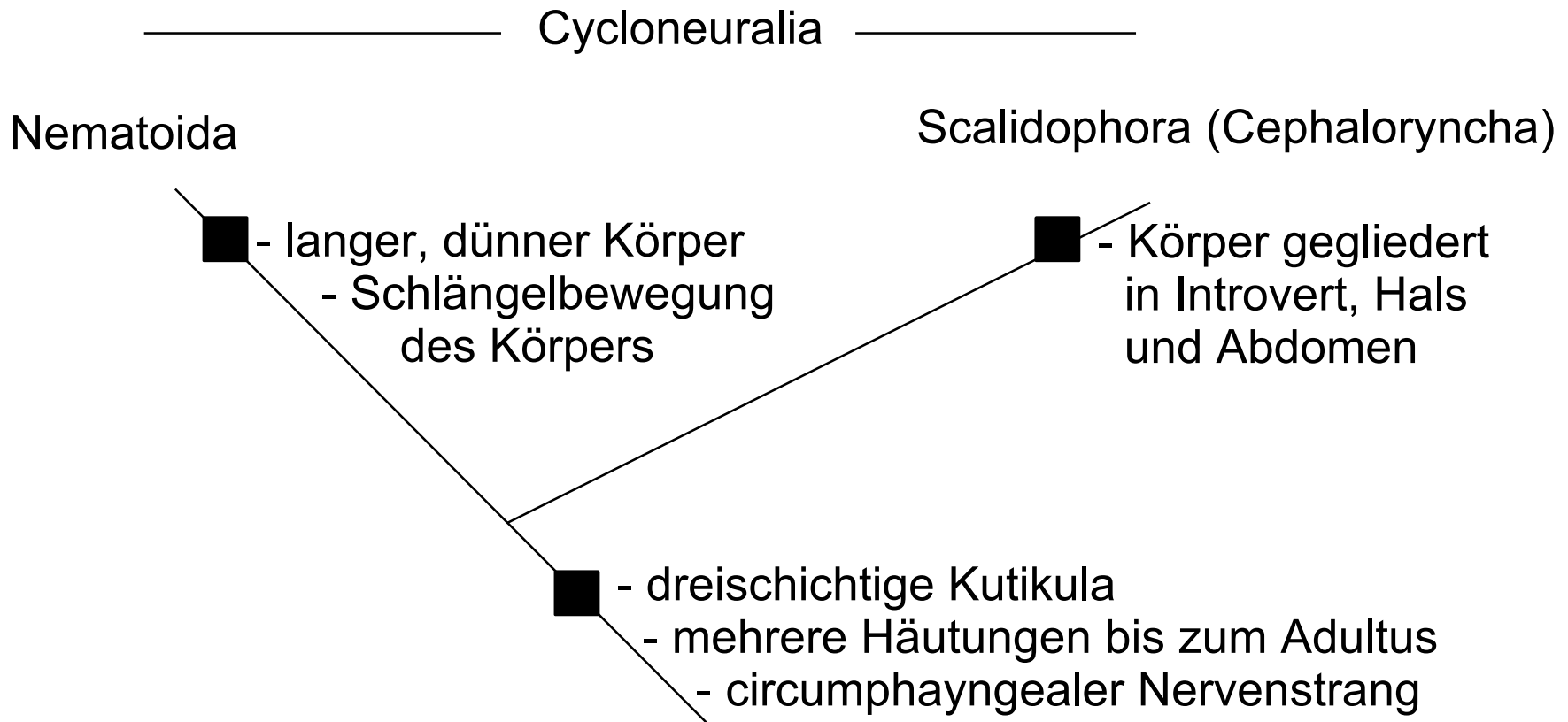
² Peterson, K. J. and D. J. Eernisse (2001). Animal phylogeny and the ancestry of bilaterians: inferences from morphology and 18S rDNA gene sequences. *Evolution & Development*. **3**: 170-205.

Ecdysozoa

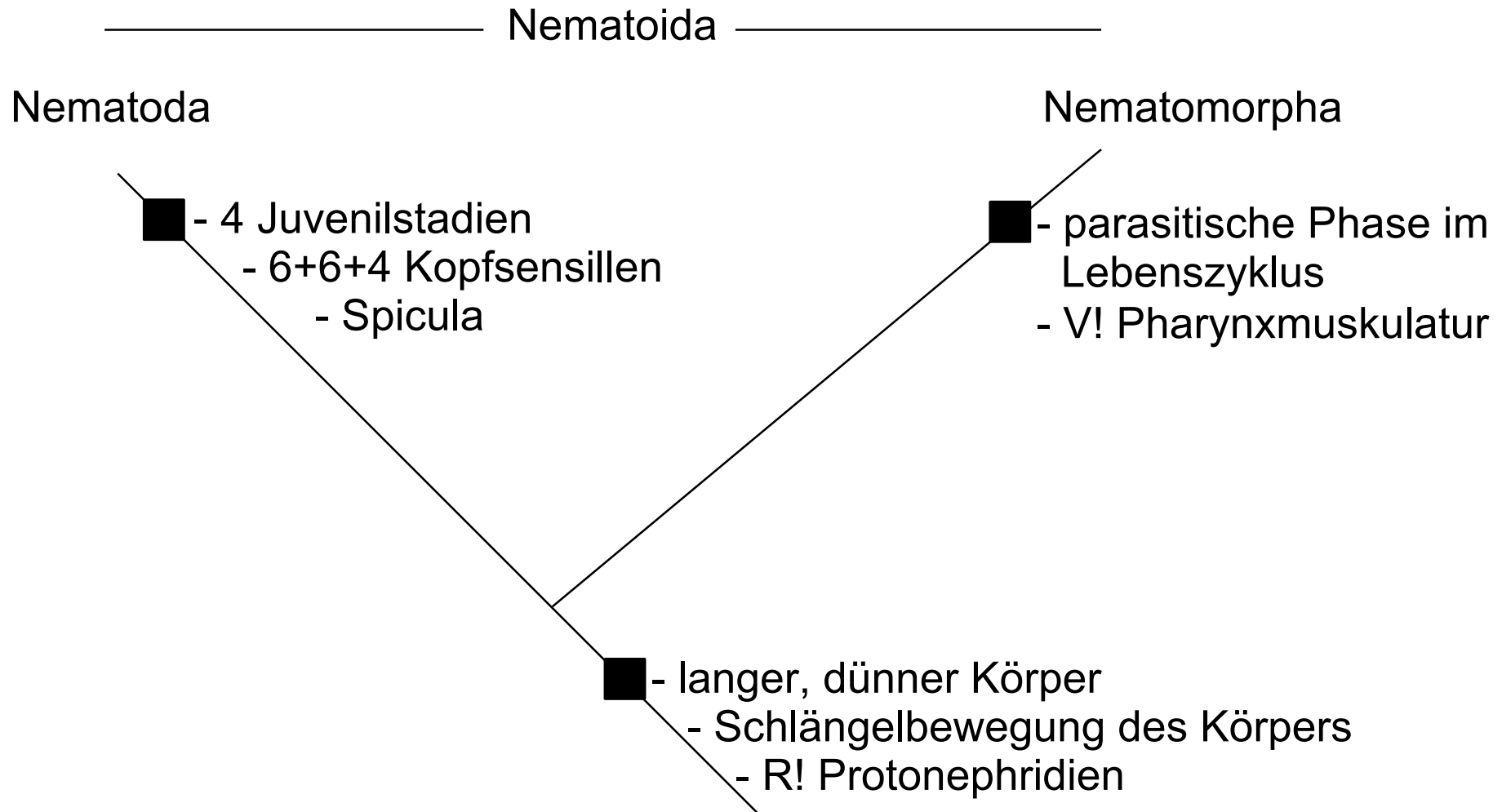


¹ aufgelistet in: Halanych, K. M. (2004). THE NEW VIEW OF ANIMAL PHYLOGENY. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* **35**: 229-256.

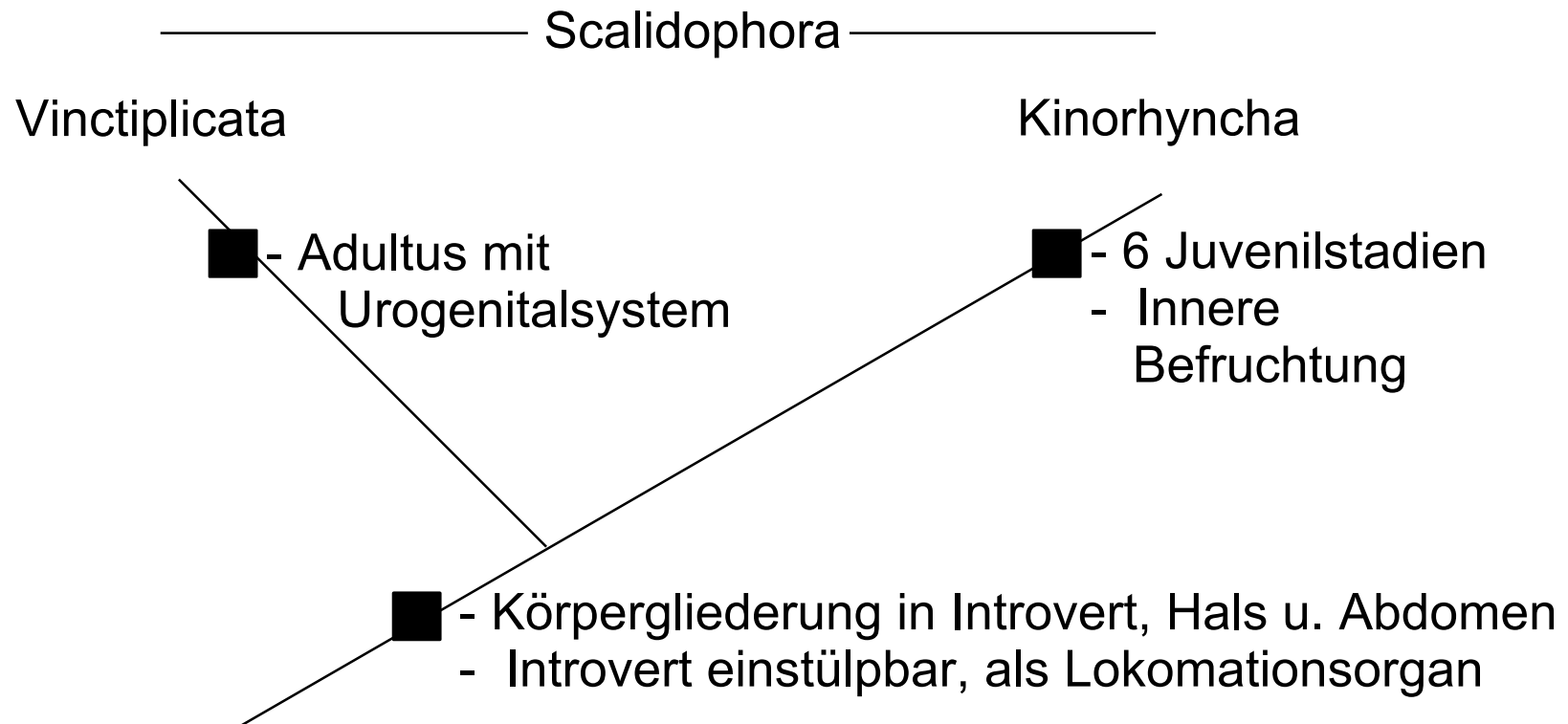
Cycloneuralia



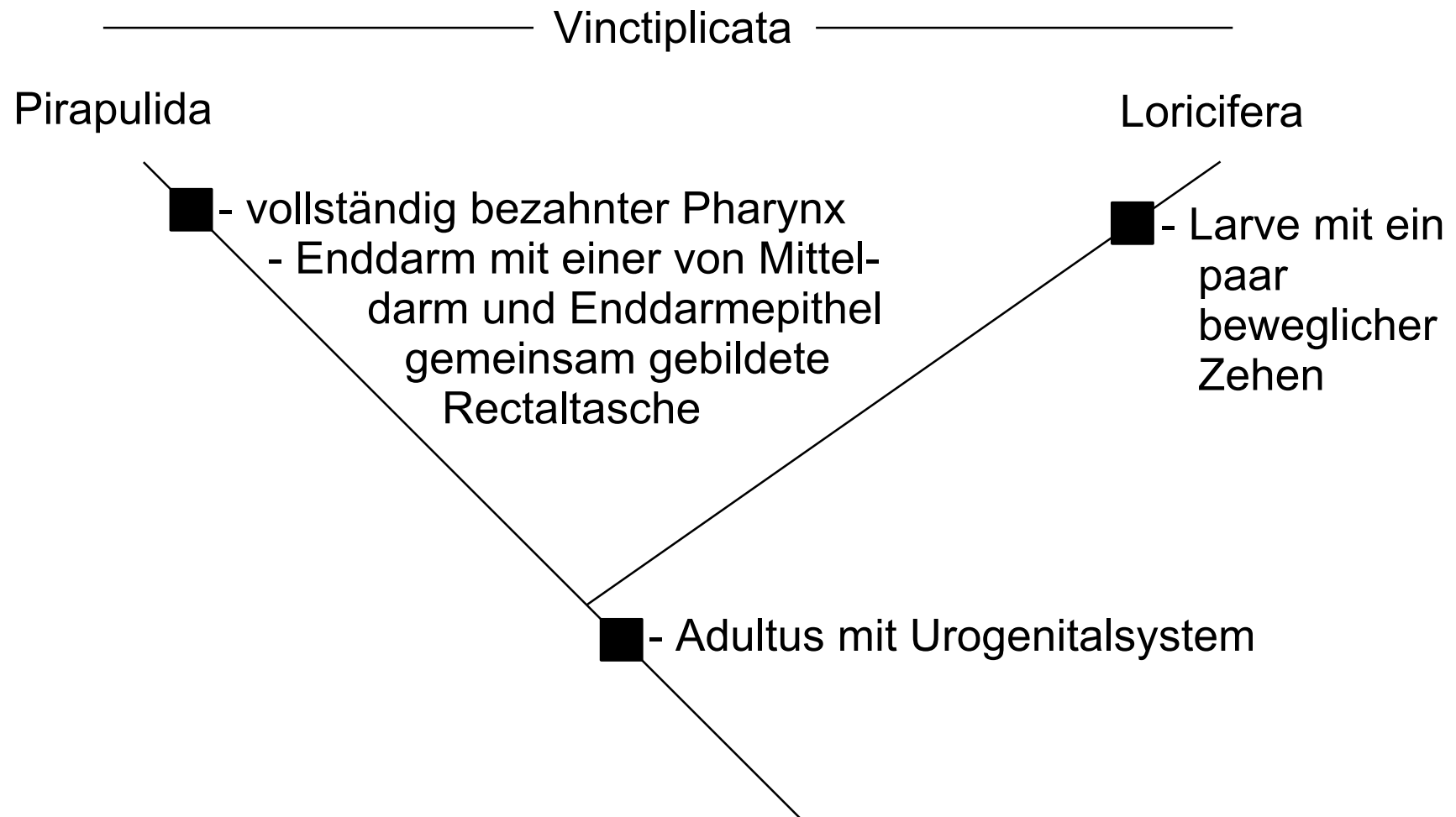
Nematoida



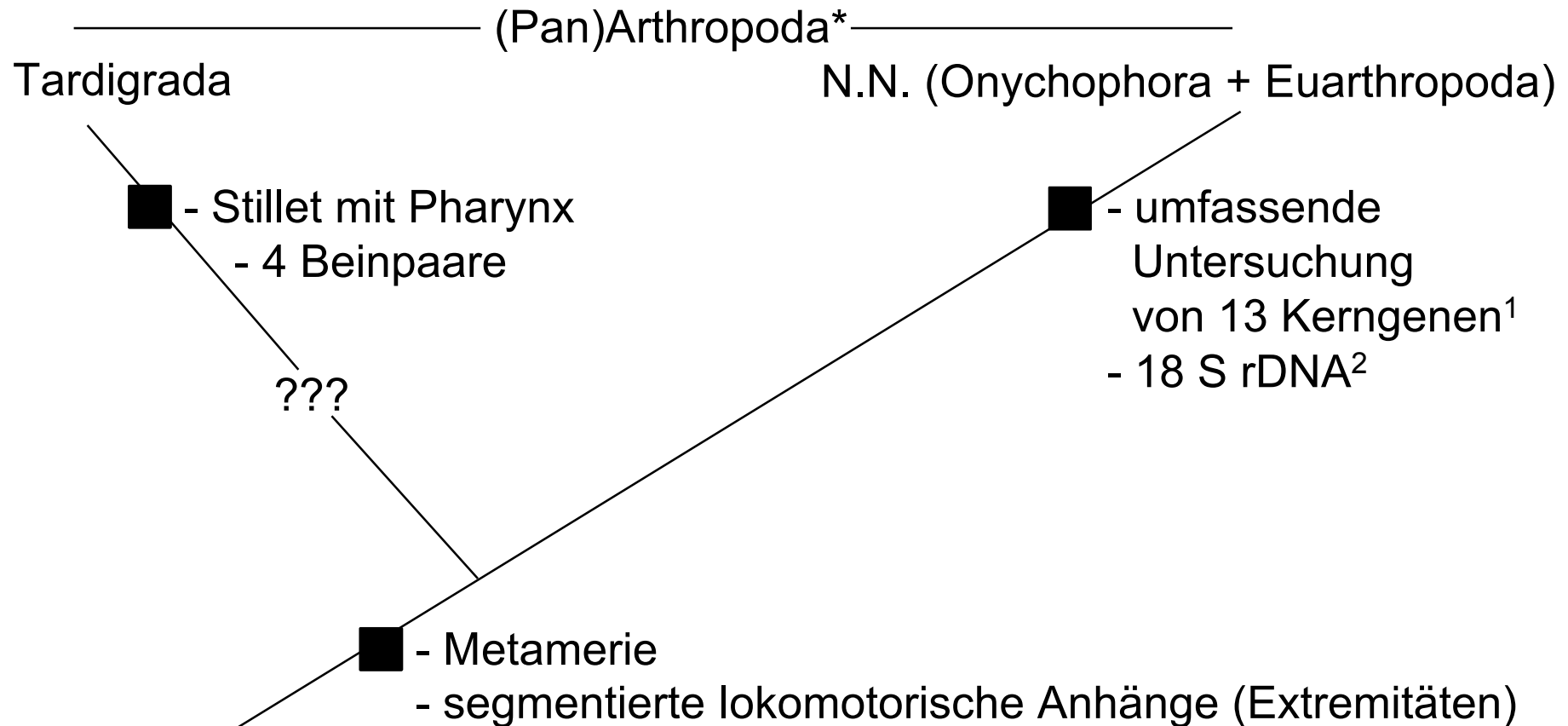
Scalidophora



Vinctiplicata



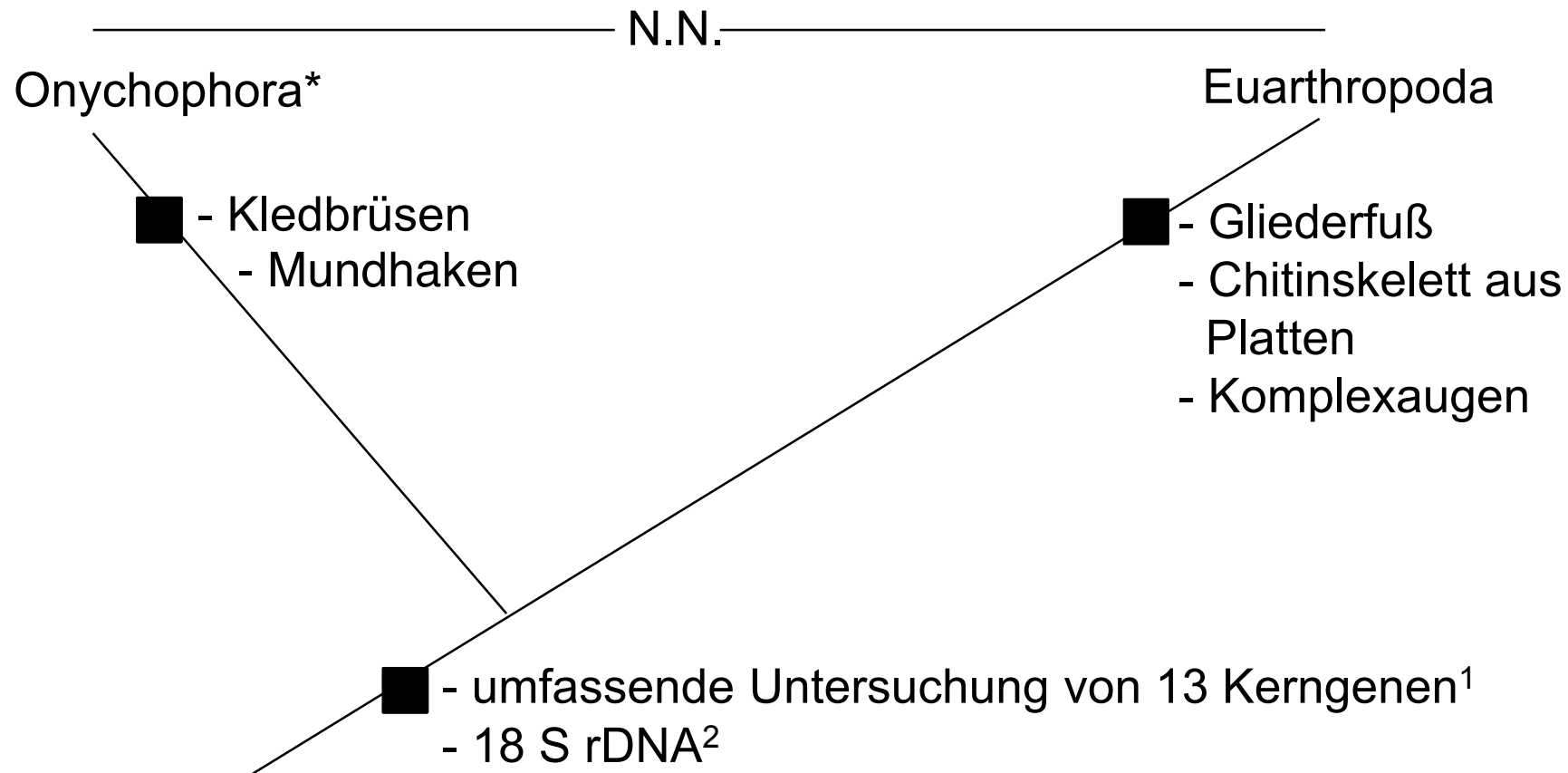
(Pan)Arthropoda



¹ Paps, J., J. Baguna, et al. (2009). Bilateral Phylogeny: A Broad Sampling of 13 Nuclear Genes Provides a New Lophotrochozoa Phylogeny and Supports a Paraphyletic Basal Acoelomorpha. *Molecular Biology and Evolution*. **26**: 2397-2406.

² Peterson, K. J. and D. J. Eernisse (2001). Animal phylogeny and the ancestry of bilaterians: inferences from morphology and 18S rDNA gene sequences. *Evolution & Development*. **3**: 170-205.

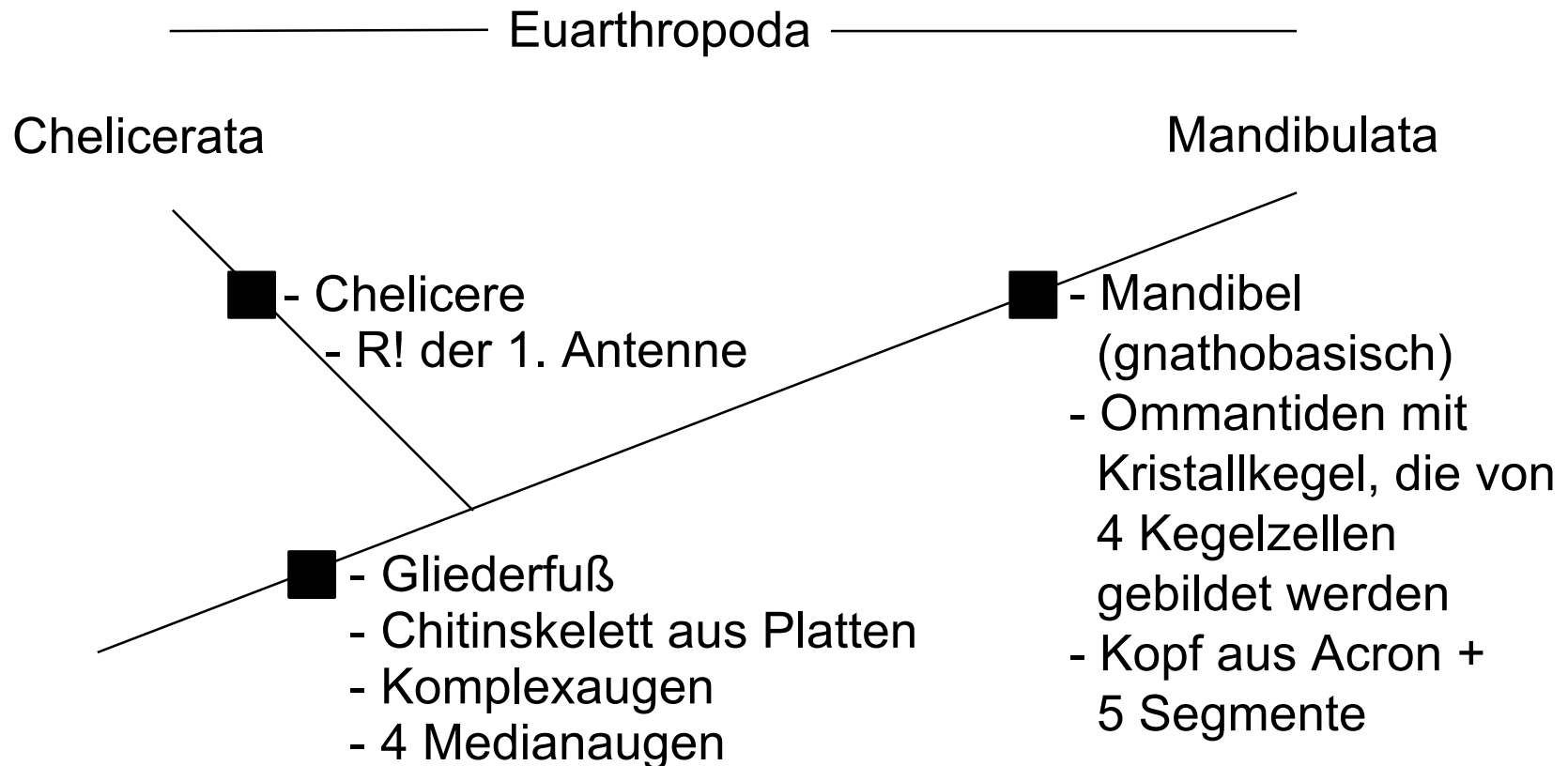
N.N. (Onychophora + Euarthropoda)



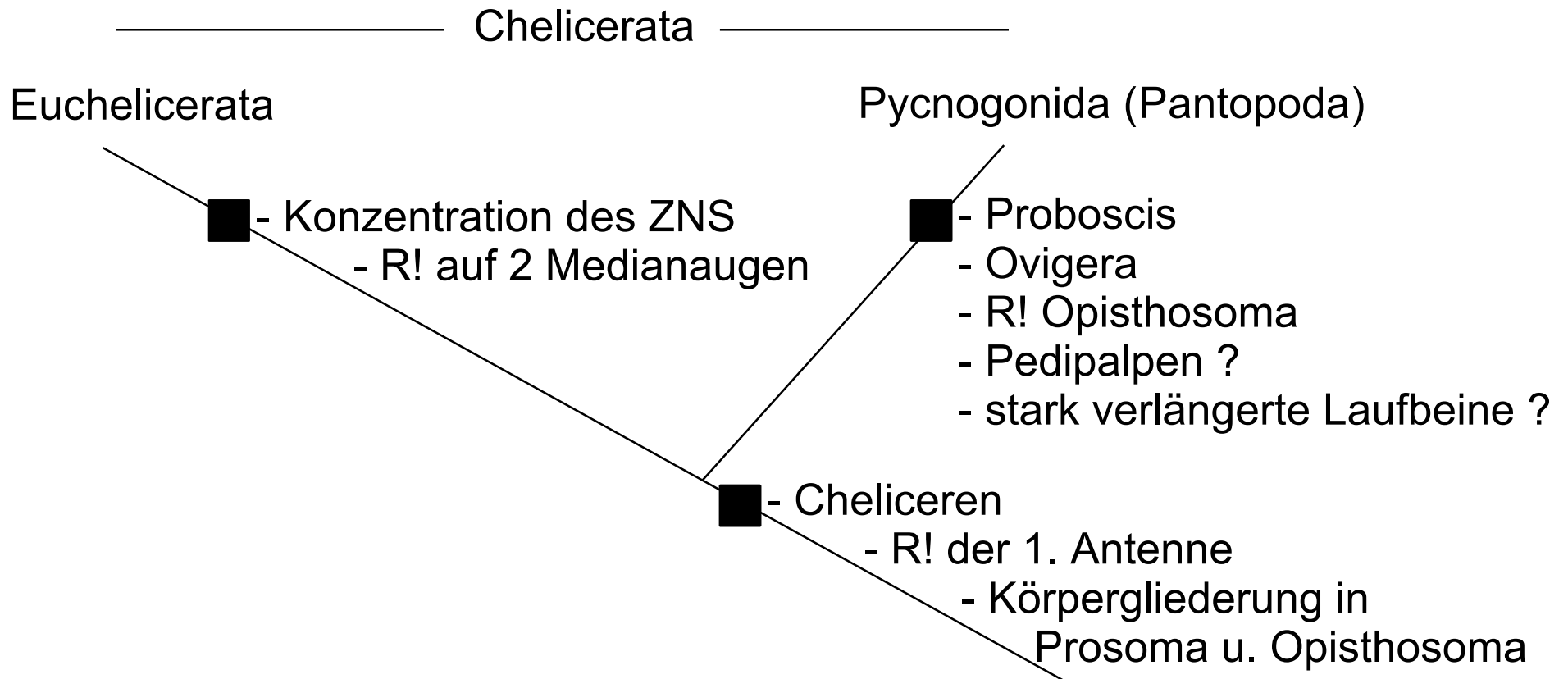
¹ Paps, J., J. Baguna, et al. (2009). Bilaterian Phylogeny: A Broad Sampling of 13 Nuclear Genes Provides a New Lophotrochozoa Phylogeny and Supports a Paraphyletic Basal Acoelomorpha. *Molecular Biology and Evolution*. **26**: 2397-2406.

² Peterson, K. J. and D. J. Eernisse (2001). Animal phylogeny and the ancestry of bilaterians: inferences from morphology and 18S rDNA gene sequences. *Evolution & Development*. **3**: 170-205.

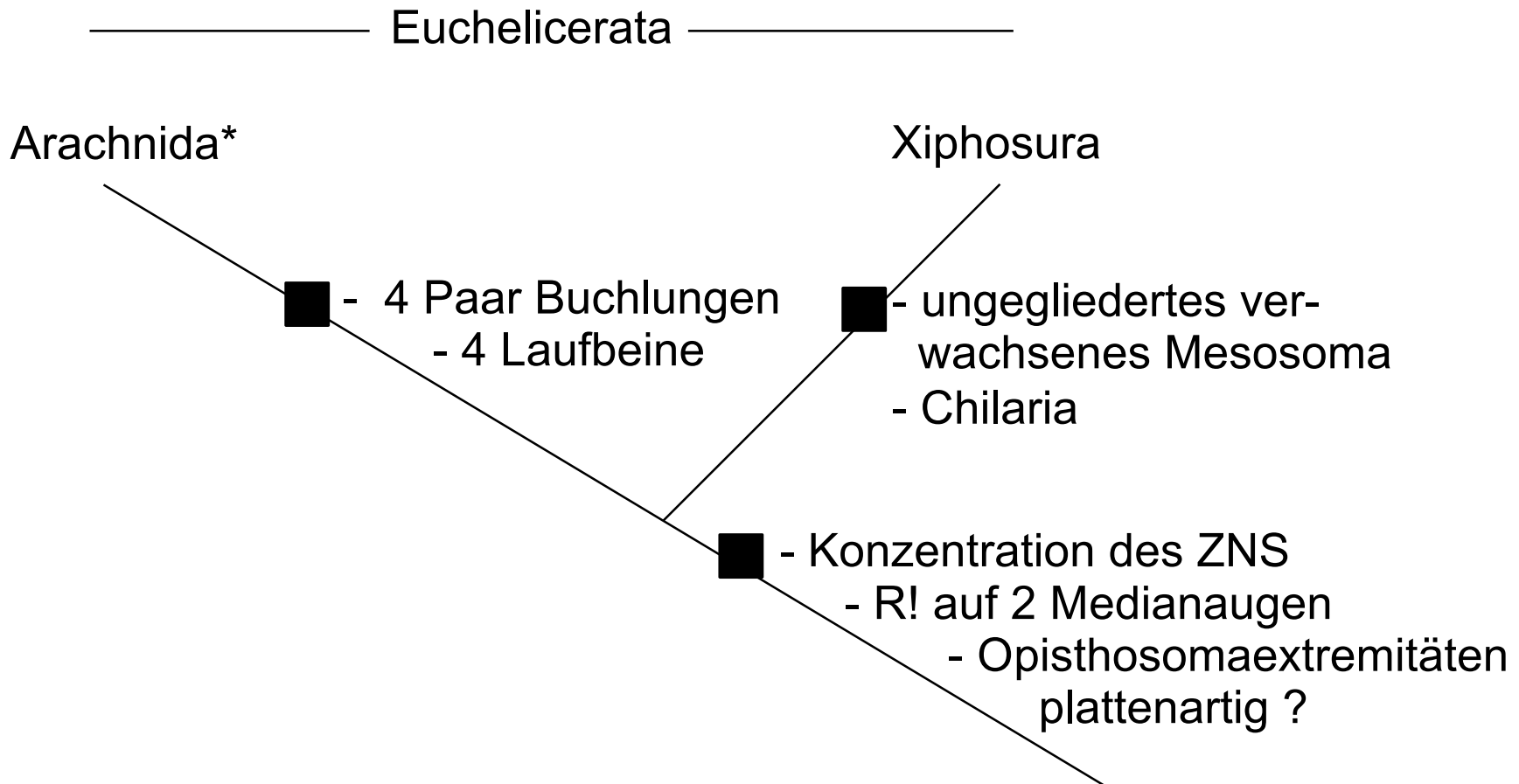
Euarthropoda



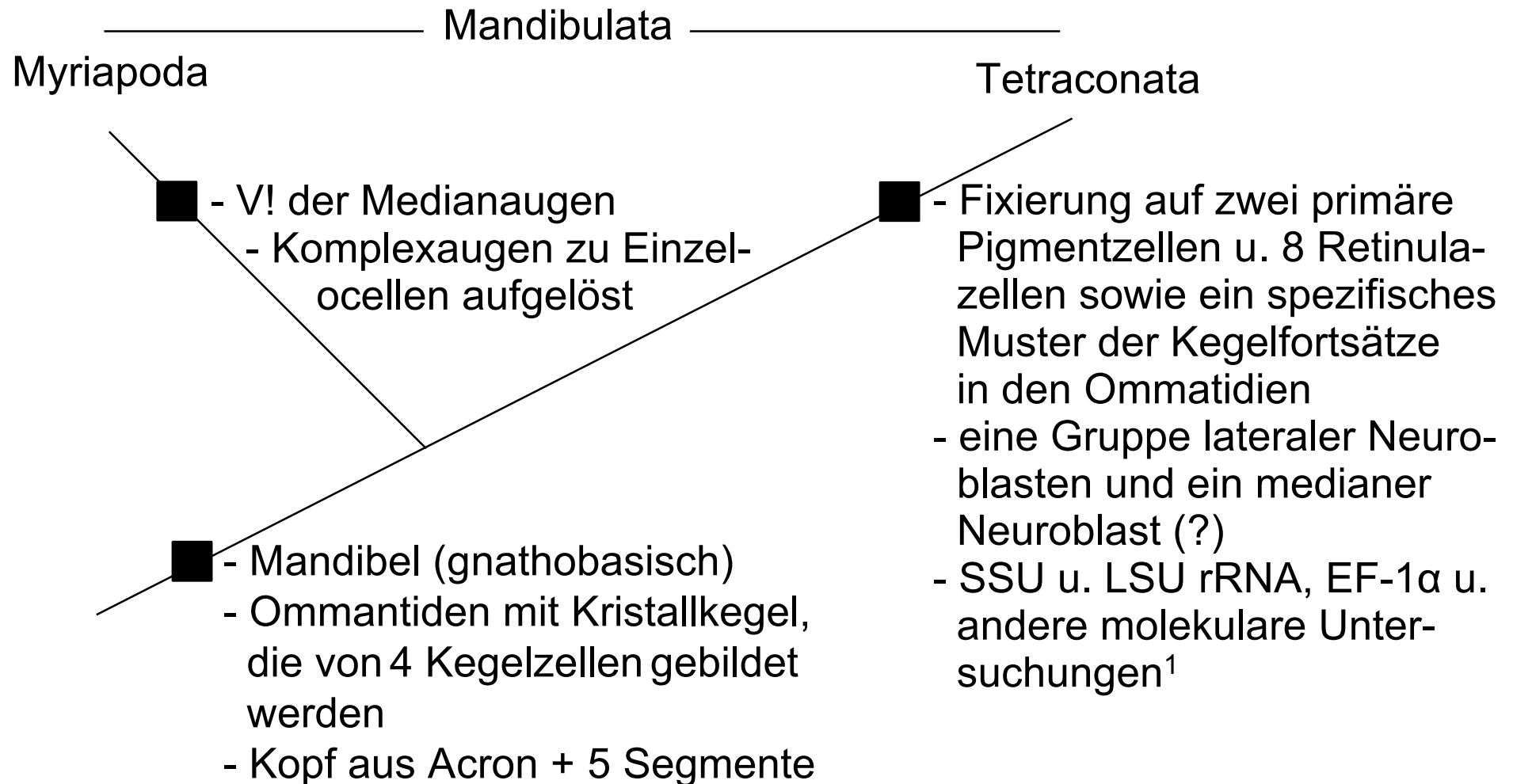
Chelicerata



Euchelicerata

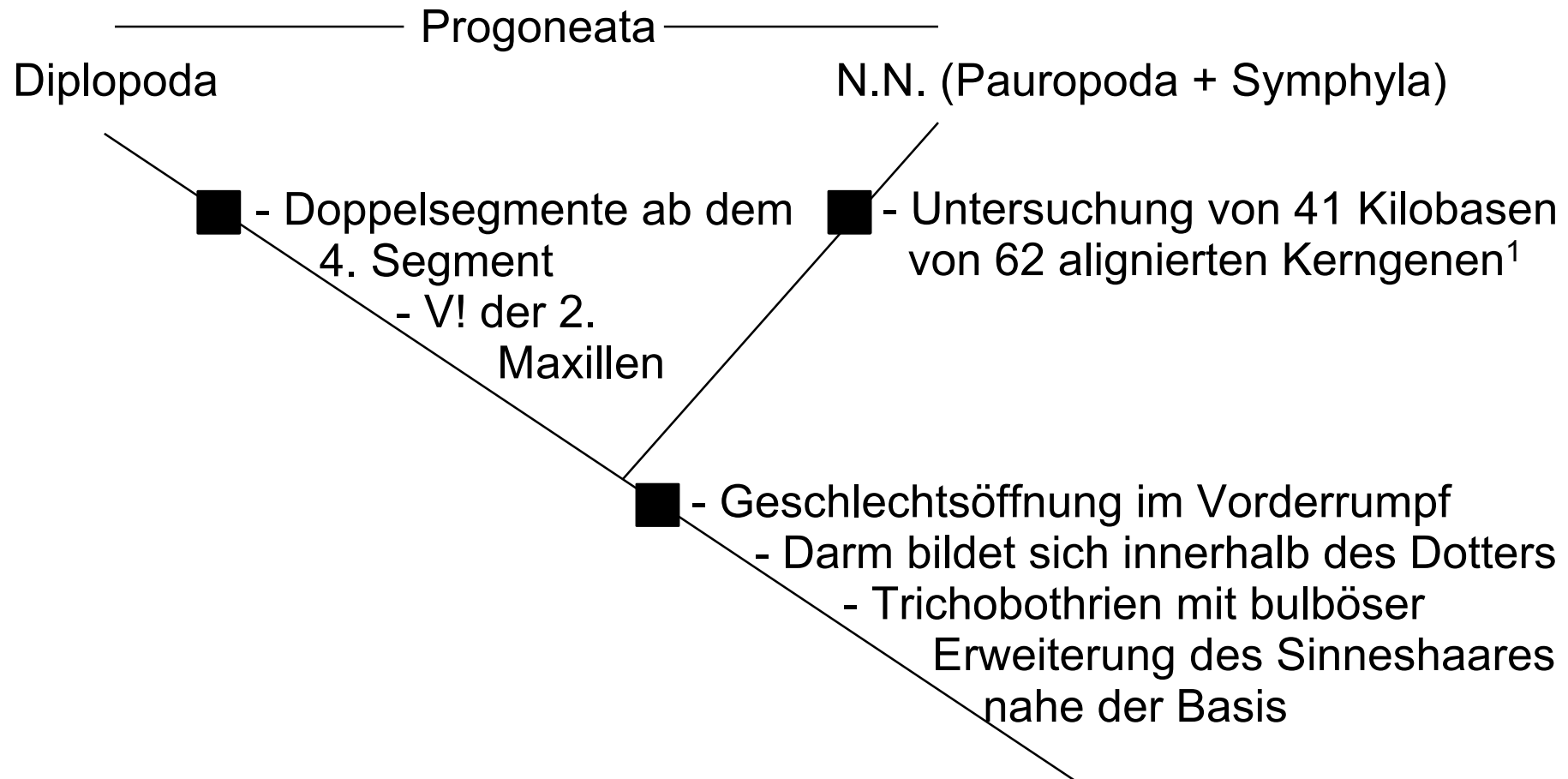


Mandibulata



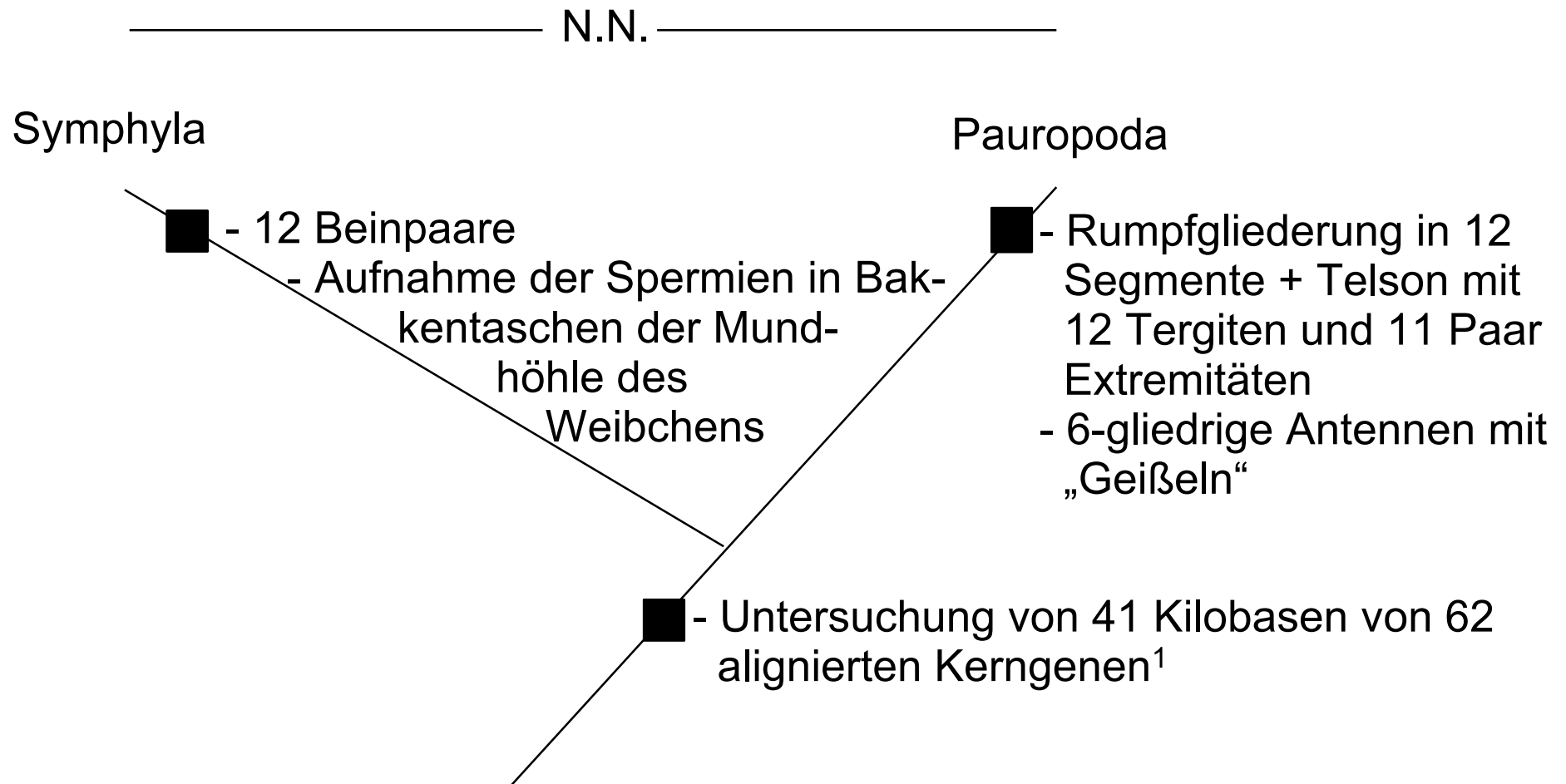
¹ aufgelistet in: Halanych, K. M. (2004). THE NEW VIEW OF ANIMAL PHYLOGENY. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* **35**: 229-256.

Progoneata



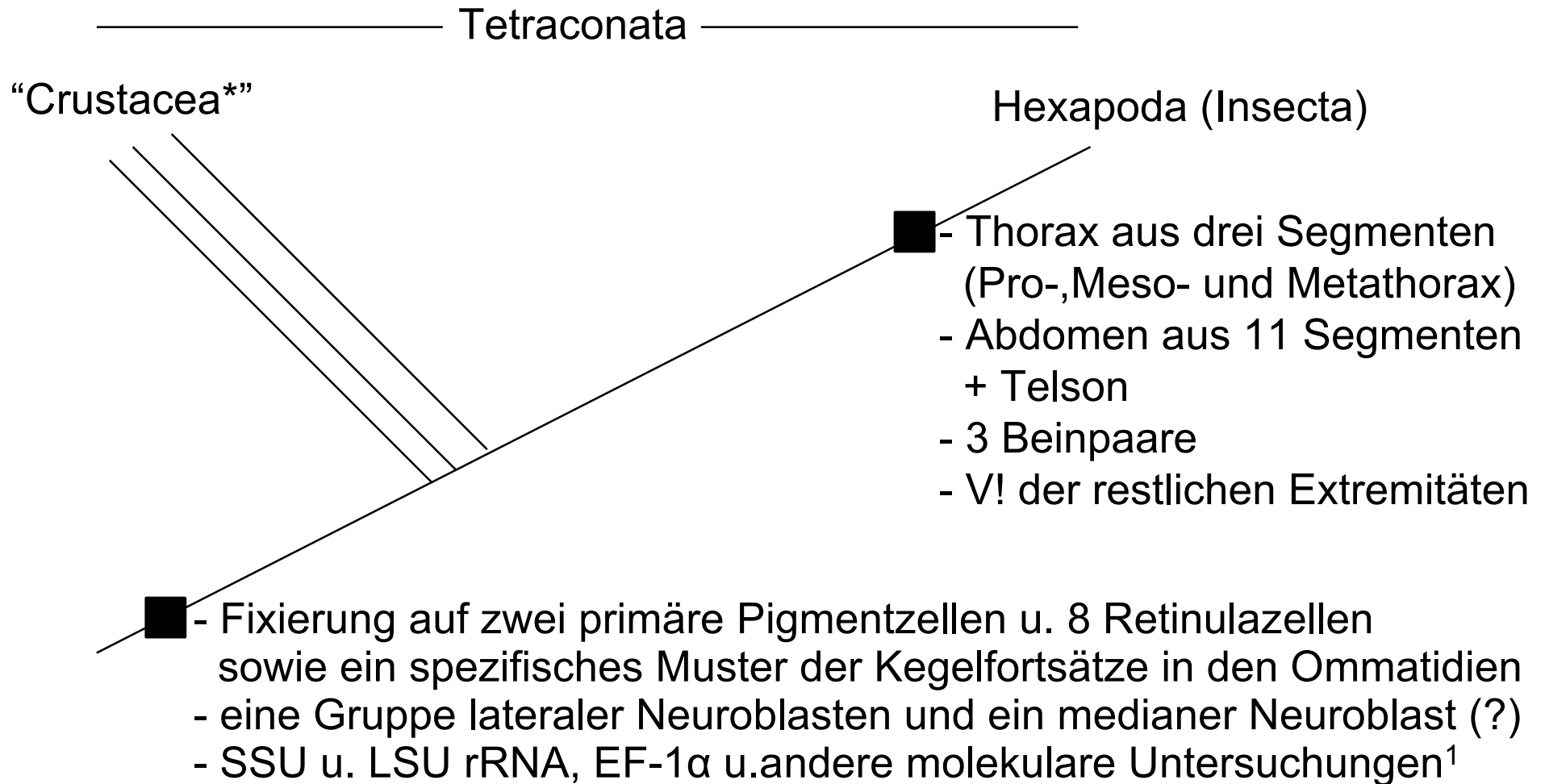
¹ Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. *Nature*. **463**: 1079-1083.

N.N. (Pauropoda + Symphyla)



¹ Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein coding sequences. *Nature*. **463**: 1079-1083.

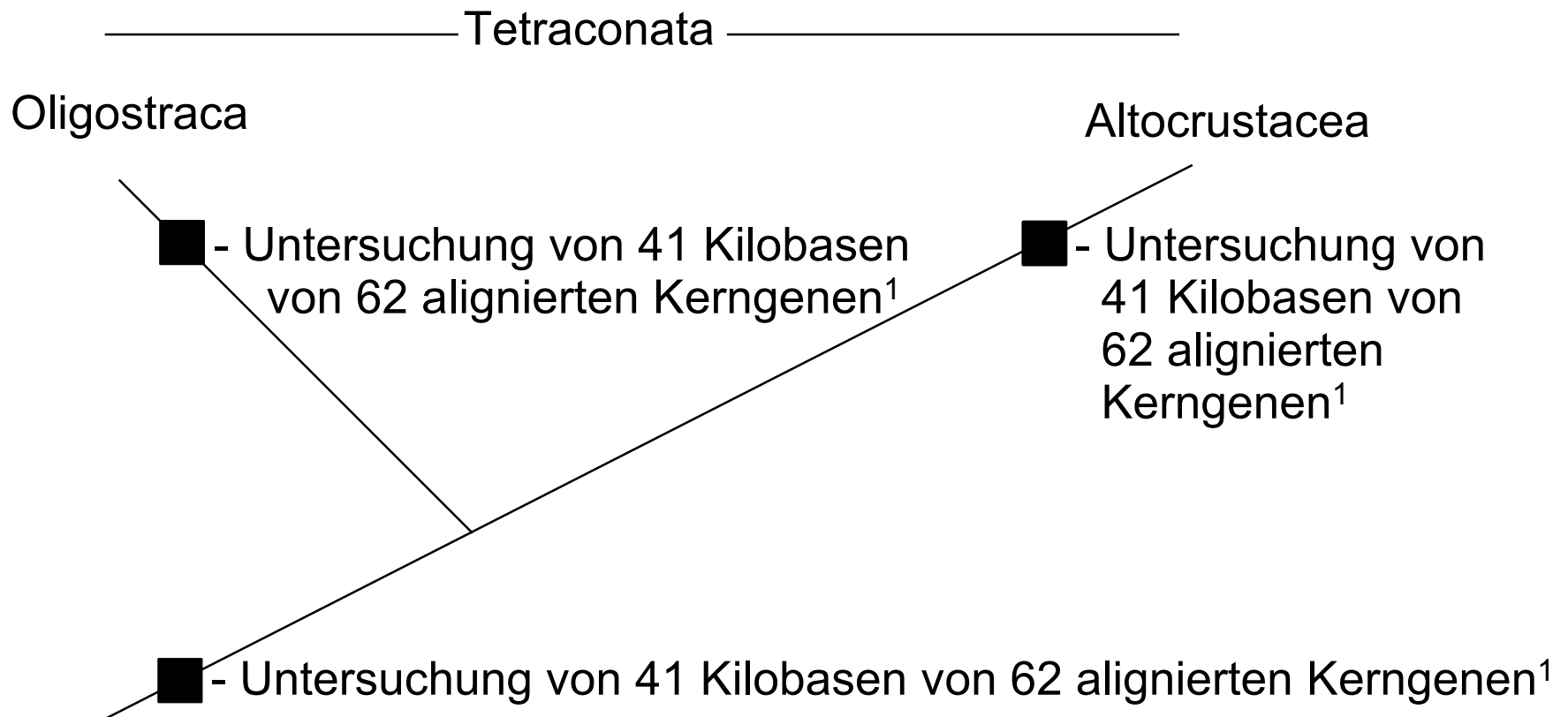
Tetraconata



¹ aufgelistet in: Halanych, K. M. (2004). THE NEW VIEW OF ANIMAL PHYLOGENY. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* **35**: 229-256.

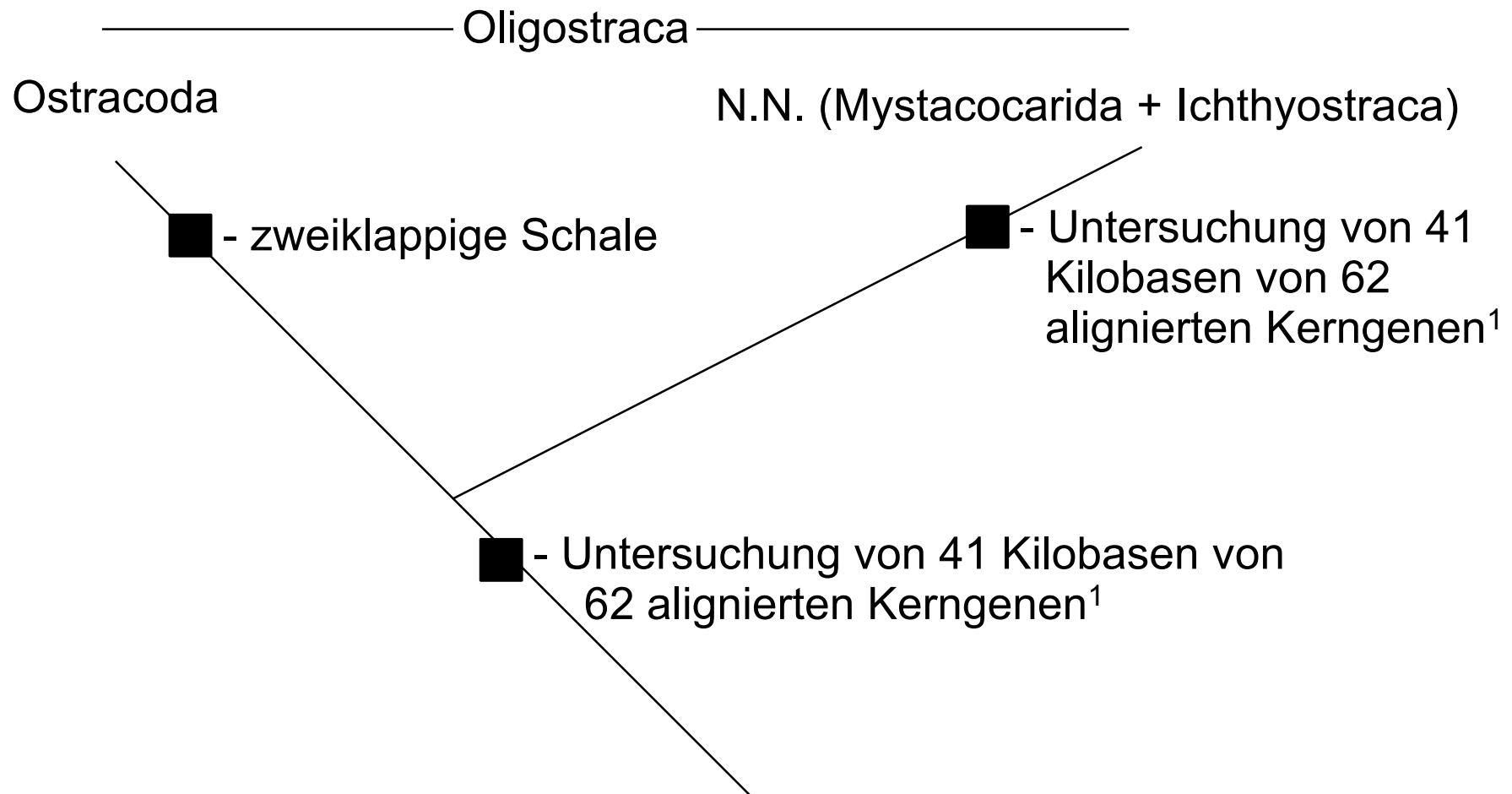
Tetraconata

nach Regier et. al. 2010



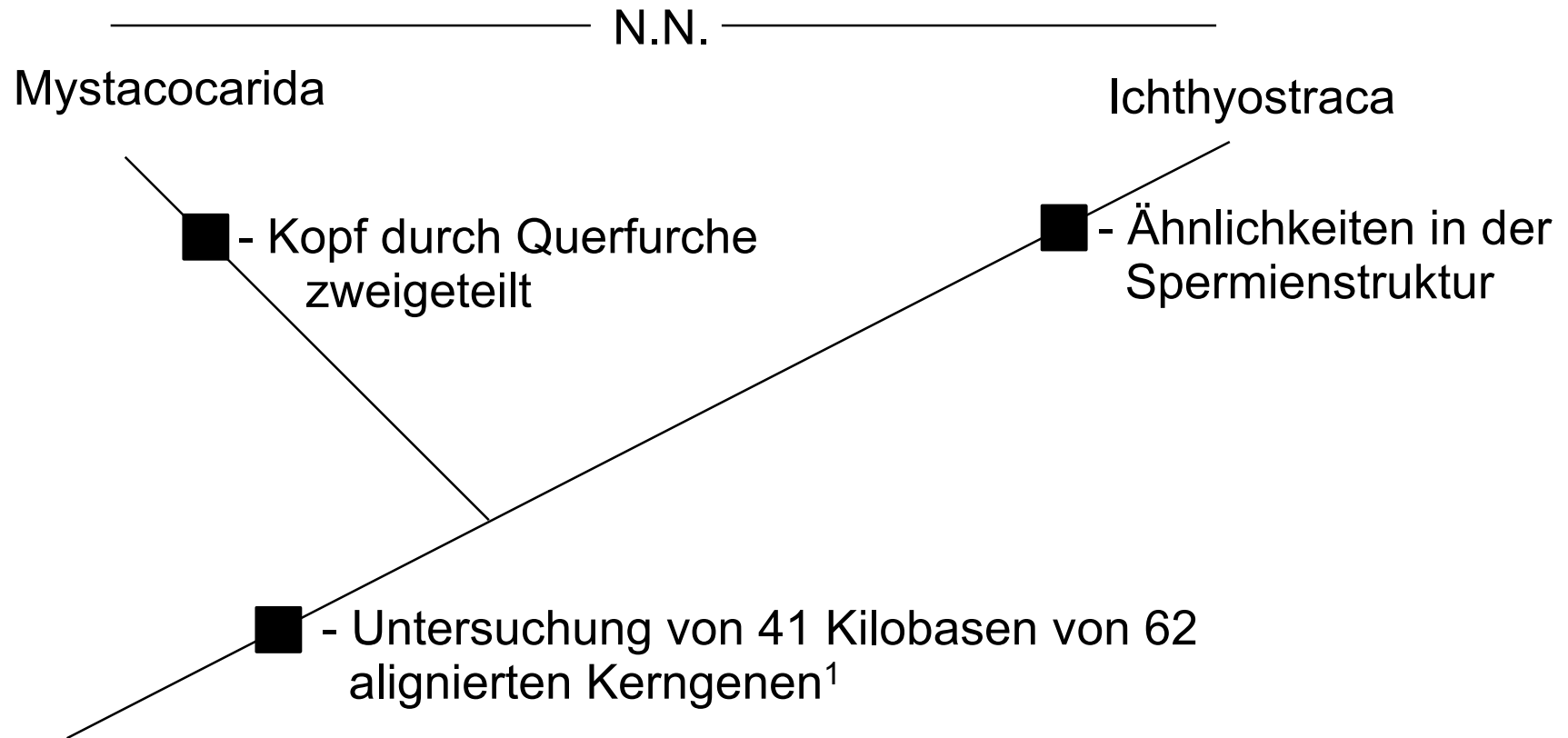
¹ Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. *Nature*. **463**: 1079-1083.

Oligostraca



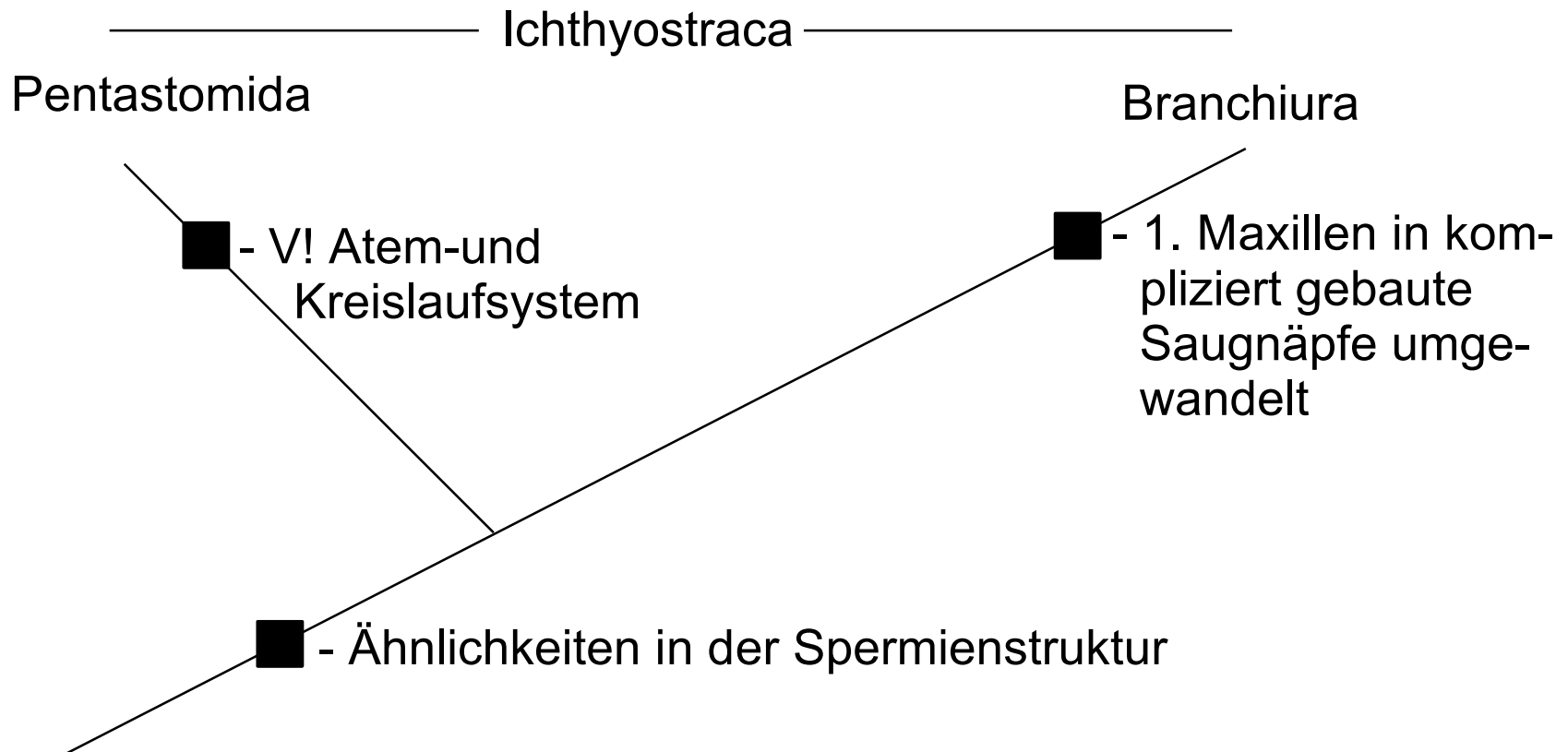
¹ Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. *Nature*. **463**: 1079-1083.

N.N. (Mystacocarida + Ichthyostraca)

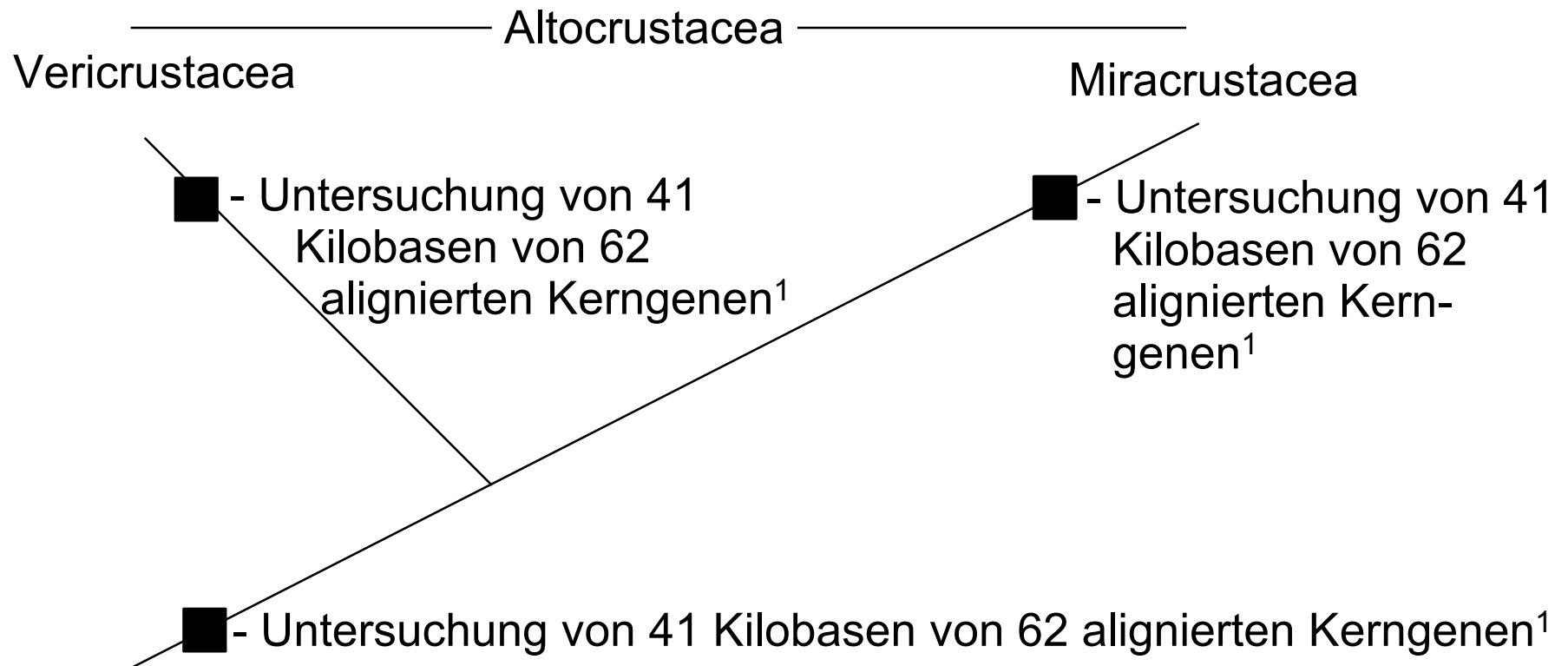


¹ Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. *Nature*. **463**: 1079-1083.

Ichthyostraca

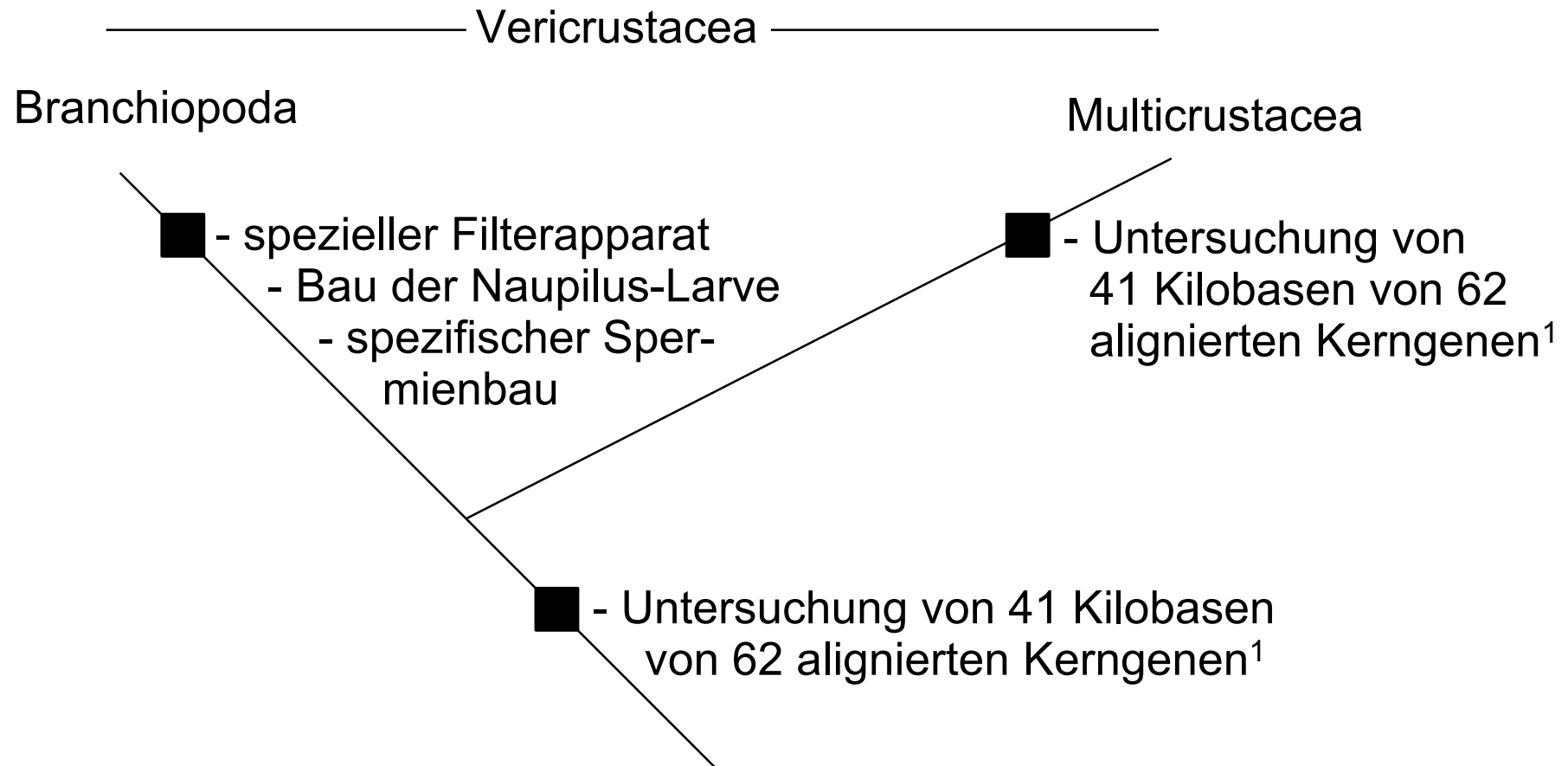


Altocrustacea



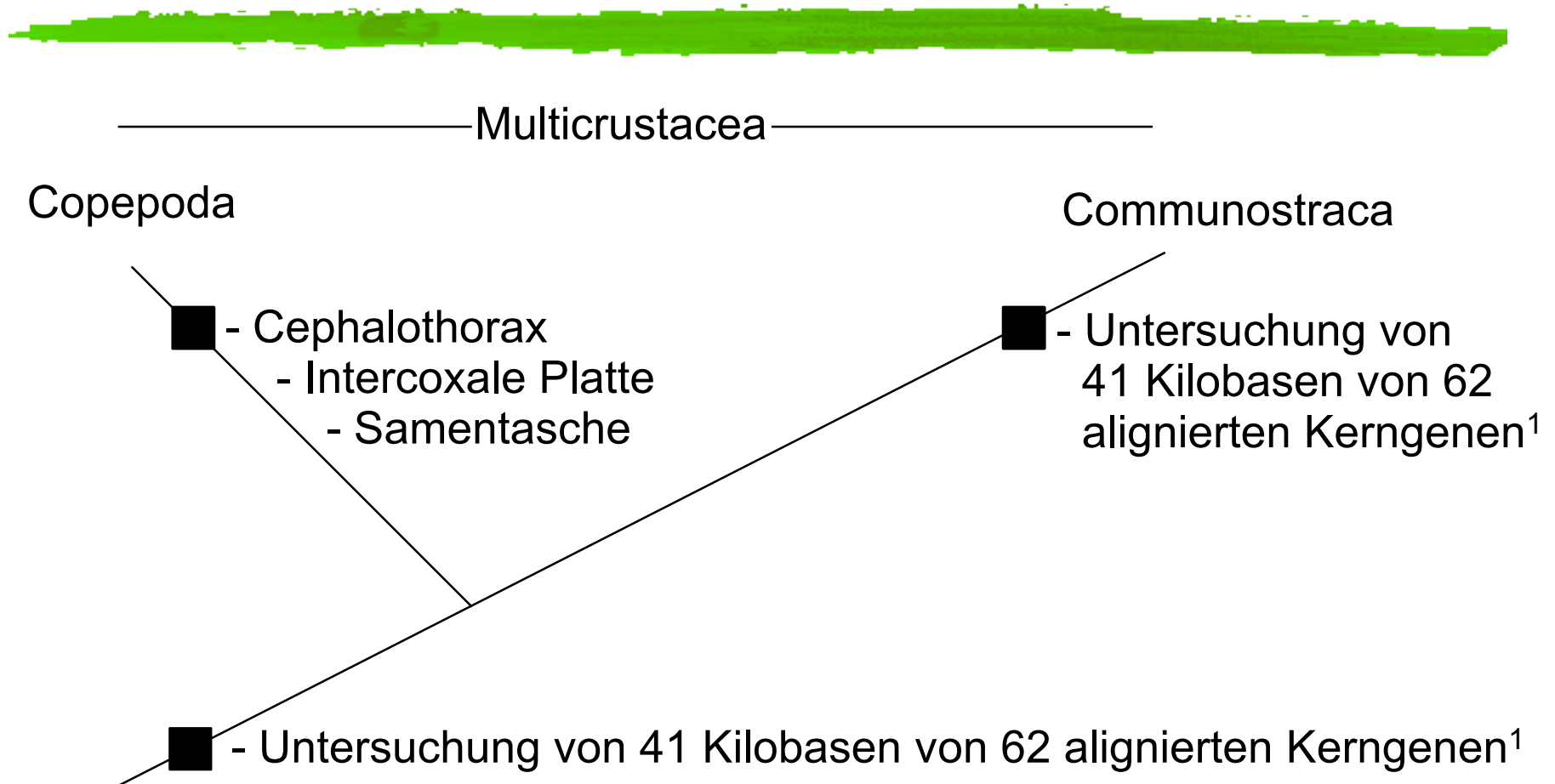
¹ Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. *Nature*. **463**: 1079-1083.

Vericrustacea



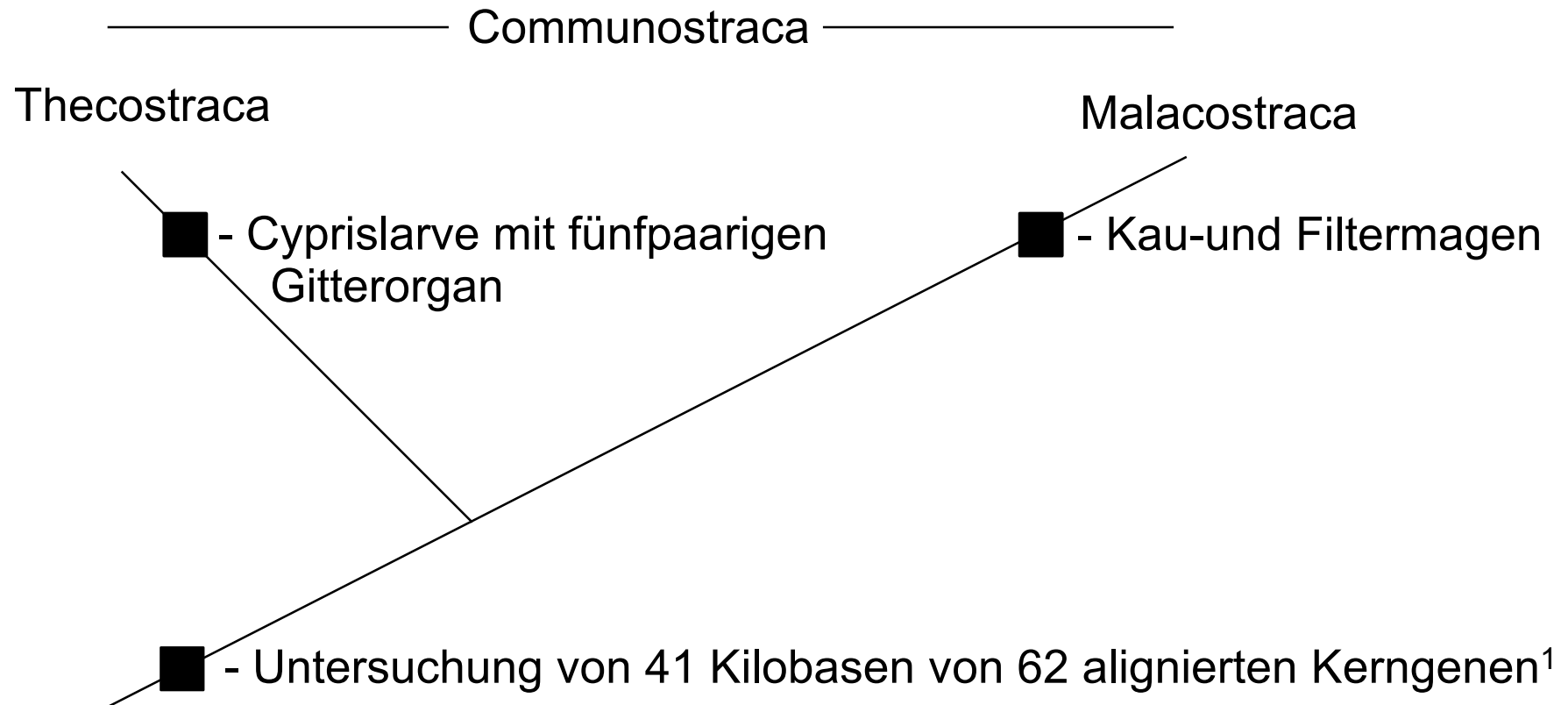
¹ Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. *Nature*. **463**: 1079-1083.

Multicrustacea



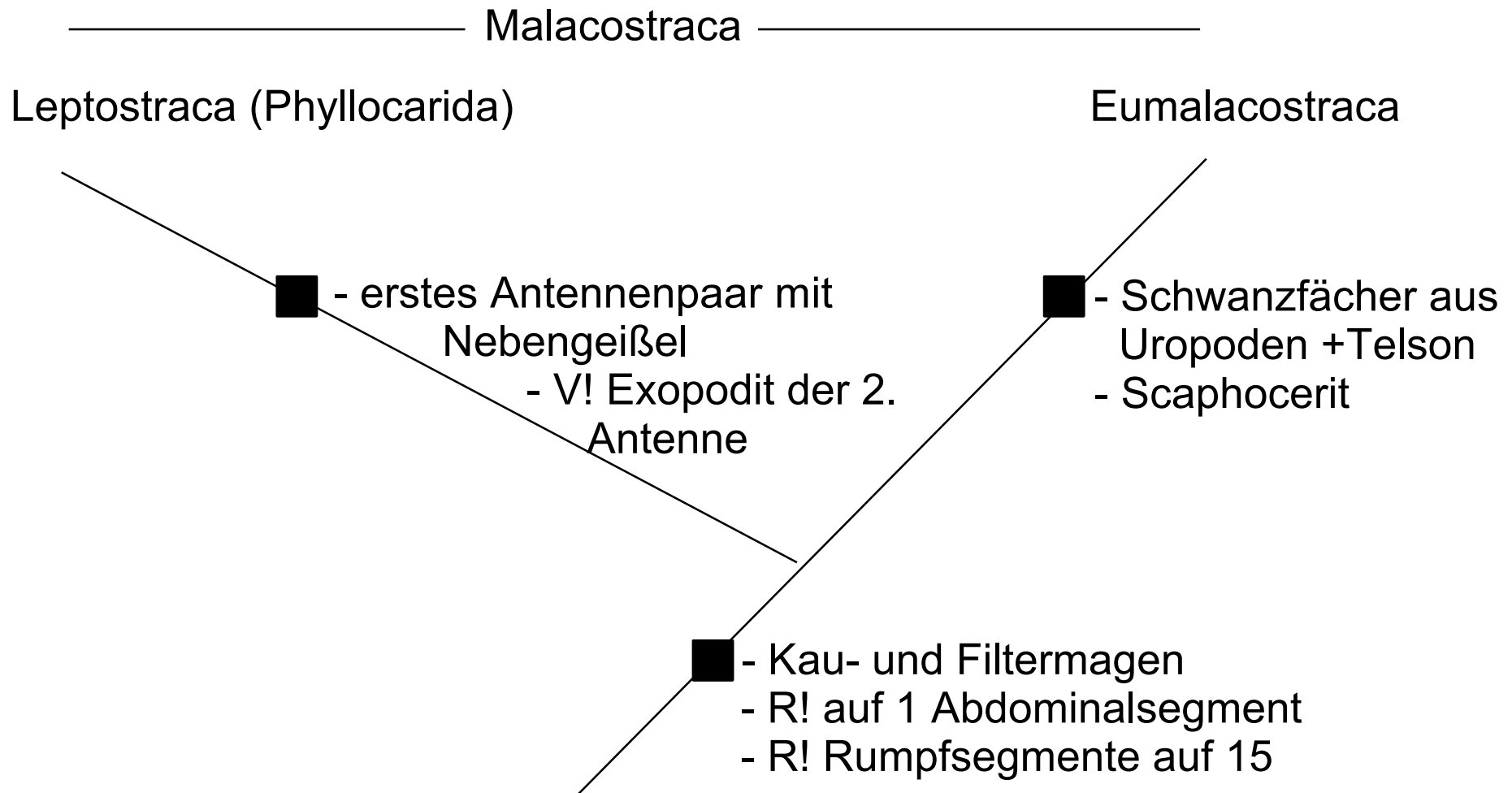
¹ Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. *Nature*. **463**: 1079-1083.

Communostraca

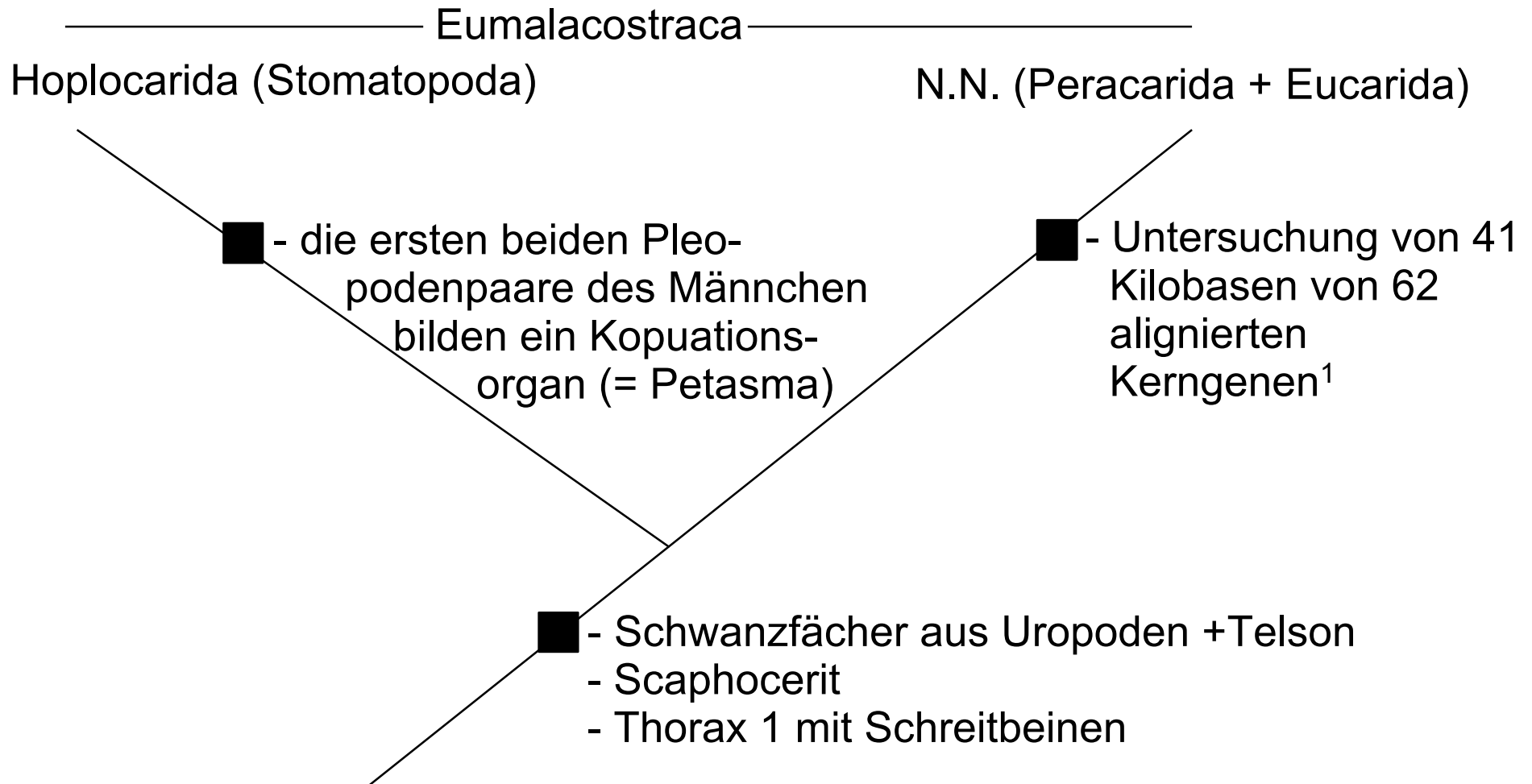


¹ Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. *Nature*. **463**: 1079-1083.

Malacostraca

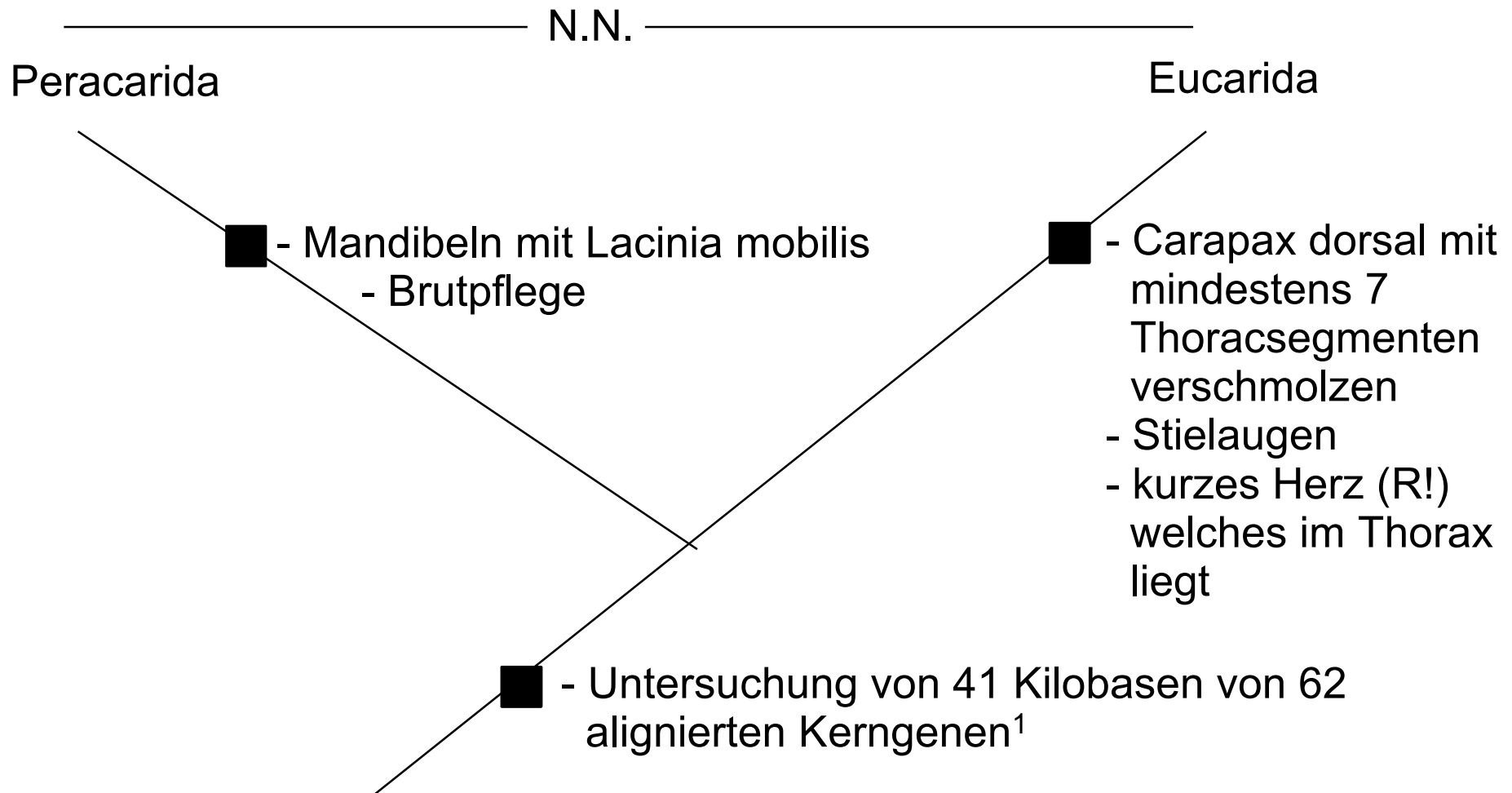


Eumalacostraca



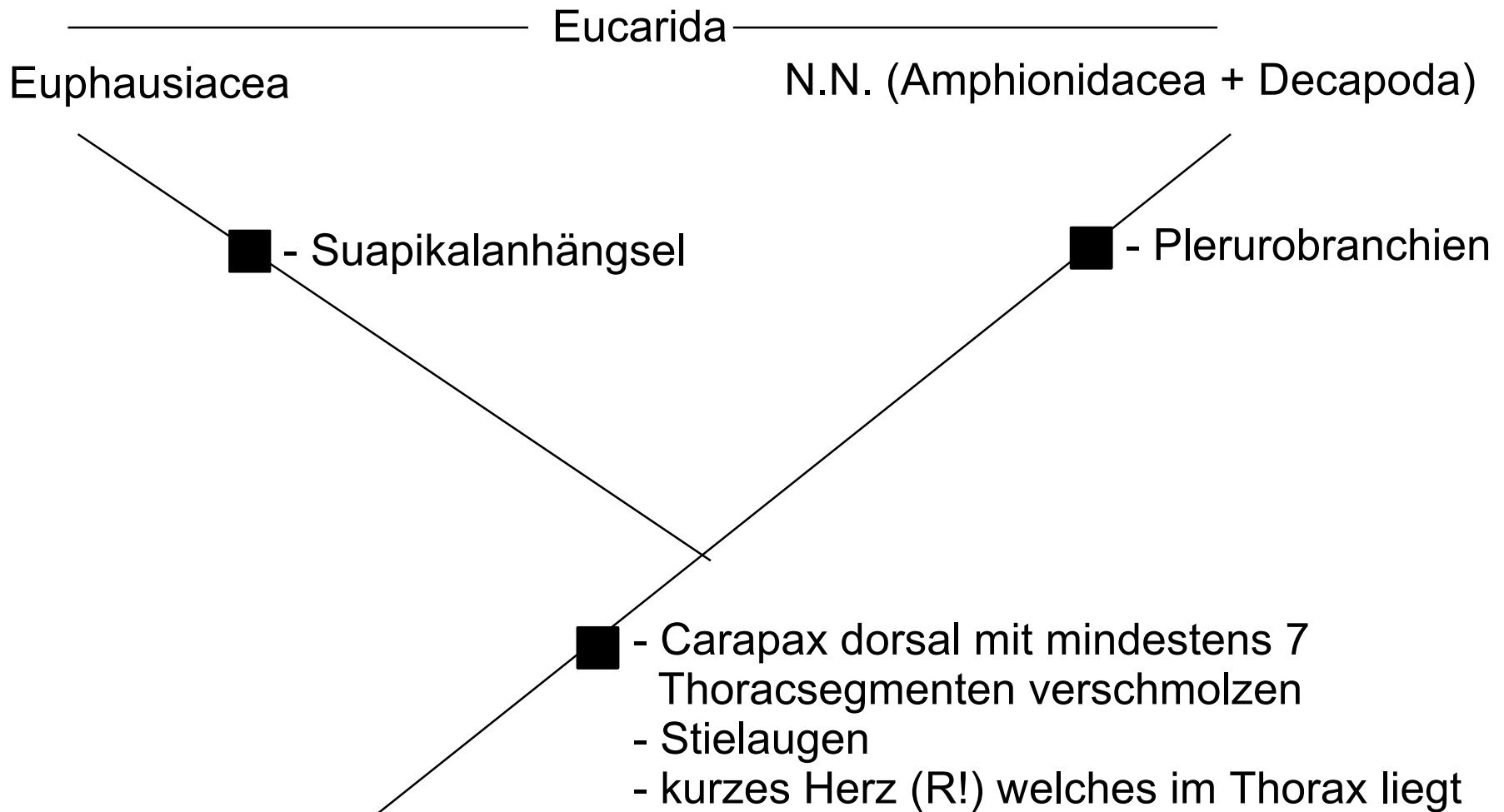
¹ Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. *Nature*. **463**: 1079-1083.

N.N. (Peracarida + Eucarida)

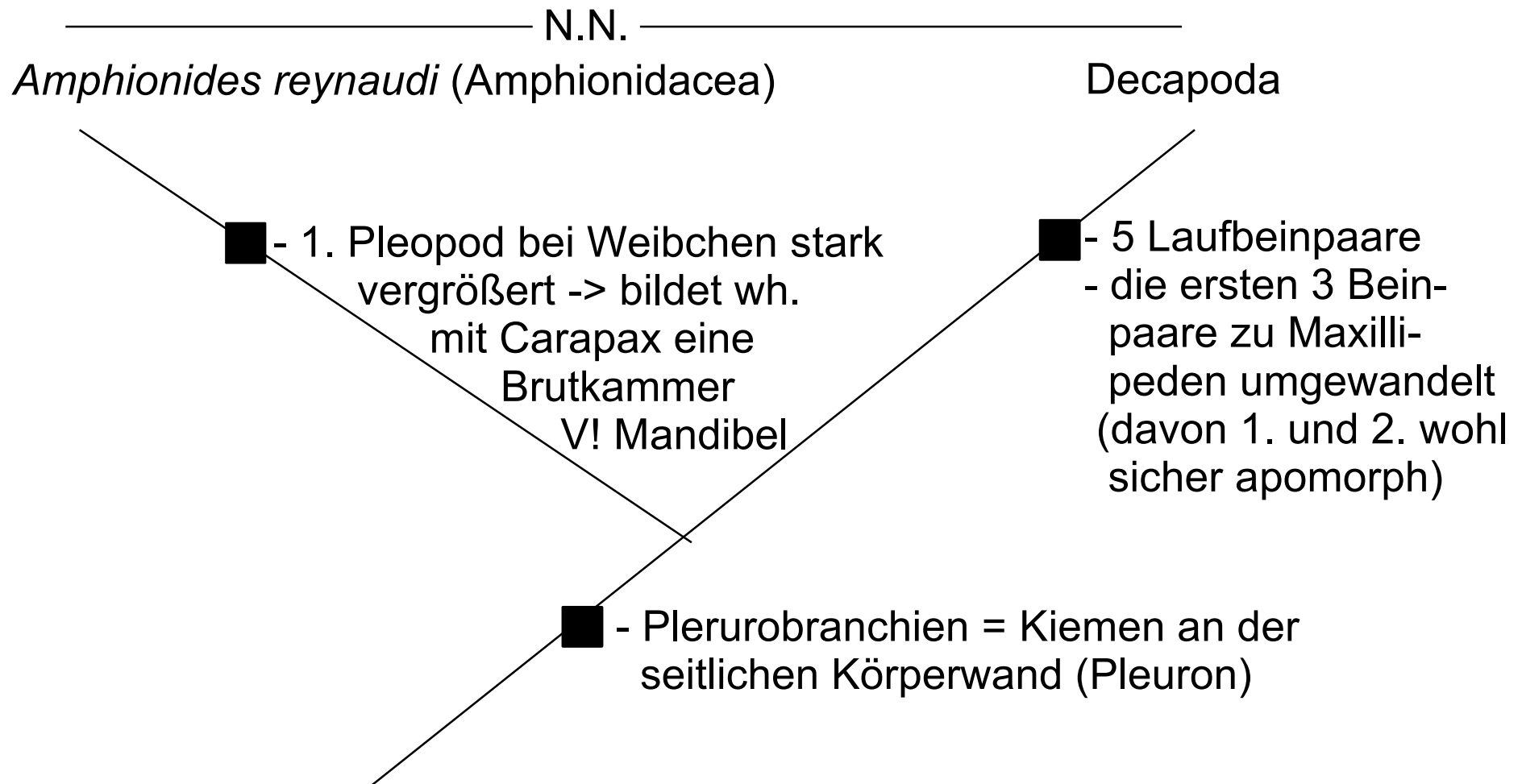


¹ Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. *Nature*. **463**: 1079-1083.

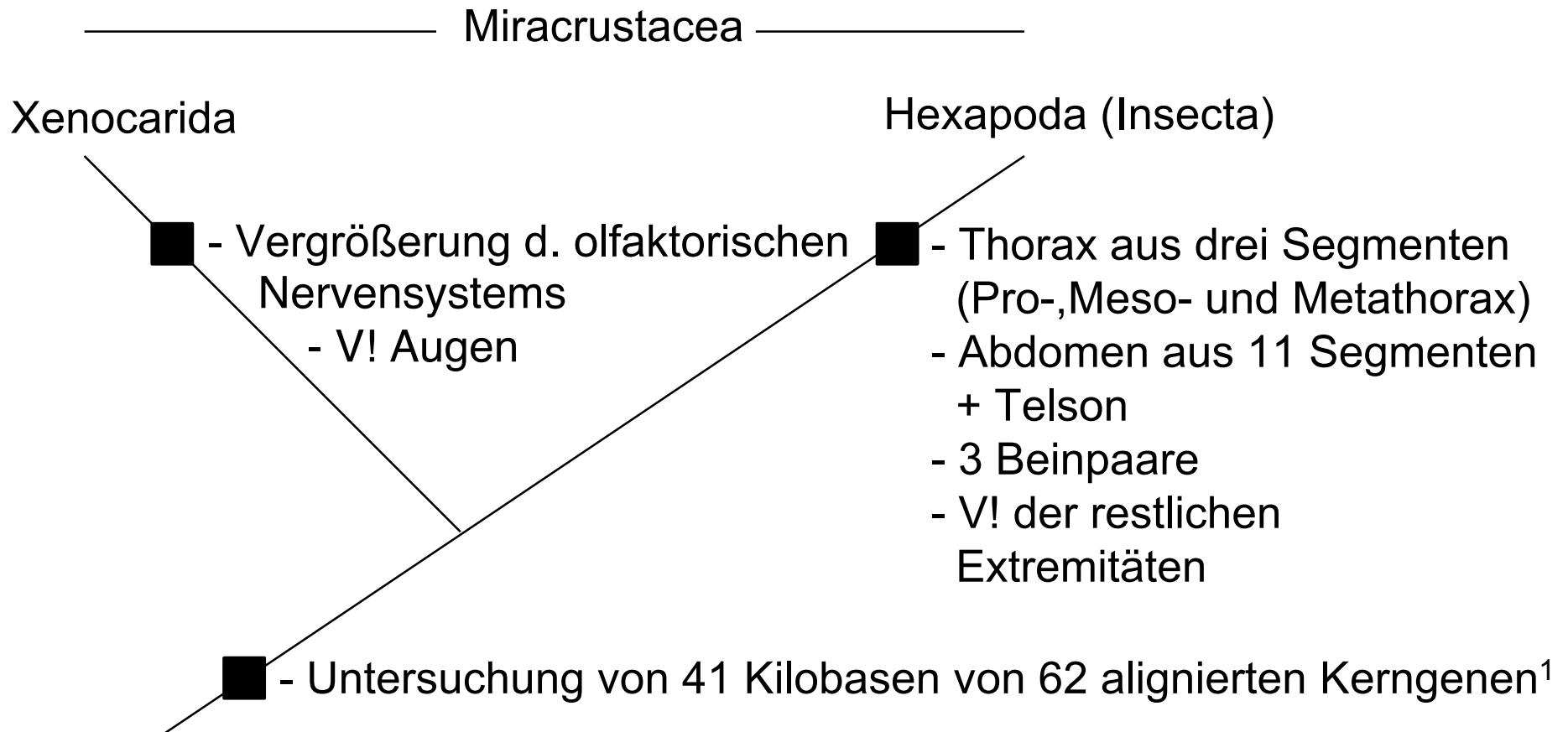
Eucarida



N.N. (Amphionidacea + Decapoda)

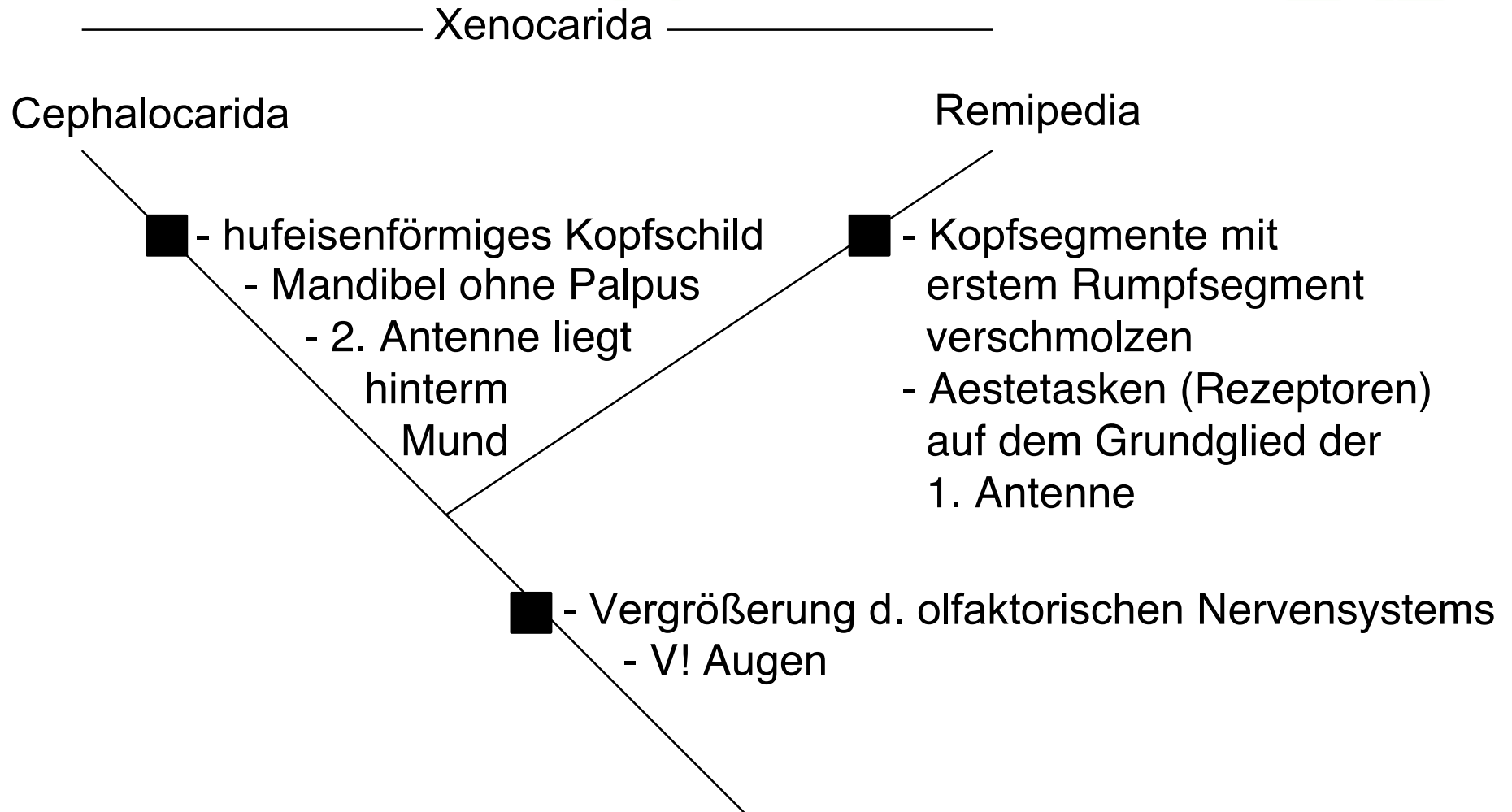


Miracrustacea

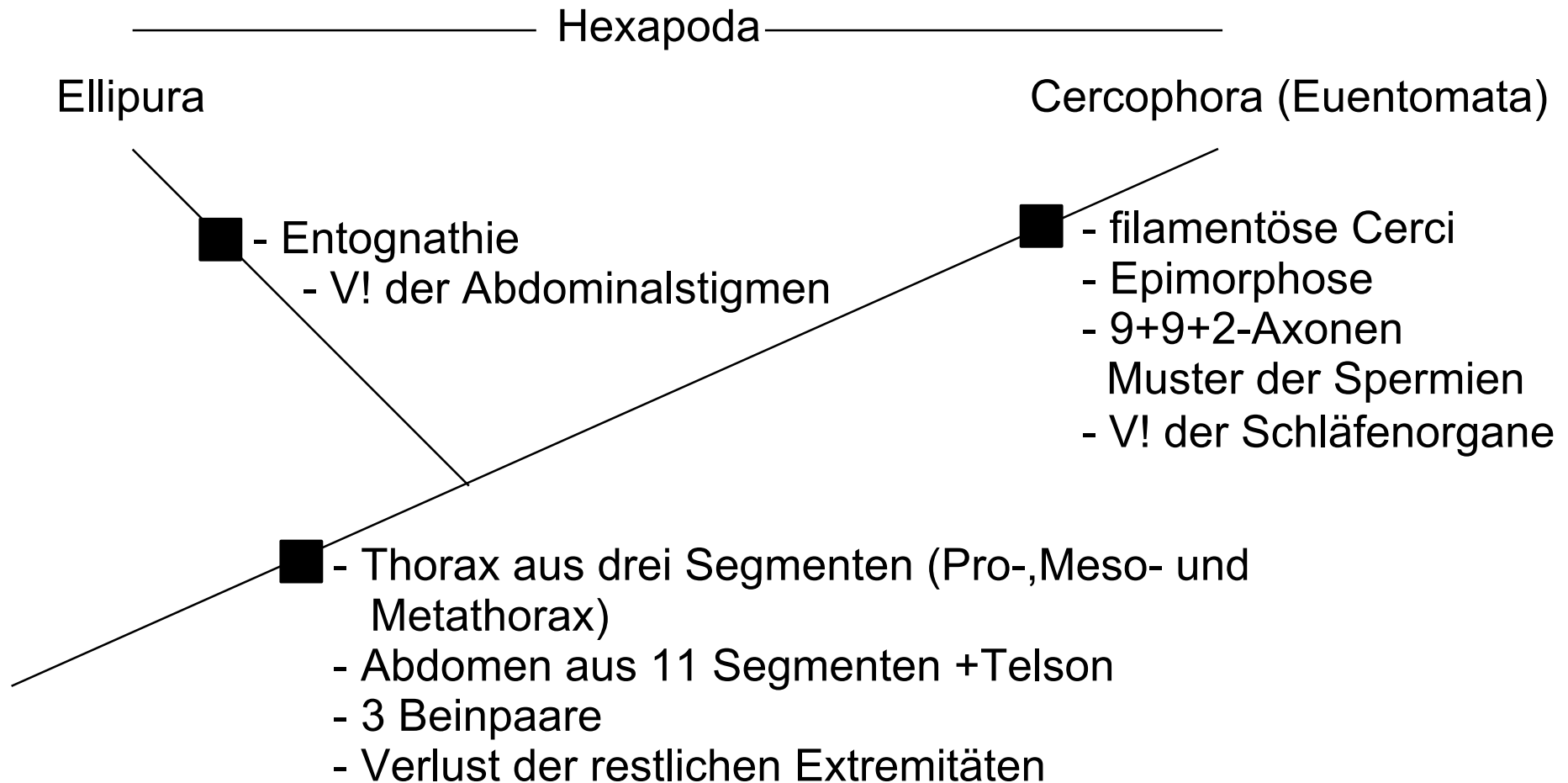


¹ Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. *Nature*. **463**: 1079-1083.

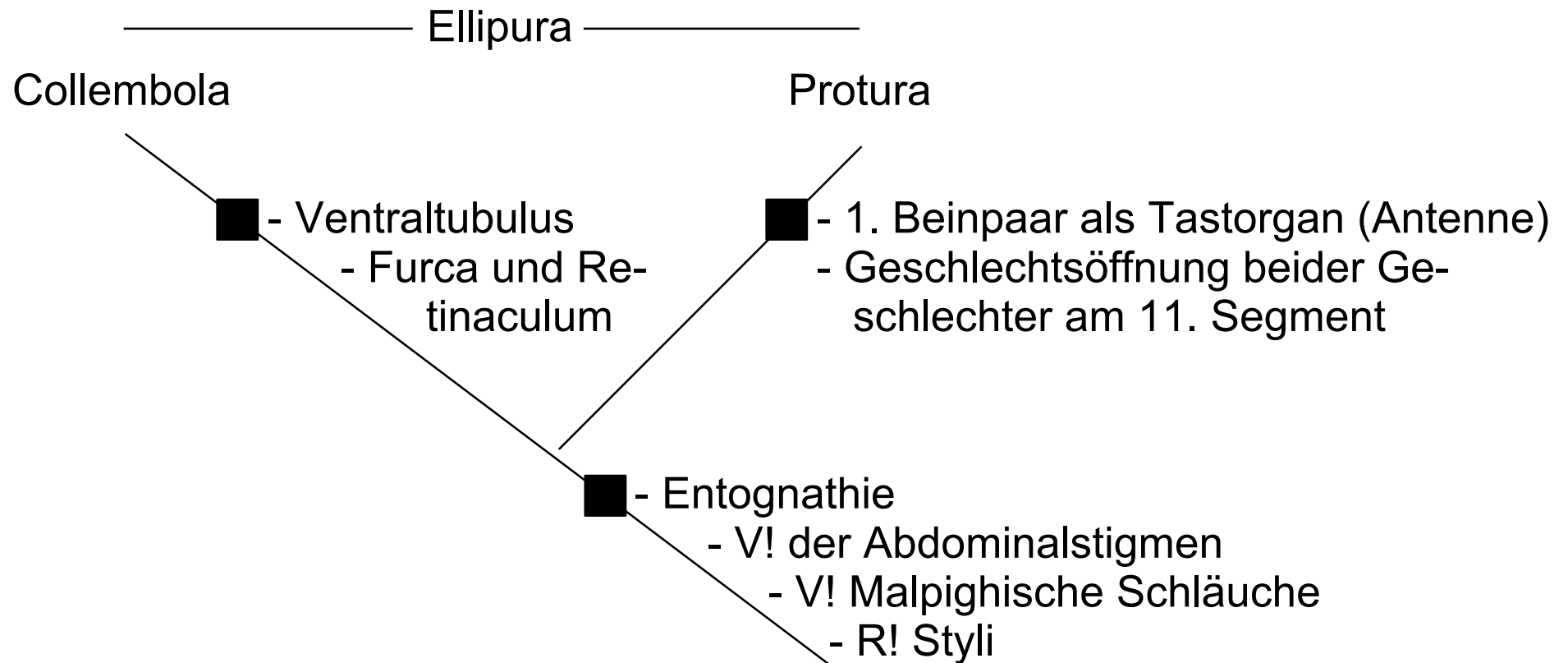
Xenocarida



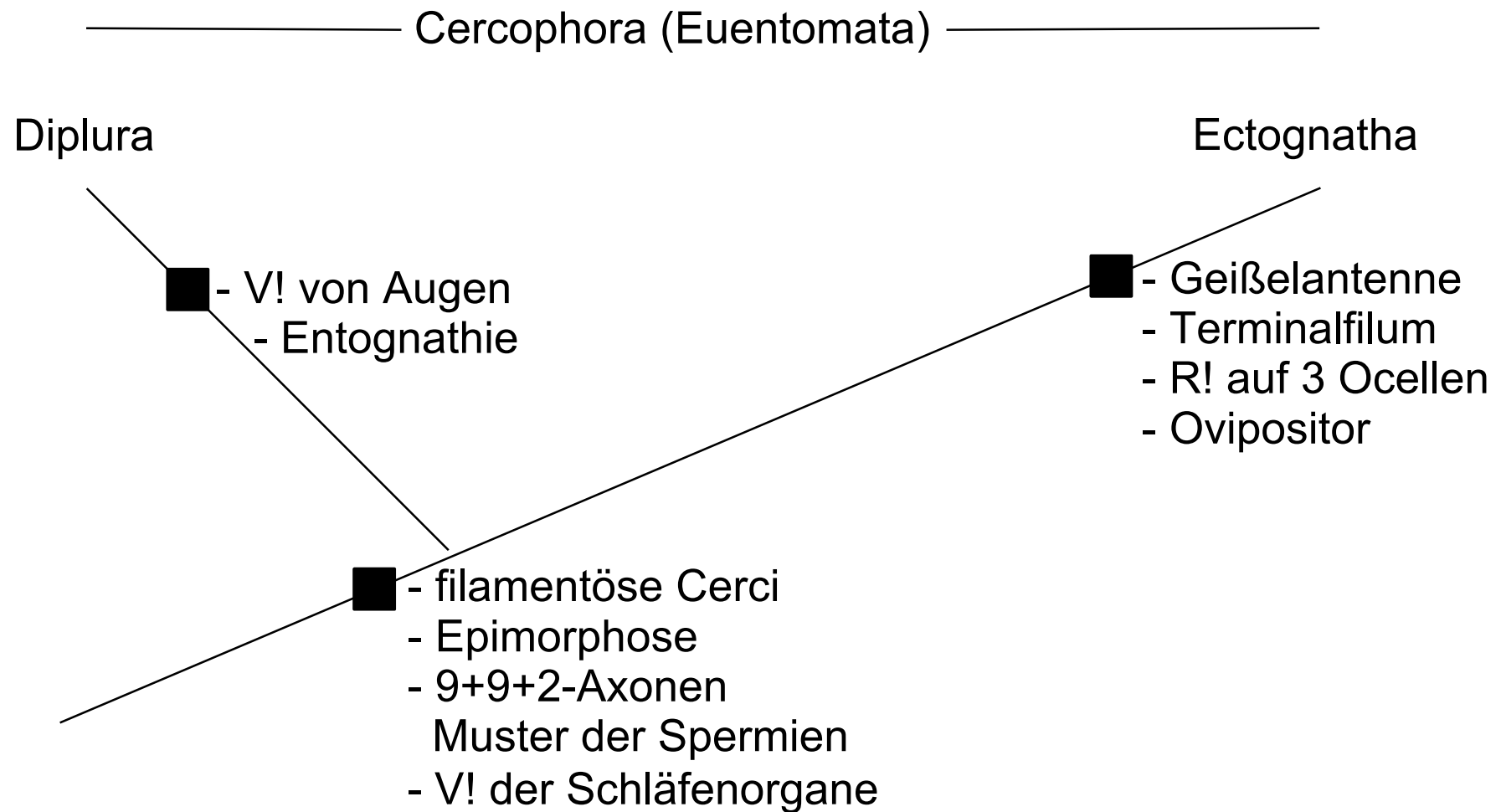
Hexapoda (Insecta)



Ellipura



Cercophora (Euentomata)



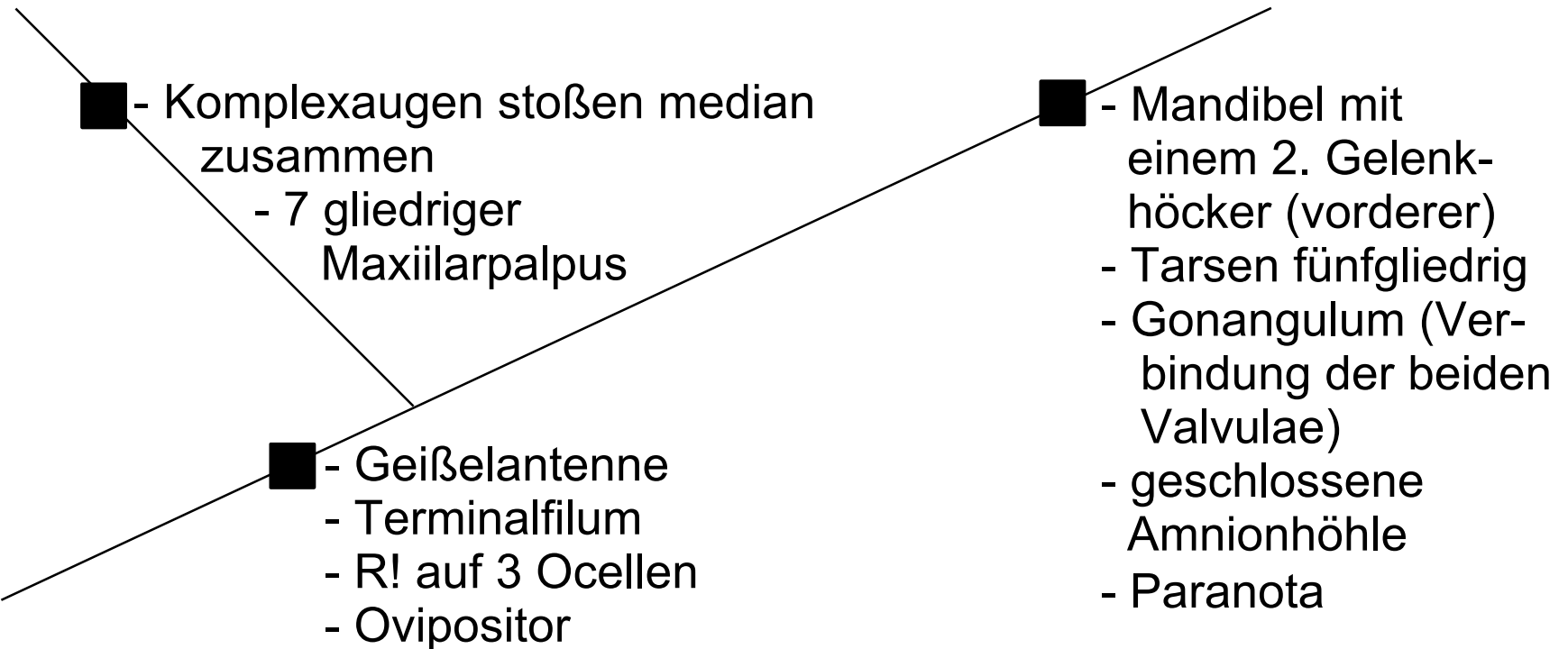
Ectognatha



————— Ectognatha —————

Archaeognatha

Dicondylia



Dicondylia



Dicondylia

Zygentoma

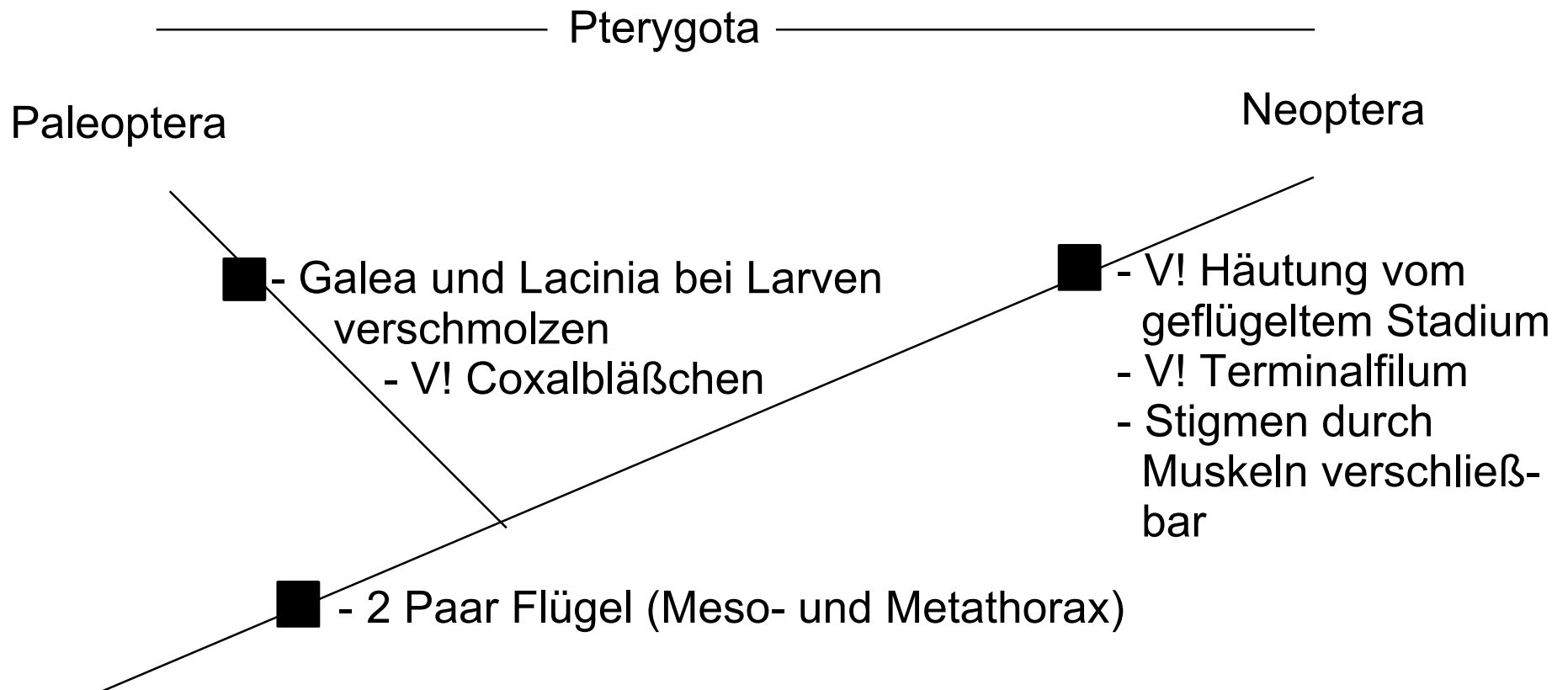
Pterygota

- - ein hakenförmiges Gelenk an der Basis der Cerci
- Körper dorsoventral abgeflacht
- V! Superlingula

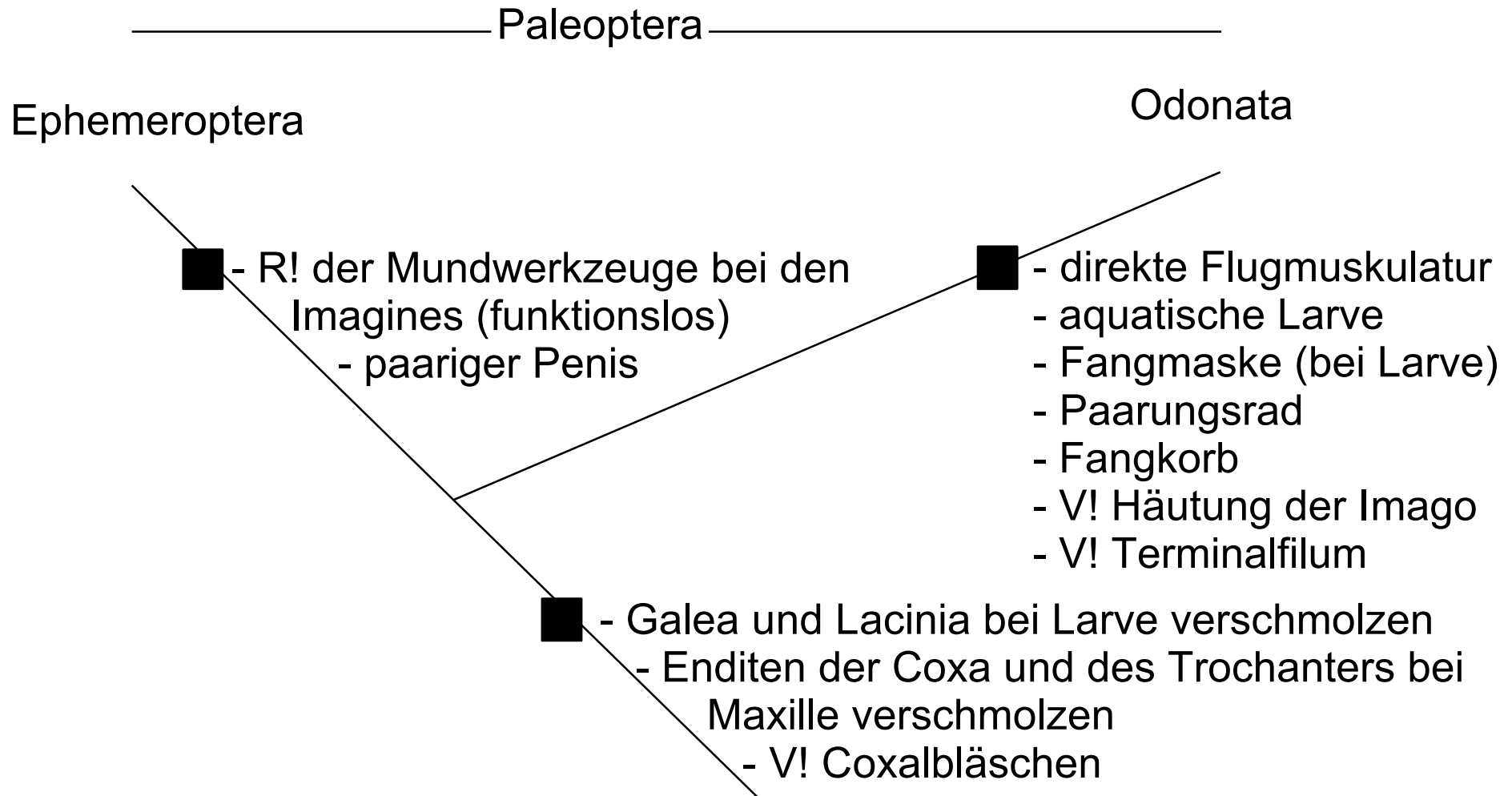
- - 2 Paar Flügel (Meso- und Metathorax)

- - Mandibel mit einem 2. Gelenkhöcker (vorderer)
- Tarsen fünfgliedrig
- Gonangulum (Verbindung der beiden Valvulae)
- geschlossene Amnionhöhle
- Paranota

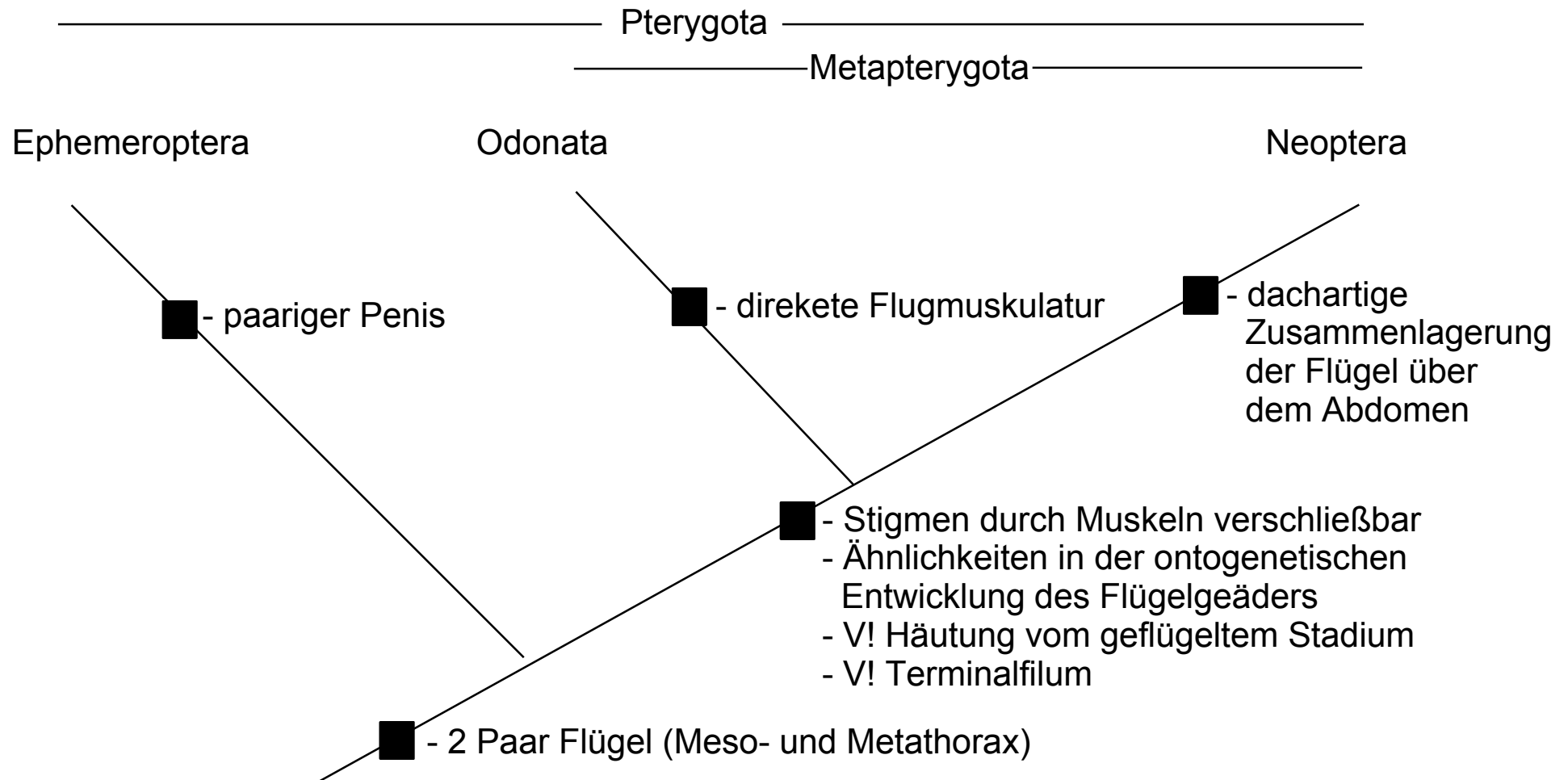
Pterygota



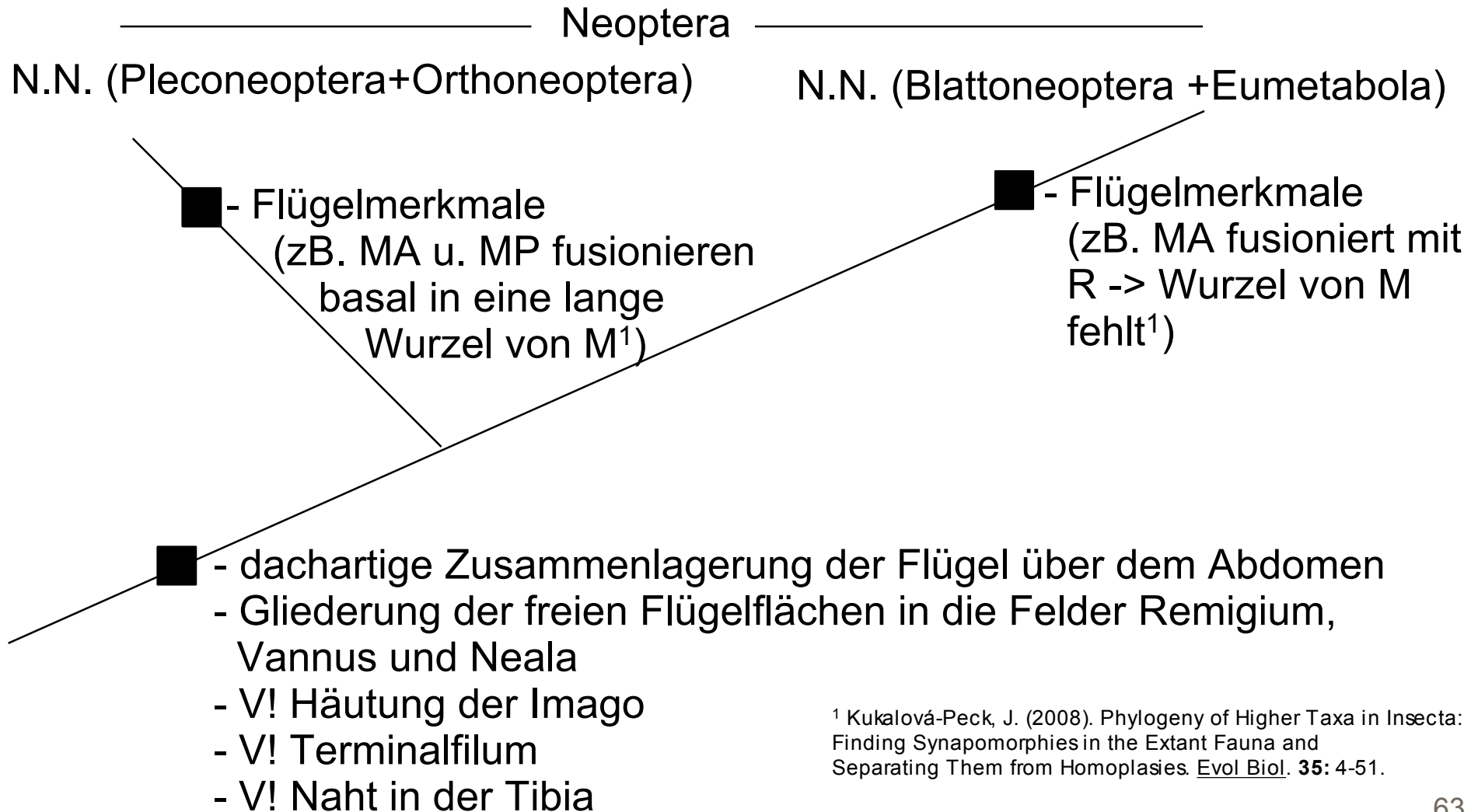
Paleoptera



Pterygota-Alternative

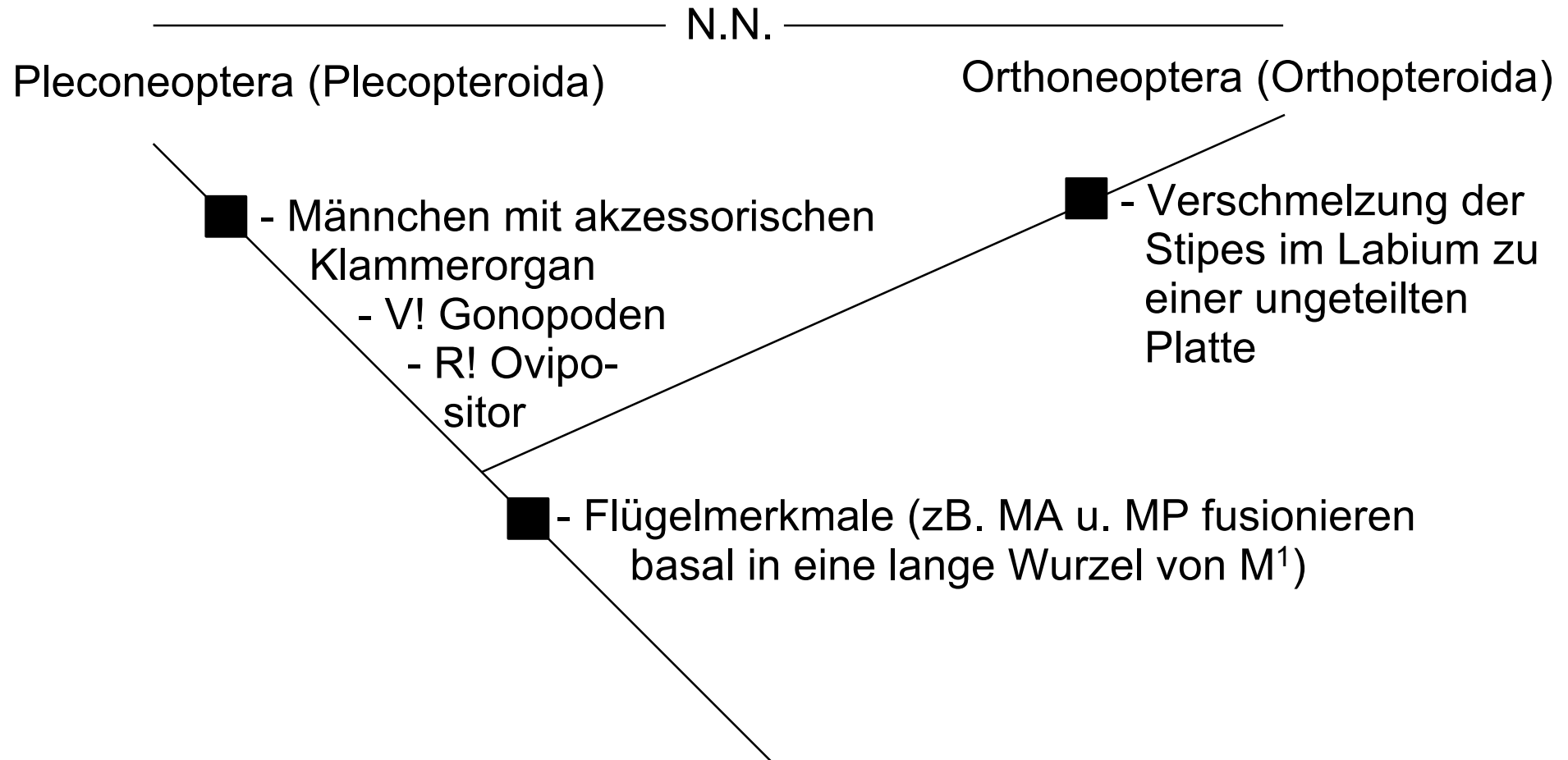


Neoptera



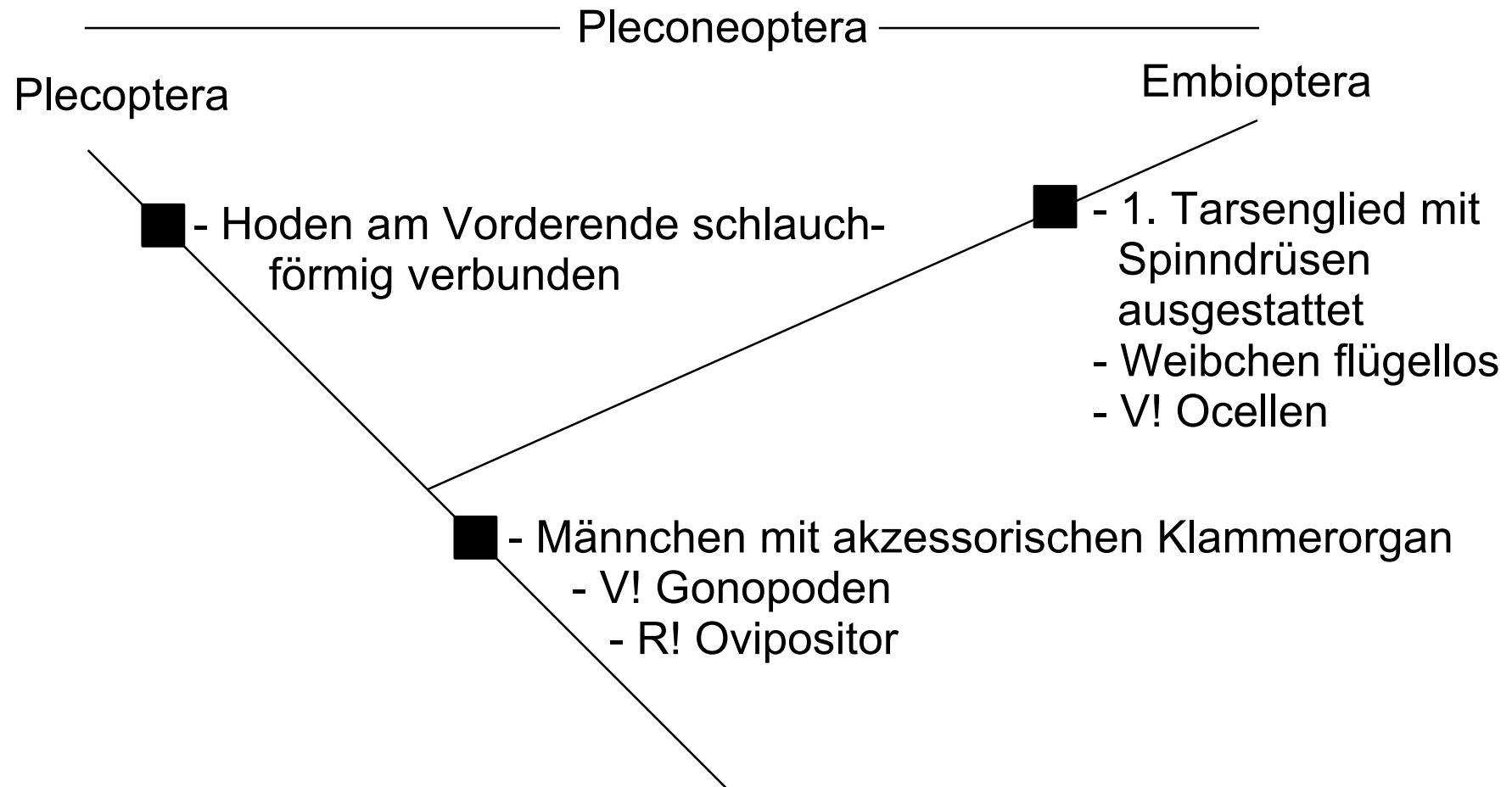
¹ Kukulová-Peck, J. (2008). Phylogeny of Higher Taxa in Insecta: Finding Synapomorphies in the Extant Fauna and Separating Them from Homoplasies. *Evol Biol.* **35**: 4-51.

N.N. (Pleconeoptera + Orthoneoptera)

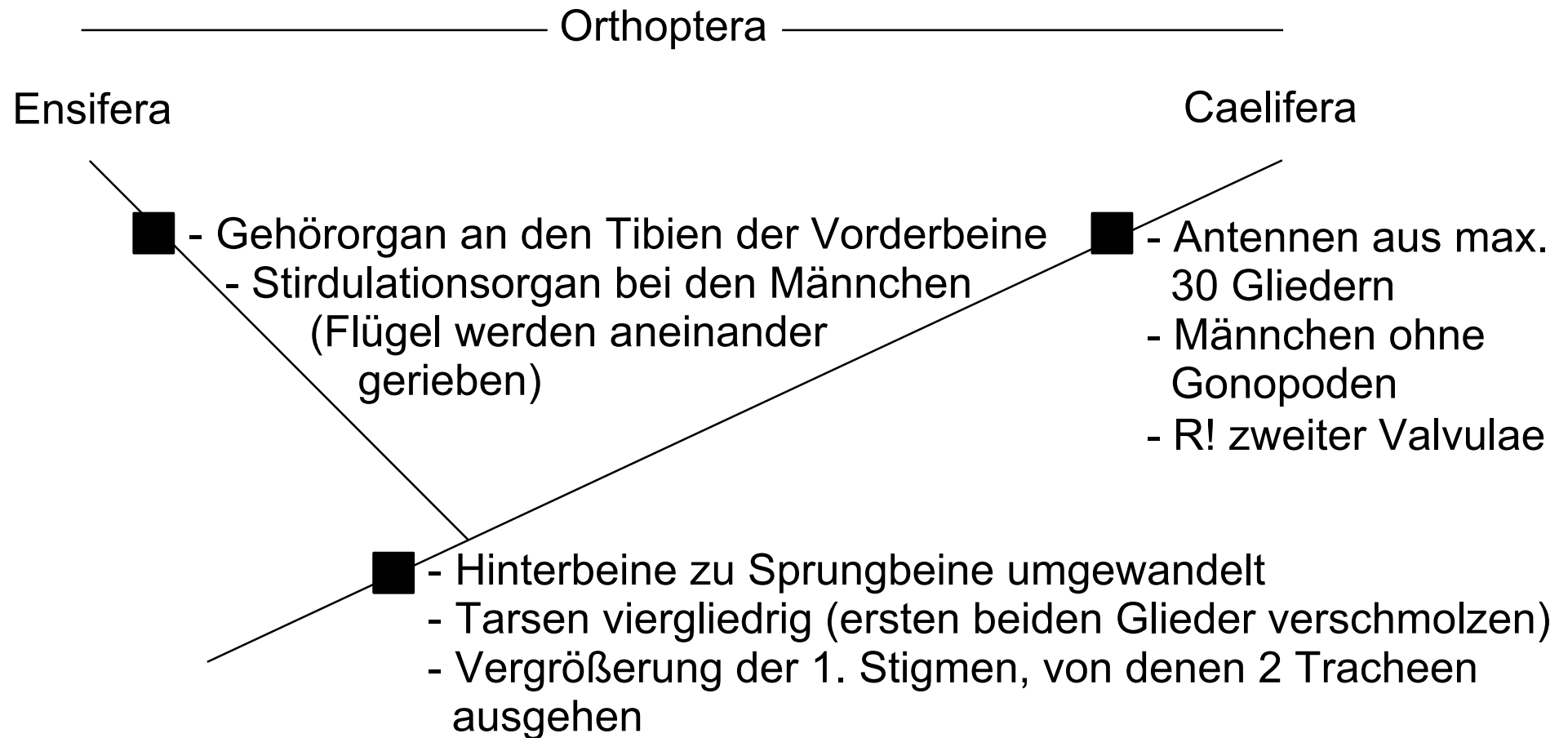


¹ Kukulová-Peck, J. (2008). Phylogeny of Higher Taxa in Insecta: Finding Synapomorphies in the Extant Fauna and Separating Them from Homoplasies. *Evol Biol.* **35**: 4-51.

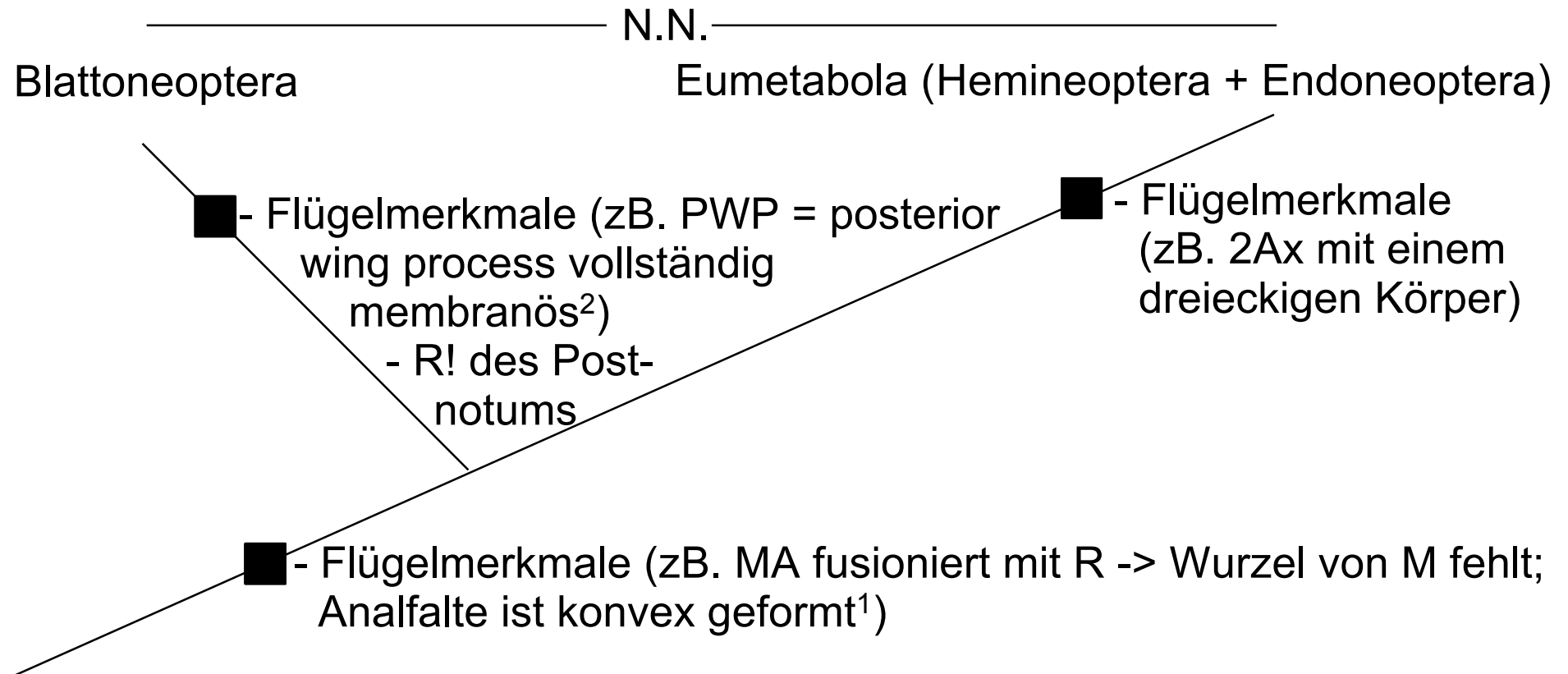
Pleconeoptera



Orthoptera



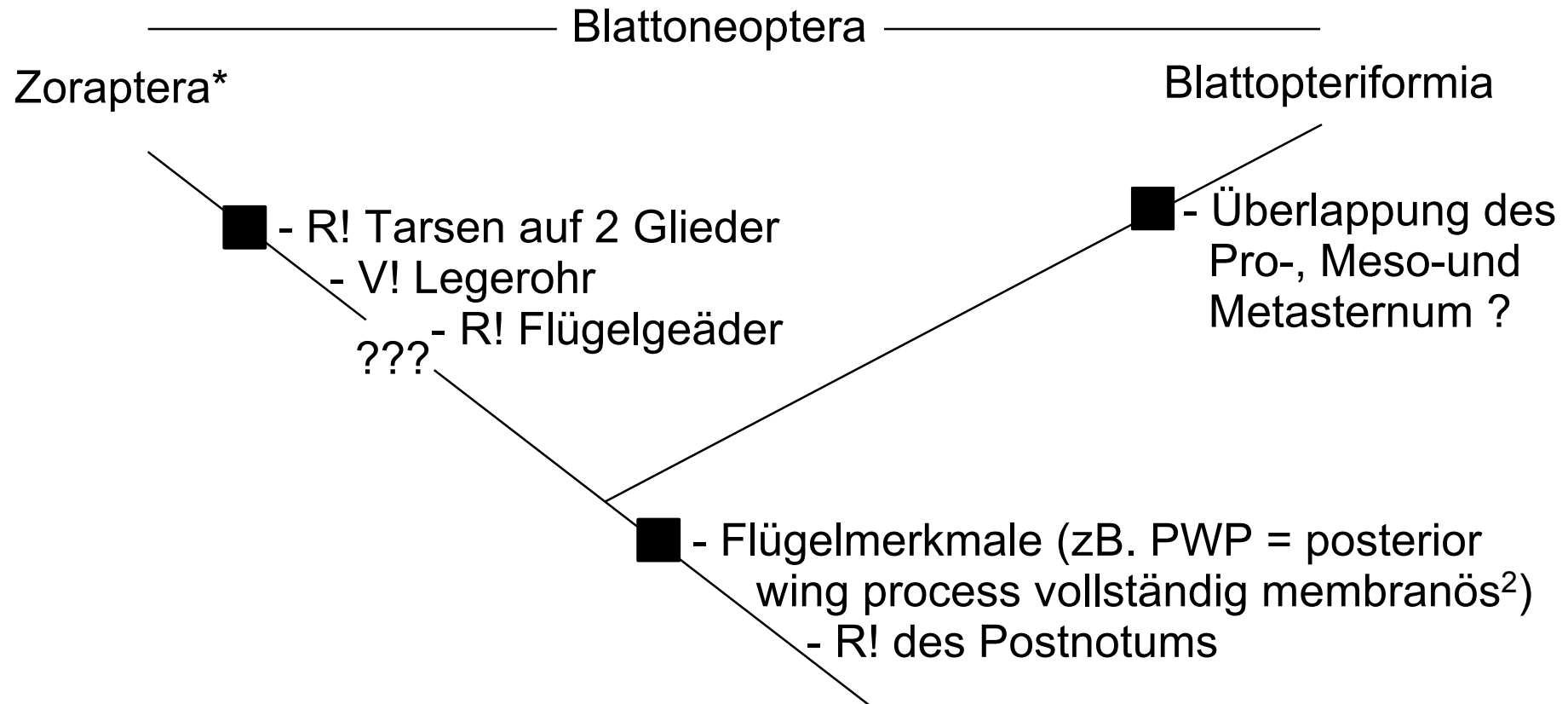
N.N. (Blattoneoptera + Eumetabola)



¹ Kukulová-Peck, J. (2008). Phylogeny of Higher Taxa in Insecta: Finding Synapomorphies in the Extant Fauna and Separating Them from Homoplasies. *Evol Biol.* **35**: 4-51.

² Haas, F. and J. Kukulová-Peck (2001). Dermaptera hindwing structure and folding: New evidence for familial, ordinal and superordinal relationships within Neoptera (Insecta). *Eur. J. Entomol.* **98**: 445-509.

Blattoneoptera

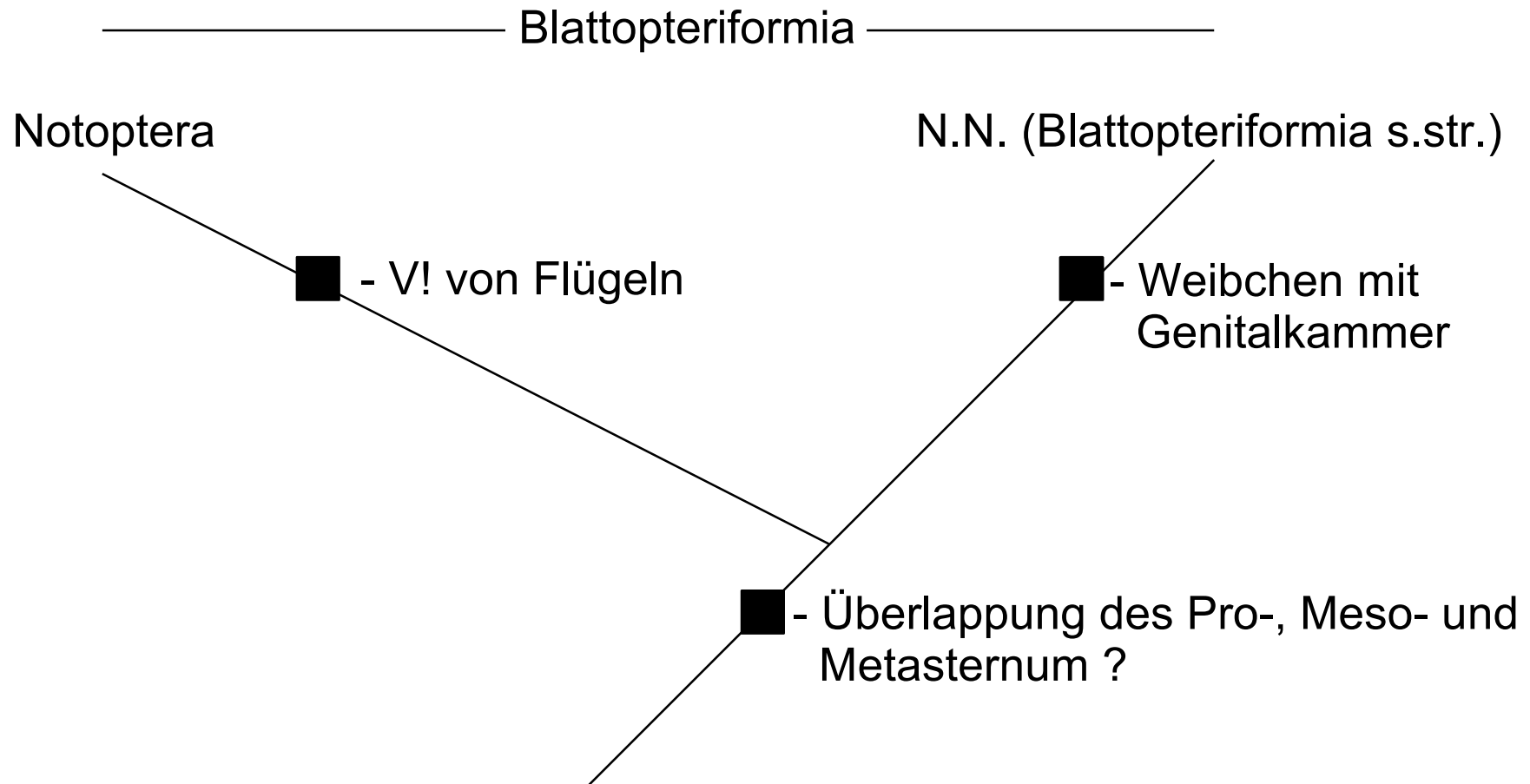


¹ Kukulová-Peck, J. (2008). Phylogeny of Higher Taxa in Insecta: Finding Synapomorphies in the Extant Fauna and Separating Them from Homoplasies. *Evol Biol.* **35**: 4-51.

² Haas, F. and J. Kukulová-Peck (2001). Dermaptera hindwing structure and folding: New evidence for familial, ordinal and superordinal relationships within Neoptera (Insecta). *Eur. J. Entomol.* **98**: 445-509.

³ Yoshizawa, K. and K. P. Johnson (2005). Aligned 18S for Zoraptera (Insecta): phylogenetic position and molecular evolution. *Mol Phylogenet Evol.* **37**: 572-580.

Blattopteriformia



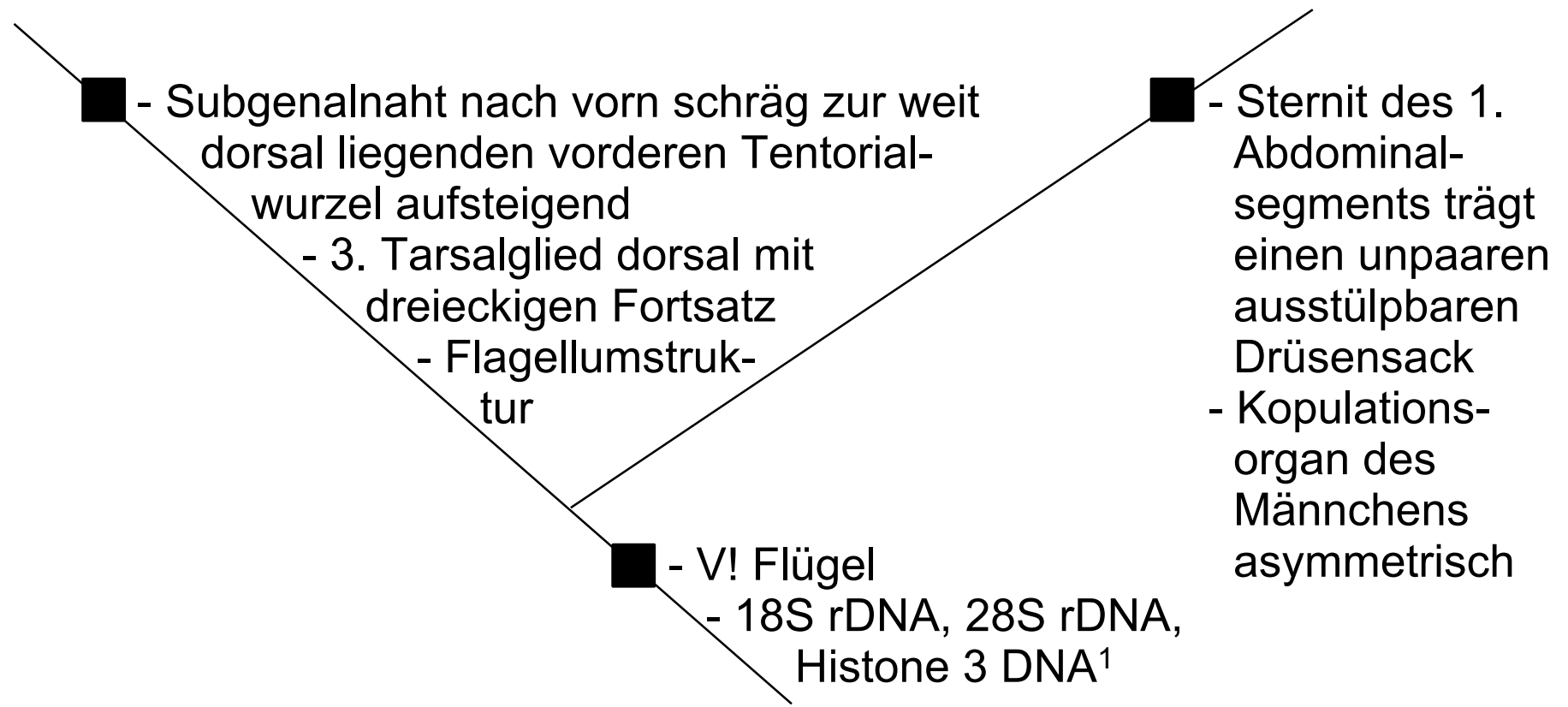
Notoptera



Notoptera

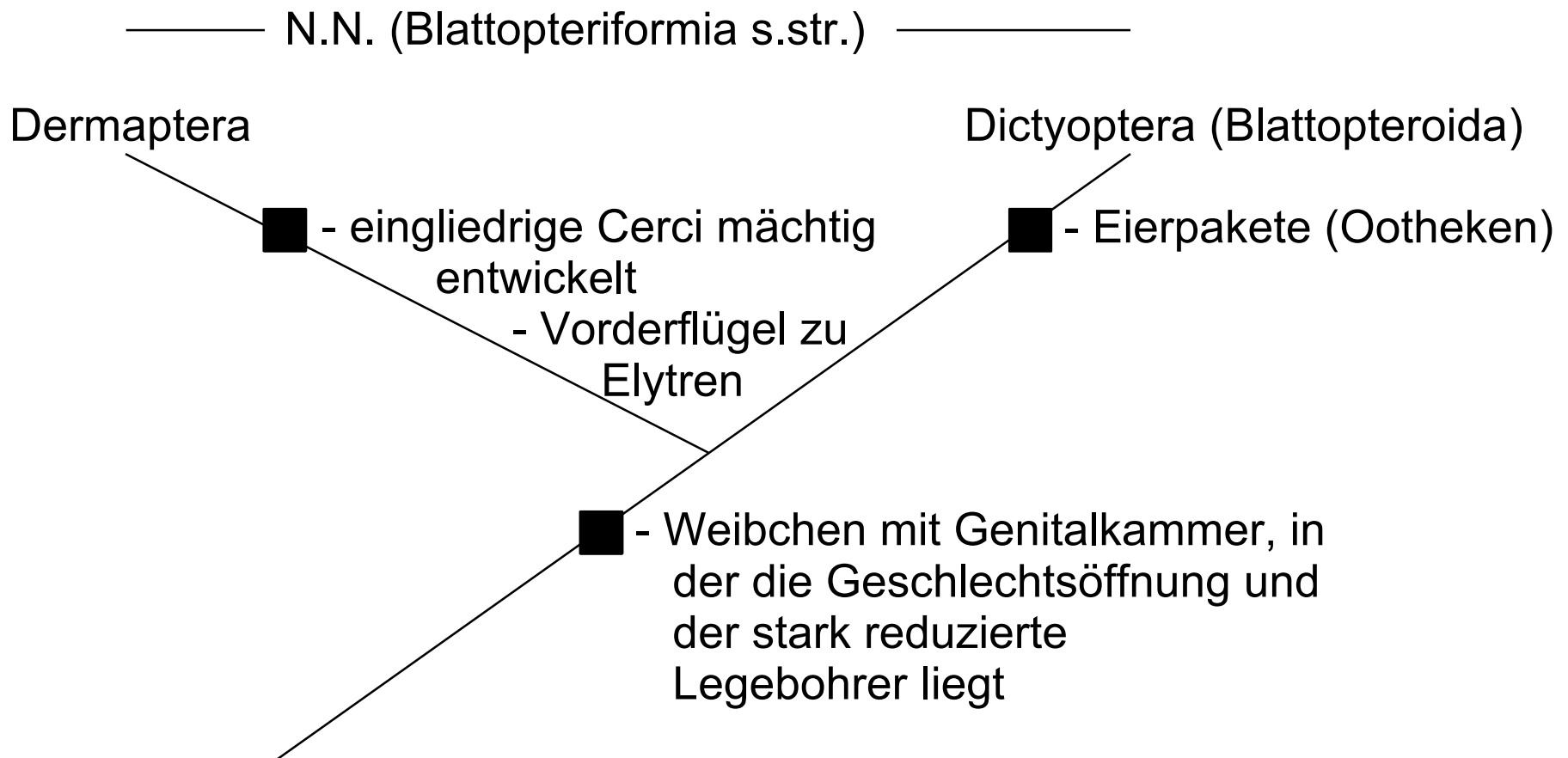
Mantophasmatodea

Grylloblattodea

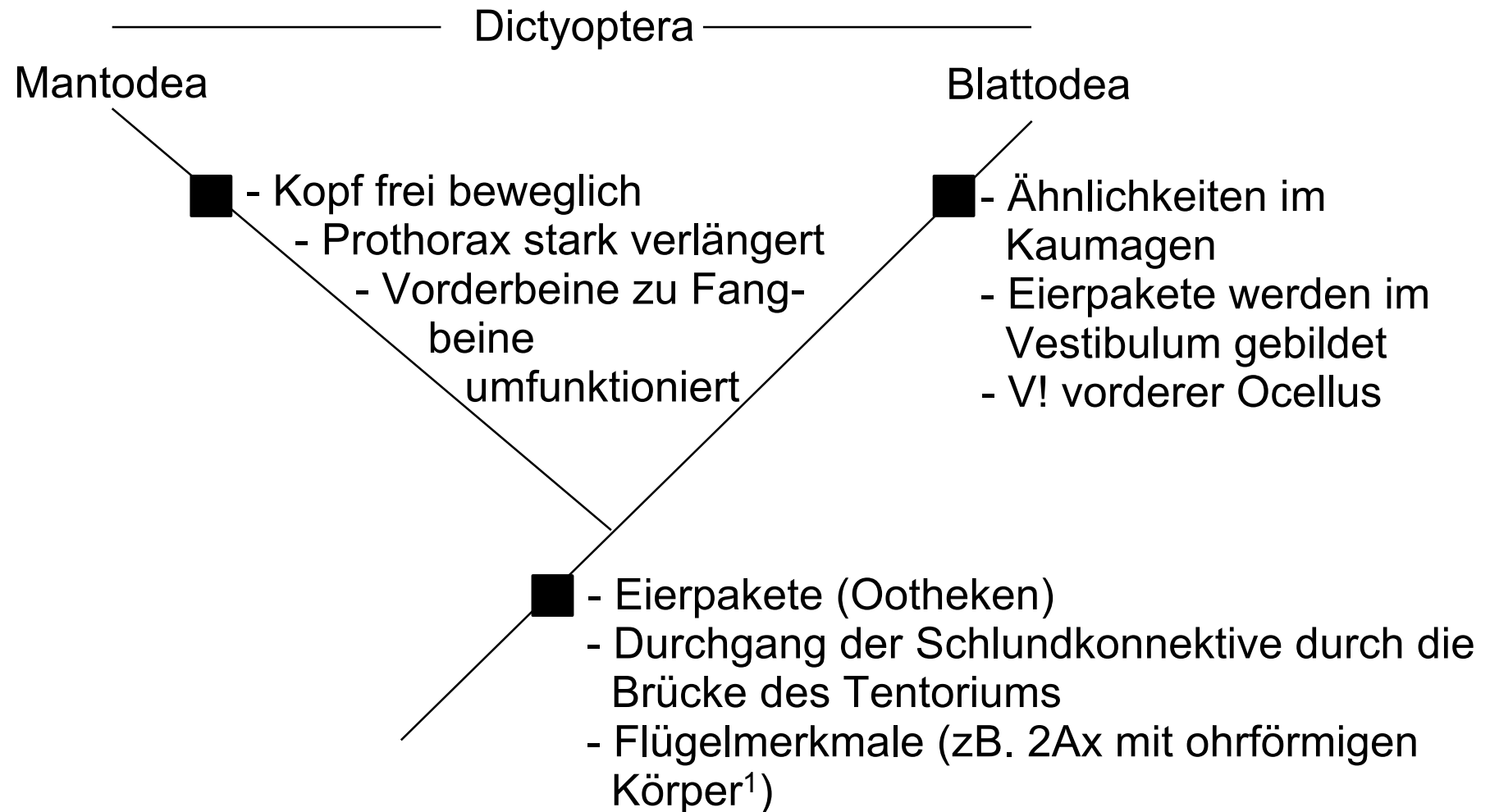


¹ Terry, M. D. and M. F. Whiting (2005). Mantophasmatodea and phylogeny of the lower neopterous insects. *Cladistics*. **21**: 240-257.

N.N. (Blattopteriformia s.str.*)

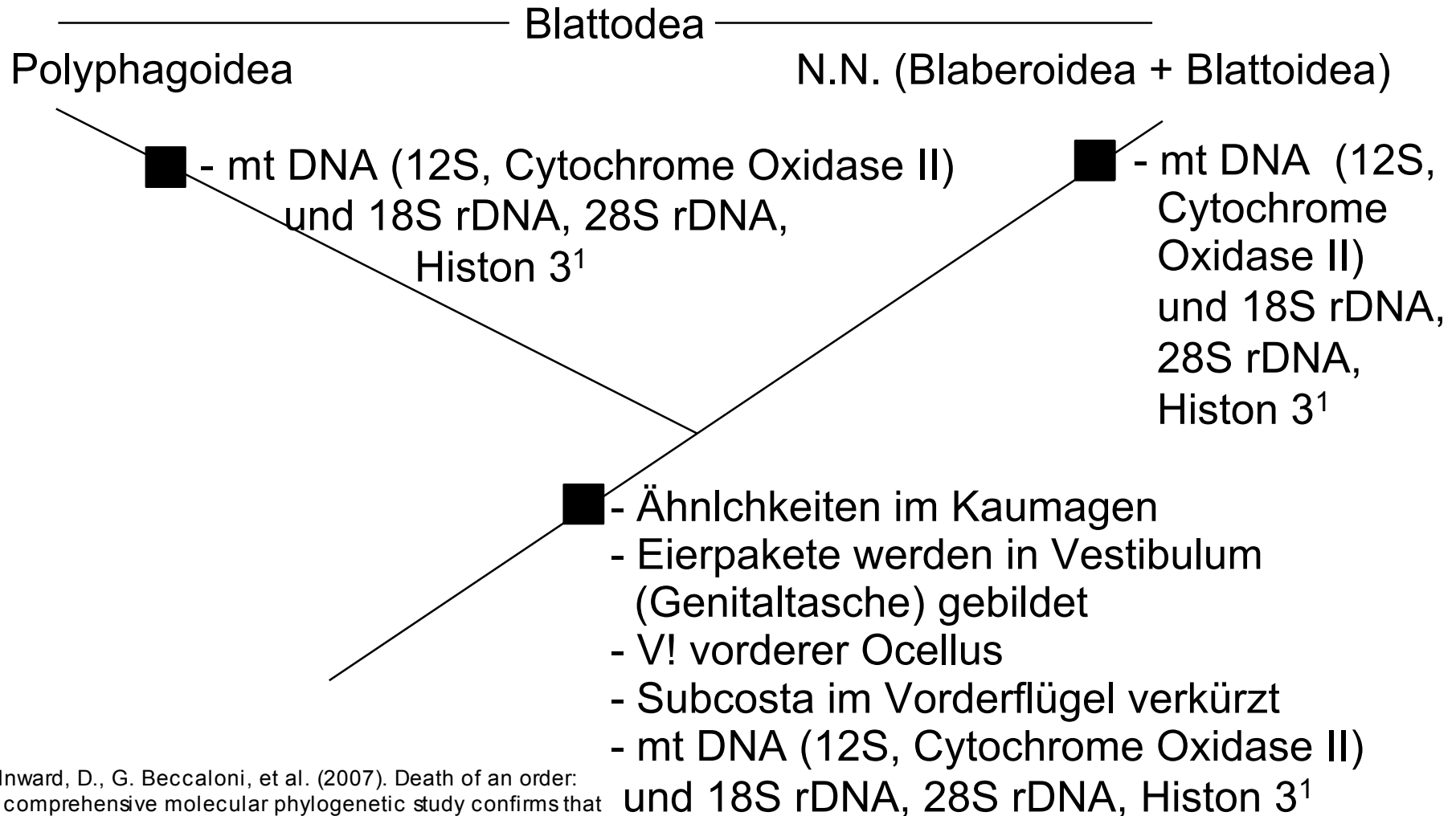


Dictyoptera



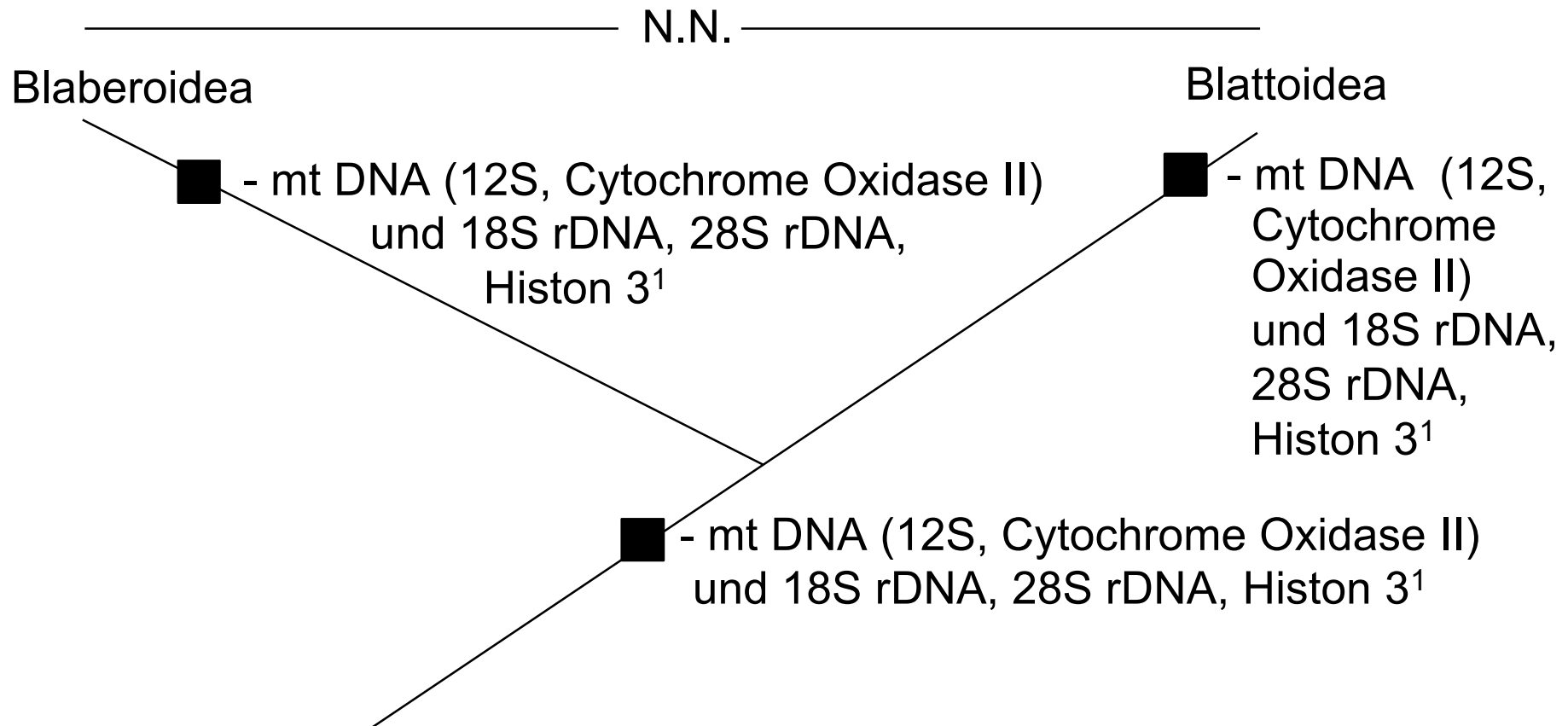
¹ Haas, F. and J. Kukulová-Peck (2001). Dermaptera hindwing structure and folding: New evidence for familial, ordinal and superordinal relationships within Neoptera (Insecta). *Eur. J. Entomol.* **98**: 445-509.

Blattodea



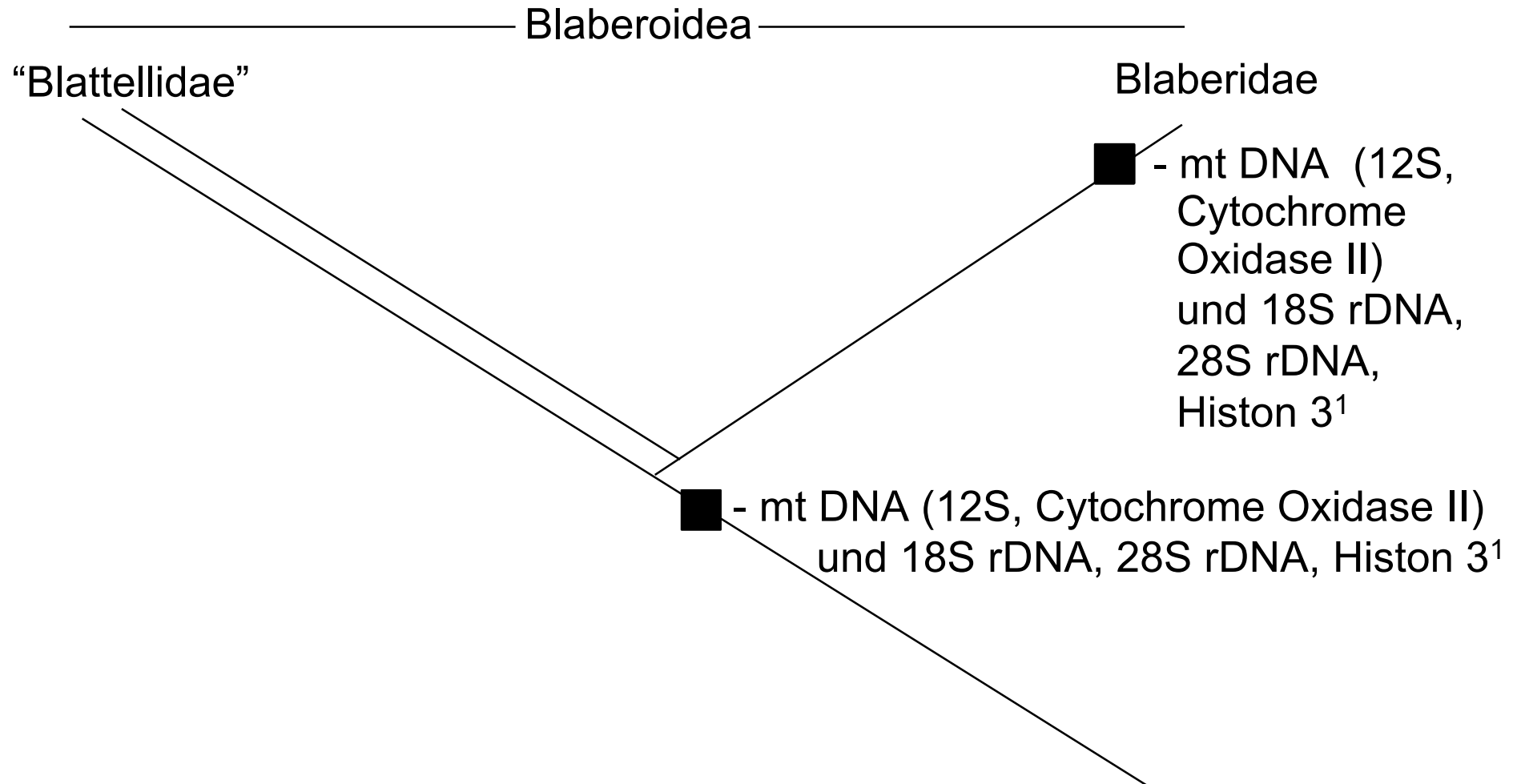
¹ Inward, D., G. Beccaloni, et al. (2007). Death of an order: a comprehensive molecular phylogenetic study confirms that termites are eusocial cockroaches. *Biol Lett.* **3**: 331-335.

N.N. (Blaberoidea + Blattoidea)



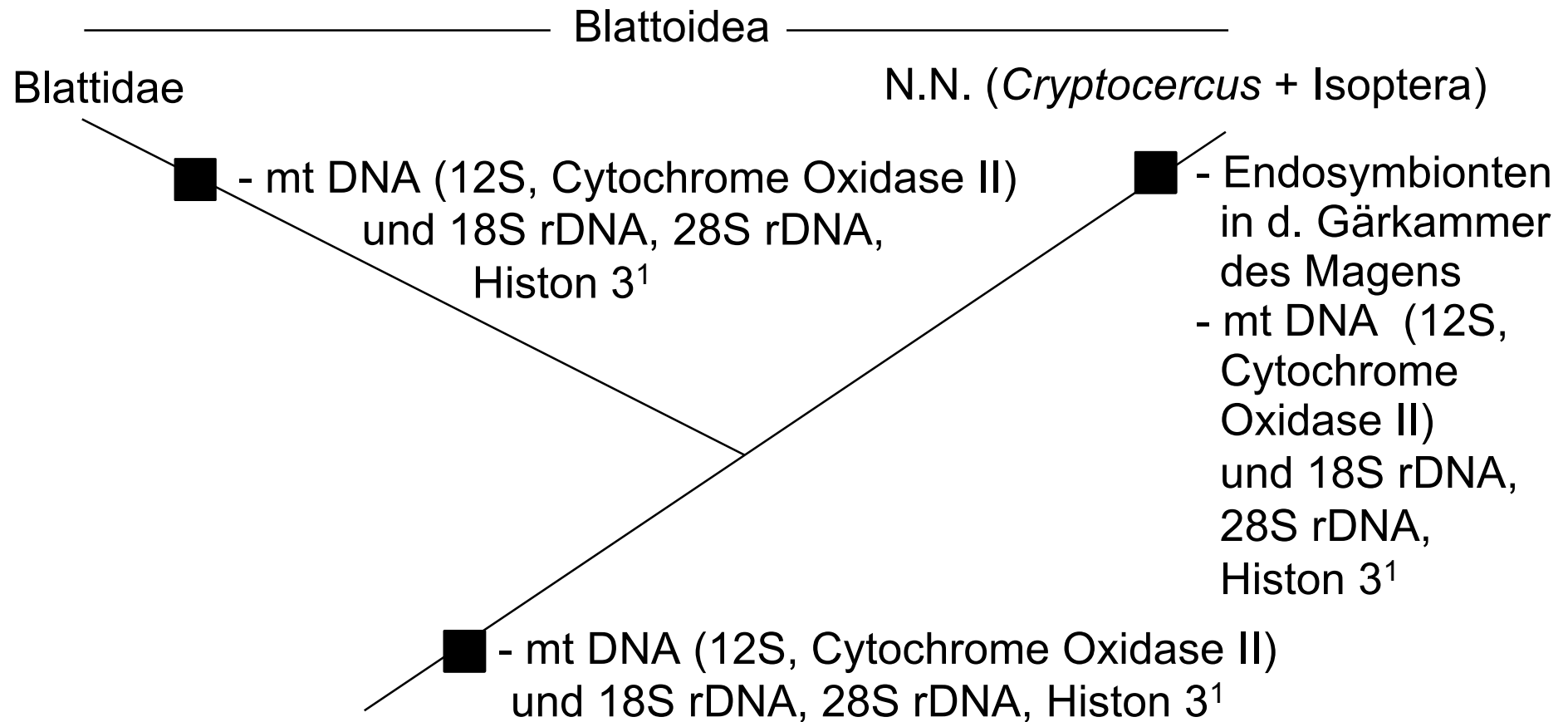
¹ Inward, D., G. Beccaloni, et al. (2007). Death of an order: a comprehensive molecular phylogenetic study confirms that termites are eusocial cockroaches. *Biol Lett.* **3**: 331-335.

Blaberoidea



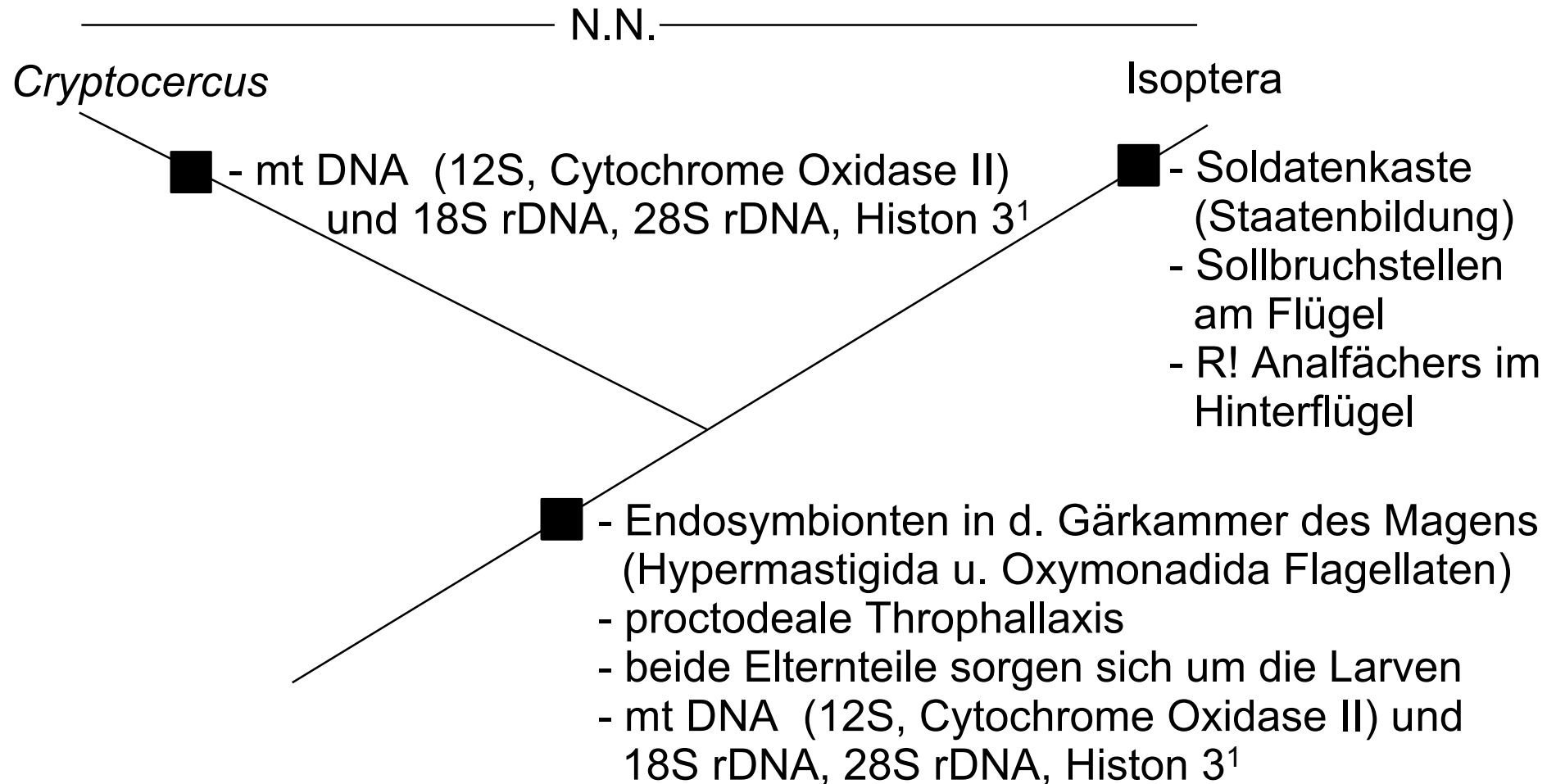
¹ Inward, D., G. Beccaloni, et al. (2007). Death of an order: a comprehensive molecular phylogenetic study confirms that termites are eusocial cockroaches. *Biol Lett.* **3**: 331-335.

Blattoidea



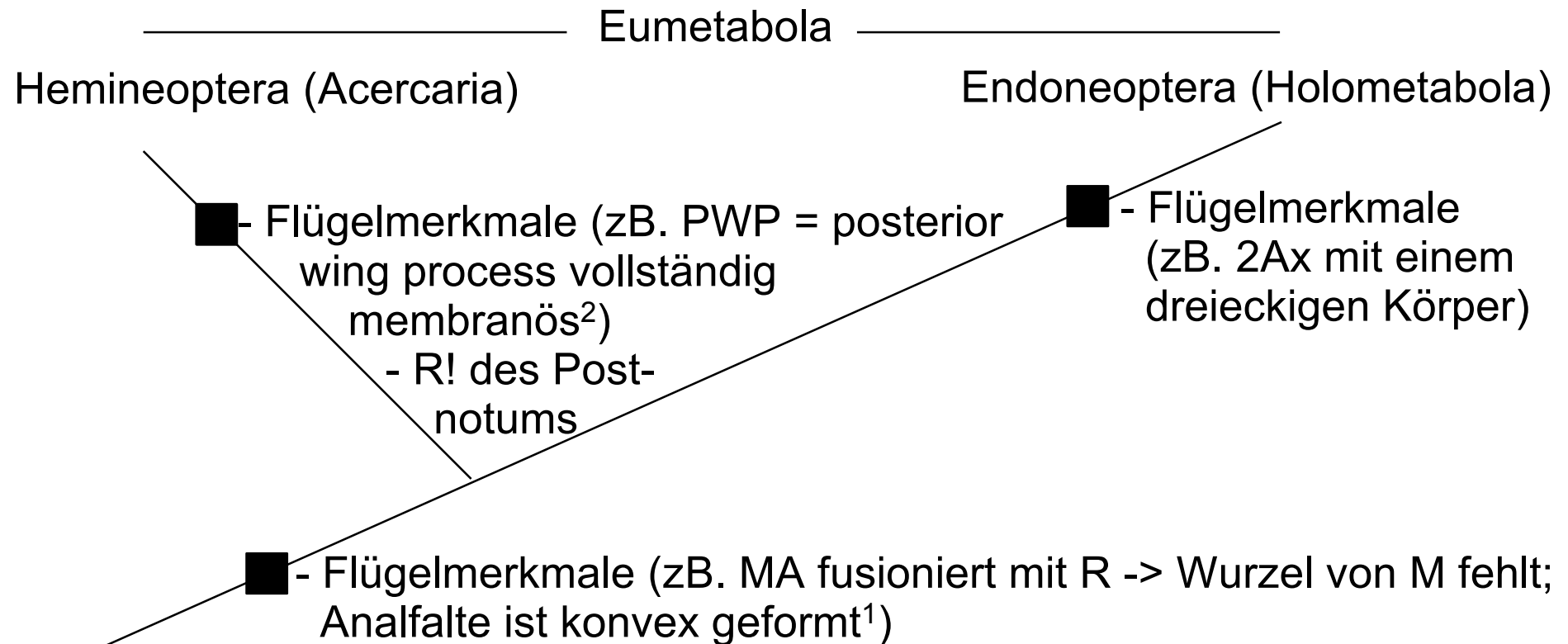
¹ Inward, D., G. Beccaloni, et al. (2007). Death of an order: a comprehensive molecular phylogenetic study confirms that termites are eusocial cockroaches. *Biol Lett.* **3**: 331-335.

N.N. (*Cryptocercus* + Isoptera)



¹ Inward, D., G. Beccaloni, et al. (2007). Death of an order: a comprehensive molecular phylogenetic study confirms that termites are eusocial cockroaches. *Biol Lett.* **3**: 331-335.

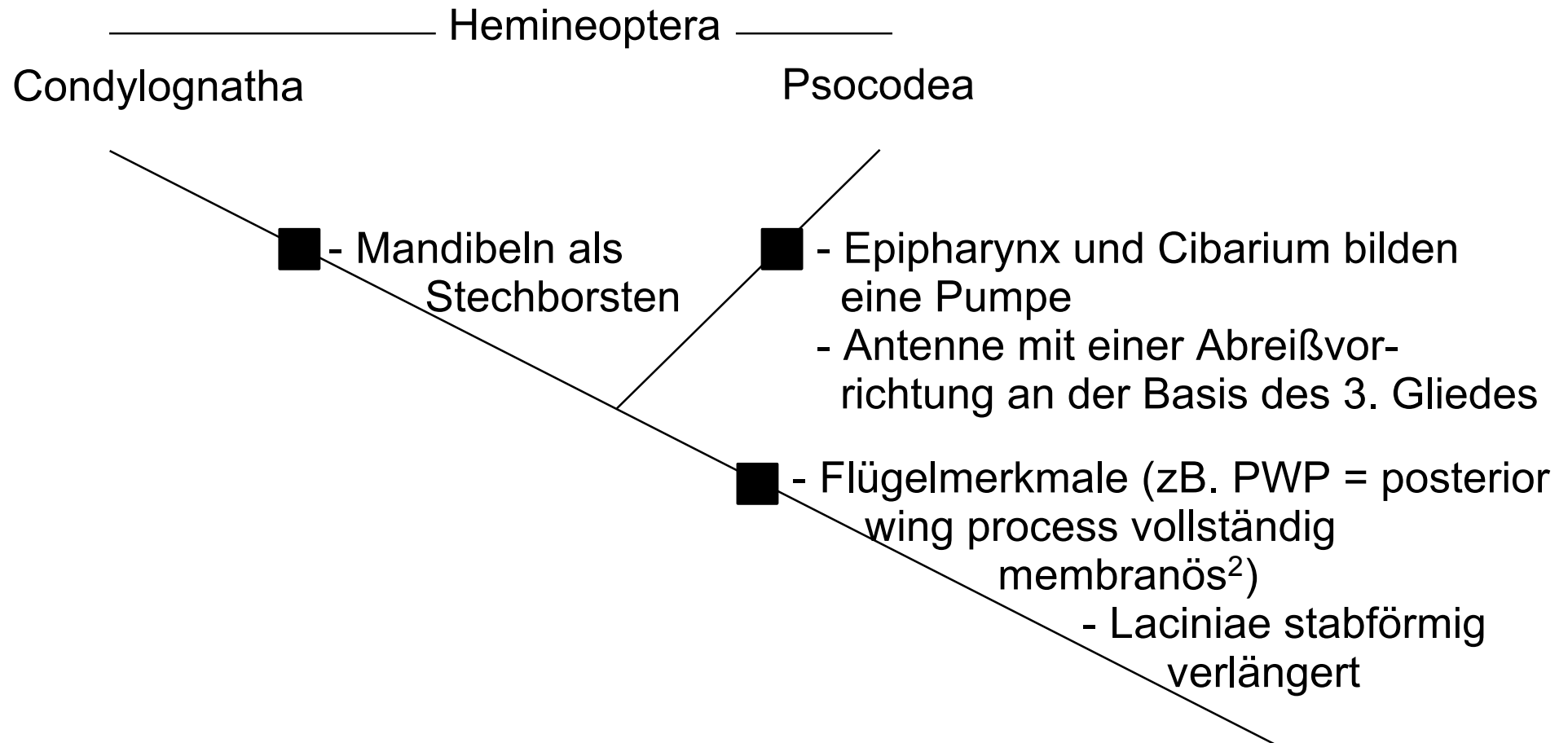
Eumetabola



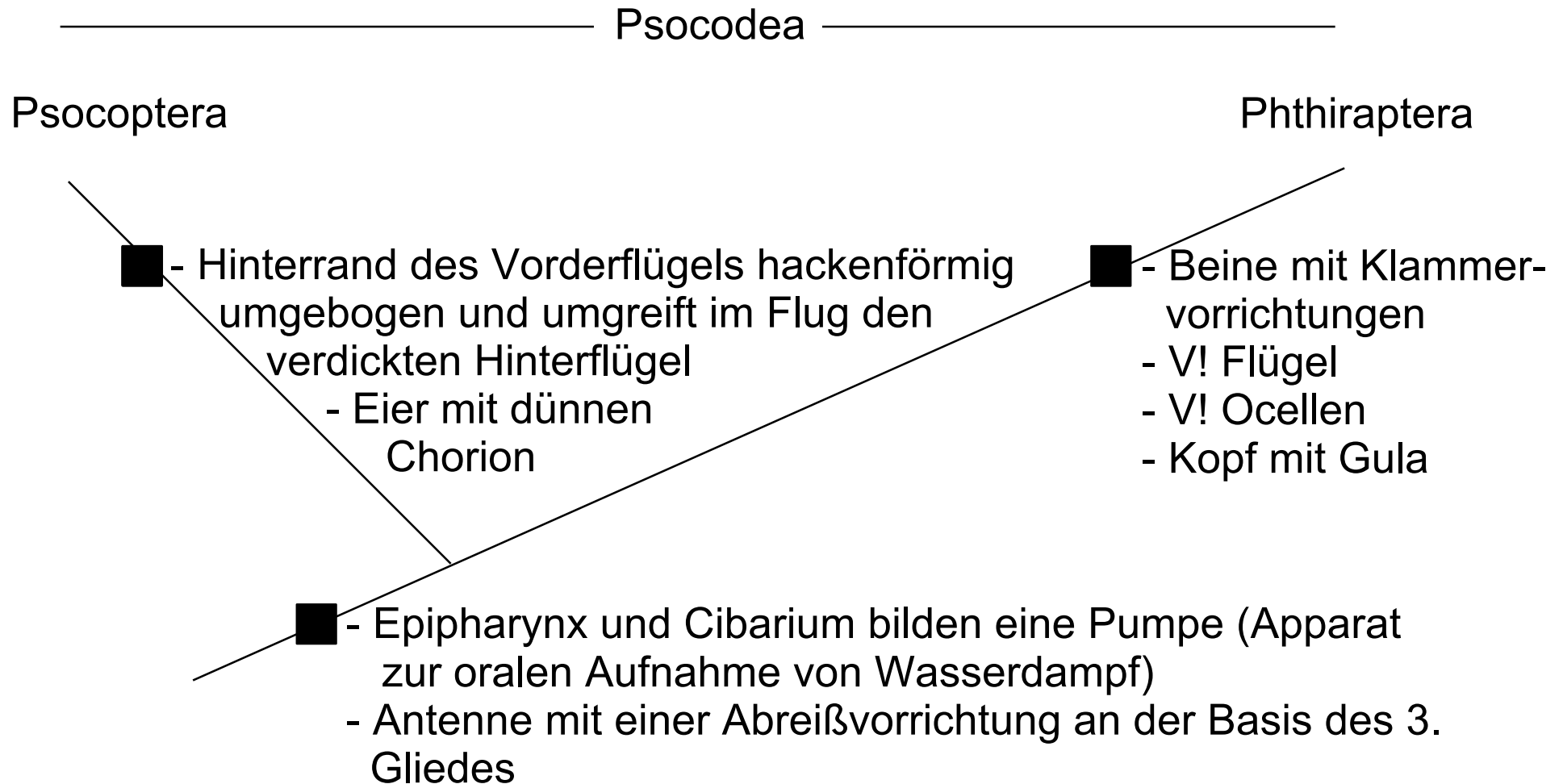
¹ Kukulová-Peck, J. (2008). Phylogeny of Higher Taxa in Insecta: Finding Synapomorphies in the Extant Fauna and Separating Them from Homoplasies. *Evol Biol.* **35**: 4-51.

² Haas, F. and J. Kukulová-Peck (2001). Dermaptera hindwing structure and folding: New evidence for familial, ordinal and superordinal relationships within Neoptera (Insecta). *Eur. J. Entomol.* **98**: 445-509.

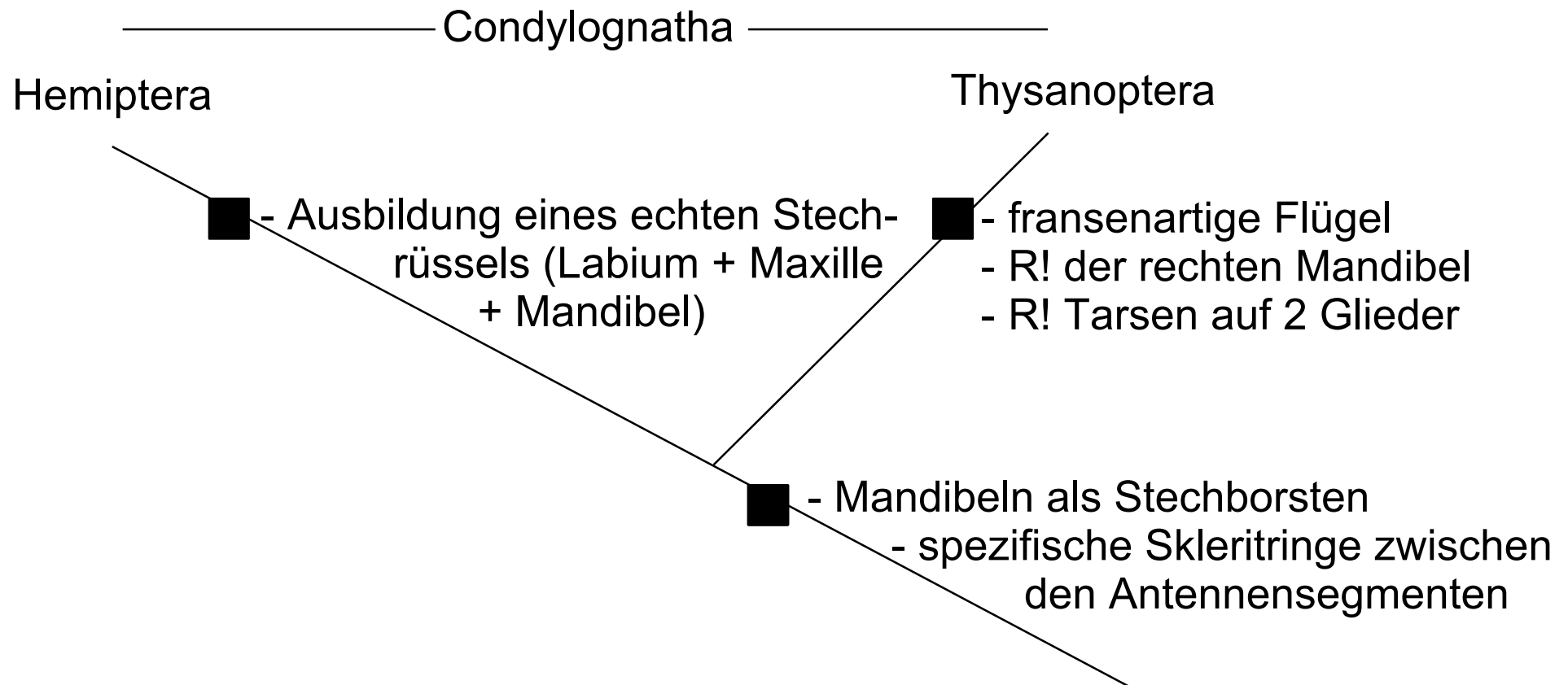
Hemineoptera (Acercaria)



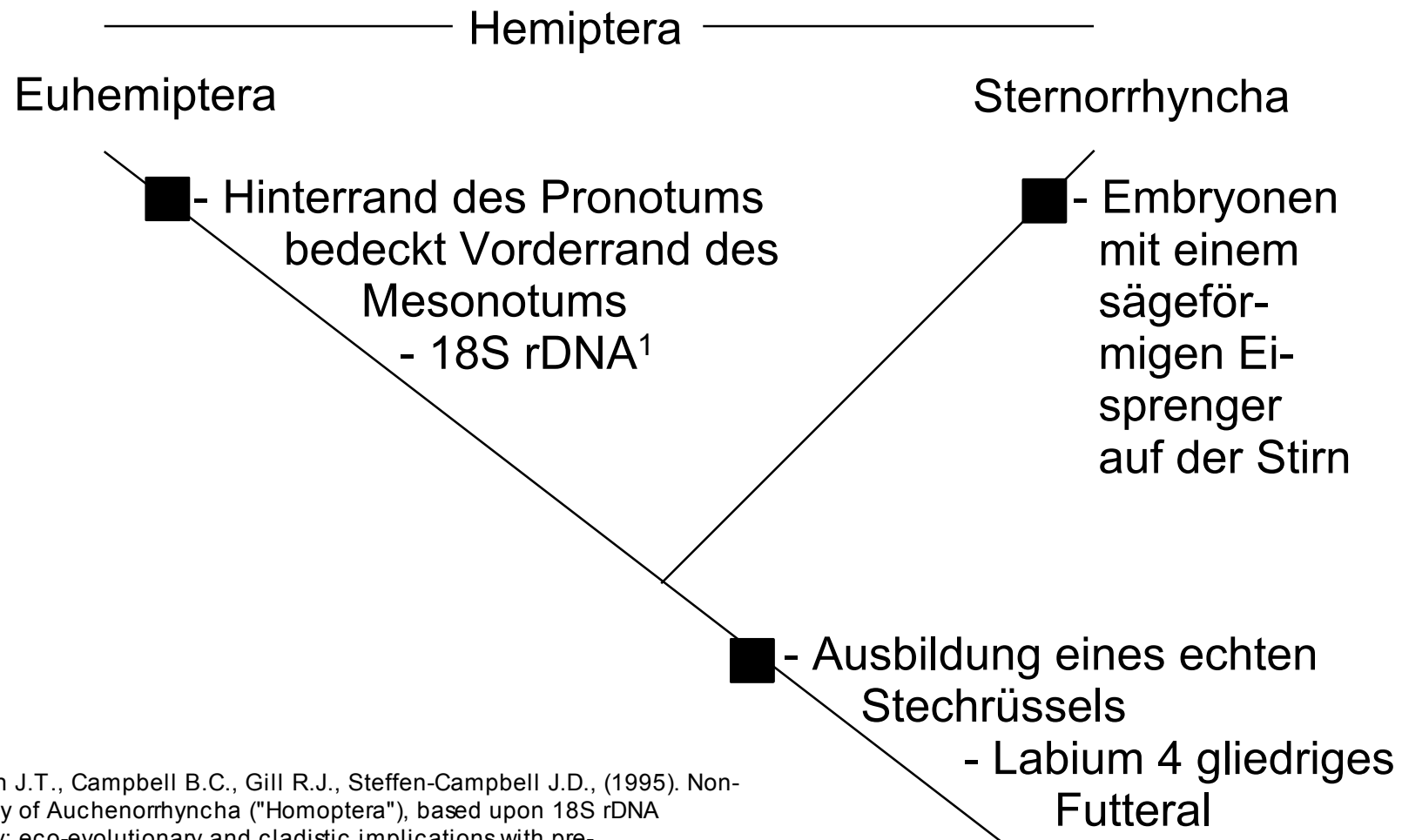
Psocodea



Condylognatha

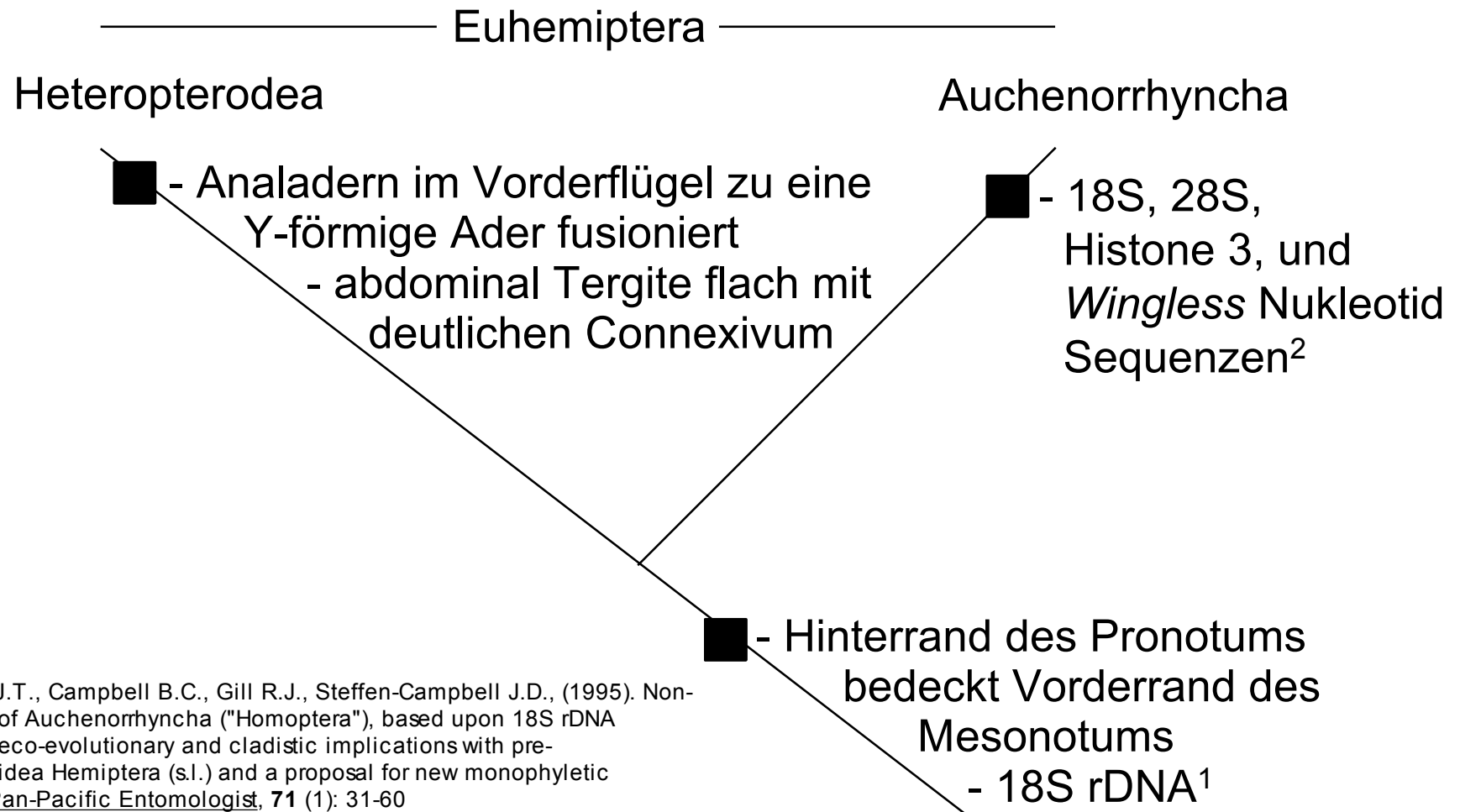


Hemiptera



¹ Sorensen J.T., Campbell B.C., Gill R.J., Steffen-Campbell J.D., (1995). Non-monophyly of Auchenorrhyncha ("Homoptera"), based upon 18S rDNA phylogeny: eco-evolutionary and cladistic implications with pre-Heteropteroidea Hemiptera (s.l.) and a proposal for new monophyletic suborders. *Pan-Pacific Entomologist*, **71** (1): 31-60

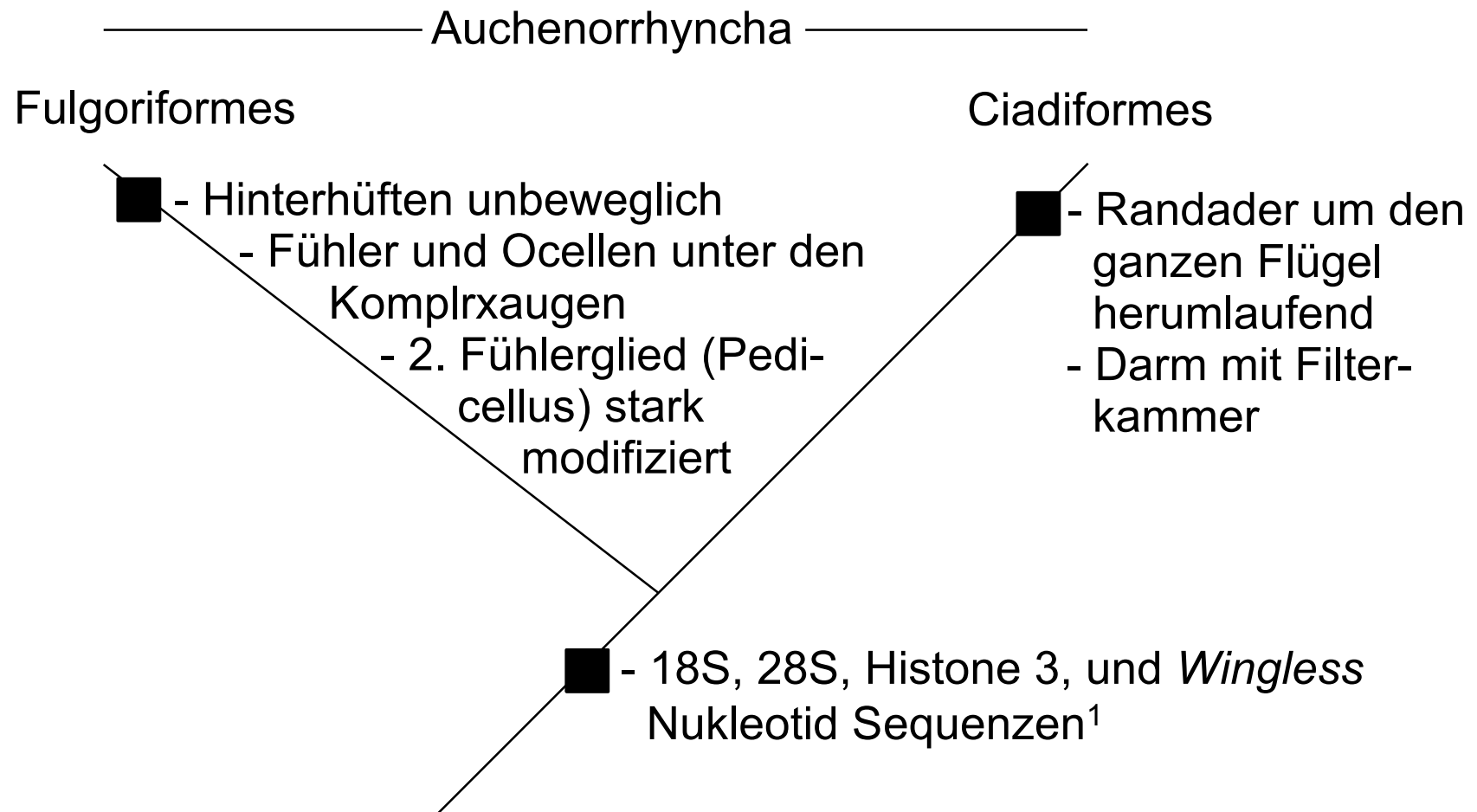
Euhemiptera



¹ Sorensen J.T., Campbell B.C., Gill R.J., Steffen-Campbell J.D., (1995). Non-monophyly of Auchenorrhyncha ("Homoptera"), based upon 18S rDNA phylogeny: eco-evolutionary and cladistic implications with pre-Heteropteroidea Hemiptera (s.l.) and a proposal for new monophyletic suborders. *Pan-Pacific Entomologist*, **71** (1): 31-60

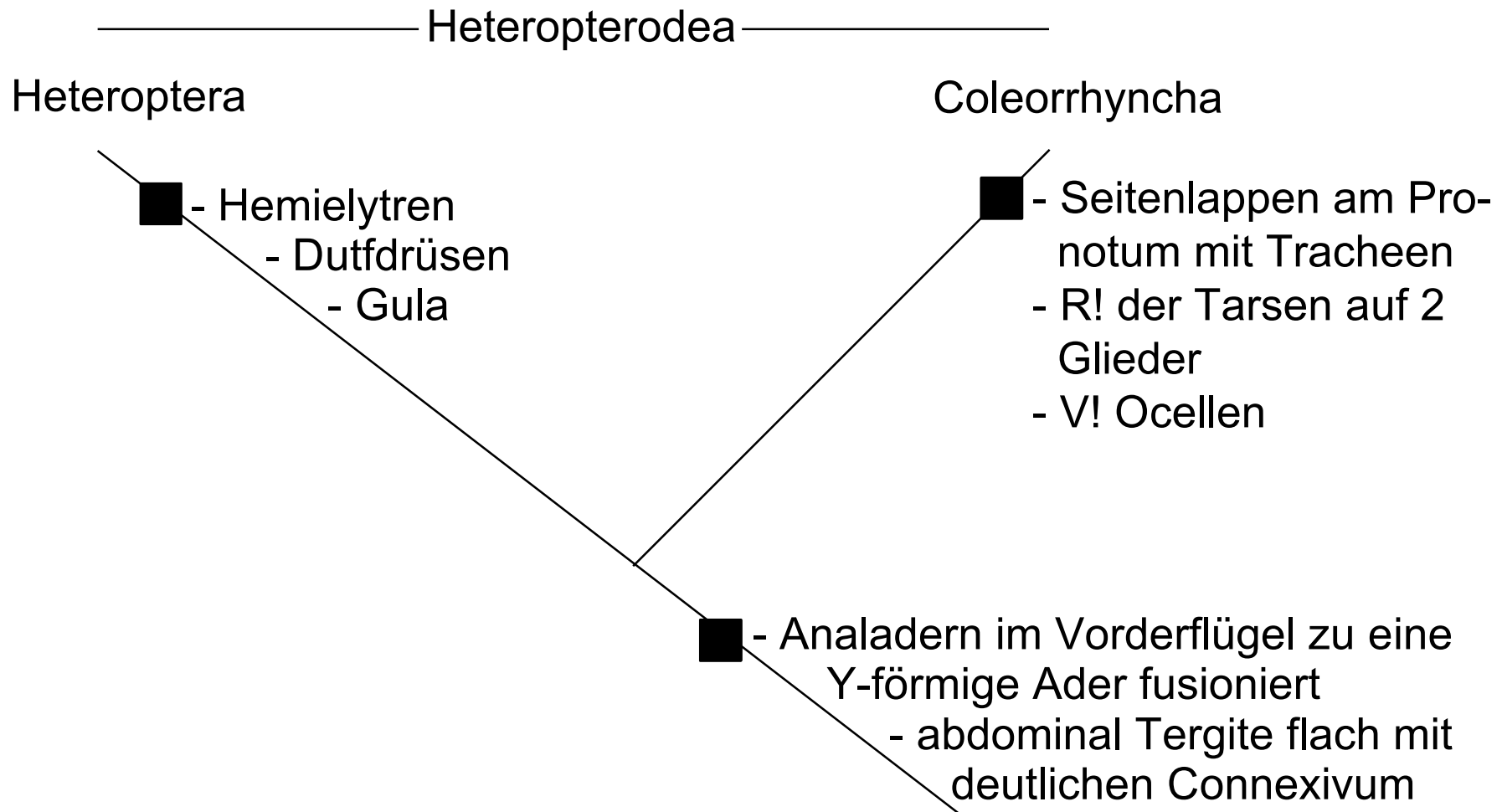
² Urban, J. M. and Cryan, J. R. 2007. Evolution of the planthoppers (Insecta: Hemiptera: Fulgoroidea). *Molecular Phylogenetics and Evolution* **42**: 556-572.

Auchenorrhyncha

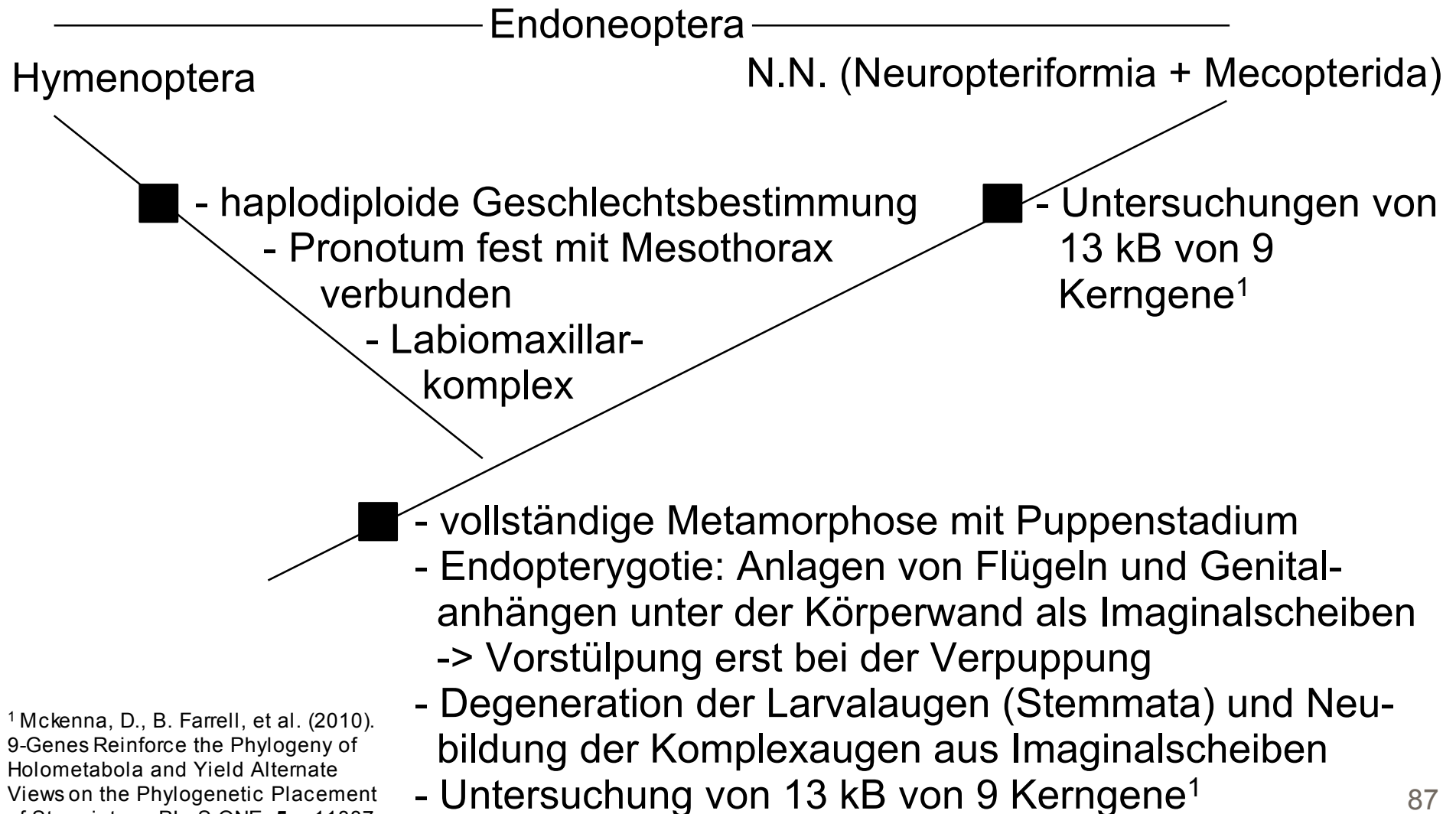


² Urban, J. M. and Cryan, J. R. 2007. Evolution of the planthoppers (Insecta: Hemiptera: Fulgoroidea). *Molecular Phylogenetics and Evolution* **42**: 556-572.

Heteropteroidea

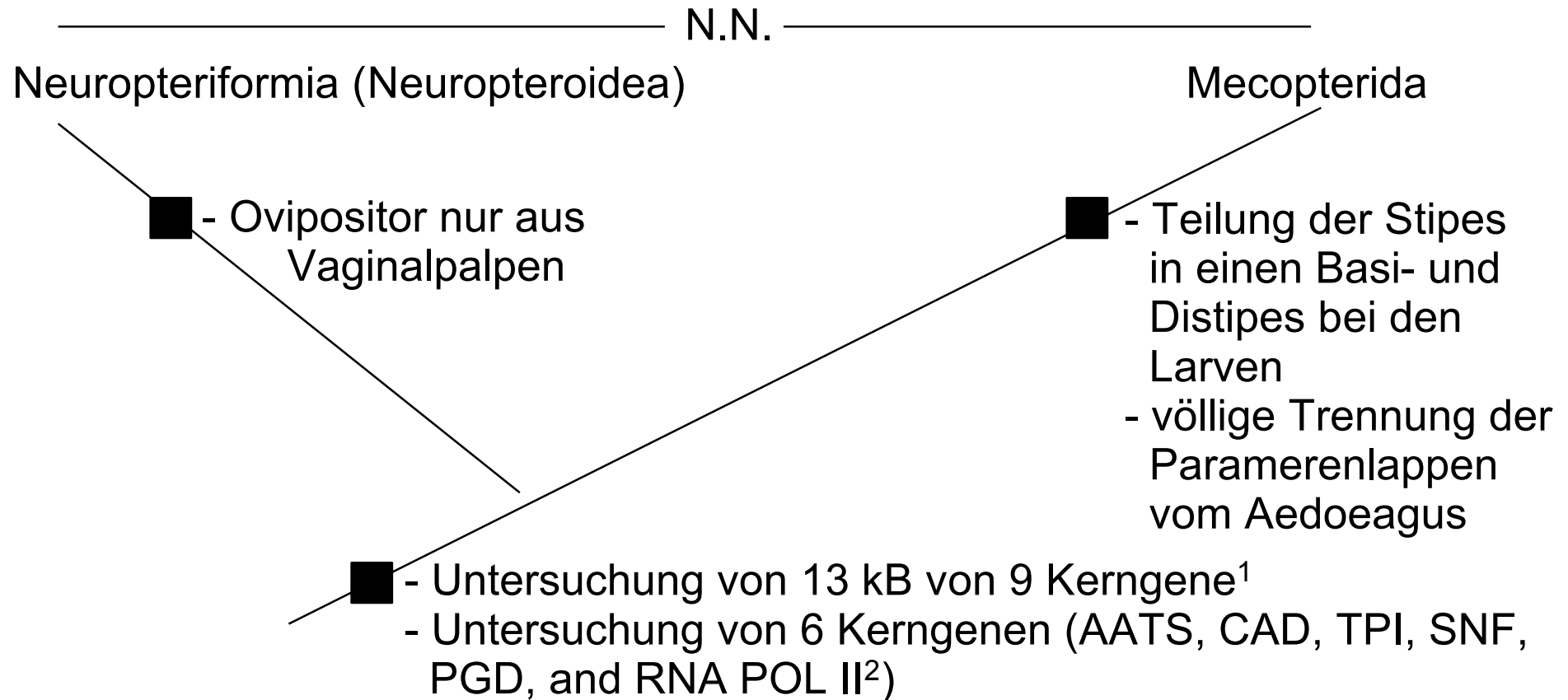


Endoneoptera (Holometabola)



¹ Mckenna, D., B. Farrell, et al. (2010). 9-Genes Reinforce the Phylogeny of Holometabola and Yield Alternate Views on the Phylogenetic Placement of Strepsiptera. *PLoS ONE*. **5**: e11887.

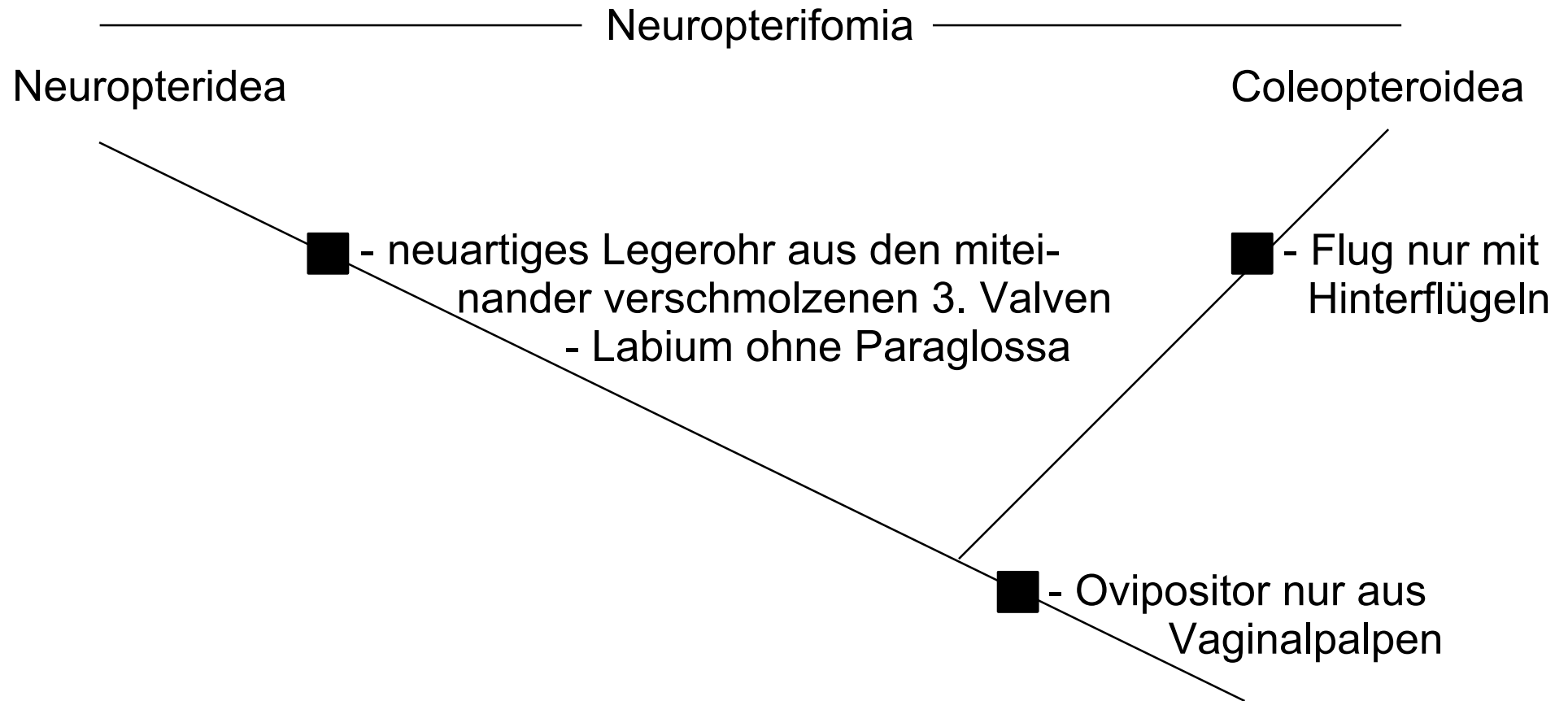
N.N. (Neuropteriformia + Mecopterida)



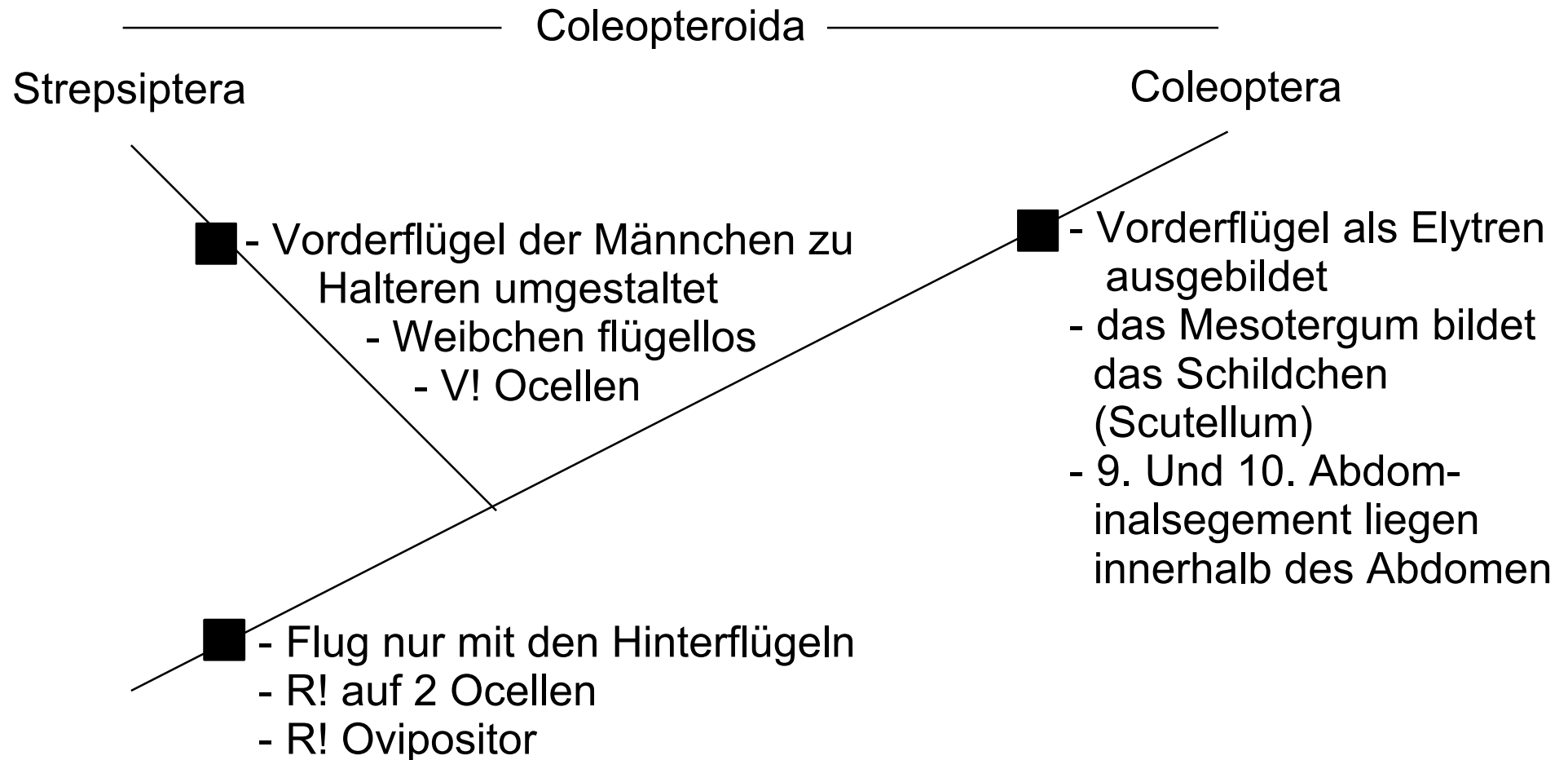
¹ Mckenna, D., B. Farrell, et al. (2010). 9-Genes Reinforce the Phylogeny of Holometabola and Yield Alternate Views on the Phylogenetic Placement of Strepsiptera. *PLoS ONE*. **5**: e11887.

² Wiegmann, B., M. Trautwein, et al. (2009). Single-copy nuclear genes resolve the phylogeny of the holometabolous insects. *BMC Biol.* **7**: 34.

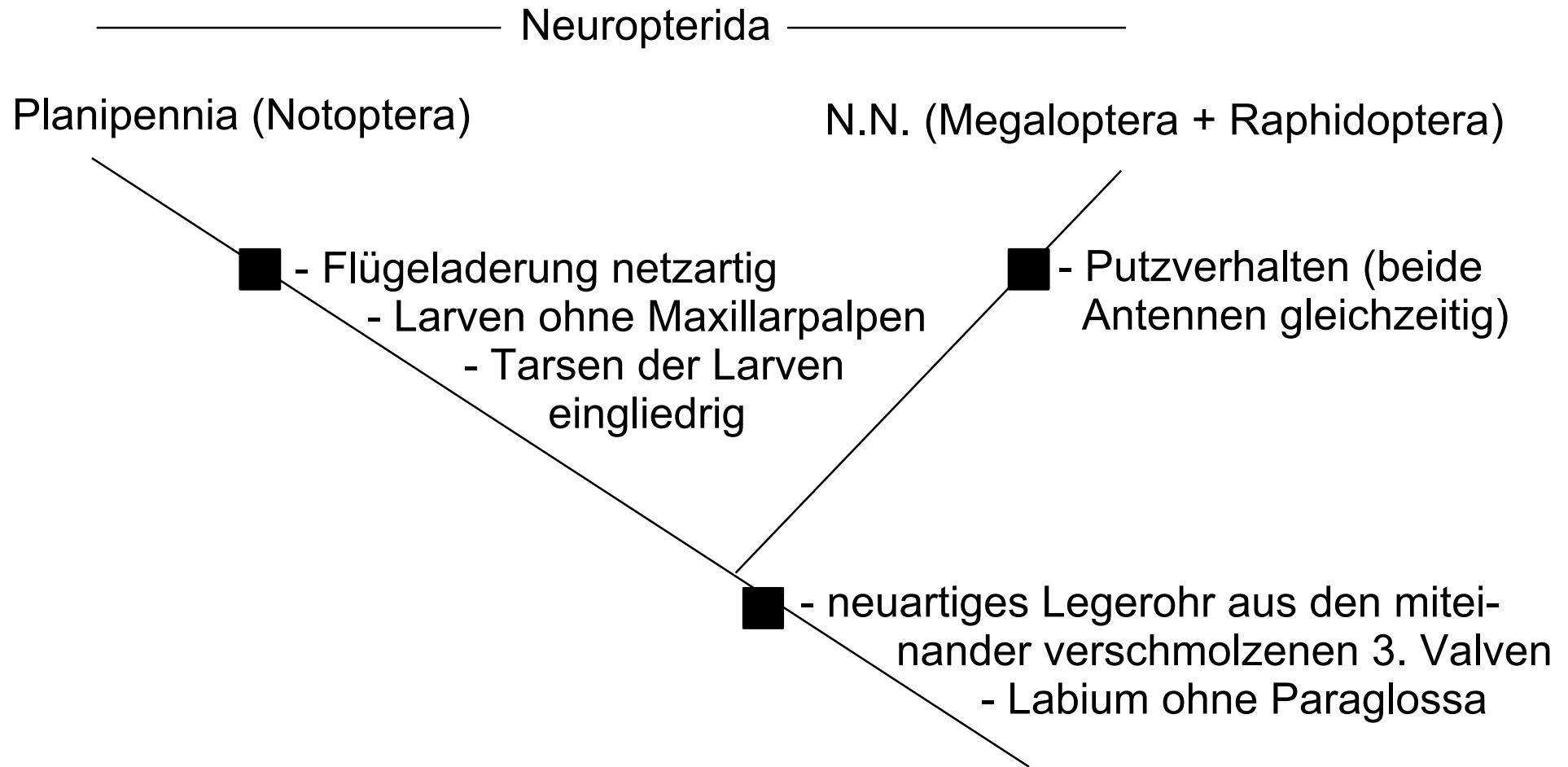
Neuropteriformia



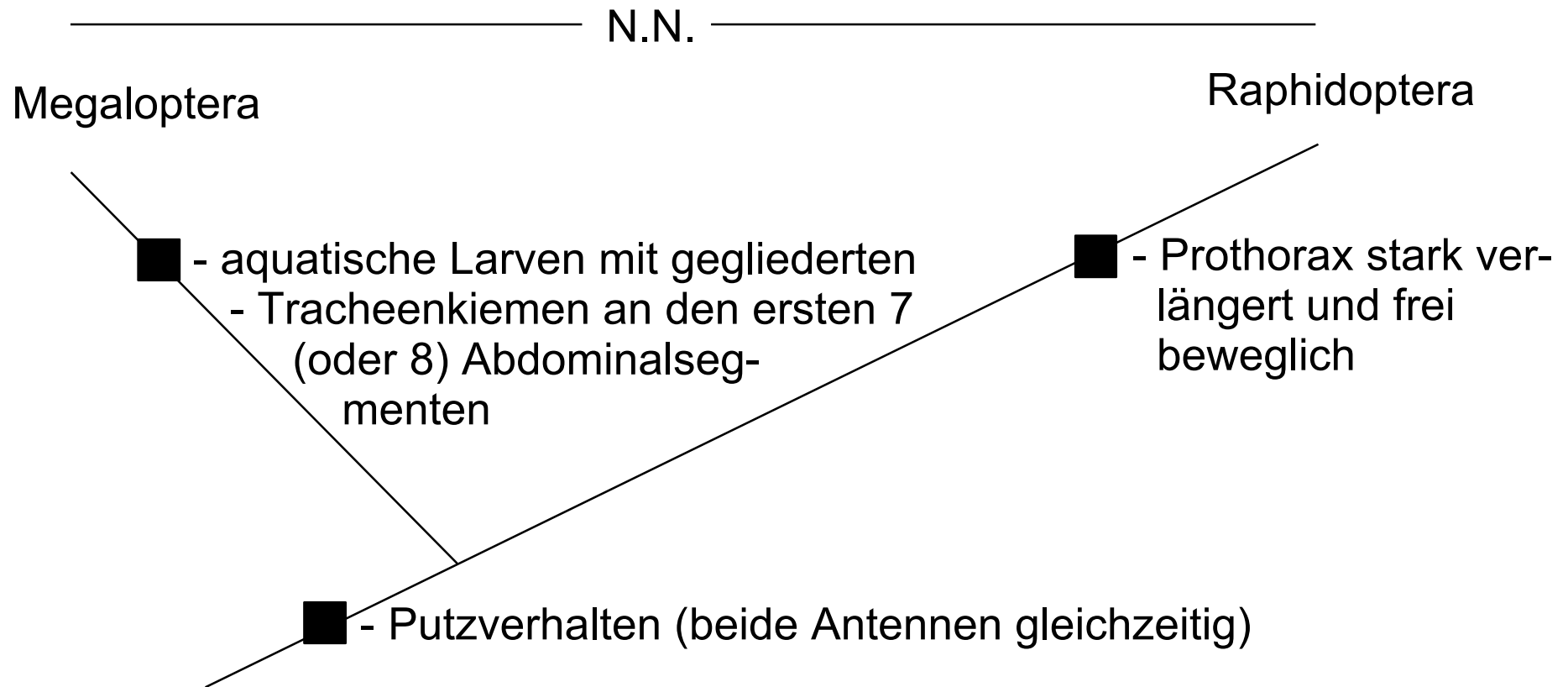
Coleopteroida



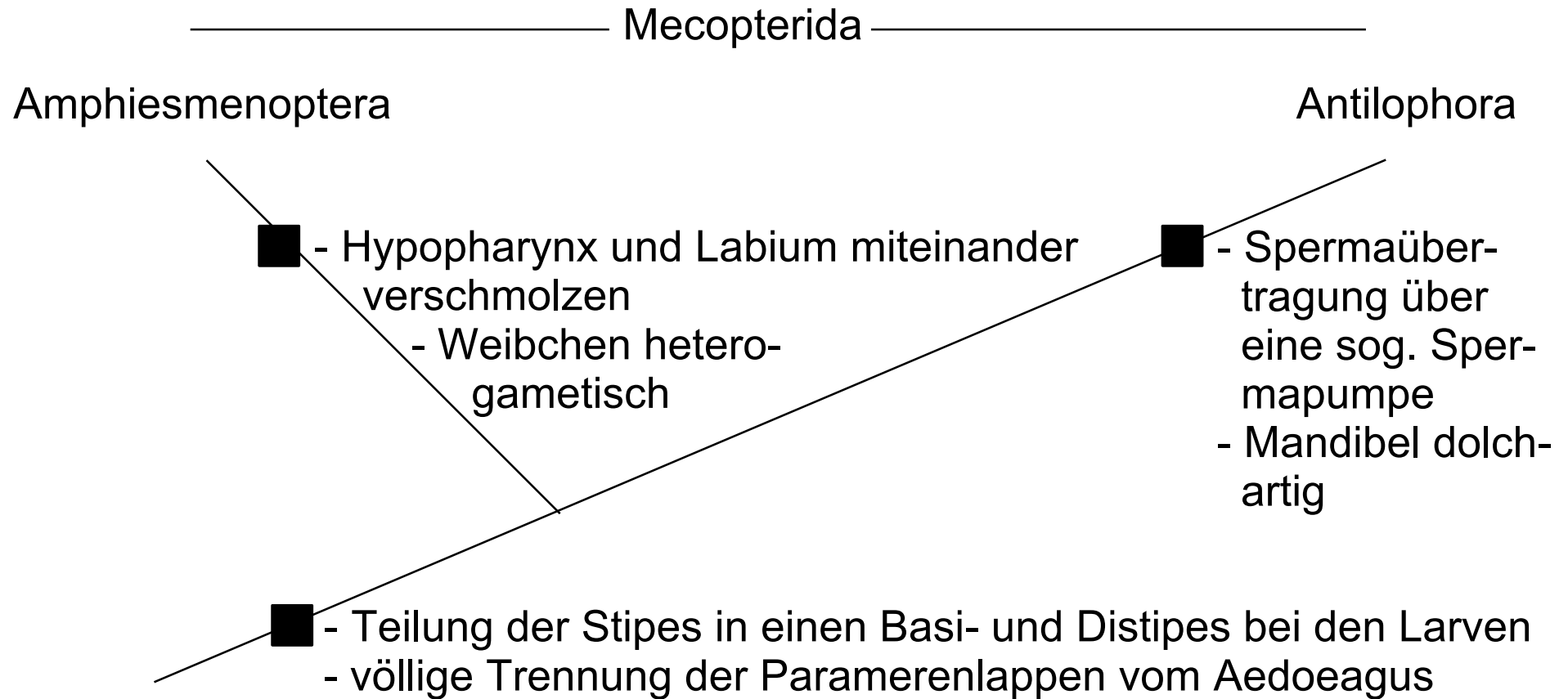
Neuropterida



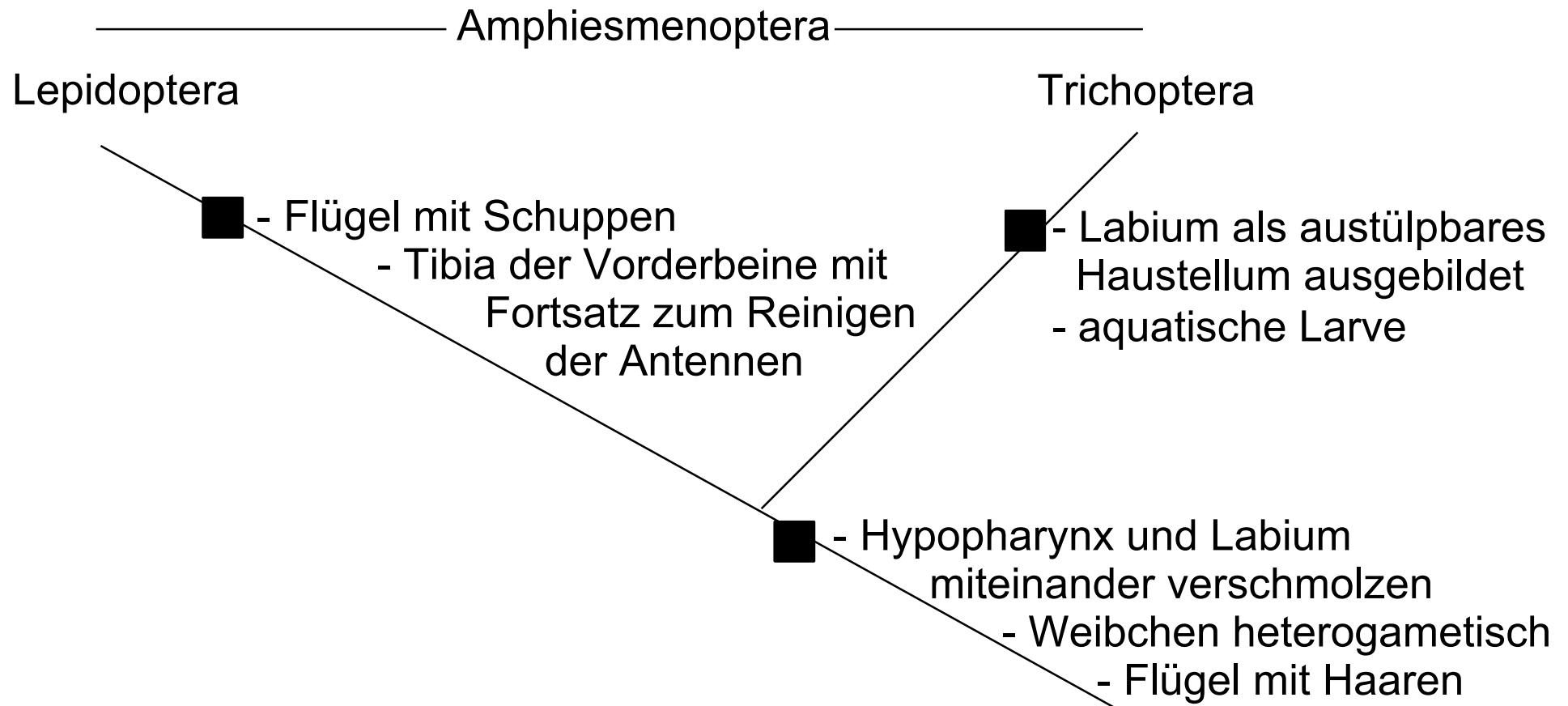
N.N.(Megaloptera + Raphidoptera)



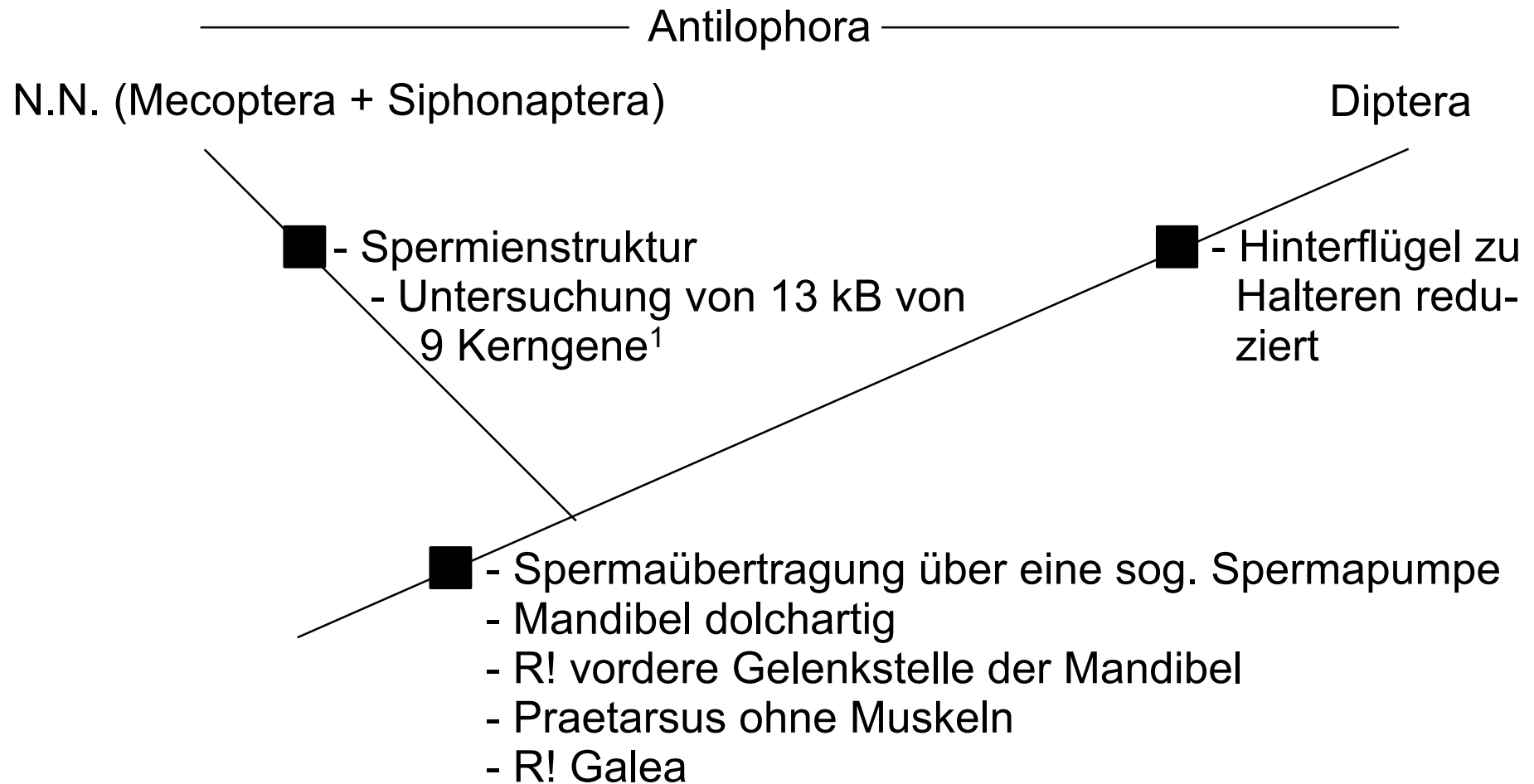
Mecopterida



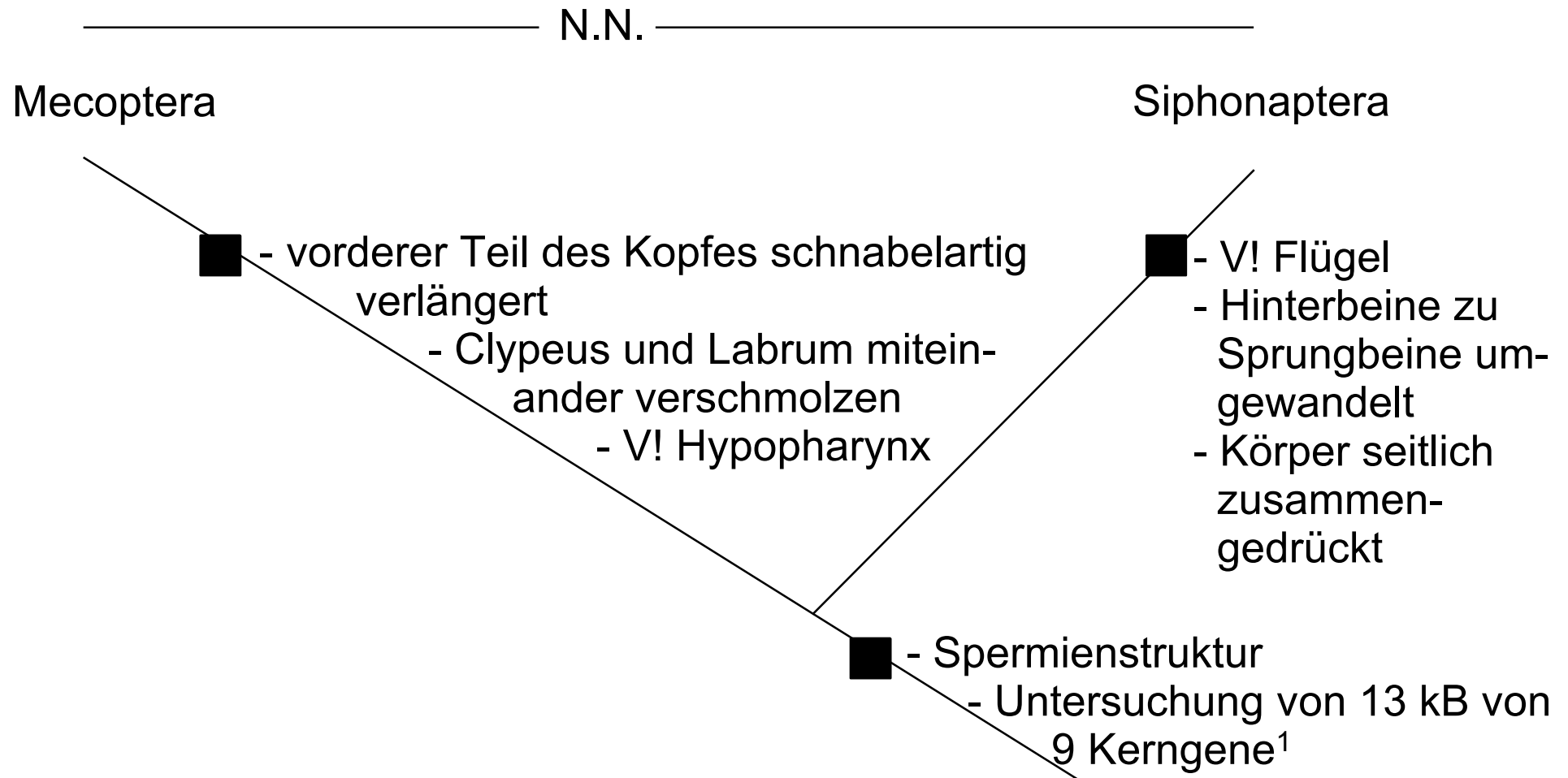
Amphiesmenoptera



Antilophora

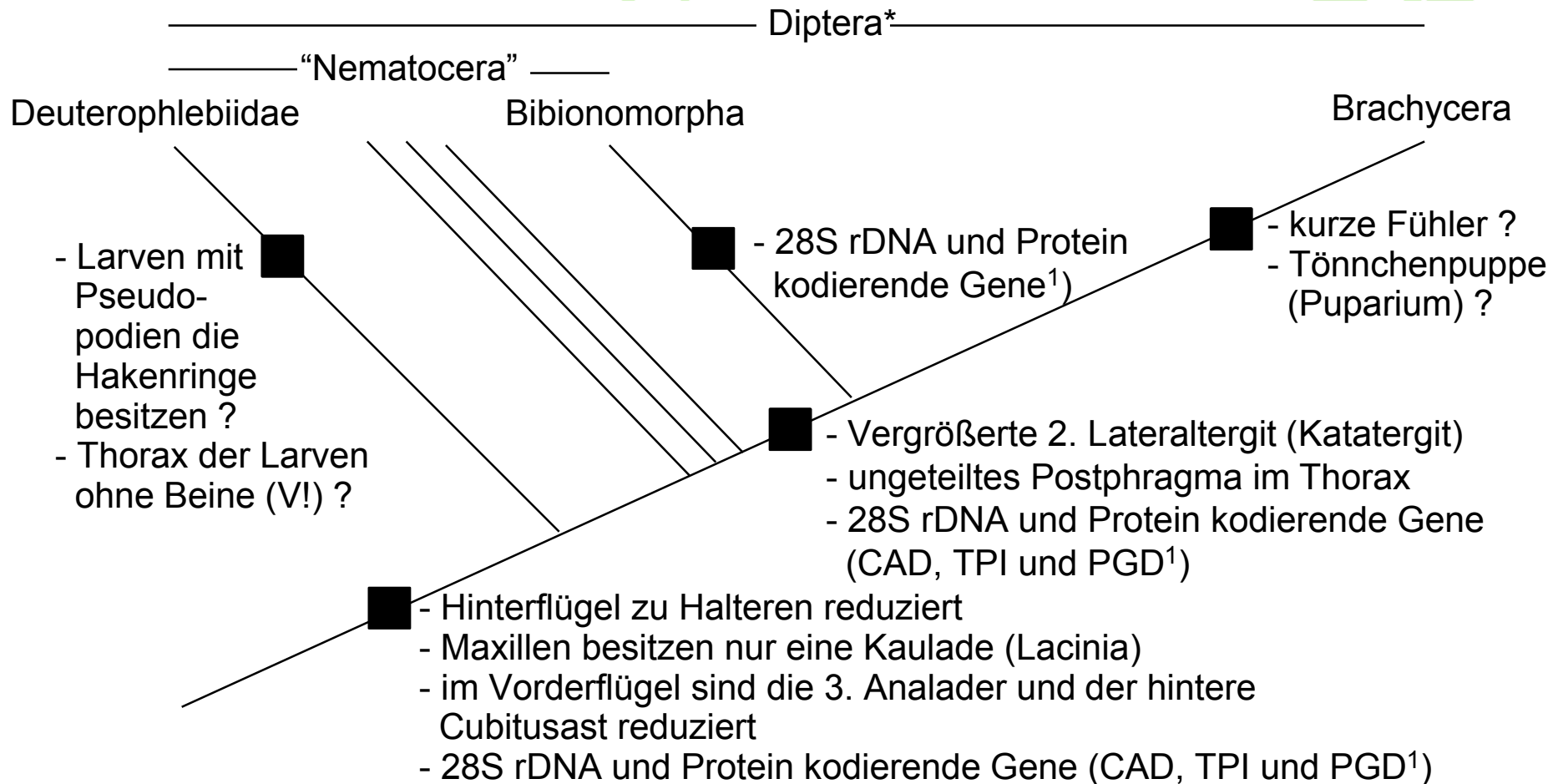


N.N. (Mecoptera + Siphonaptera)



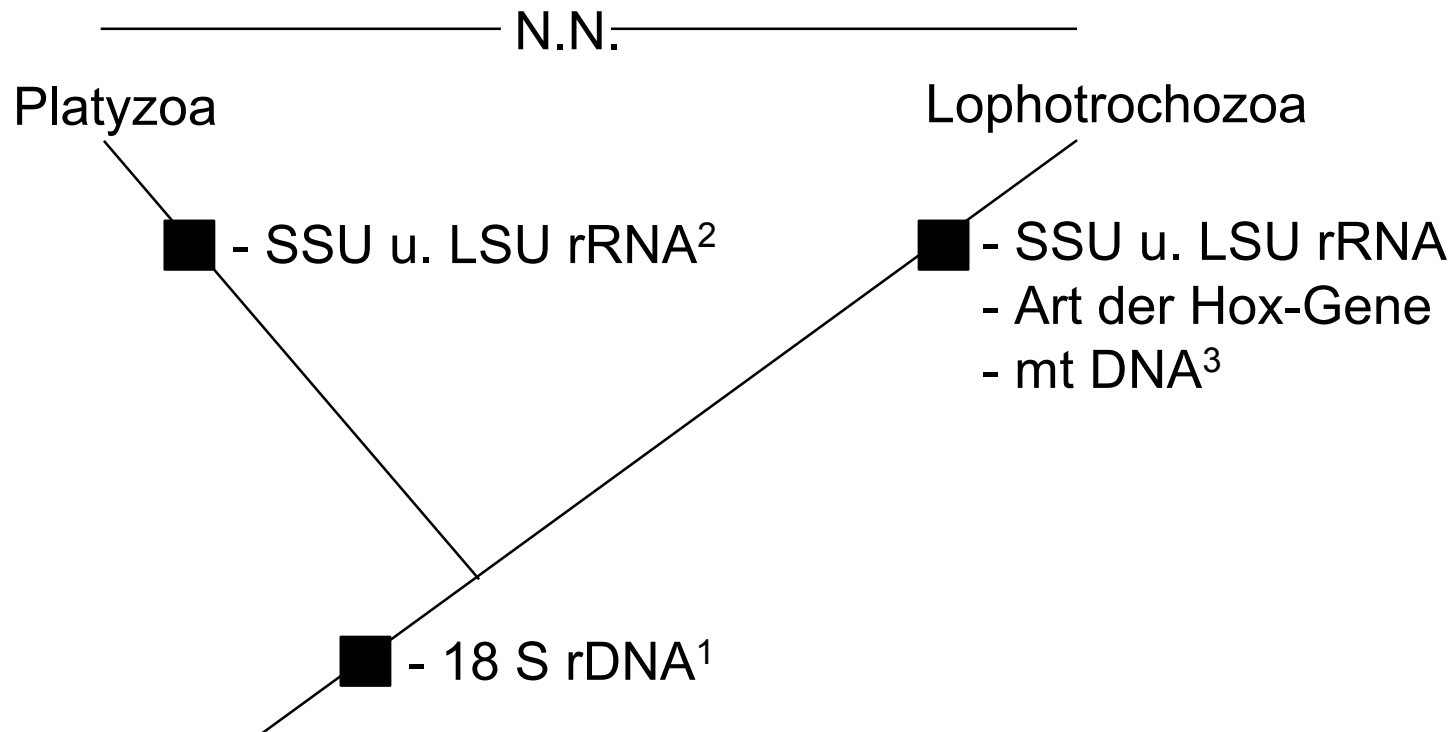
¹ Mckenna, D., B. Farrell, et al. (2010). 9-Genes Reinforce the Phylogeny of Holometabola and Yield Alternate Views on the Phylogenetic Placement of Strepsiptera. *PLoS ONE*. **5**: e11887.

Diptera



¹ Bertone, M., G. W. Courtney, et al. (2008). Phylogenetics and temporal diversification of the earliest true flies (Insecta: Diptera) based on multiple nuclear genes. *Systematic Entomology*. **33**: 668-687.

N.N. (Platyzoa + Lophotrochozoa)

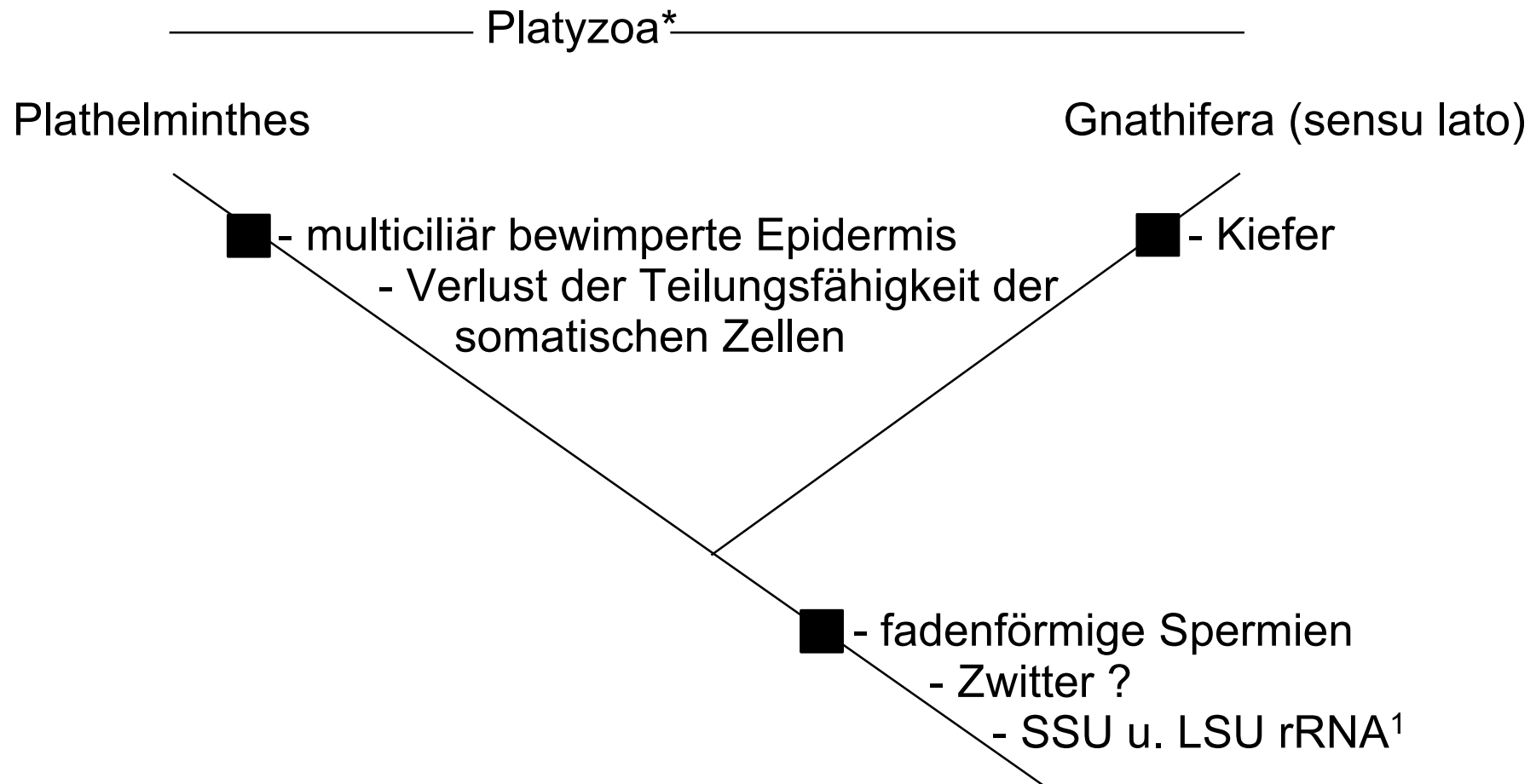


¹ Peterson, K. J. and D. J. Eernisse (2001). Animal phylogeny and the ancestry of bilaterians: inferences from morphology and 18S rDNA gene sequences. *Evolution & Development*. **3**: 170-205.

² Passamanek, Y. and K. M. Halanych (2006). Lophotrochozoan phylogeny assessed with LSU and SSU data: evidence of lophophorate polyphyly. *Mol Phylogenet Evol.* **40**: 20-28.

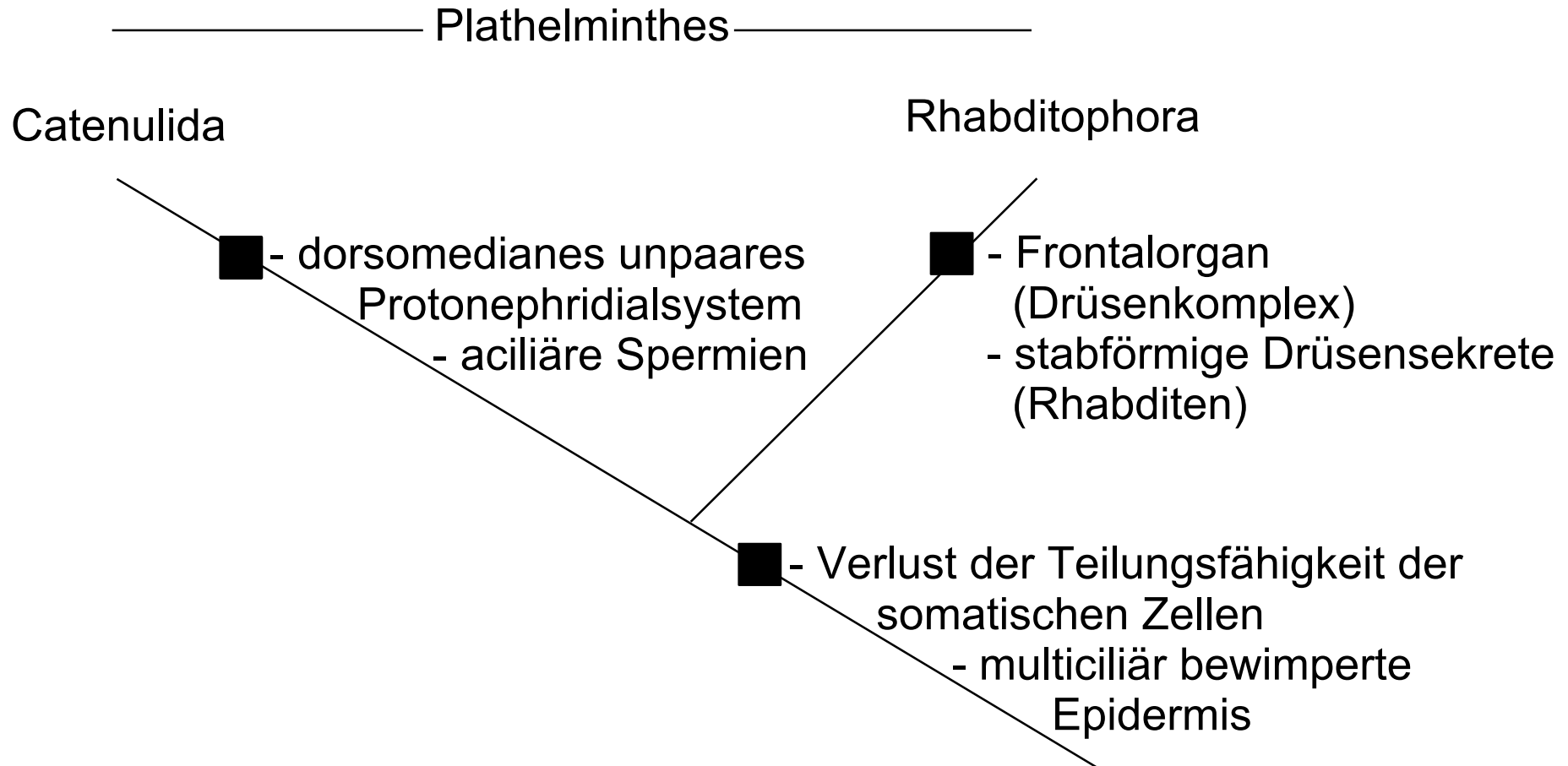
³ aufgelistet in: Halanych, K. M. (2004). THE NEW VIEW OF ANIMAL PHYLOGENY. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* **35**: 229-256.

Platyzoa

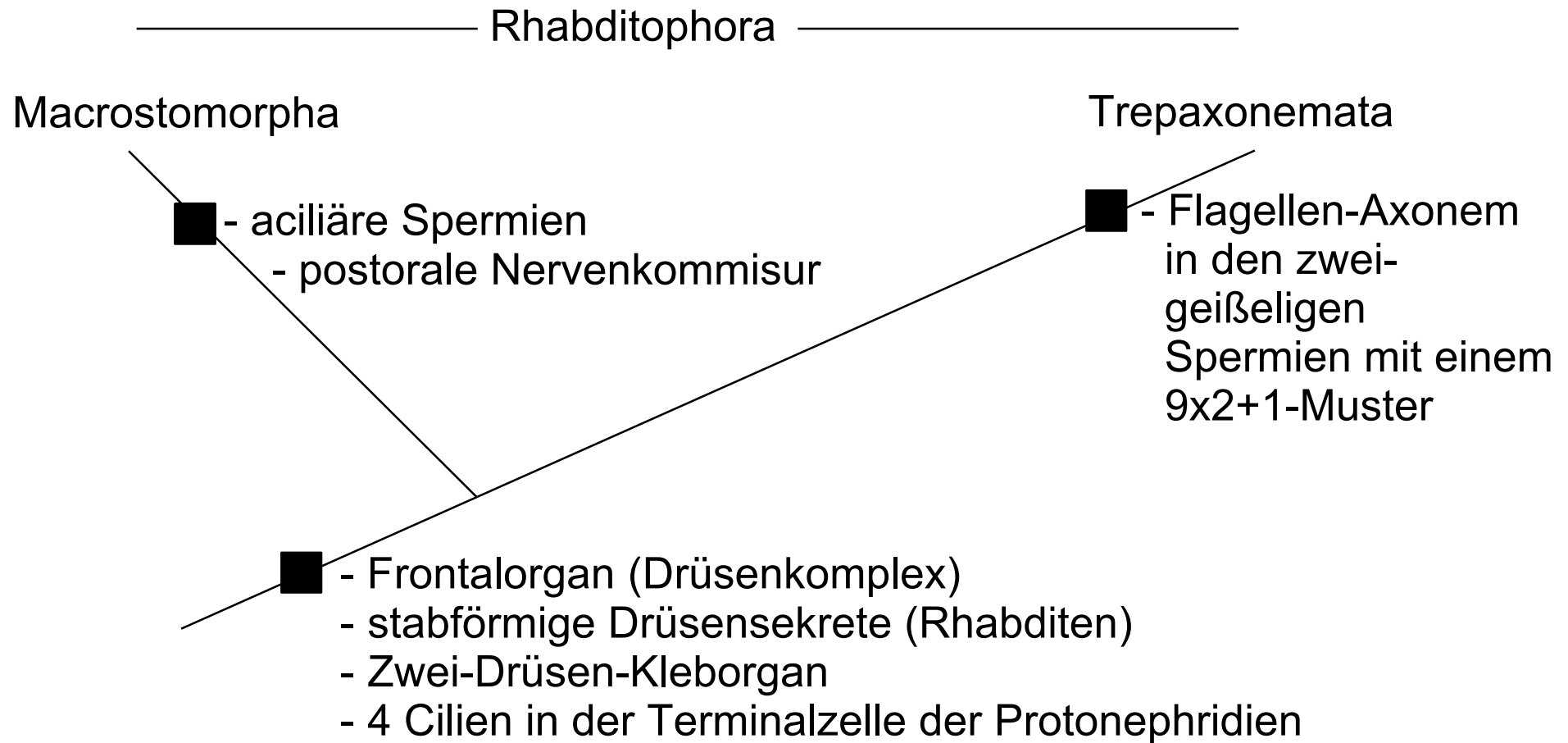


¹ Passamaneck, Y. and K. M. Halanych (2006). Lophotrochozoan phylogeny assessed with LSU and SSU data: evidence of lophophorate polyphyly. *Mol Phylogenet Evol.* **40**: 20-28.

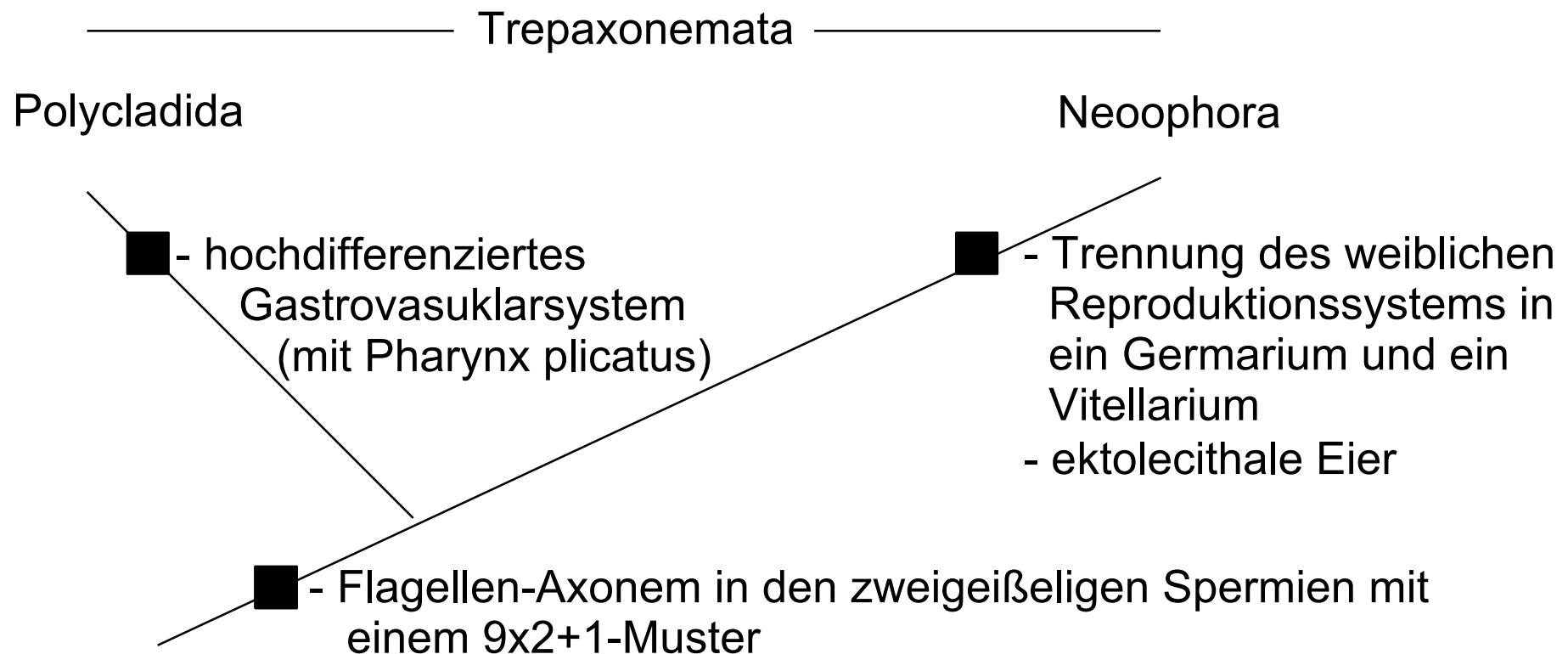
Plathelminthes



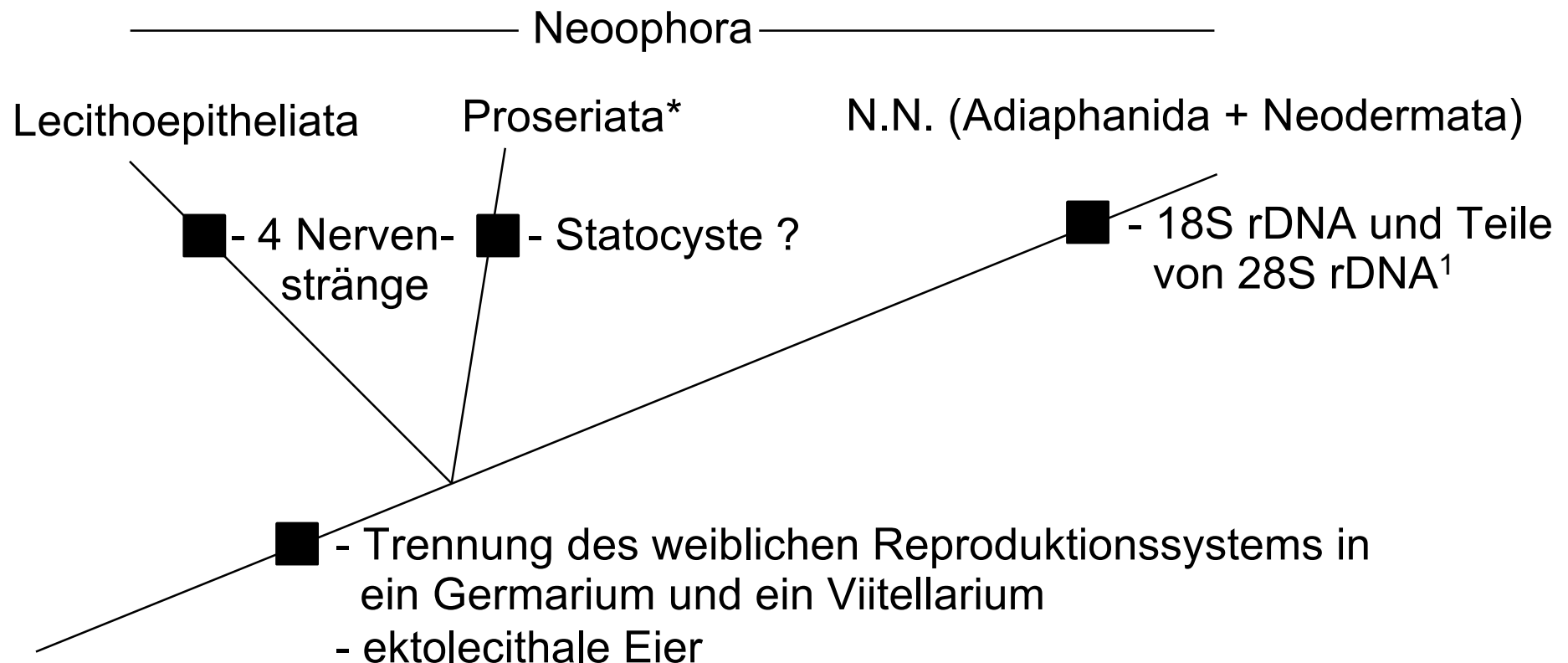
Rhabditophora



Trepaxonemata

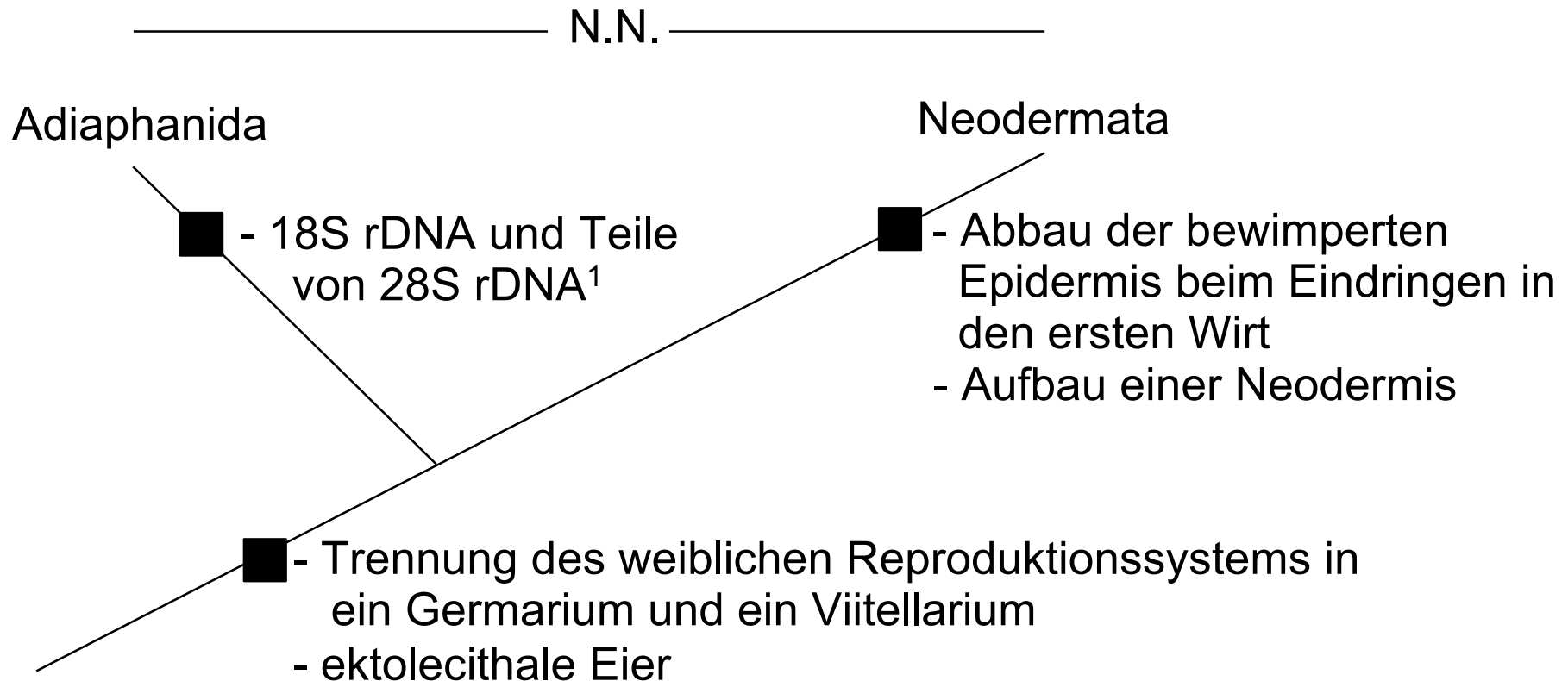


Neophora



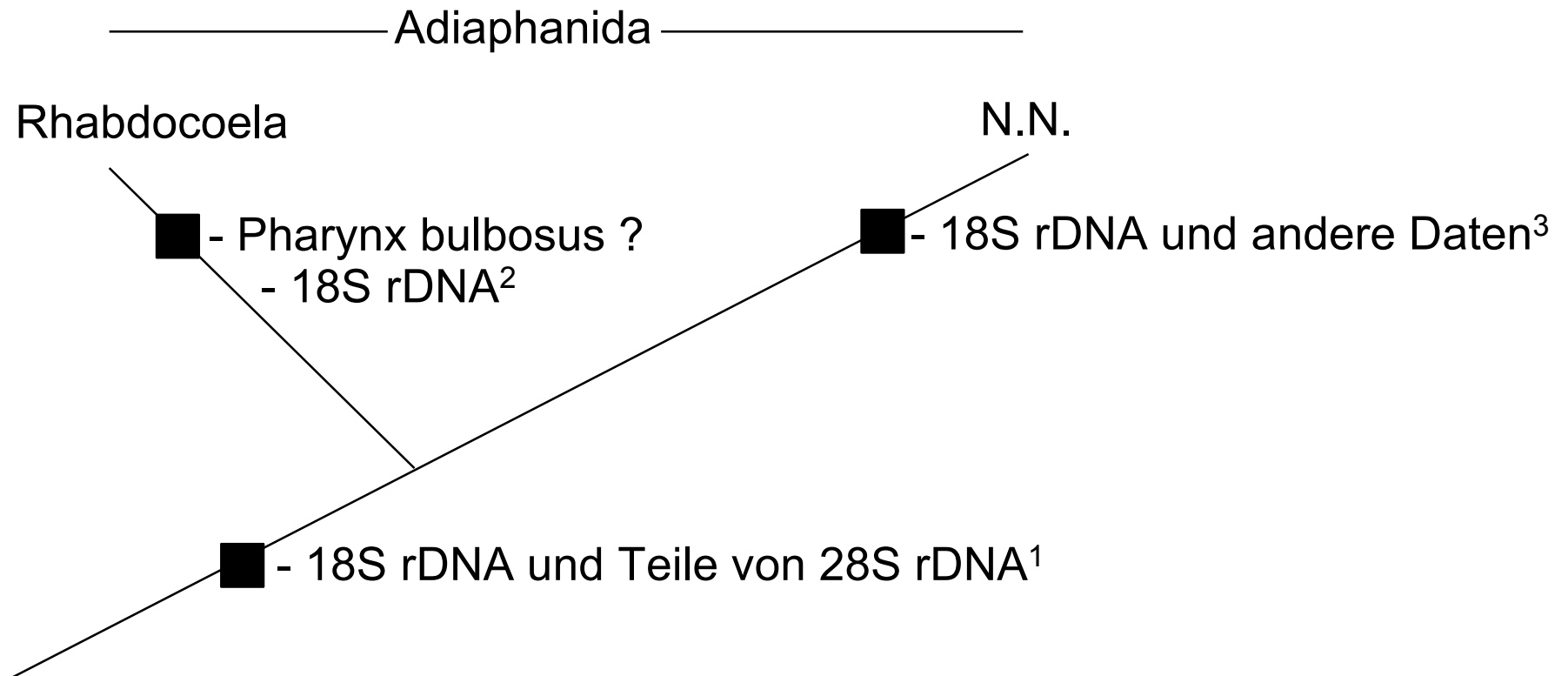
¹ Norén M. and Jondelius U. (2002): The phylogenetic position of the Prolecithophora (Rhabditophora, "Platyhelminthes"). *Zoologica Scripta*. **31**: 403-414.

N.N. (Adiaphanida + Neodermata)



¹ Norén M. and Jondelius U. (2002): The phylogenetic position of the Prolecithophora (Rhabditophora, "Platyhelminthes"). *Zoologica Scripta*. **31**: 403-414.

Adiaphanida

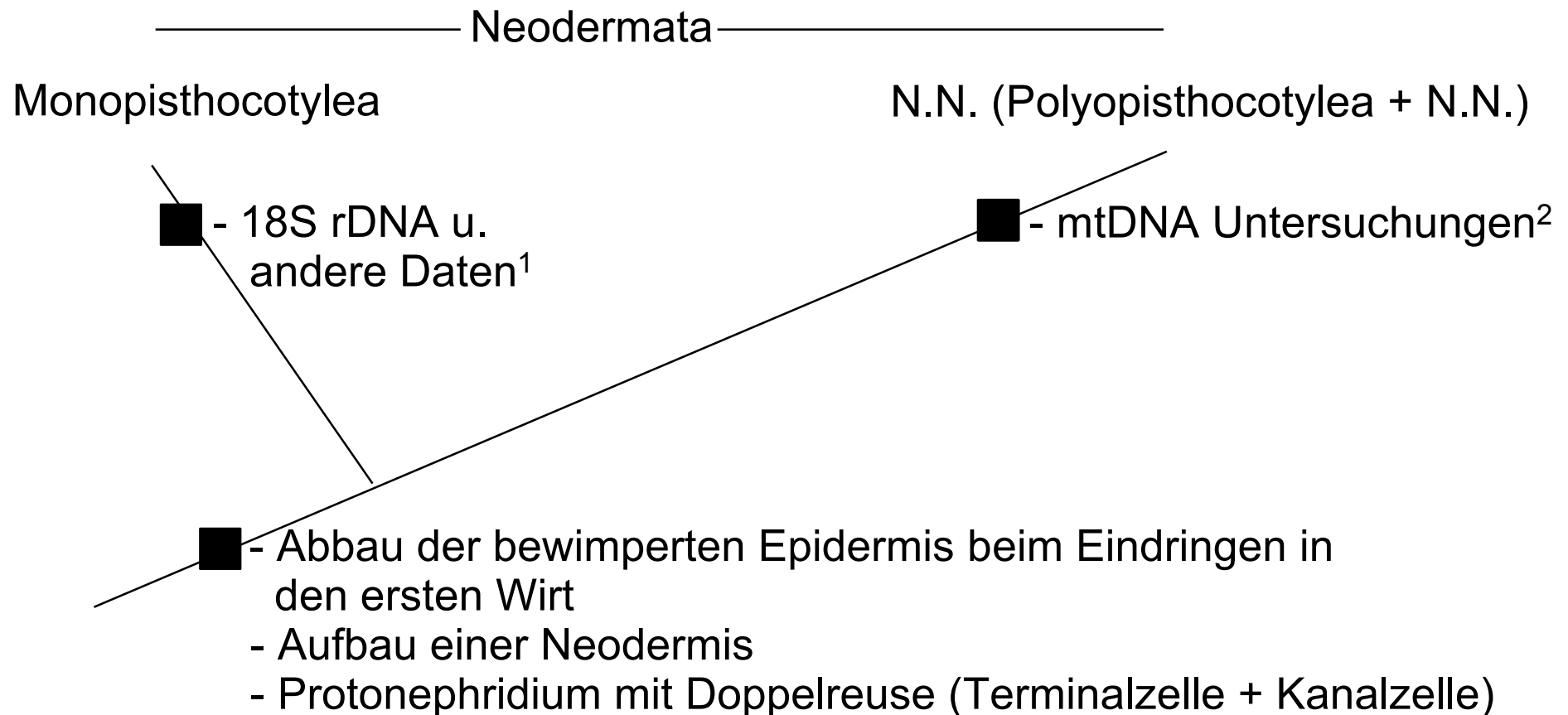


¹ Norén M. and Jondelius U. (2002): The phylogenetic position of the Prolecithophora (Rhabditophora, "Platyhelminthes"). *Zoologica Scripta*. **31**: 403-414.

² Willems, W. R., A. Wallberg, et al. (2006). Filling a gap in the phylogeny of flatworms: relationships within the Rhabdocoela (Platyhelminthes), inferred from 18S ribosomal DNA sequences. *Zoologica Scripta*. **35**: 1-17.

³ Littlewood, D. T. J. (2008). PLATYHELMINTH SYSTEMATICS AND THE EMERGENCE OF NEW CHARACTERS. *Parasite*. **15**: 333-341.

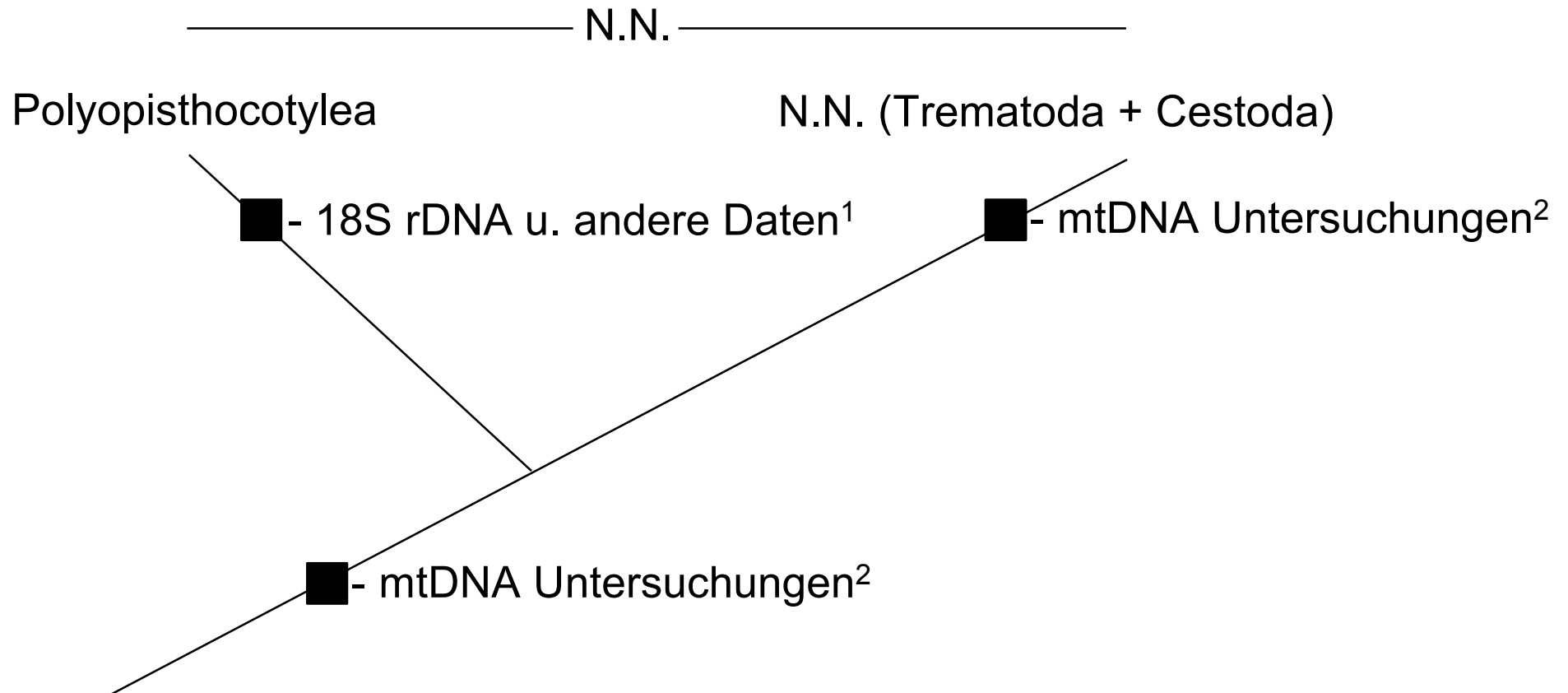
Neodermata



¹ Littlewood, D. T. J. (2008). PLATYHELMINTH SYSTEMATICS AND THE EMERGENCE OF NEW CHARACTERS. *Parasite*. **15**: 333-341.

² Perkins, E., S. Donnellan, et al. (2010). Closing the mitochondrial circle on paraphyly of the Monogenea (Platyhelminthes) infers evolution in the diet of parasitic flatworms. *International Journal for Parasitology*. **40**: 1237-1245.

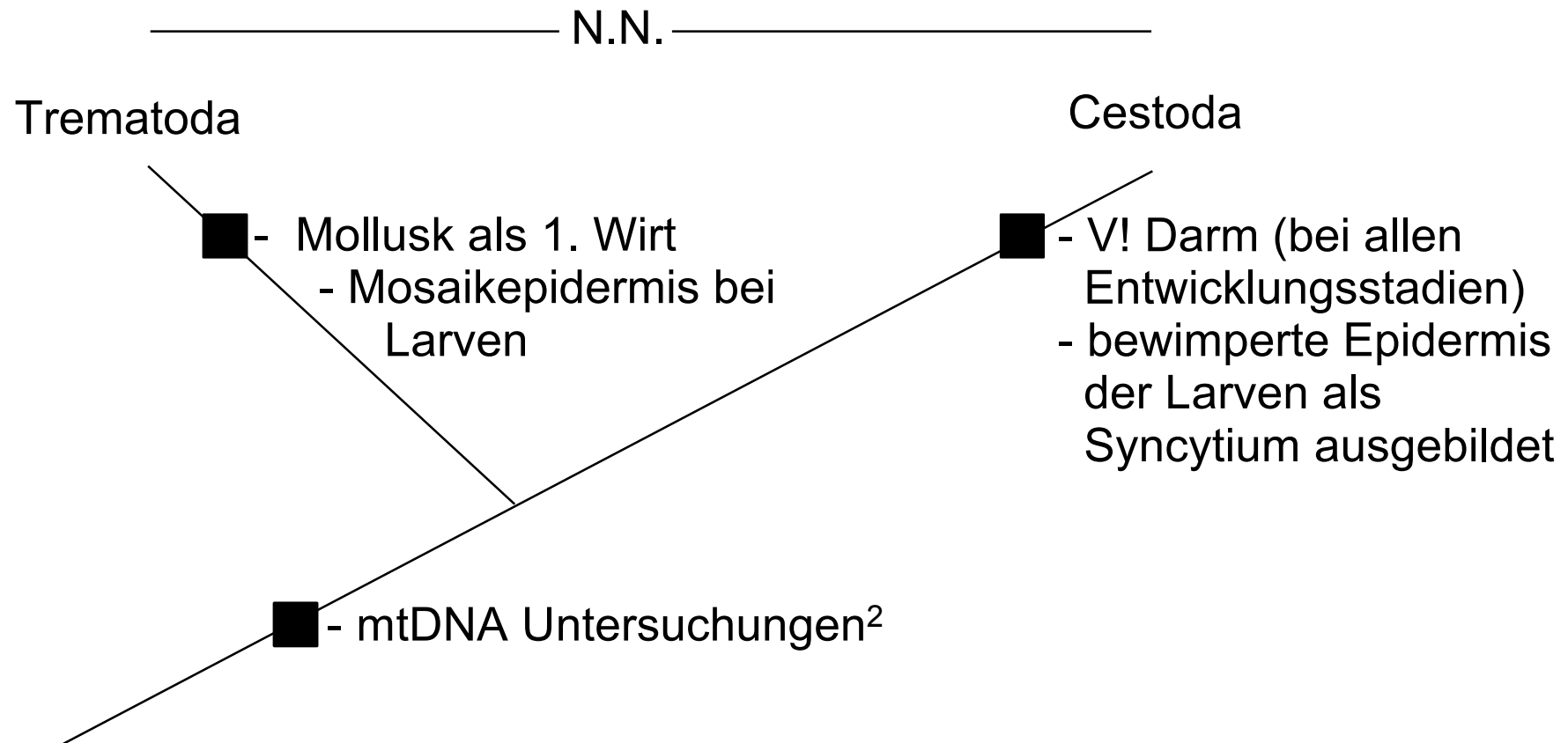
N.N. (Polyopisthocotylea + N.N.)



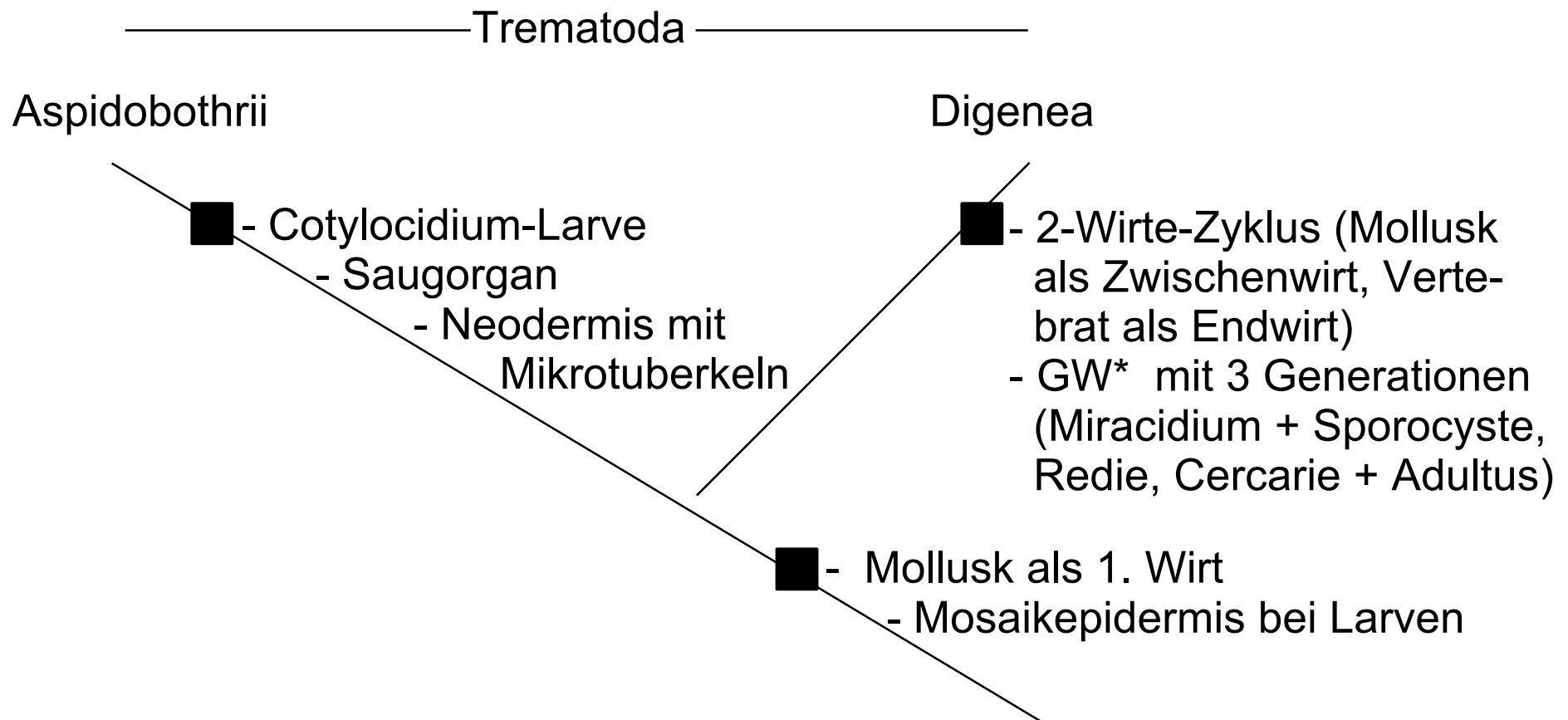
¹ Littlewood, D. T. J. (2008). PLATYHELMINTH SYSTEMATICS AND THE EMERGENCE OF NEW CHARACTERS. *Parasite*. **15**: 333-341.

² Perkins, E., S. Donnellan, et al. (2010). Closing the mitochondrial circle on paraphyly of the Monogenea (Platyhelminthes) infers evolution in the diet of parasitic flatworms. *International Journal for Parasitology*. **40**: 1237-1245.

N.N. (Trematoda + Cestoda)



Trematoda

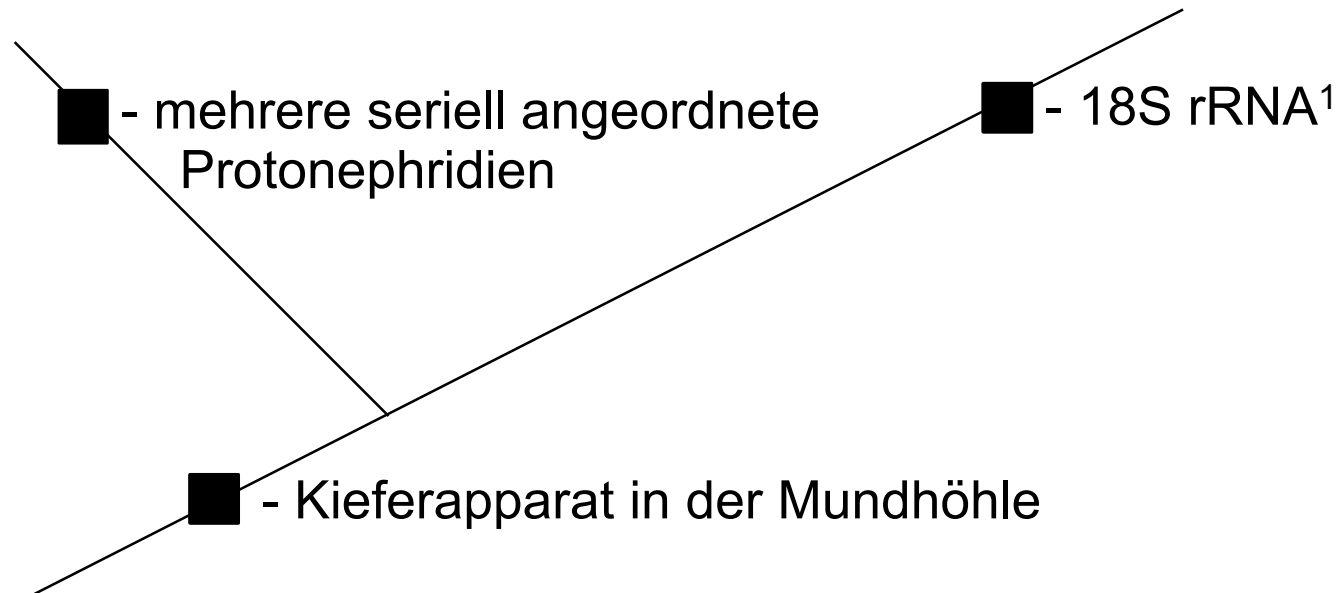


* GW = Generationswechsel

Gnathifera (sensu lato)

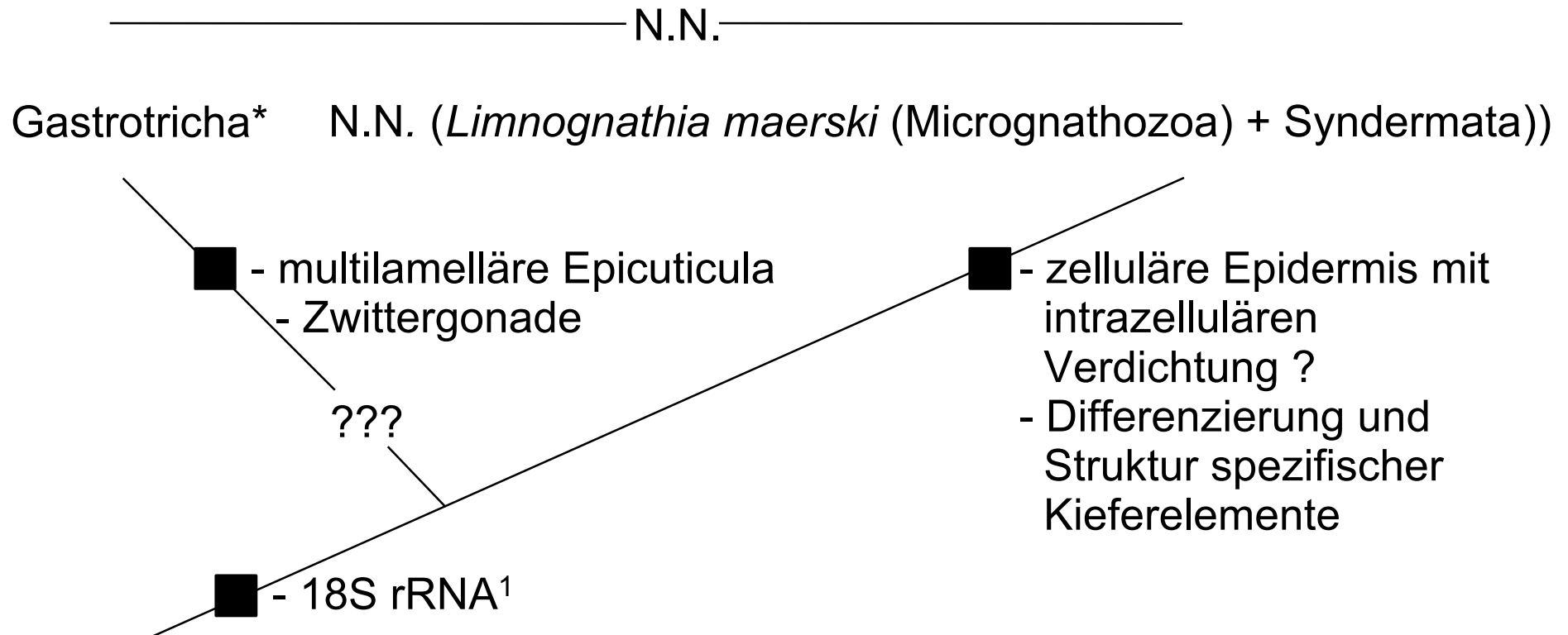
————— Gnathifera (sensu lato) —————

Gnathostomulida N.N. (Gastrotricha + *Limnognathia maerski* + Syndermata)



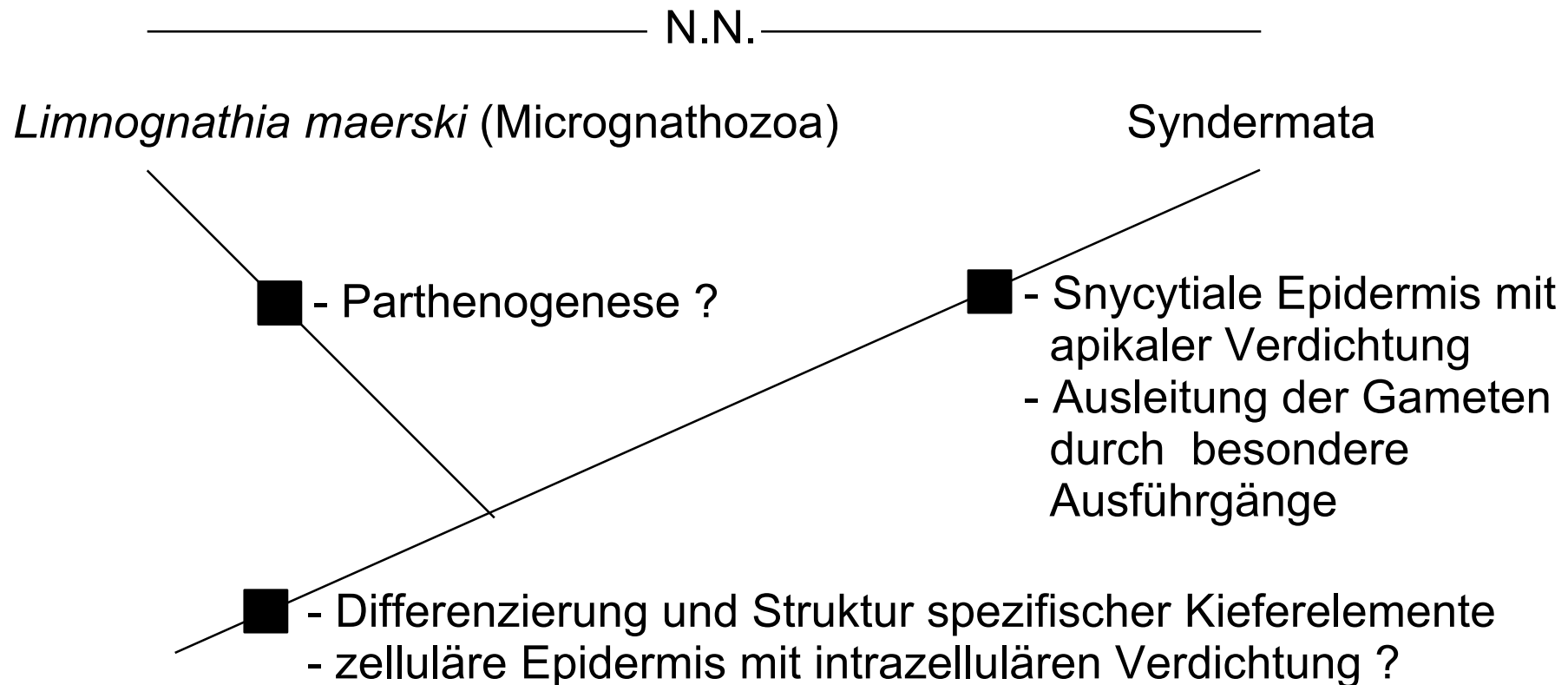
¹ Todaro, M. A., M. J. Telford, et al. (2006). Interrelationships of the Gastrotricha and their place among the Metazoa inferred from 18S rRNA genes. *Zoologica Scripta*. **35**: 251-259.

N.N. (Gastrotricha + N.N.)

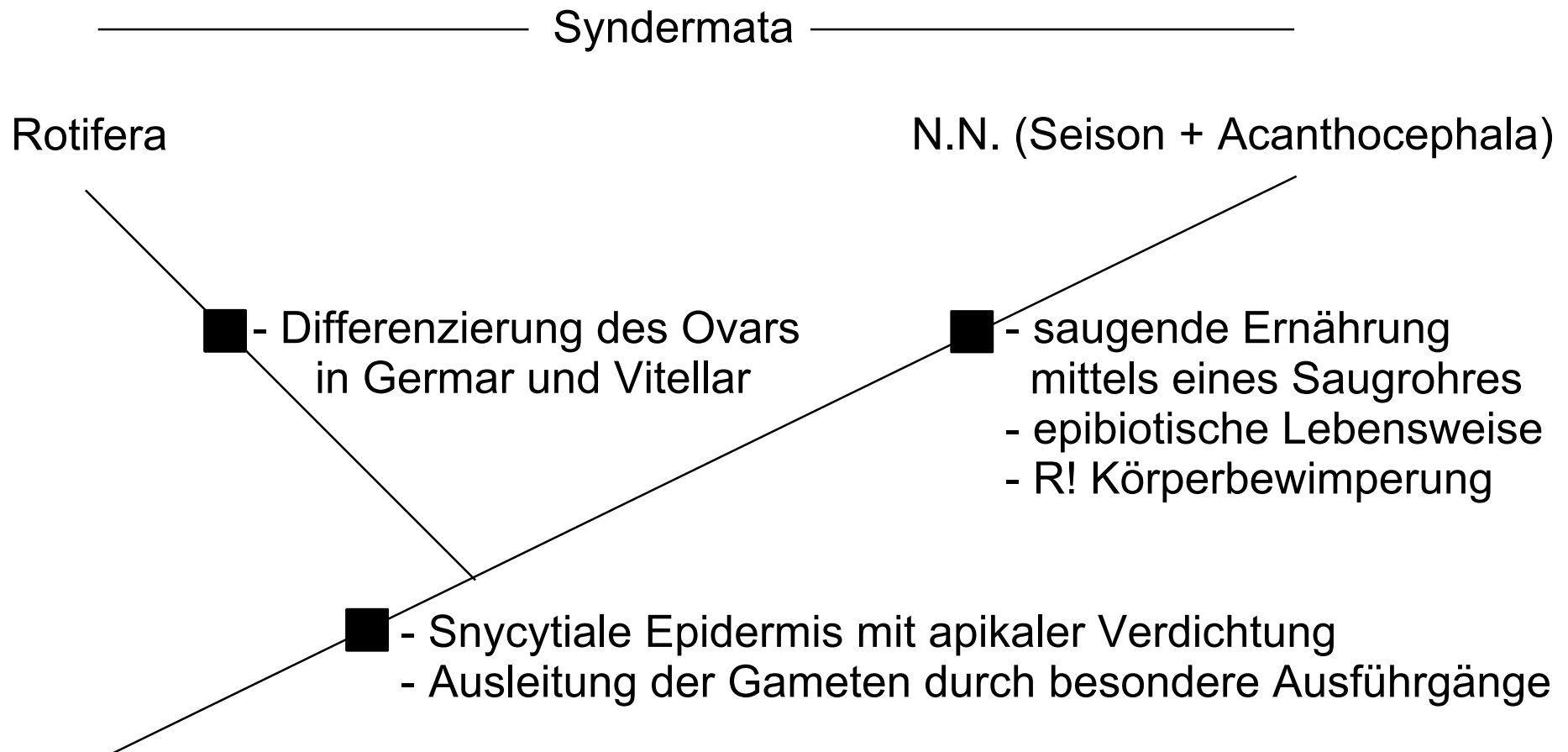


¹ Todaro, M. A., M. J. Telford, et al. (2006). Interrelationships of the Gastrotricha and their place among the Metazoa inferred from 18S rRNA genes. *Zoologica Scripta*. **35**: 251-259.

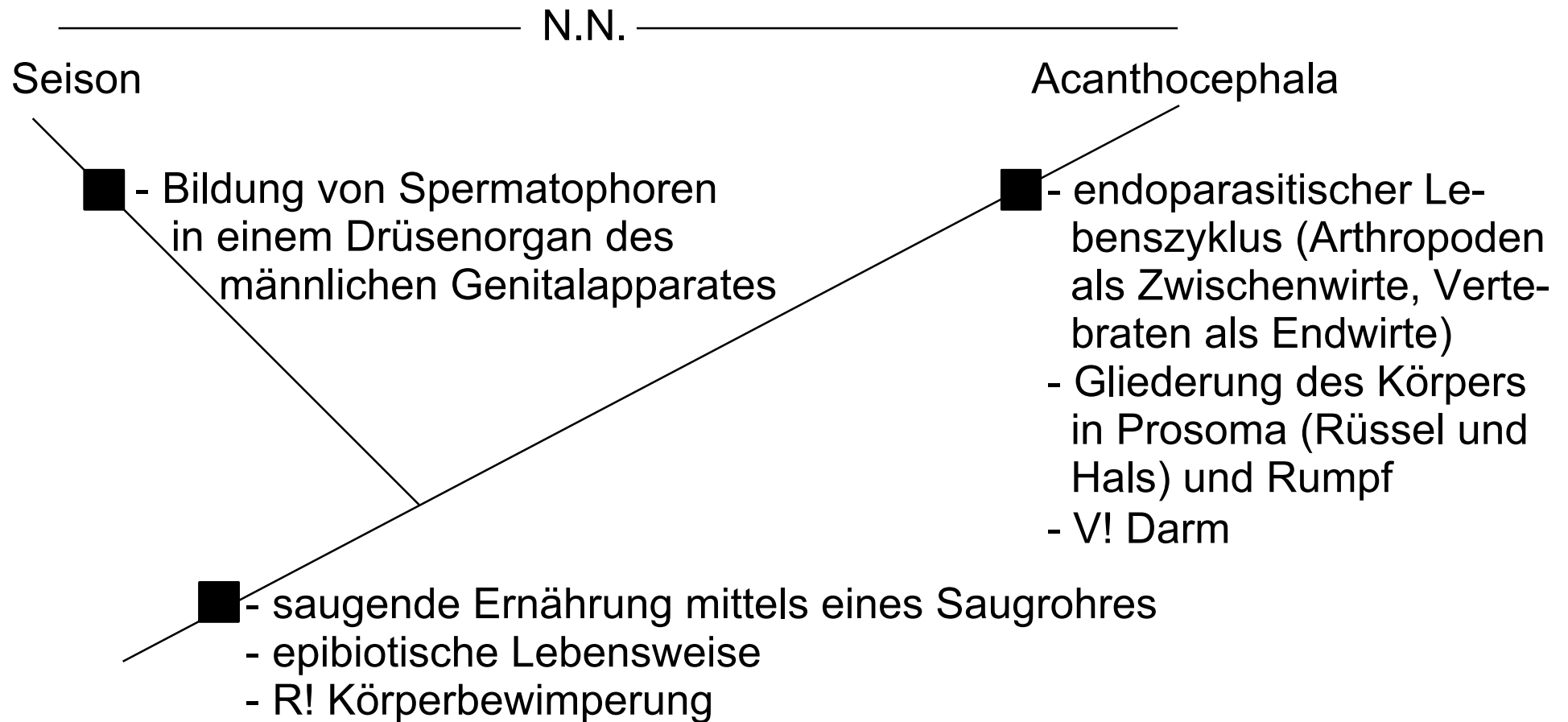
N.N. (*Limnognathia maerski* + Syndermata)



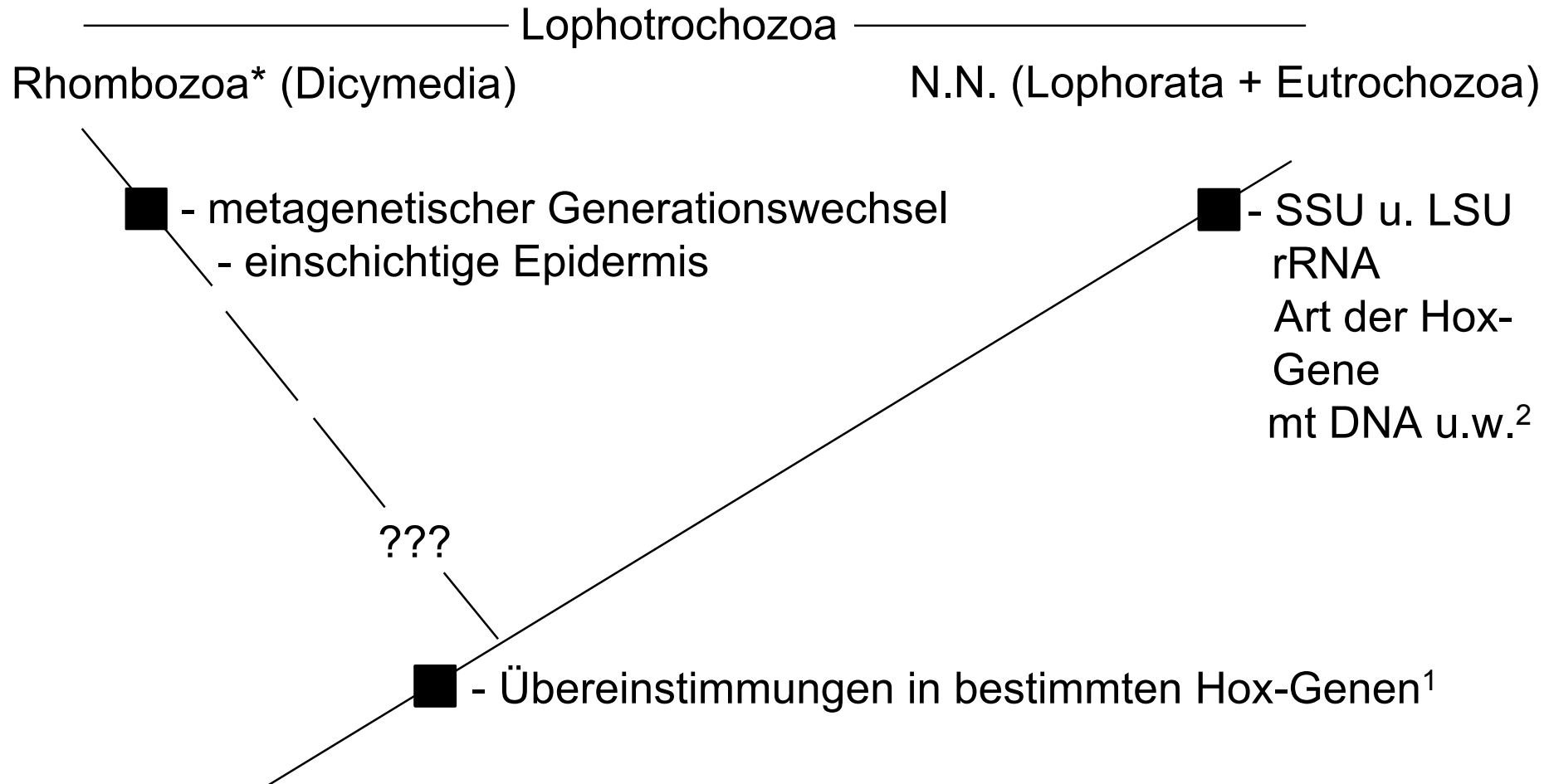
Syndermata



N.N. (Seison + Acanthocephala)



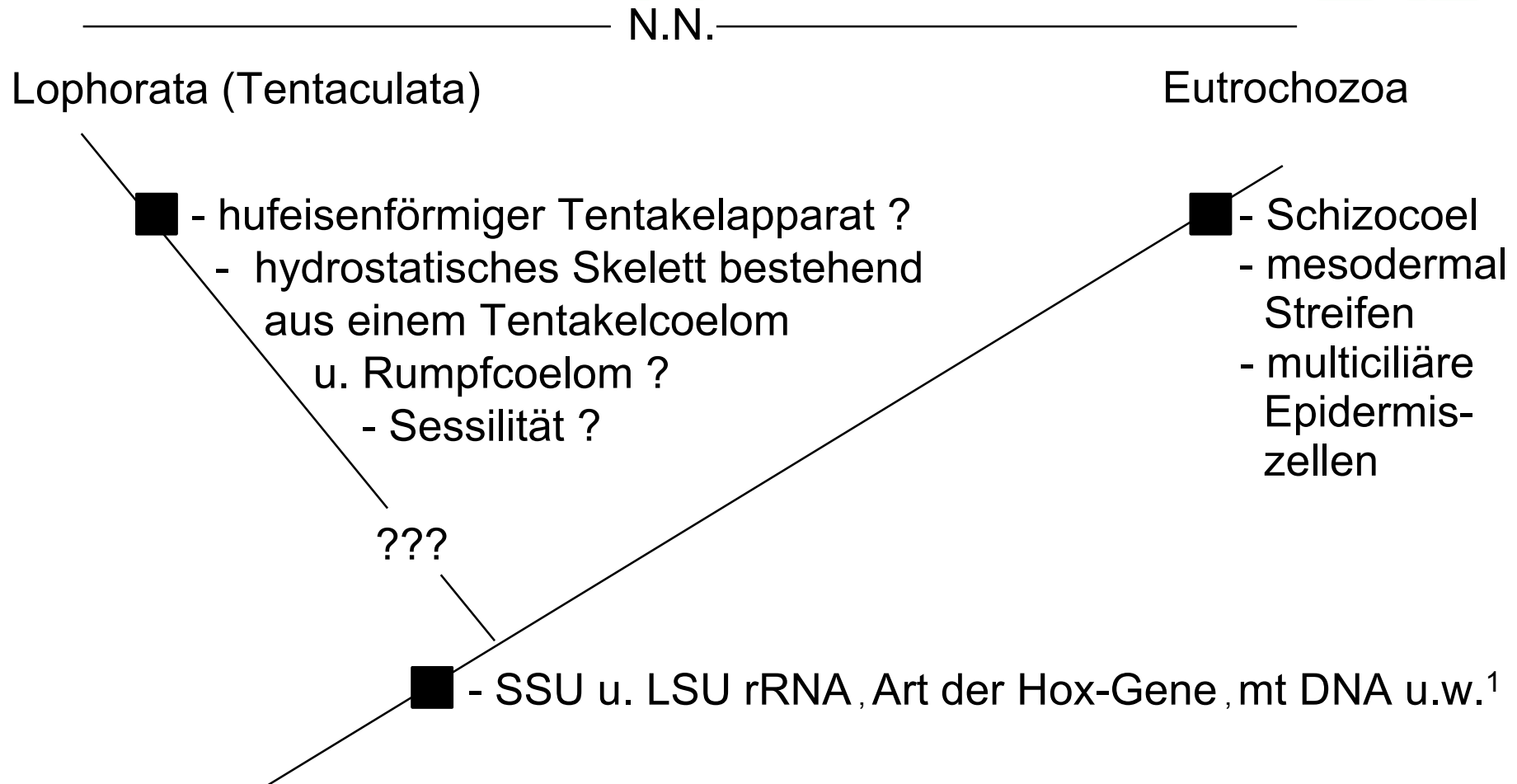
Lophotrochozoa



¹ Kobayashi, M. (1999): Dicymids are higher animals. *Nature*. **21**; 401(6755):762

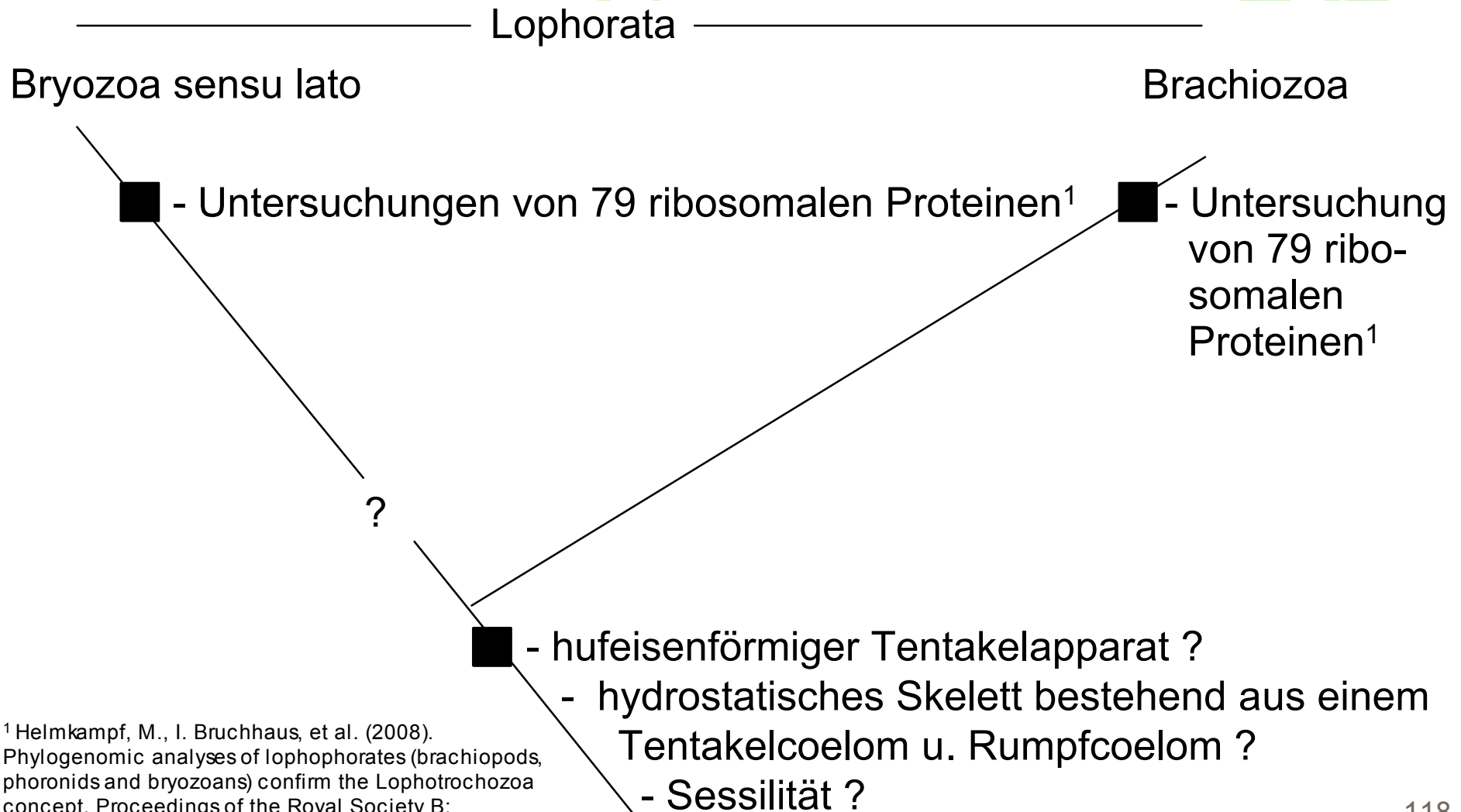
² aufgelistet in: Halanych, K. M. (2004). THE NEW VIEW OF ANIMAL PHYLOGENY. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* **35**: 229-256.

N.N. (Lophorata + Eutrochozoa)



¹ aufgelistet in: Halanych, K. M. (2004). THE NEW VIEW OF ANIMAL PHYLOGENY. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* **35**: 229-256.

Lophorata (Tentaculata)



¹ Helmkampf, M., I. Bruchhaus, et al. (2008). Phylogenomic analyses of lophophorates (brachiopods, phoronids and bryozoans) confirm the Lophotrochozoa concept. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. **275**: 1927-1933.

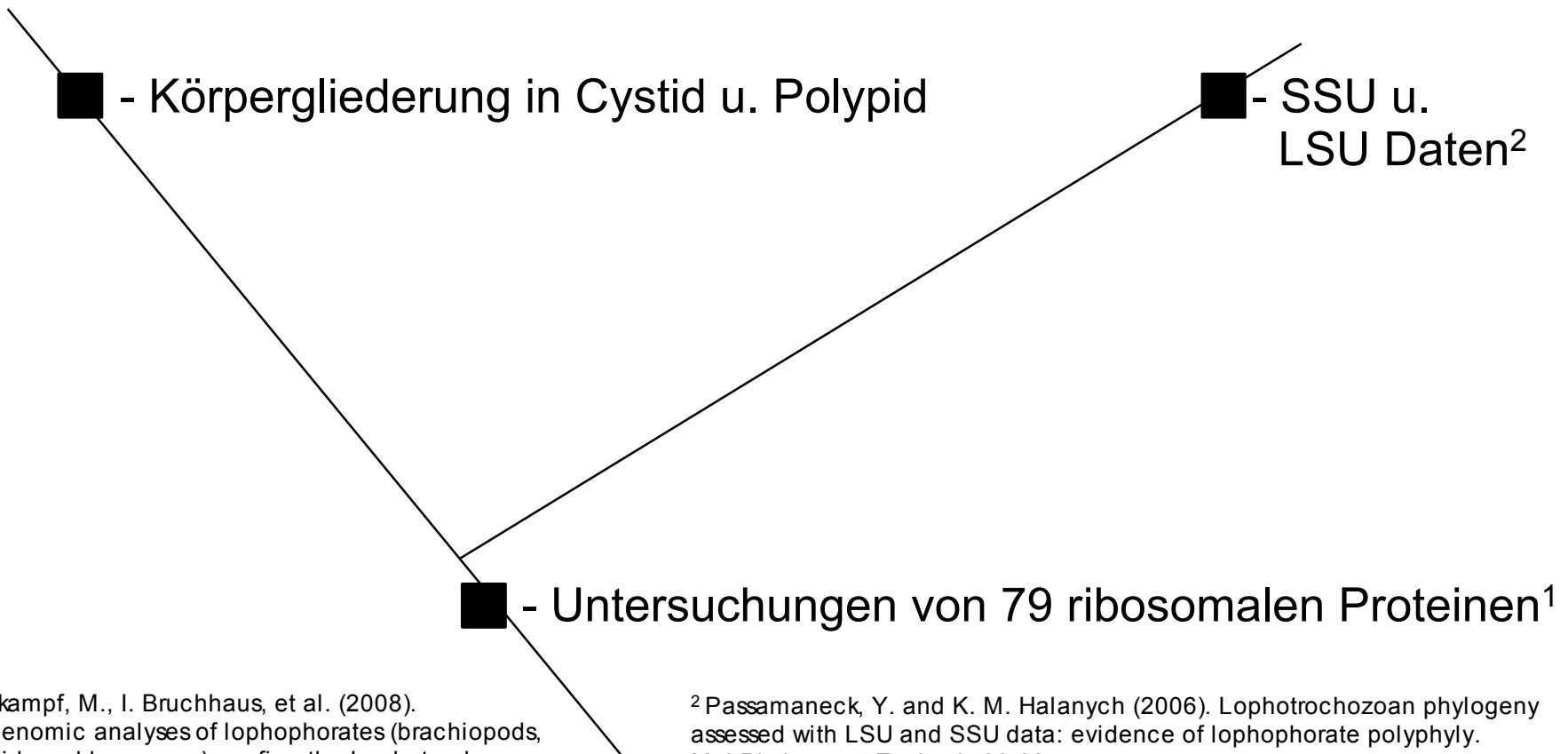
Bryozoa sensu lato



————— Bryozoa sensu lato* —————

Ectoprocta (Bryozoa sensu stricto)

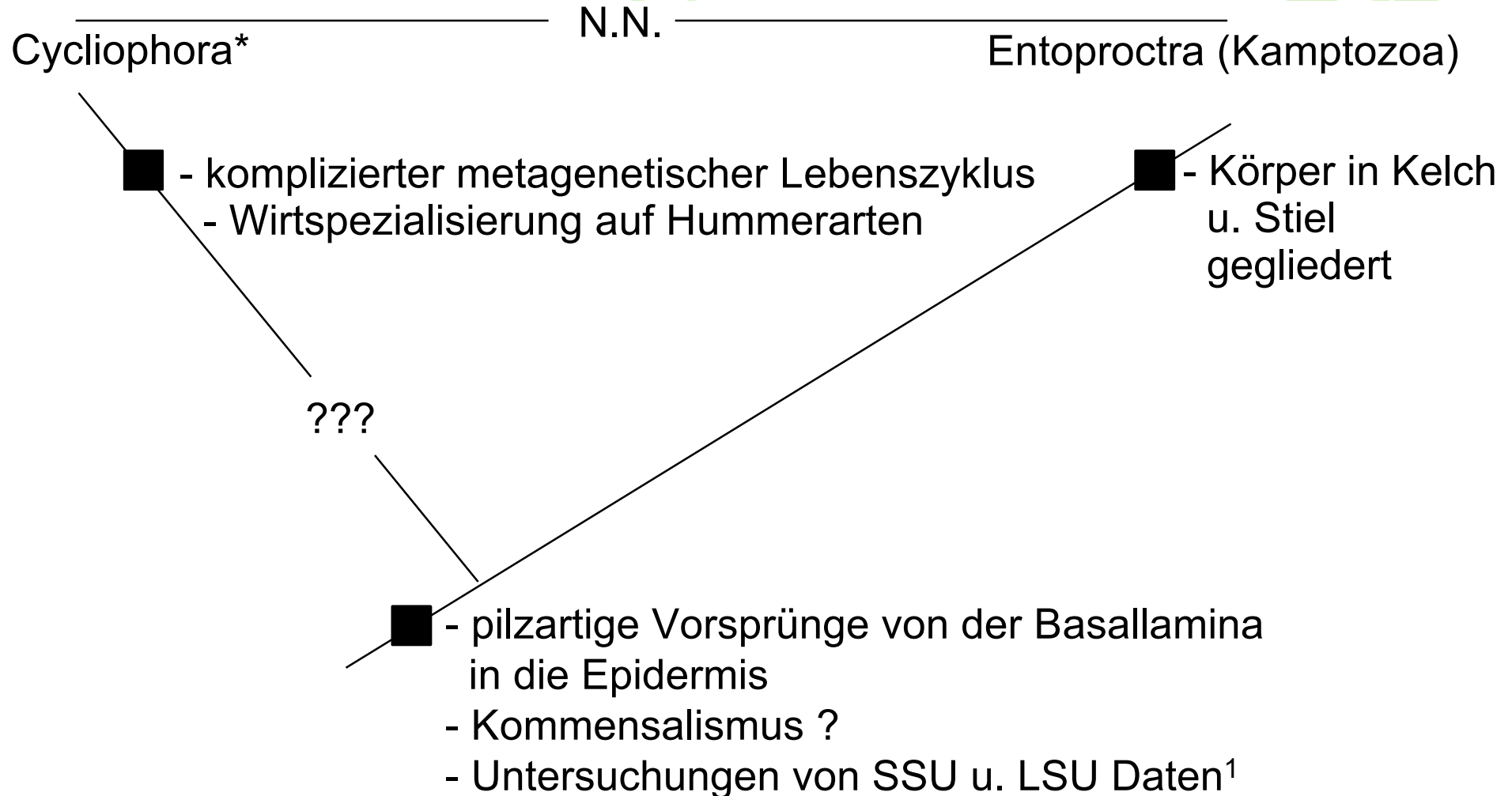
N.N. (Cycliophora + Entoprocta)



¹ Helmkampf, M., I. Bruchhaus, et al. (2008). Phylogenomic analyses of lophophorates (brachiopods, phoronids and bryozoans) confirm the Lophotrochozoa concept. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. **275**: 1927-1933.

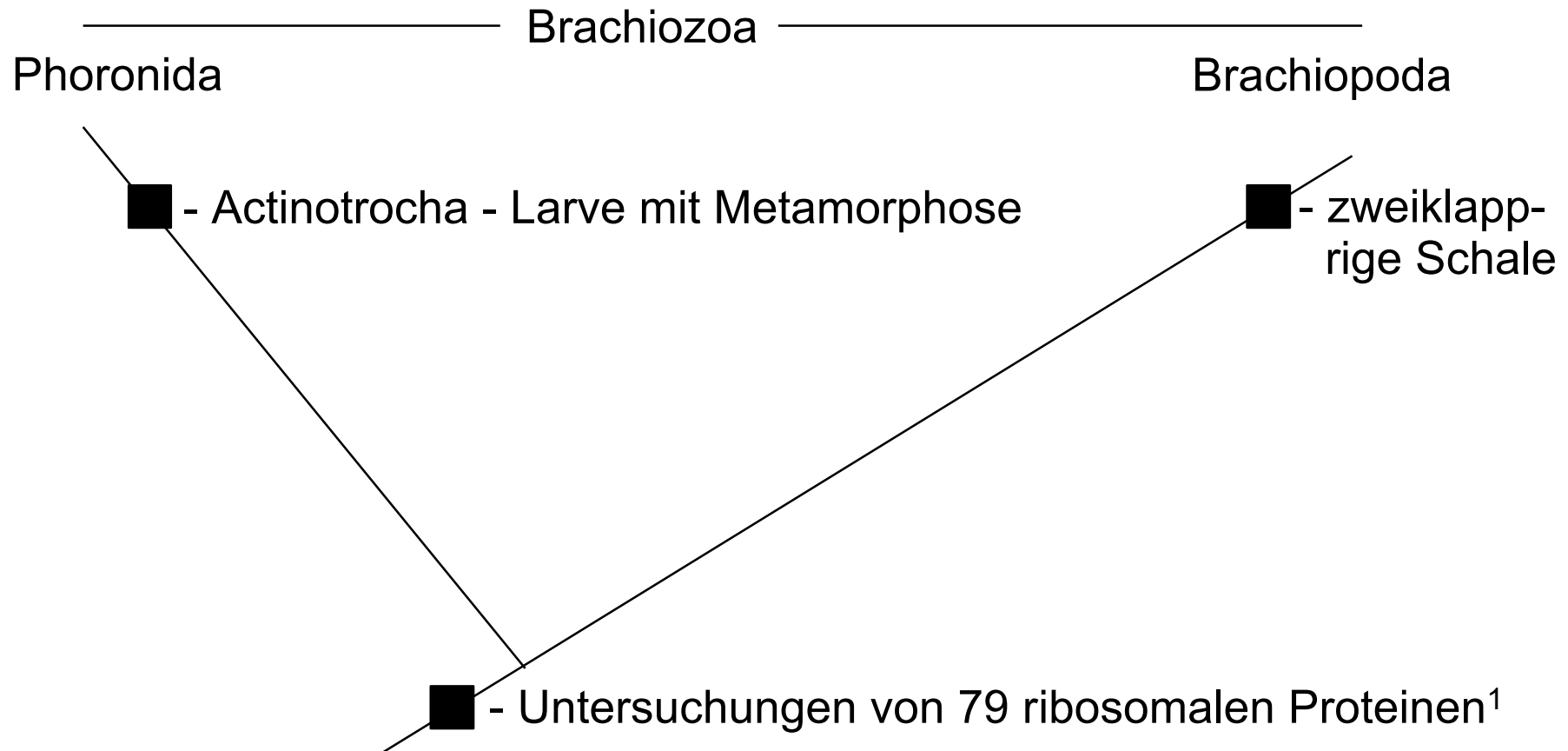
² Passamaneck, Y. and K. M. Halanych (2006). Lophotrochozoan phylogeny assessed with LSU and SSU data: evidence of lophophorate polyphyly. *Mol Phylogenet Evol.* **40**: 20-28.

N.N. (Cycliophora + Entoprocta)



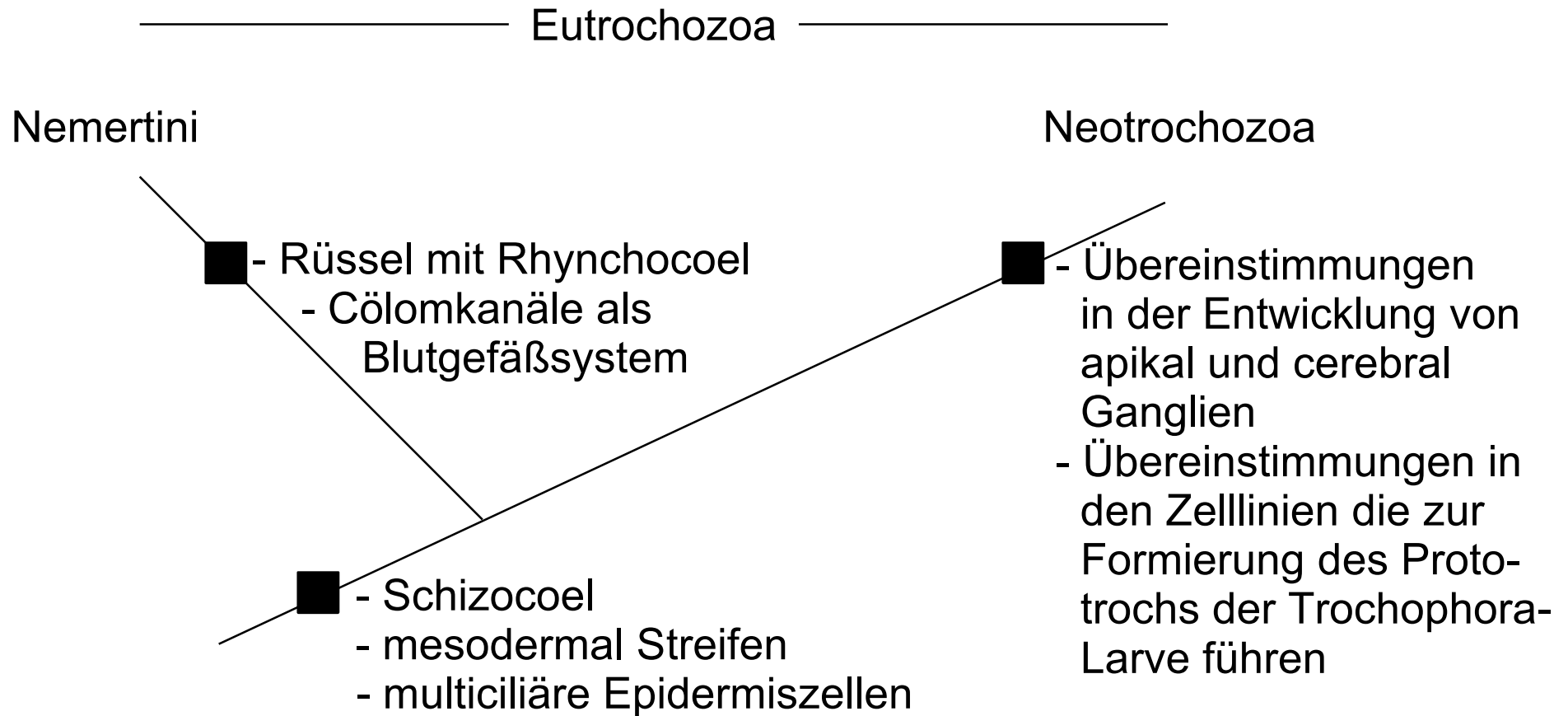
¹ Passamaneck, Y. and K. M. Halanych (2006). Lophotrochozoan phylogeny assessed with LSU and SSU data: evidence of lophophorate polyphyly. *Mol Phylogenet Evol.* **40**: 20-28.

Brachiozoa (Phoronozoa)

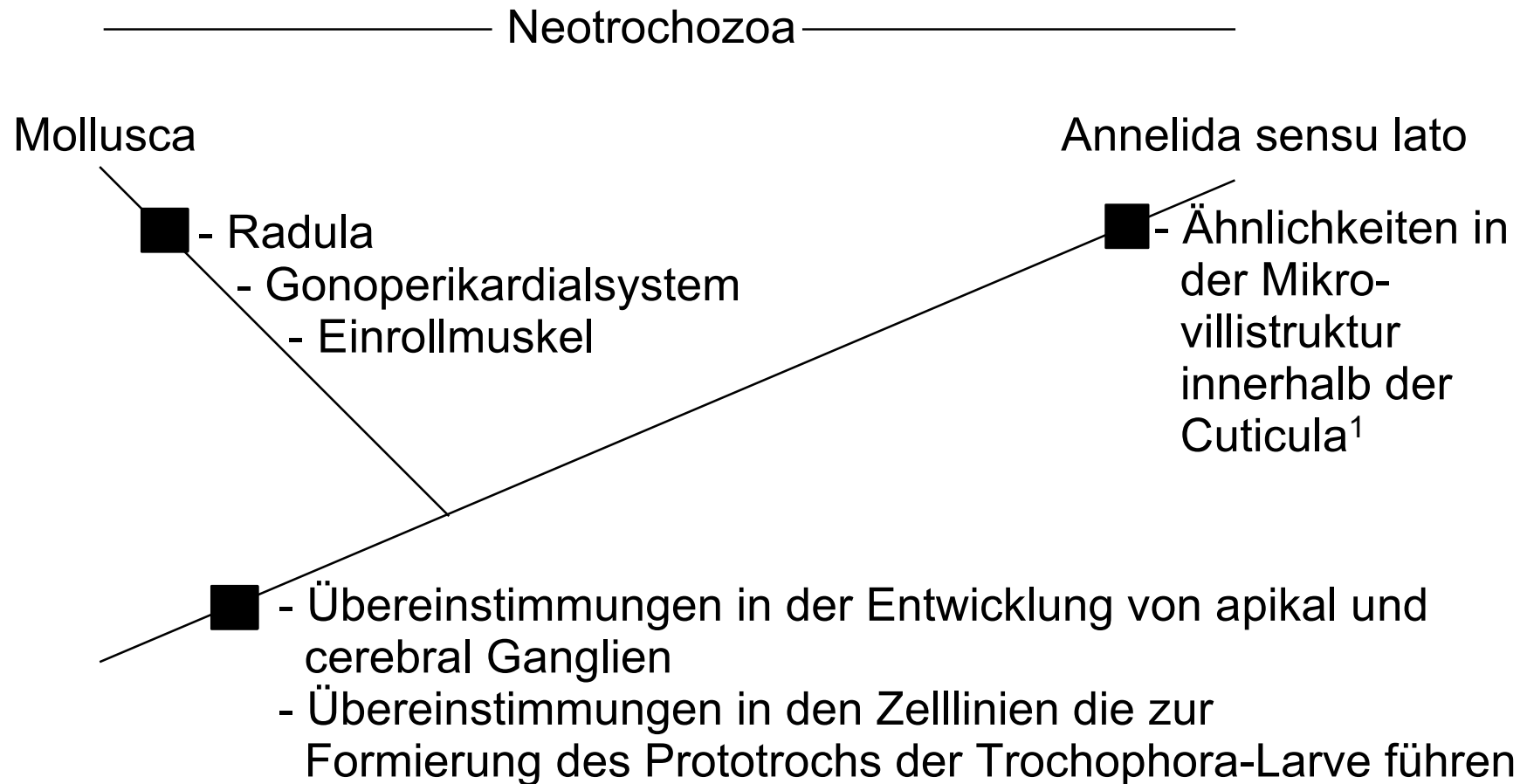


¹ Helmkamp, M., I. Bruchhaus, et al. (2008). Phylogenomic analyses of lophophorates (brachiopods, phoronids and bryozoans) confirm the Lophotrochozoa concept. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. **275**: 1927-1933.

Eutrochozoa

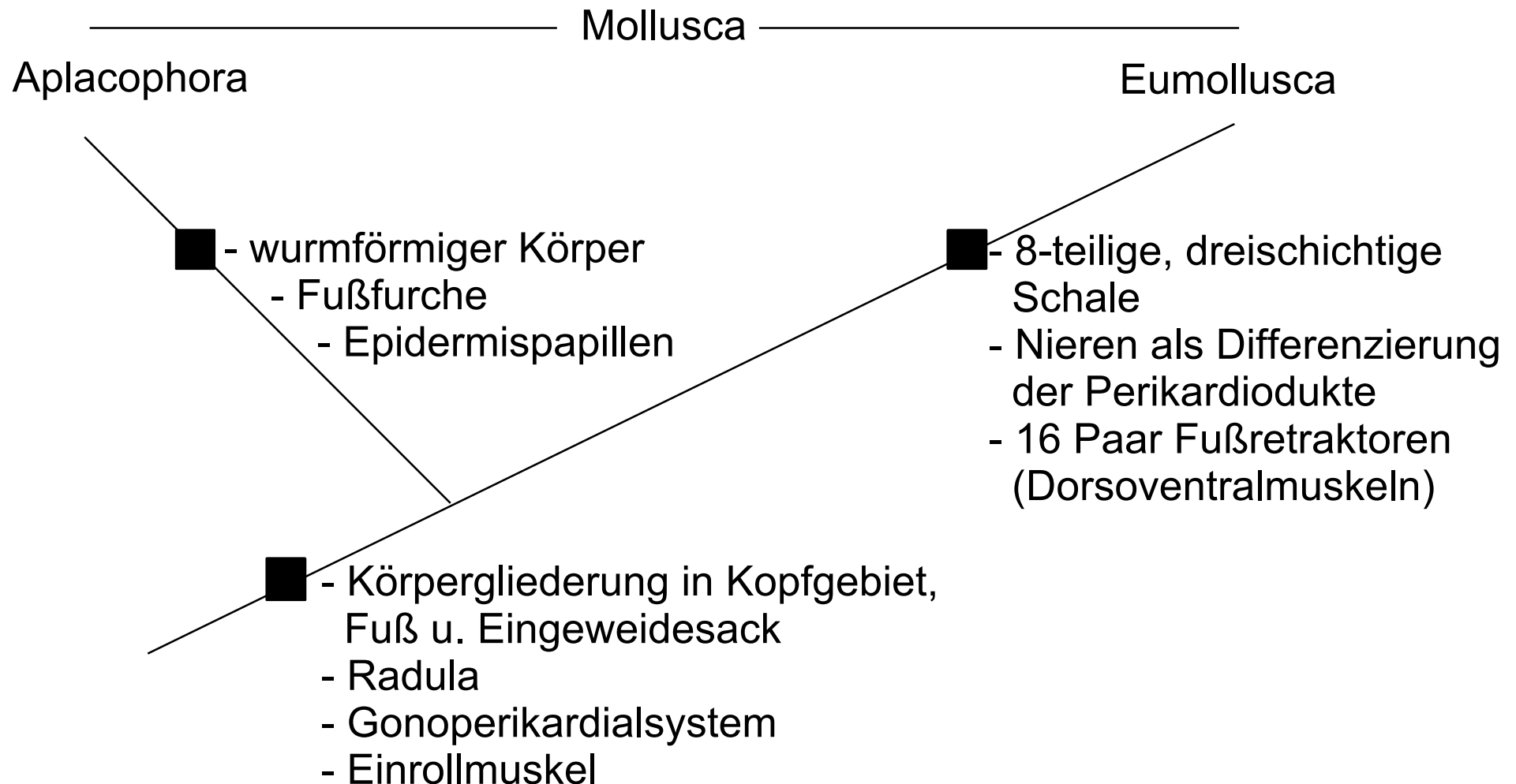


Neotrochozoa

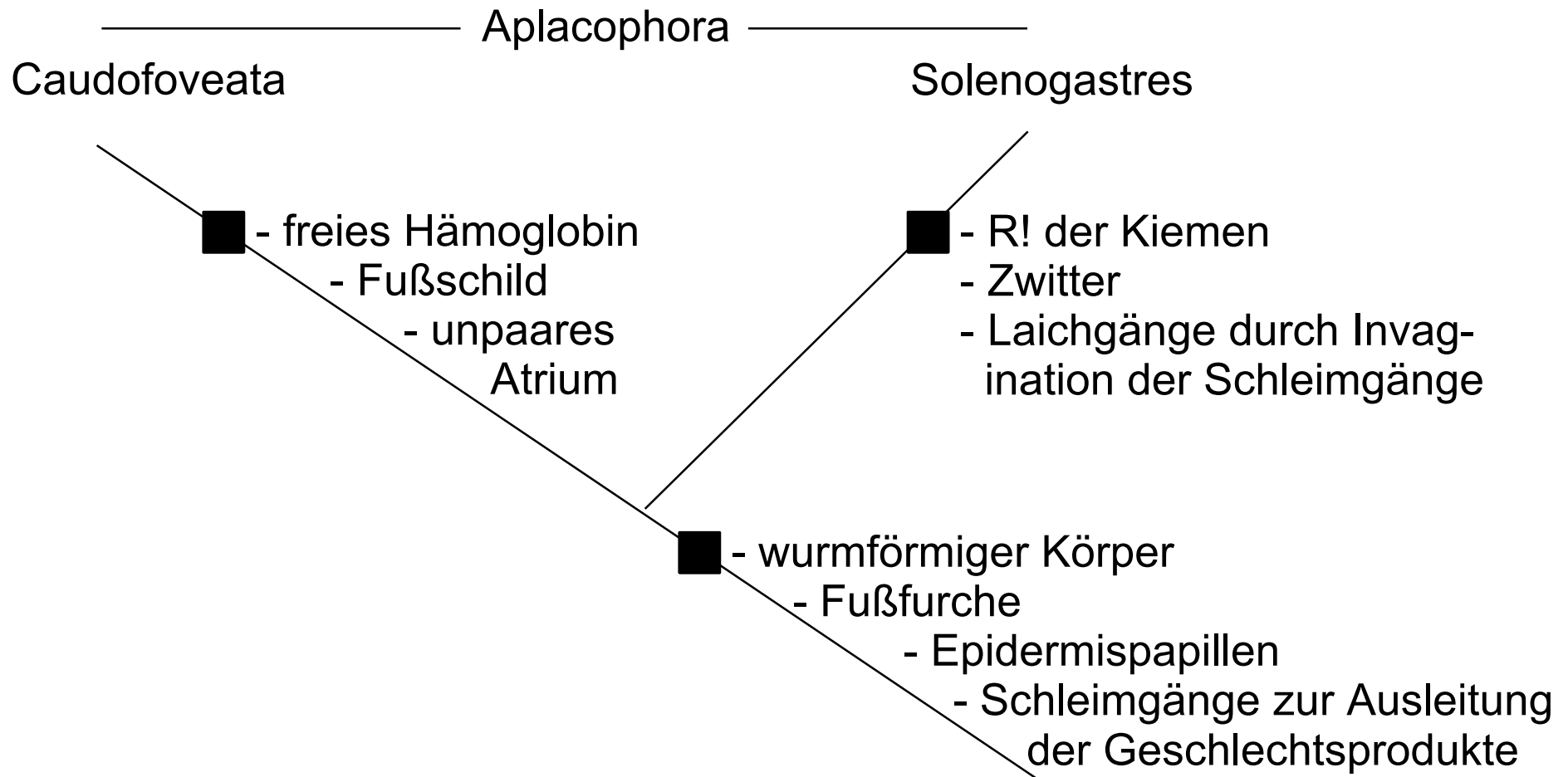


¹ Sliusarev, G. S. (2008). [Phylum Orthonectida: morphology, biology, and relationships To other multicellular animals]. *Zh Obshch Biol.* **69**: 403-427.

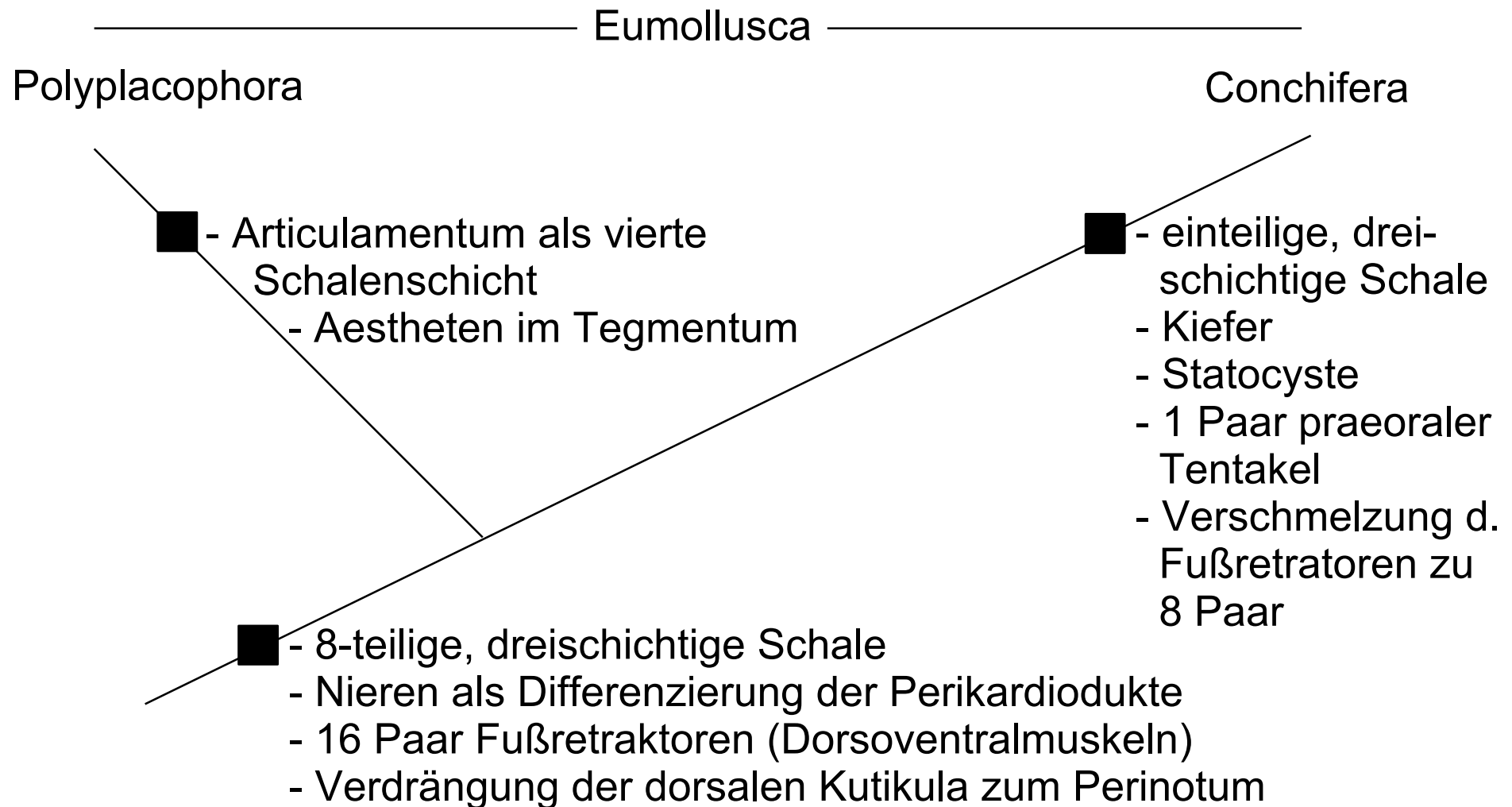
Mollusca



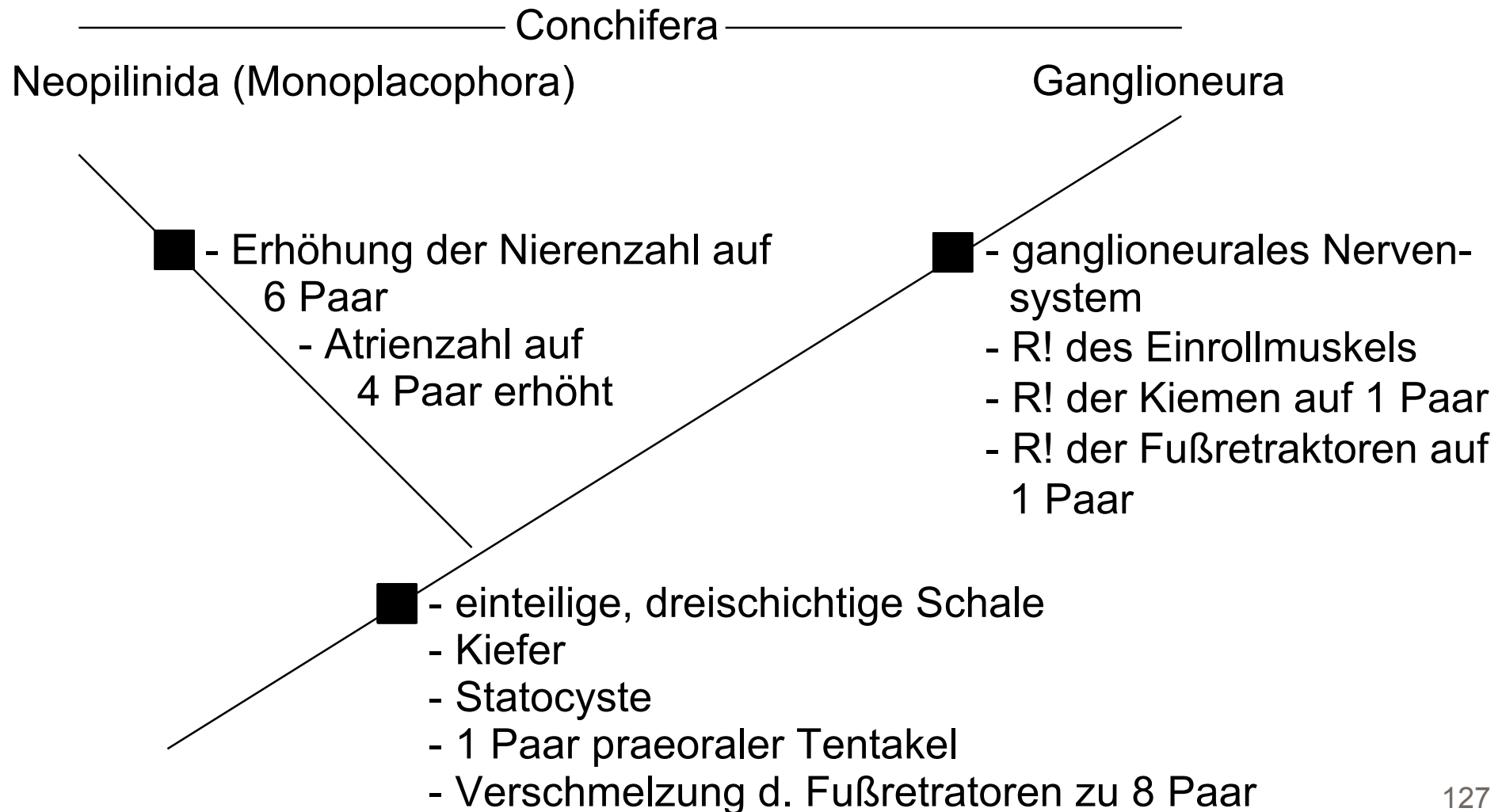
Aplacophora



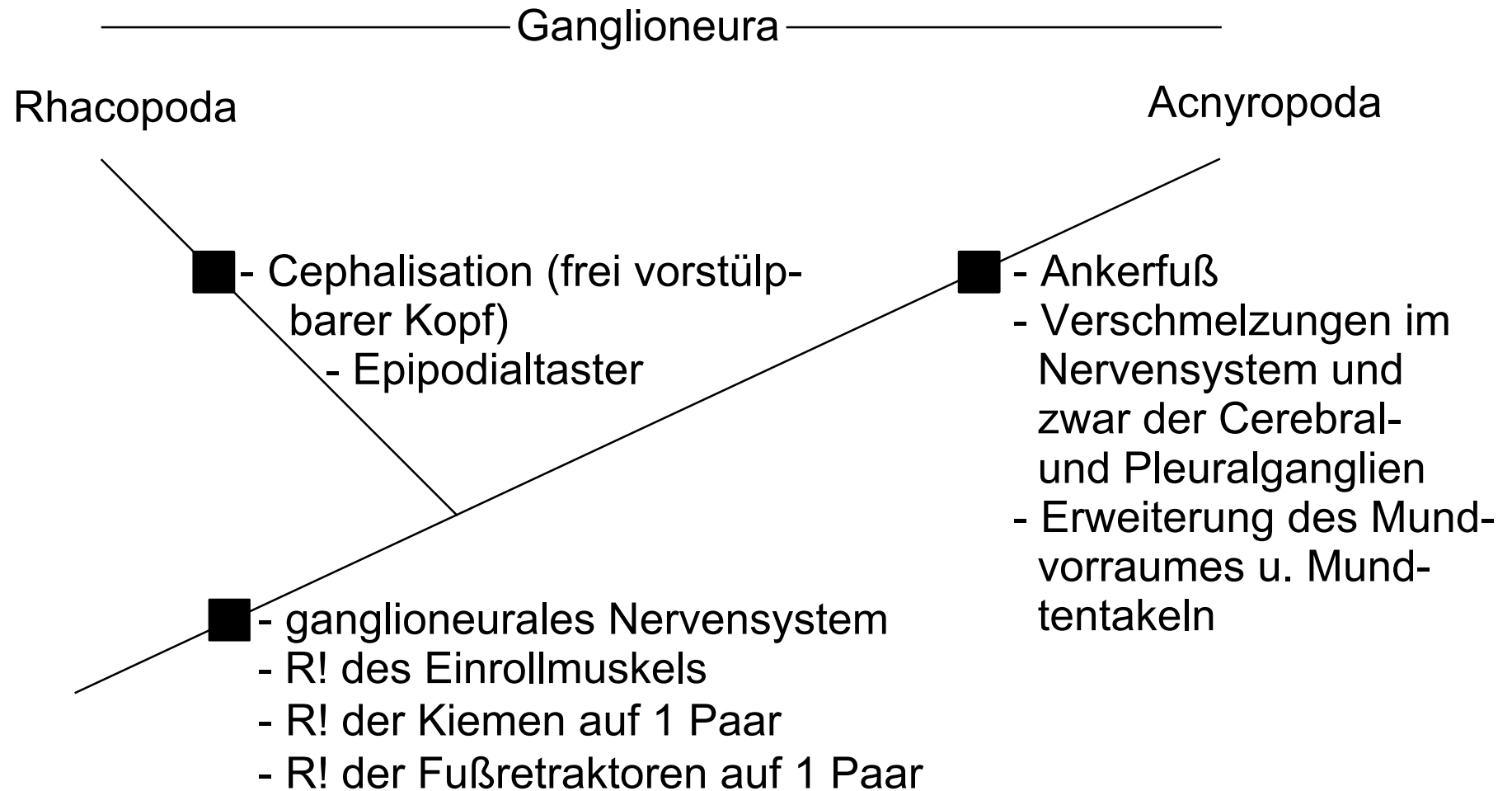
Eumollusca (Testaria)



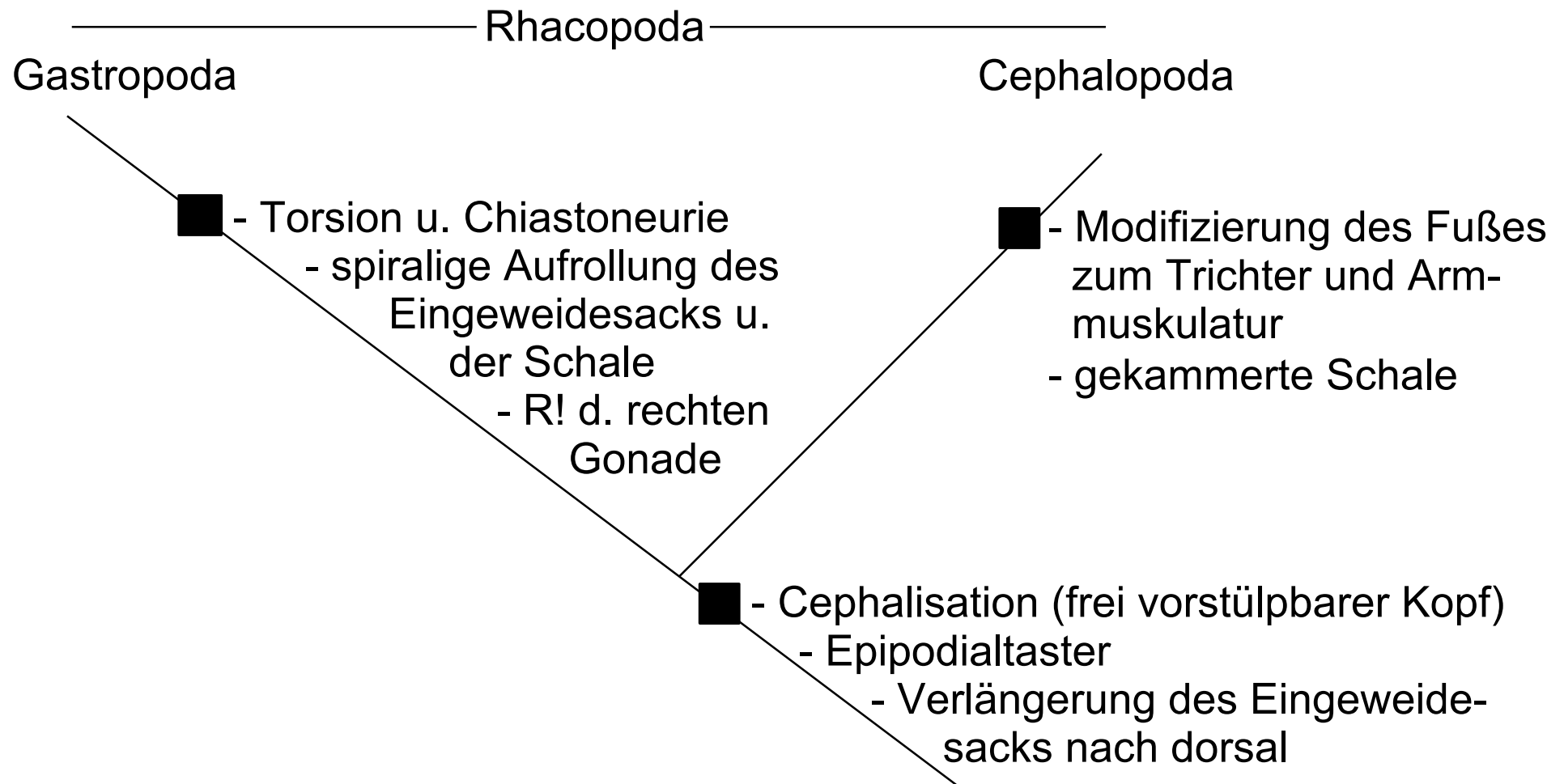
Conchifera



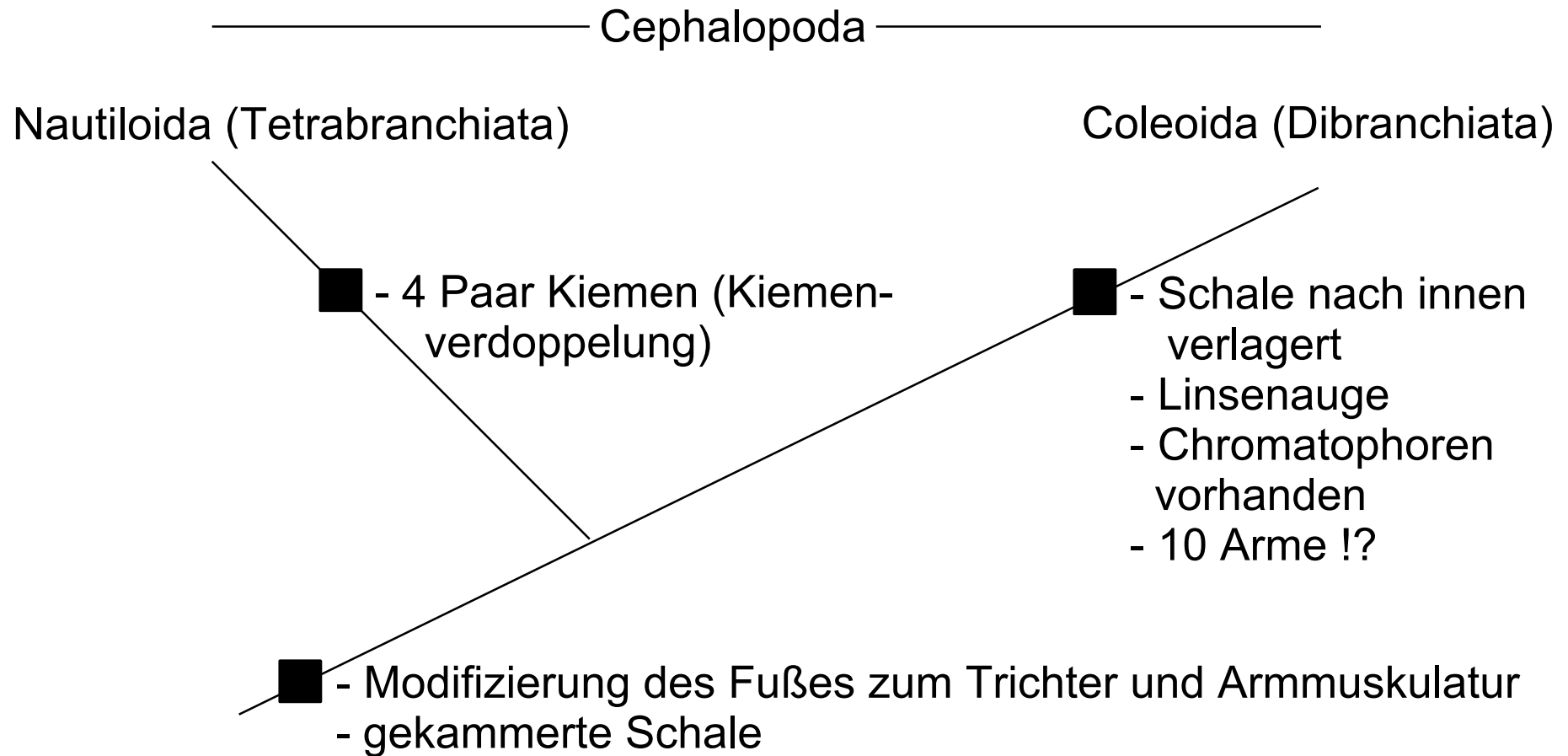
Ganglioneura



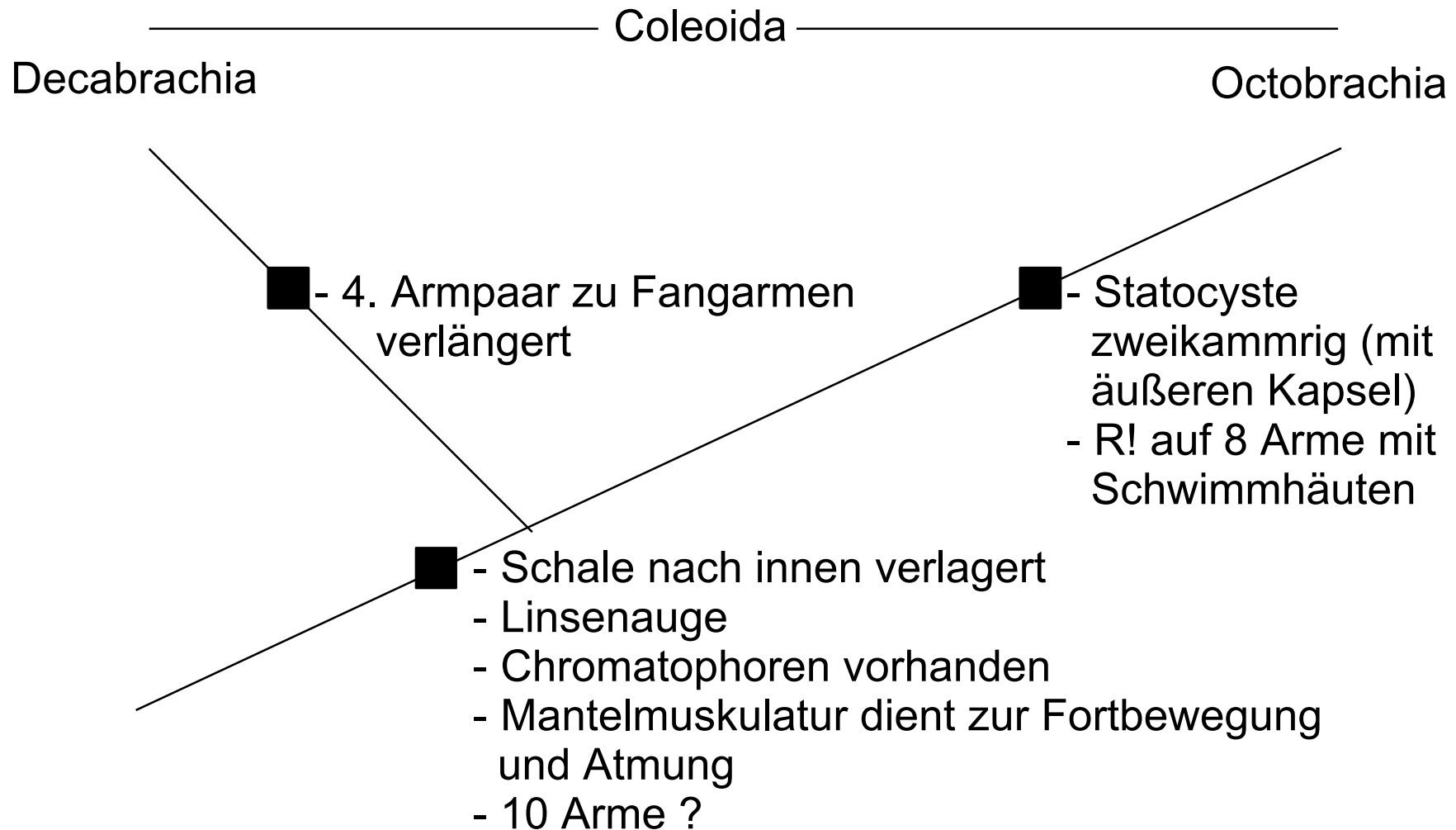
Rhacopoda



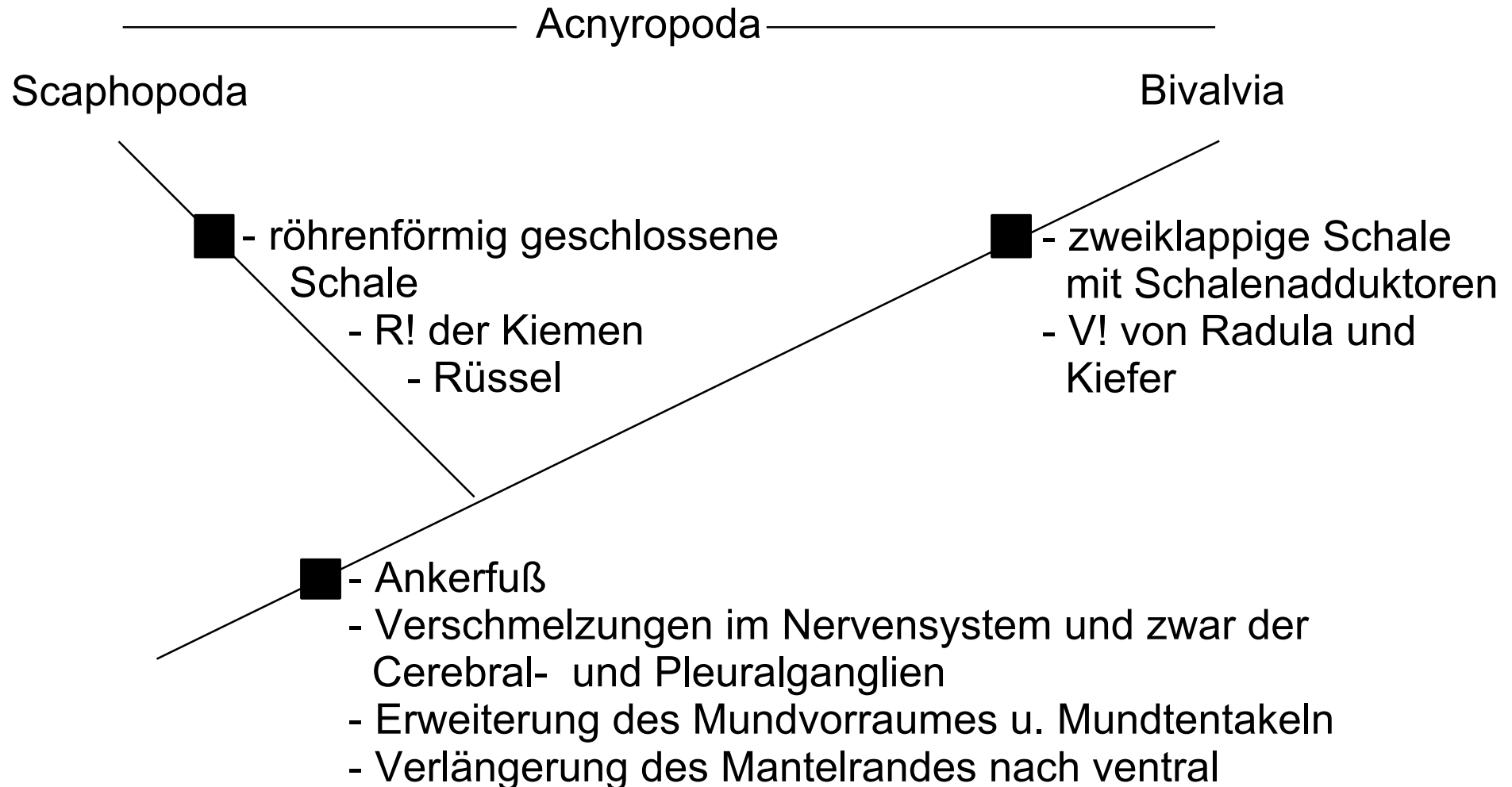
Cephalopoda



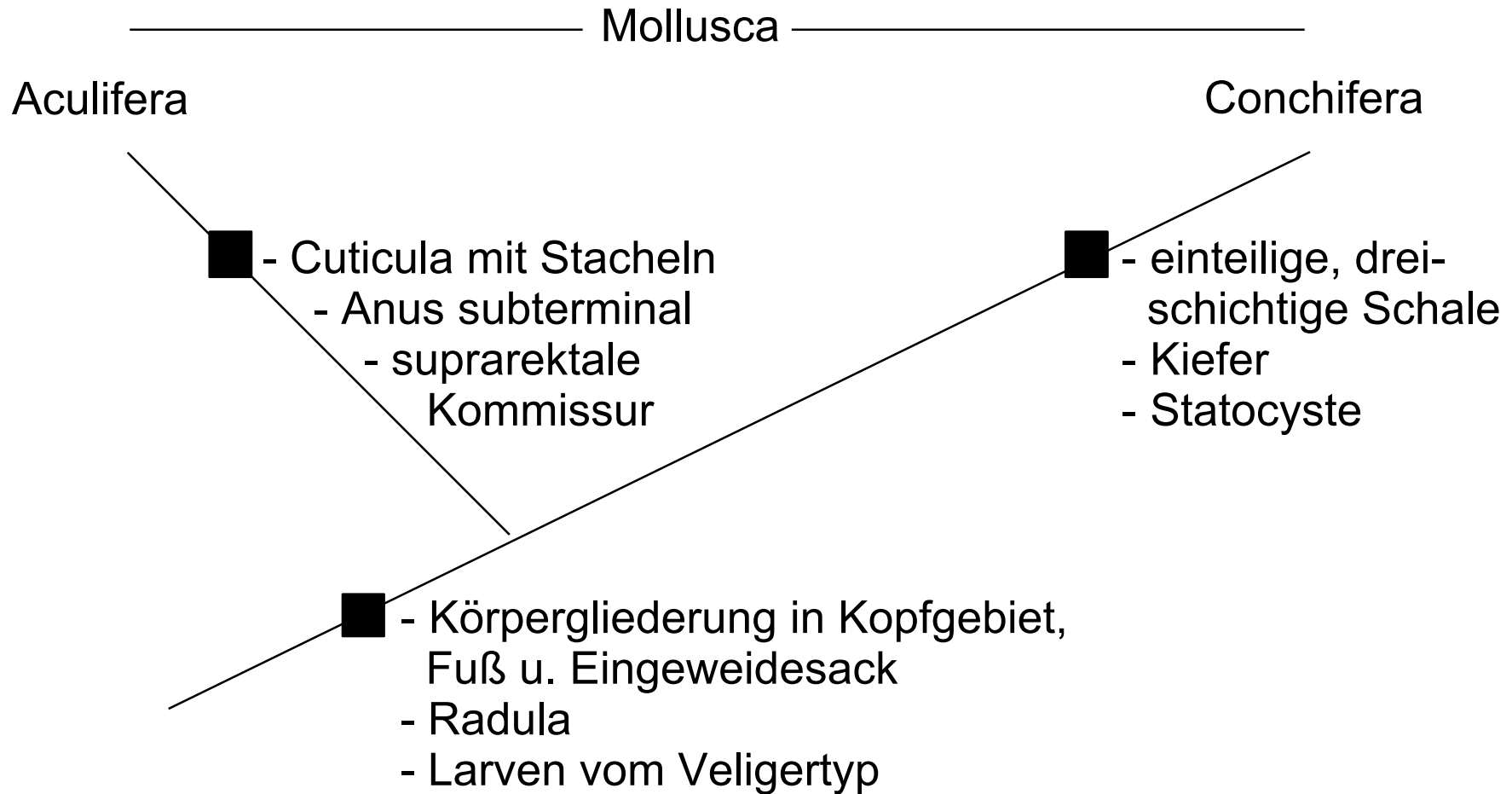
Coleoidea



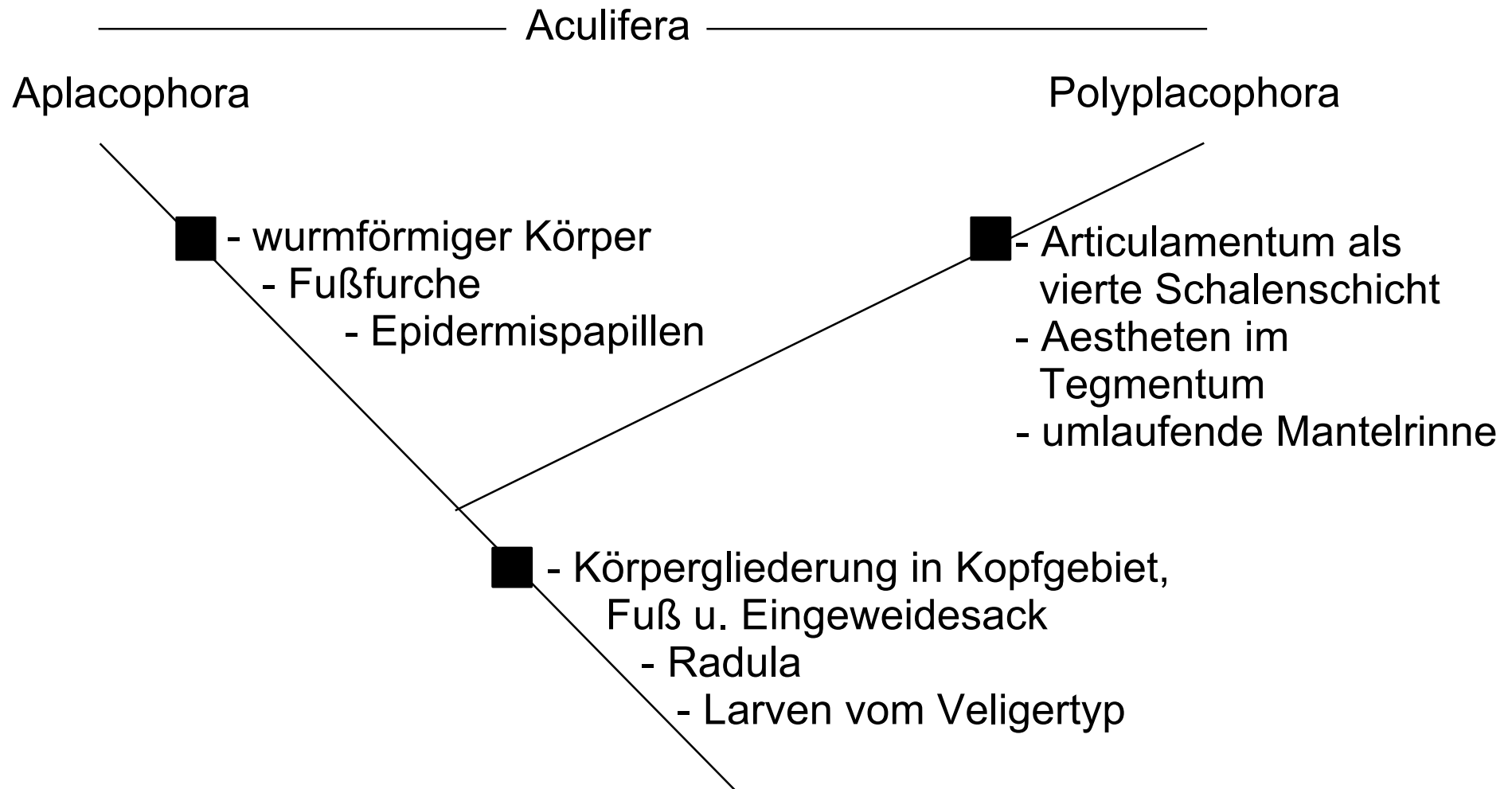
Acnyropoda (Diasoma)



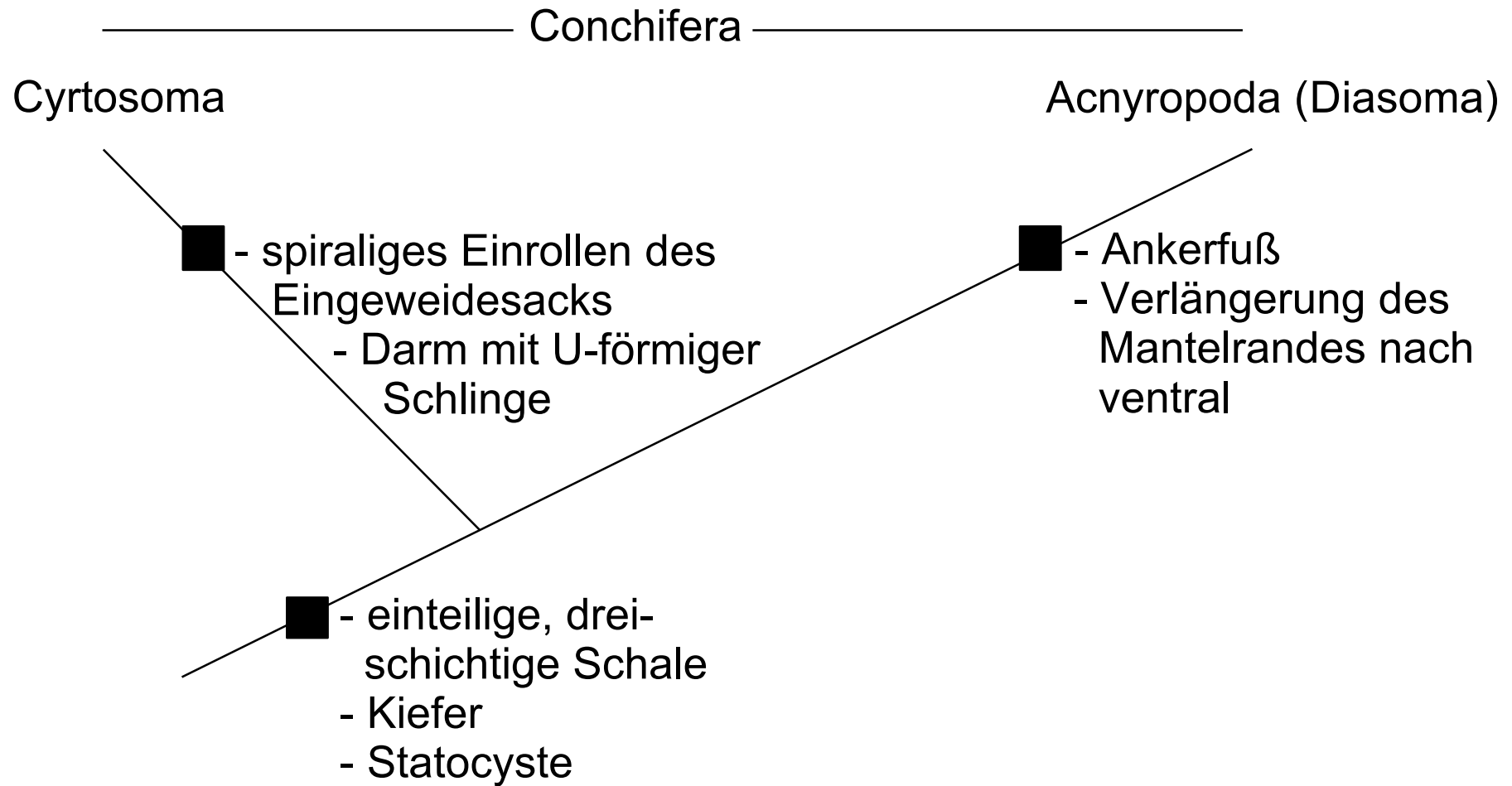
Mollusca-Alternative



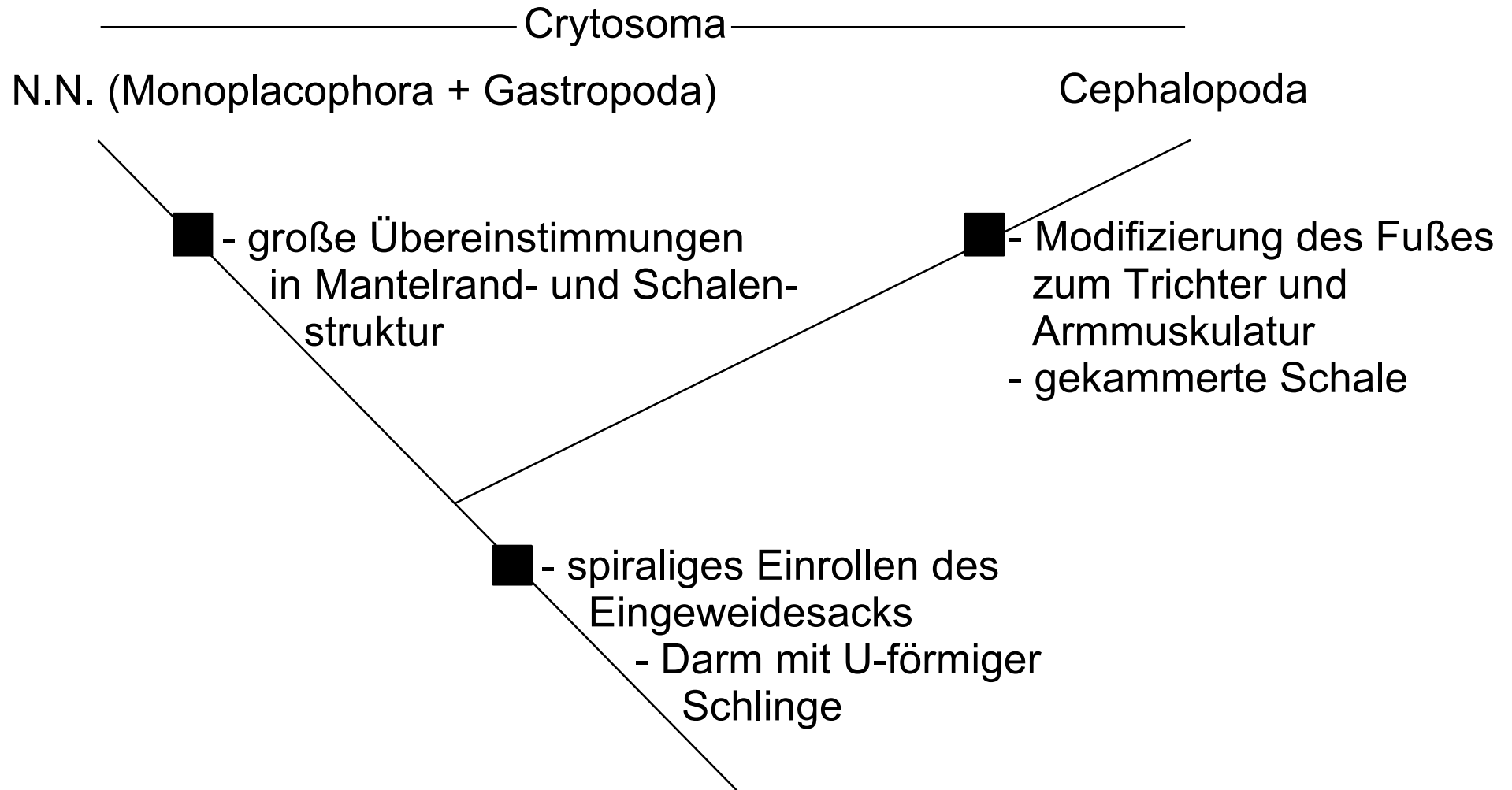
Aculifera



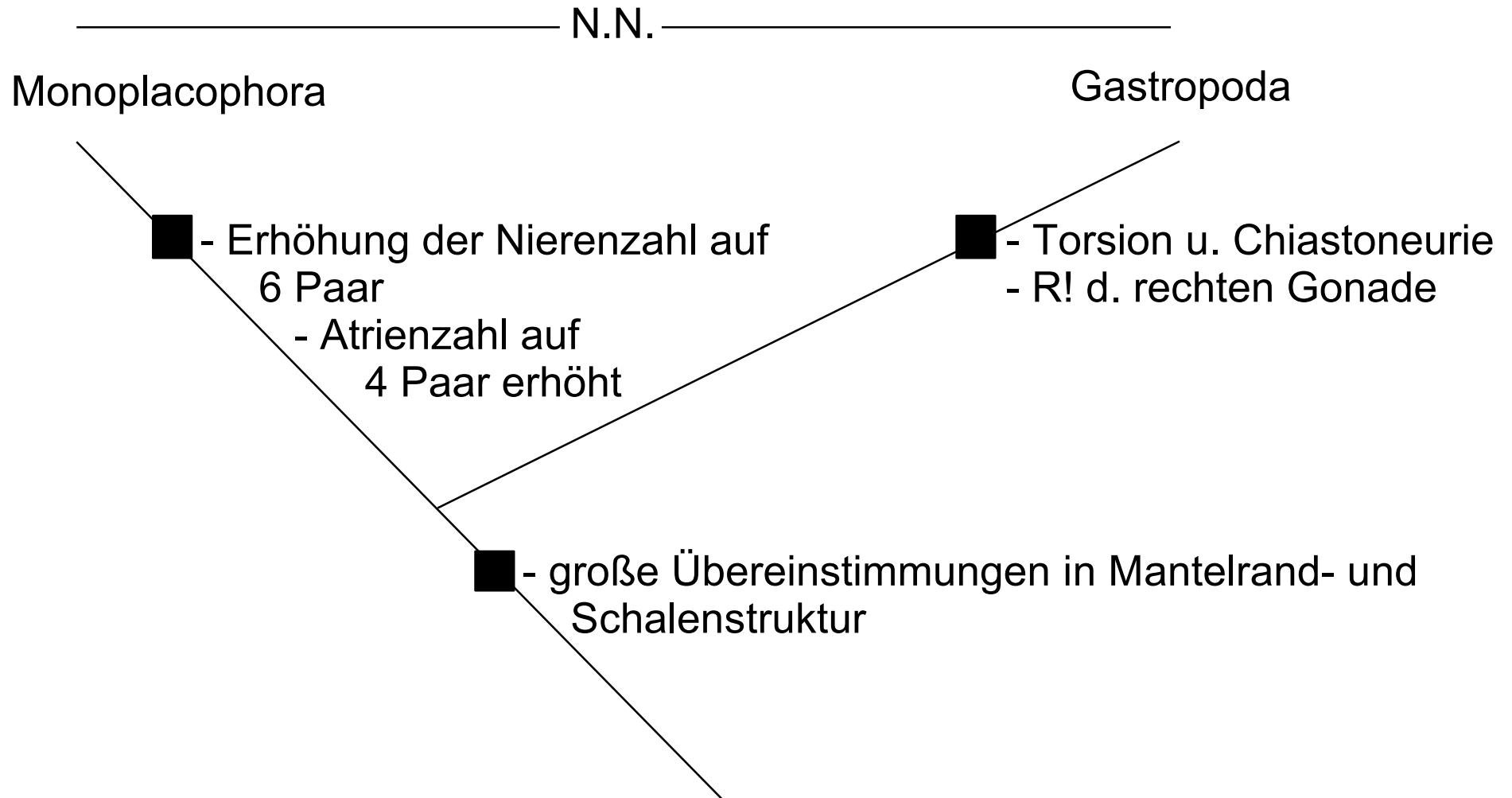
Conchifera



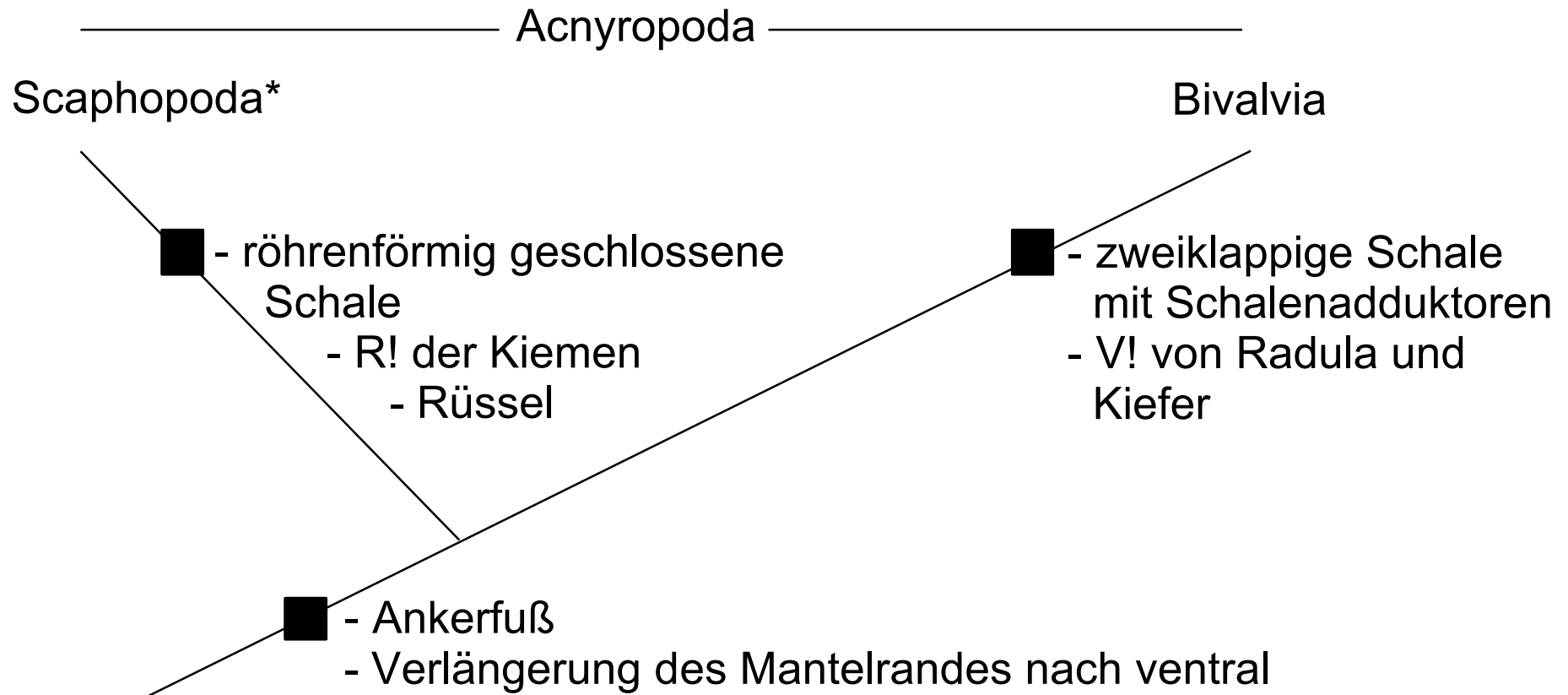
Crytosoma



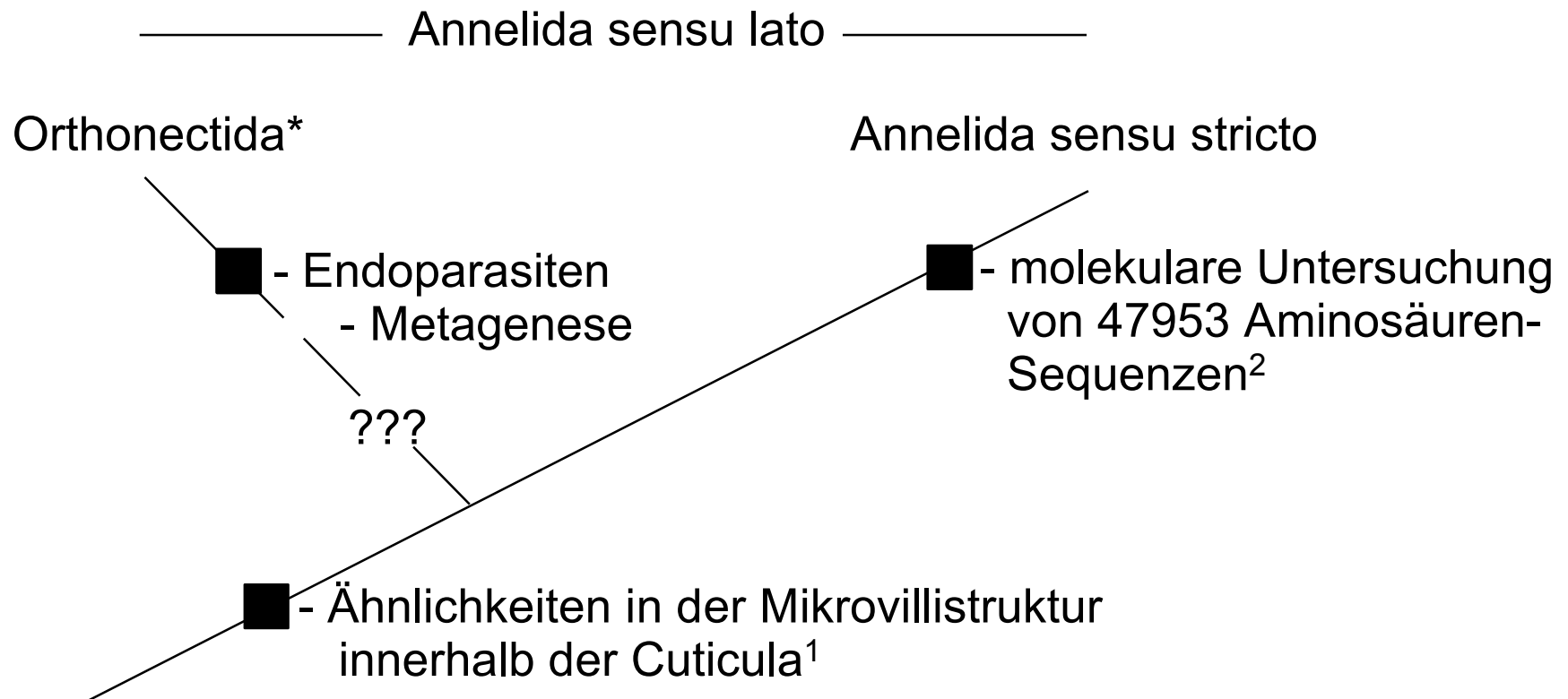
N.N. (Monoplacophora + Gastropoda)



Acnyropoda (Diasoma)



Annelida sensu lato



¹ Sliusarev, G. S. (2008). [Phylum Orthonectida: morphology, biology, and relationships to other multicellular animals]. *Zh Obshch Biol.* **69**: 403-427.

² Struck, T. H., C. Paul, et al. (2011). Phylogenomic analyses unravel annelid evolution. *Nature.* **471**: 95-98.

Annelida sensu stricto

entspricht Annelida nach Struck T. H. et. al. (2011)



————— Annelida sensu stricto —————

Chaetopteridae

N.N. (Myzostomidae + N.N.)

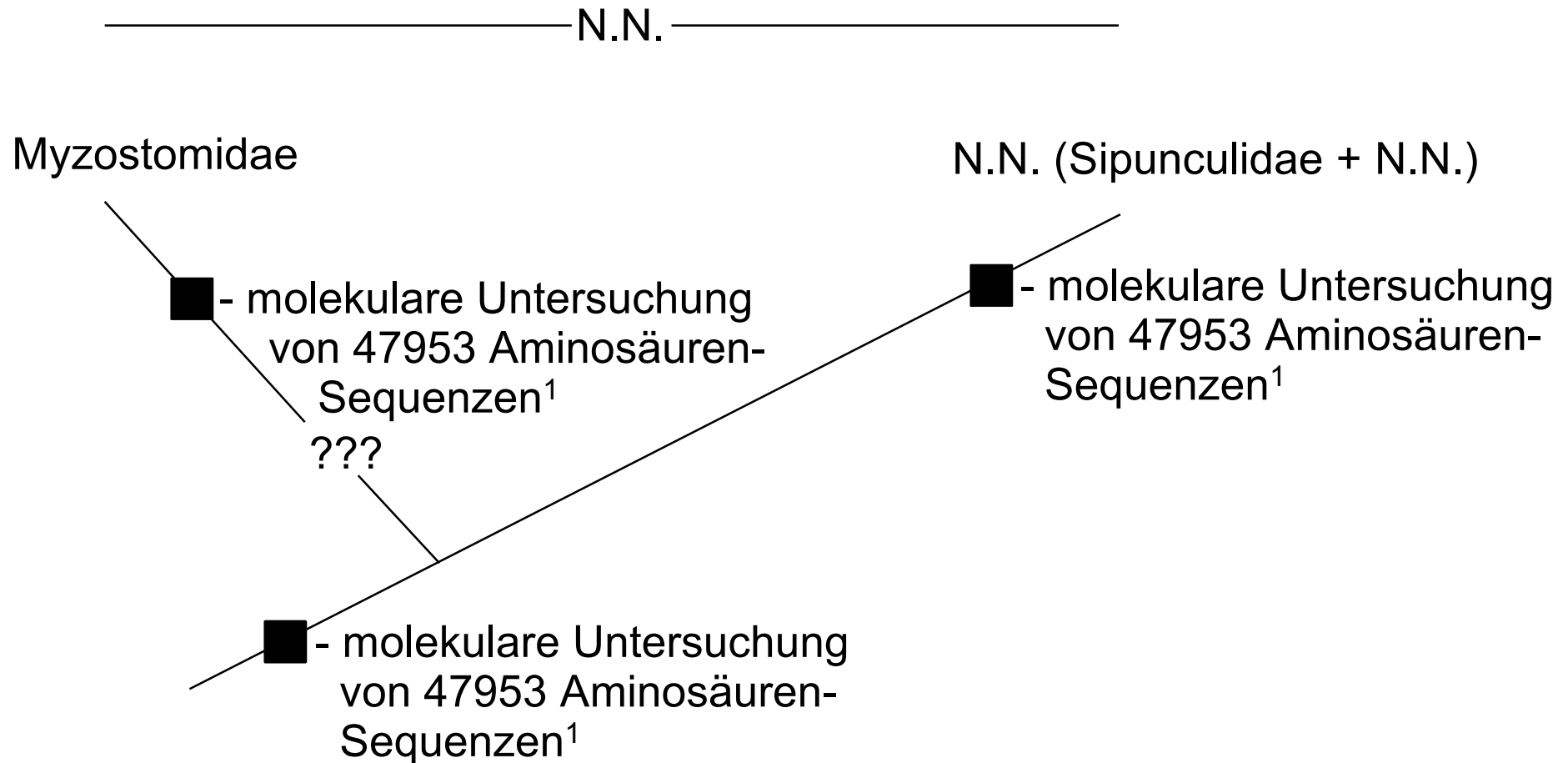
■ - modifizierte Anhänge
am 12. Segment zur
Nahrungsauf-
nahme

■ - molekulare Untersuchung
von 47953 Aminosäuren-
Sequenzen¹

■ - molekulare Untersuchung
von 47953 Aminosäuren-
Sequenzen¹

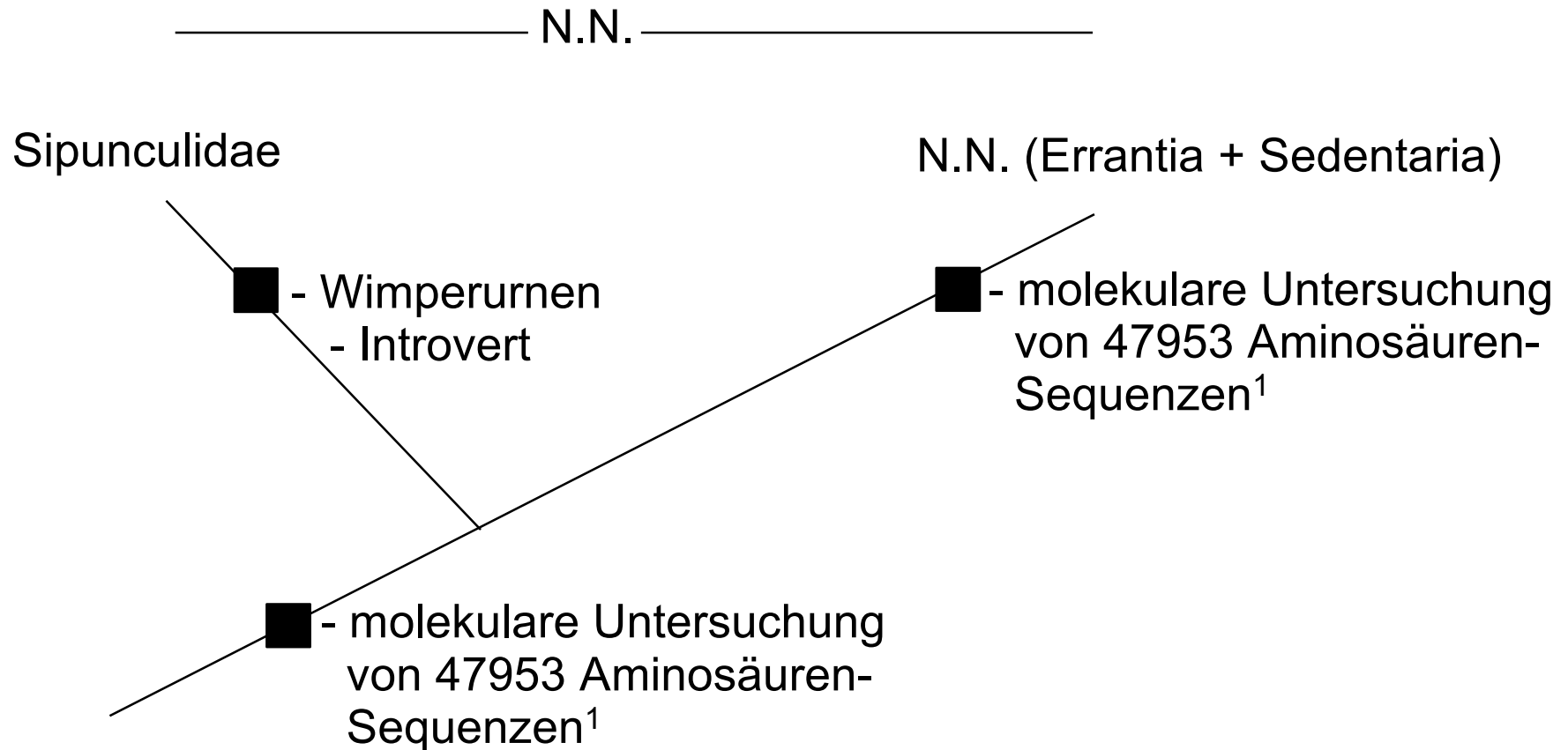
¹ Struck, T. H., C. Paul, et al. (2011). Phylogenomic analyses unravel annelid evolution. *Nature*. **471**: 95-98.

N.N. (Myzostomidae + N.N.)



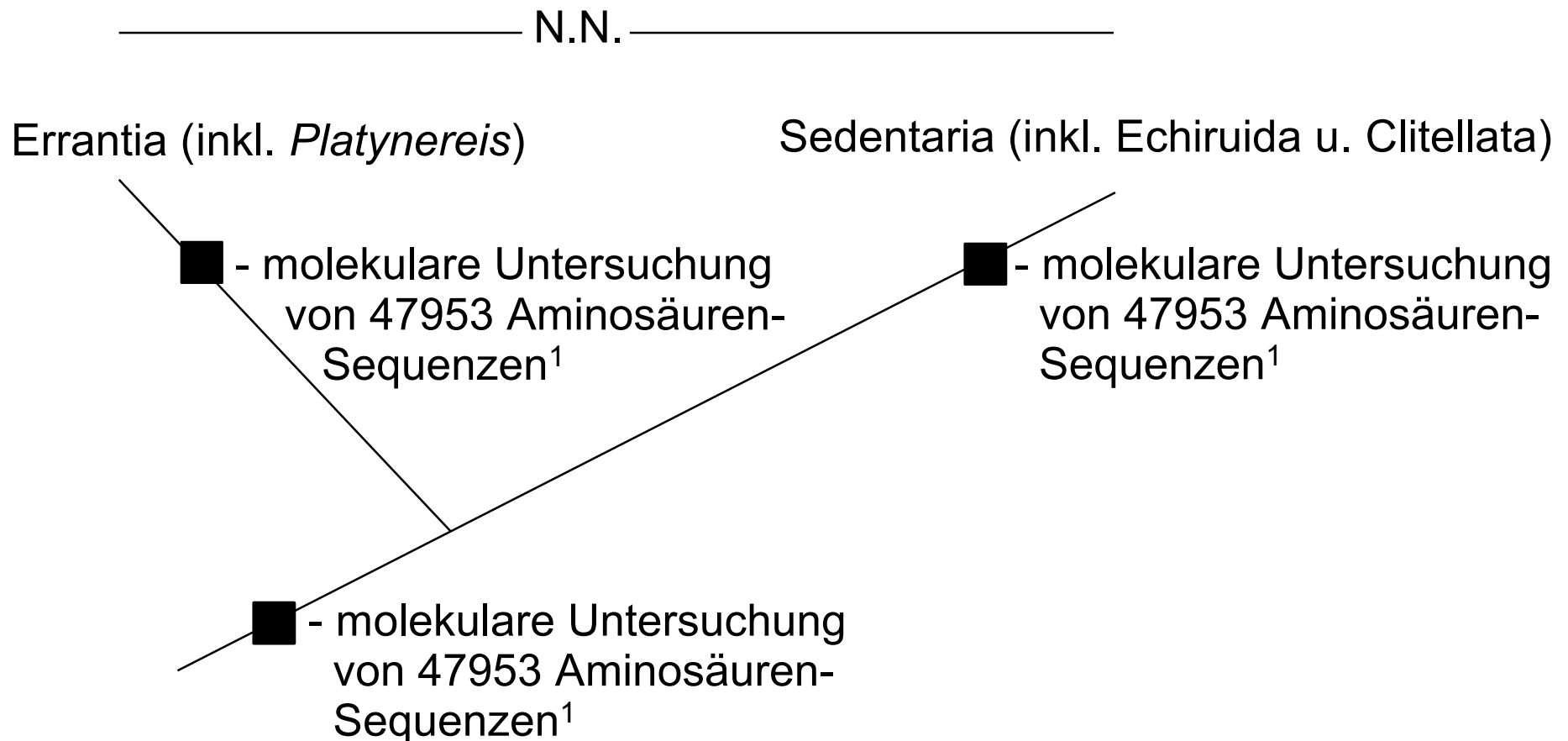
¹ Struck, T. H., C. Paul, et al. (2011). Phylogenomic analyses unravel annelid evolution. *Nature*. **471**: 95-98.

N.N. (Sipunculidae + N.N.)



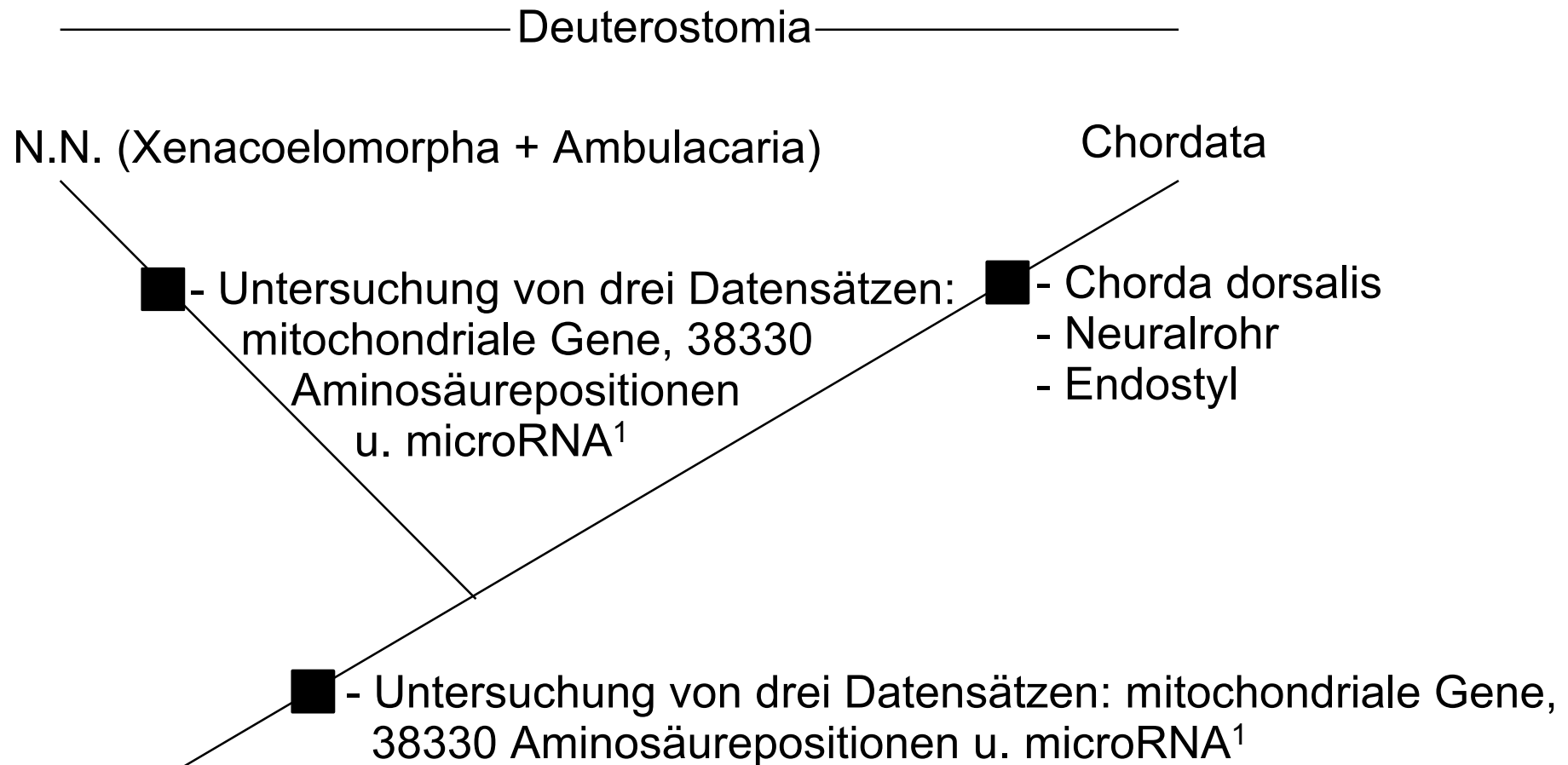
¹ Struck, T. H., C. Paul, et al. (2011). Phylogenomic analyses unravel annelid evolution. *Nature*. **471**: 95-98.

N.N. (Errantia + Sedentaria)



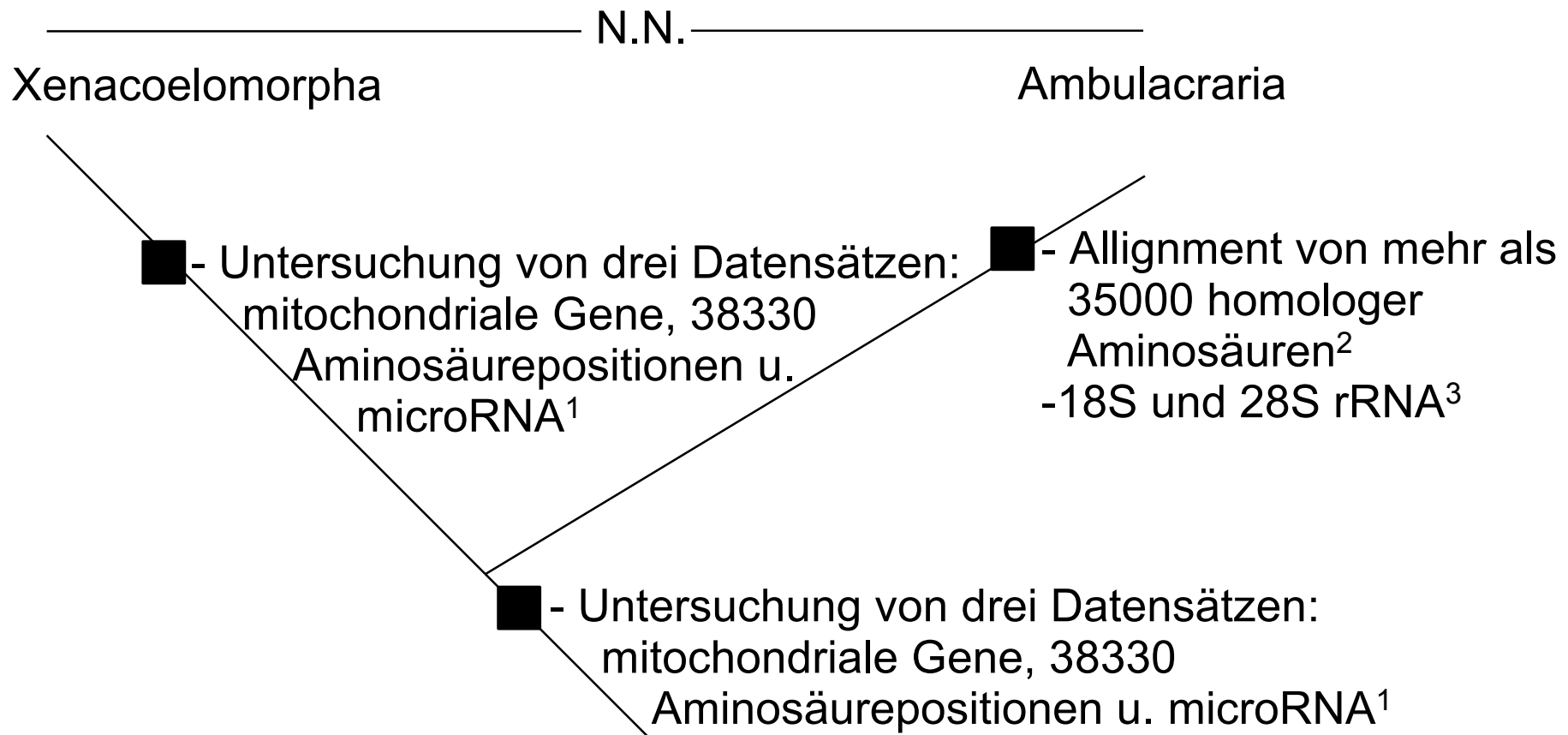
¹ Struck, T. H., C. Paul, et al. (2011). Phylogenomic analyses unravel annelid evolution. *Nature*. **471**: 95-98.

Deuterostomia



¹ Philippe, H., H. Brinkmann, et al. (2011). Acoelomorph flatworms are deuterostomes related to Xenoturbella. *Nature*. **470**: 255-258.

N.N. (Xenacoelomorpha + Ambulacraria)

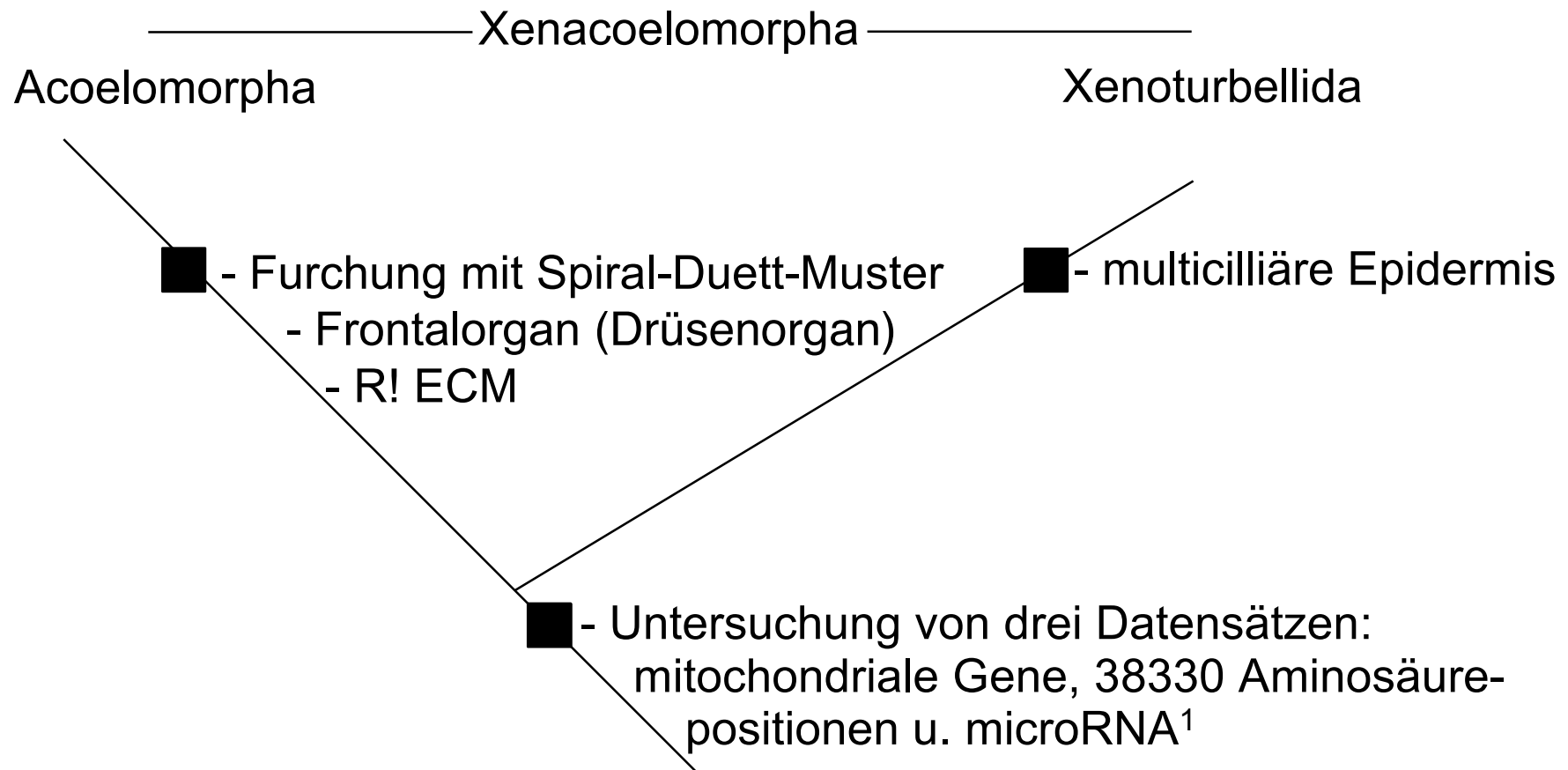


¹ Philippe, H., H. Brinkmann, et al. (2011). Acoelomorph flatworms are deuterostomes related to Xenoturbella. *Nature*. **470**: 255-258.

² Bourlat, S. J., T. Juliusdottir, et al. (2006). Deuterostome phylogeny reveals monophyletic chordates and the new phylum Xenoturbellida. *Nature*. **444**: 85-88.

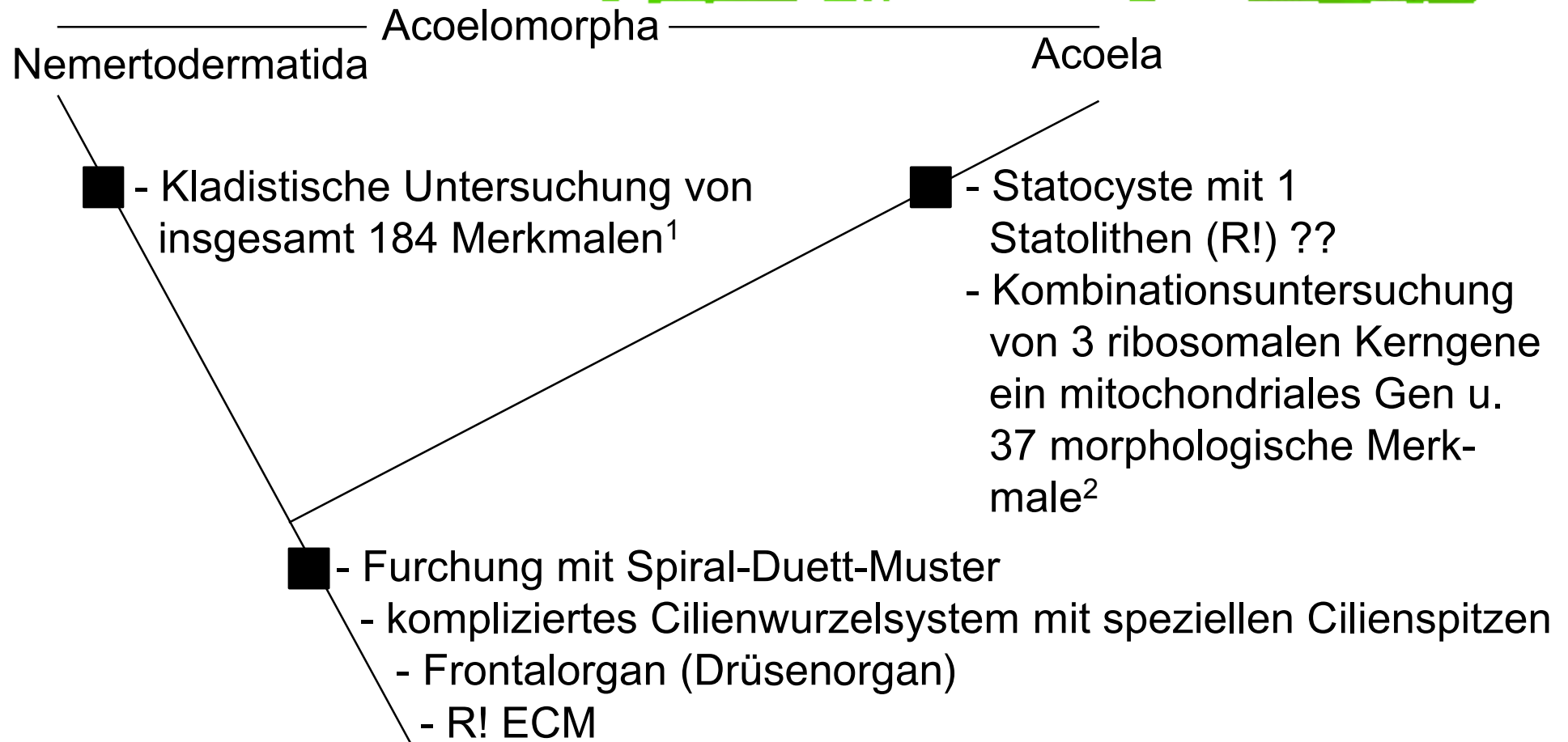
³ Mallatt, J. and C. J. Winchell (2007). Ribosomal RNA genes and deuterostome phylogeny revisited: more cyclostomes, elasmobranchs, reptiles, and a brittle star. *Mol Phylogenet Evol.* **43**: 1005-1022.

Xenacoelomorpha



¹ Philippe, H., H. Brinkmann, et al. (2011). Acoelomorph flatworms are deuterostomes related to Xenoturbella. *Nature*. **470**: 255-258.

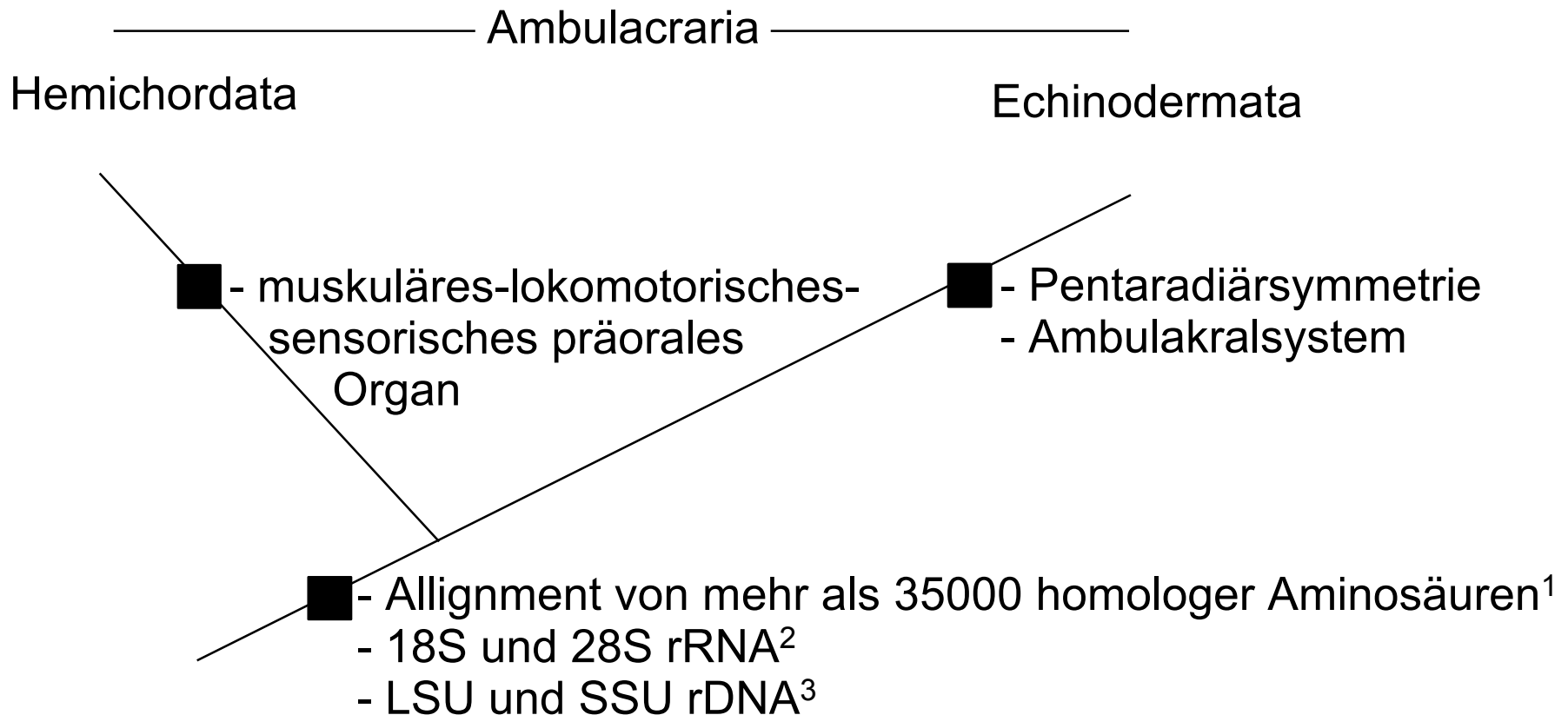
Acoelomorpha



¹ Kennet, L. (2000). Phylogeny of the Nemertodermatida (Acoelomorpha, Platyhelminthes). A cladistic analysis. *Zool Scripta*. **29**: 65-74.

² Jondelius, U., A. Wallberg, et al. (2011). How the Worm Got its Pharynx: Phylogeny, Classification and Bayesian Assessment of Character Evolution in Acoela. *Systematic Biol.* **60**: 845-871.

Ambulacraria

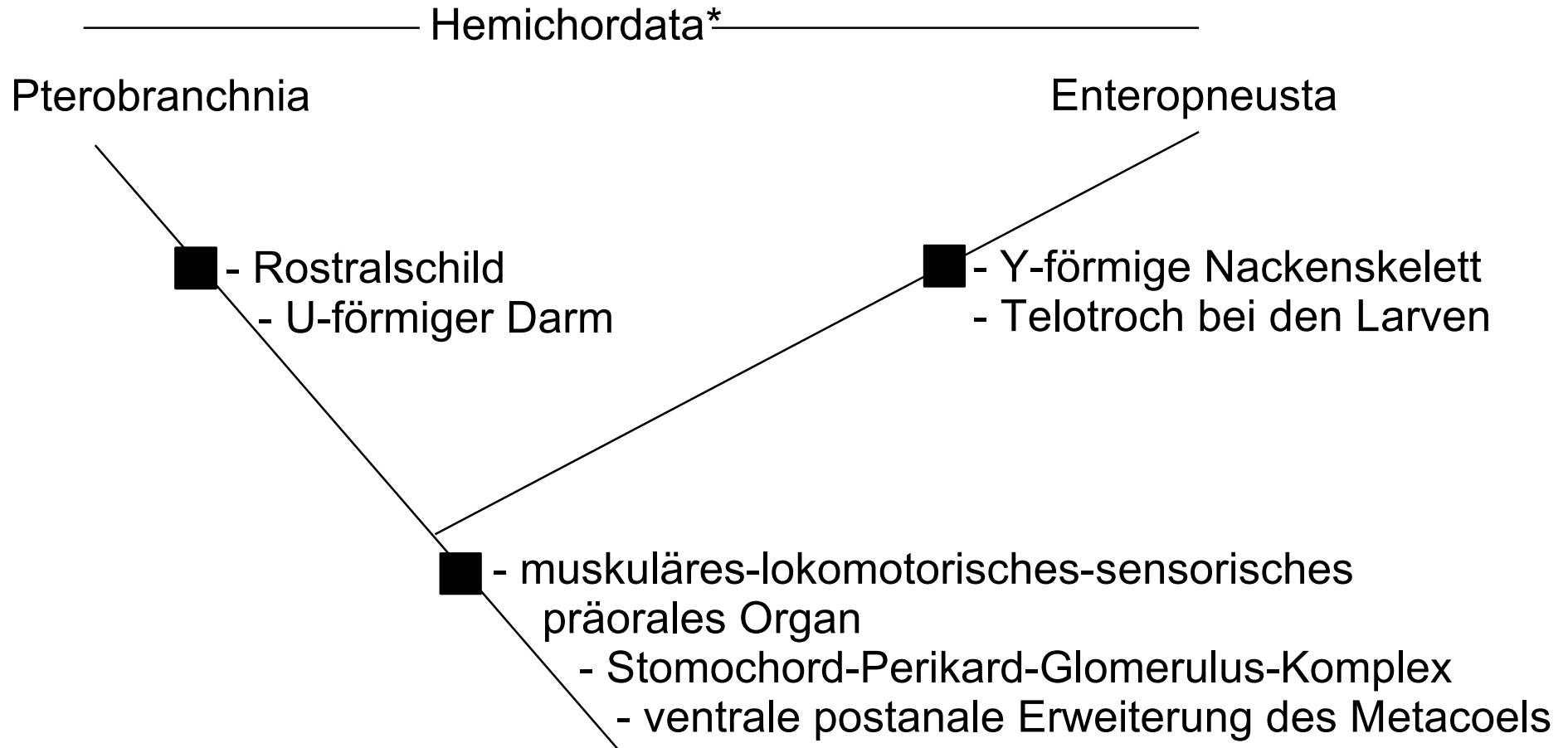


¹ Bourlat, S. J., T. Juliusdottir, et al. (2006). Deuterostome phylogeny reveals monophyletic chordates and the new phylum Xenoturbellida. *Nature*. **444**: 85-88.

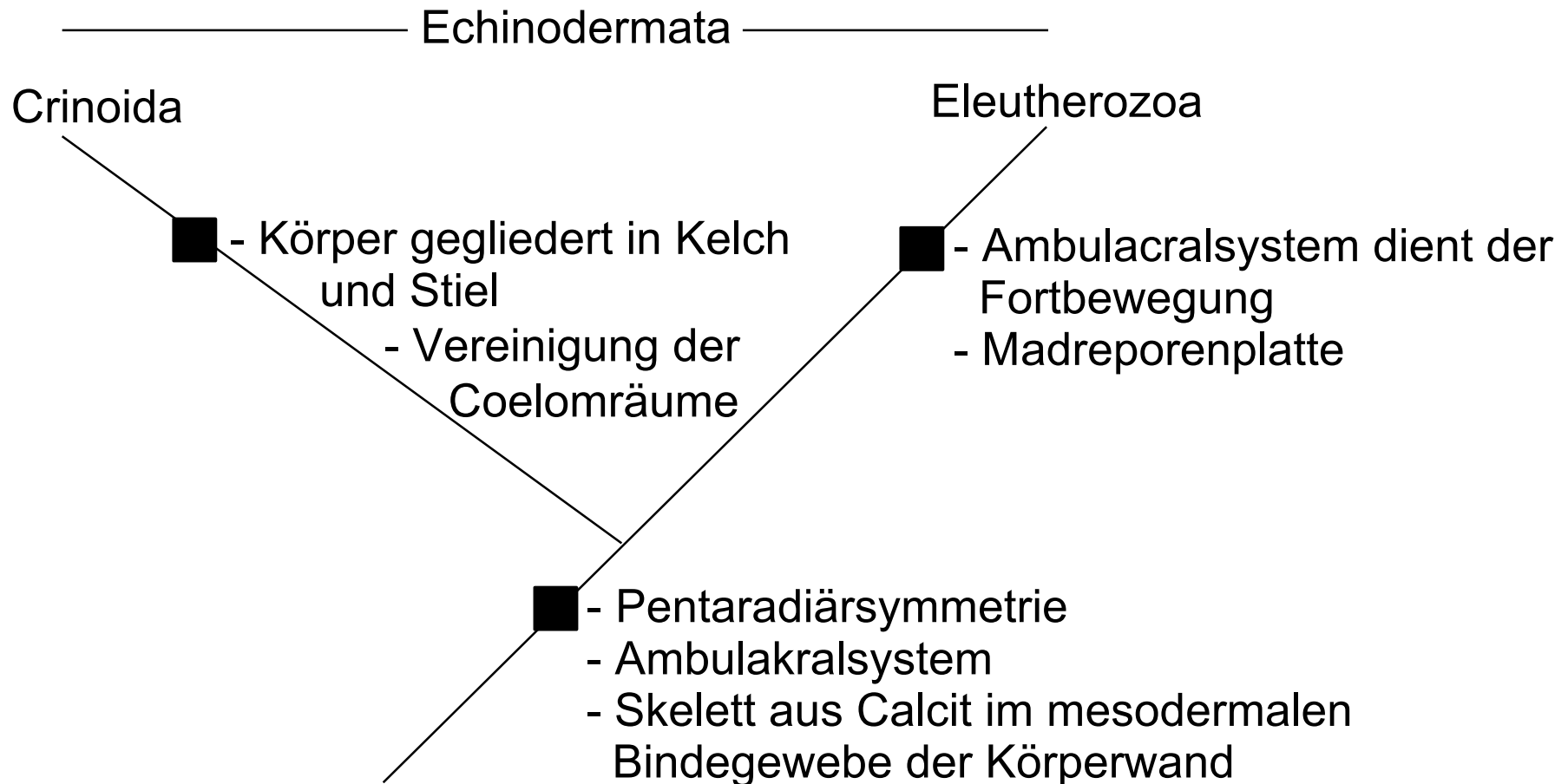
² Mallatt, J. and C. J. Winchell (2007). Ribosomal RNA genes and deuterostome phylogeny revisited: more cyclostomes, elasmobranchs, reptiles, and a brittle star. *Mol Phylogenet Evol.* **43**: 1005-1022.

³ Winchell, C.J. (2002). Evaluating Hypotheses of Deuterostome Phylogeny and Chordate Evolution with New LSU and SSU Ribosomal DNA *Data*. *Mol. Biol. Evol.* **19**(5):762-776.

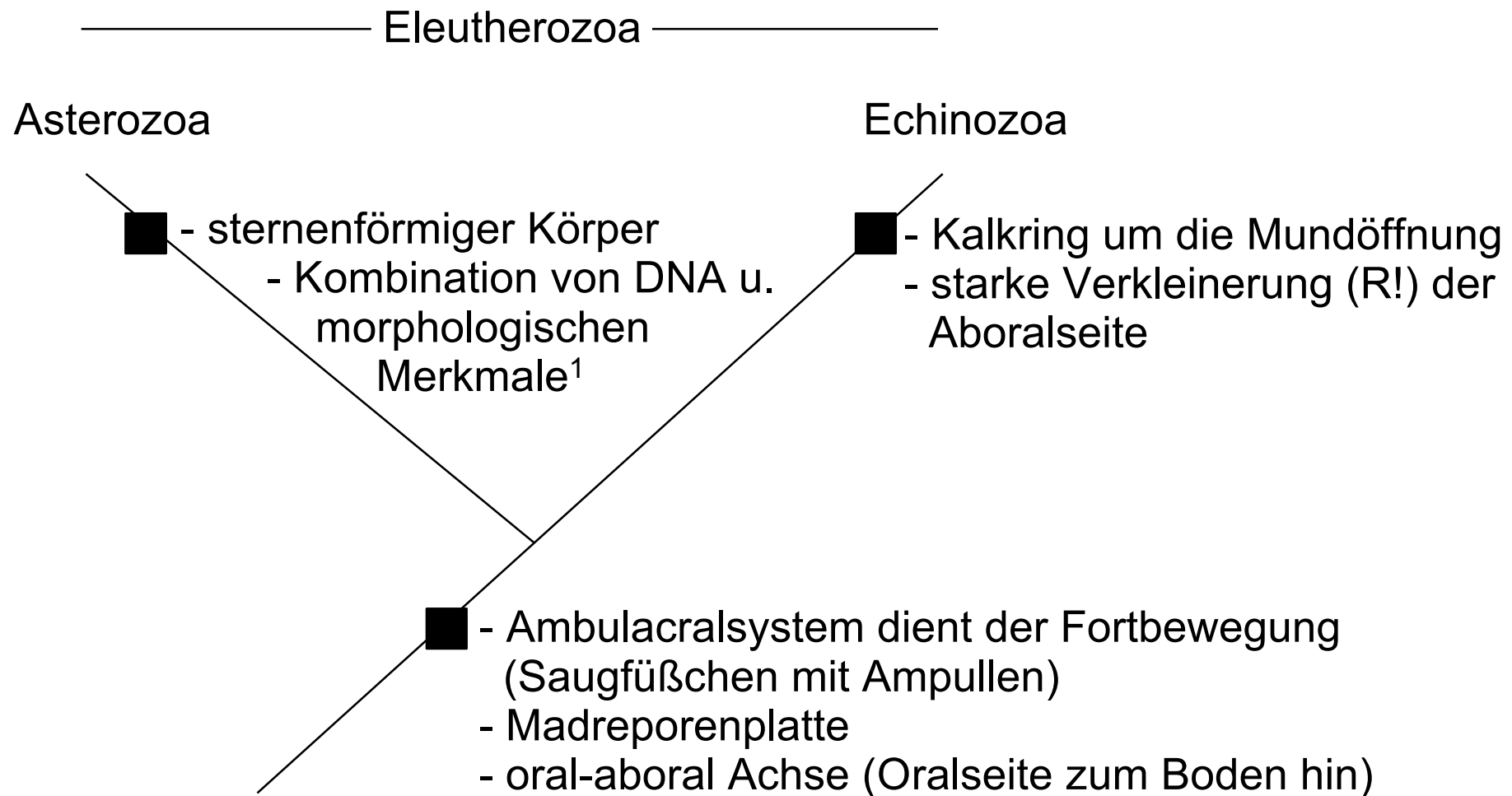
Hemichordata



Echinodermata



Eleutherozoa



¹ Janies, D. (2001). Phylogenetic relationships of extant echinoderm classes. *Can. J. Zool.* **79**: 1232-1250.

Asterozoa

————— Asterozoa —————

Ophiuroida

Asteroidea (inkl. *Xyloplax*)

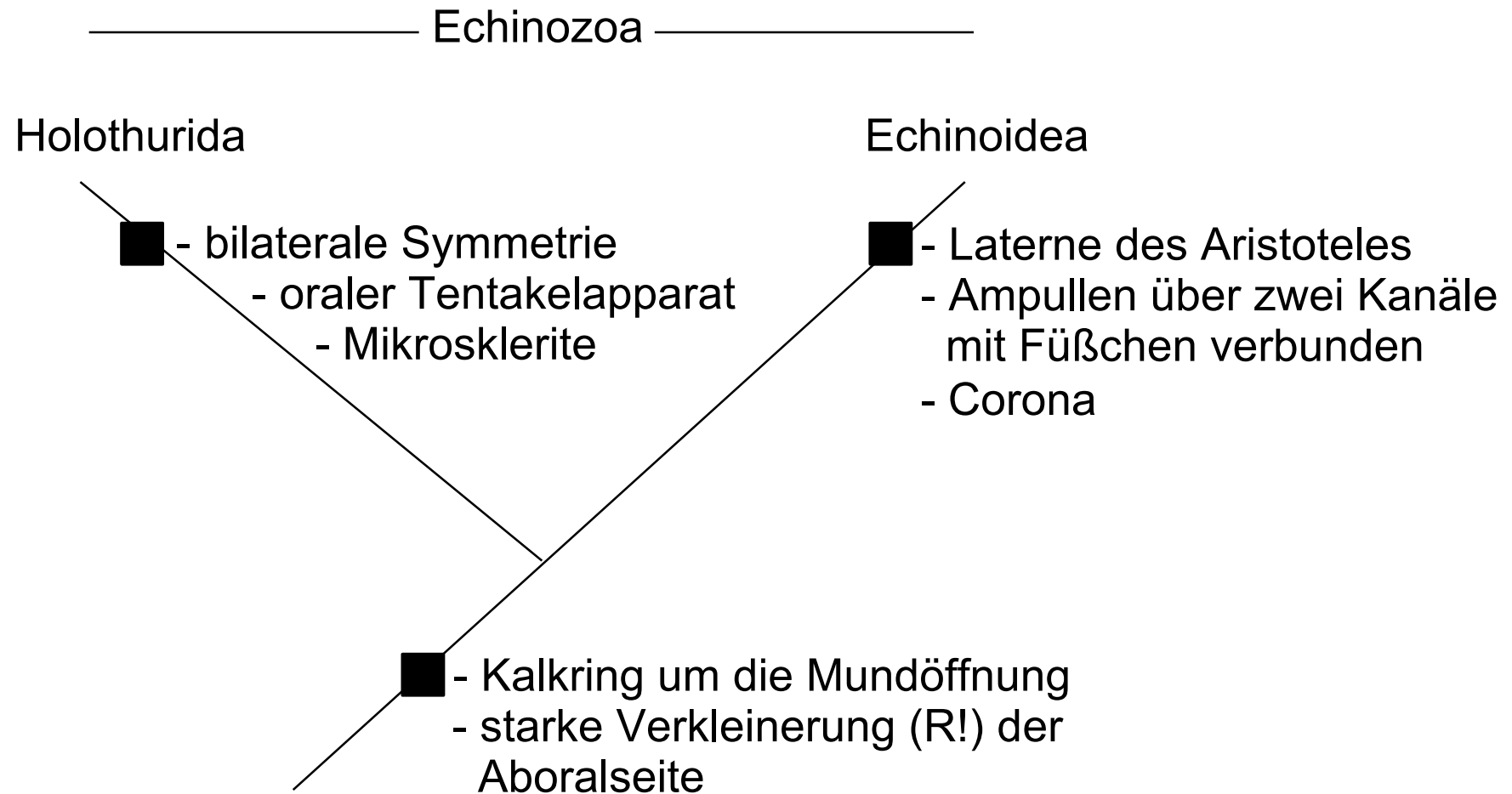
- - Arme getrennt von Zentralscheibe
- Ambulacralplatten in Armen verwachsen

- - Arme mit breiter Basis
- Gonaden und Darmdivertikel in die Arme verlagert ?
- Papulae ??

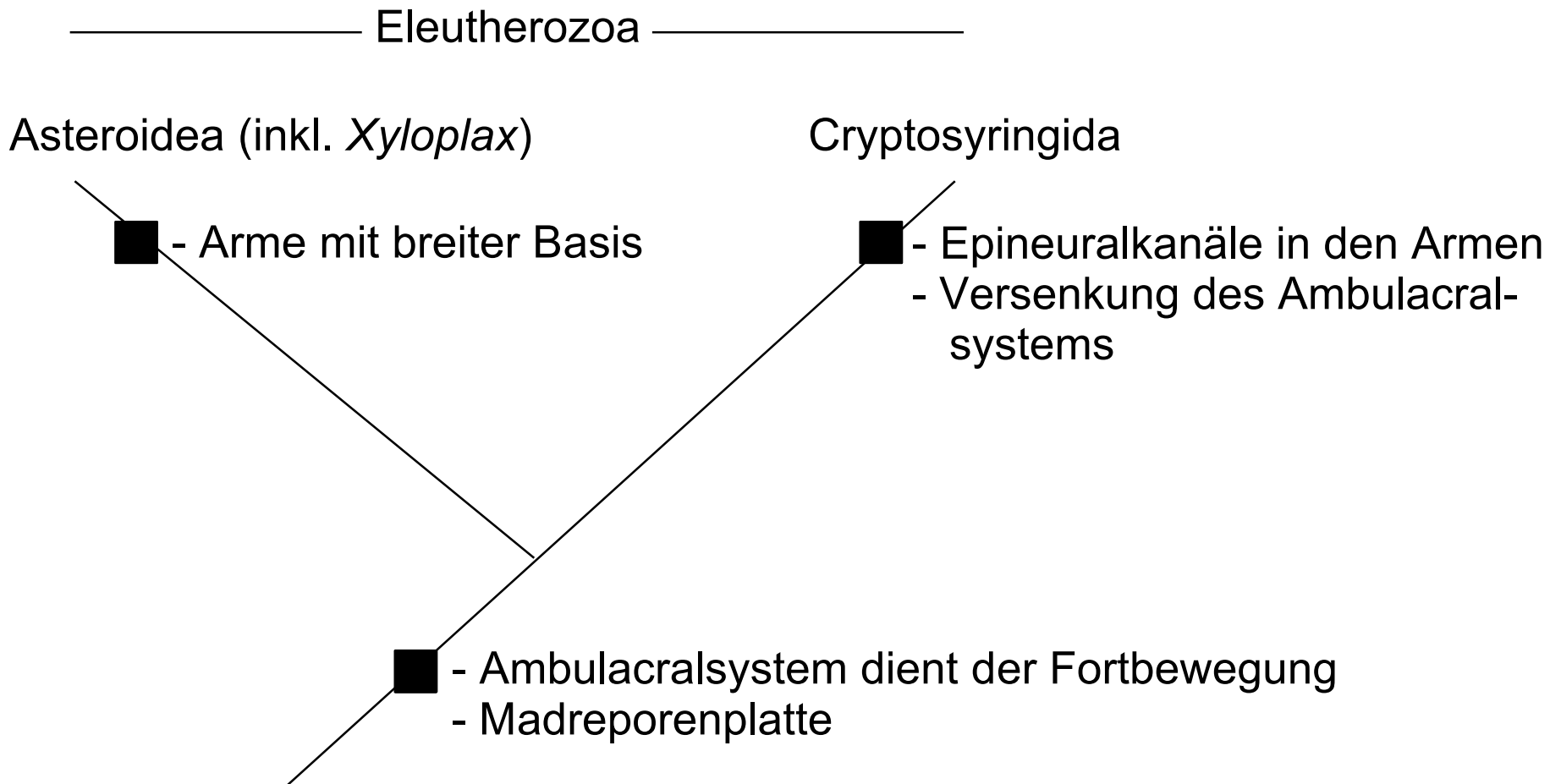
- - sternenförmiger Körper
- Kombination von DNA u. morphologischen Merkmale¹

¹ Janies, D. (2001). Phylogenetic relationships of extant echinoderm classes. *Can. J. Zool.* **79**: 1232-1250.

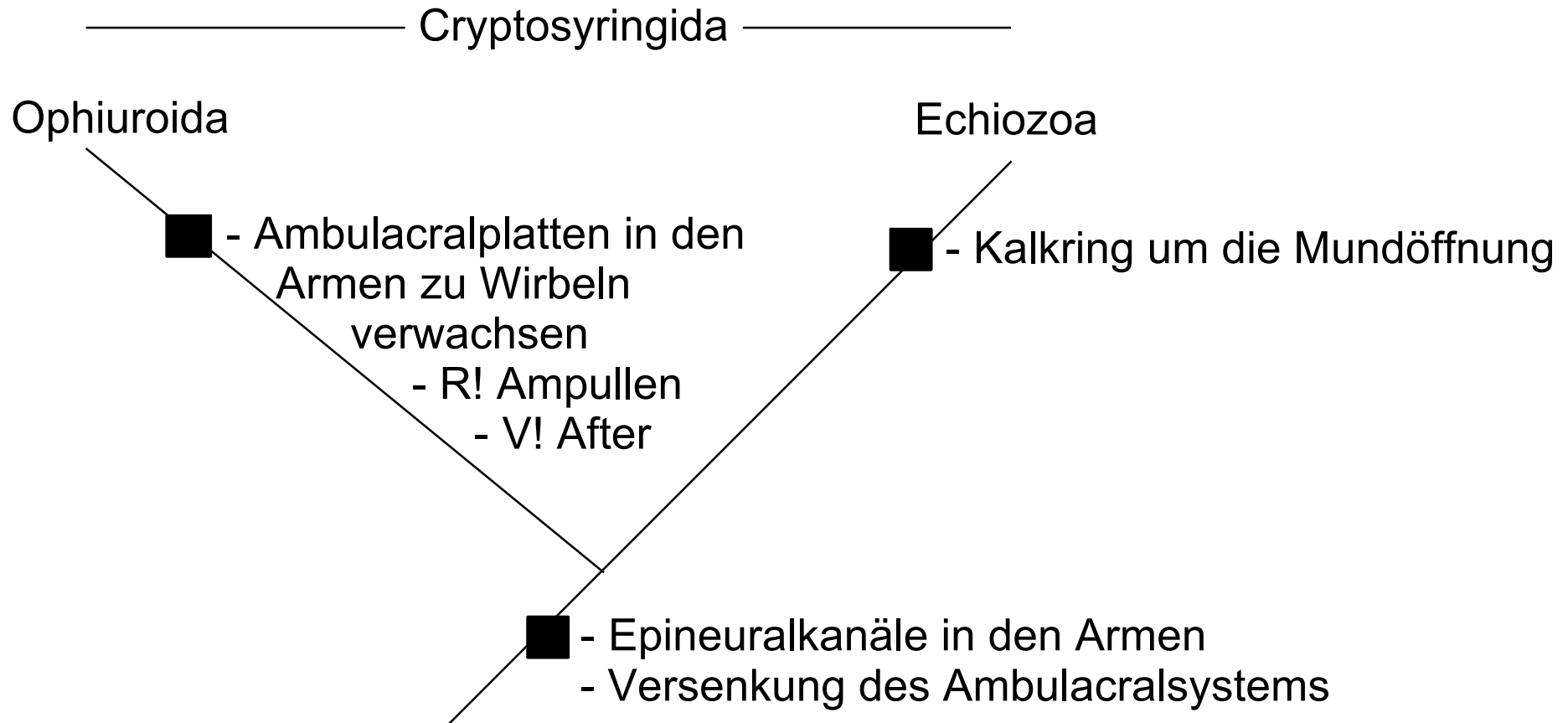
Echinozoa



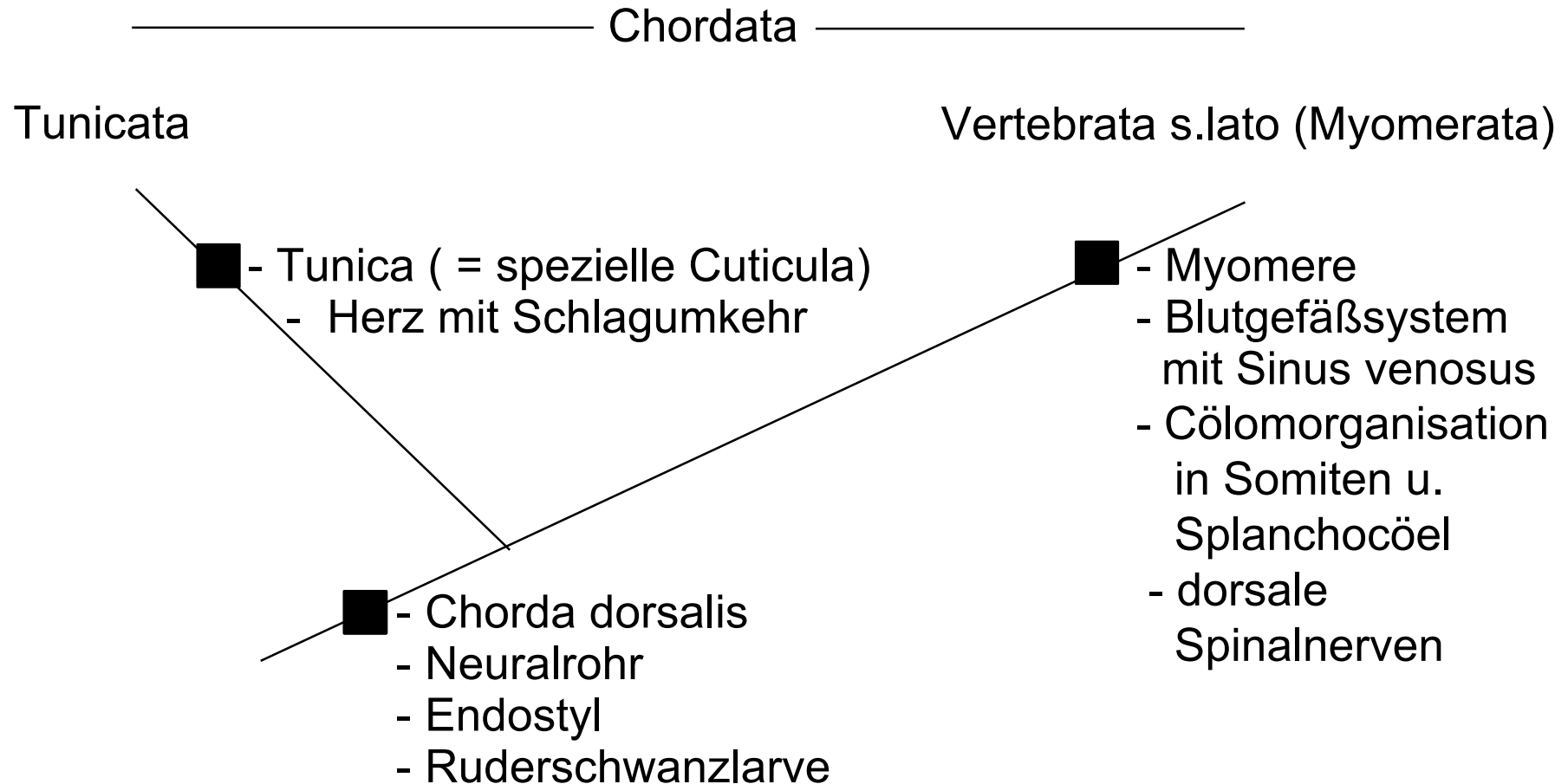
Eleutherozoa-Alternative



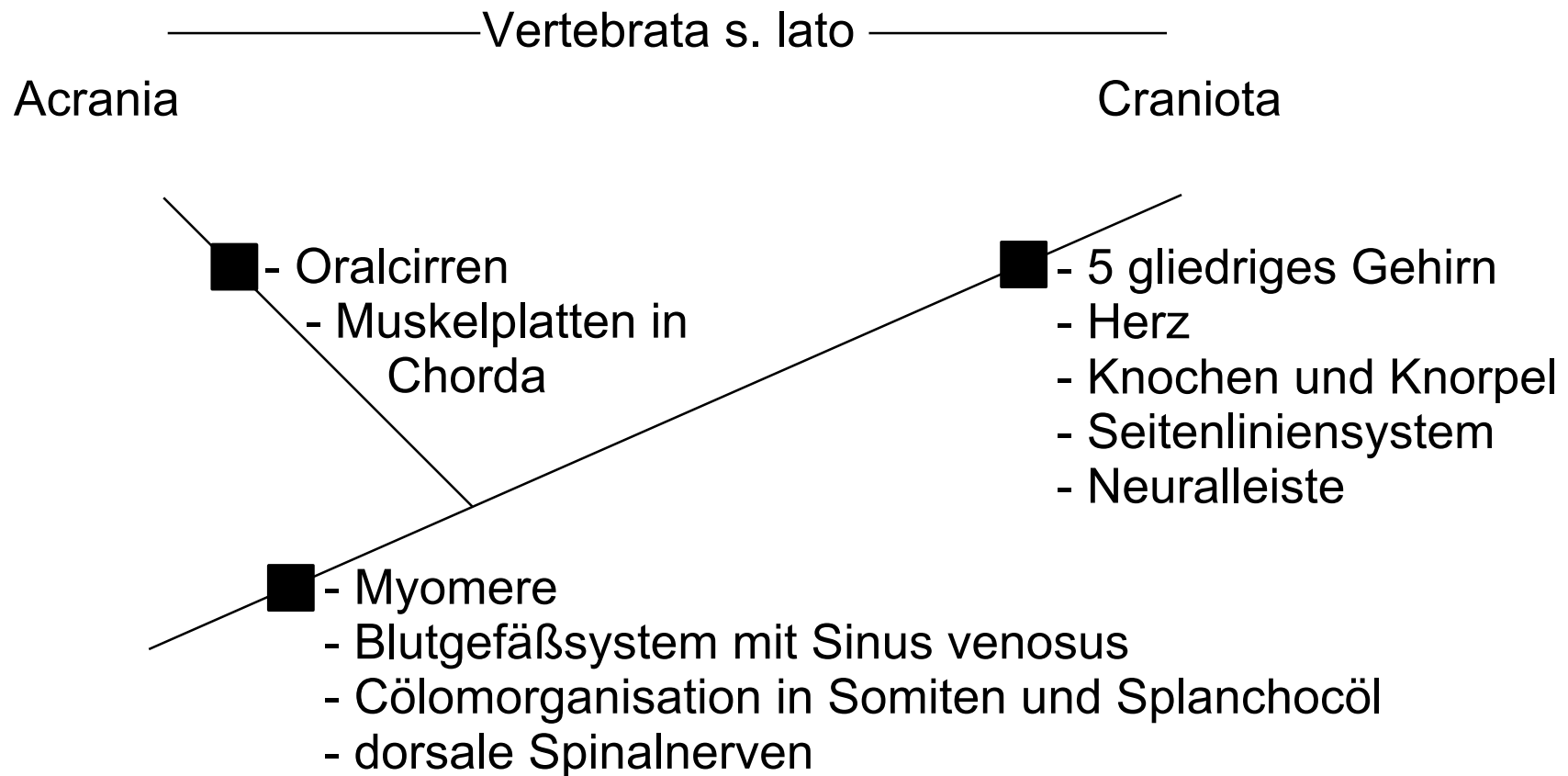
Cryptosyringida



Chordata



Vertebrata s. lato (Myomerata)



Vertebrata s.str. (Myopterygia)

Vertebrata s.str.

Petromyzontida

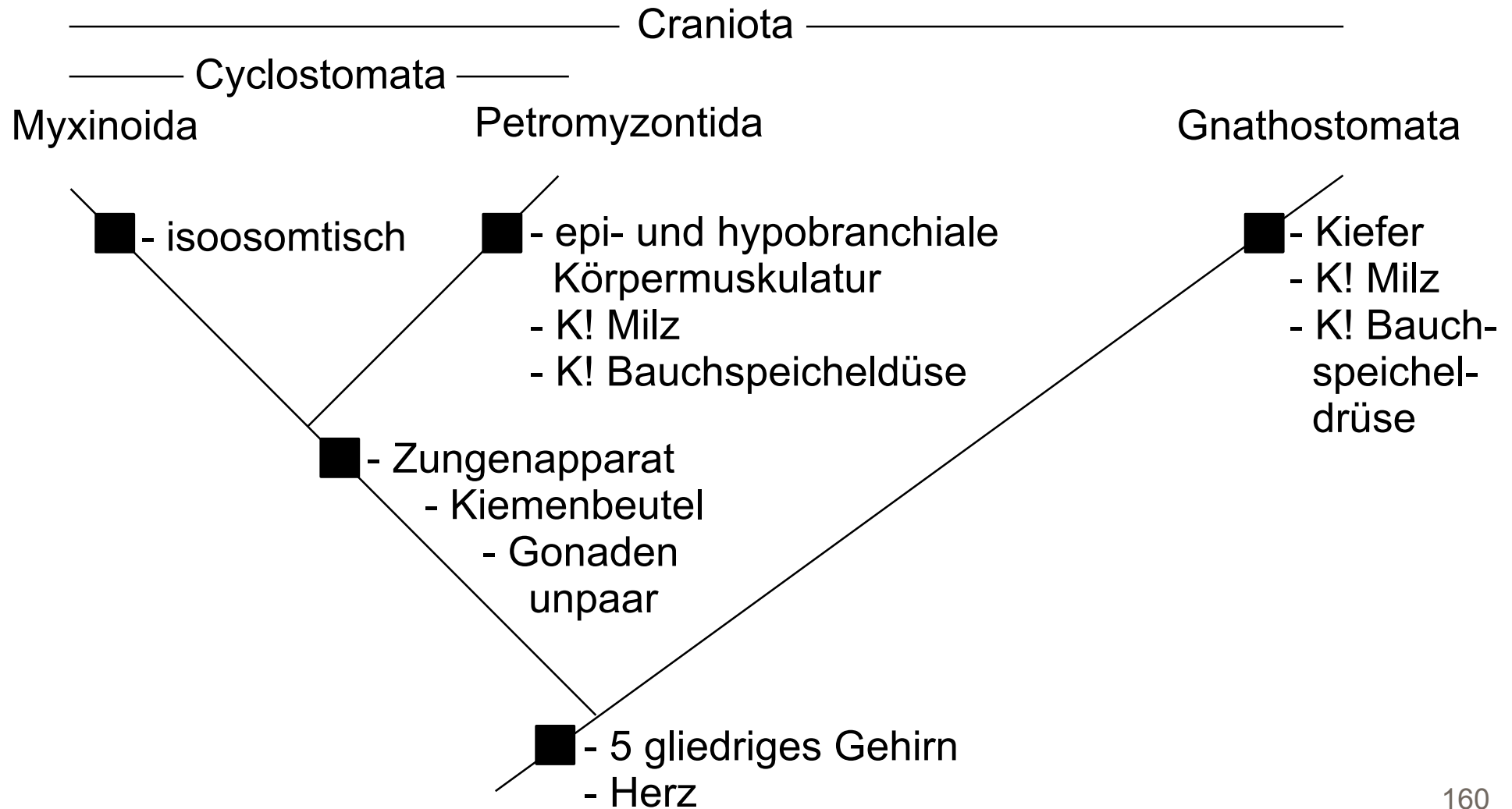
- - epi- und hypobranchiale Körpermuskulatur
- Mundbereich als Saugbereich

Gnathostomata

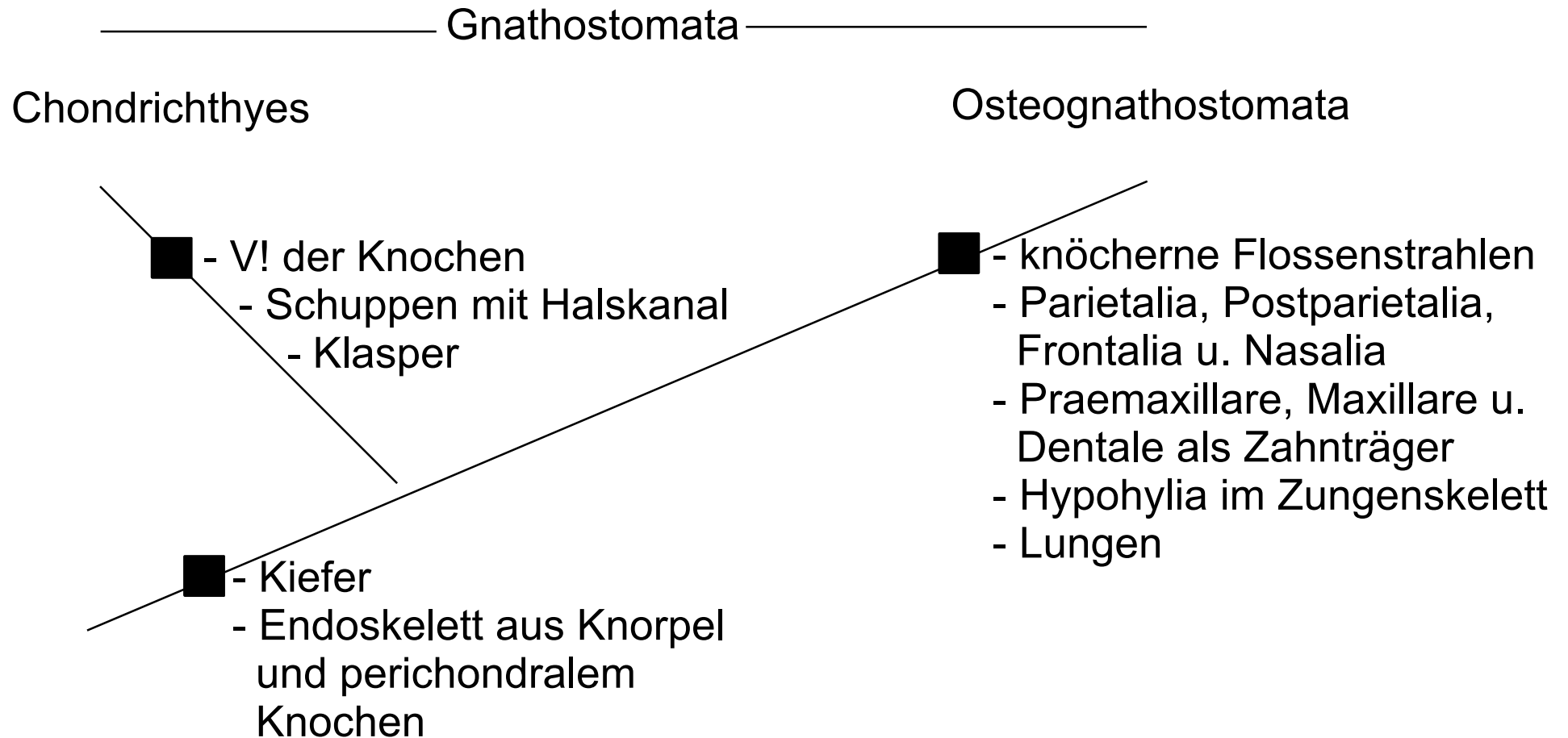
- - Kiefer
- Endoskelett aus Knorpel und perichondralem Knochen
- Labyrinthorgan mit 3 Bogengängen
- Myelinscheide um Axone der Nervenzellen
- 5 Kiemenspalten + Spritzloch

- - 2 vertikale Bögen im Labyrinthorgan
- Milz
- Bauchspeicheldrüse

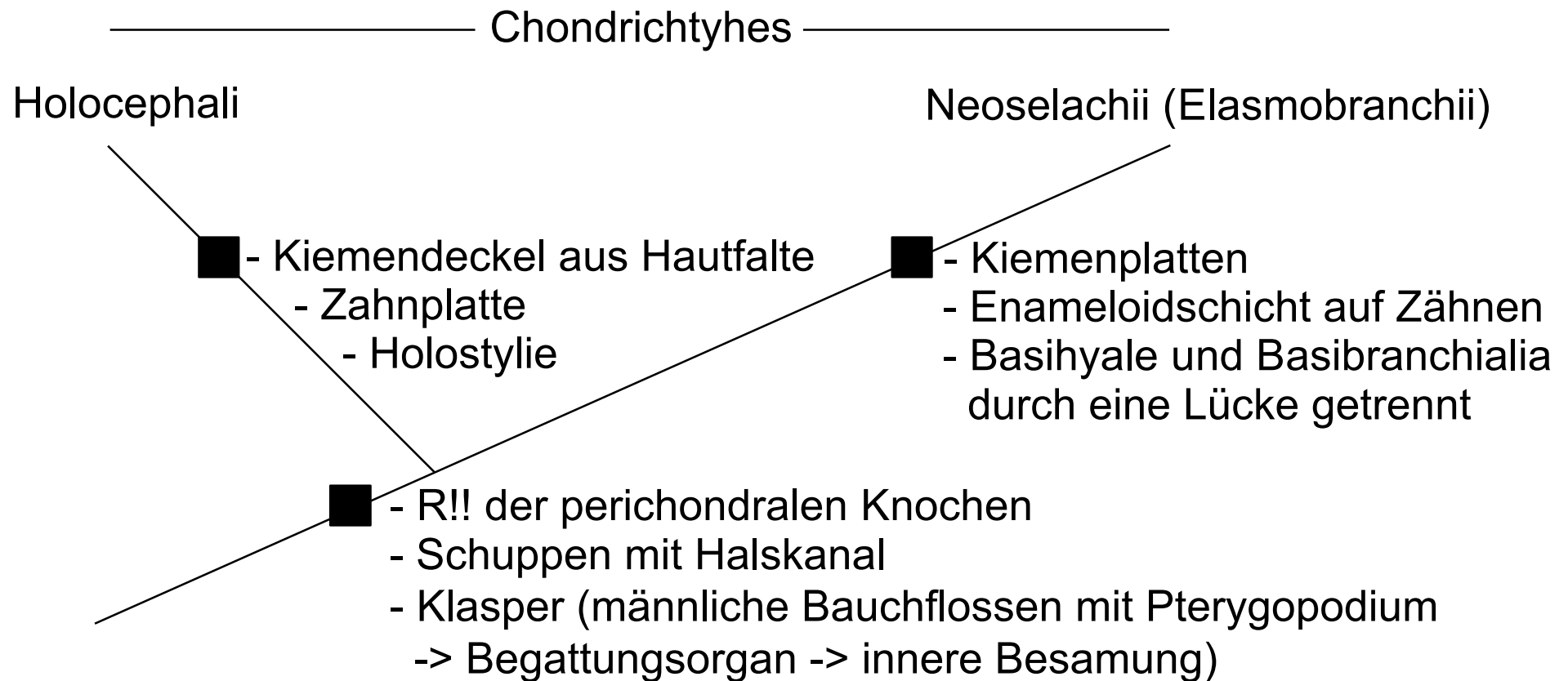
Craniota-Alternative



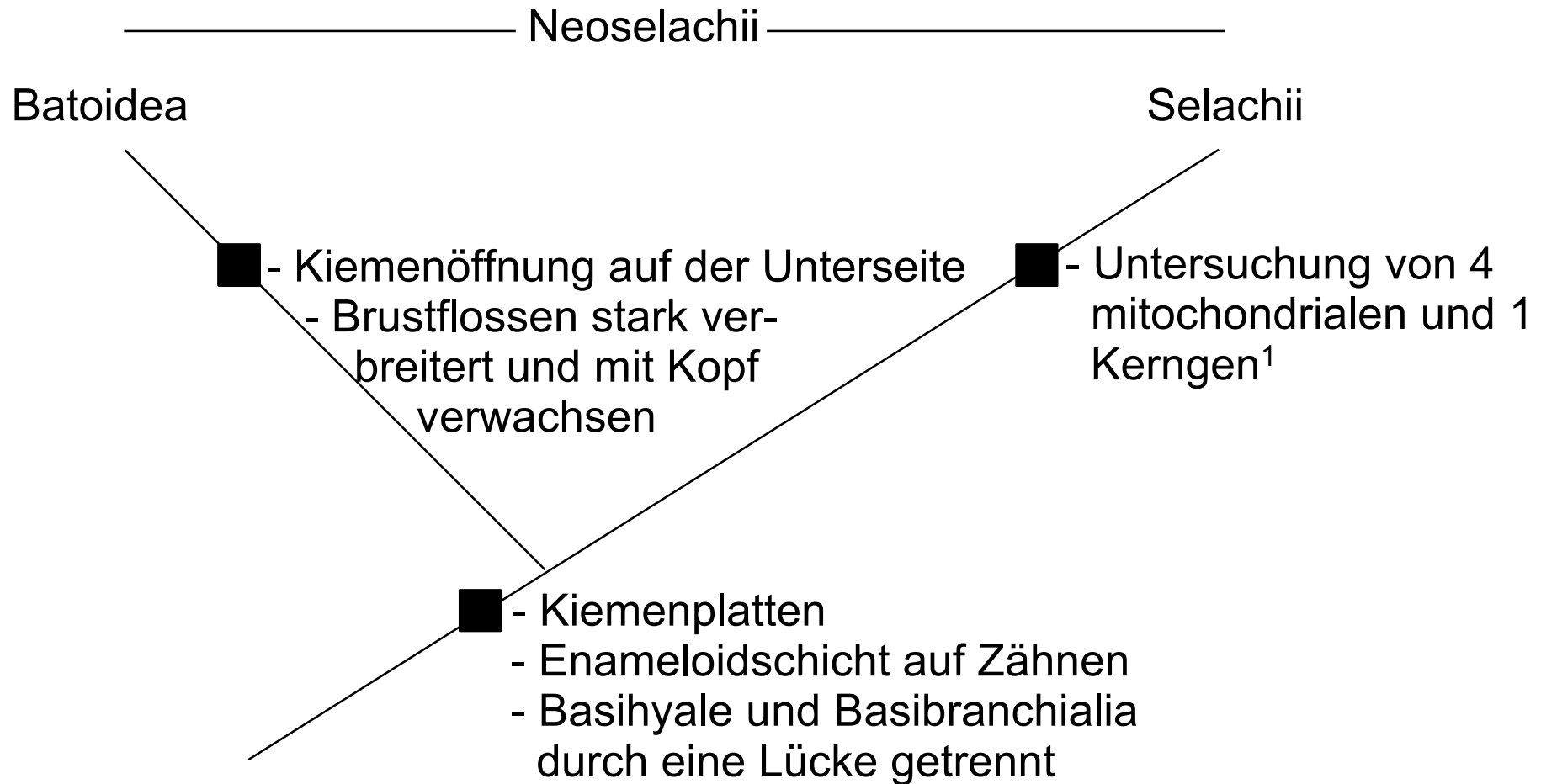
Gnathostomata



Chondrichthyes



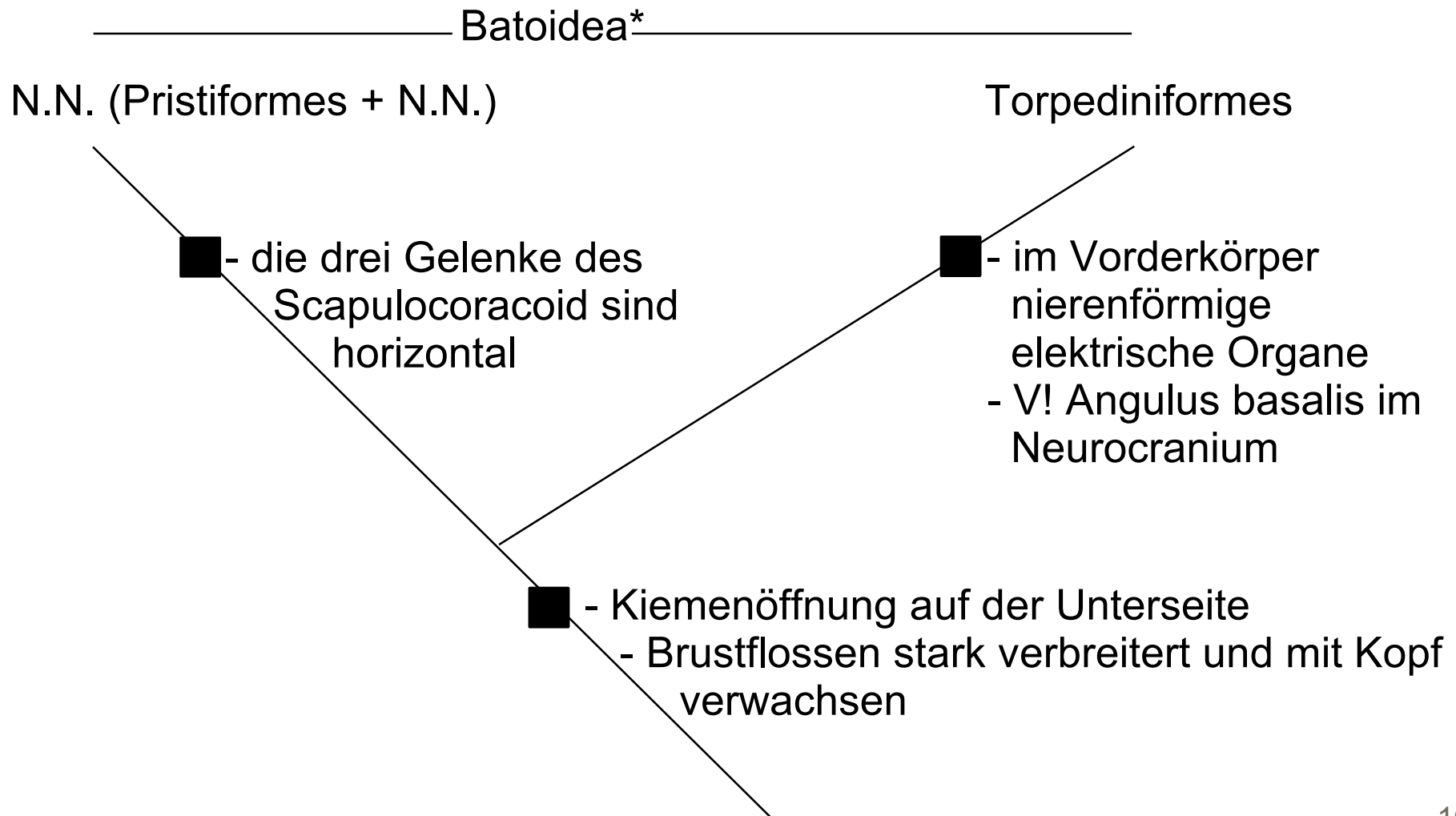
Neoselachii



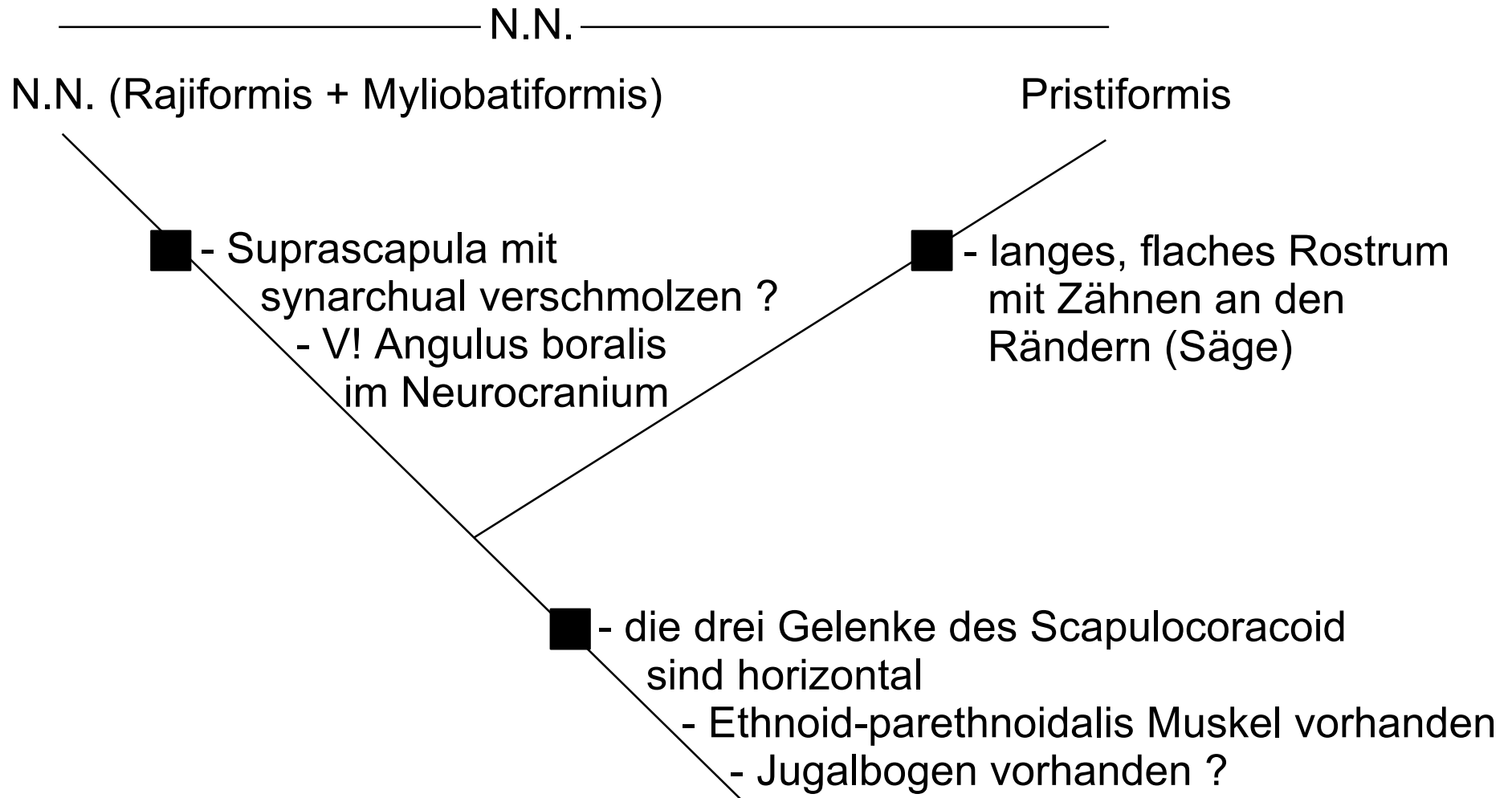
¹ Vélez-Zuazo, X. and I. Agnarsson (2011). Shark tales: a molecular species-level phylogeny of sharks (Selachimorpha, Chondrichthyes). *Mol Phylogenet Evol.* **58**: 207-217.

Batoidea

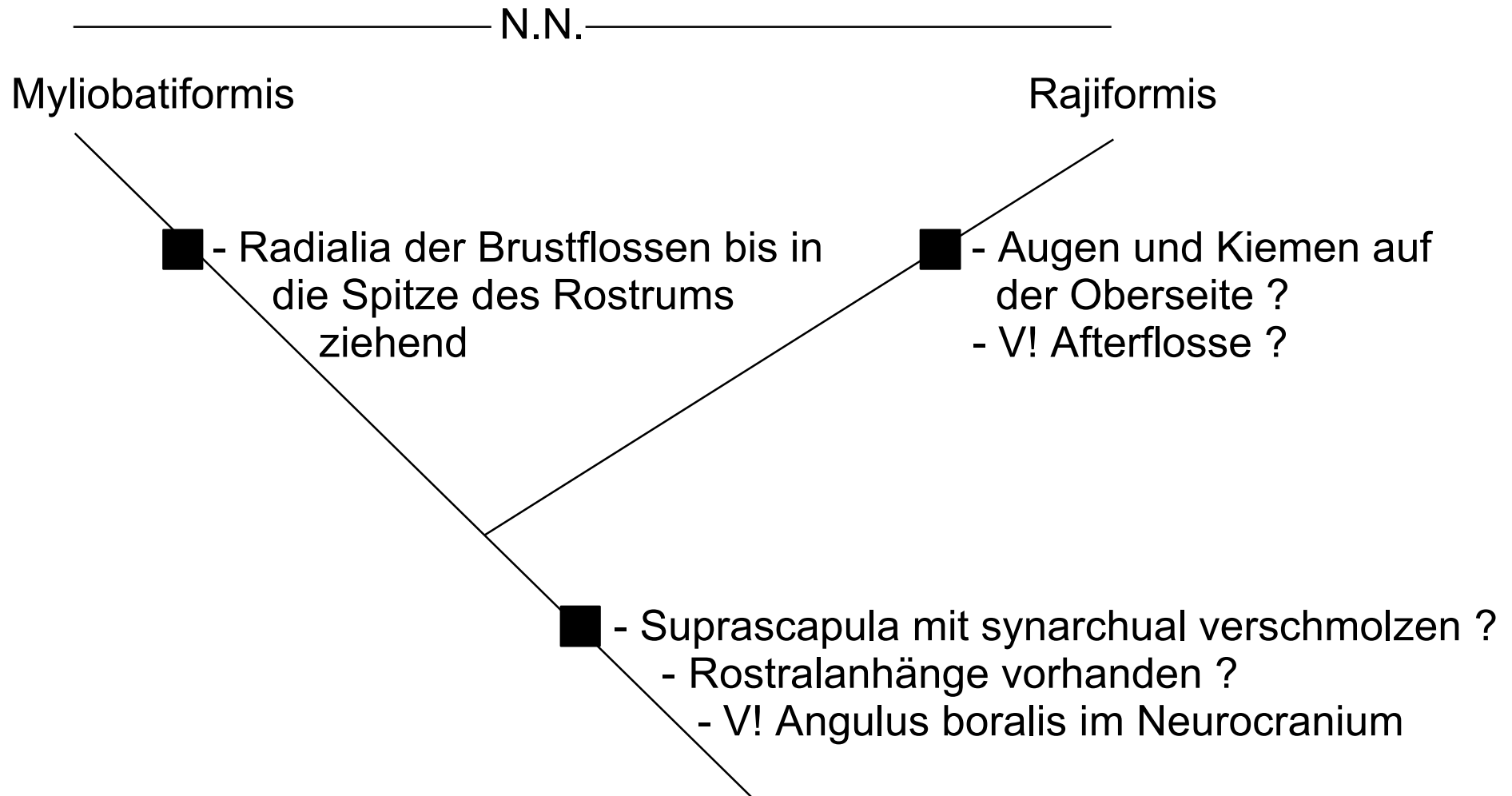
nach McEachran & Aschliman, 2004



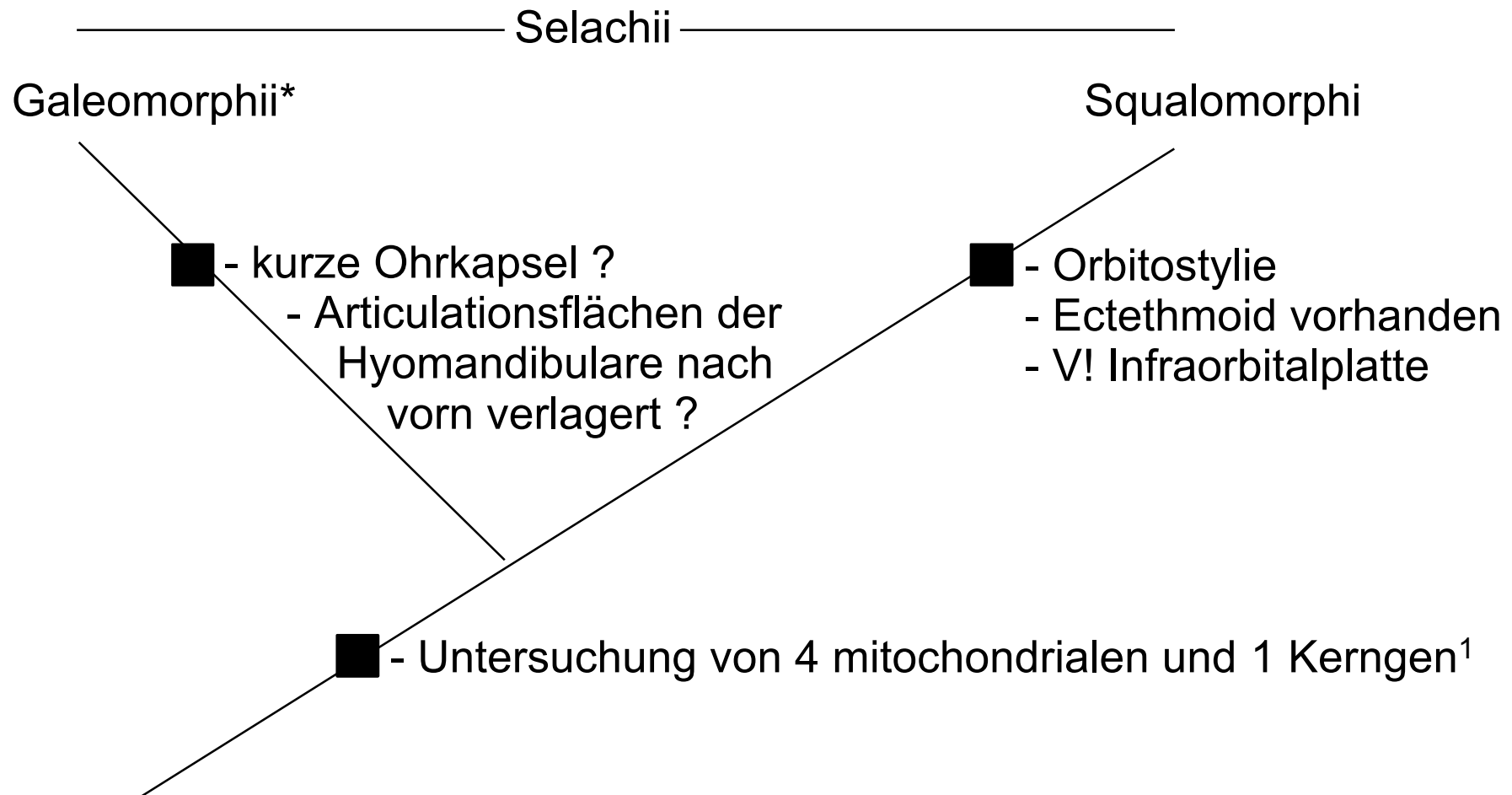
N.N. (Pristiformis + N.N.)



N.N. (Rajiformis + Myliobatiformis)

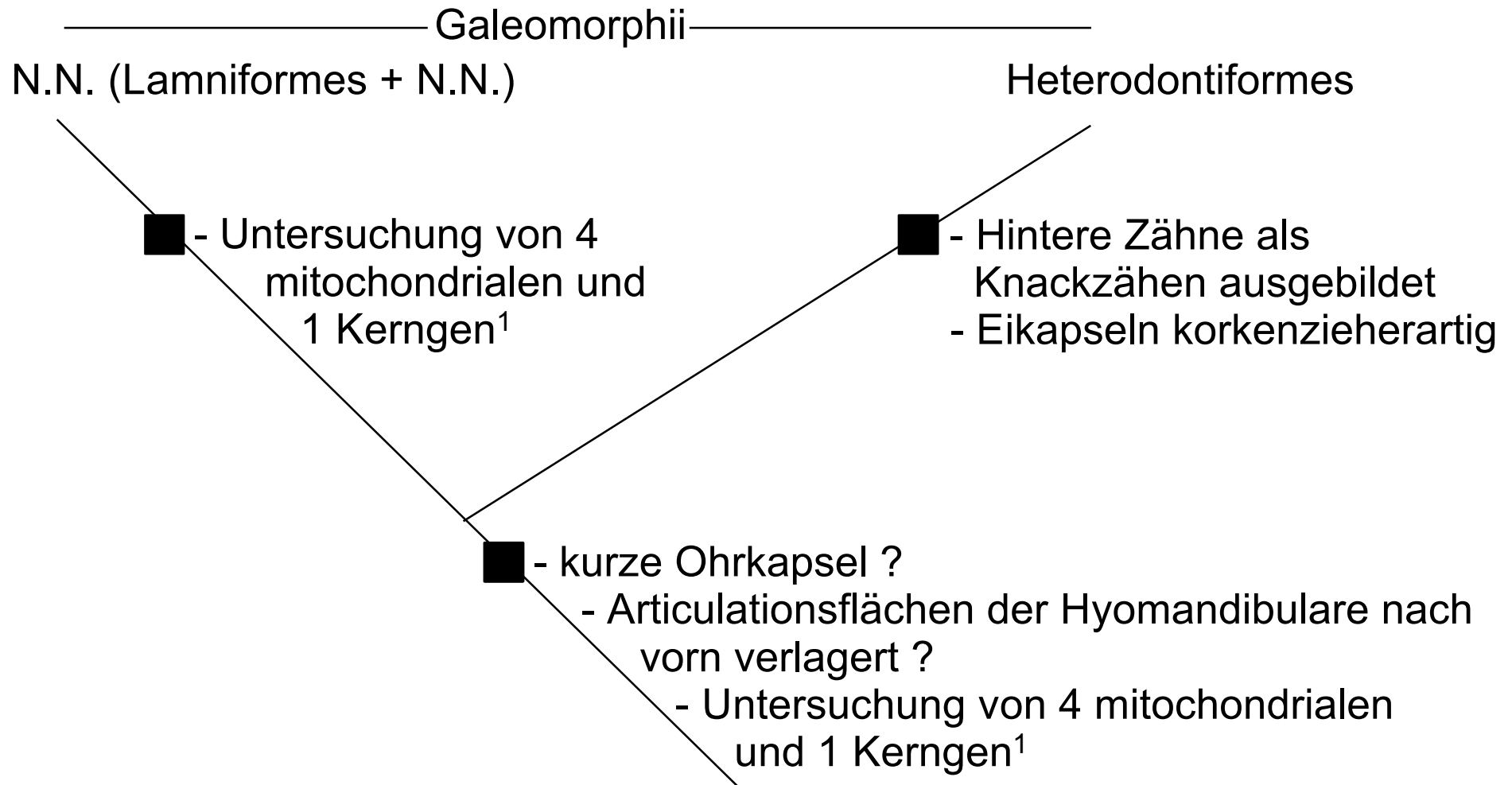


Selachii



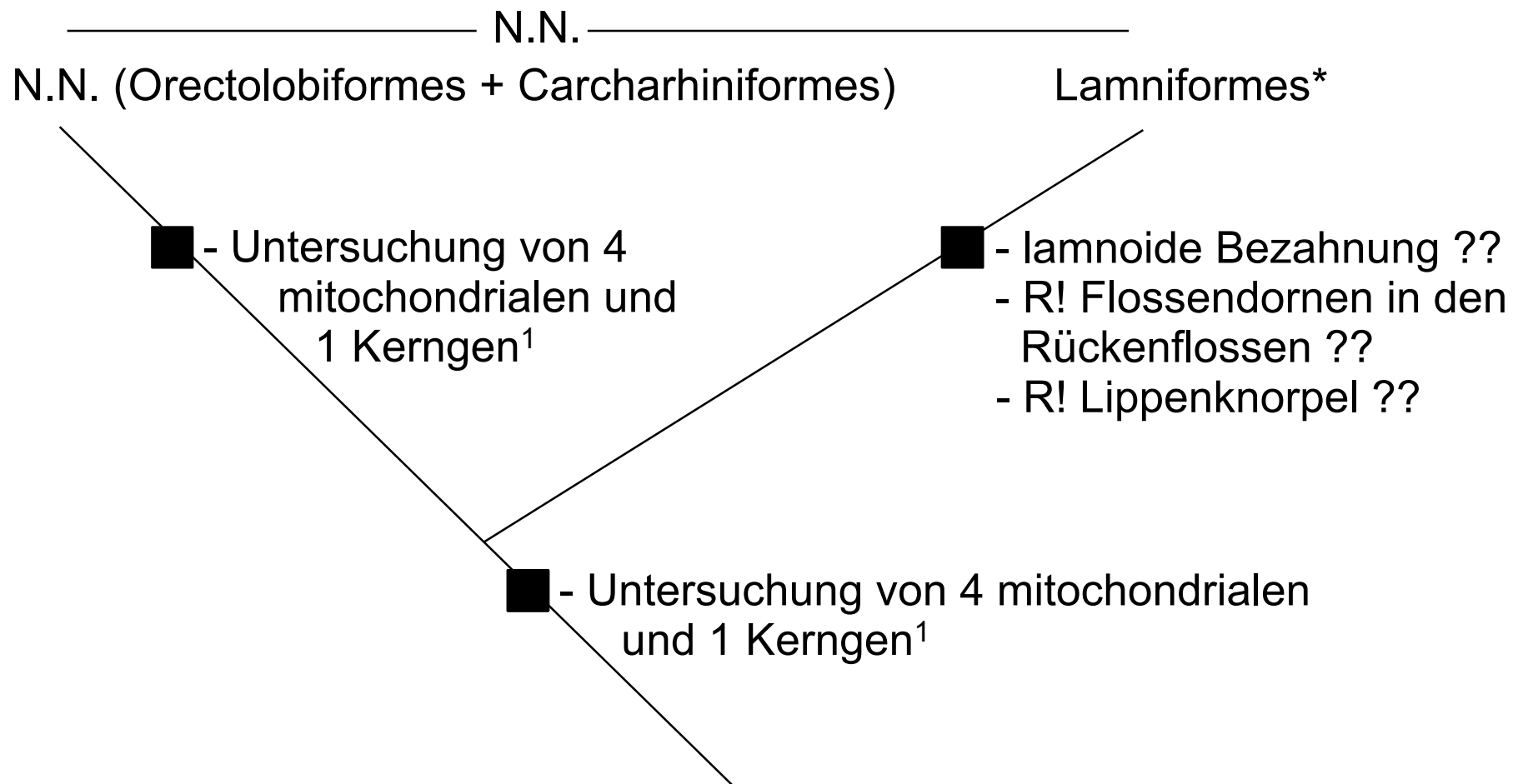
¹ Vélez-Zuazo, X. and I. Agnarsson (2011). Shark tales: a molecular species-level phylogeny of sharks (Selachimorpha, Chondrichthyes). *Mol Phylogenet Evol.* **58**: 207-217.

Galeomorphii



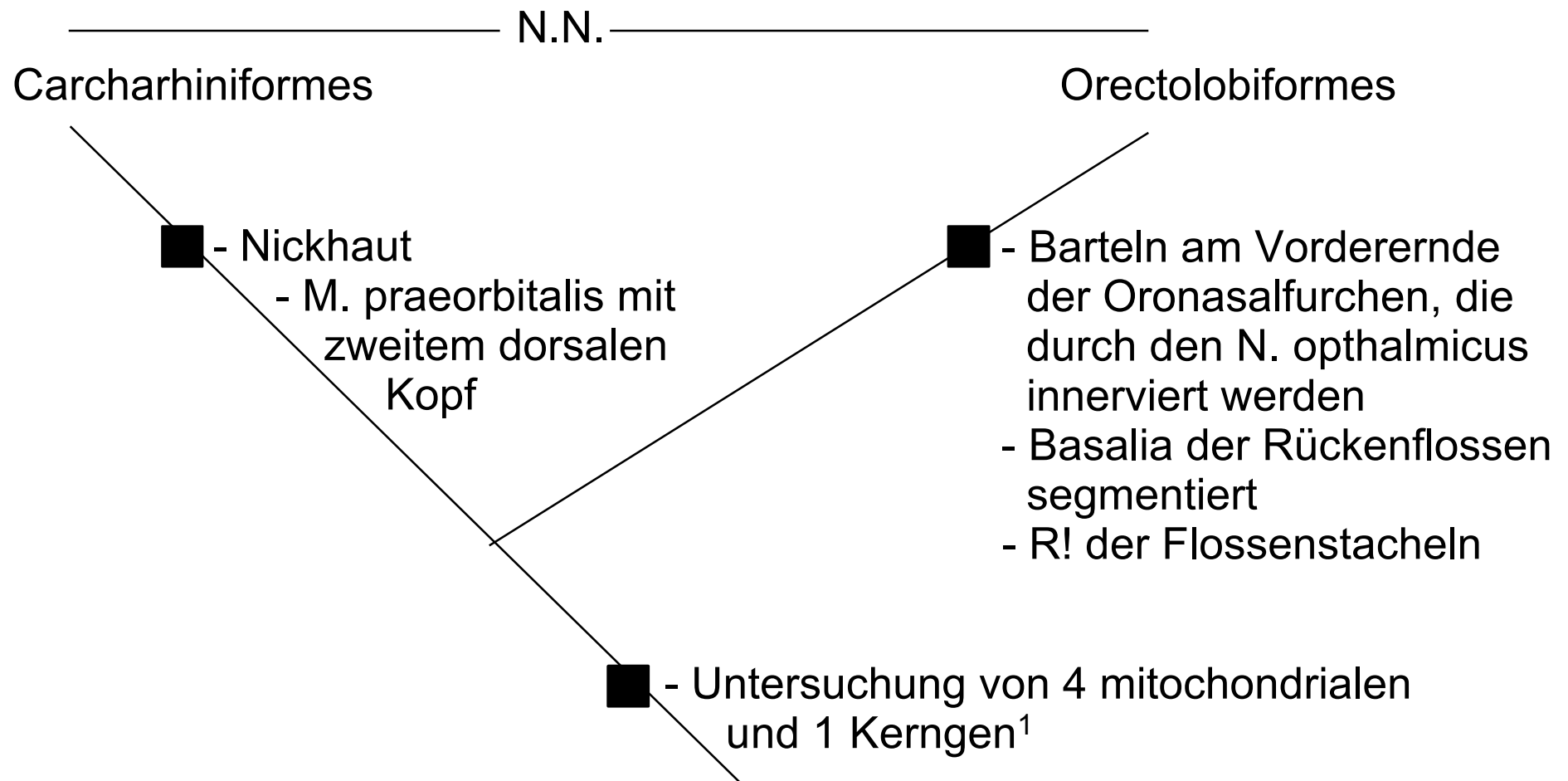
¹ Vélez-Zuazo, X. and I. Agnarsson (2011). Shark tales: a molecular species-level phylogeny of sharks (Selachimorpha, Chondrichthyes). *Mol Phylogenet Evol.* **58**: 207-217.

N.N. (Lamniformes + N.N.)



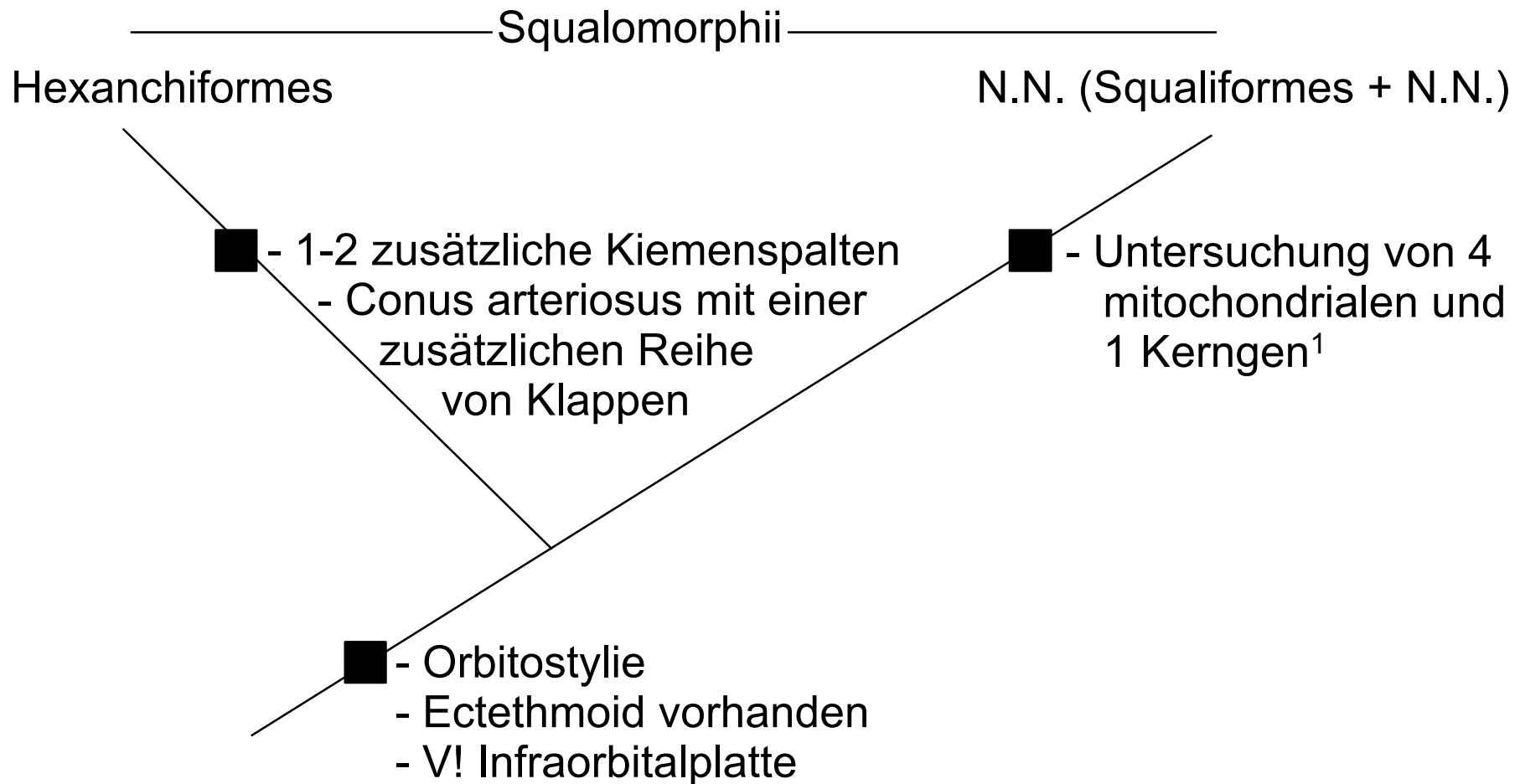
¹ Vélez-Zuazo, X. and I. Agnarsson (2011). Shark tales: a molecular species-level phylogeny of sharks (Selachimorpha, Chondrichthyes). *Mol Phylogenet Evol.* **58**: 207-217.

N.N. (Orectolobiformes + Carcharhiniformes)



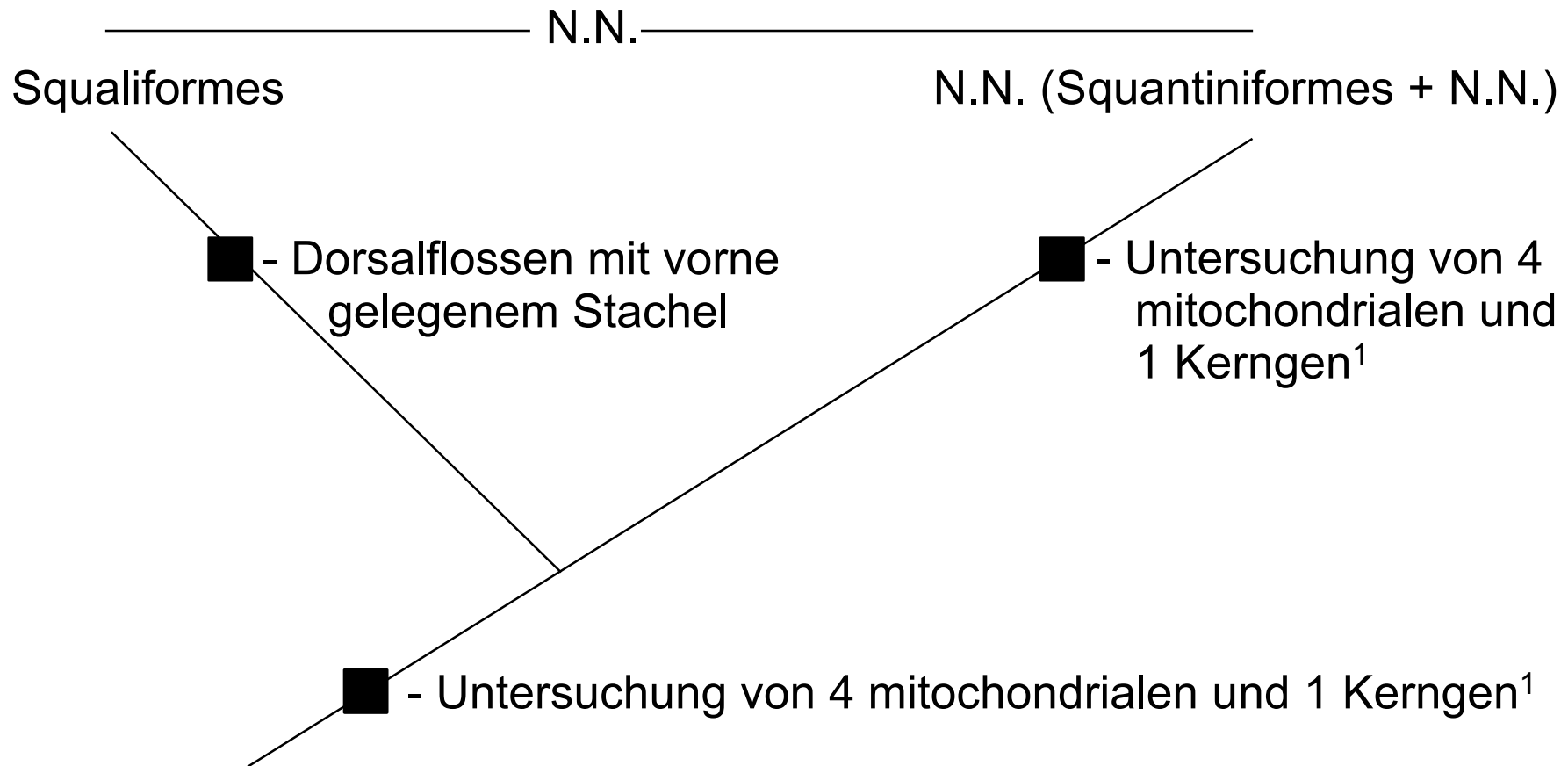
¹ Vélez-Zuazo, X. and I. Agnarsson (2011). Shark tales: a molecular species-level phylogeny of sharks (Selachimorpha, Chondrichthyes). *Mol Phylogenet Evol.* **58**: 207-217.

Squalomorphii



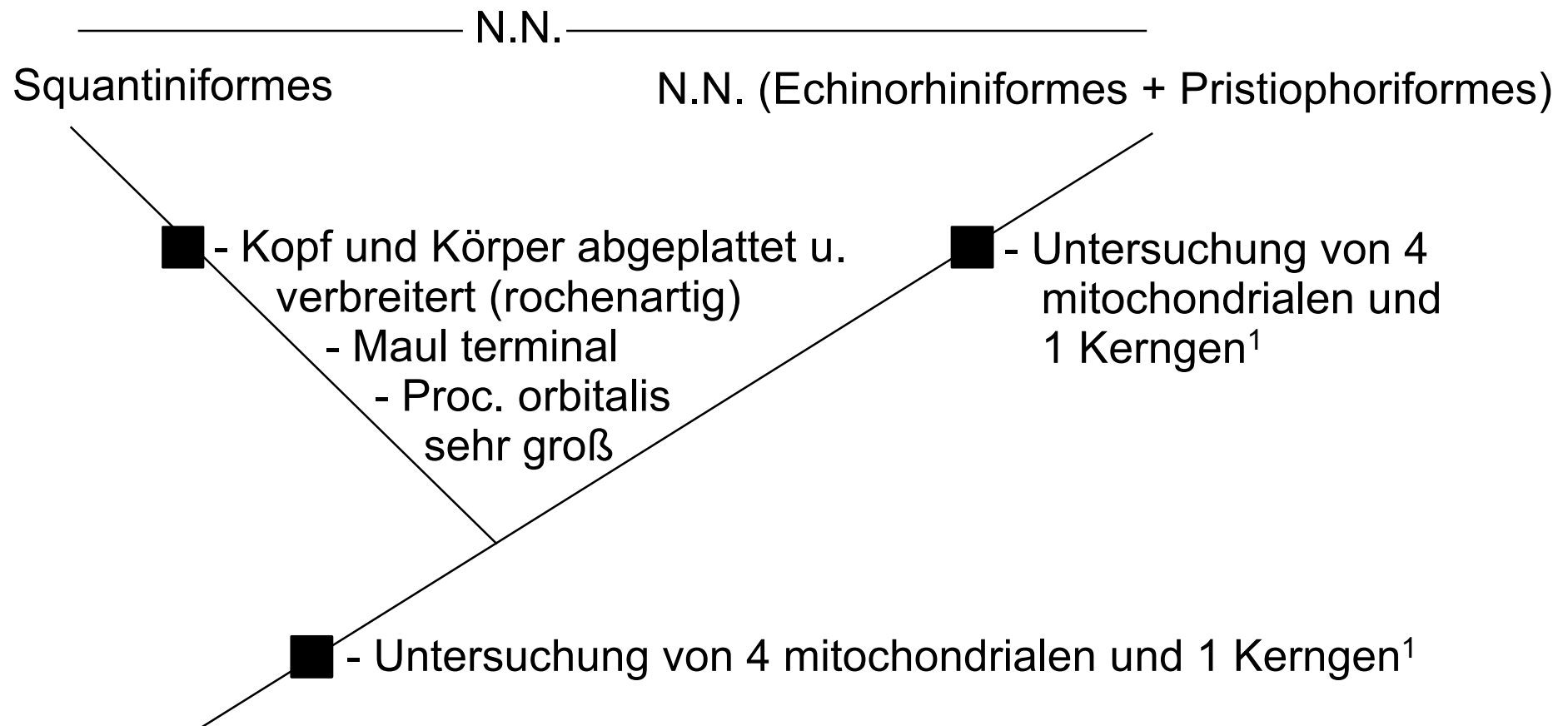
¹ Vélez-Zuazo, X. and I. Agnarsson (2011). Shark tales: a molecular species-level phylogeny of sharks (Selachimorpha, Chondrichthyes). *Mol Phylogenet Evol.* **58**: 207-217.

N.N. (Squaliformes + N.N.)



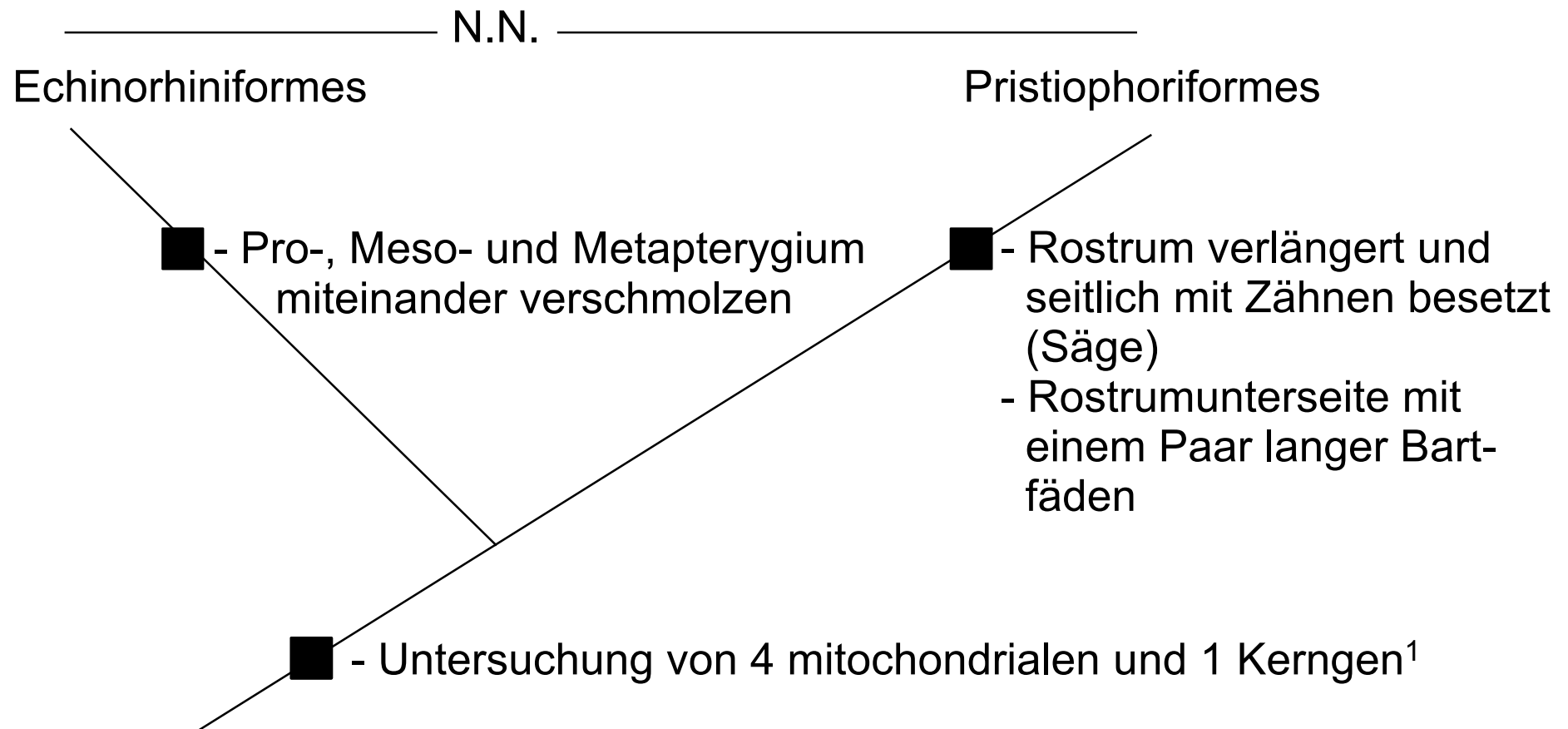
¹ Vélez-Zuazo, X. and I. Agnarsson (2011). Shark tales: a molecular species-level phylogeny of sharks (Selachimorpha, Chondrichthyes). *Mol Phylogenet Evol.* **58**: 207-217.

N.N. (Squantiniformes + N.N.)



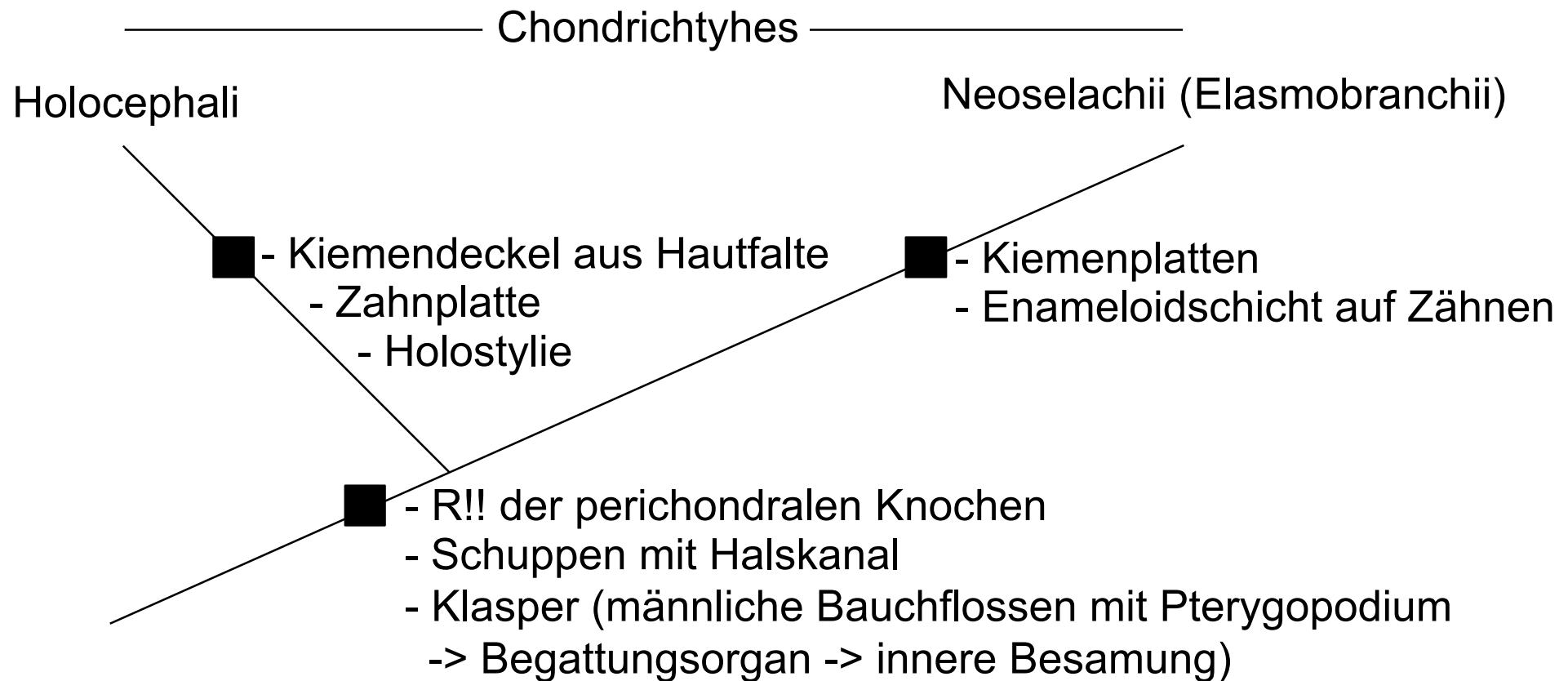
¹ Vélez-Zuazo, X. and I. Agnarsson (2011). Shark tales: a molecular species-level phylogeny of sharks (Selachimorpha, Chondrichthyes). *Mol Phylogenet Evol.* **58**: 207-217.

N.N. (Echinorhiniformes + Pristiophoriformes)

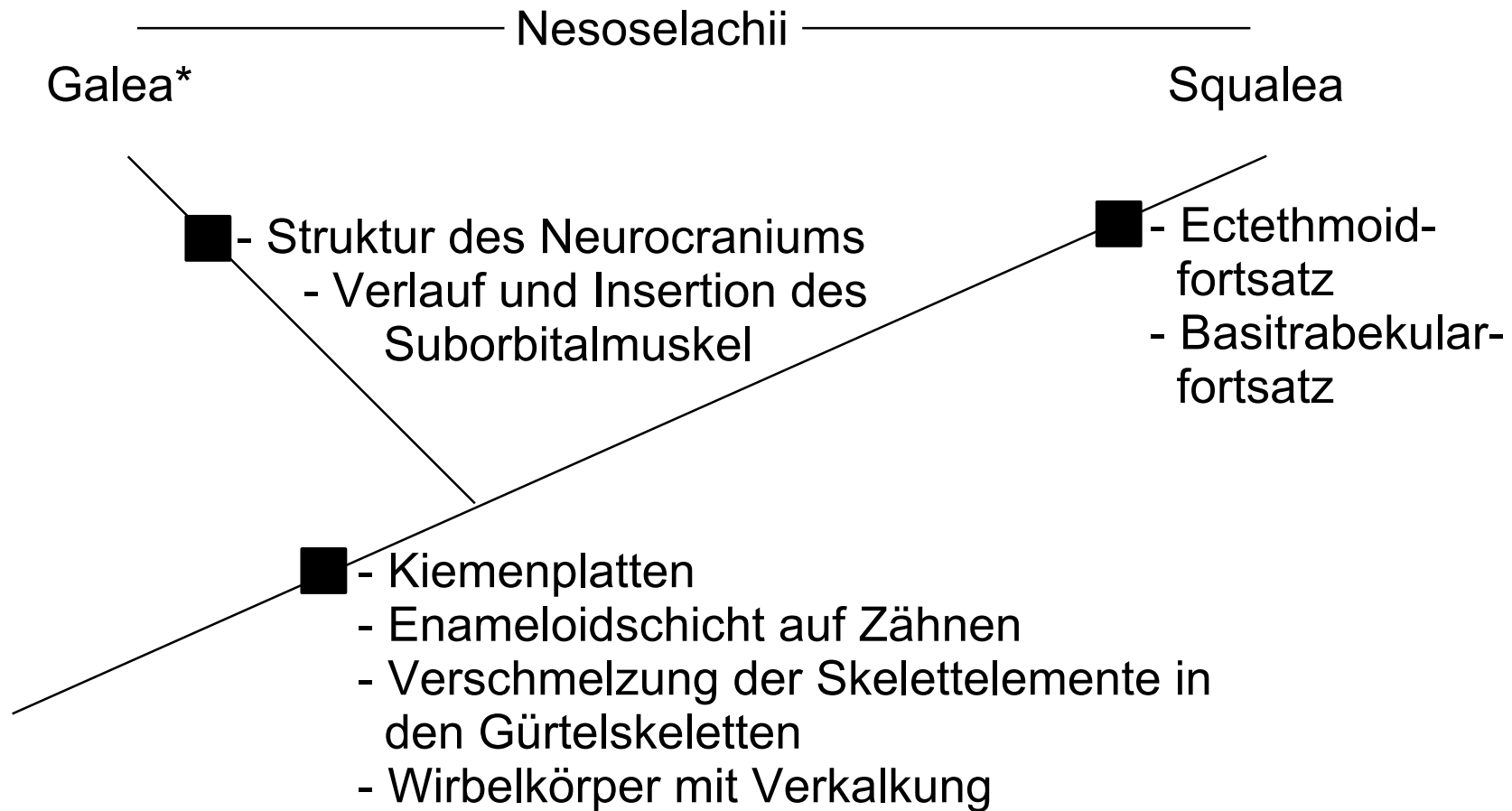


¹ Vélez-Zuazo, X. and I. Agnarsson (2011). Shark tales: a molecular species-level phylogeny of sharks (Selachimorpha, Chondrichthyes). *Mol Phylogenet Evol.* **58**: 207-217.

Chondrichthyes-Alternative

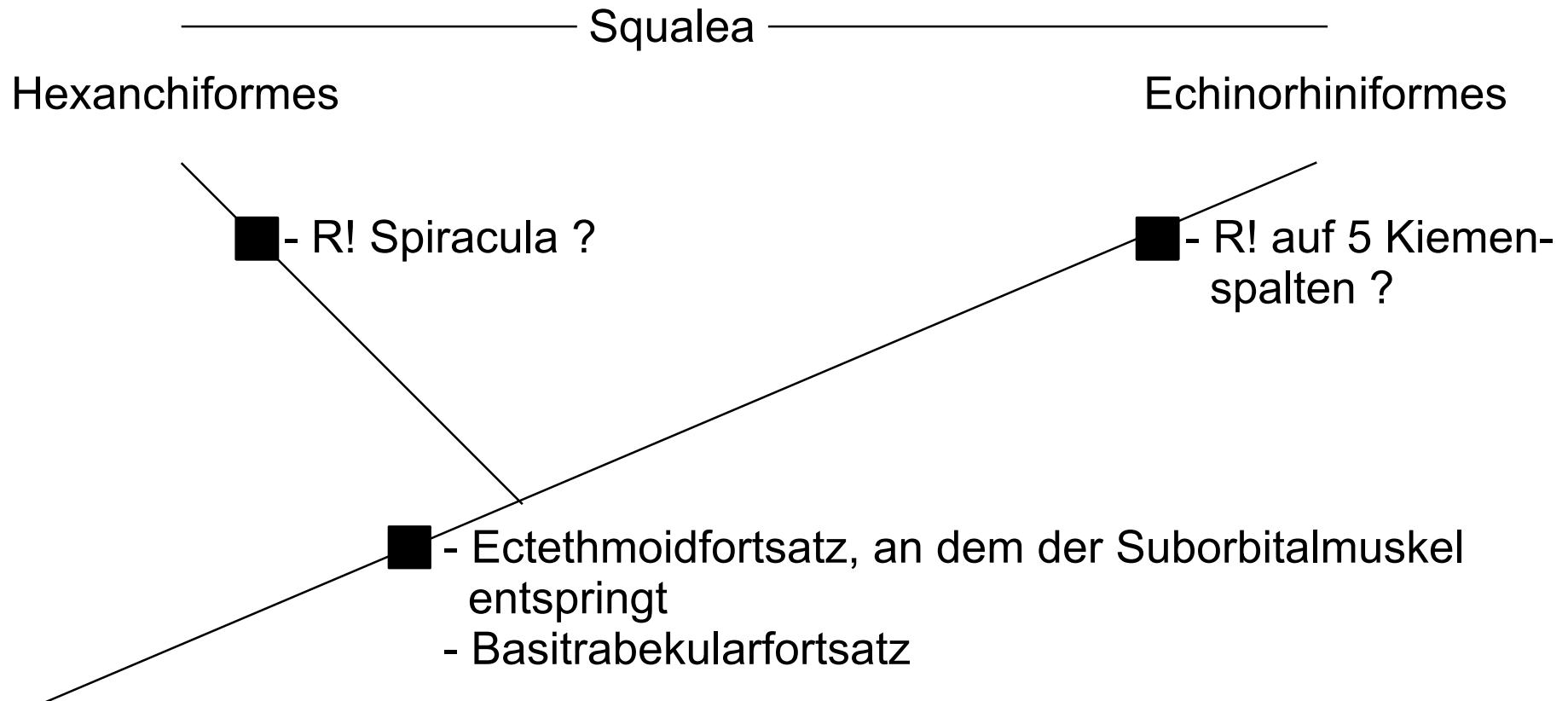


Neoselachii

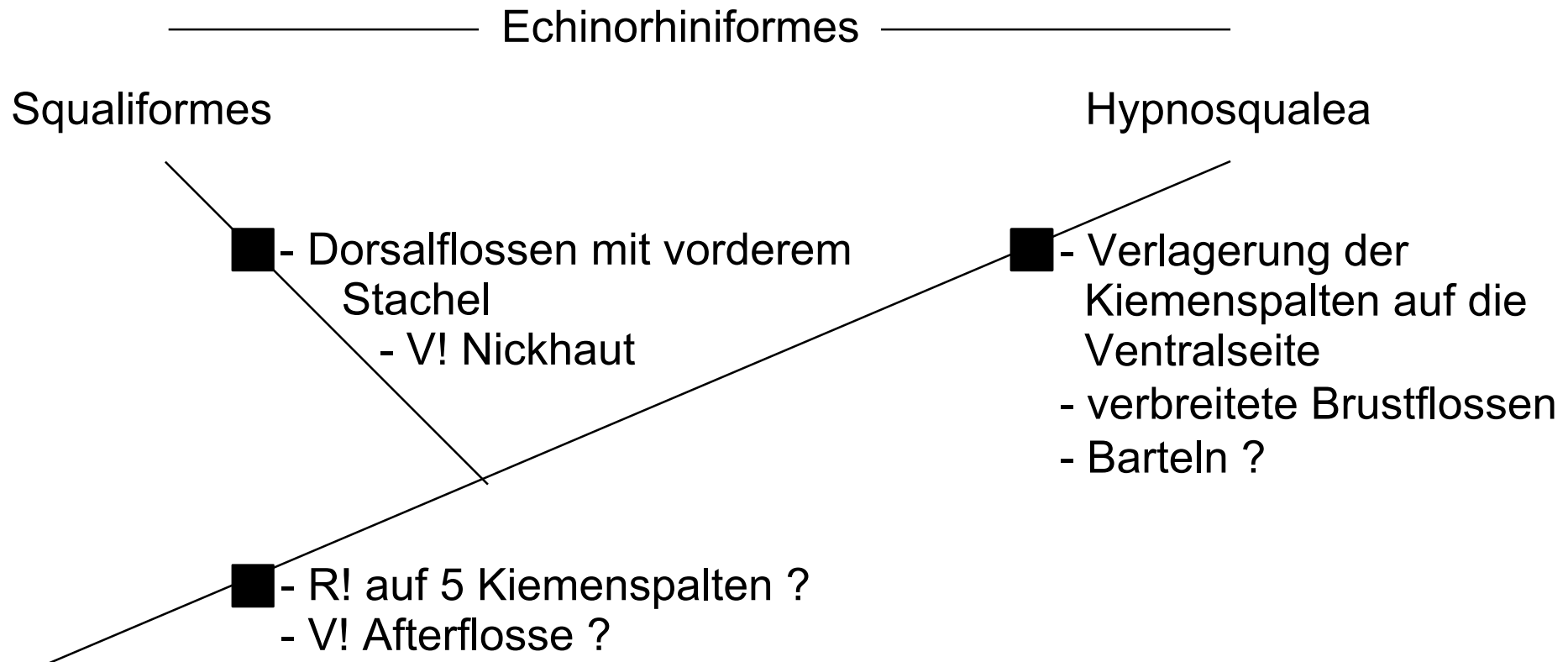


* mit Stierkopfhaien, Orectolobiformes = Wobbegongs + Walhai, Makrelenhaie und Grundhaie)

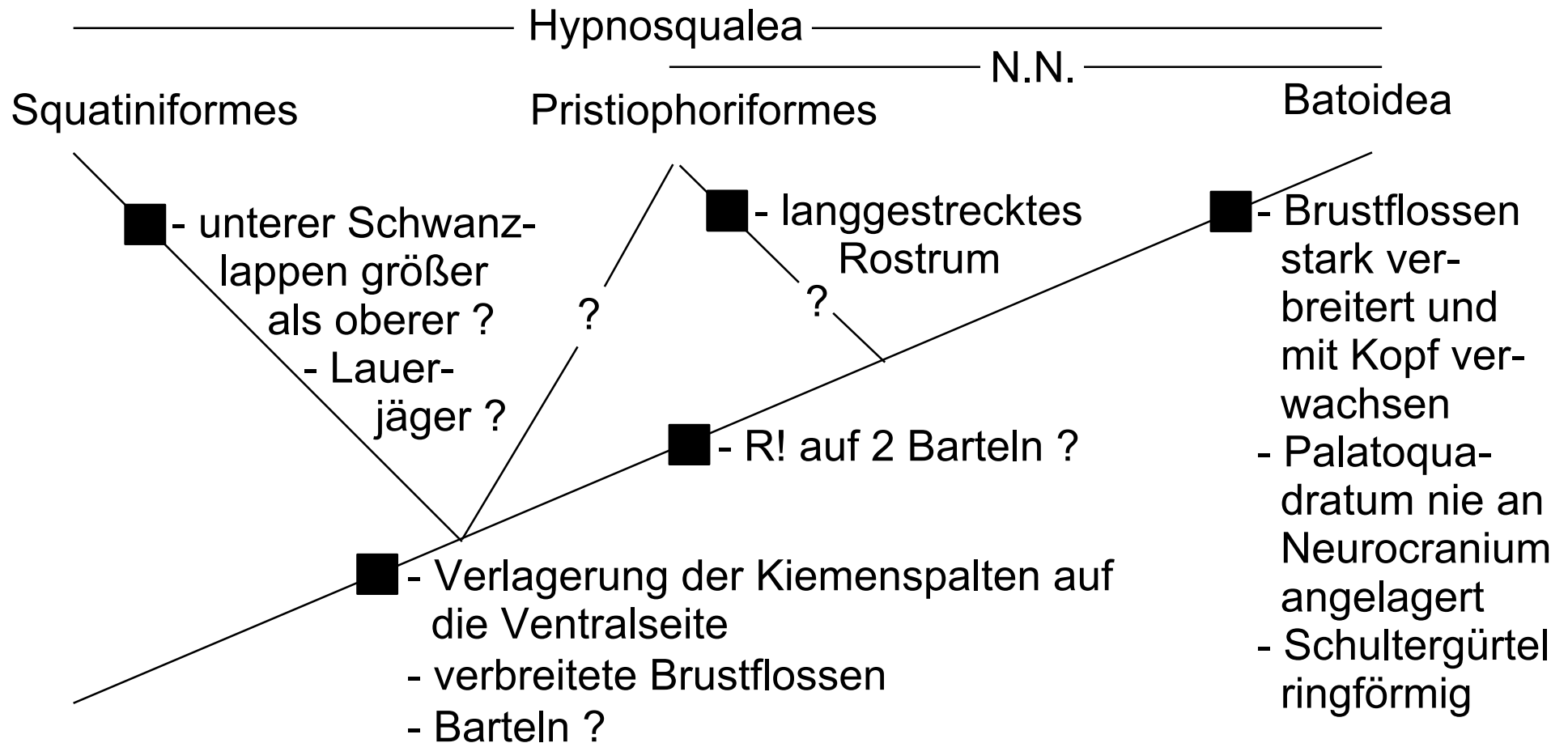
Squalea



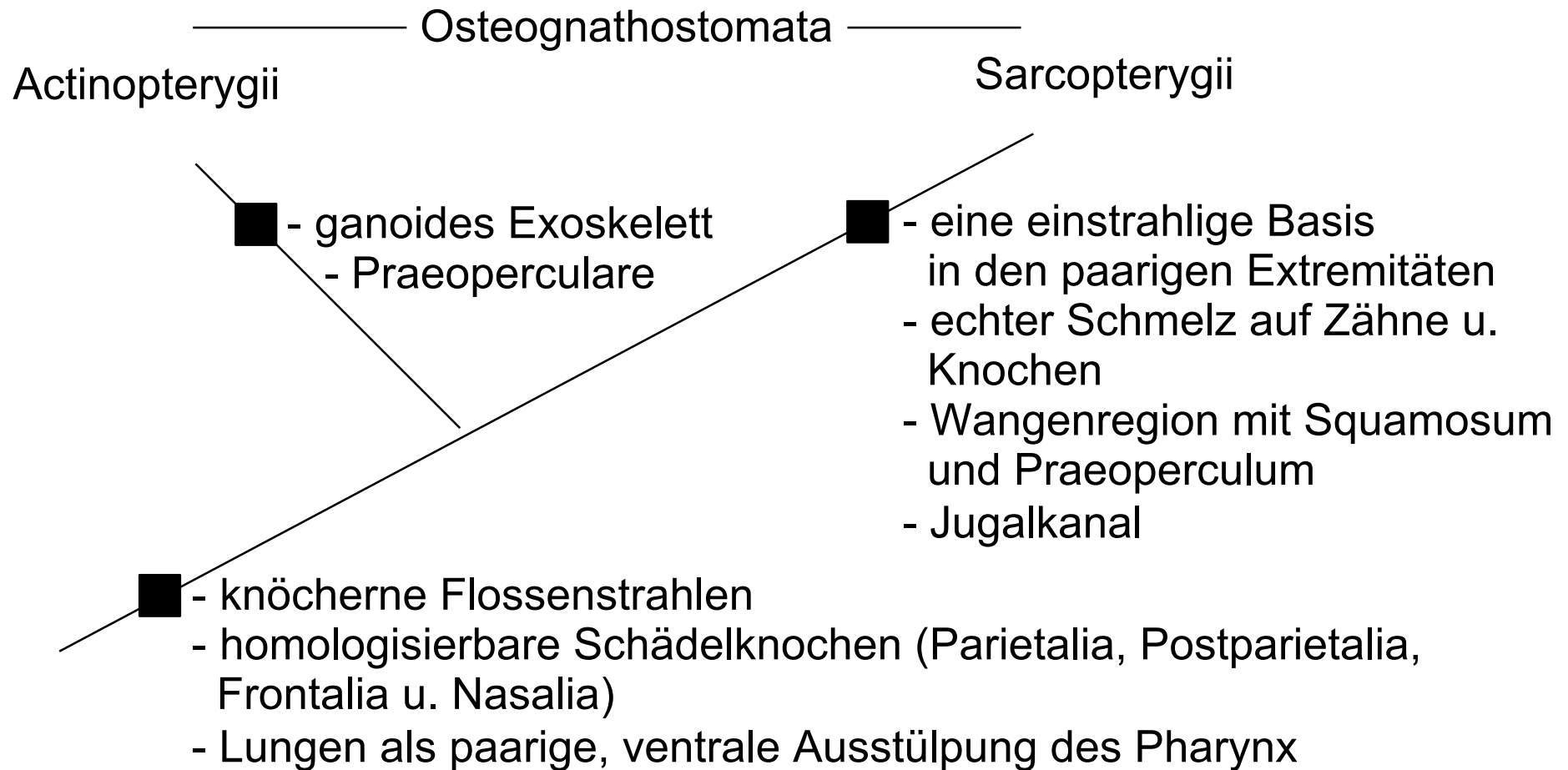
Echinorhiniformes



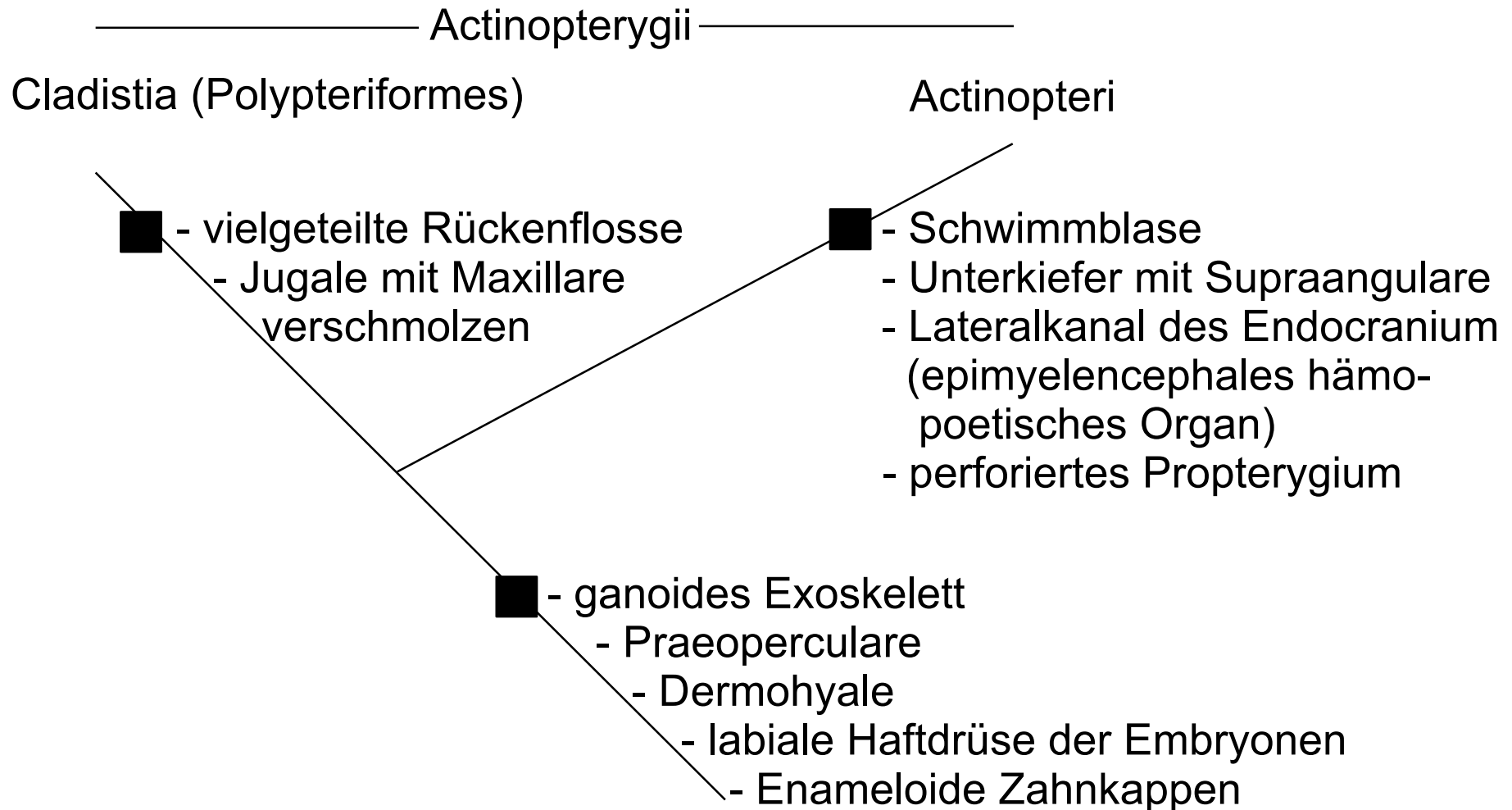
Hypnosqualea



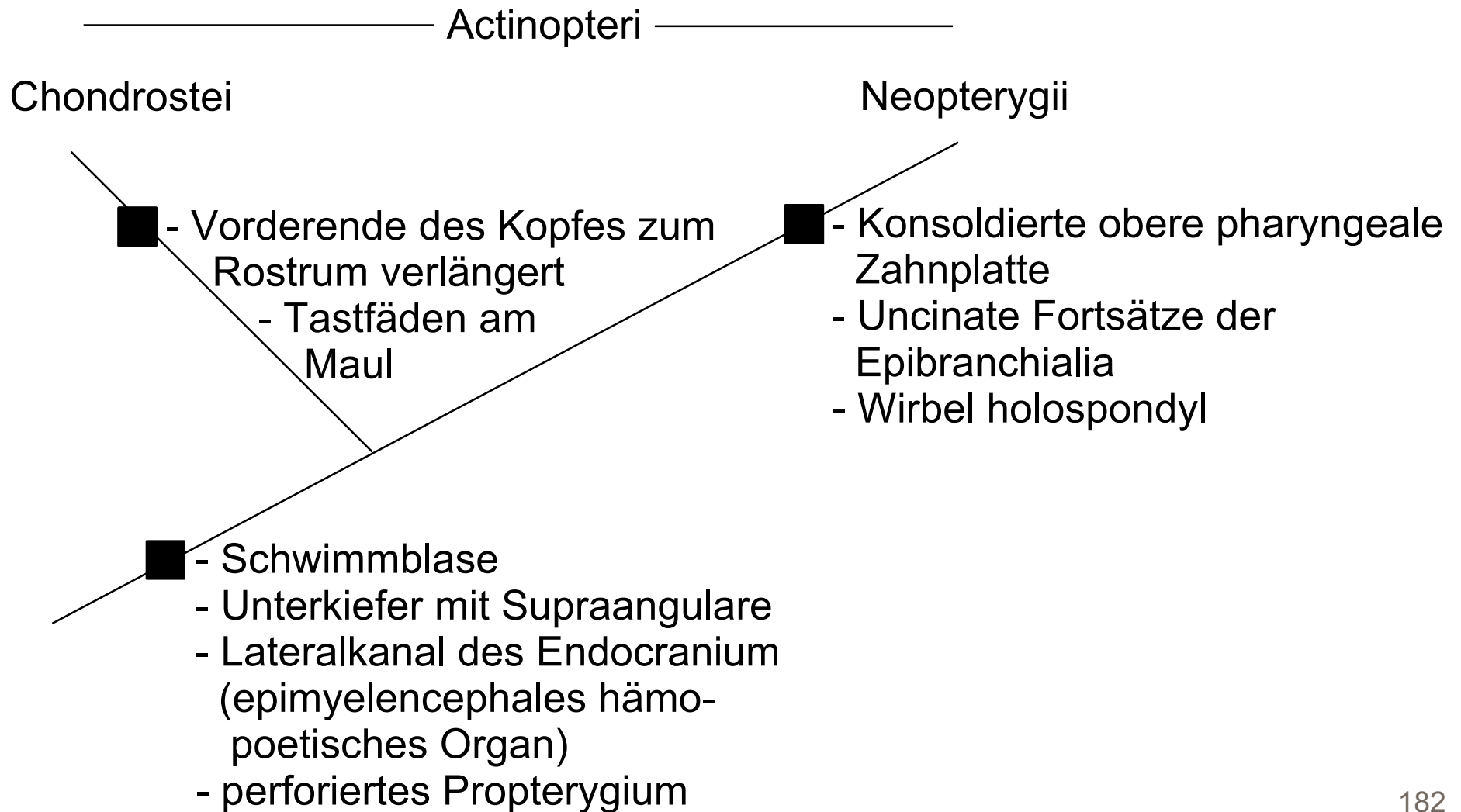
Osteognathostomata



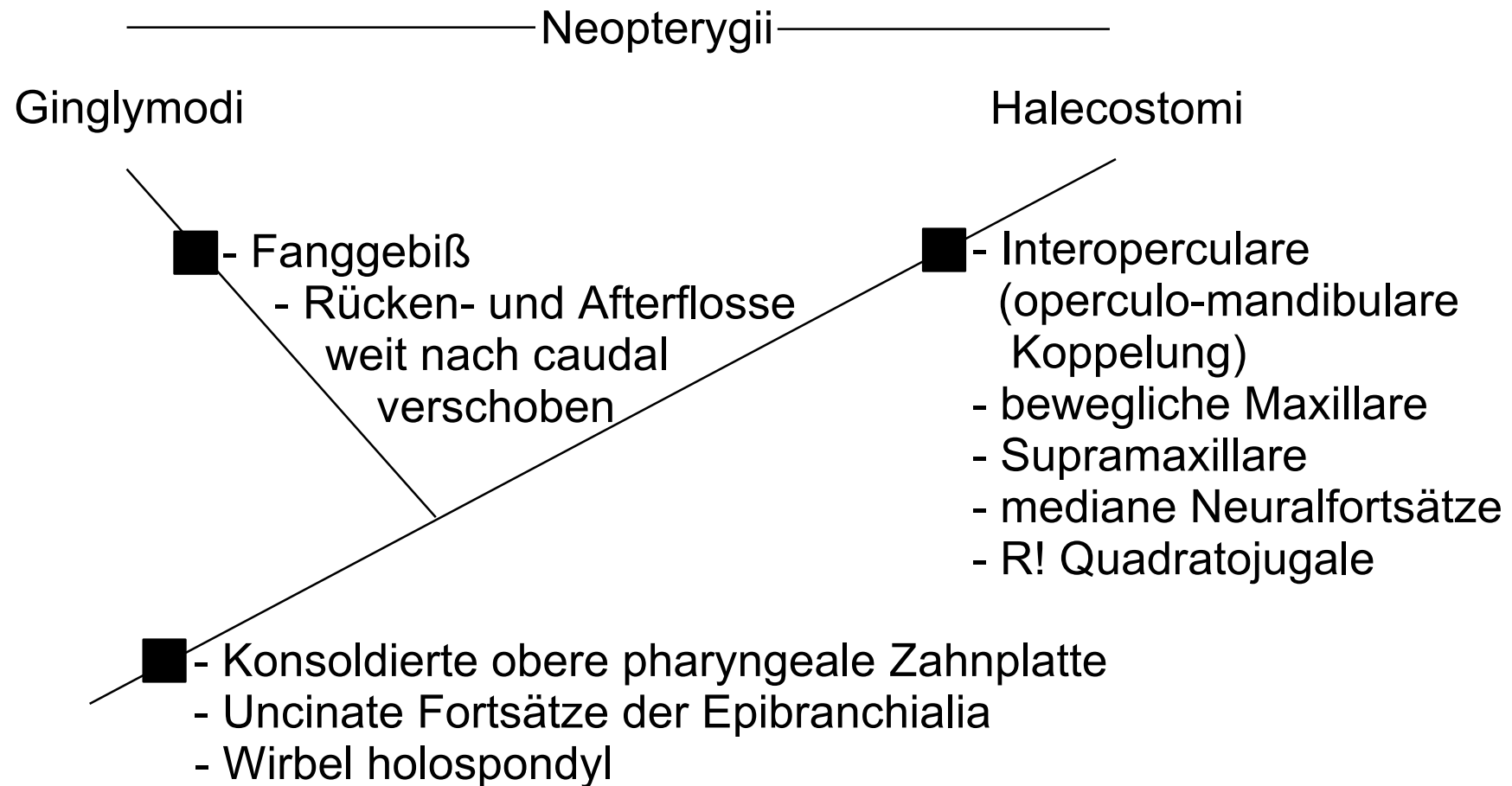
Actinopterygii



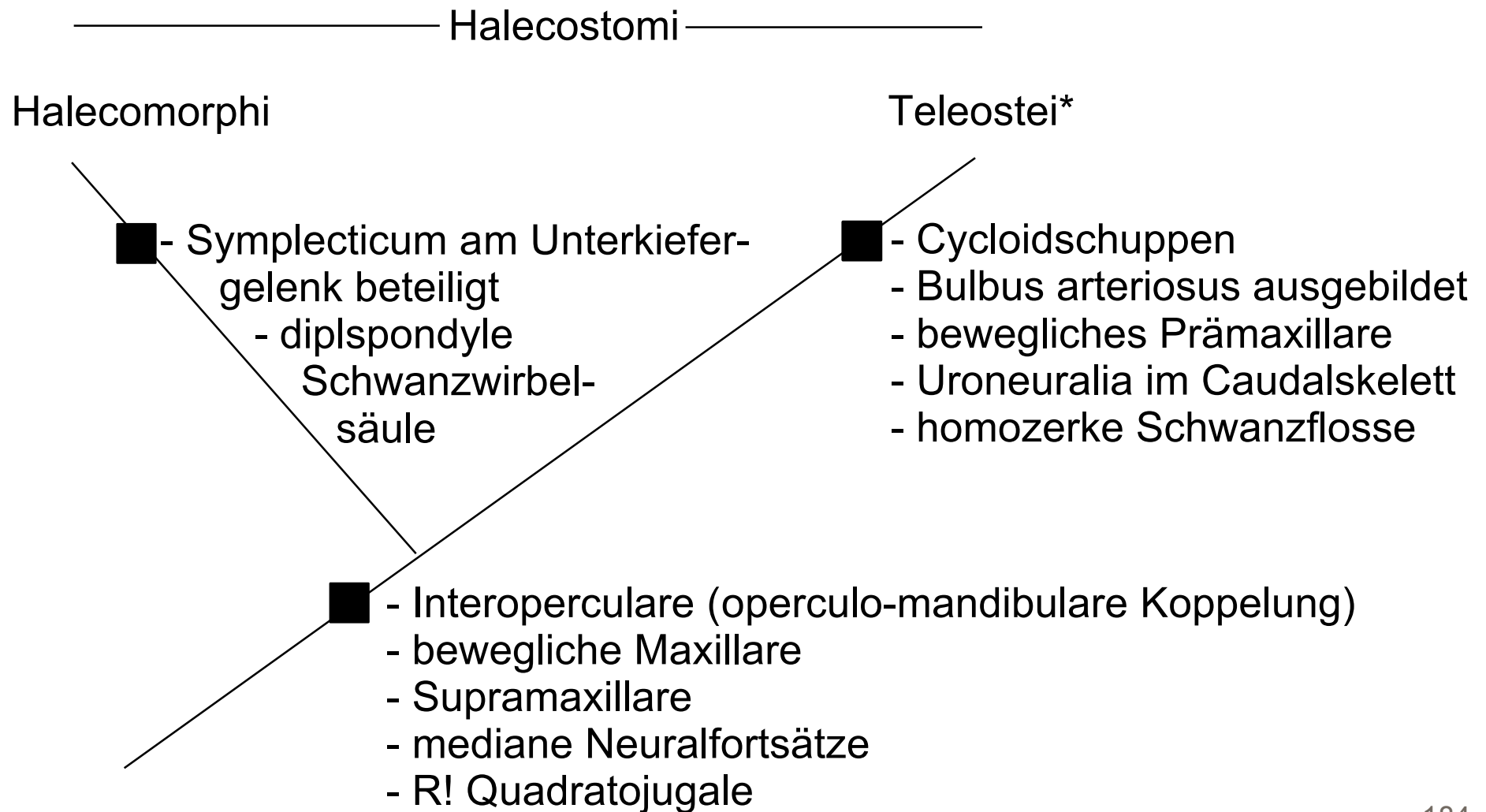
Actinopteri



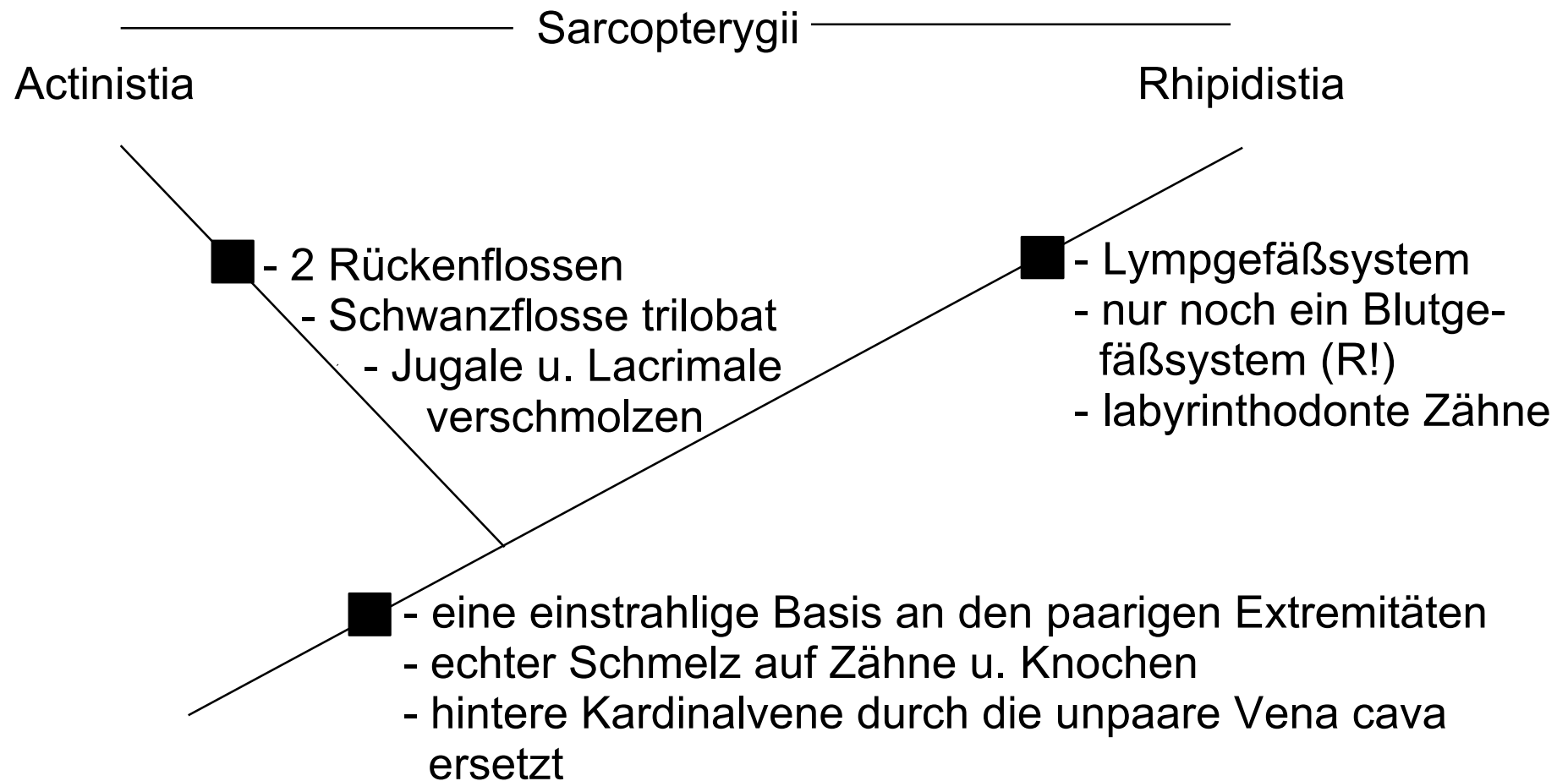
Neopterygii



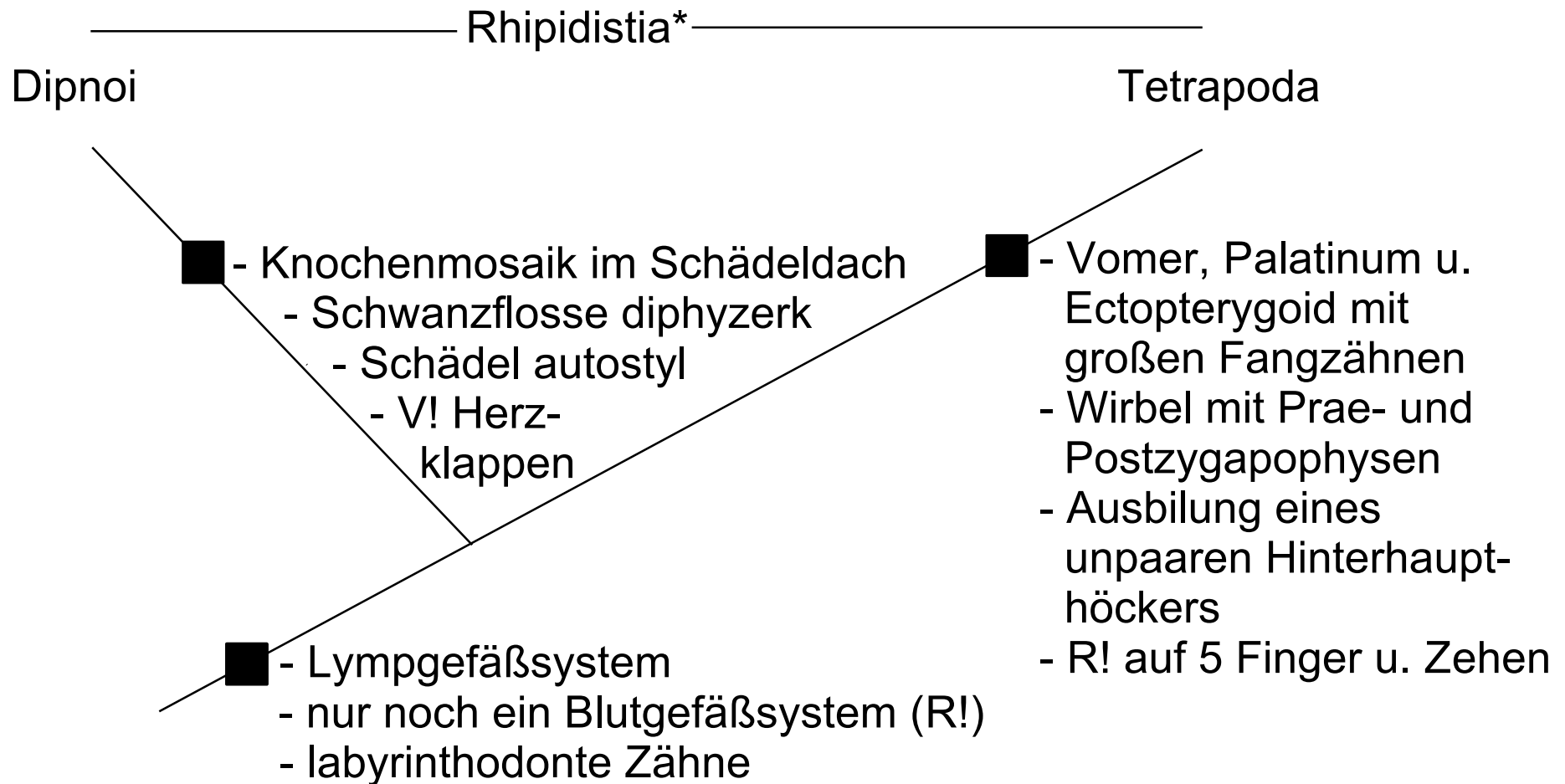
Halecostomi



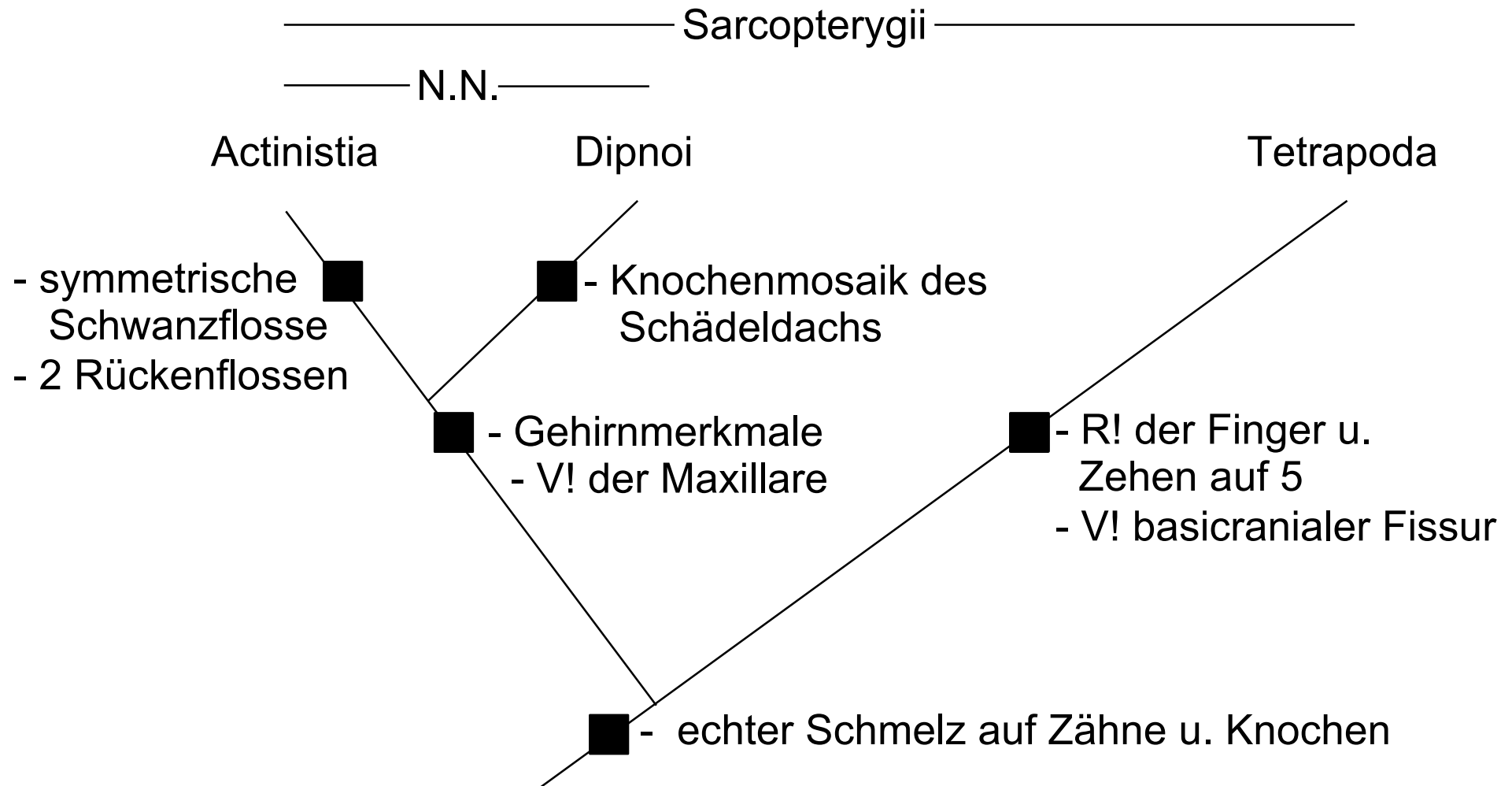
Sarcopterygii



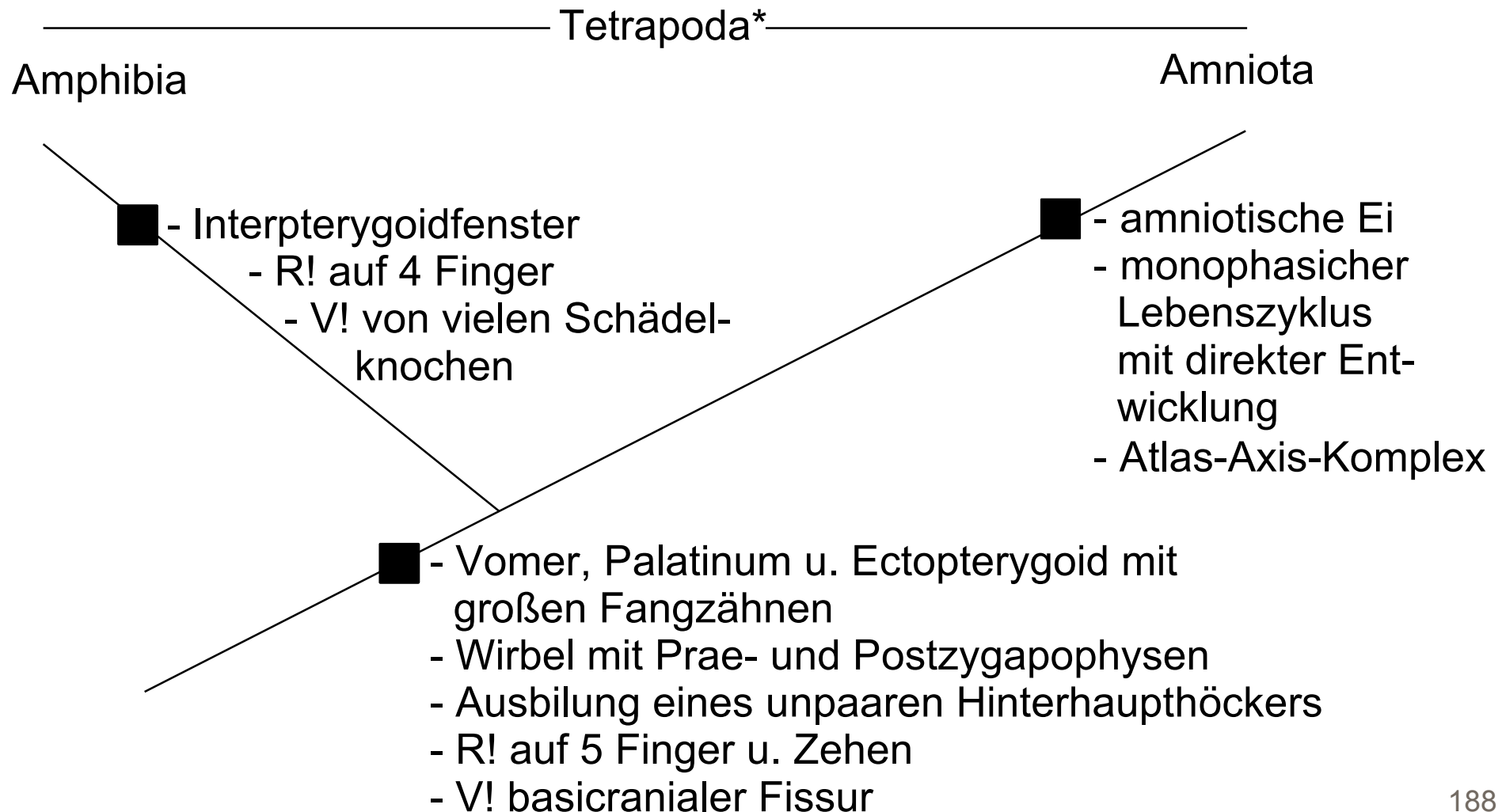
Rhipidistia



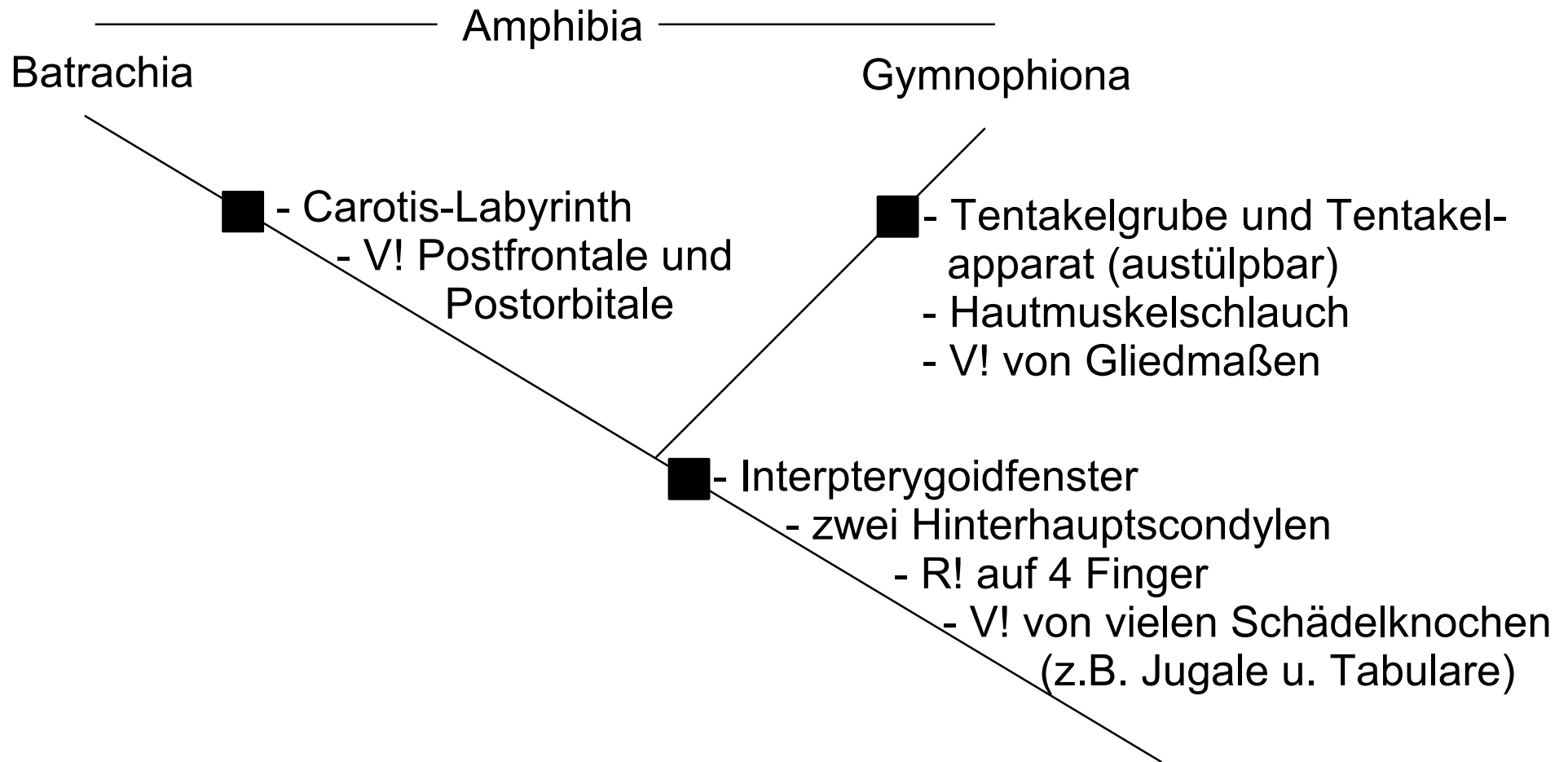
Sarcopterygii-Alternative



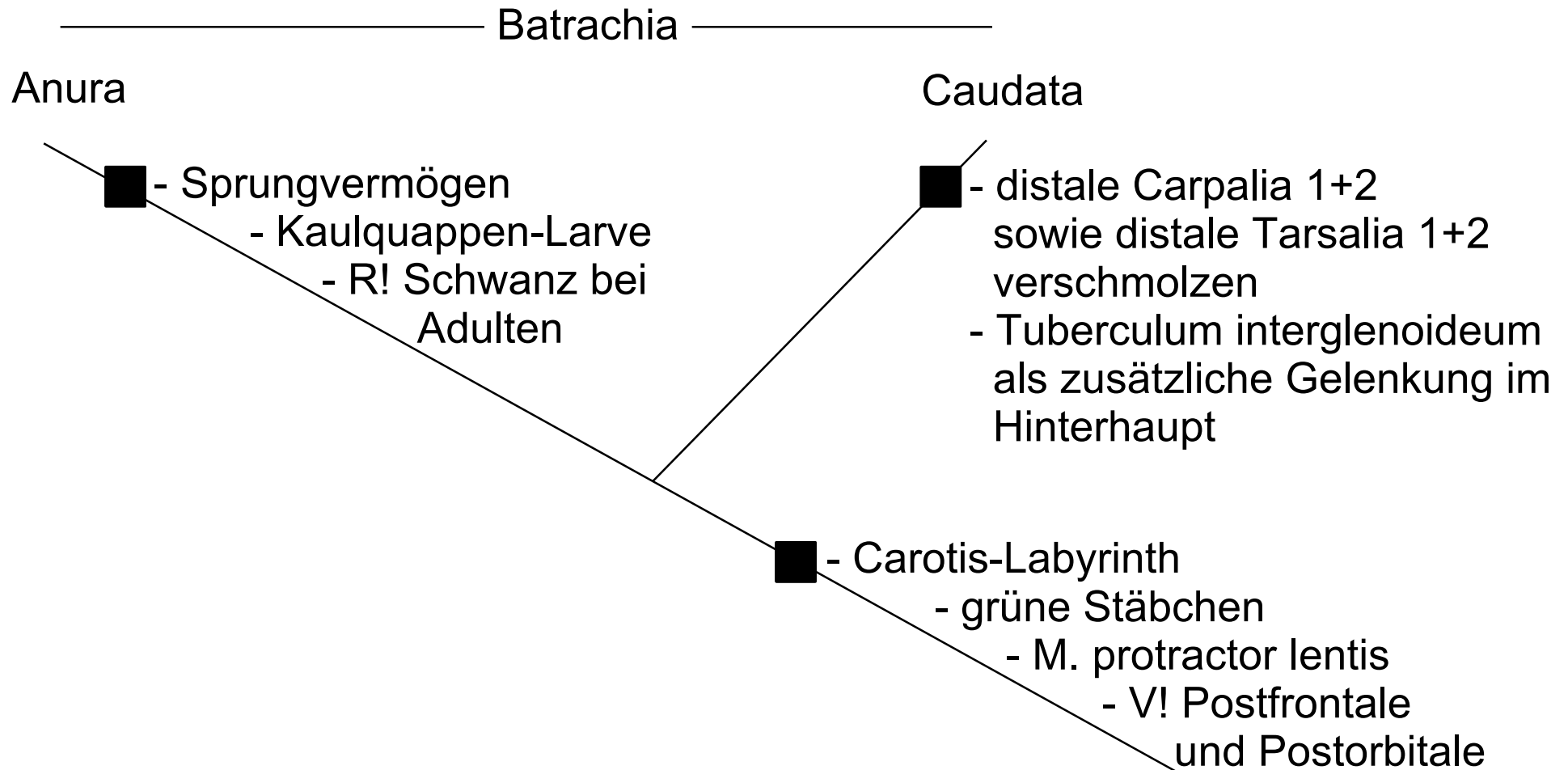
Tetrapoda



Amphibia



Batrachia



Amniota



Amniota

Sauropsida

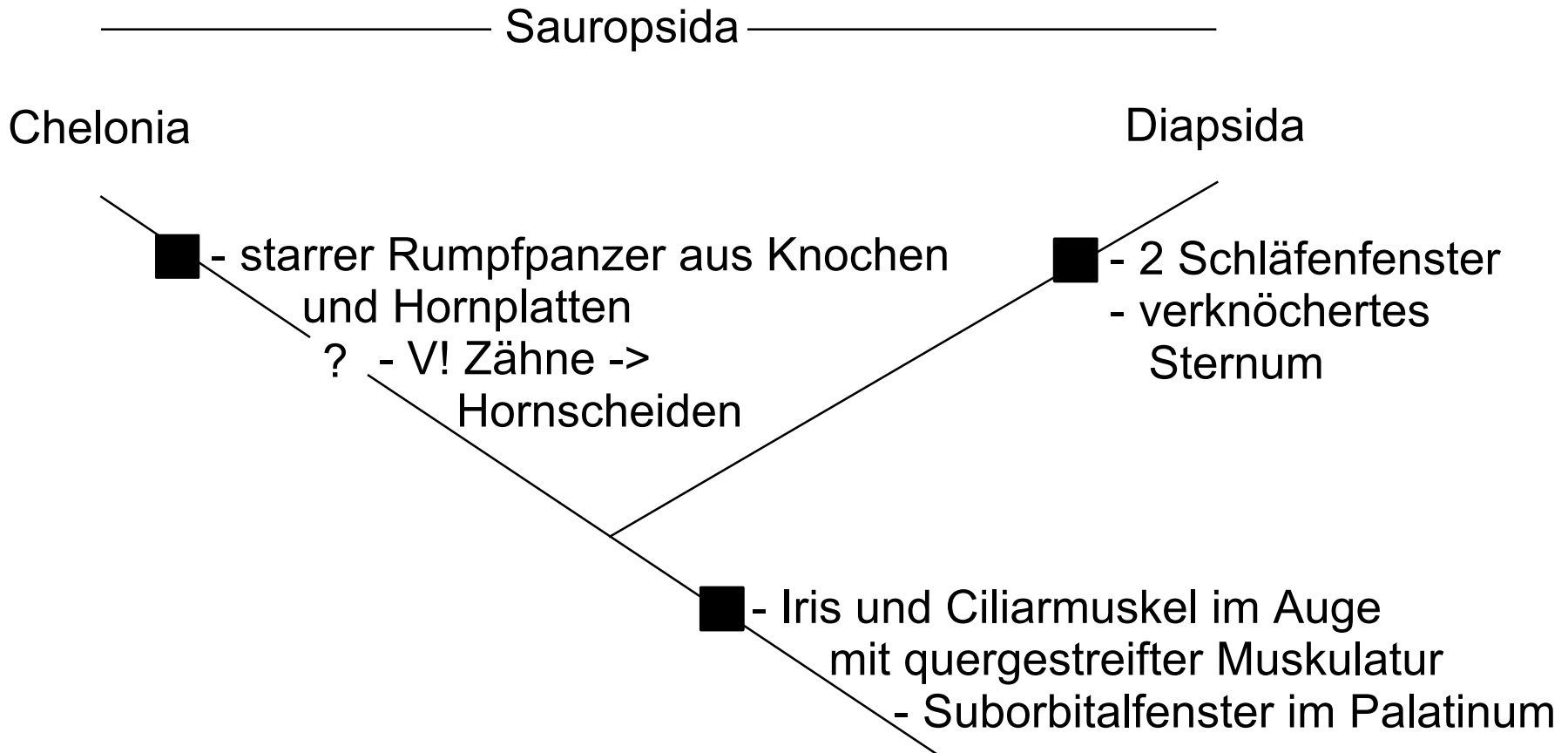
Mammalia

- - Iris und Ciliarmuskel im Auge mit quergestreifter Muskulatur
- Suborbitalfenster im Palatinum

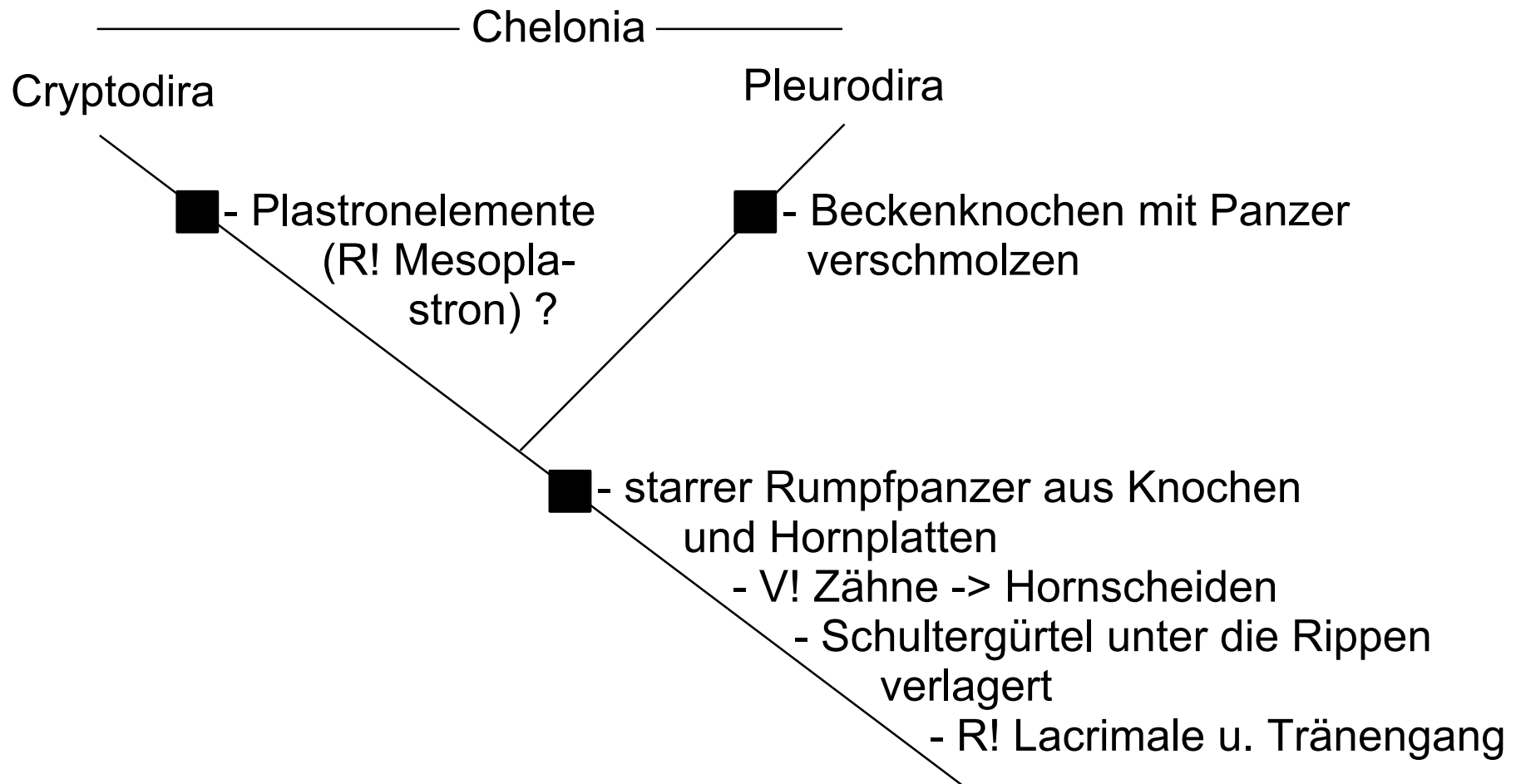
- - 3 Gehörknöchelchen und sekundäres Kiefergelenk
- Haare
- Milchdrüsen
- Zwerchfell
- sekundärer Gaumen
- kernlose Erythrocyten (als Adultus)

- - amniotische Ei
- monophasischer Lebenszyklus mit direkter Entwicklung
- Atlas-Axis-Komplex
- feste Hornhaut -> Bildung von Hornschuppen u. Krallen

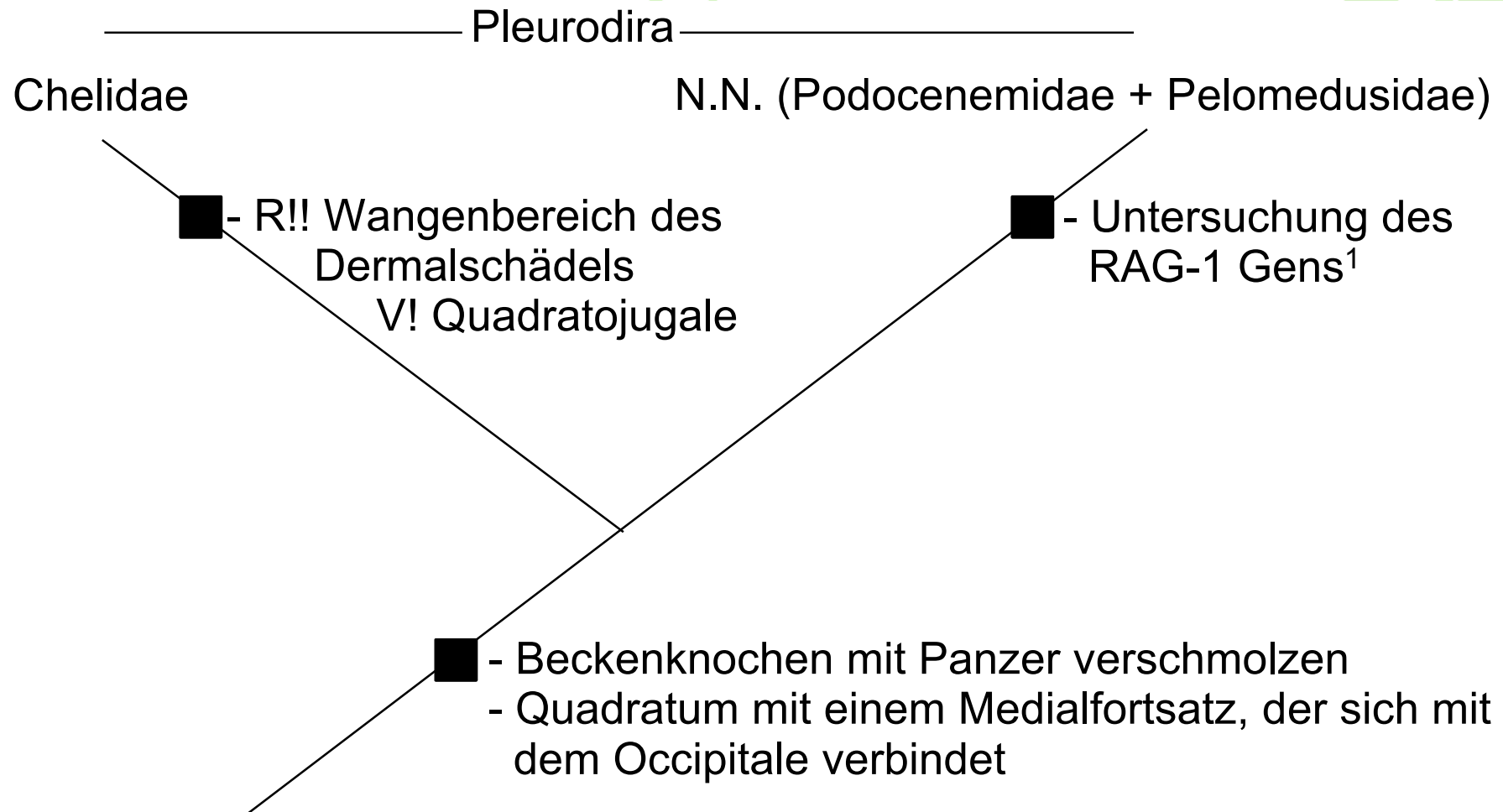
Sauropsida



Chelonia

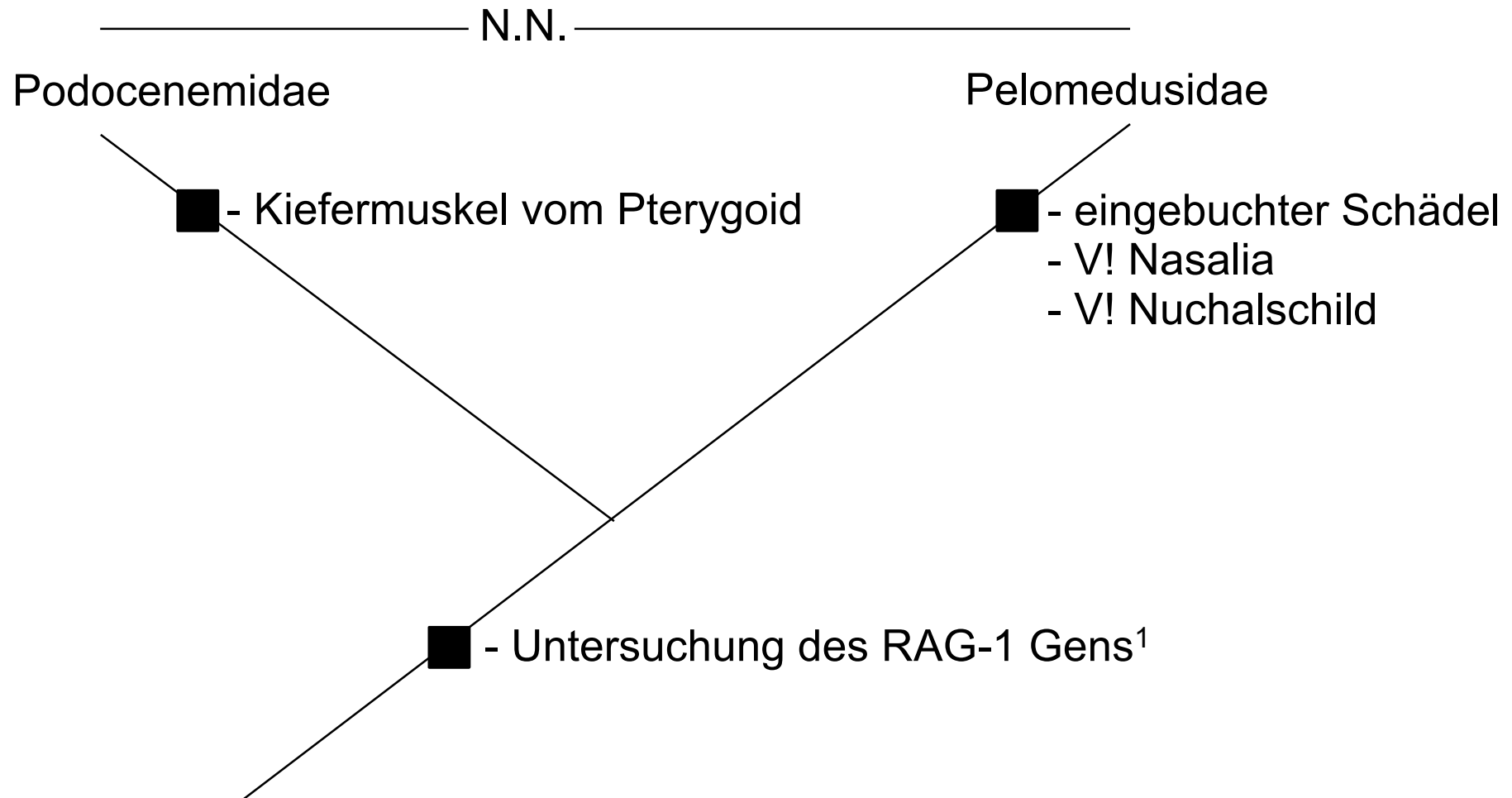


Pleurodira



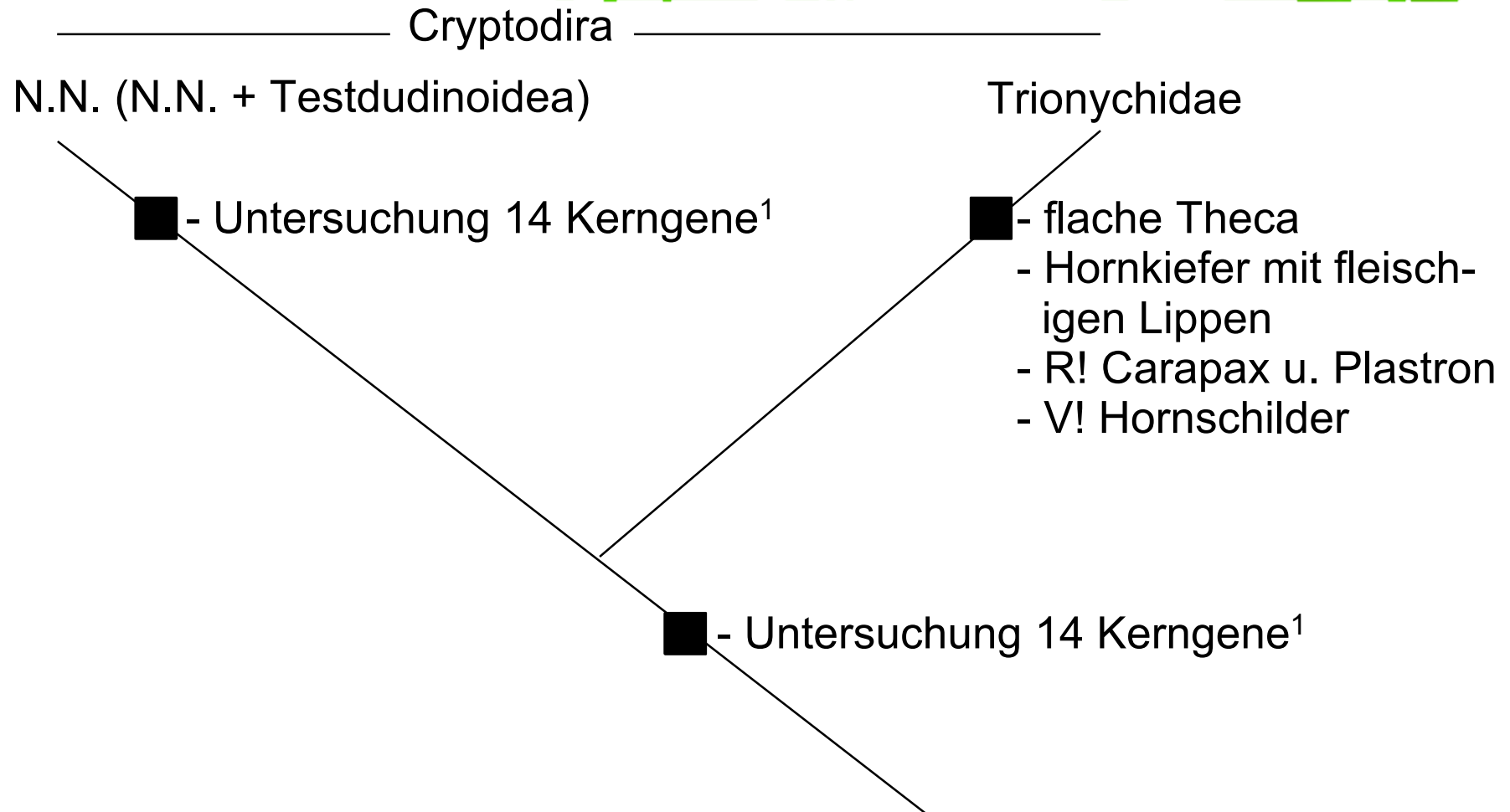
¹ Krenz, J. G., G. J. Naylor, et al. (2005). Molecular phylogenetics and evolution of turtles. *Mol Phylogenet Evol.* **37**: 178-191.

N.N. (Podocnemididae + Pelomedusidae)



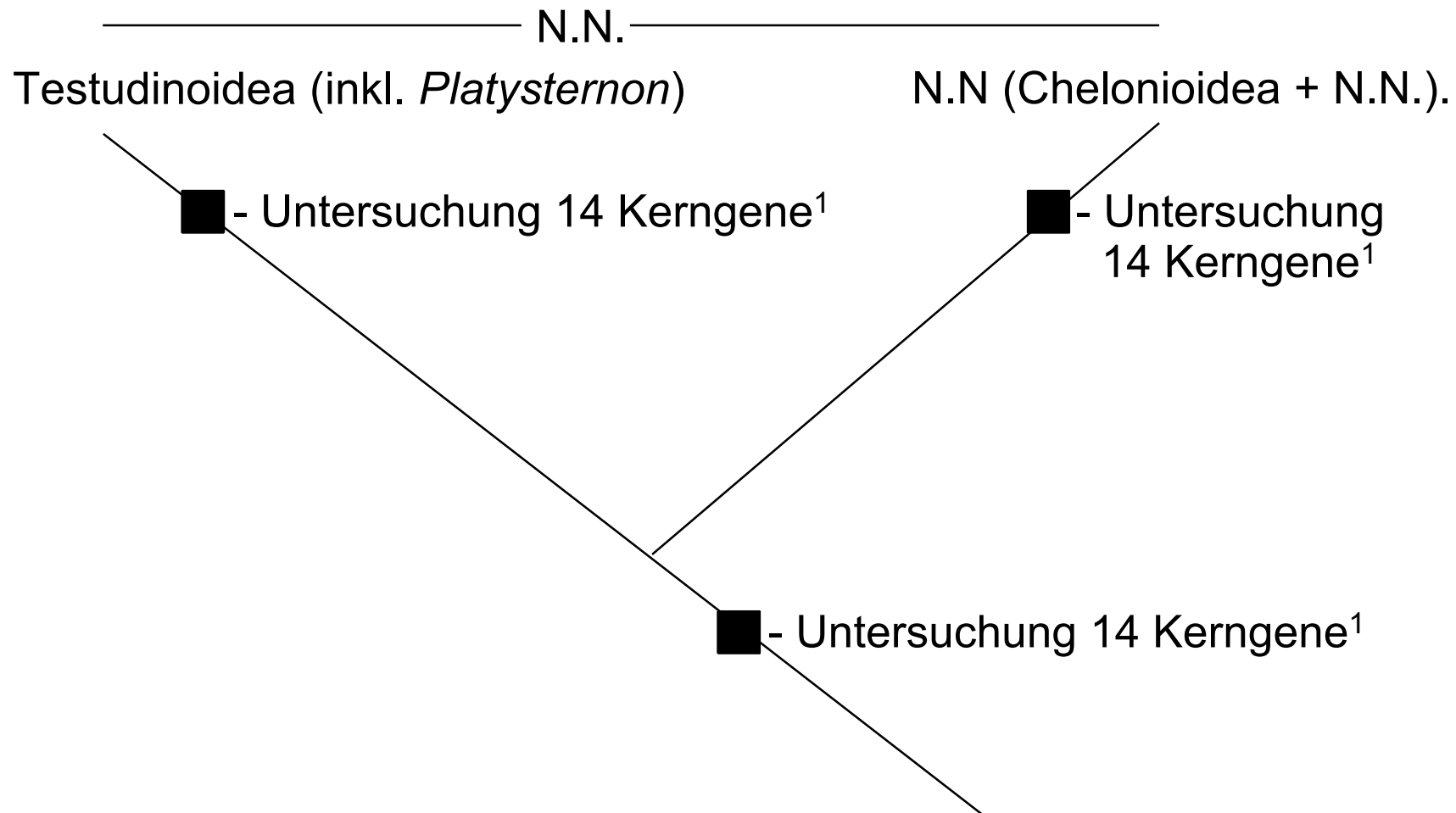
¹ Krenz, J. G., G. J. Naylor, et al. (2005). Molecular phylogenetics and evolution of turtles. *Mol Phylogenet Evol.* **37**: 178-191.

Cryptodira



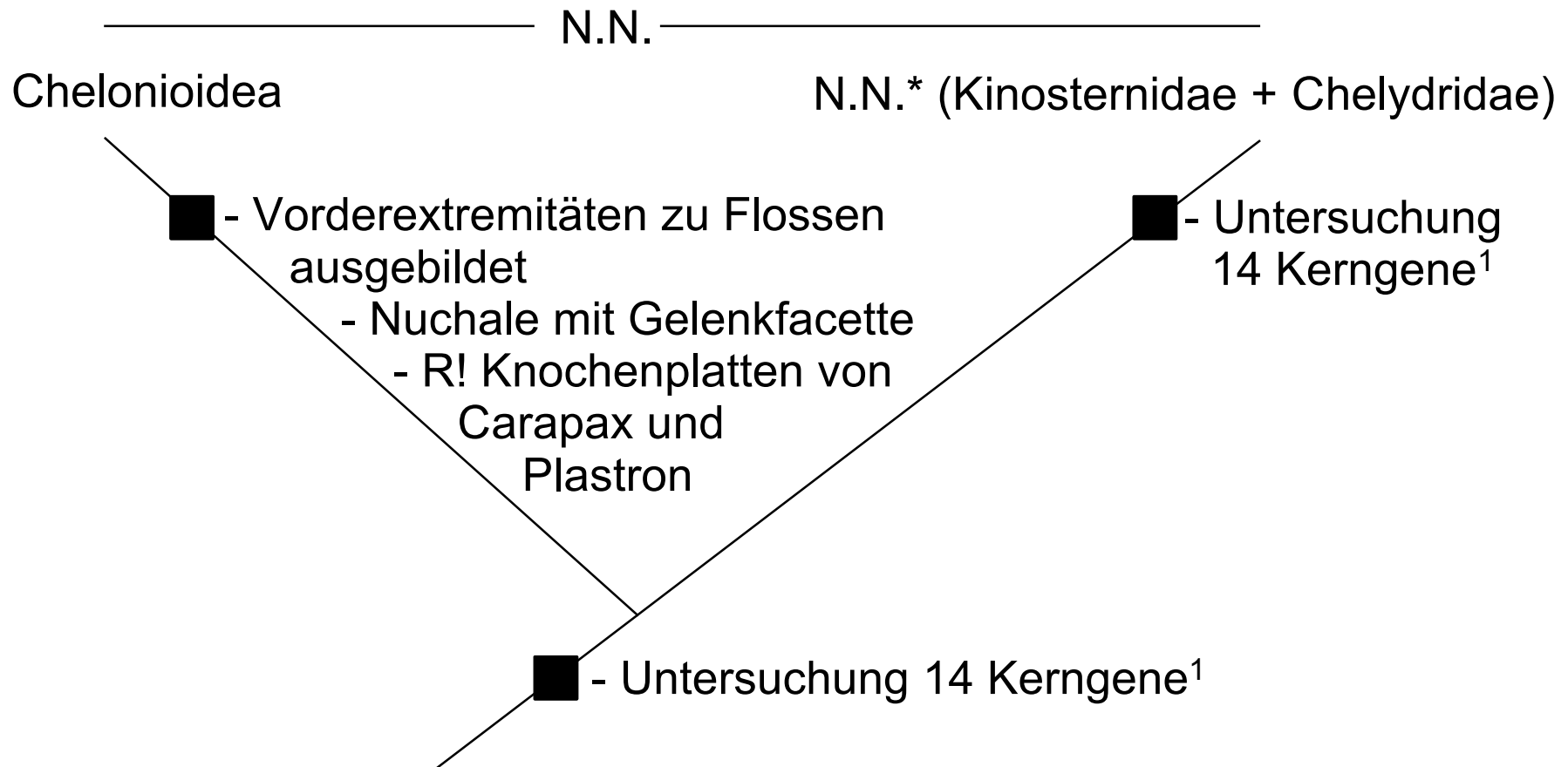
¹ Barley, A., P. Spinks, et al. (2010). Fourteen nuclear genes provide phylogenetic resolution for difficult nodes in the turtle tree of life. *Mol Phylogenet Evol.* **55**: 1189-1194.

N.N. (N.N. + Testudinoidea)



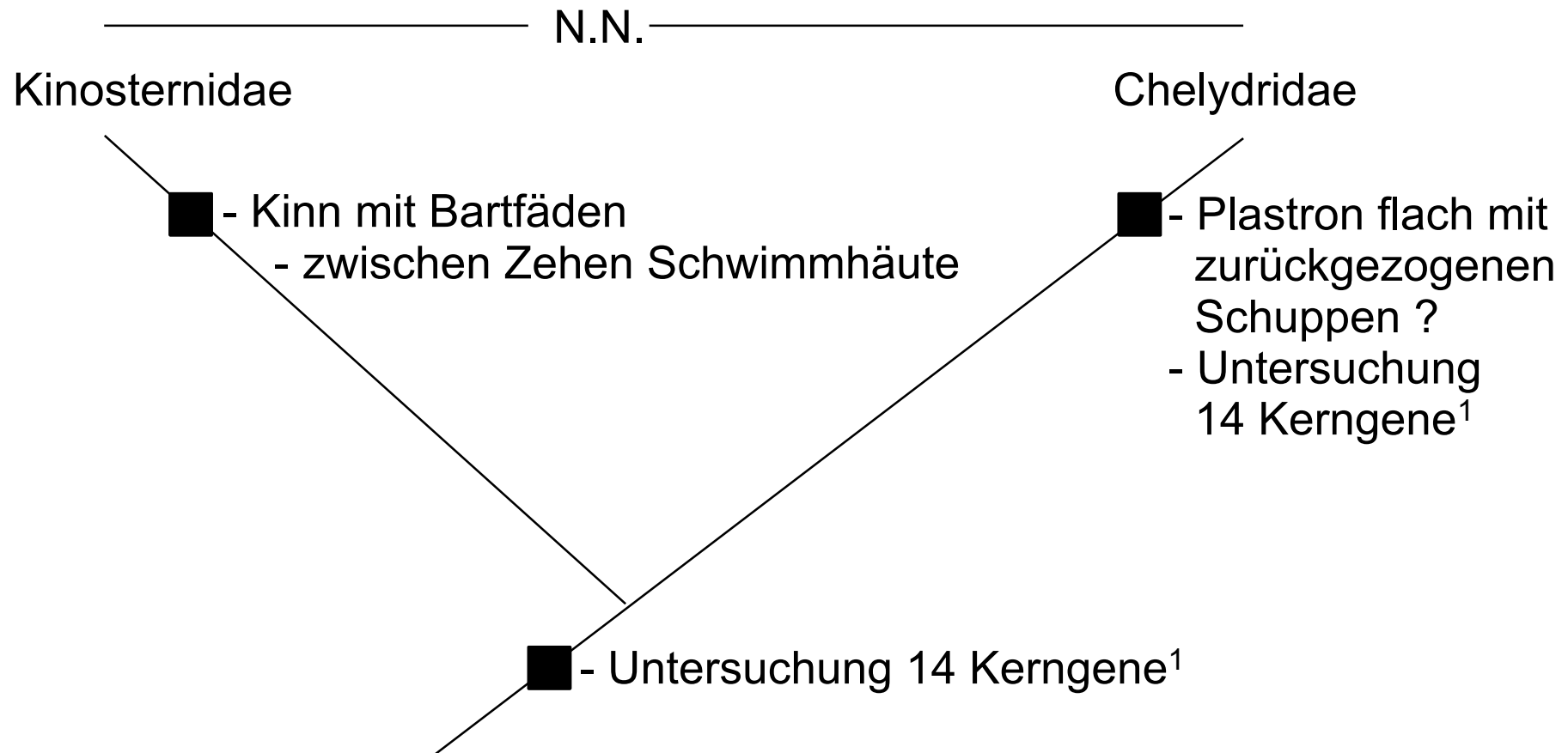
¹ Barley, A., P. Spinks, et al. (2010). Fourteen nuclear genes provide phylogenetic resolution for difficult nodes in the turtle tree of life. *Mol Phylogenet Evol.* **55**: 1189-1194.

N.N. (Chelonioidea + N.N.)



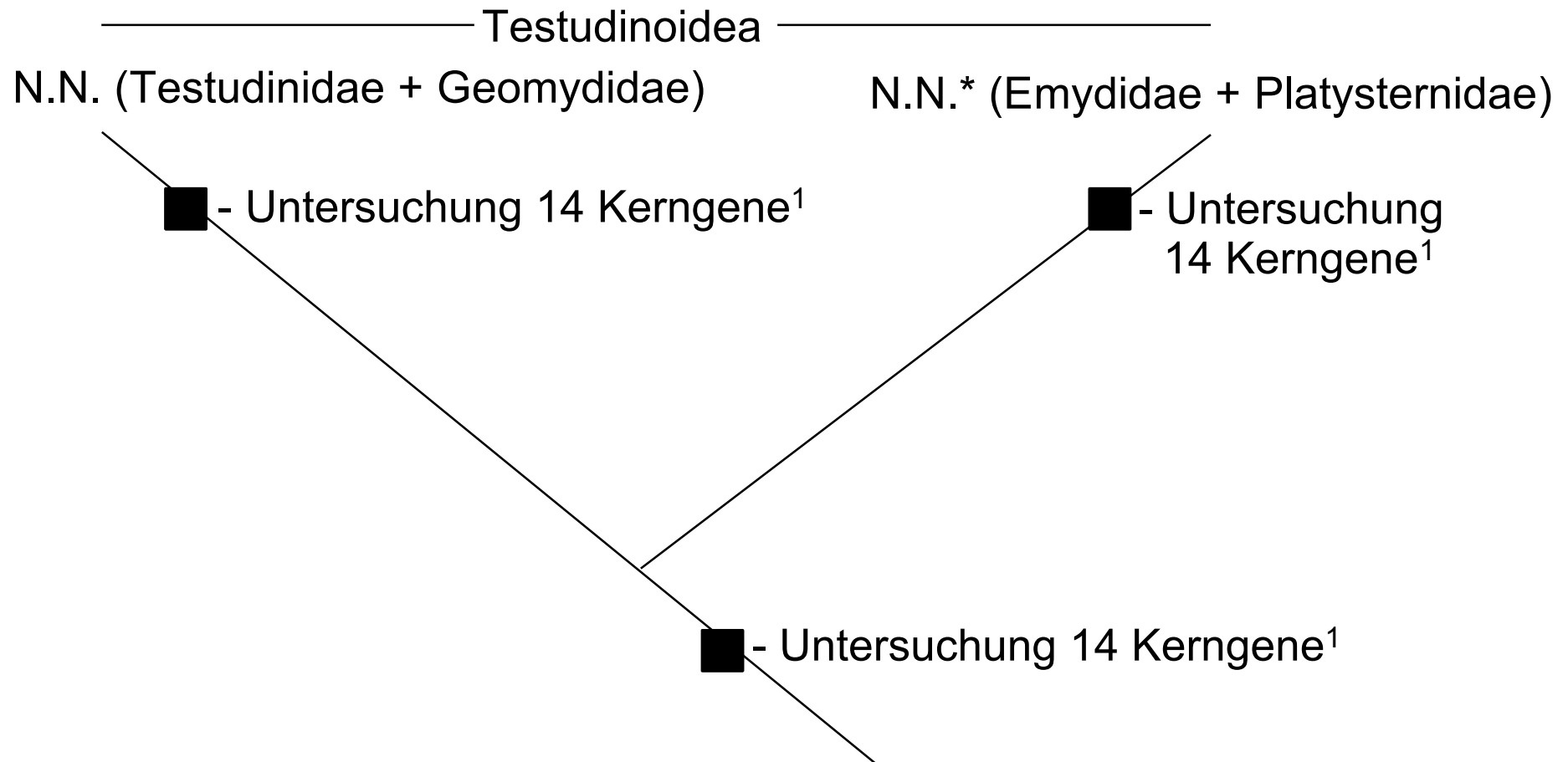
¹ Barley, A., P. Spinks, et al. (2010). Fourteen nuclear genes provide phylogenetic resolution for difficult nodes in the turtle tree of life. *Mol Phylogenet Evol.* **55**: 1189-1194.

N.N. (Kinosternidae + Chelydridae)



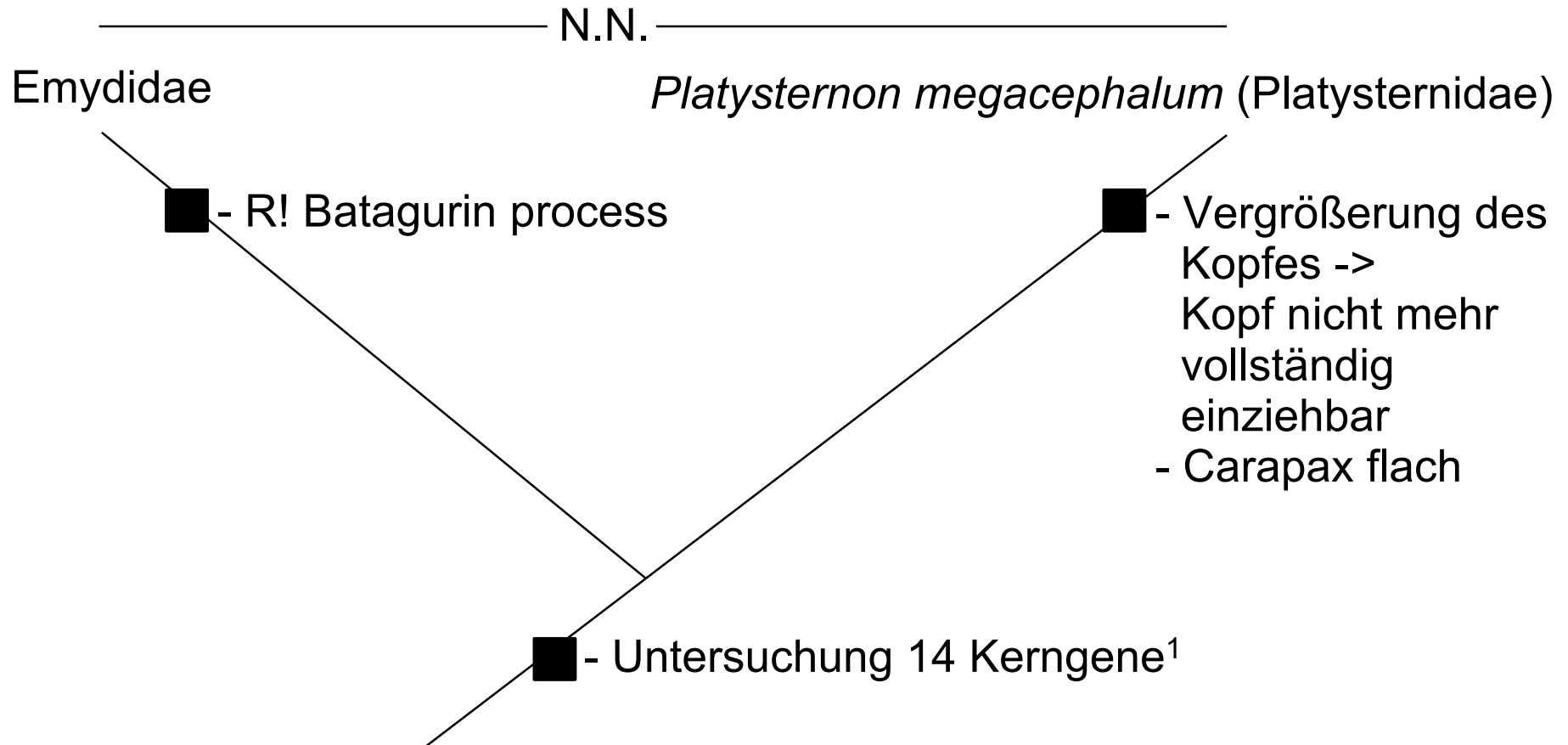
¹ Barley, A., P. Spinks, et al. (2010). Fourteen nuclear genes provide phylogenetic resolution for difficult nodes in the turtle tree of life. *Mol Phylogenet Evol.* **55**: 1189-1194.

Testudinoidea



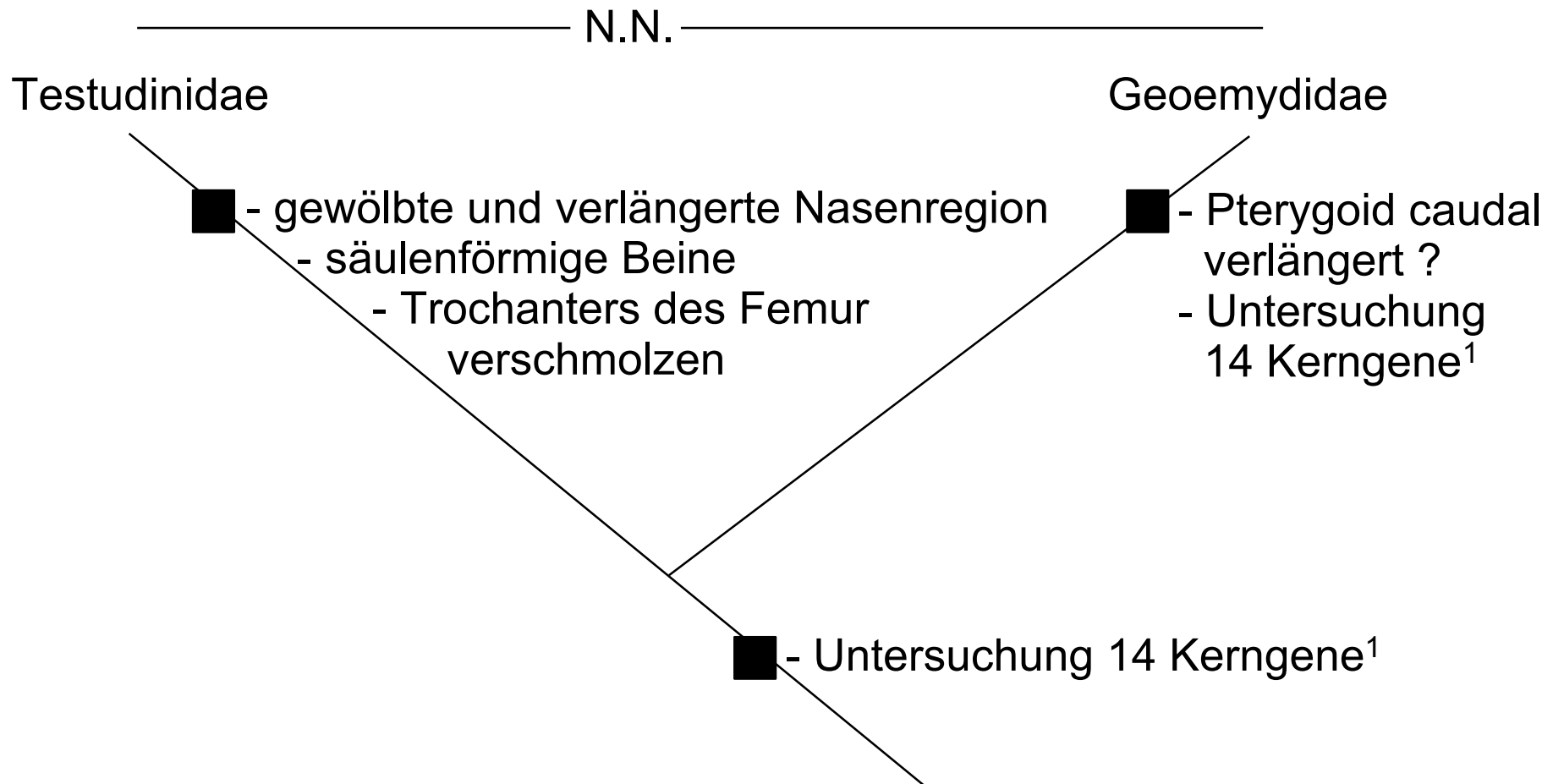
¹ Barley, A., P. Spinks, et al. (2010). Fourteen nuclear genes provide phylogenetic resolution for difficult nodes in the turtle tree of life. *Mol Phylogenet Evol.* **55**: 1189-1194.

N.N. (Emydidae + Platysternidae)



¹ Barley, A., P. Spinks, et al. (2010). Fourteen nuclear genes provide phylogenetic resolution for difficult nodes in the turtle tree of life. *Mol Phylogenet Evol.* **55**: 1189-1194.

N.N. (Geoemydidae + Testudinidae)



¹ Barley, A., P. Spinks, et al. (2010). Fourteen nuclear genes provide phylogenetic resolution for difficult nodes in the turtle tree of life. *Mol Phylogenet Evol.* **55**: 1189-1194.

Alternative Position der Chelonia

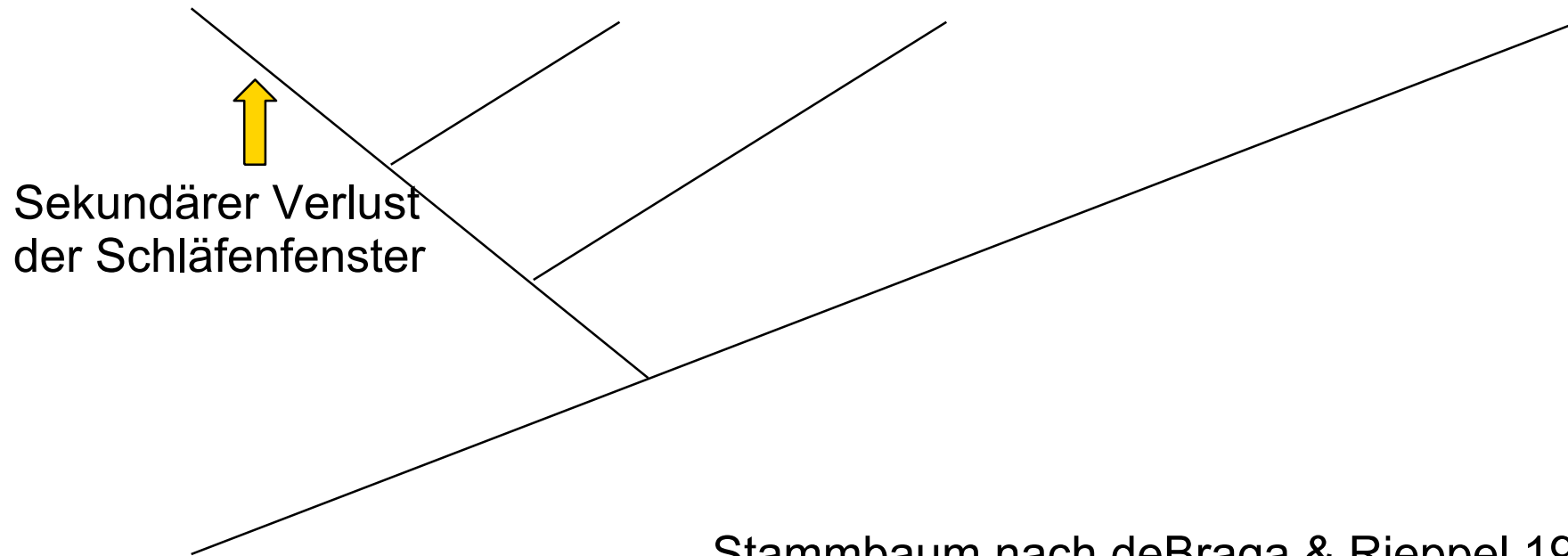
_____ Diapsida _____

Chelonia

Lepidosauria

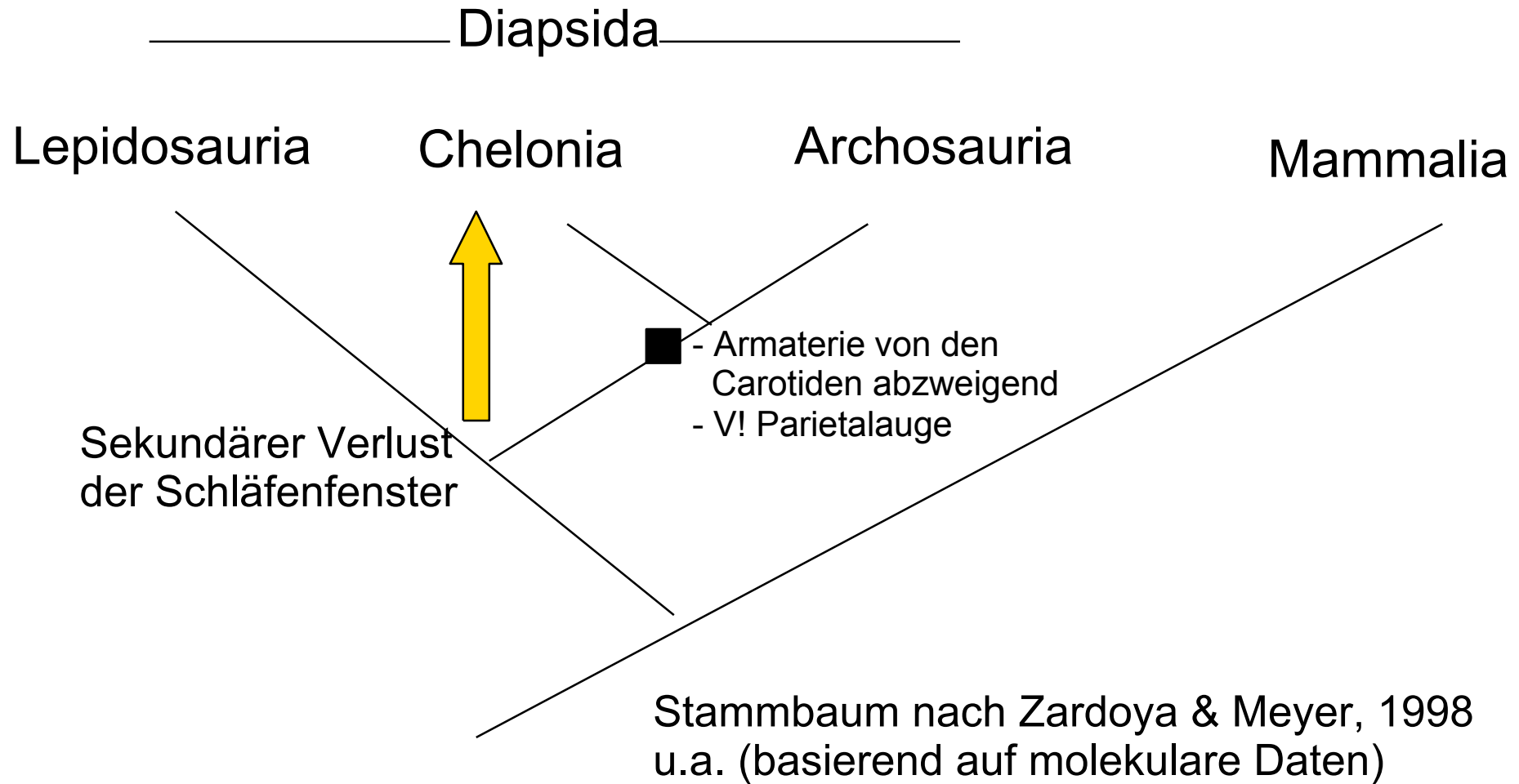
Archosauria

Mammalia

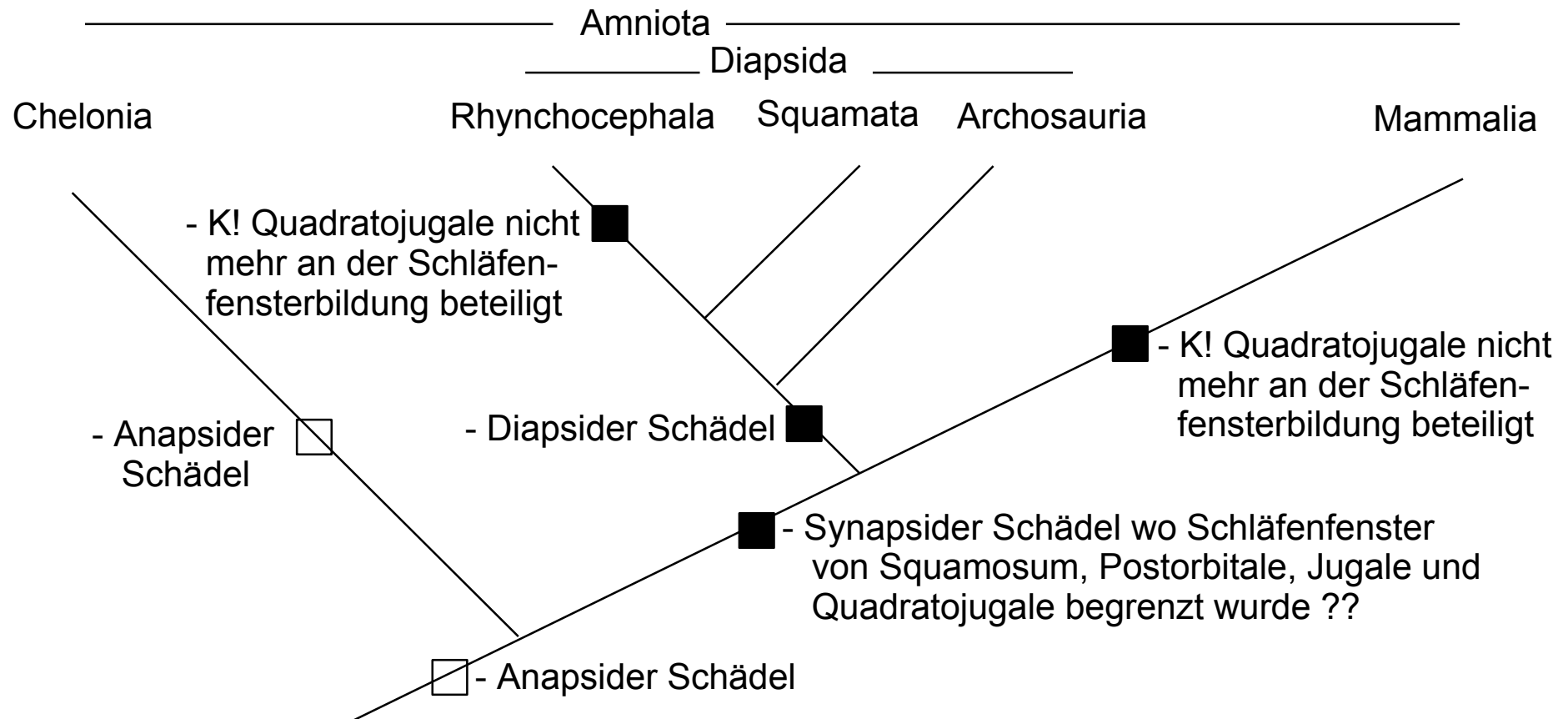


Stammbaum nach deBraga & Rieppel 1997
u.a.

Alternative Position der Chelonia 2



Alternative Position der Chelonia 3



Anmerkung: Stammbaum im Rahmen eines Kurses von Ch. Wiegreffe, durch Literaturvergleiche von Schläfenöffnungen mehrerer Stammlinienvertreter der Diapsida und Mammalia erarbeitet. Die genannte mögliche Autapomorphie der Rhynchocephala bezieht sich auf das untere Schläfenfenster.

Diapsida



————— Diapsida —————

Lepidosauria

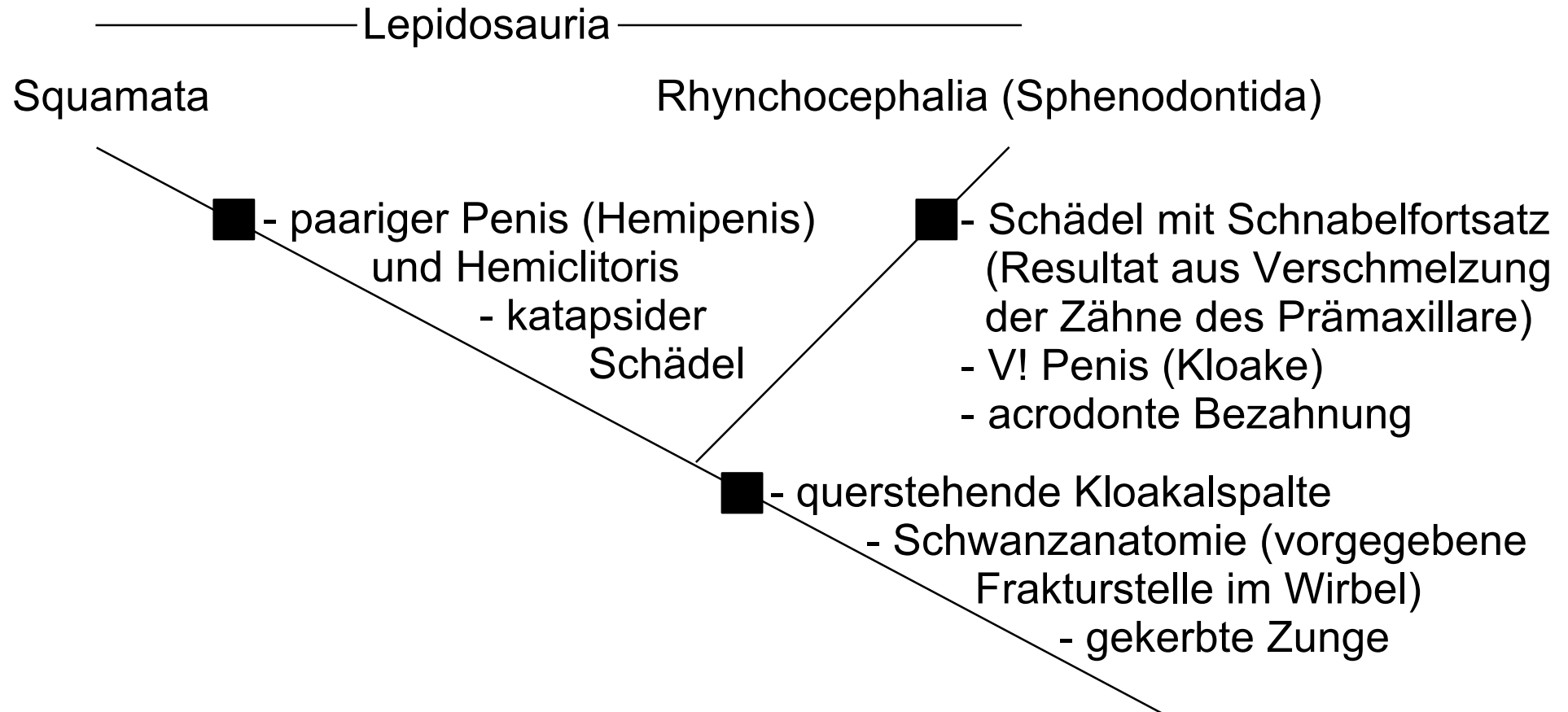
- - querstehende Kloakalspalte
- Schwanzanatomie
- gekerbte Zunge

Archosauria

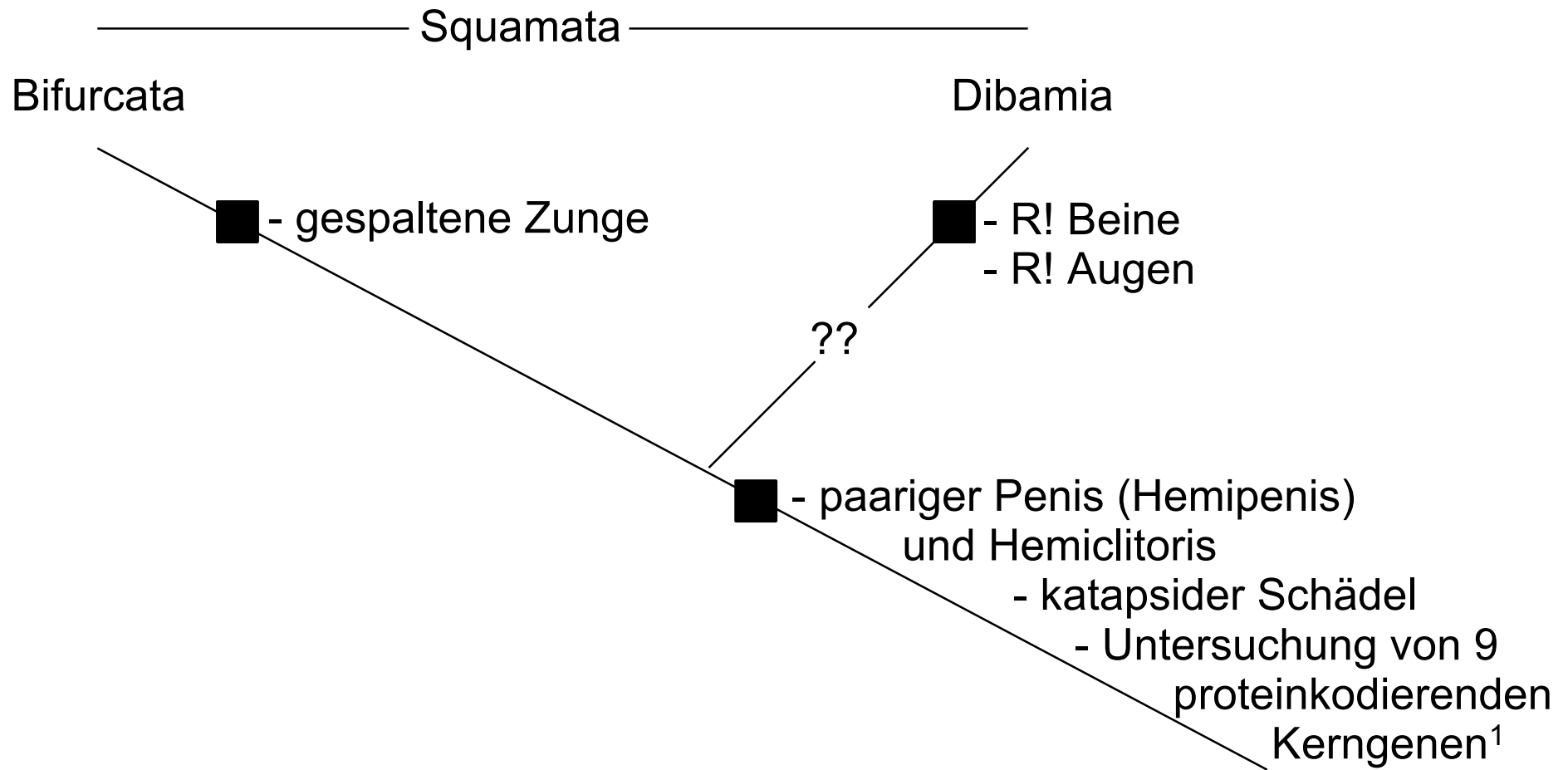
- - thekodonte Bezahnung
- Ischium u. Pubis stabförmig verlängert
- R! der 5. Zehe zum kleinen Anhang
- V! der Harnblase
- Brutpflege
- Mandibularfenster

- - 2 Schläfenfenster
- verknöchertes Sternum

Lepidosauria

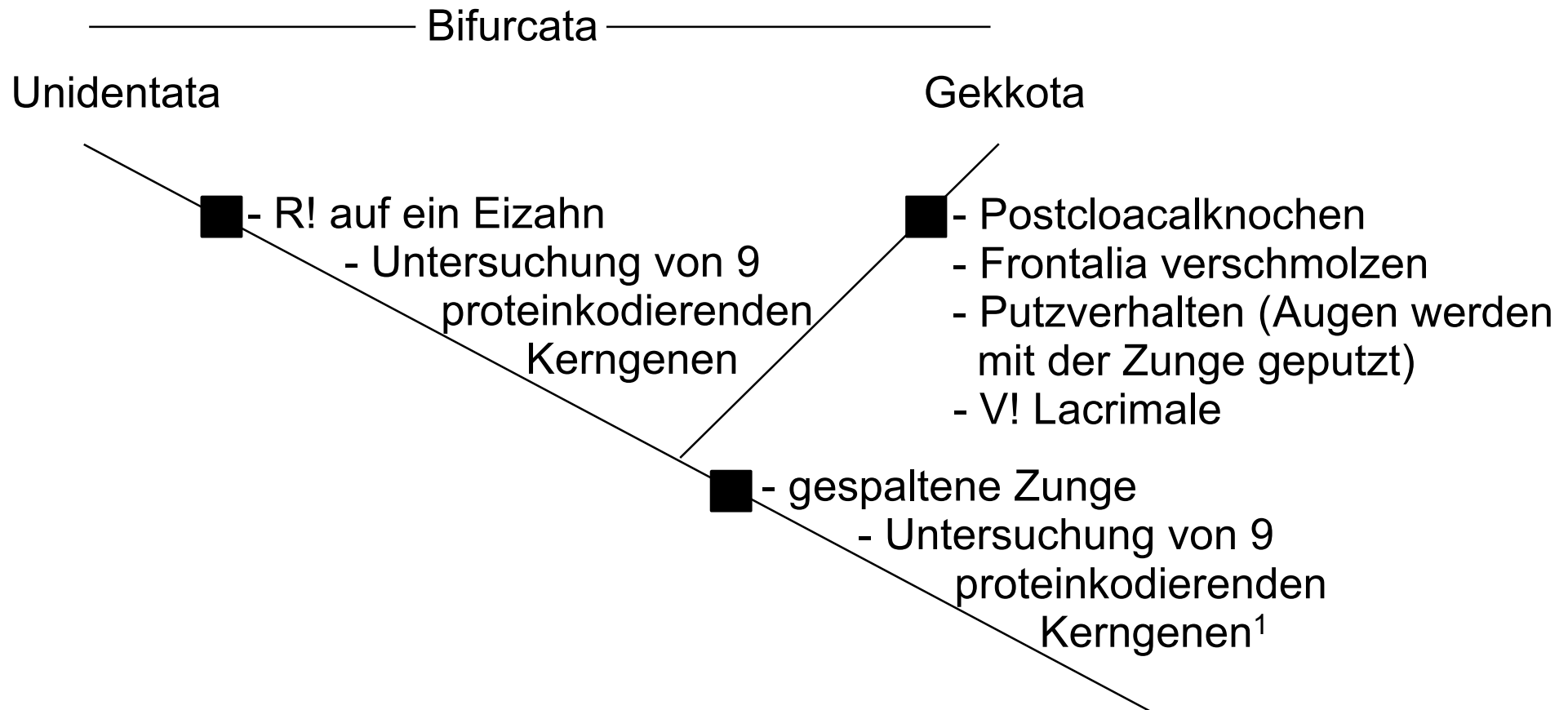


Squamata



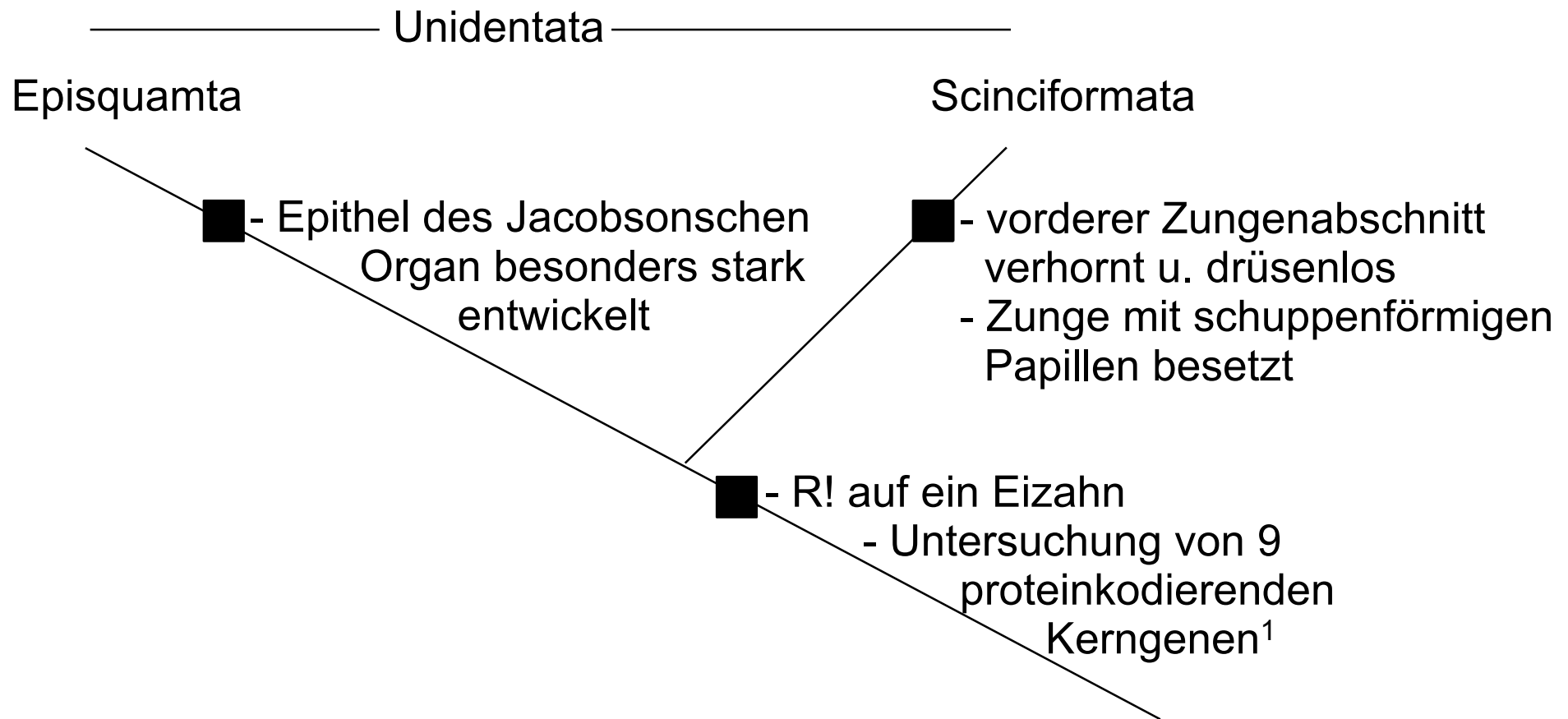
¹ Vidal, N. and S. B. Hedges (2005). The phylogeny of squamate reptiles (lizards, snakes, and amphisbaenians) inferred from nine nuclear protein-coding genes. *C R Biol.* **328**: 1000-1008.

Bifurcata



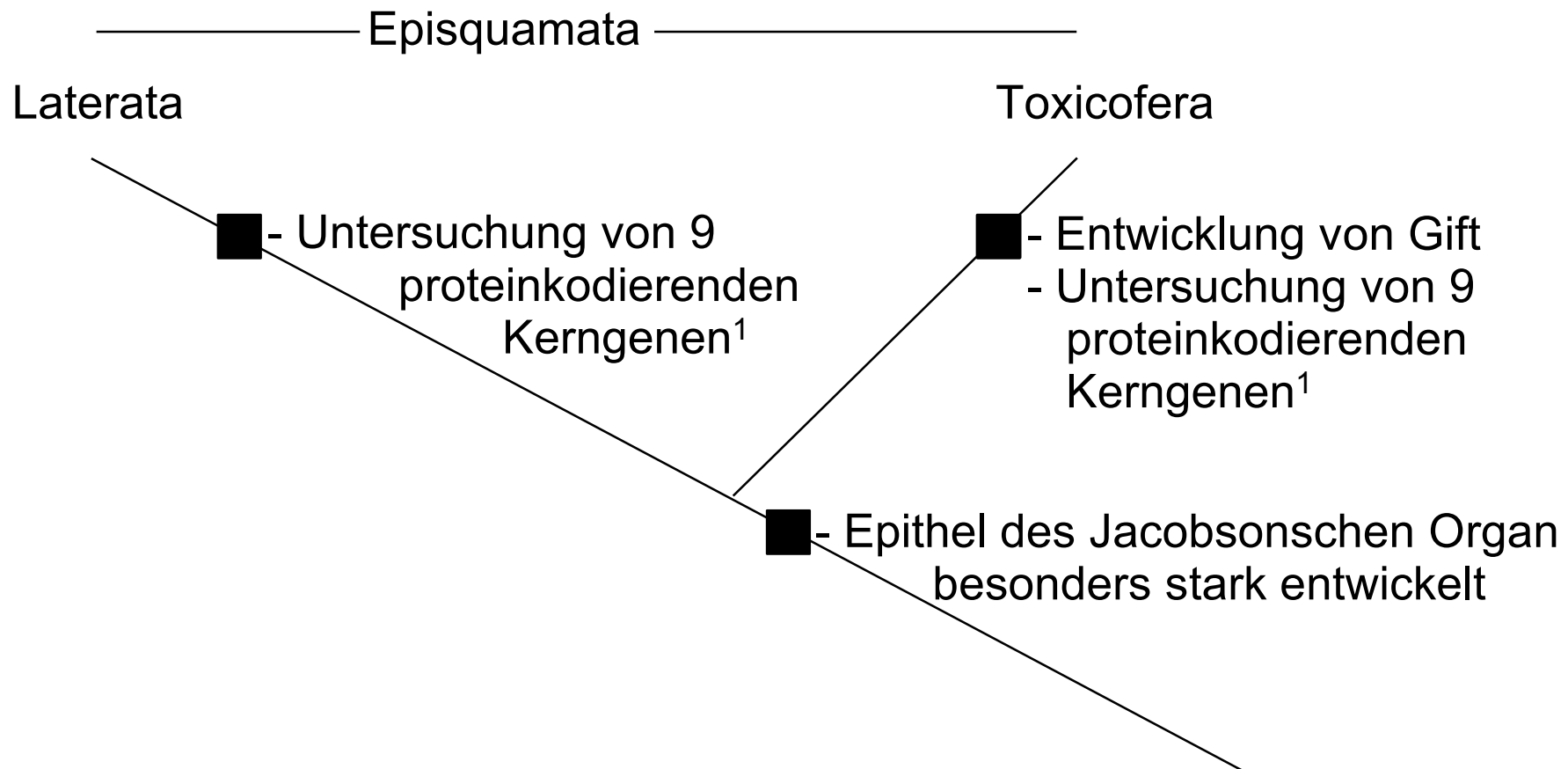
¹ Vidal, N. and S. B. Hedges (2005). The phylogeny of squamate reptiles (lizards, snakes, and amphisbaenians) inferred from nine nuclear protein-coding genes. *C R Biol.* **328**: 1000-1008.

Unidentata



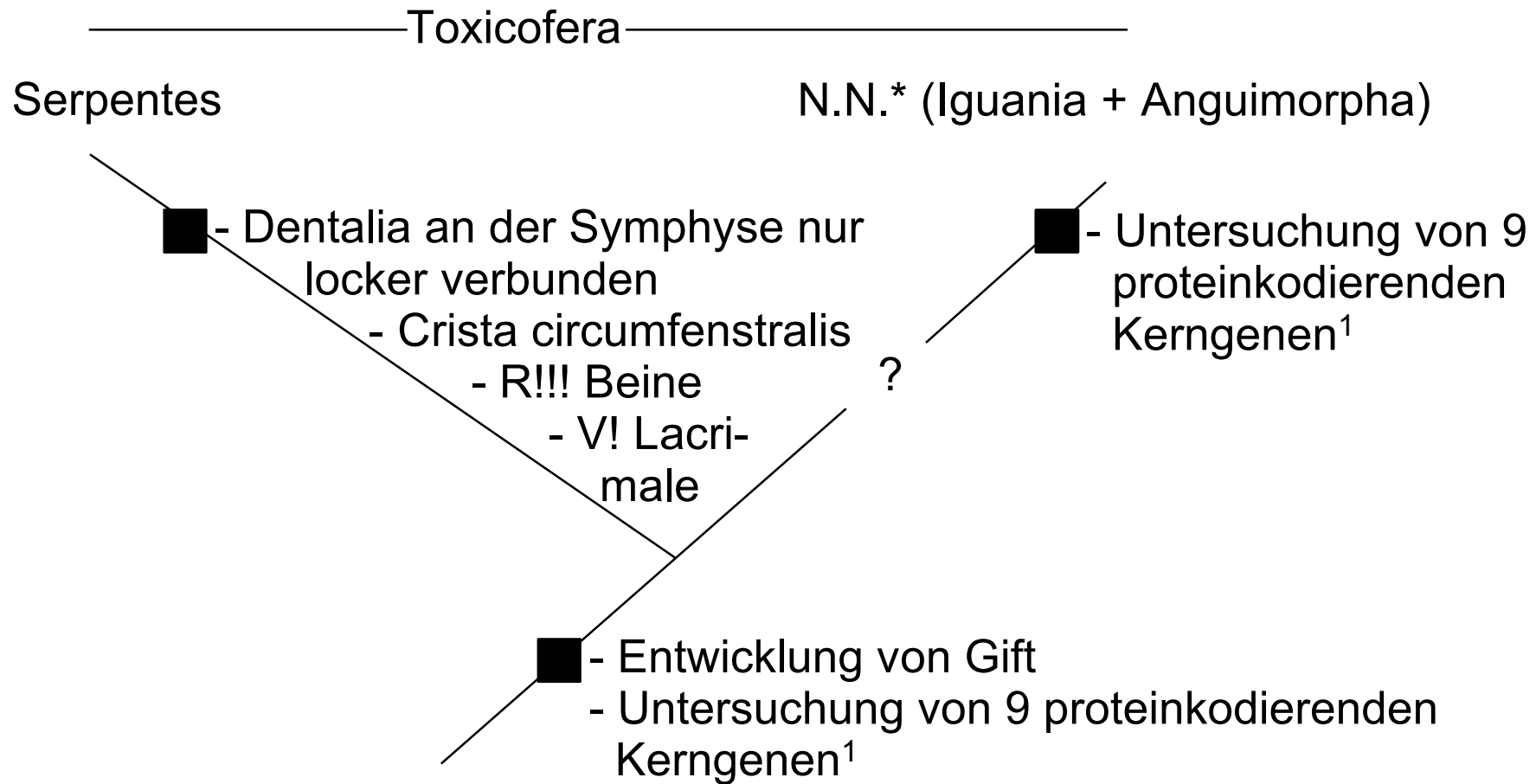
¹ Vidal, N. and S. B. Hedges (2005). The phylogeny of squamate reptiles (lizards, snakes, and amphisbaenians) inferred from nine nuclear protein-coding genes. *C R Biol.* **328**: 1000-1008.

Episquamata



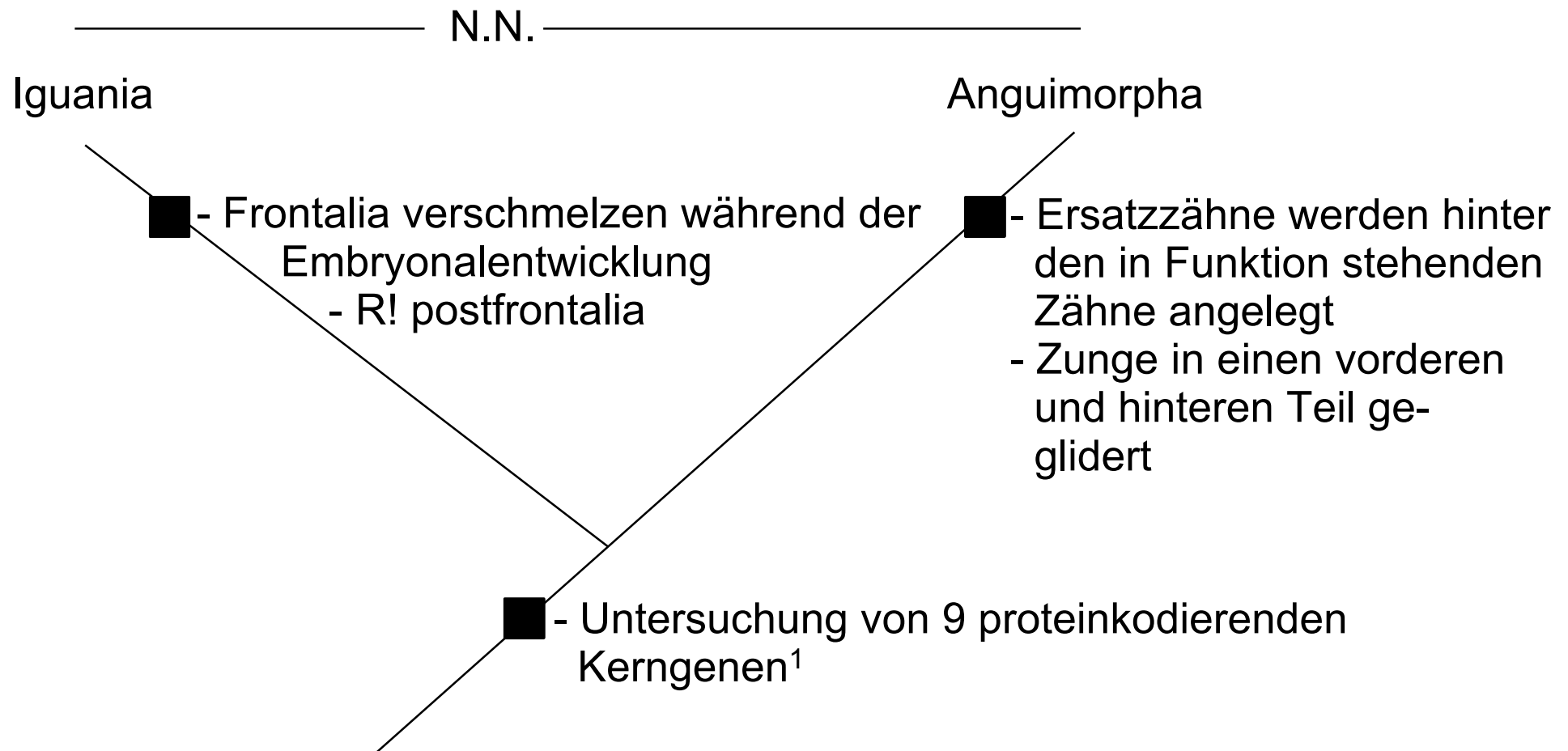
¹ Vidal, N. and S. B. Hedges (2005). The phylogeny of squamate reptiles (lizards, snakes, and amphisbaenians) inferred from nine nuclear protein-coding genes. *C R Biol.* **328**: 1000-1008.

Toxicofera



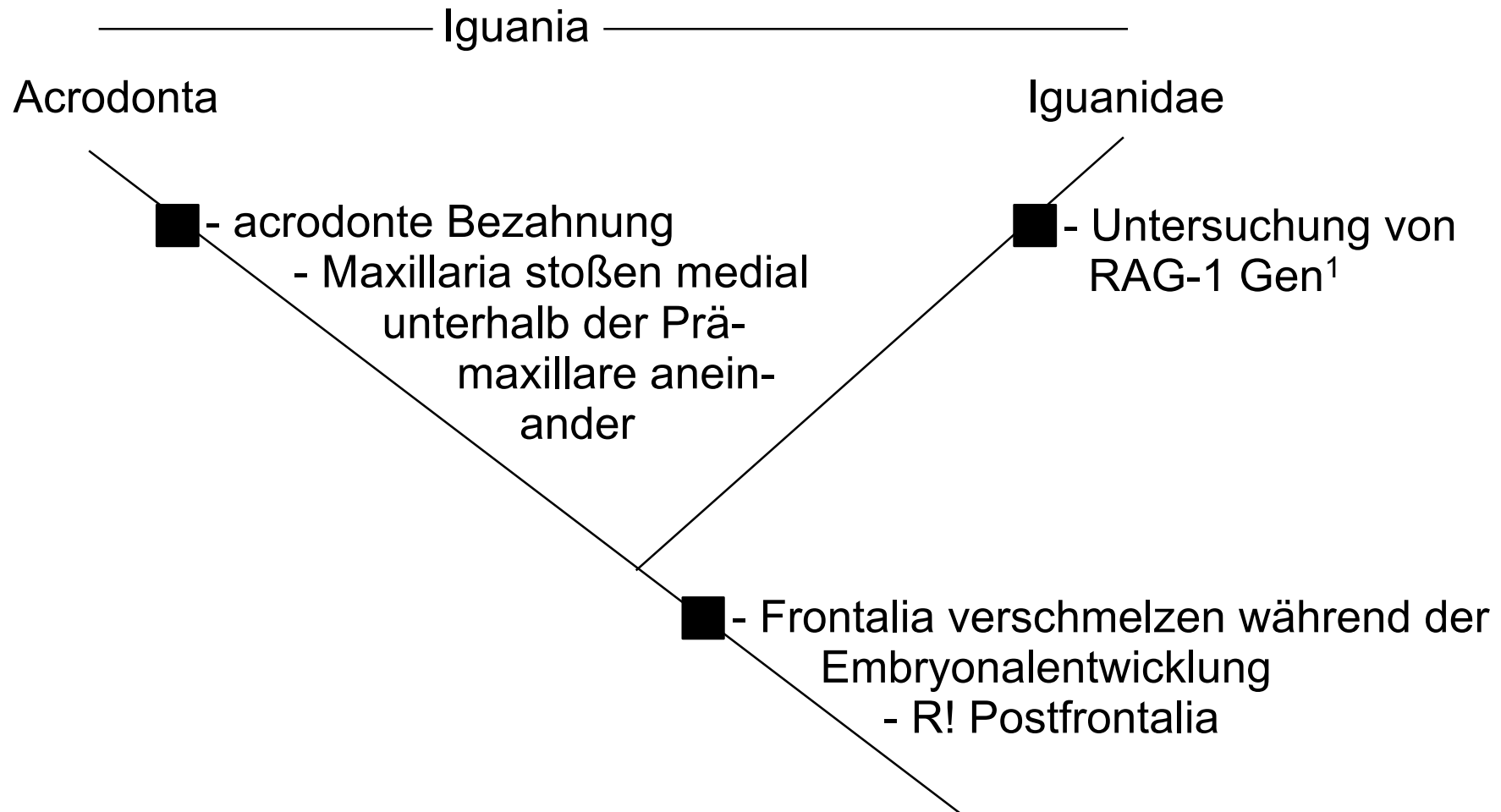
¹ Vidal, N. and S. B. Hedges (2005). The phylogeny of squamate reptiles (lizards, snakes, and amphisbaenians) inferred from nine nuclear protein-coding genes. *C R Biol.* **328**: 1000-1008.

N.N. (Iguania + Anguimorpha)



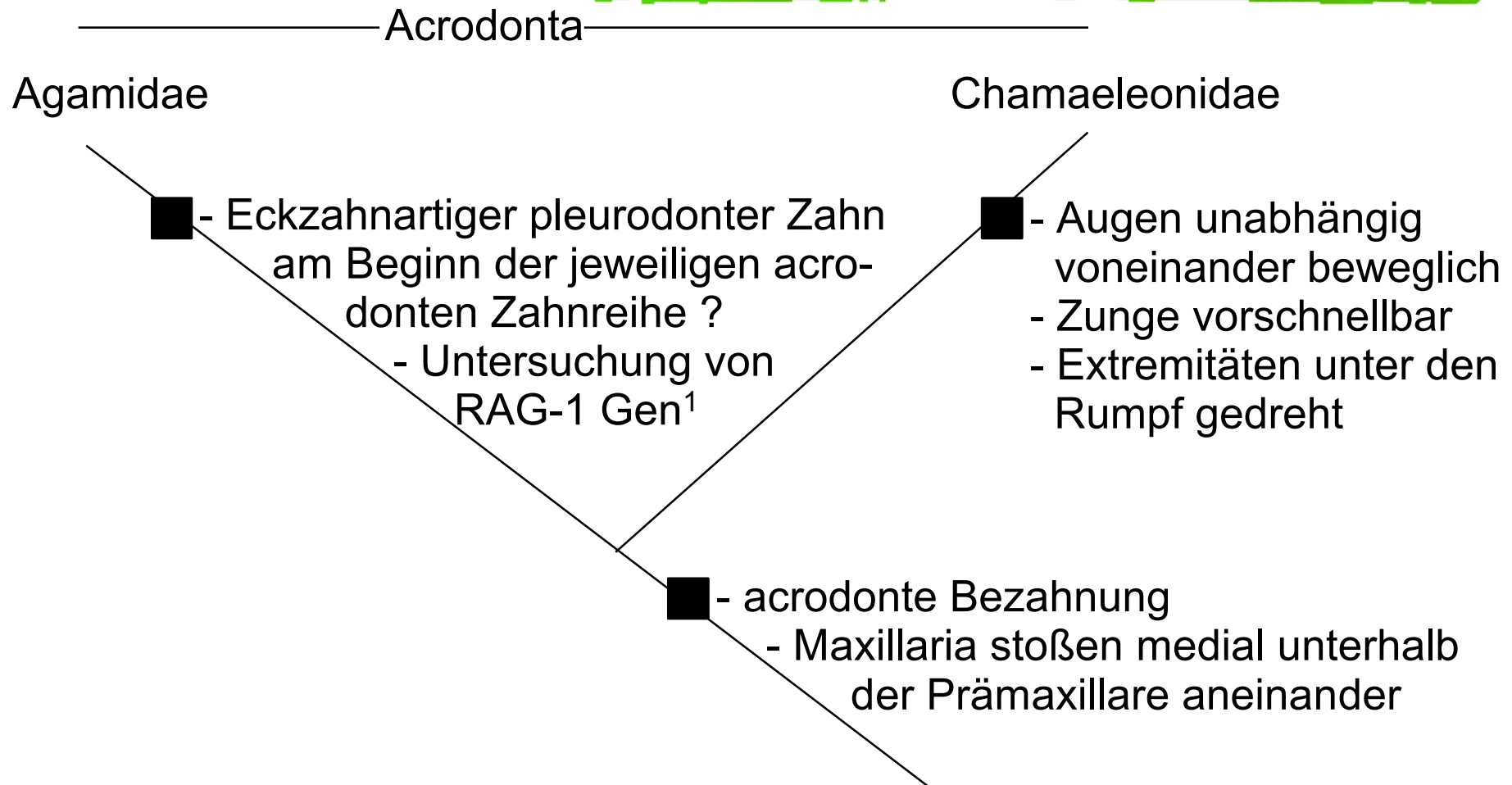
¹ Vidal, N. and S. B. Hedges (2005). The phylogeny of squamate reptiles (lizards, snakes, and amphisbaenians) inferred from nine nuclear protein-coding genes. *C R Biol.* **328**: 1000-1008.

Iguania



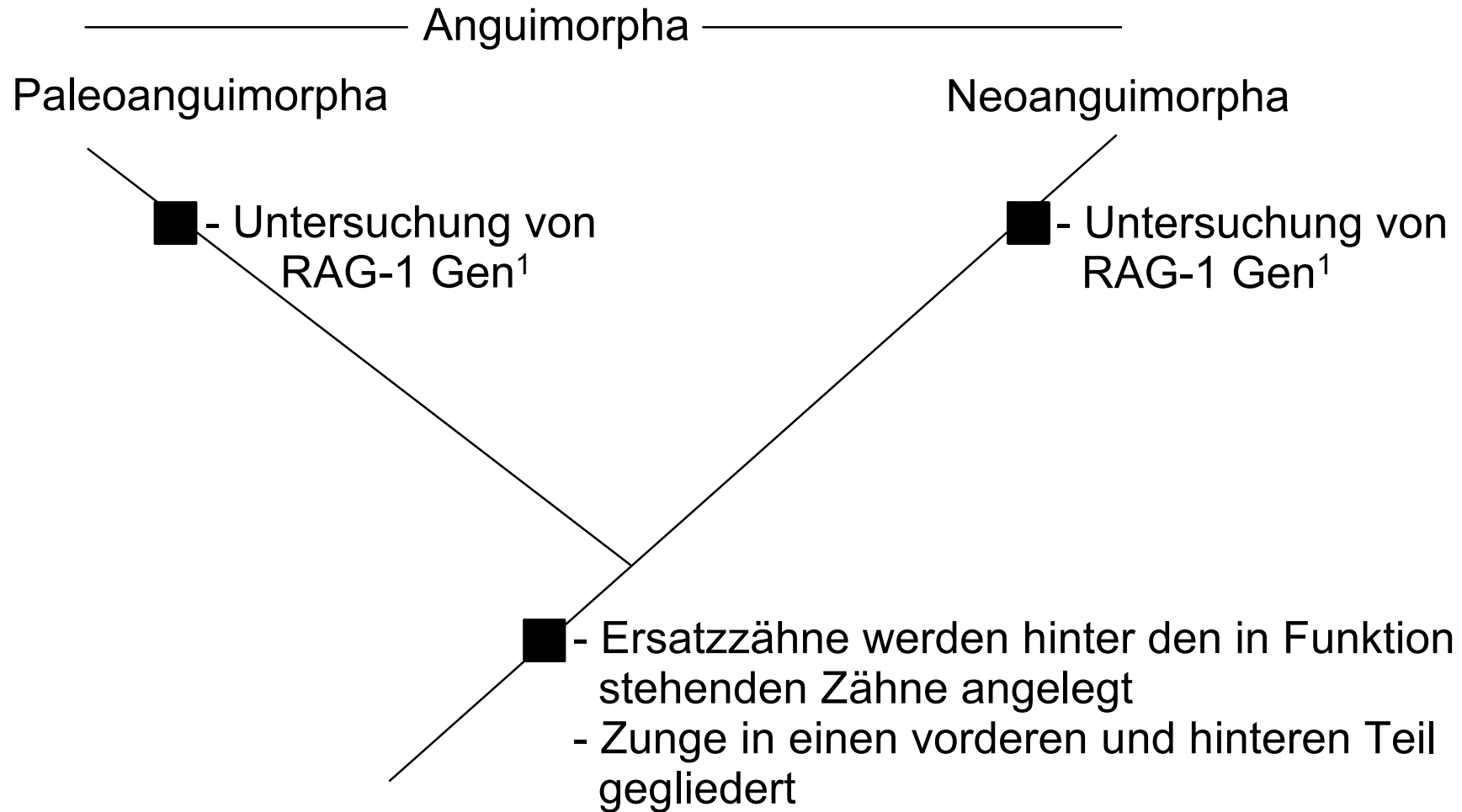
¹ Hugall, A., R. Foster, et al. (2007). Calibration choice, rate smoothing, and the pattern of tetrapod diversification according to the long nuclear gene RAG-1. *Systematic Biol.* **56**: 543-563.

Acrodonta



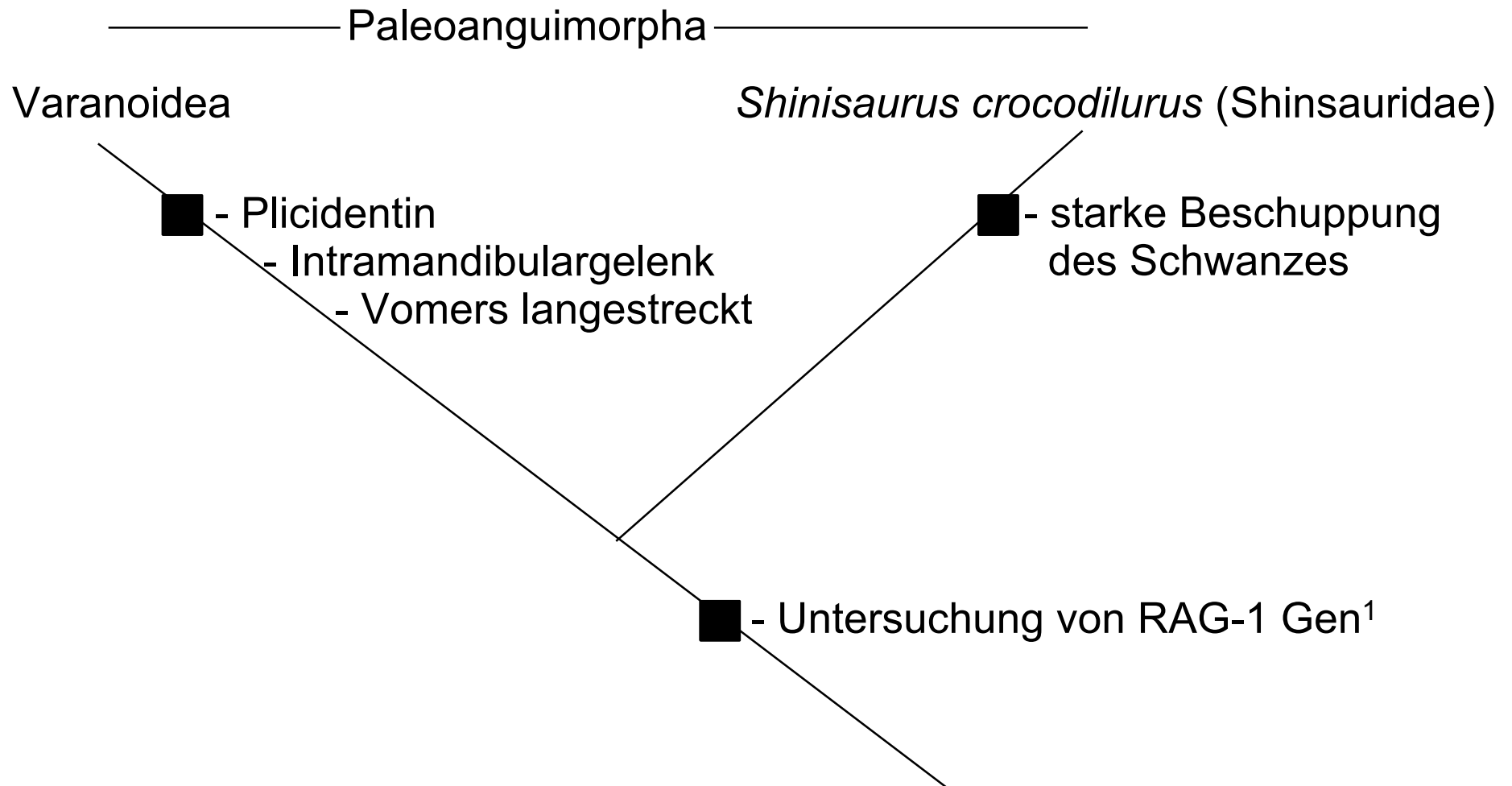
¹ Hugall, A., R. Foster, et al. (2007). Calibration choice, rate smoothing, and the pattern of tetrapod diversification according to the long nuclear gene RAG-1. *Systematic Biol.* **56**: 543-563.

Anguimorpha



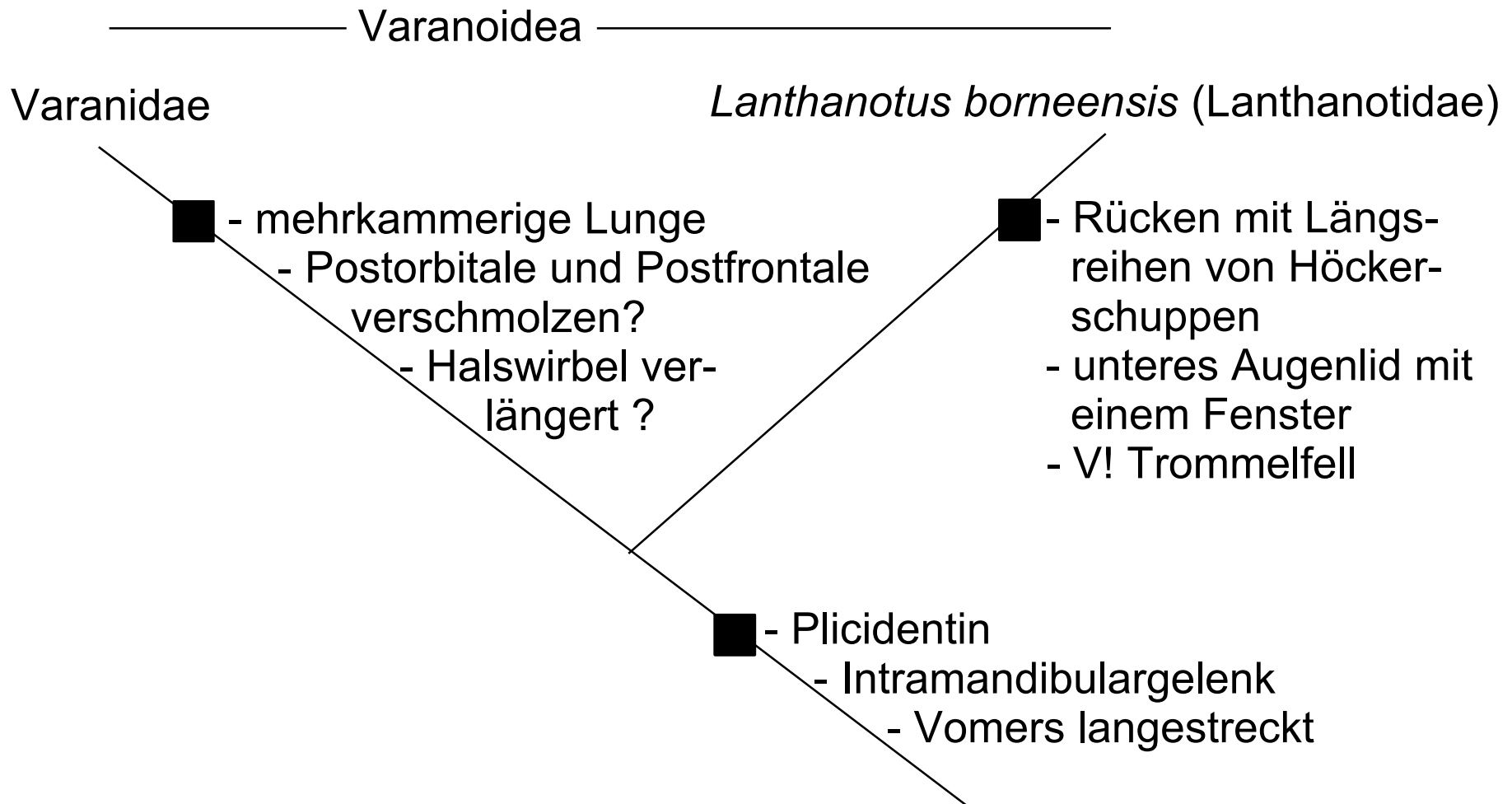
¹ Hugall, A., R. Foster, et al. (2007). Calibration choice, rate smoothing, and the pattern of tetrapod diversification according to the long nuclear gene RAG-1. *Systematic Biol.* **56**: 543-563.

Paleanguimorpha

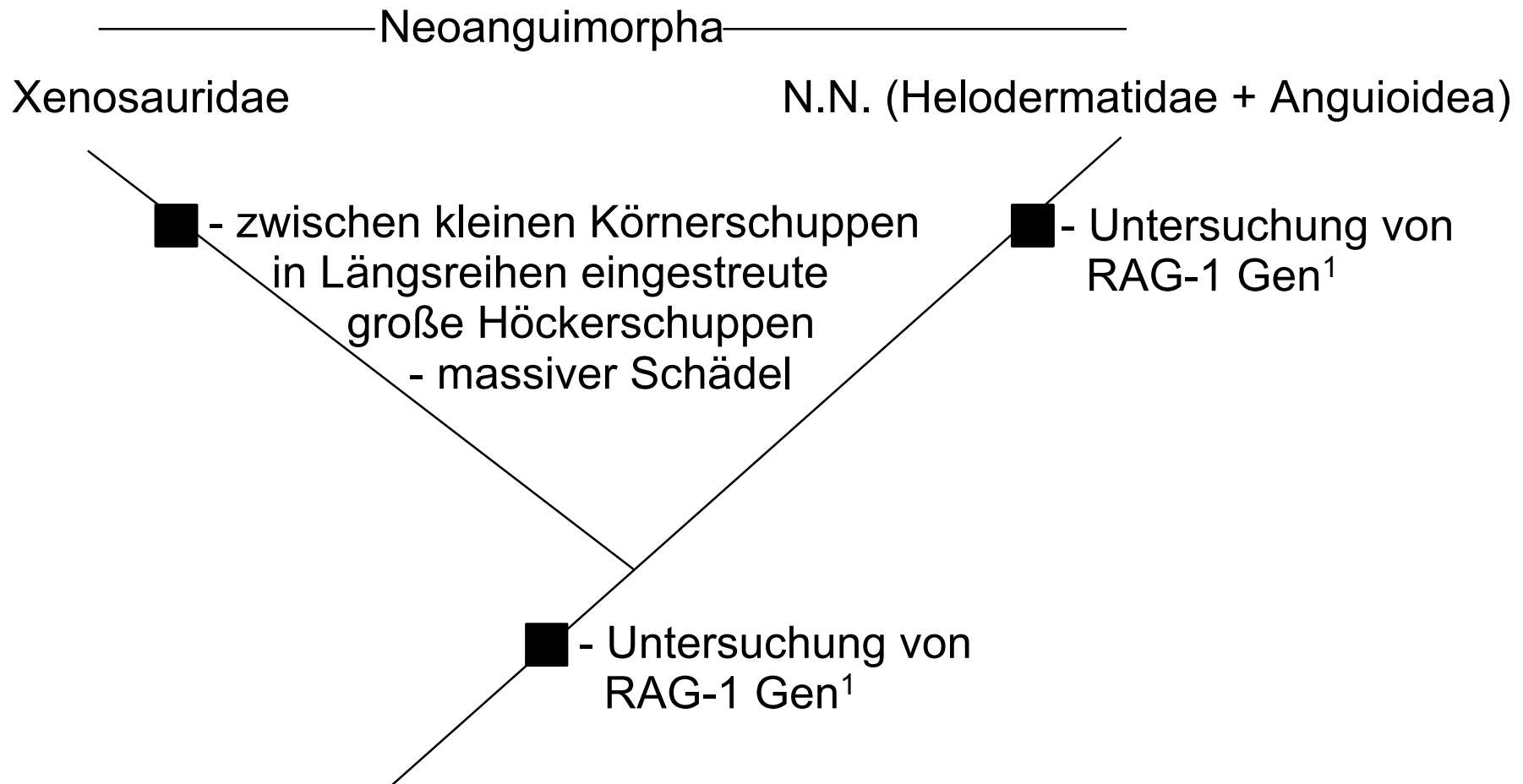


¹ Hugall, A., R. Foster, et al. (2007). Calibration choice, rate smoothing, and the pattern of tetrapod diversification according to the long nuclear gene RAG-1. *Systematic Biol.* **56**: 543-563.

Varanoidea

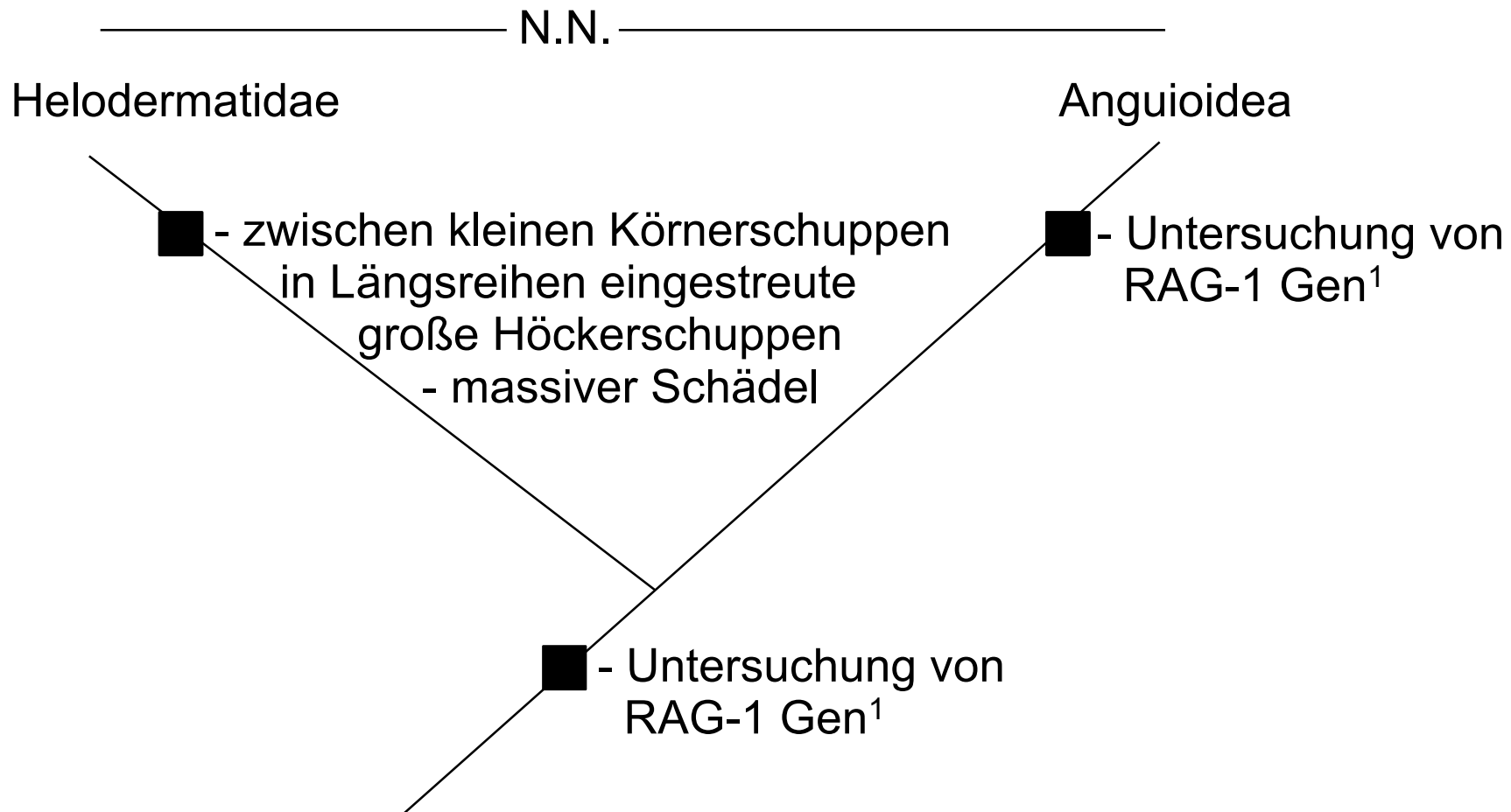


Neoanguimorpha



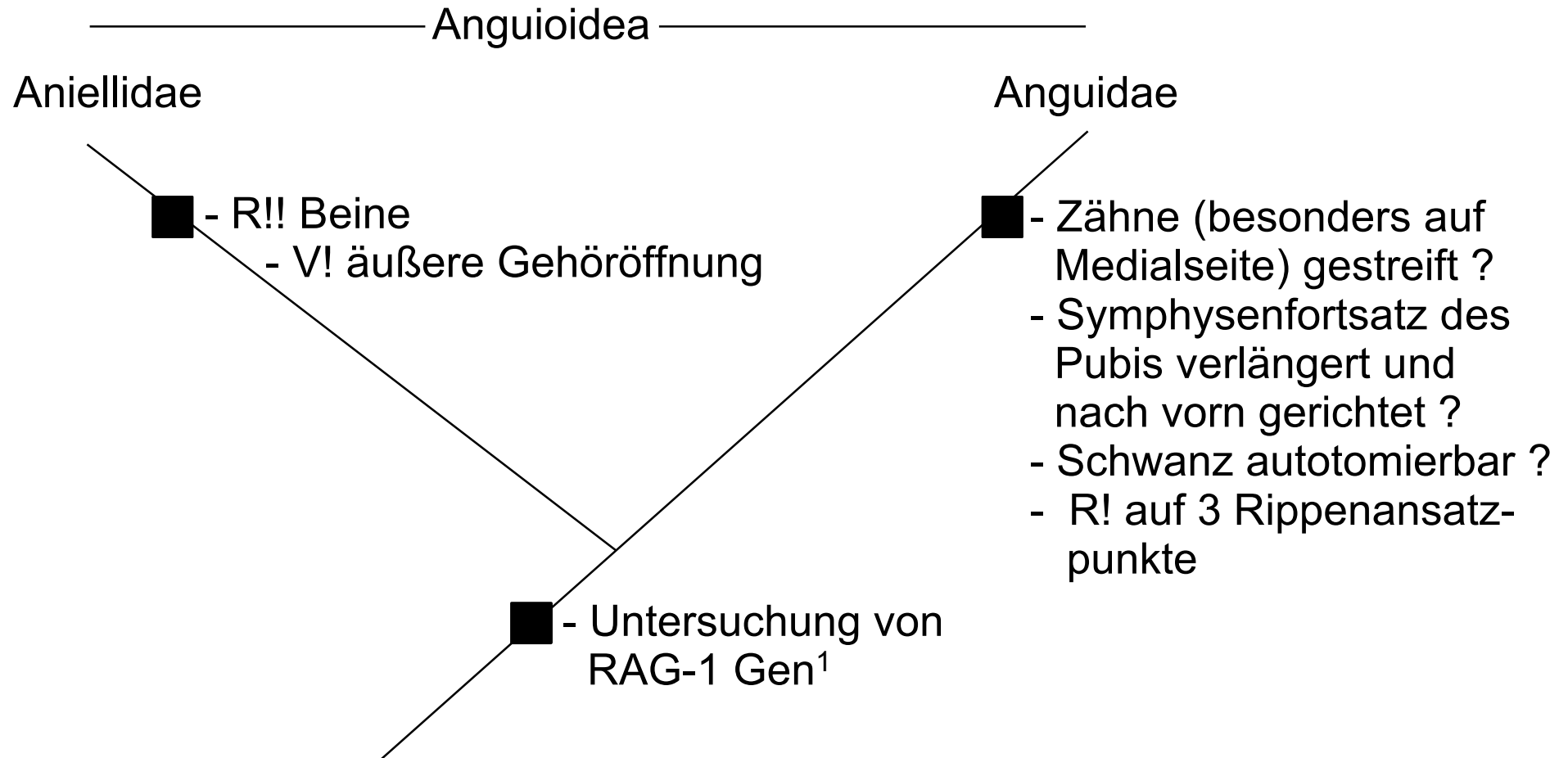
¹ Hugall, A., R. Foster, et al. (2007). Calibration choice, rate smoothing, and the pattern of tetrapod diversification according to the long nuclear gene RAG-1. *Systematic Biol.* **56**: 543-563.

N.N. (Helodermatidae + Anguioidea)



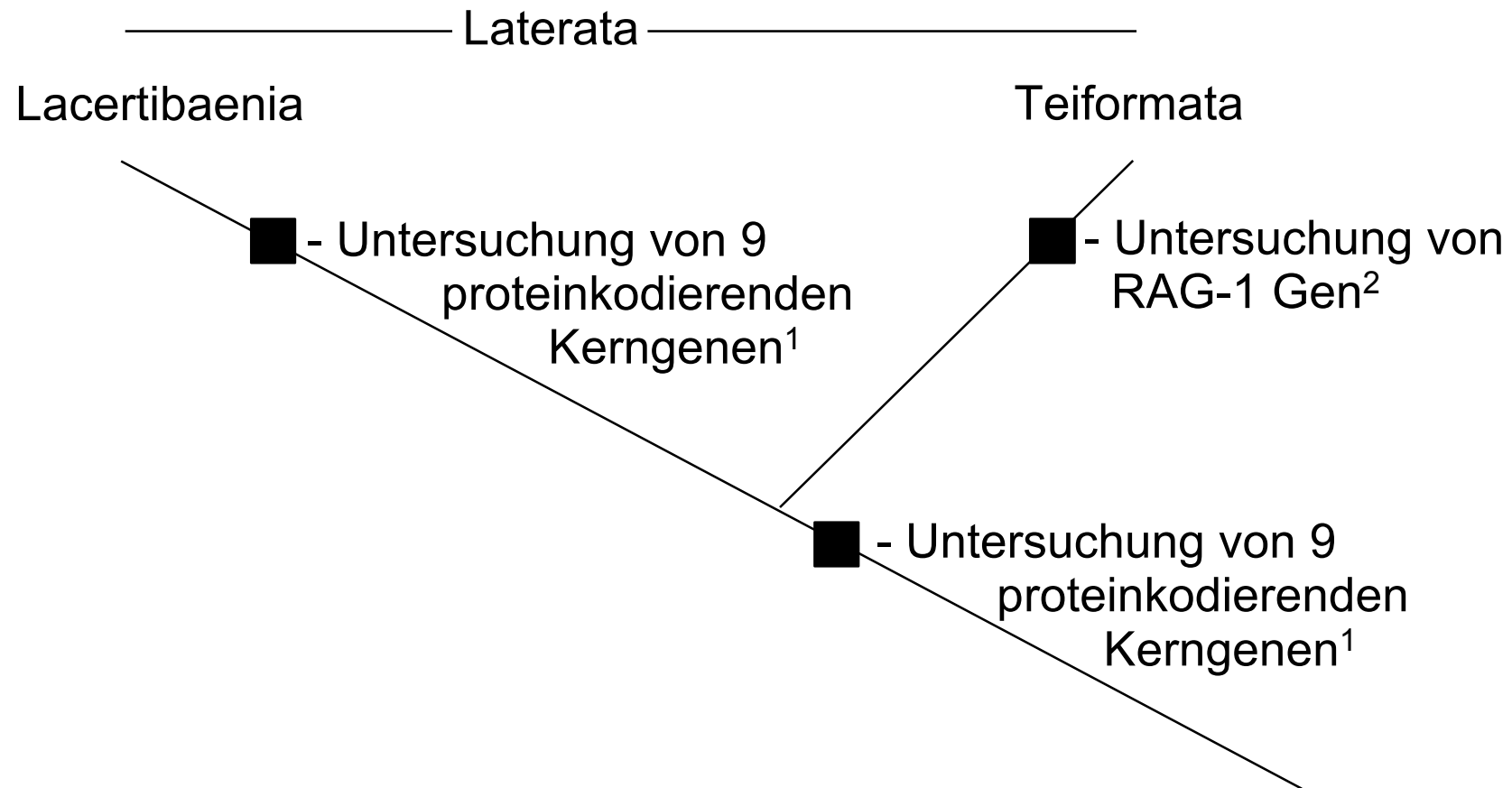
¹ Hugall, A., R. Foster, et al. (2007). Calibration choice, rate smoothing, and the pattern of tetrapod diversification according to the long nuclear gene RAG-1. *Systematic Biol.* **56**: 543-563.

Anguioidea



¹ Hugall, A., R. Foster, et al. (2007). Calibration choice, rate smoothing, and the pattern of tetrapod diversification according to the long nuclear gene RAG-1. *Systematic Biol.* **56**: 543-563.

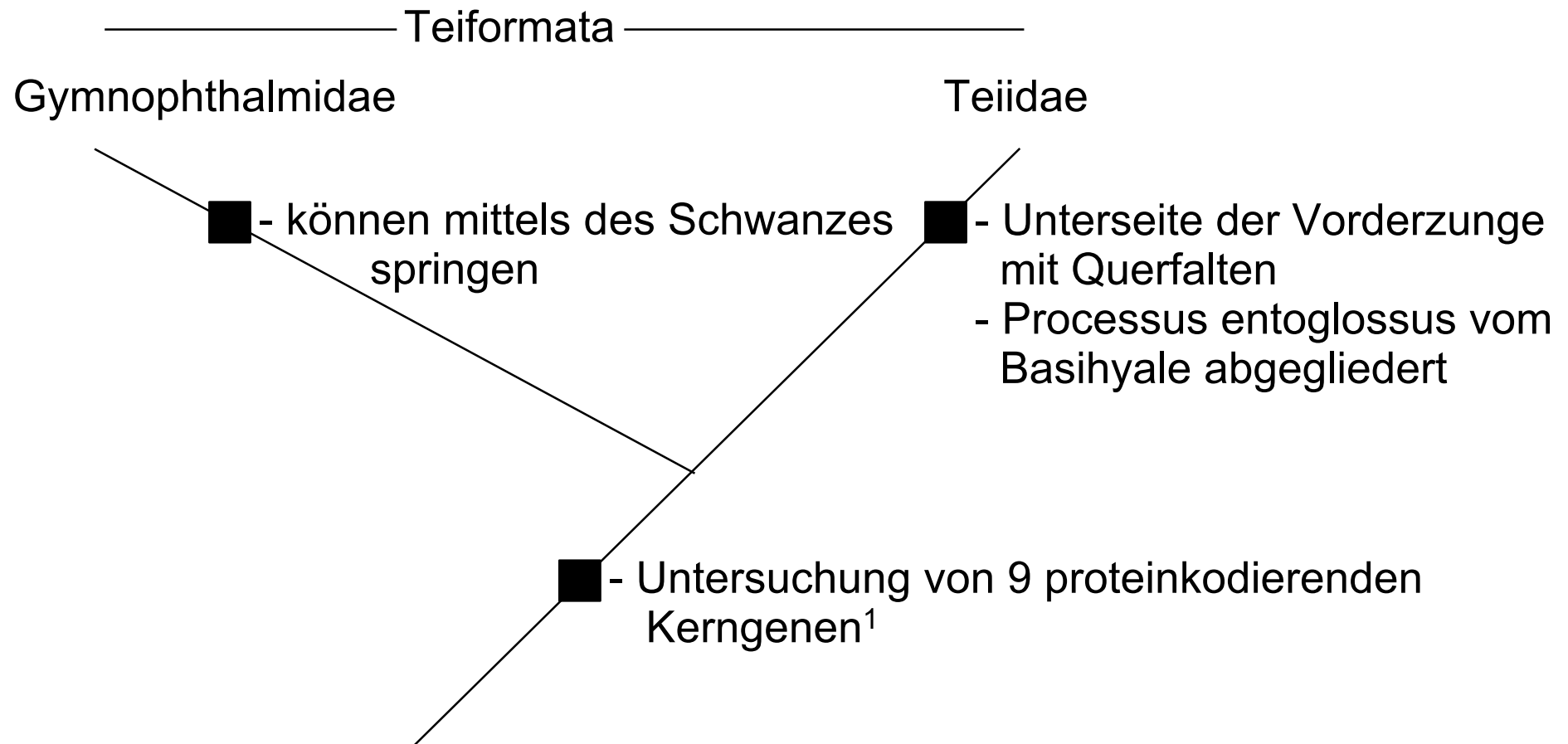
Laterata



¹ Vidal, N. and S. B. Hedges (2005). The phylogeny of squamate reptiles (lizards, snakes, and amphisbaenians) inferred from nine nuclear protein-coding genes. *C R Biol.* **328**: 1000-1008.

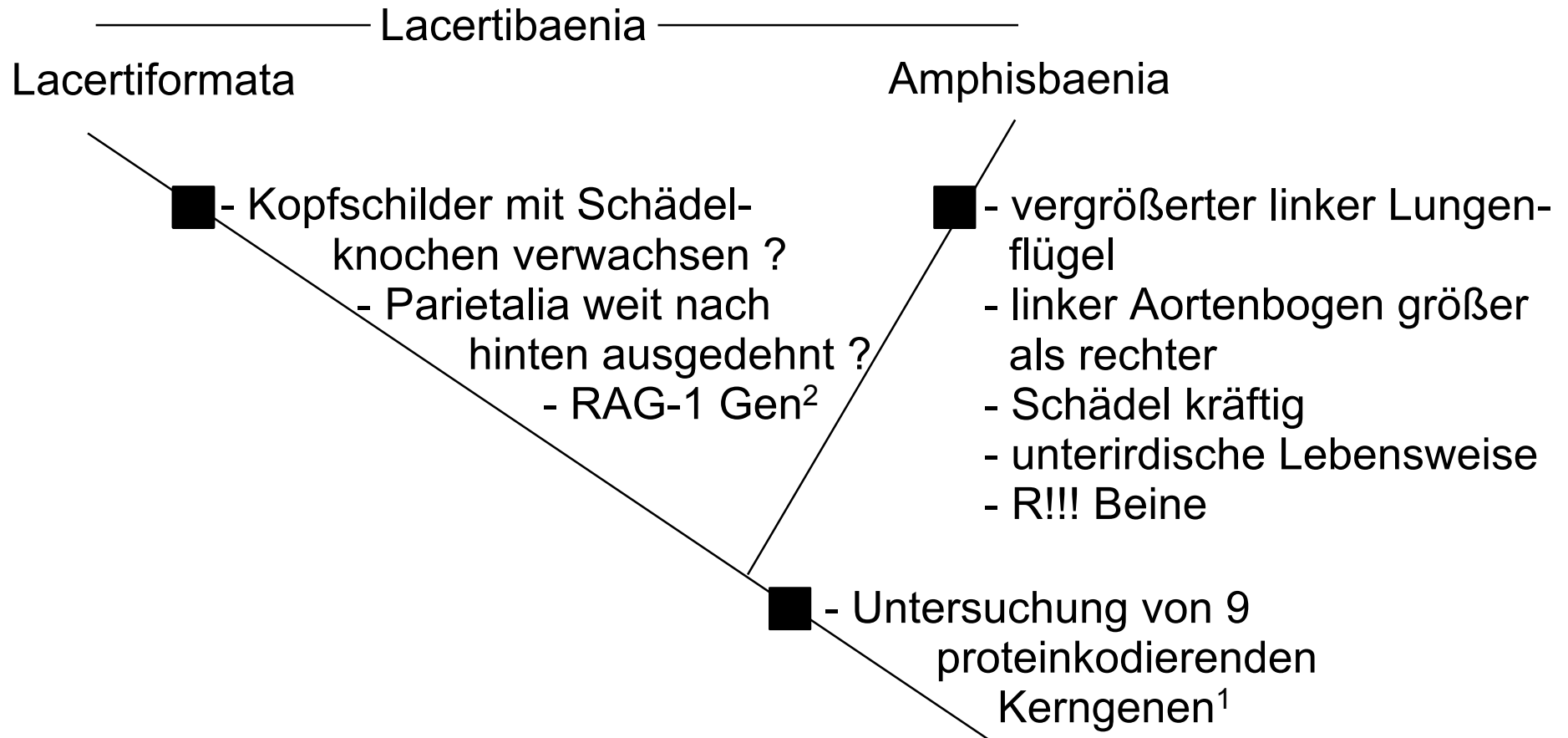
² Hugall, A., R. Foster, et al. (2007). Calibration choice, rate smoothing, and the pattern of tetrapod diversification according to the long nuclear gene RAG-1. *Systematic Biol.* **56**: 543-563.

Teiformata



¹ Vidal, N. and S. B. Hedges (2005). The phylogeny of squamate reptiles (lizards, snakes, and amphisbaenians) inferred from nine nuclear protein-coding genes. *C R Biol.* **328**: 1000-1008.

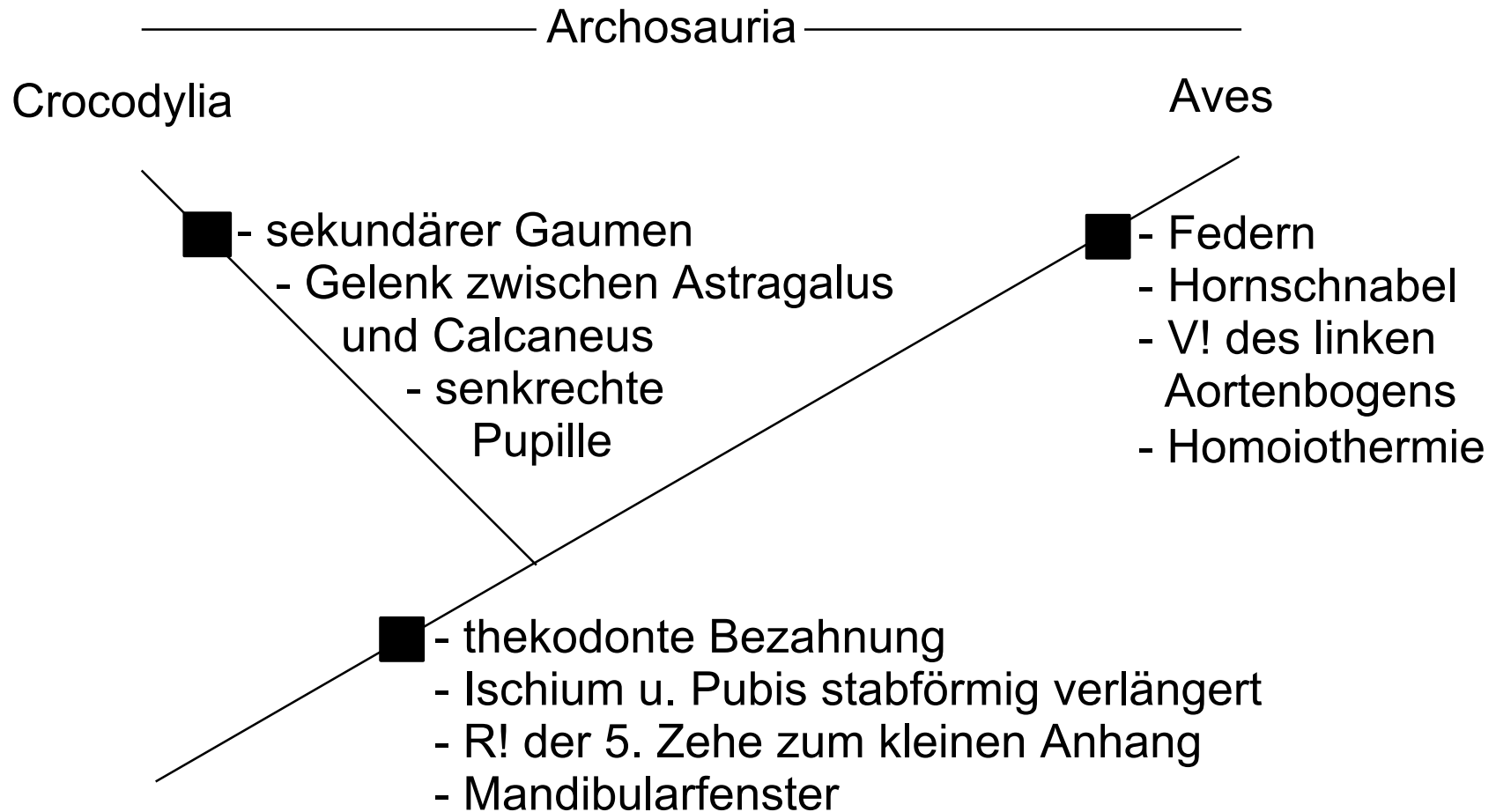
Lacertibaenia



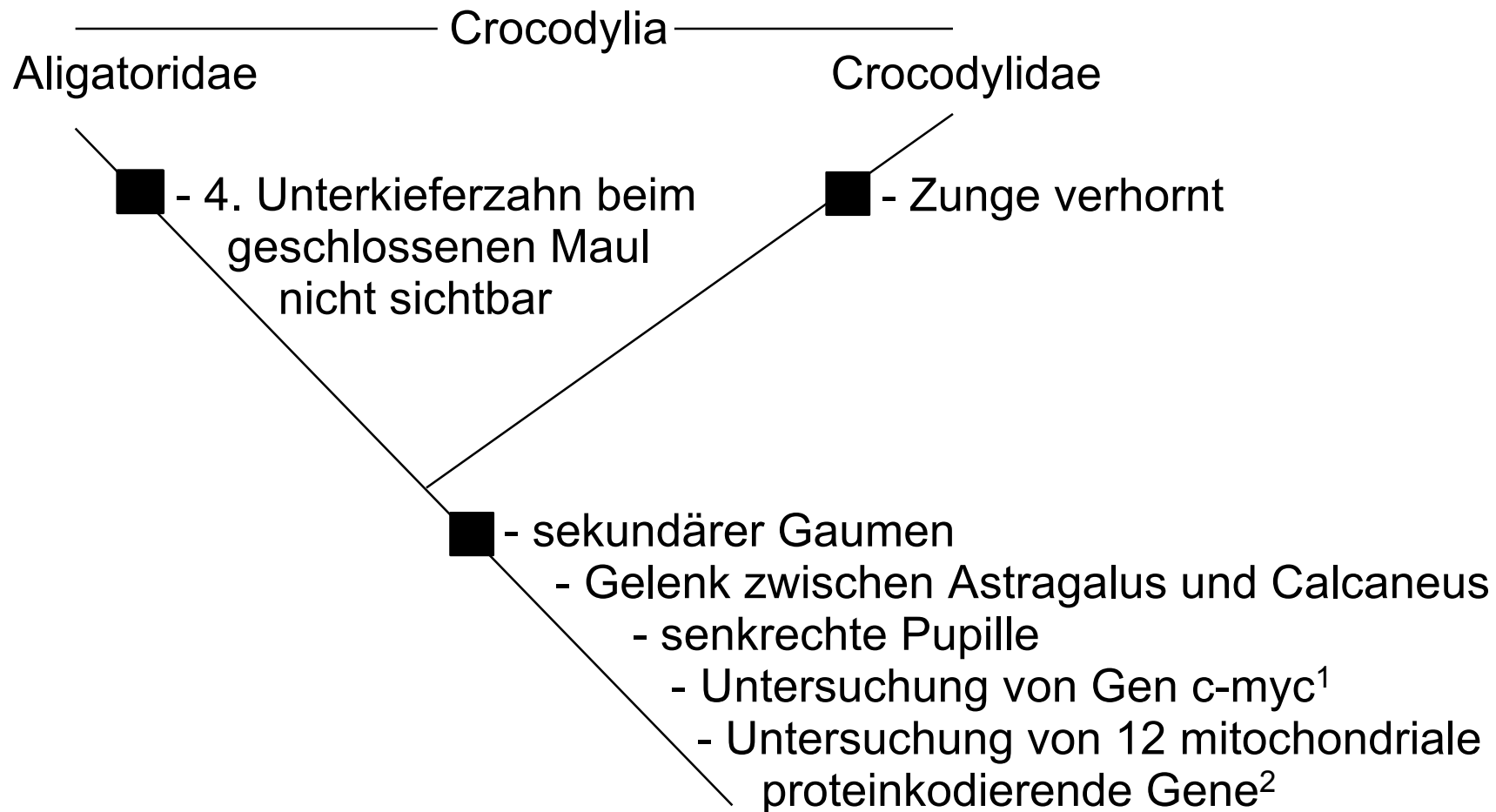
¹ Vidal, N. and S. B. Hedges (2005). The phylogeny of squamate reptiles (lizards, snakes, and amphisbaenians) inferred from nine nuclear protein-coding genes. *C R Biol.* **328**: 1000-1008.

² Hugall, A., R. Foster, et al. (2007). Calibration choice, rate smoothing, and the pattern of tetrapod diversification according to the long nuclear gene RAG-1. *Systematic Biol.* **56**: 543-563.

Archosauria



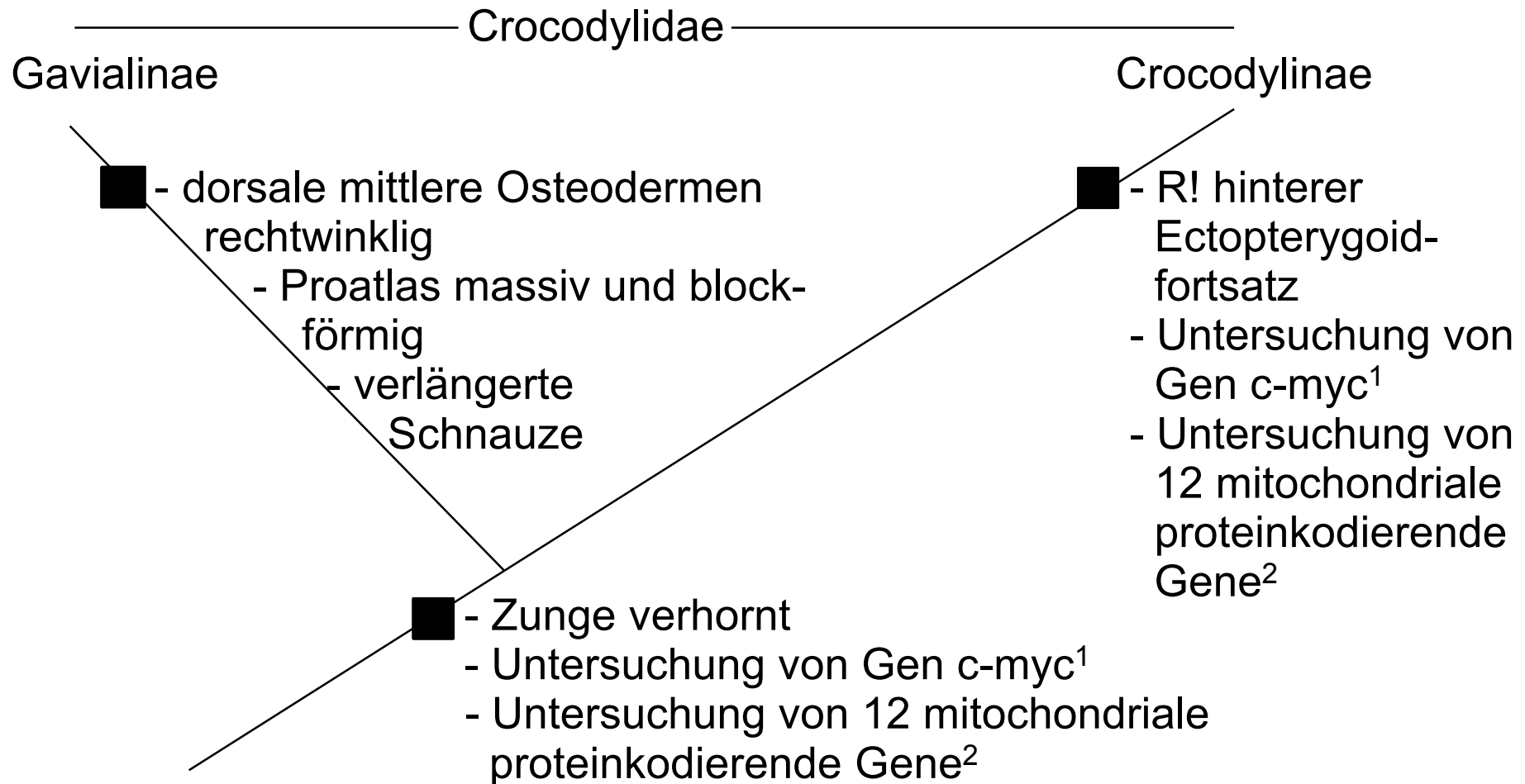
Crocodylia



¹ Harshman, J., C. J. Huddleston, et al. (2003). True and False Gharials: A Nuclear Gene Phylogeny of Crocodylia. *Systematic Biol.* 52: 386-402.

² Man, Z., W. Yishu, et al. (2011). Crocodylian phylogeny inferred from twelve mitochondrial protein-coding genes, with new complete mitochondrial genomic sequences for *Crocodylus acutus* and *Crocodylus novaeguineae*. *Mol Phylogenet Evol.* 60: 62-67.

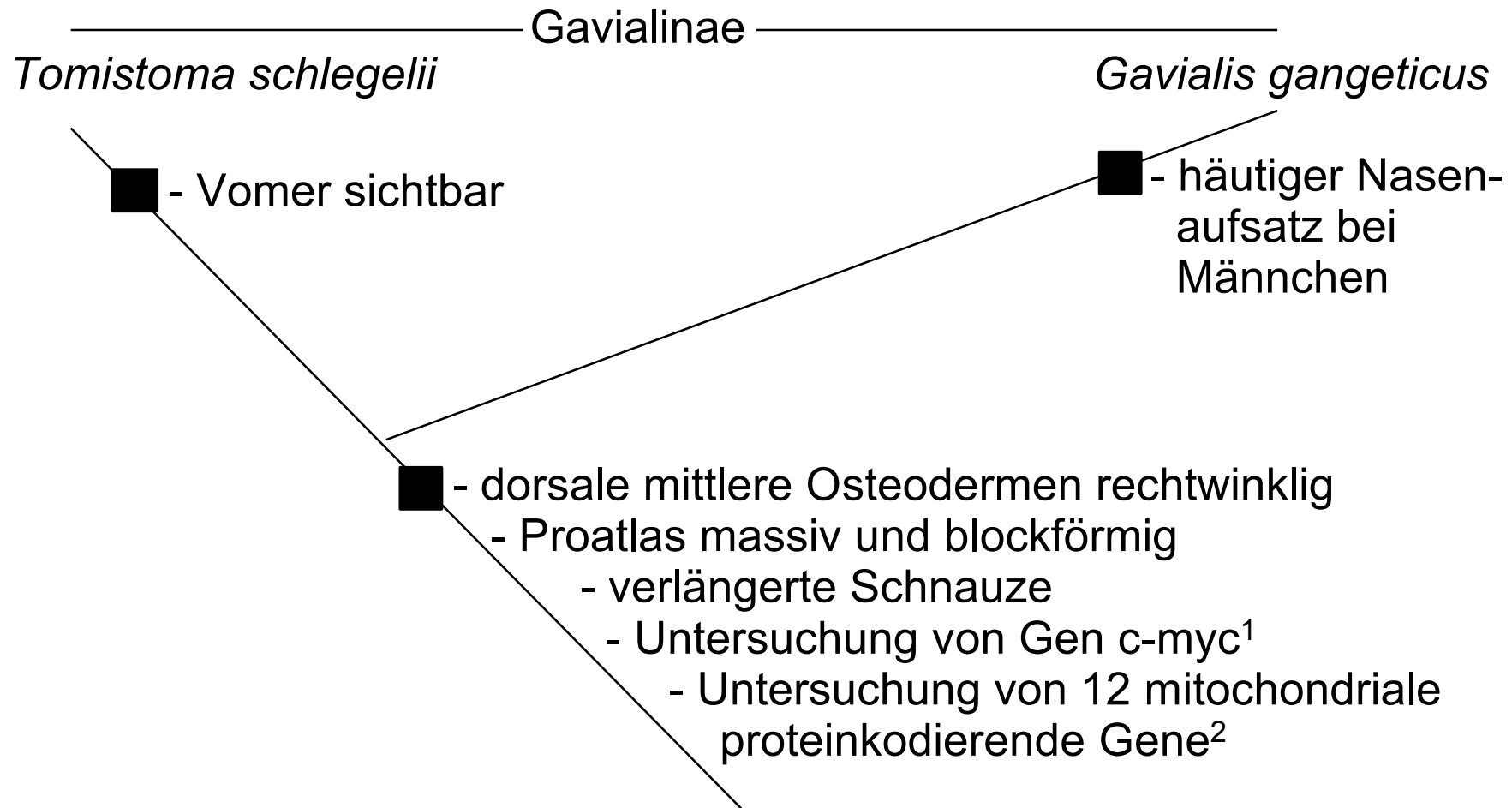
Crocodylidae



¹ Harshman, J., C. J. Huddleston, et al. (2003). True and False Gharials: A Nuclear Gene Phylogeny of Crocodylia. *Systematic Biol.* 52: 386-402.

² Man, Z., W. Yishu, et al. (2011). Crocodylian phylogeny inferred from twelve mitochondrial protein-coding genes, with new complete mitochondrial genomic sequences for *Crocodylus acutus* and *Crocodylus novaeguineae*. *Mol Phylogenet Evol.* 60: 62-67.

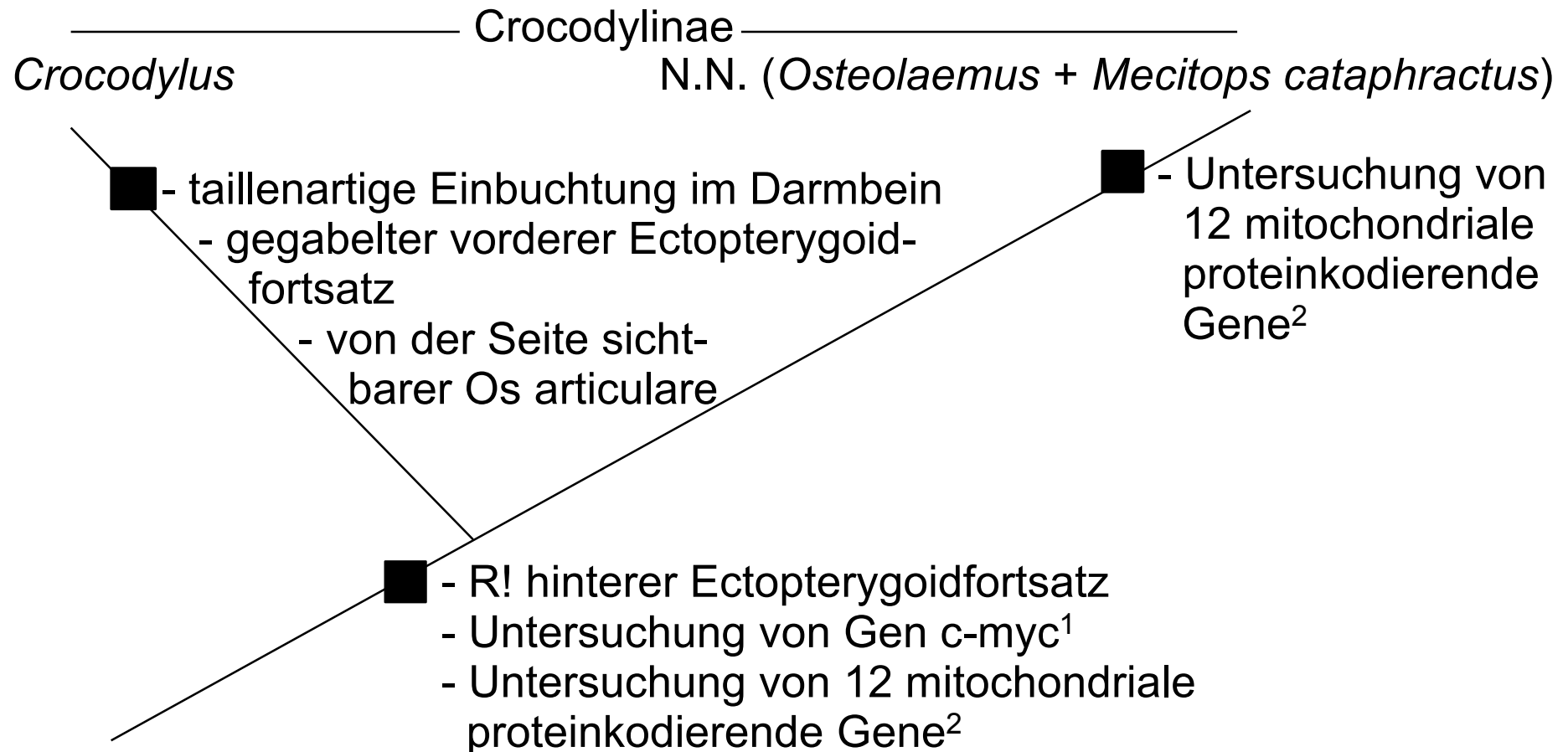
Gavialinae



¹ Harshman, J., C. J. Huddleston, et al. (2003). True and False Gharials: A Nuclear Gene Phylogeny of Crocodylia. *Systematic Biol.* 52: 386-402.

² Man, Z., W. Yishu, et al. (2011). Crocodylian phylogeny inferred from twelve mitochondrial protein-coding genes, with new complete mitochondrial genomic sequences for *Crocodylus acutus* and *Crocodylus novaeguineae*. *Mol Phylogenet Evol.* 60: 62-67.

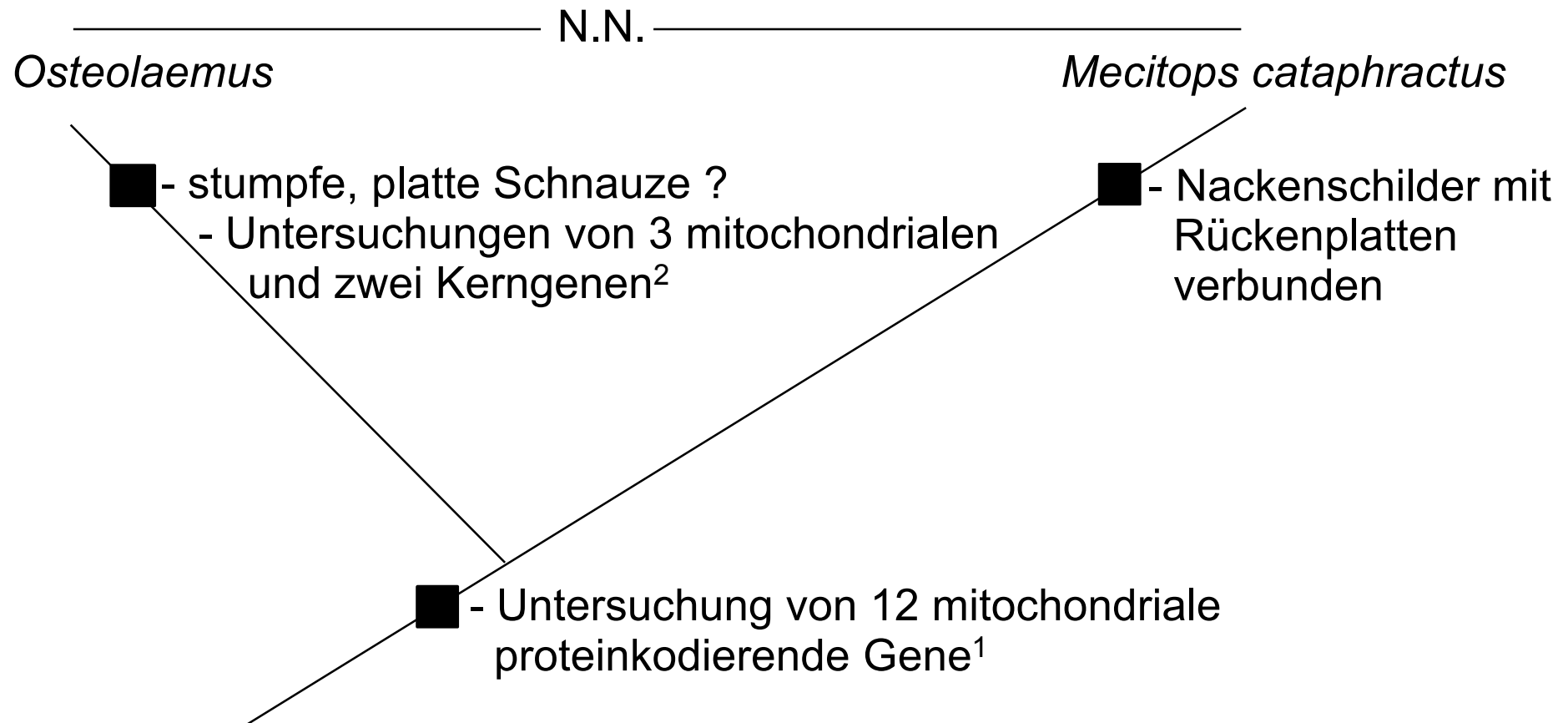
Crocodylinae



¹ Harshman, J., C. J. Huddleston, et al. (2003). True and False Gharials: A Nuclear Gene Phylogeny of Crocodylia. *Systematic Biol.* 52: 386-402.

² Man, Z., W. Yishu, et al. (2011). Crocodylian phylogeny inferred from twelve mitochondrial protein-coding genes, with new complete mitochondrial genomic sequences for *Crocodylus acutus* and *Crocodylus novaeguineae*. *Mol Phylogenet Evol.* 60: 62-67.

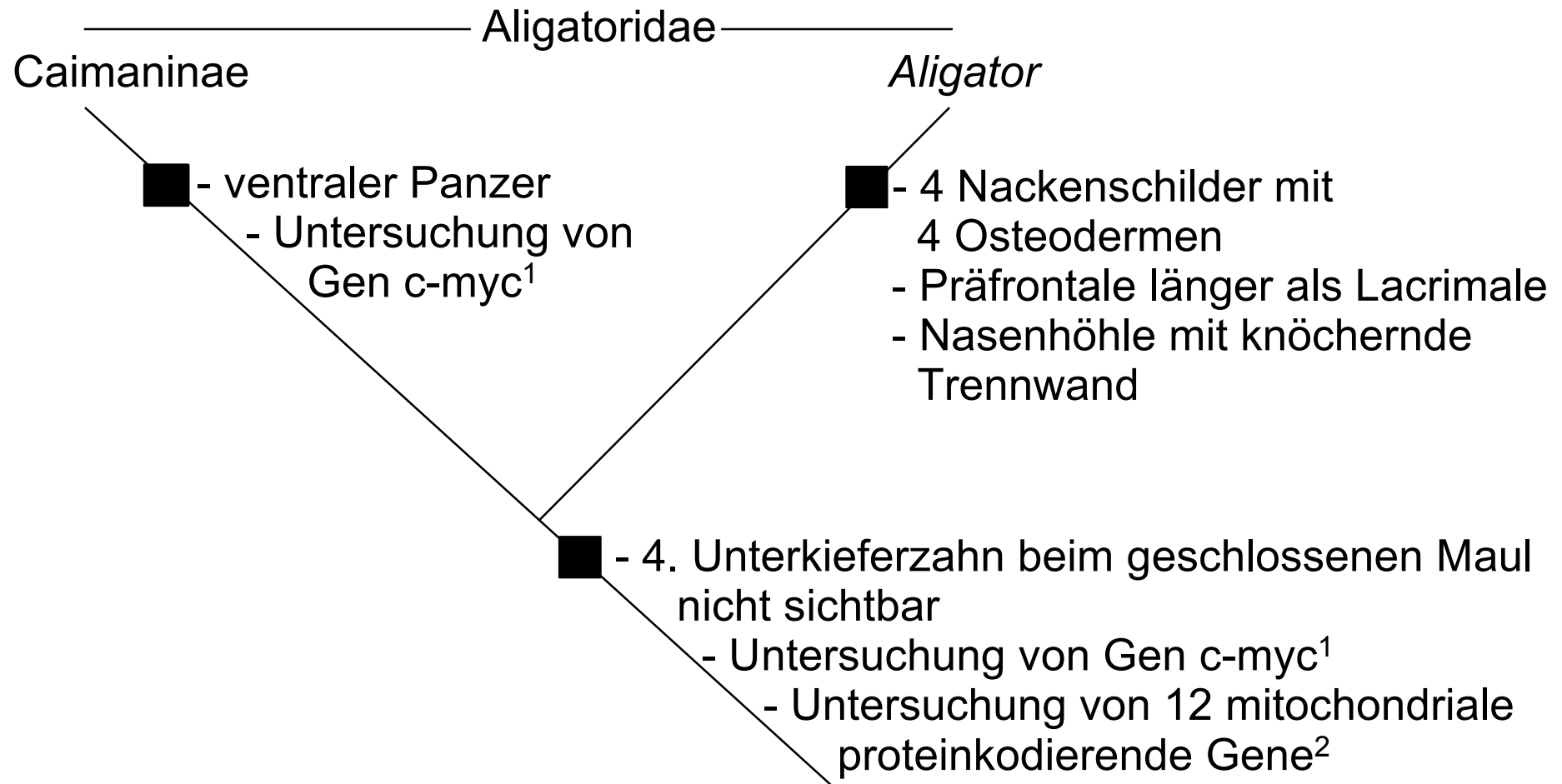
N.N. (*Osteolaemus* + *Mecitops cataphractus*)



¹ Man, Z., W. Yishu, et al. (2011). Crocodylian phylogeny inferred from twelve mitochondrial protein-coding genes, with new complete mitochondrial genomic sequences for *Crocodylus acutus* and *Crocodylus novaeguineae*. *Mol Phylogenet Evol.* **60**: 62-67.

² Eaton, M. J., A. Martin, et al. (2009). Species-level diversification of African dwarf crocodiles (Genus *Osteolaemus*): A geographic and phylogenetic perspective. *Mol Phylogenet Evol.* **50**: 496-506.

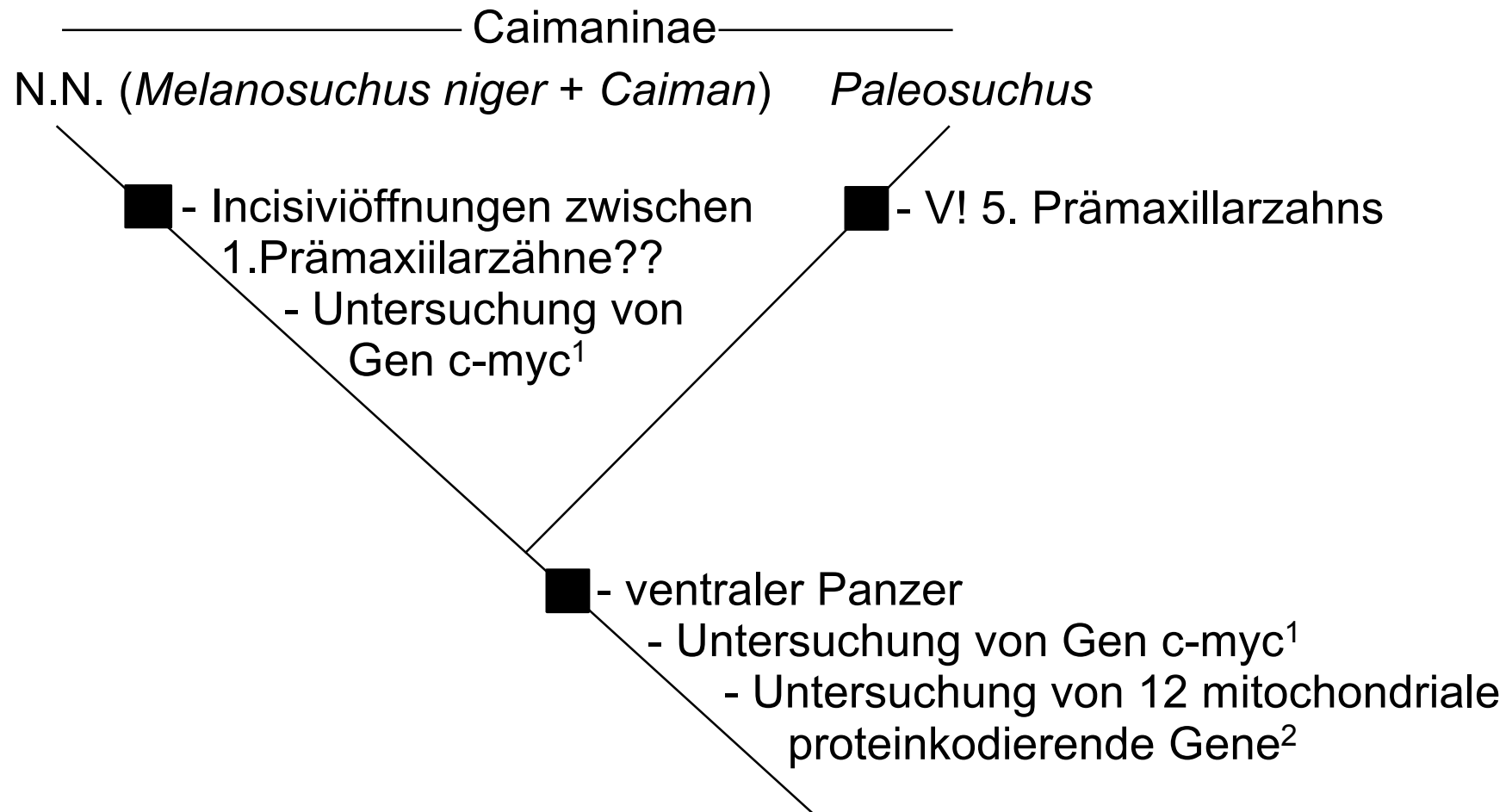
Aligatoridae



¹ Harshman, J., C. J. Huddleston, et al. (2003). True and False Gharials: A Nuclear Gene Phylogeny of Crocodylia. *Systematic Biol.* 52: 386-402.

² Man, Z., W. Yishu, et al. (2011). Crocodylian phylogeny inferred from twelve mitochondrial protein-coding genes, with new complete mitochondrial genomic sequences for *Crocodylus acutus* and *Crocodylus novaeguineae*. *Mol Phylogenet Evol.* 60: 62-67.

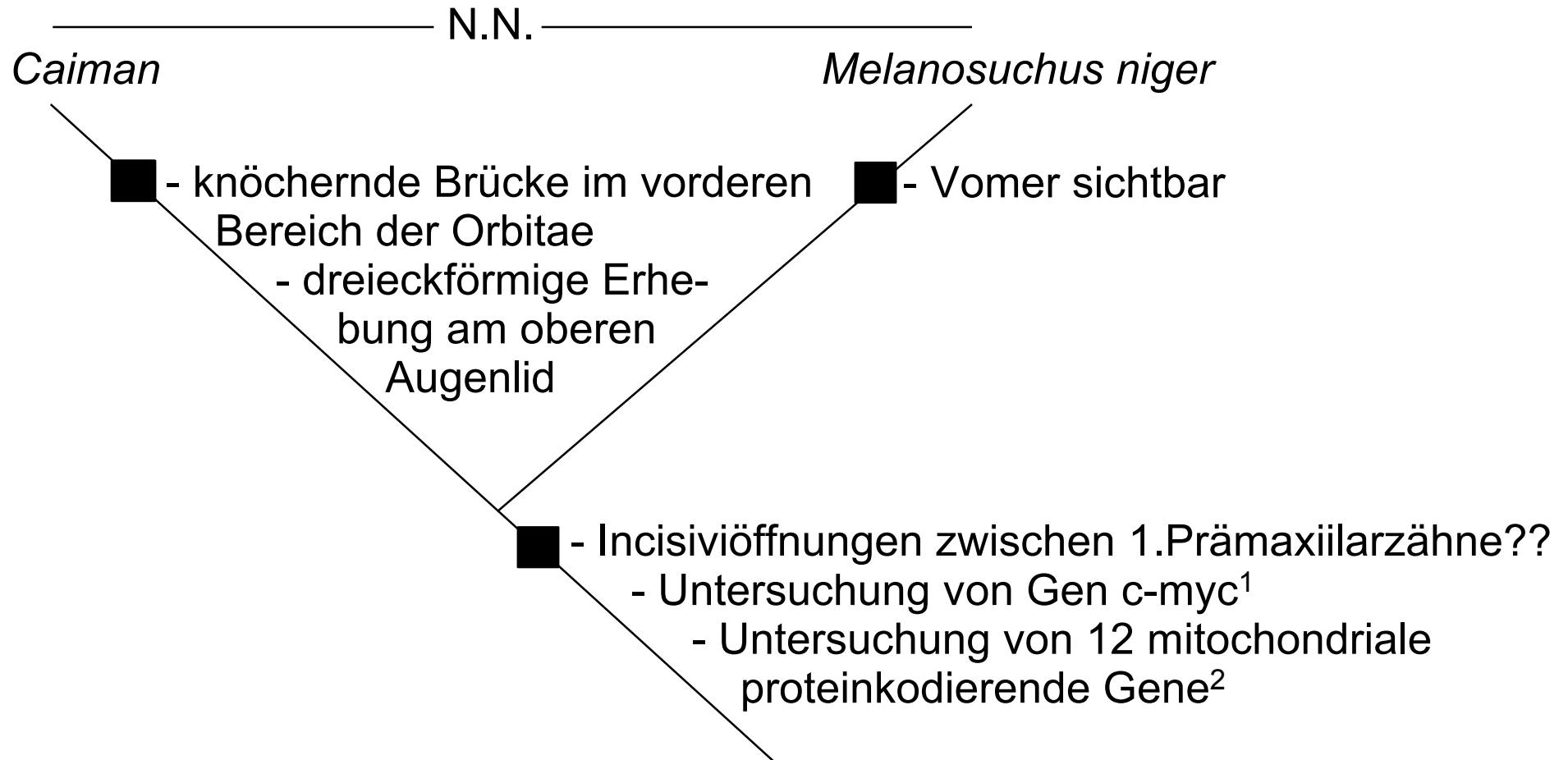
Caimaninae



¹ Harshman, J., C. J. Huddleston, et al. (2003). True and False Gharials: A Nuclear Gene Phylogeny of Crocodylia. *Systematic Biol.* 52: 386-402.

² Man, Z., W. Yishu, et al. (2011). Crocodylian phylogeny inferred from twelve mitochondrial protein-coding genes, with new complete mitochondrial genomic sequences for *Crocodylus acutus* and *Crocodylus novaeguineae*. *Mol Phylogenet Evol.* 60: 62-67.

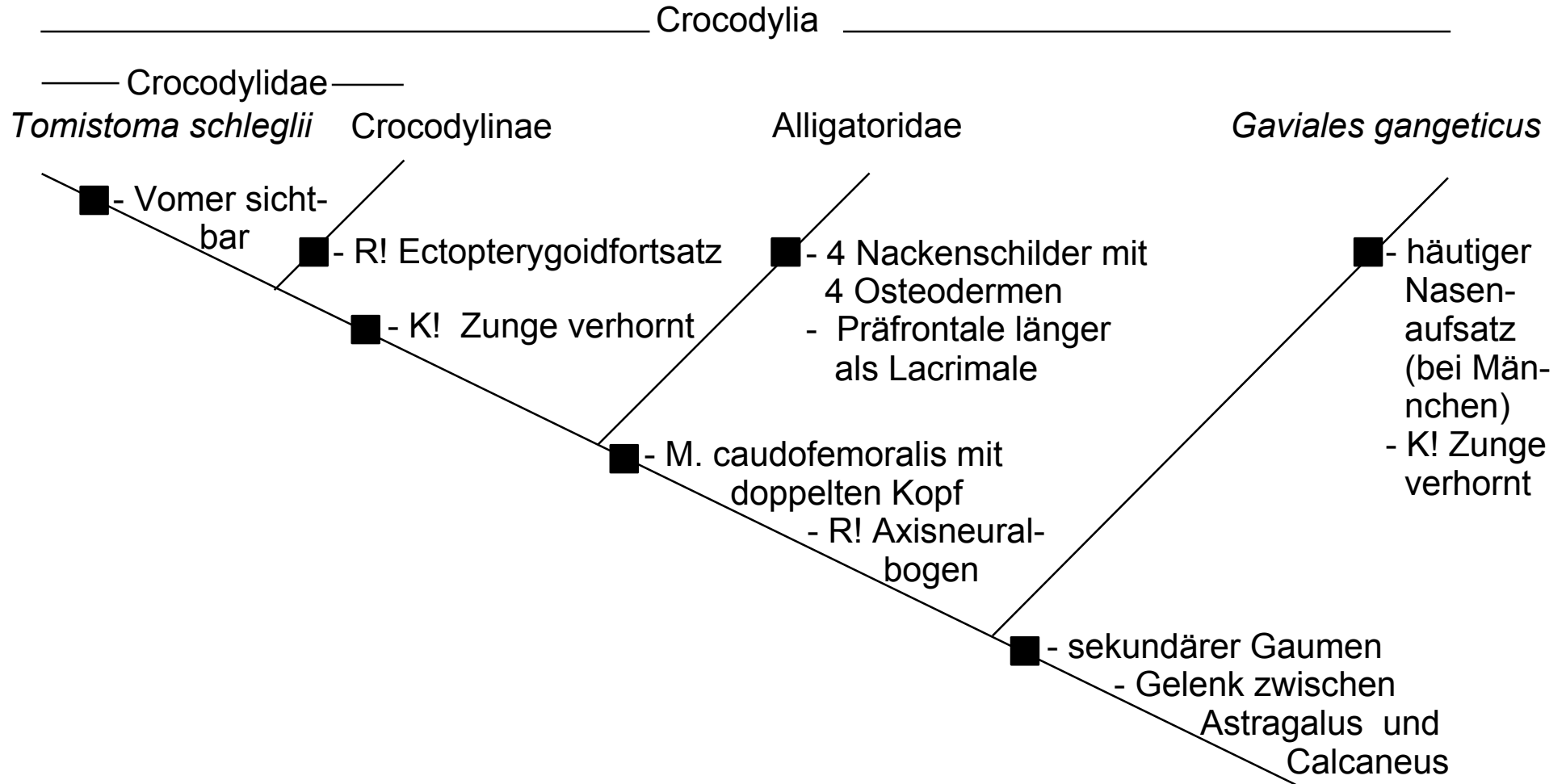
N.N. (*Caiman* + *Melanosuchus niger*)



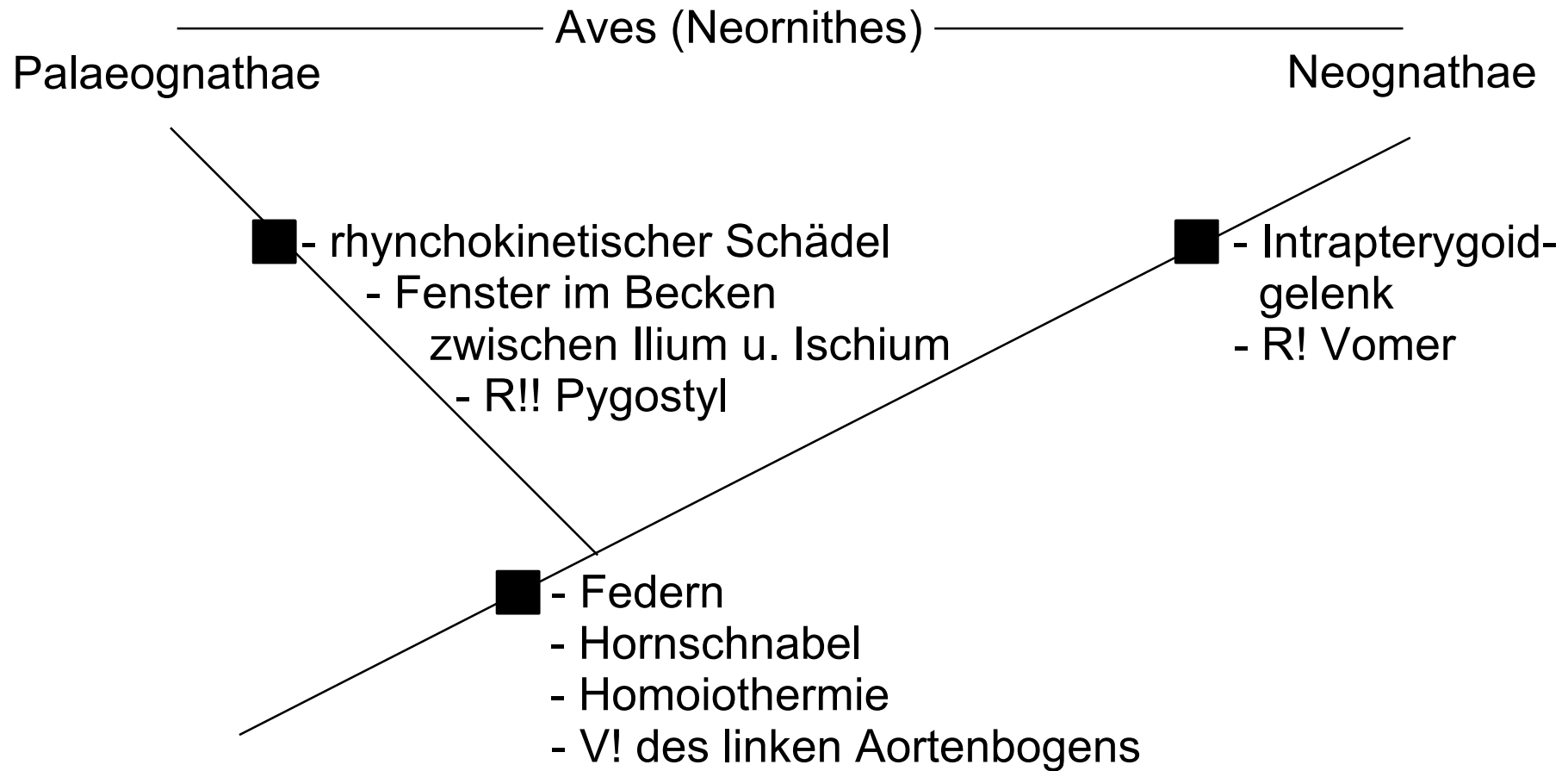
¹ Harshman, J., C. J. Huddleston, et al. (2003). True and False Gharials: A Nuclear Gene Phylogeny of Crocodylia. *Systematic Biol.* 52: 386-402.

² Man, Z., W. Yishu, et al. (2011). Crocodylian phylogeny inferred from twelve mitochondrial protein-coding genes, with new complete mitochondrial genomic sequences for *Crocodylus acutus* and *Crocodylus novaeguineae*. *Mol Phylogenet Evol.* 60: 62-67.

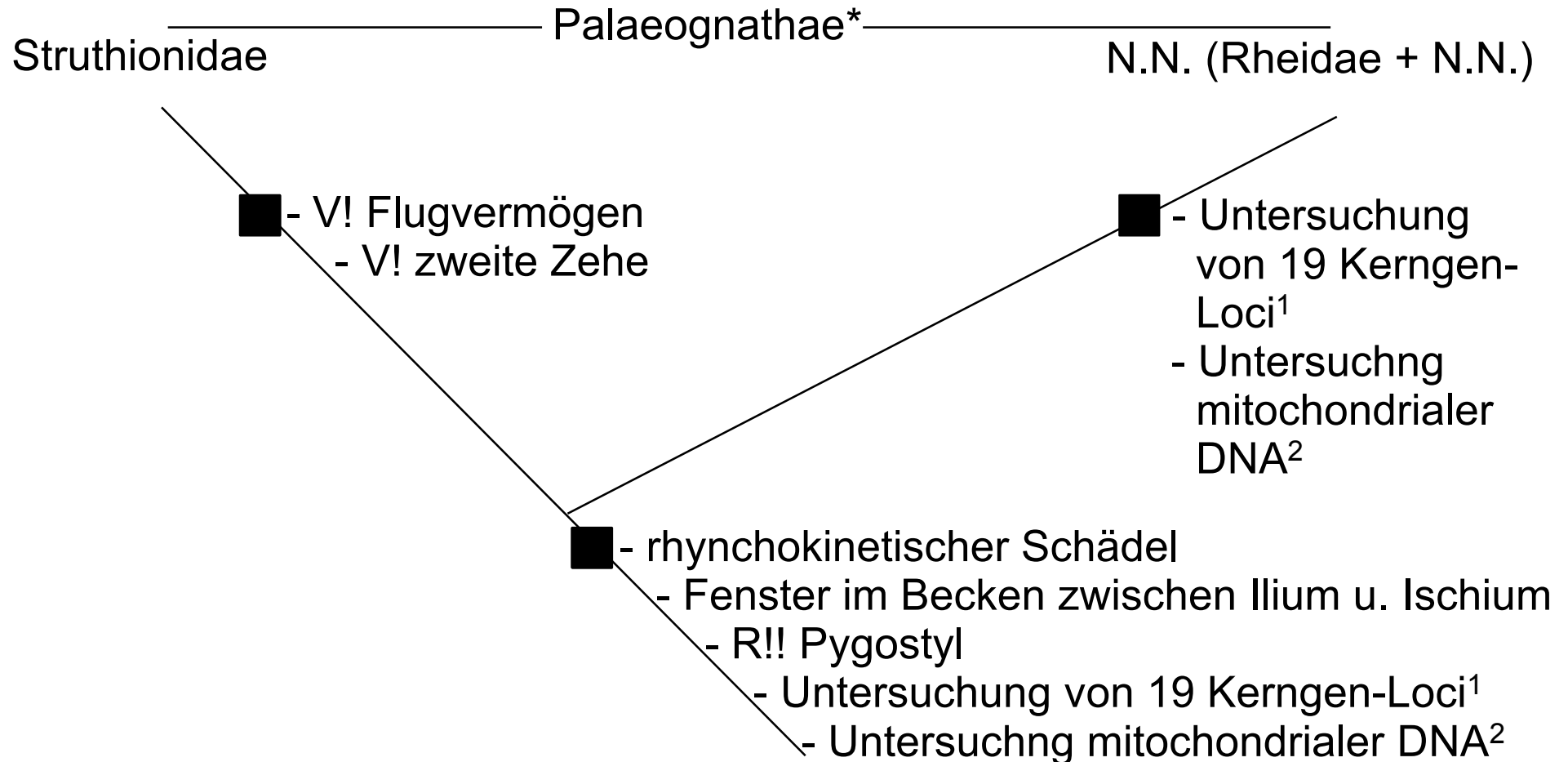
Crocodylia-Alternative



Aves



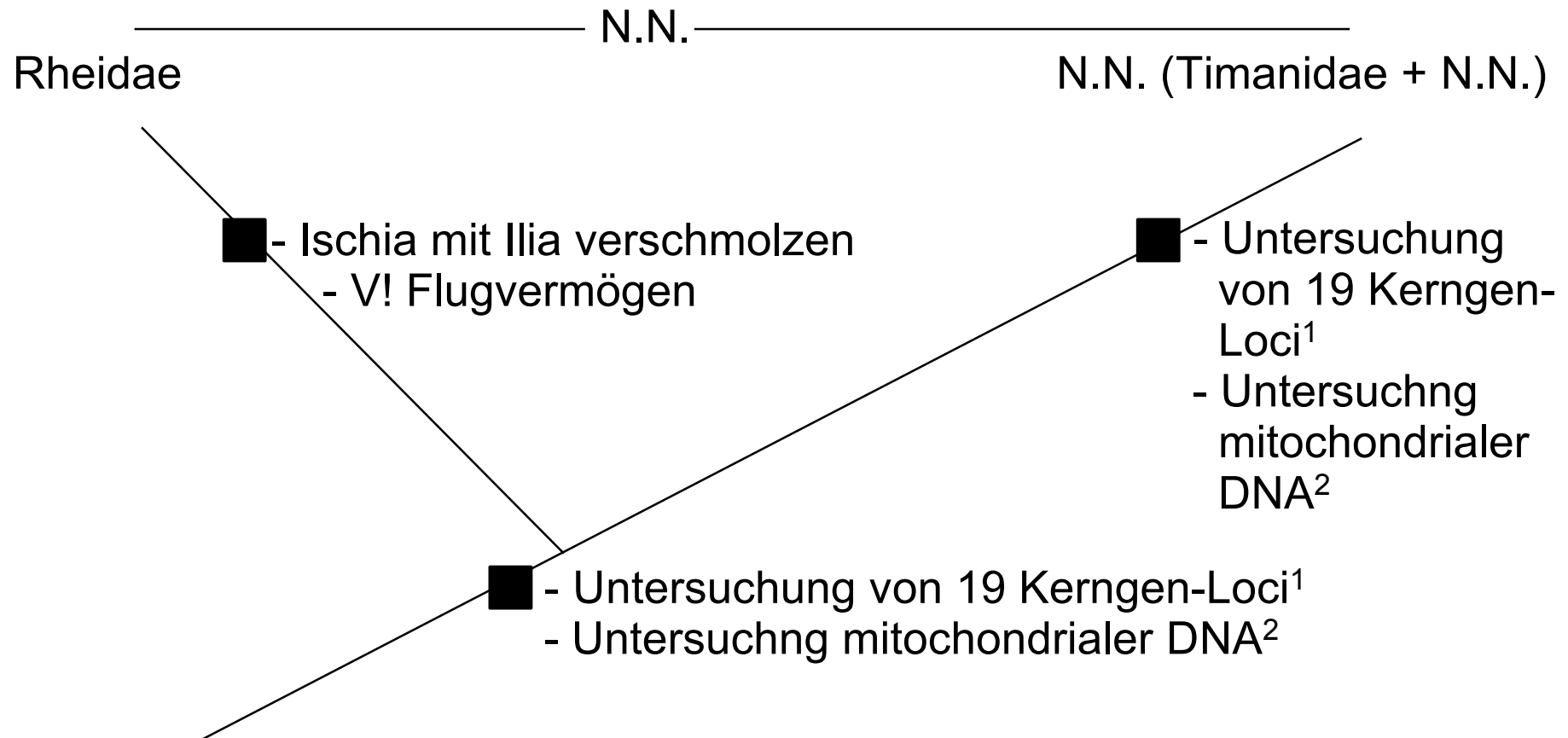
Palaeognathae



¹ Harshman, J., E. L. Braun, et al. (2008). Phylogenomic evidence for multiple losses of flight in ratite birds. *Proc Natl Acad Sci USA*. **105**: 13462-13467.

² Phillips, M., G. Gibb, et al. (2010). Tinamous and Moa Flock Together: Mitochondrial Genome Sequence Analysis Reveals Independent Losses of Flight among Ratites. *Systematic Biol.* **59**: 90-107.

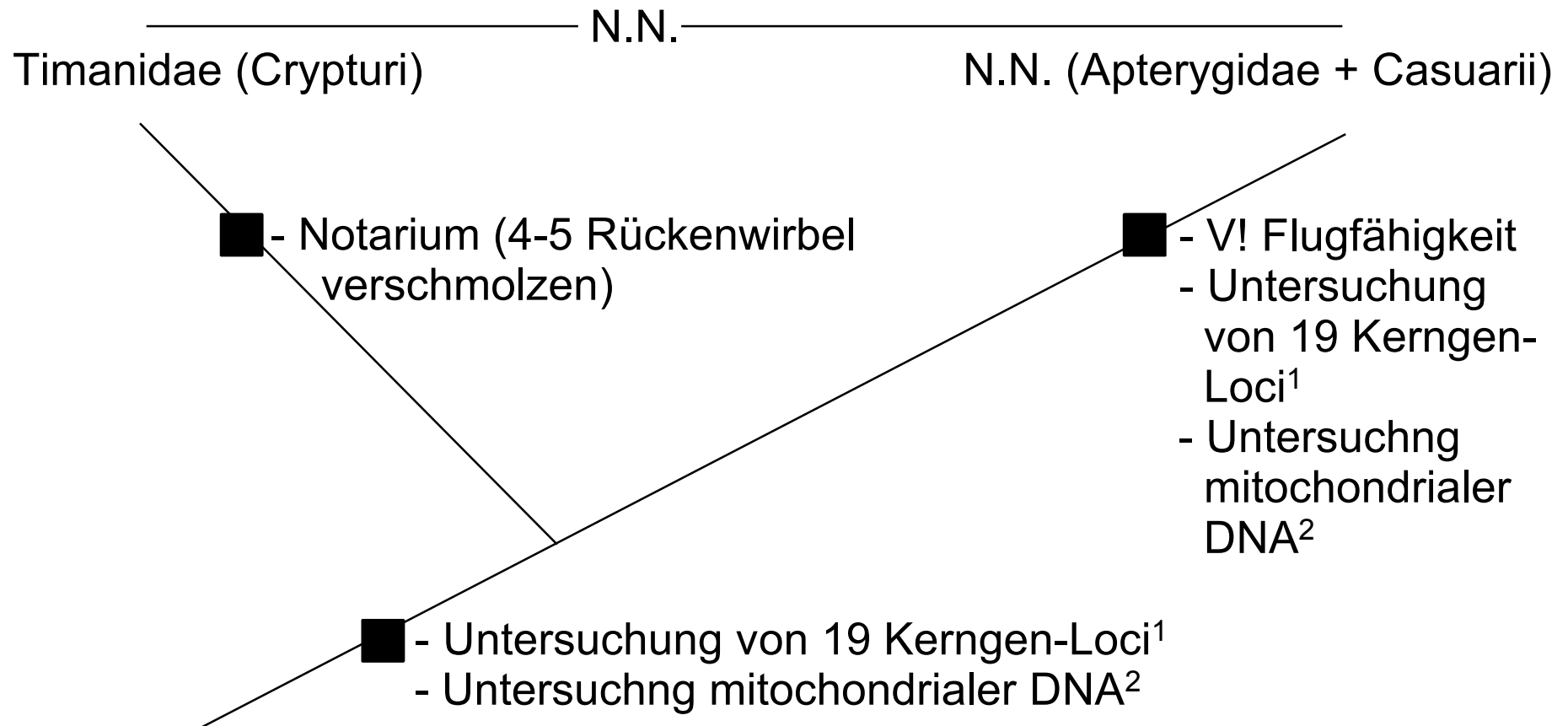
N.N. (Rheidae + N.N.)



¹ Harshman, J., E. L. Braun, et al. (2008). Phylogenomic evidence for multiple losses of flight in ratite birds. *Proc Natl Acad Sci USA*. **105**: 13462-13467.

² Phillips, M., G. Gibb, et al. (2010). Tinamous and Moa Flock Together: Mitochondrial Genome Sequence Analysis Reveals Independent Losses of Flight among Ratites. *Systematic Biol.* **59**: 90-107.

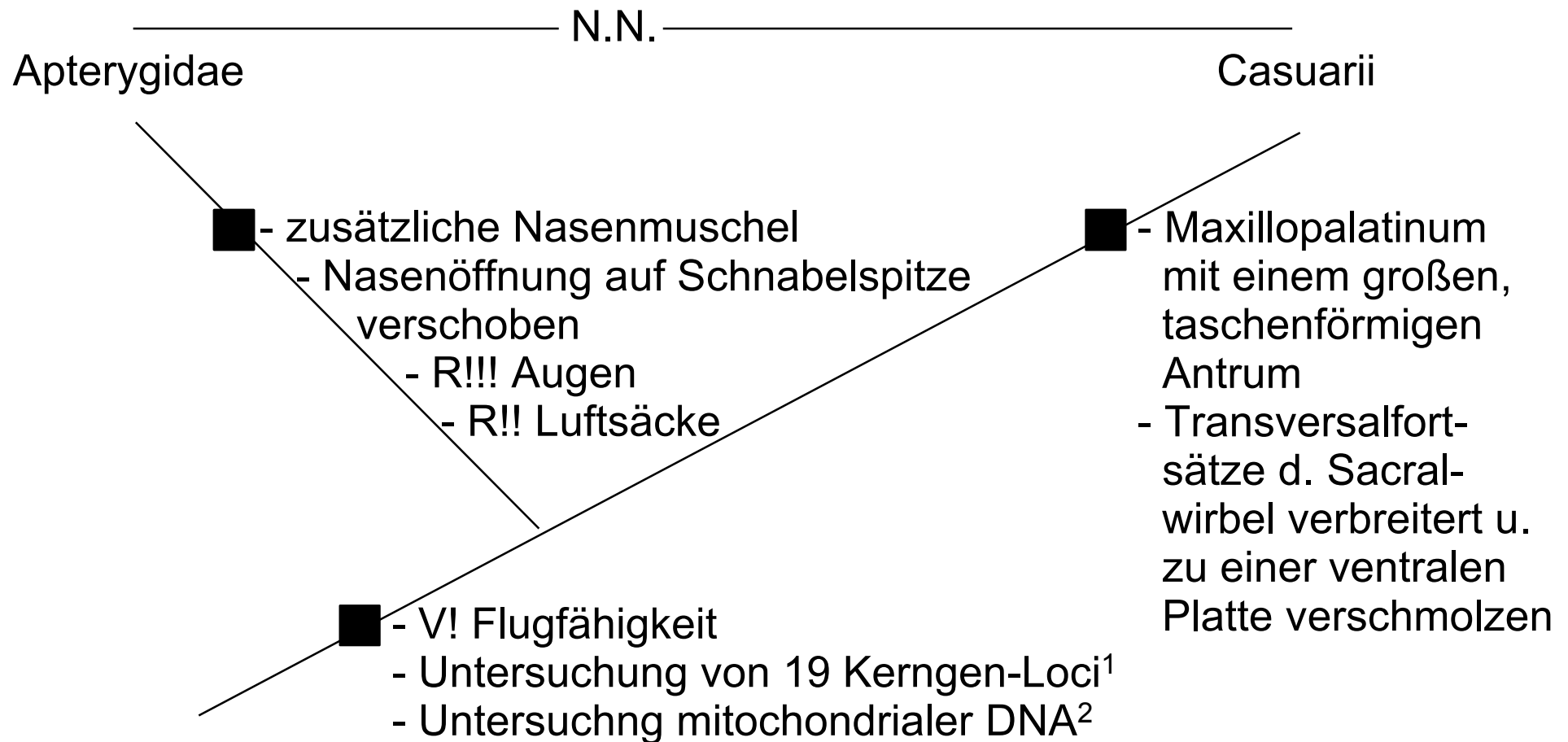
N.N. (Timanidae + N.N.)



¹ Harshman, J., E. L. Braun, et al. (2008). Phylogenomic evidence for multiple losses of flight in ratite birds. *Proc Natl Acad Sci USA*. **105**: 13462-13467.

² Phillips, M., G. Gibb, et al. (2010). Tinamous and Moa Flock Together: Mitochondrial Genome Sequence Analysis Reveals Independent Losses of Flight among Ratites. *Systematic Biol.* **59**: 90-107.

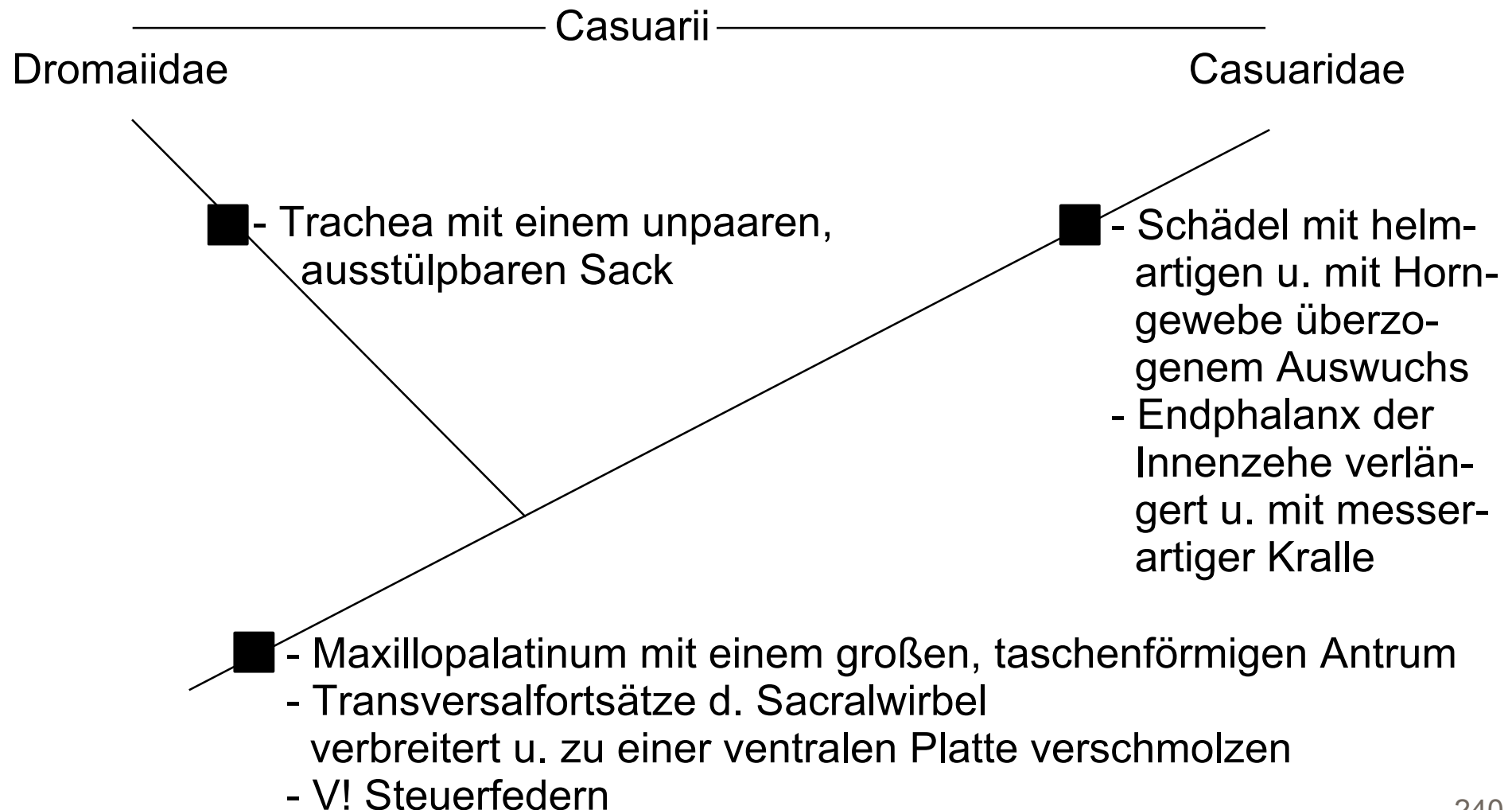
N.N. (Apterygidae + Casuarii)



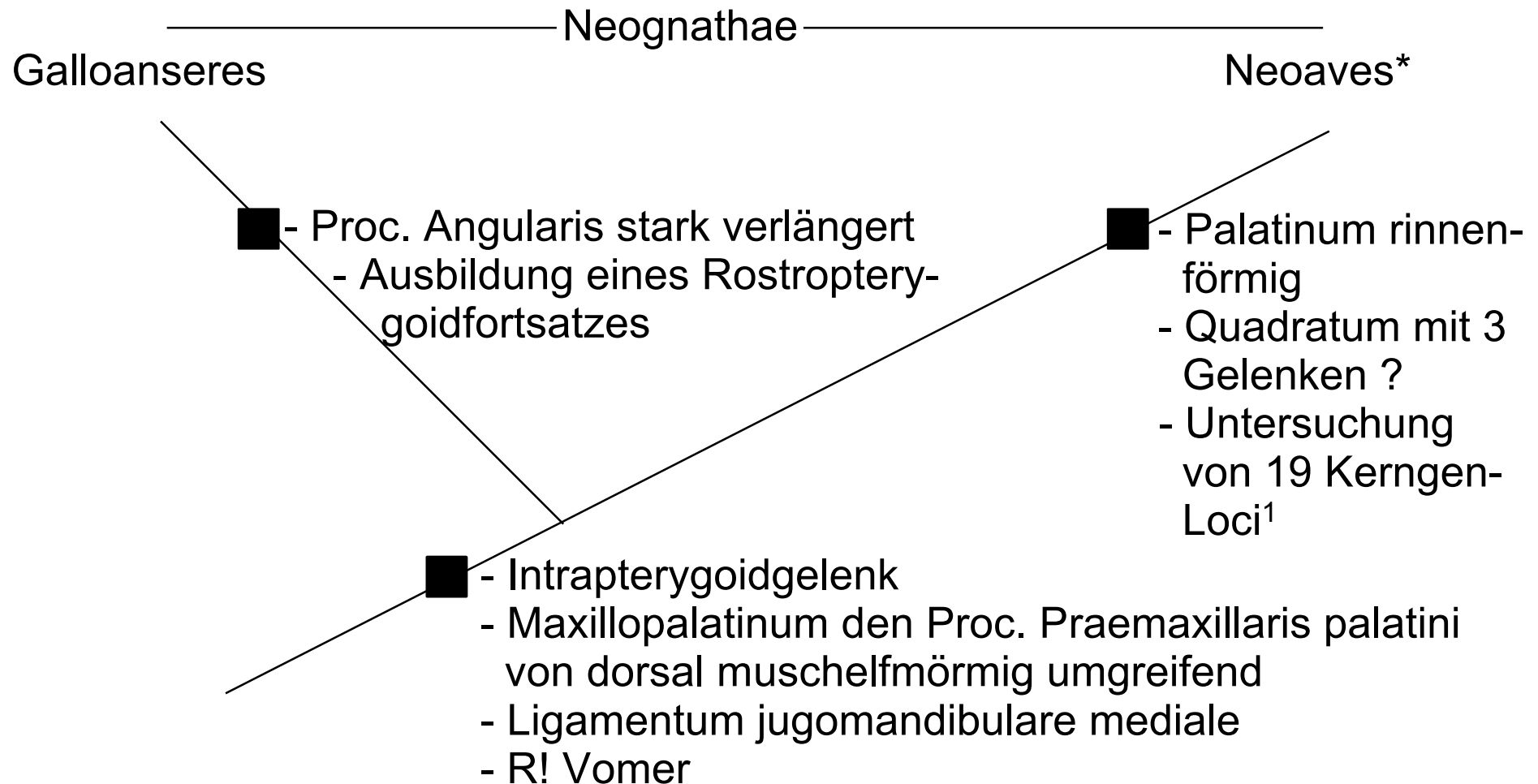
¹ Harshman, J., E. L. Braun, et al. (2008). Phylogenomic evidence for multiple losses of flight in ratite birds. *Proc Natl Acad Sci USA*. **105**: 13462-13467.

² Phillips, M., G. Gibb, et al. (2010). Tinamous and Moa Flock Together: Mitochondrial Genome Sequence Analysis Reveals Independent Losses of Flight among Ratites. *Systematic Biol.* **59**: 90-107.

Casuarii

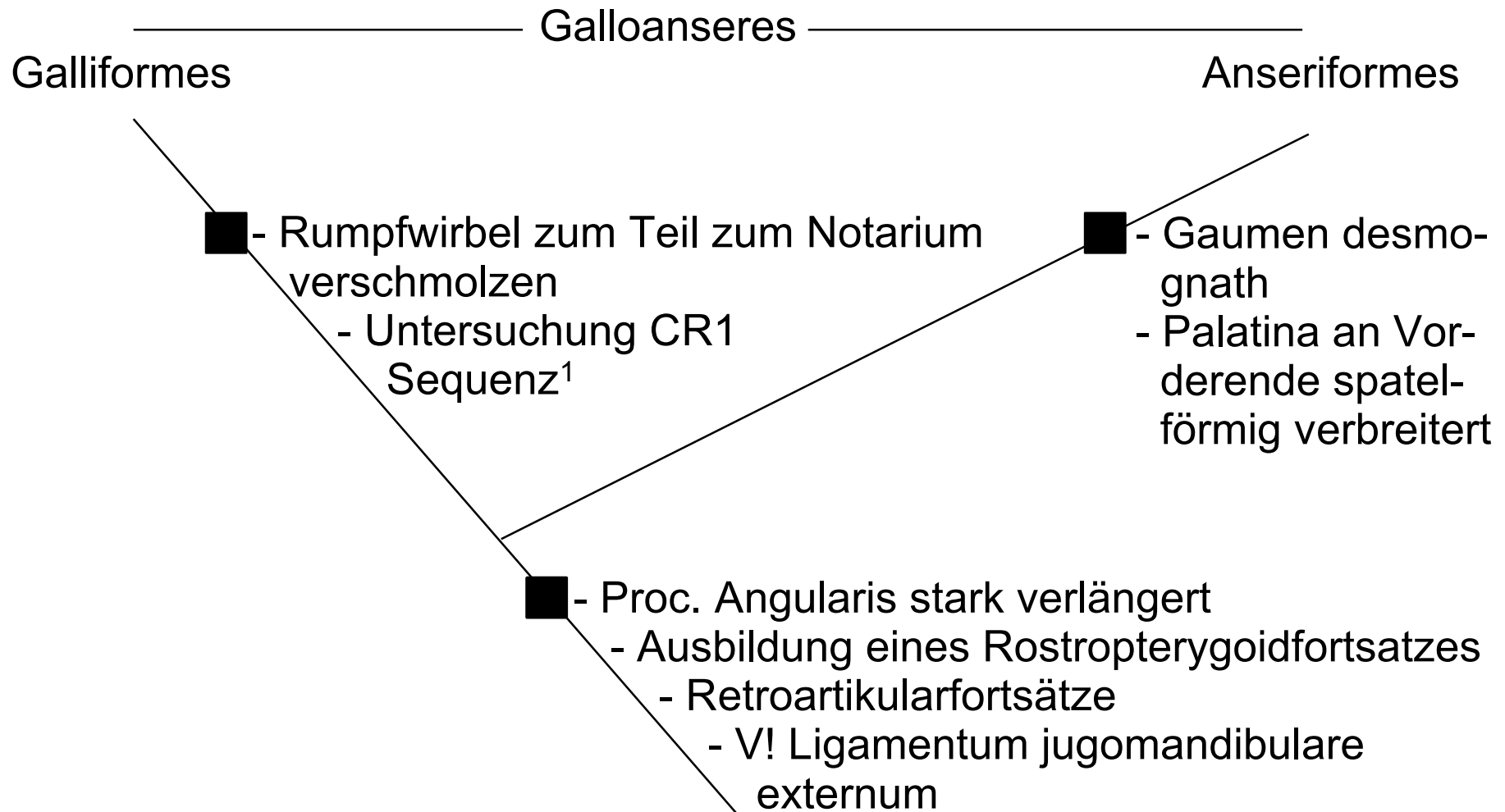


Neognathae



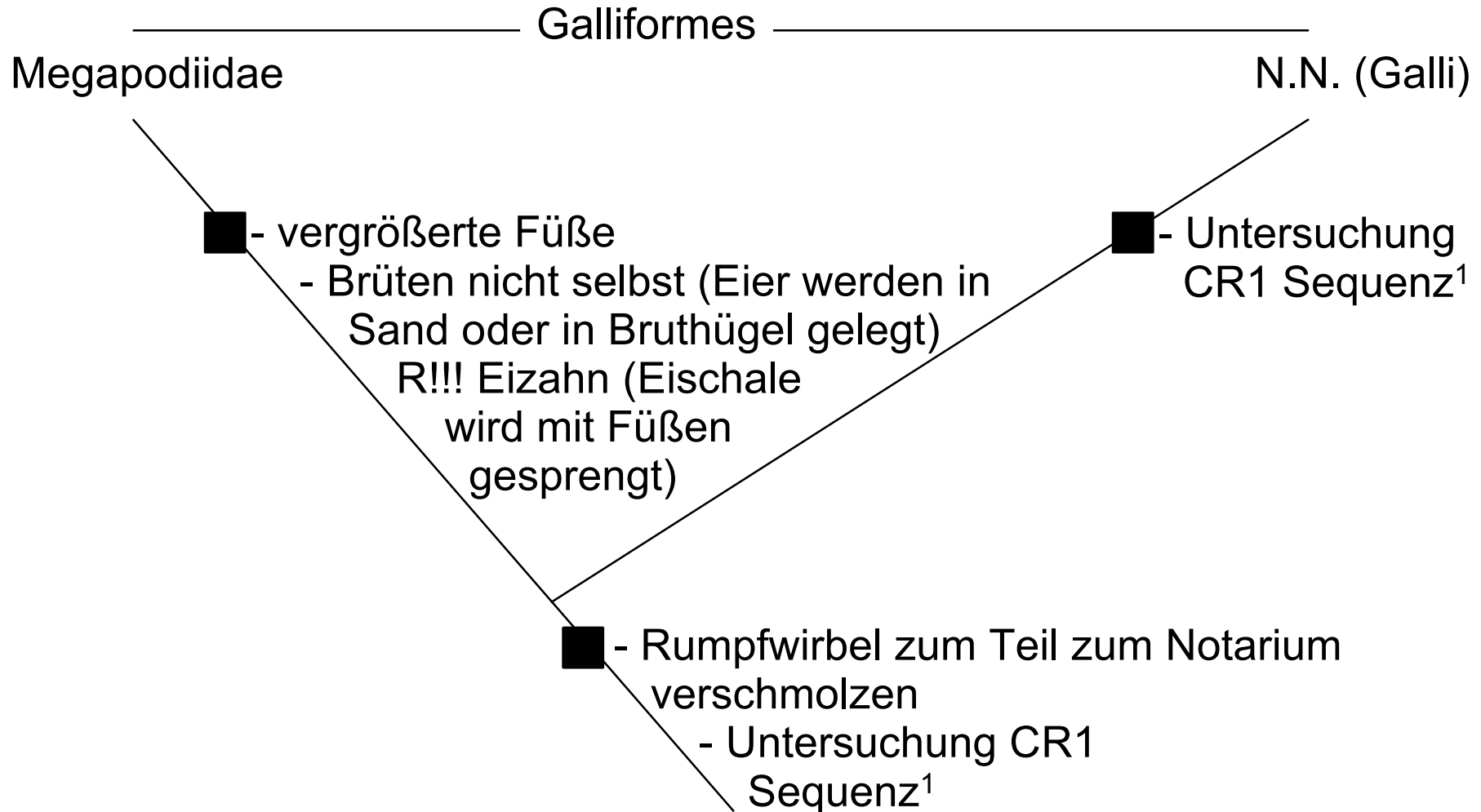
¹ Harshman, J., E. L. Braun, et al. (2008). Phylogenomic evidence for multiple losses of flight in ratite birds. *Proc Natl Acad Sci USA*. **105**: 13462-13467.

Galloanseres



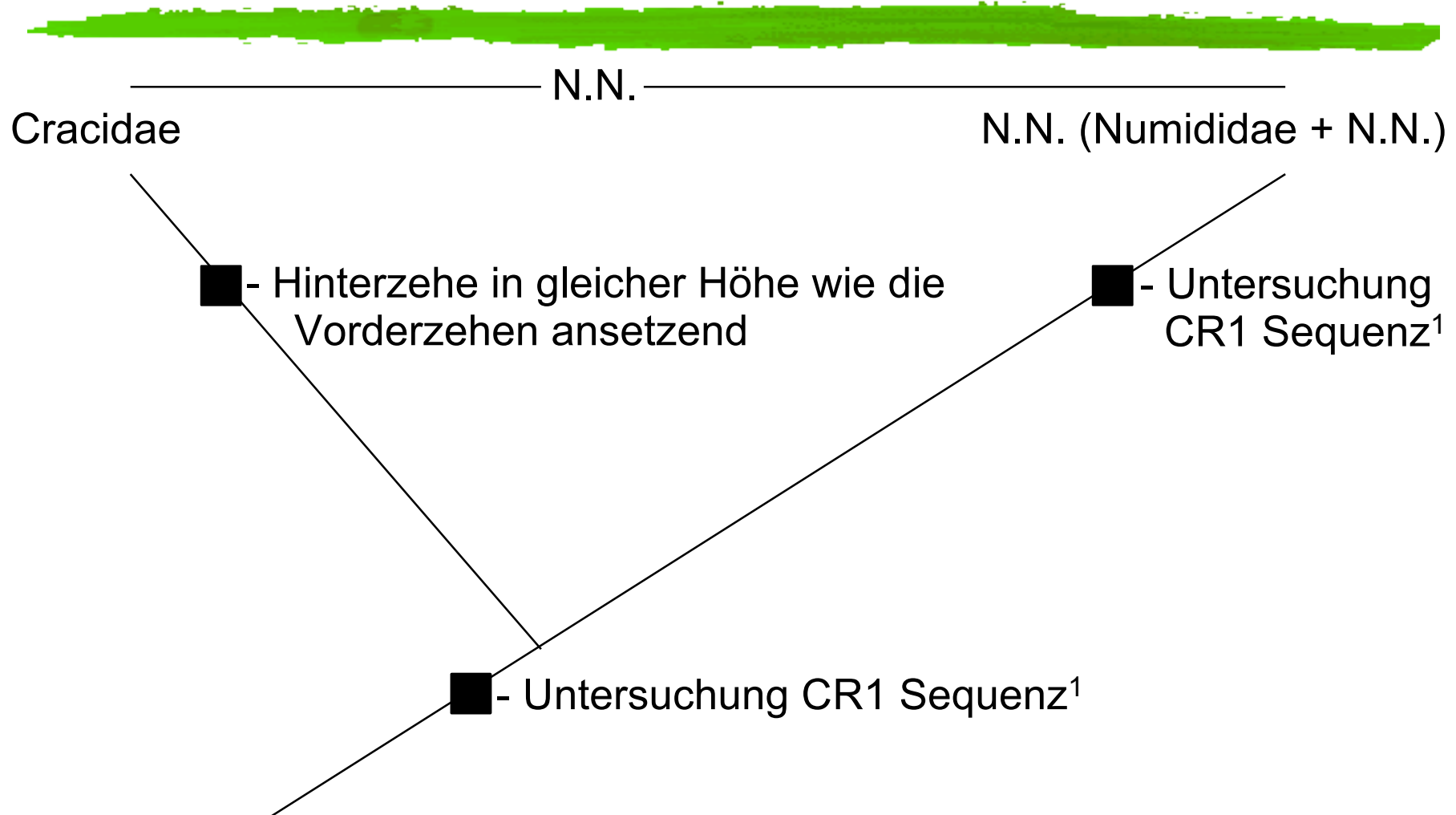
¹ Kriegs, J., A. Matzke, et al. (2007). Waves of genomic hitchhikers shed light on the evolution of gamebirds (Aves: Galliformes). *BMC Evol Biol.* 7: 190.

Galliformes



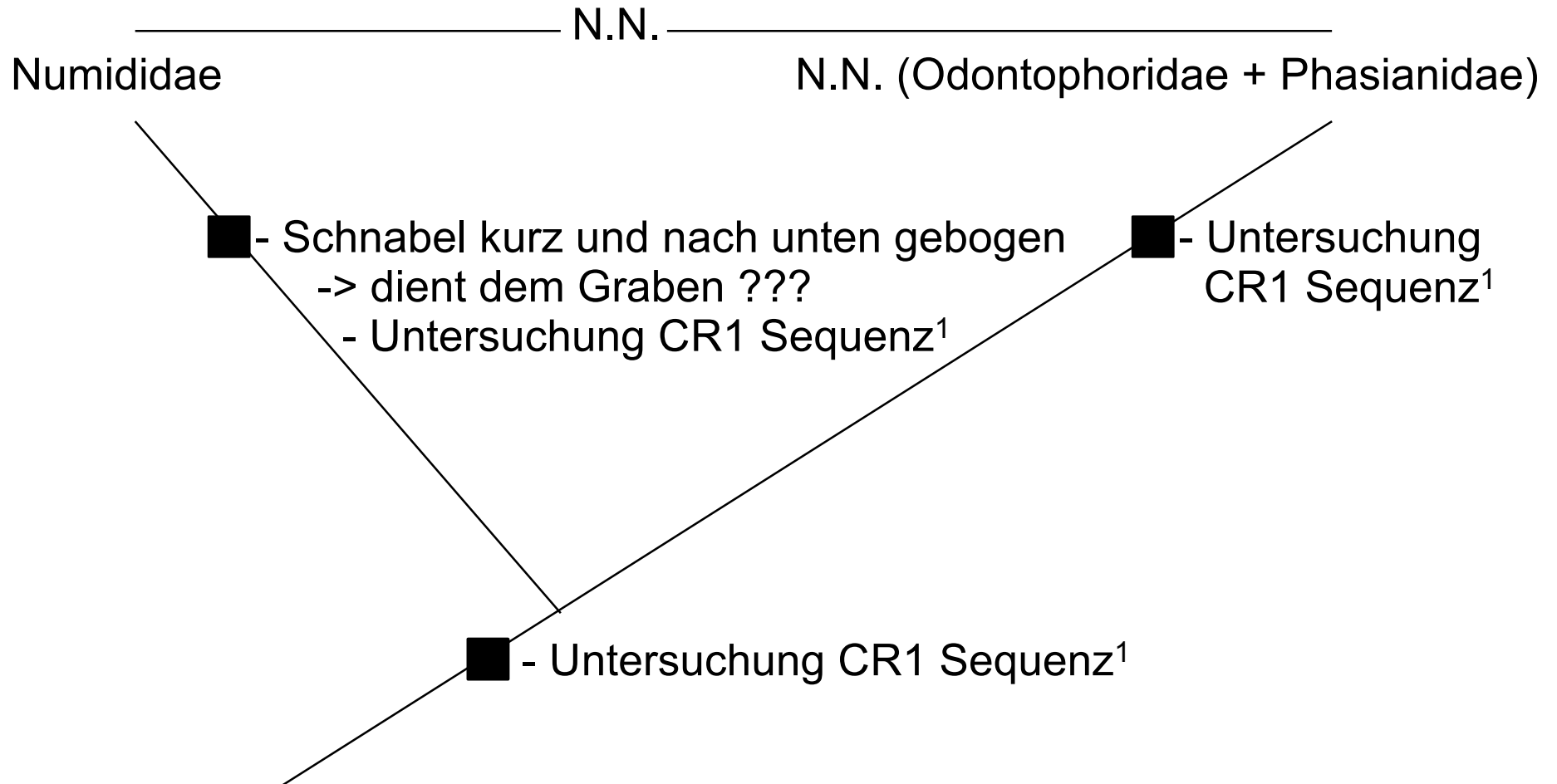
¹ Kriegs, J., A. Matzke, et al. (2007). Waves of genomic hitchhikers shed light on the evolution of gamebirds (Aves: Galliformes). *BMC Evol Biol.* 7: 190.

N.N. (Galli)



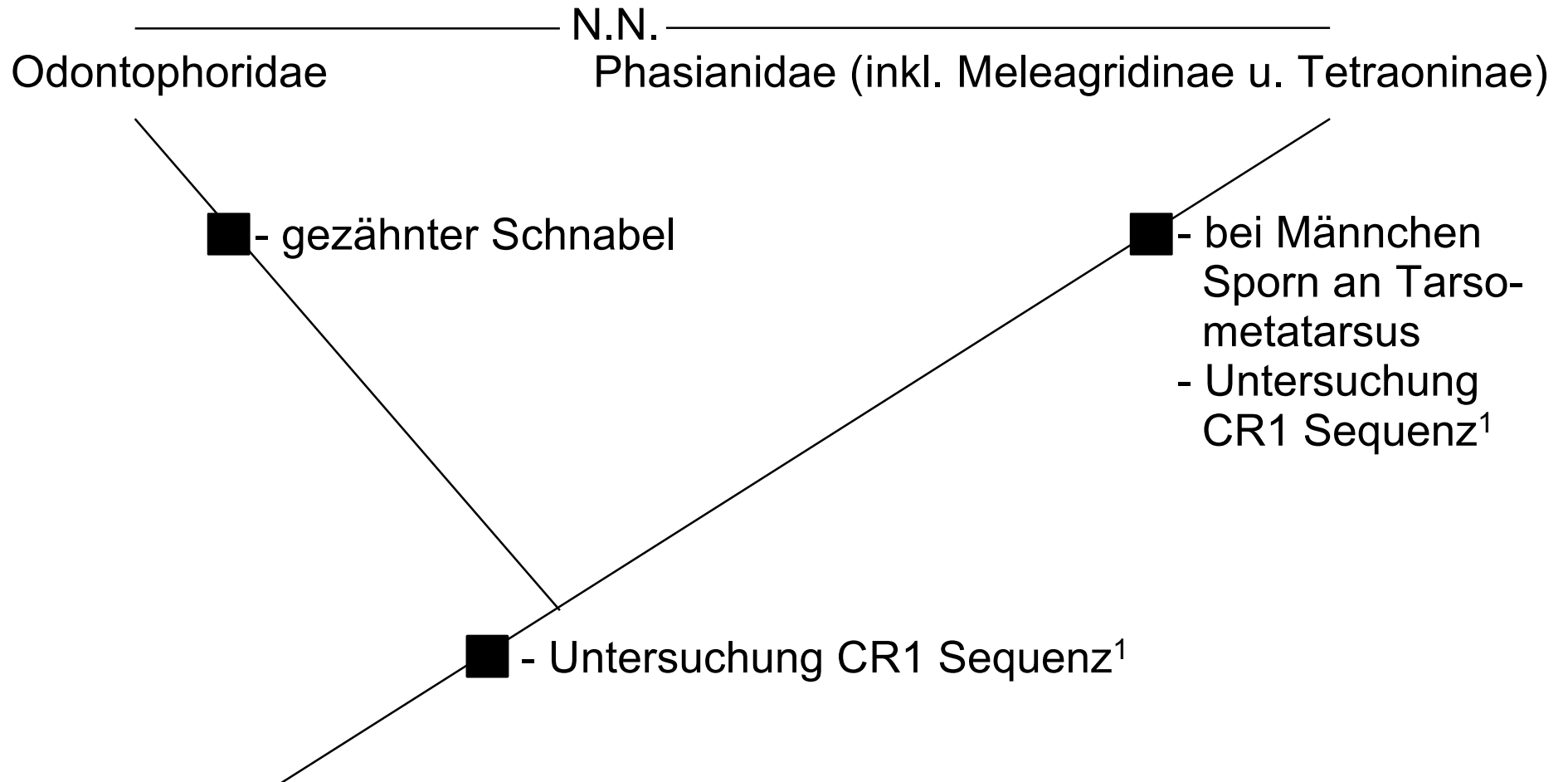
¹ Kriegs, J., A. Matzke, et al. (2007). Waves of genomic hitchhikers shed light on the evolution of gamebirds (Aves: Galliformes). *BMC Evol Biol.* 7: 190.

N.N. (Numididae + N.N.)



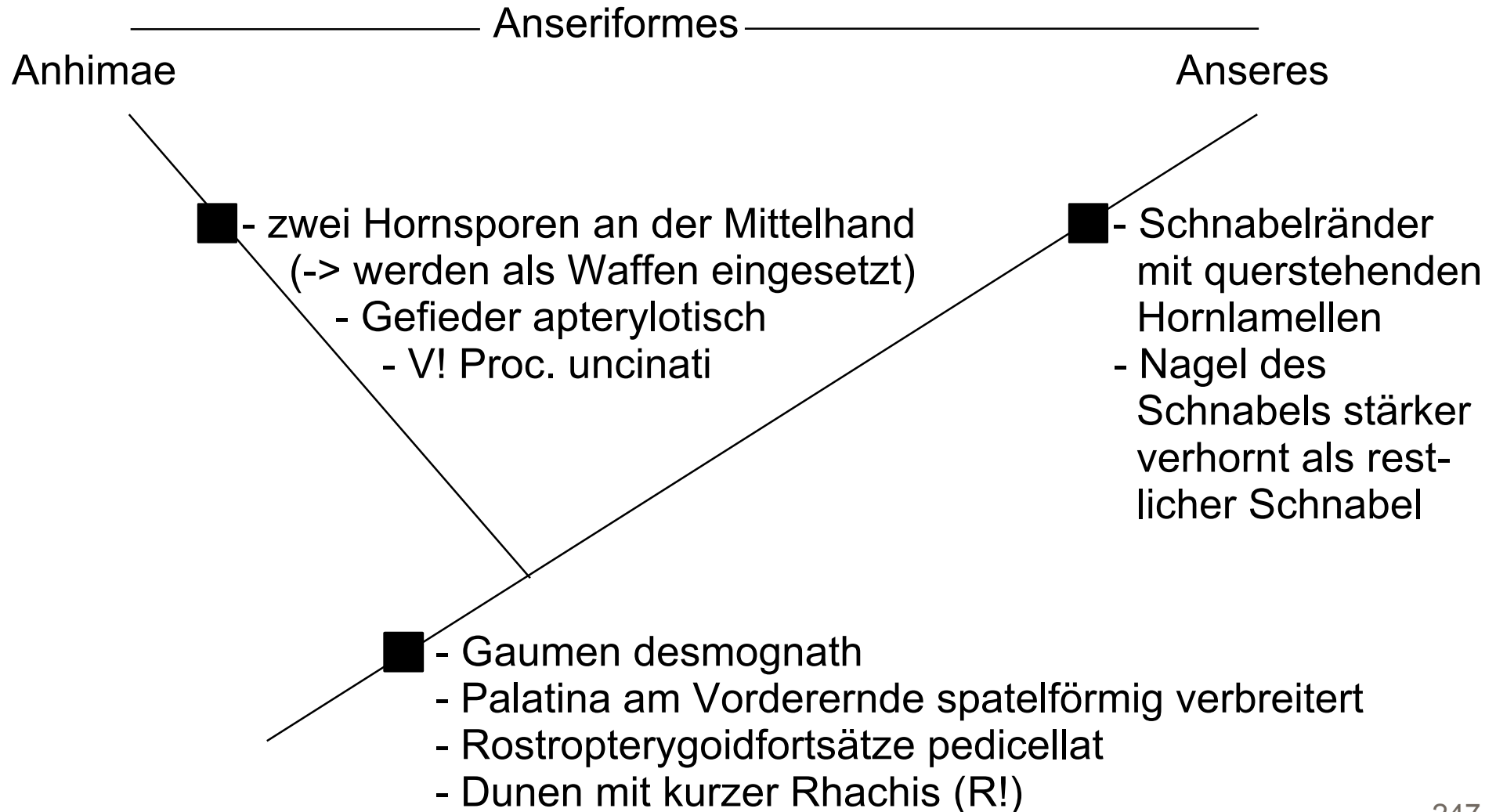
¹ Kriegs, J., A. Matzke, et al. (2007). Waves of genomic hitchhikers shed light on the evolution of gamebirds (Aves: Galliformes). *BMC Evol Biol.* 7: 190.

N.N. (Odontophoridae + Phasianidae)

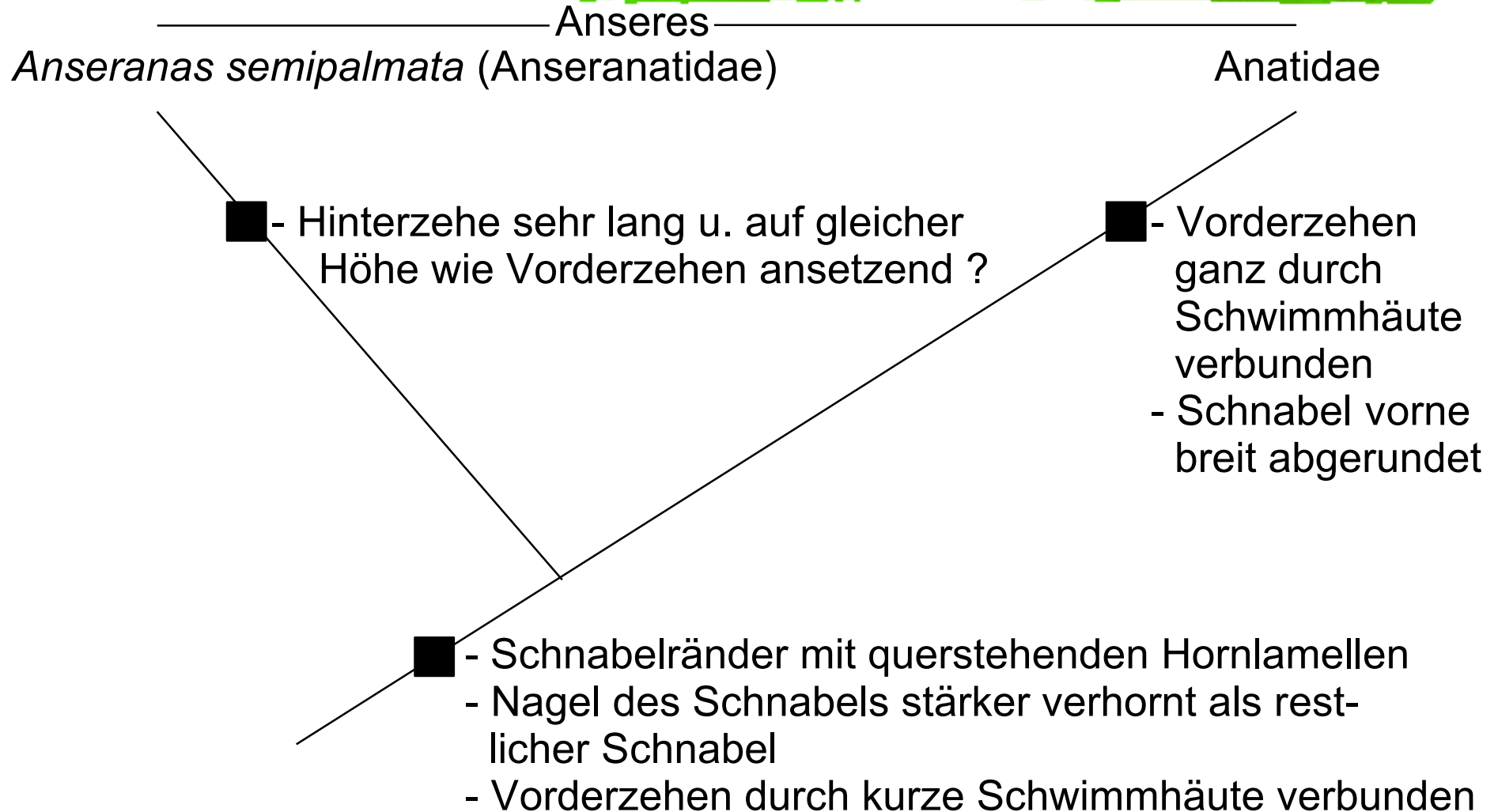


¹ Kriegs, J., A. Matzke, et al. (2007). Waves of genomic hitchhikers shed light on the evolution of gamebirds (Aves: Galliformes). *BMC Evol Biol.* 7: 190.

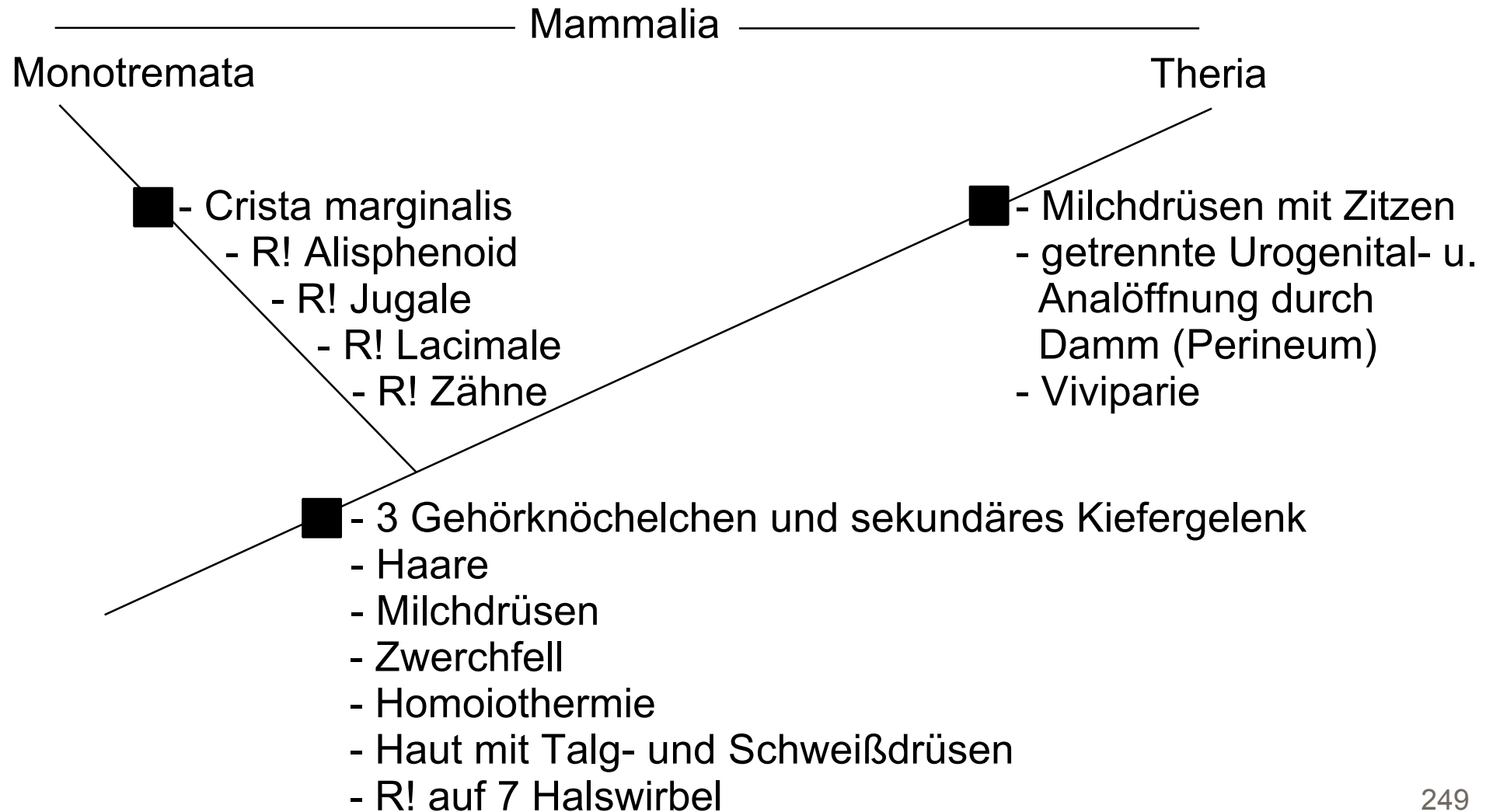
Anseriformes



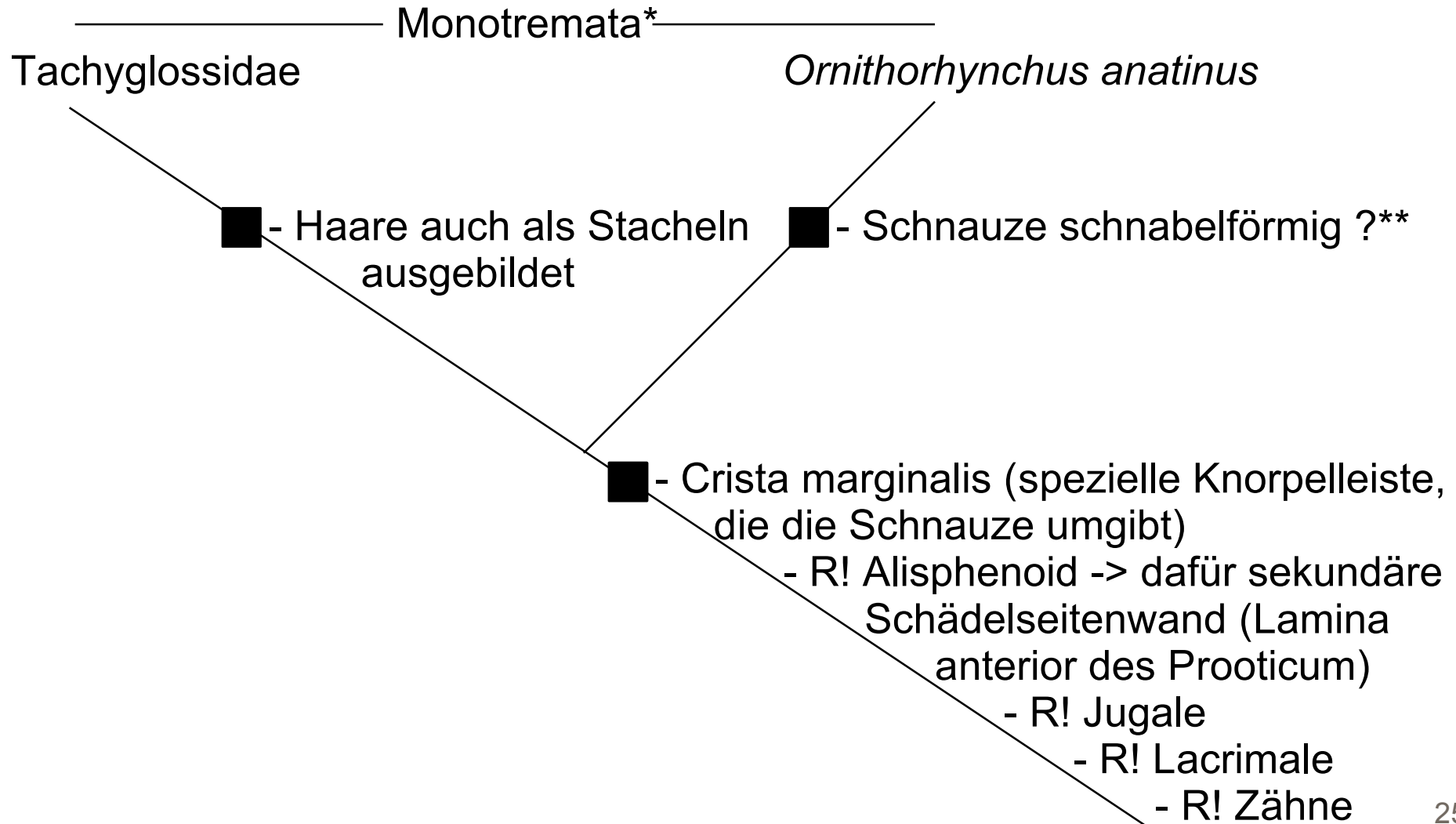
Anseres



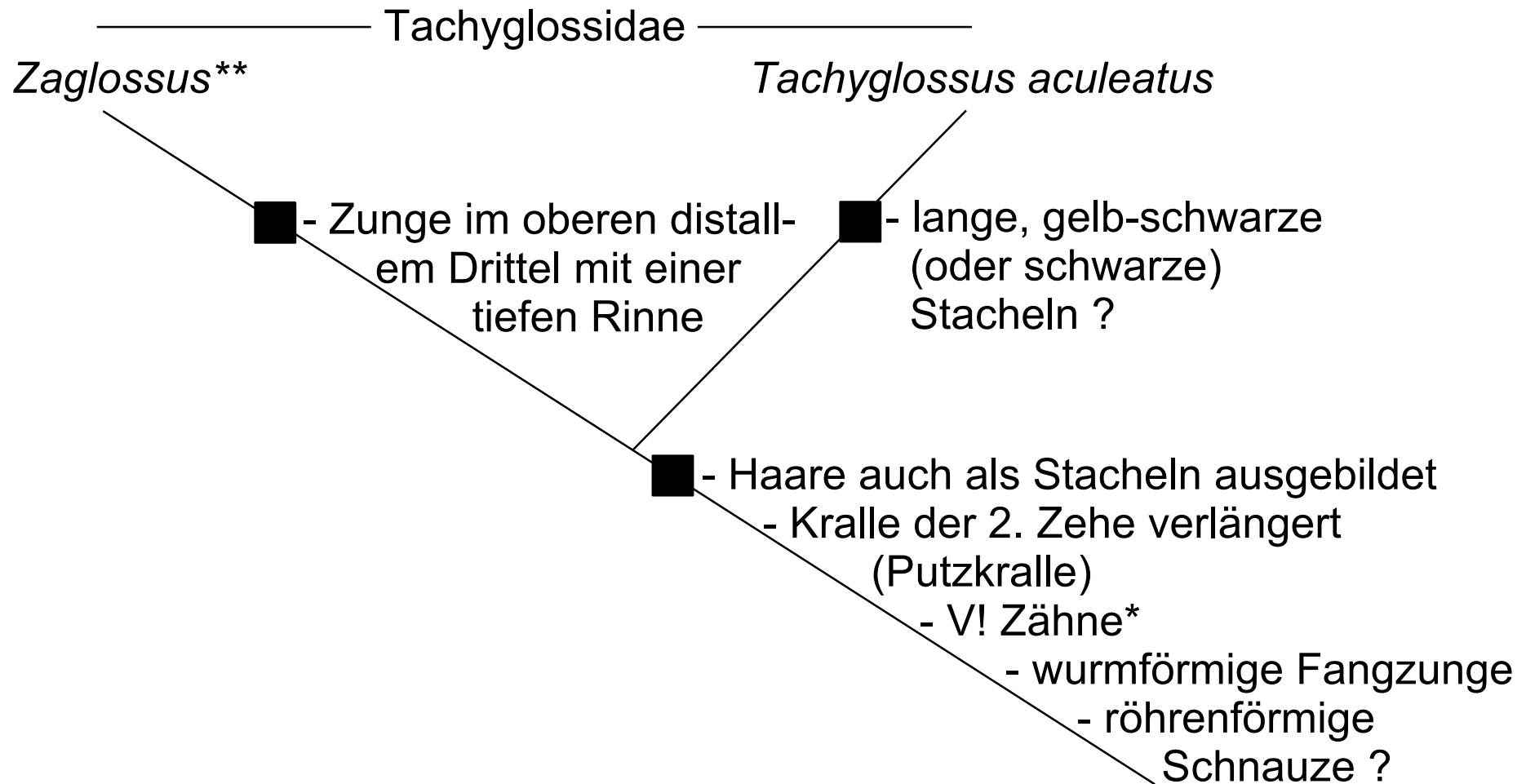
Mammalia



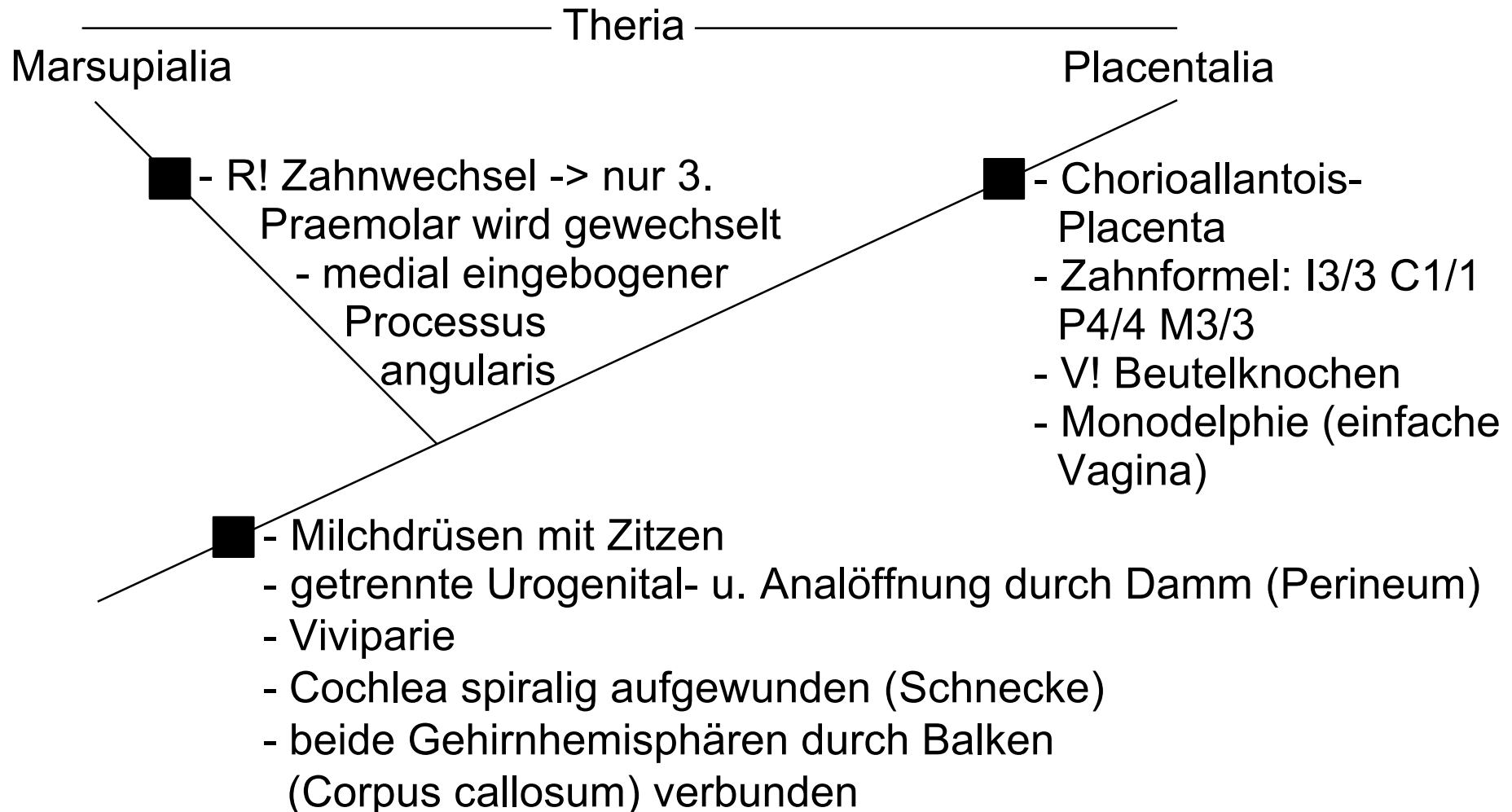
Monotremata



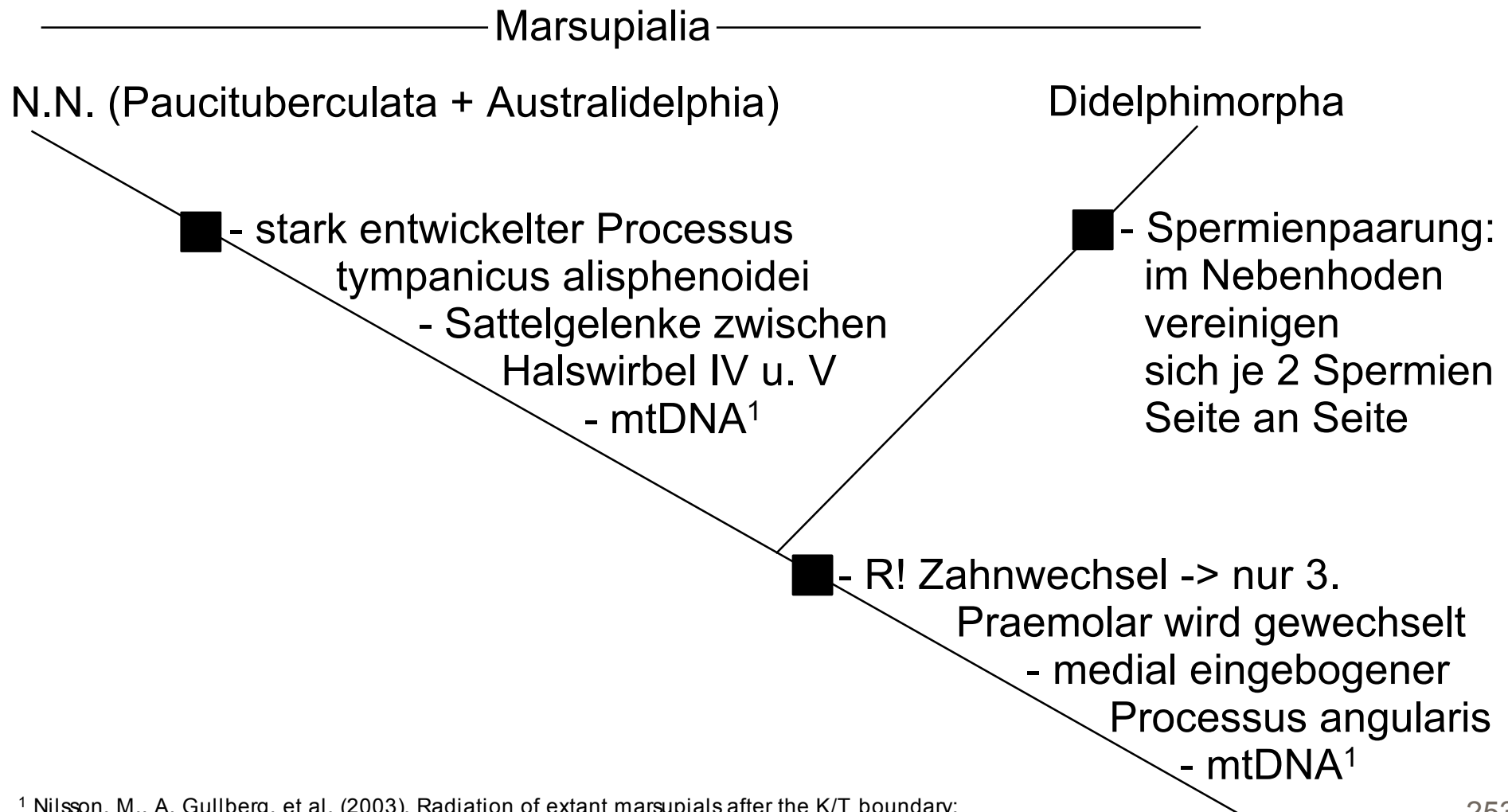
Tachyglossidae



Theria

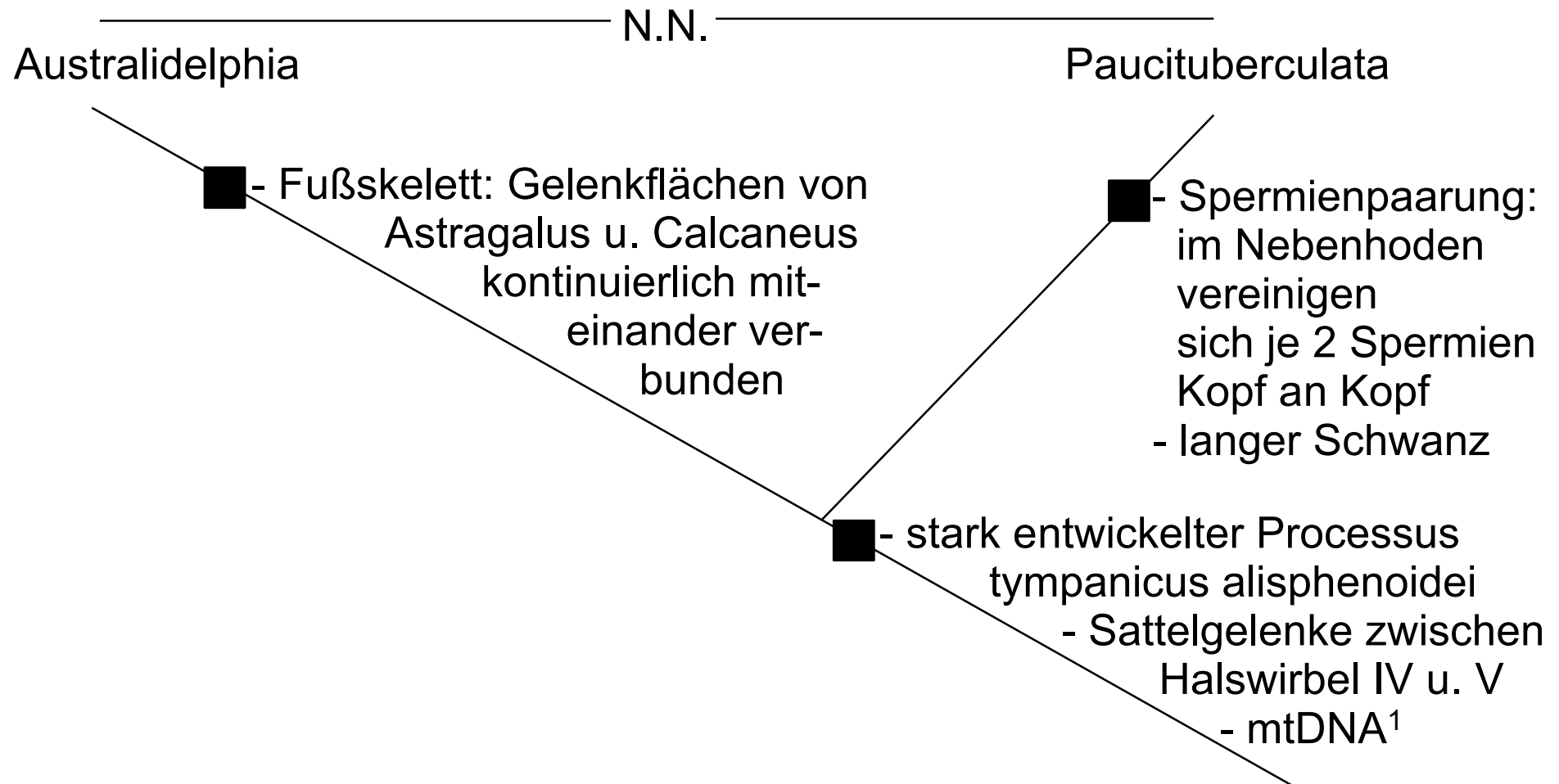


Marsupialia



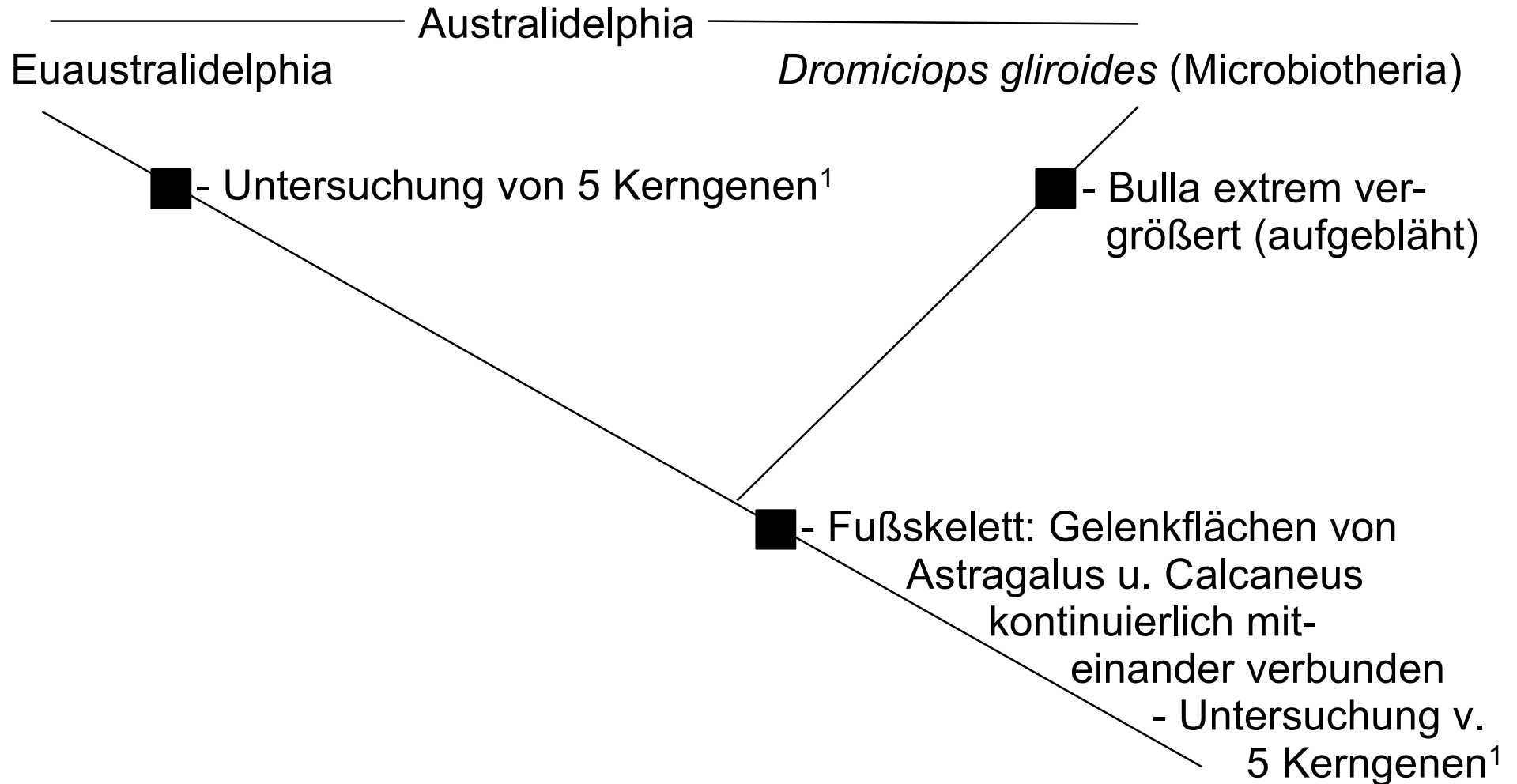
¹ Nilsson, M., A. Gullberg, et al. (2003). Radiation of extant marsupials after the K/T boundary: evidence from complete mitochondrial genomes. *J Mol Evol.* **57**: 3-12.

N.N. (Paucituberculata + Australidelphia)



¹ Nilsson, M., A. Gullberg, et al. (2003). Radiation of extant marsupials after the K/T boundary: evidence from complete mitochondrial genomes. *J Mol Evol.* **57**: 3-12.

Australidelphia



¹ Amrine-Madsen, H., M. Scally, et al. (2003). Nuclear gene sequences provide evidence for the monophyly of australidelphian marsupials. *Mol Phylogenet Evol.* **28**: 186-196

Euaustralidelphia



Euaustralidelphia

N.N. (Peramelemorphia + N.N.)

Diprotodontia

■ - Untersuchung von 5 Kerngenen¹

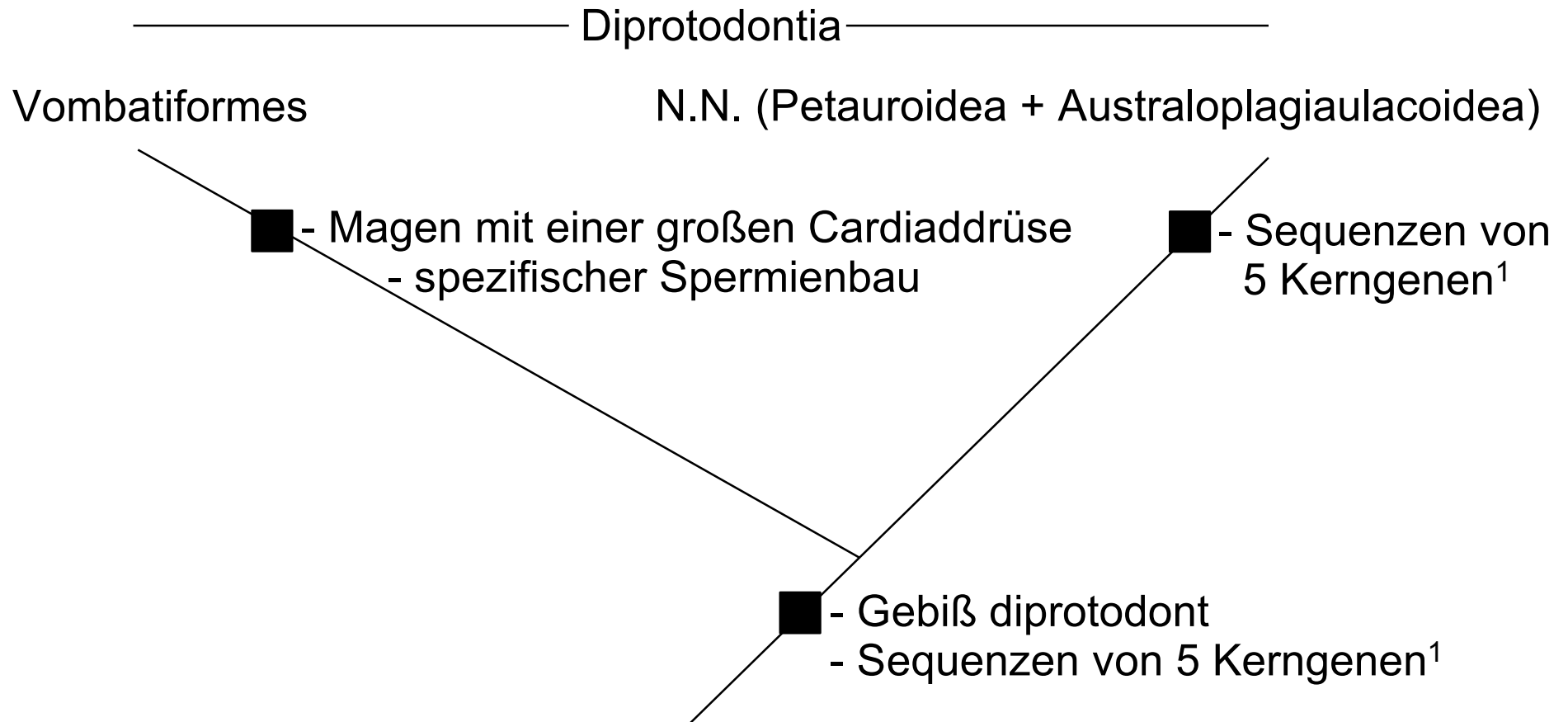
■ - Gebiß diprotodont
- Sequenzen von
5 Kerngenen²

■ - Untersuchung von 5 Kerngenen¹

¹ Amrine-Madsen, H., M. Scally, et al. (2003). Nuclear gene sequences provide evidence for the monophyly of australidelphian marsupials. *Mol Phylogenet Evol.* **28**: 186-196

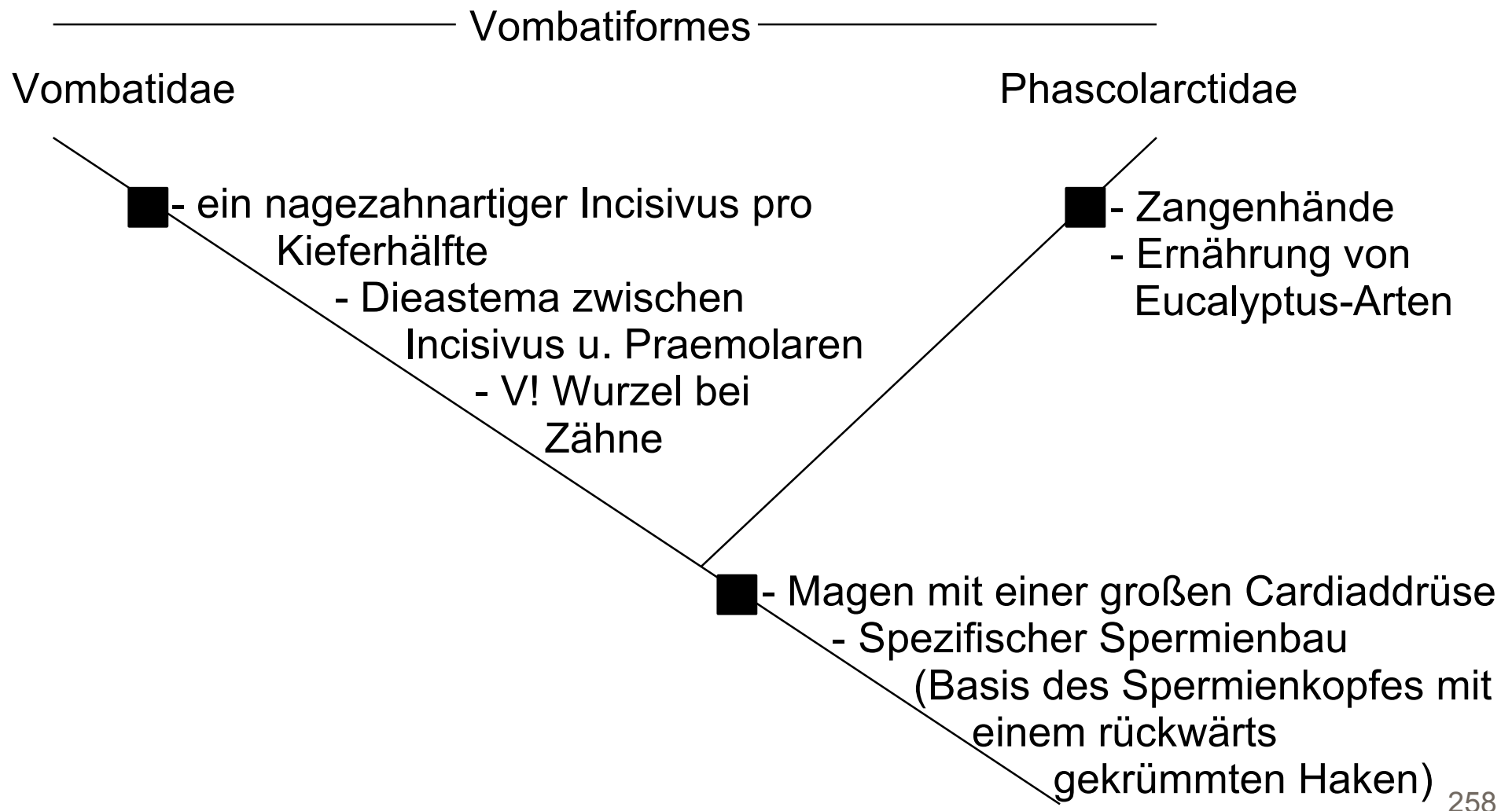
² Meredith, R. W., M. Westerman, et al. (2009). A phylogeny of Diprotodontia (Marsupialia) based on sequences for five nuclear genes. *Mol Phylogenet Evol.* **51**: 554-571.

Diprotodontia

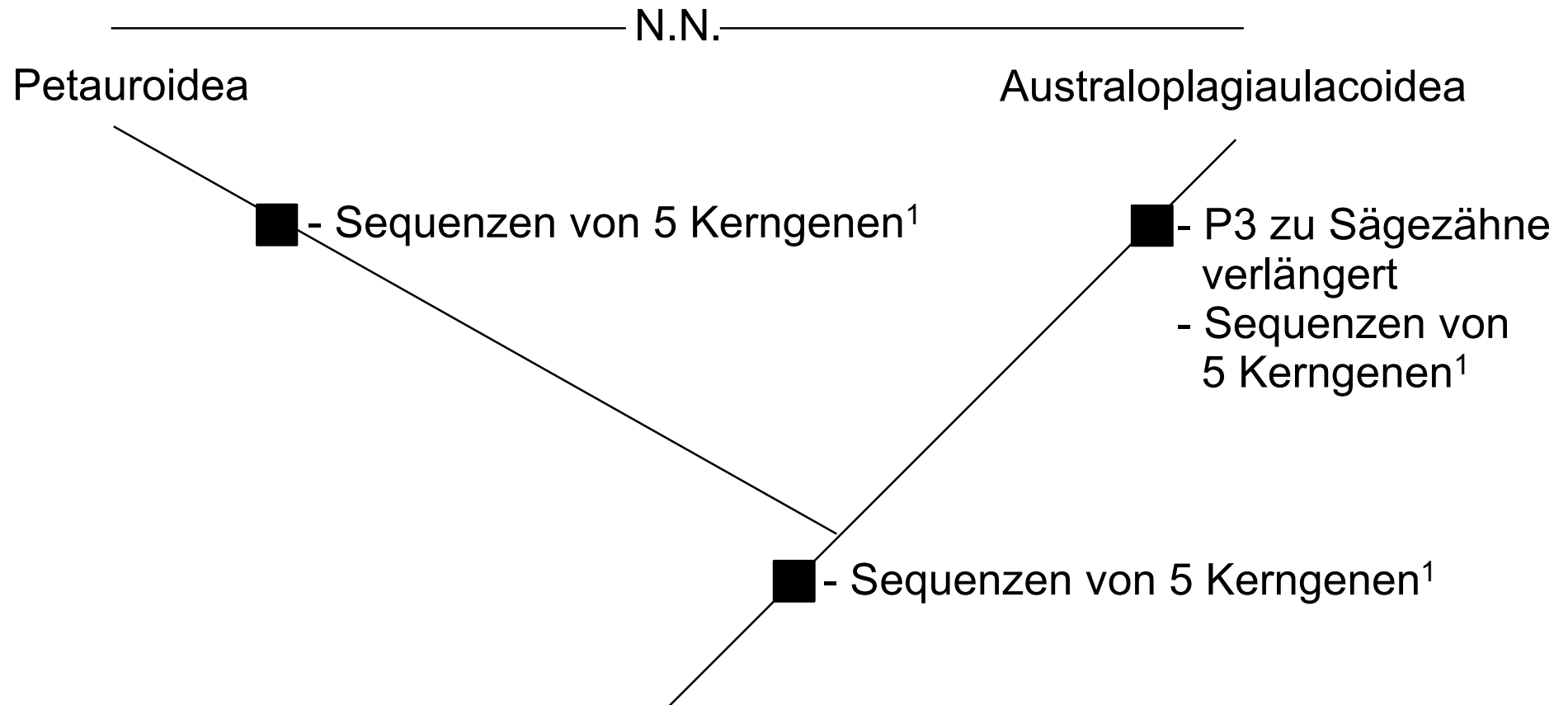


² Meredith, R. W., M. Westerman, et al. (2009). A phylogeny of Diprotodontia (Marsupialia) based on sequences for five nuclear genes. *Mol Phylogenet Evol.* **51**: 554-571.

Vombatiformes

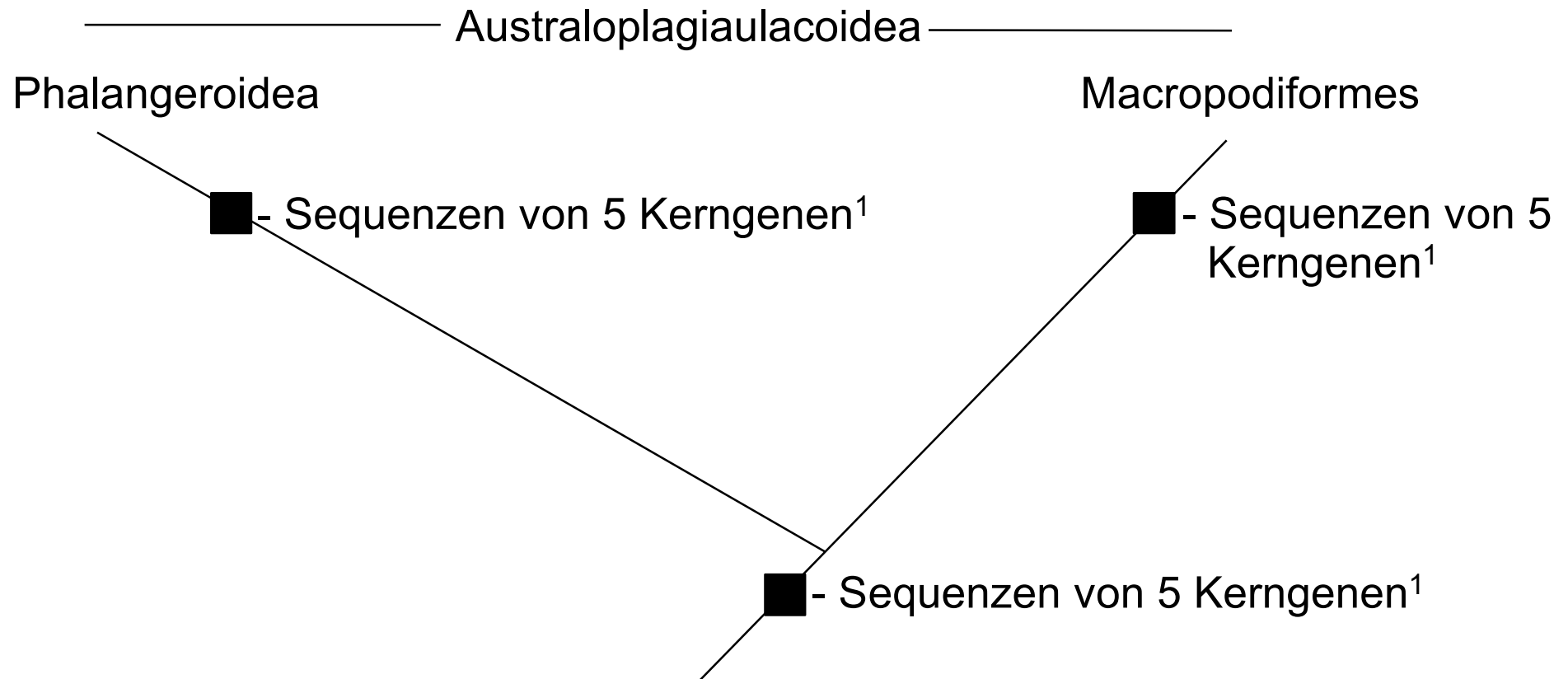


N.N. (Petauroidea + Australoplagiaulacoidea)



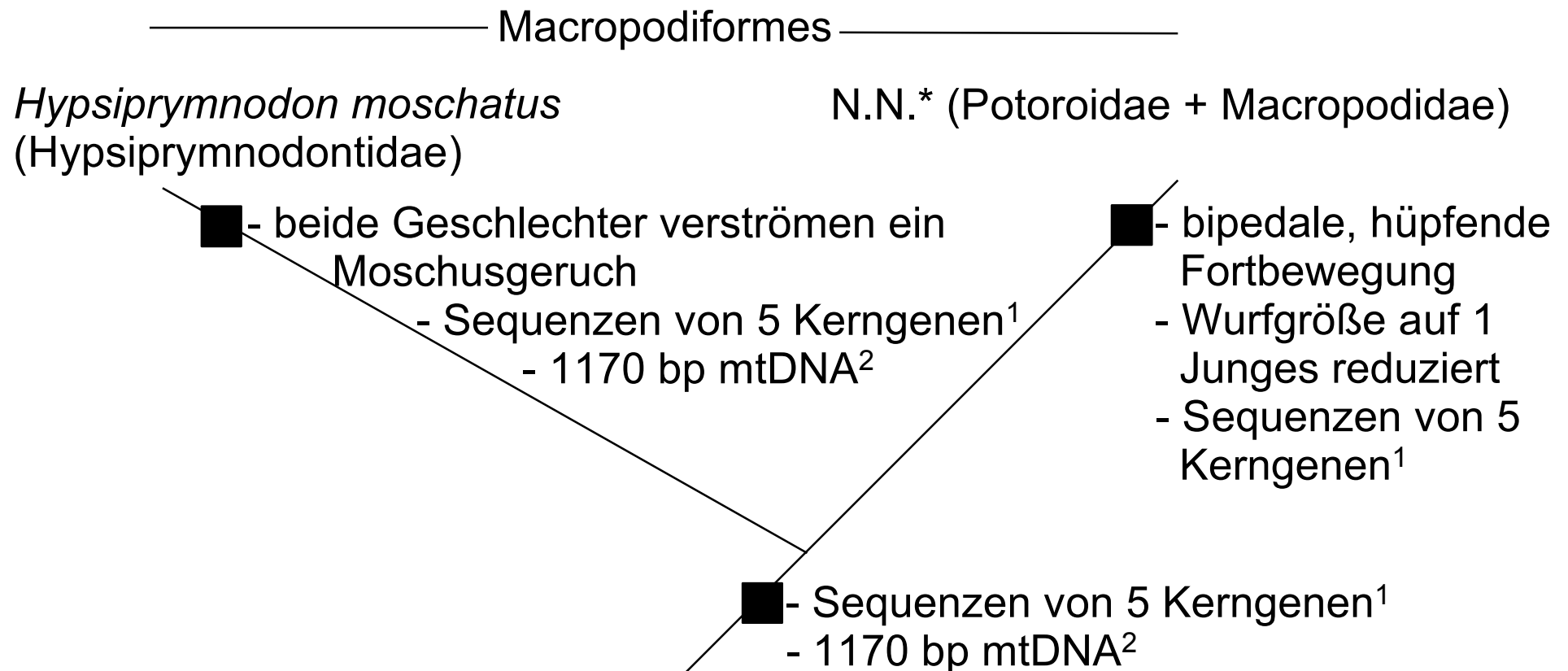
² Meredith, R. W., M. Westerman, et al. (2009). A phylogeny of Diprotodontia (Marsupialia) based on sequences for five nuclear genes. *Mol Phylogenet Evol.* **51**: 554-571.

Australoplagiuloidea



² Meredith, R. W., M. Westerman, et al. (2009). A phylogeny of Diprotodontia (Marsupialia) based on sequences for five nuclear genes. *Mol Phylogenet Evol.* **51**: 554-571.

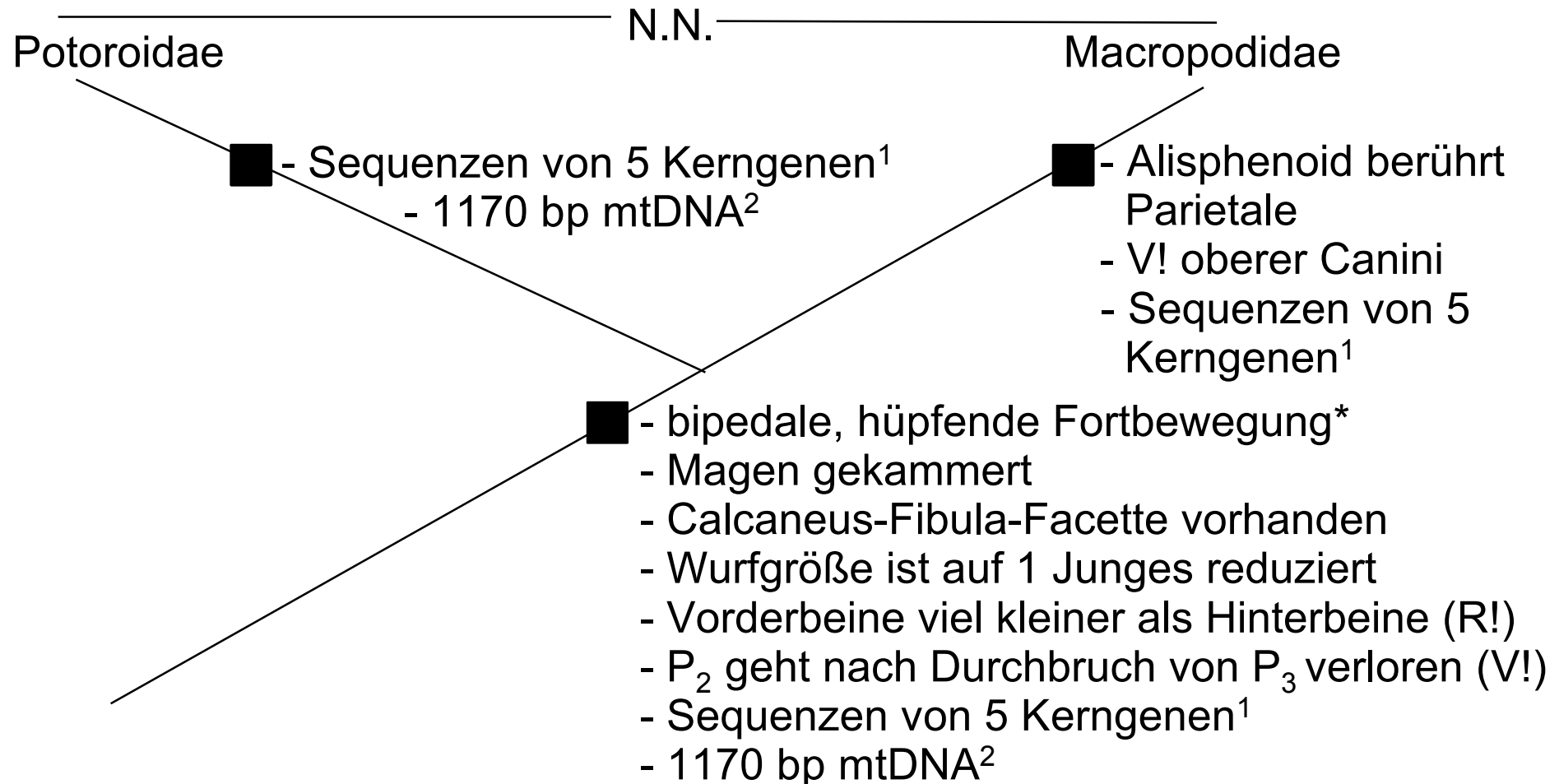
Macropodiformes



¹ Meredith, R. W., M. Westerman, et al. (2009). A phylogeny of Diprotodontia (Marsupialia) based on sequences for five nuclear genes. *Mol Phylogenet Evol.* **51**: 554-571.

² Burk, A., M. Westerman, et al. (1998). The Phylogenetic Position of the Musky Rat-Kangaroo and the Evolution of Bipedal Hopping in Kangaroos (Macropodidae: Diprotodontia). *Syst. Biol.* **47**: 457-474.

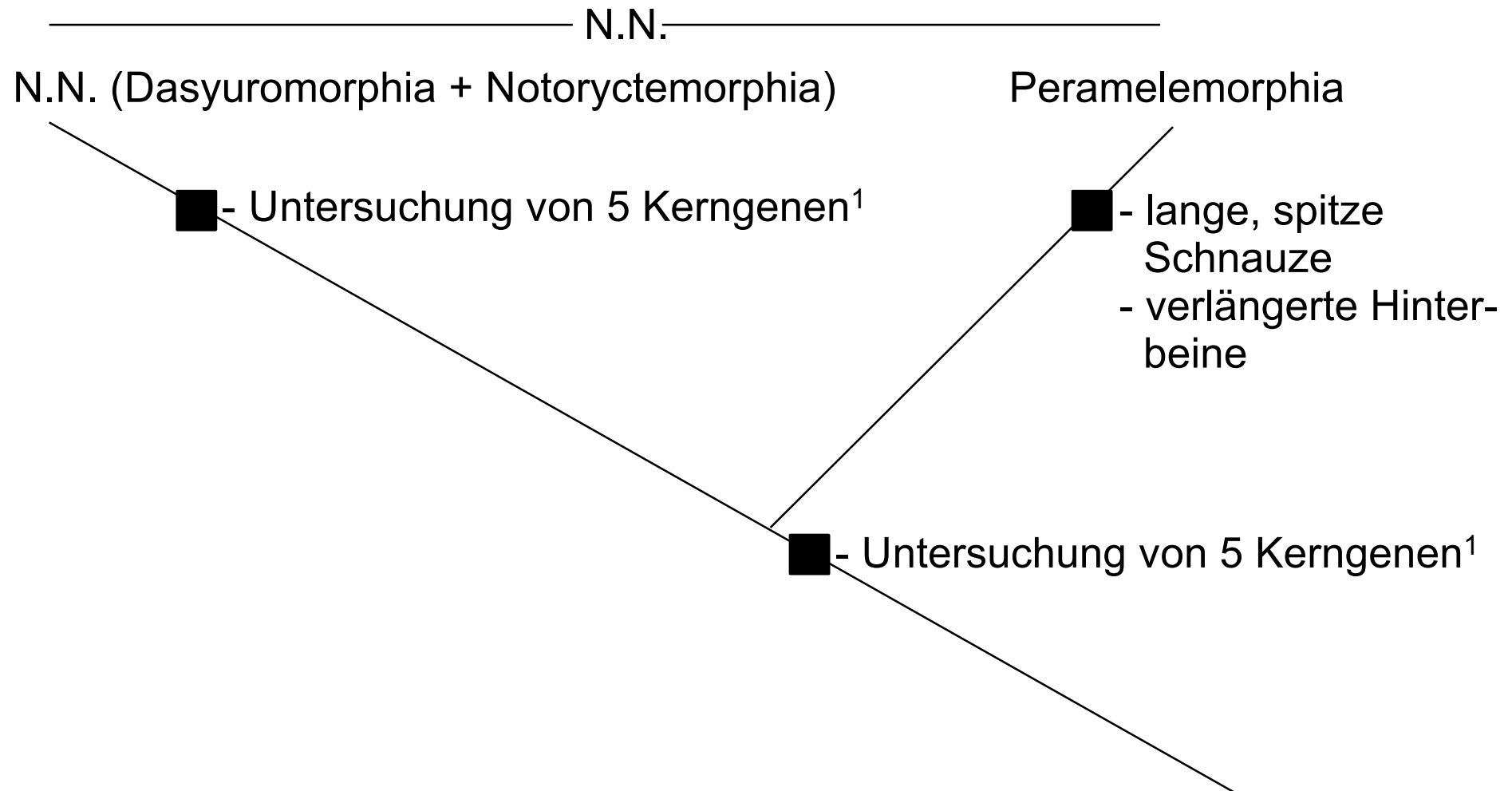
N.N. (Potoroidae + Macropodidae)



¹ Meredith, R. W., M. Westerman, et al. (2009). A phylogeny of Diprotodontia (Marsupialia) based on sequences for five nuclear genes. *Mol Phylogenet Evol.* 51: 554-571.

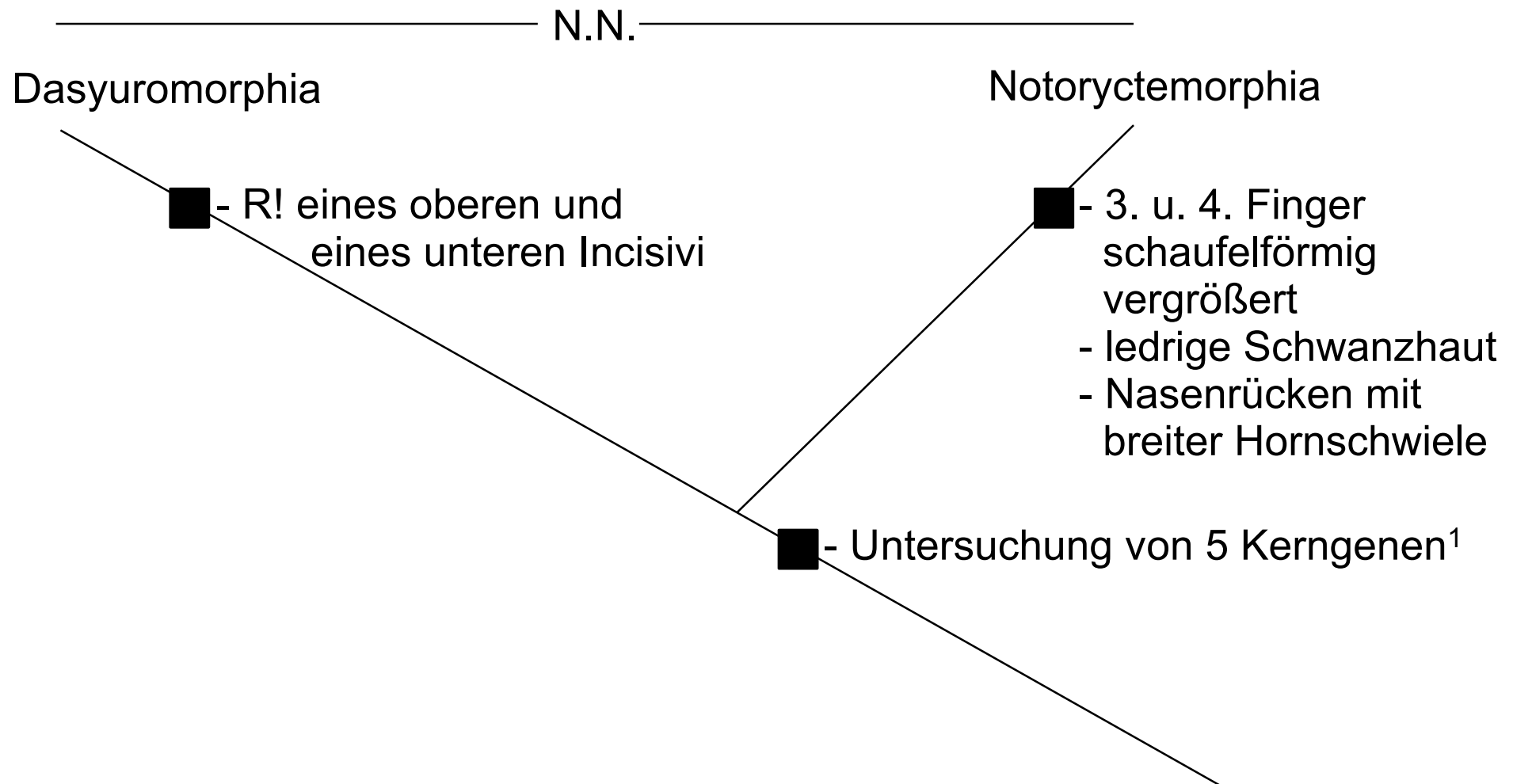
² Burk, A., M. Westerman, et al. (1998). The Phylogenetic Position of the Musky Rat-Kangaroo and the Evolution of Bipedal Hopping in Kangaroos (Macropodidae: Diprotodontia). *Syst. Biol.* 47: 457-474.

N.N. (Peramelemorphia + N.N.)



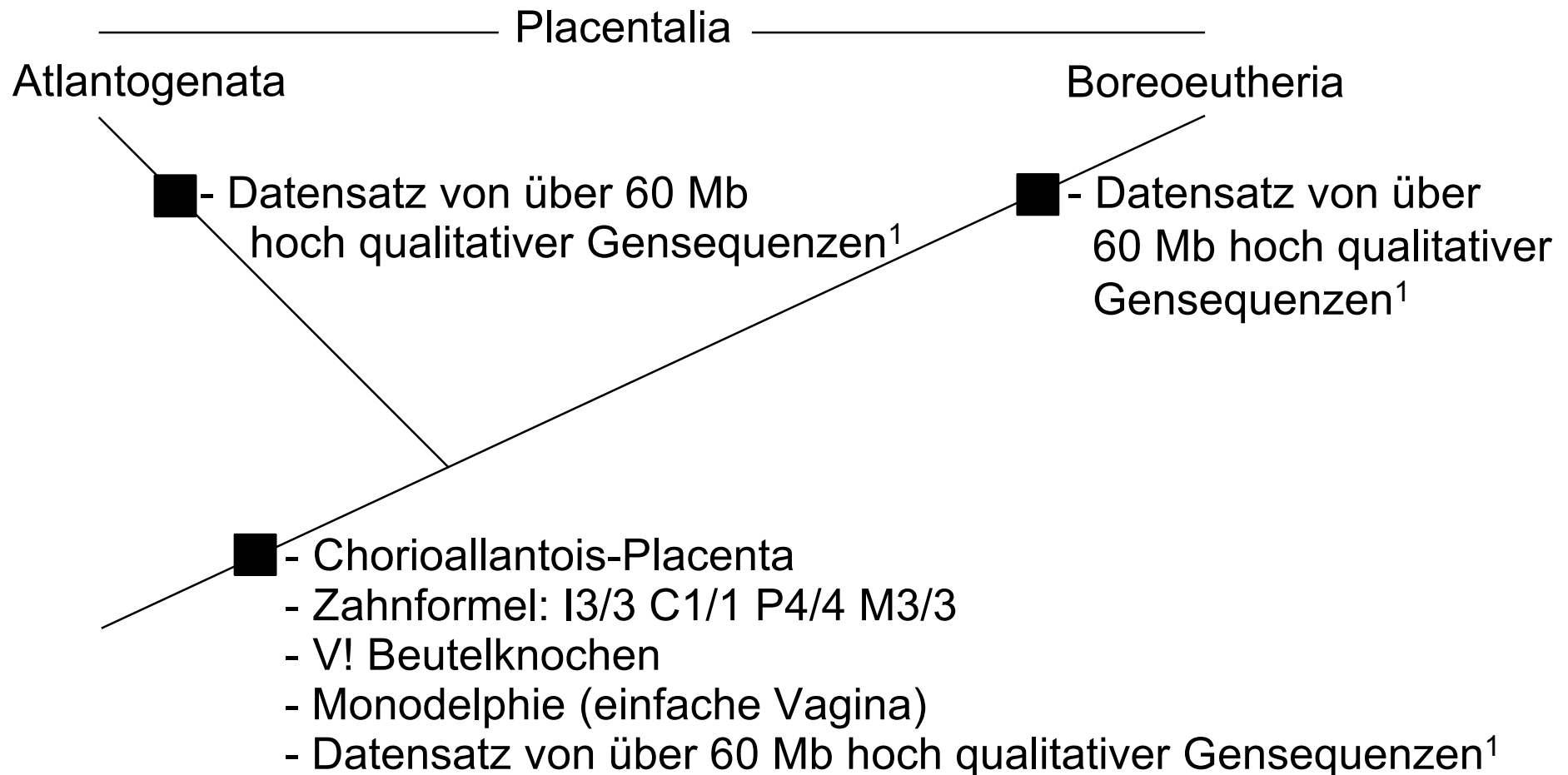
¹ Amrine-Madsen, H., M. Scally, et al. (2003). Nuclear gene sequences provide evidence for the monophyly of australidelphian marsupials. *Mol Phylogenet Evol.* **28**: 186-196

N.N. (Dasyuromorphia + Notoryctemorphia)



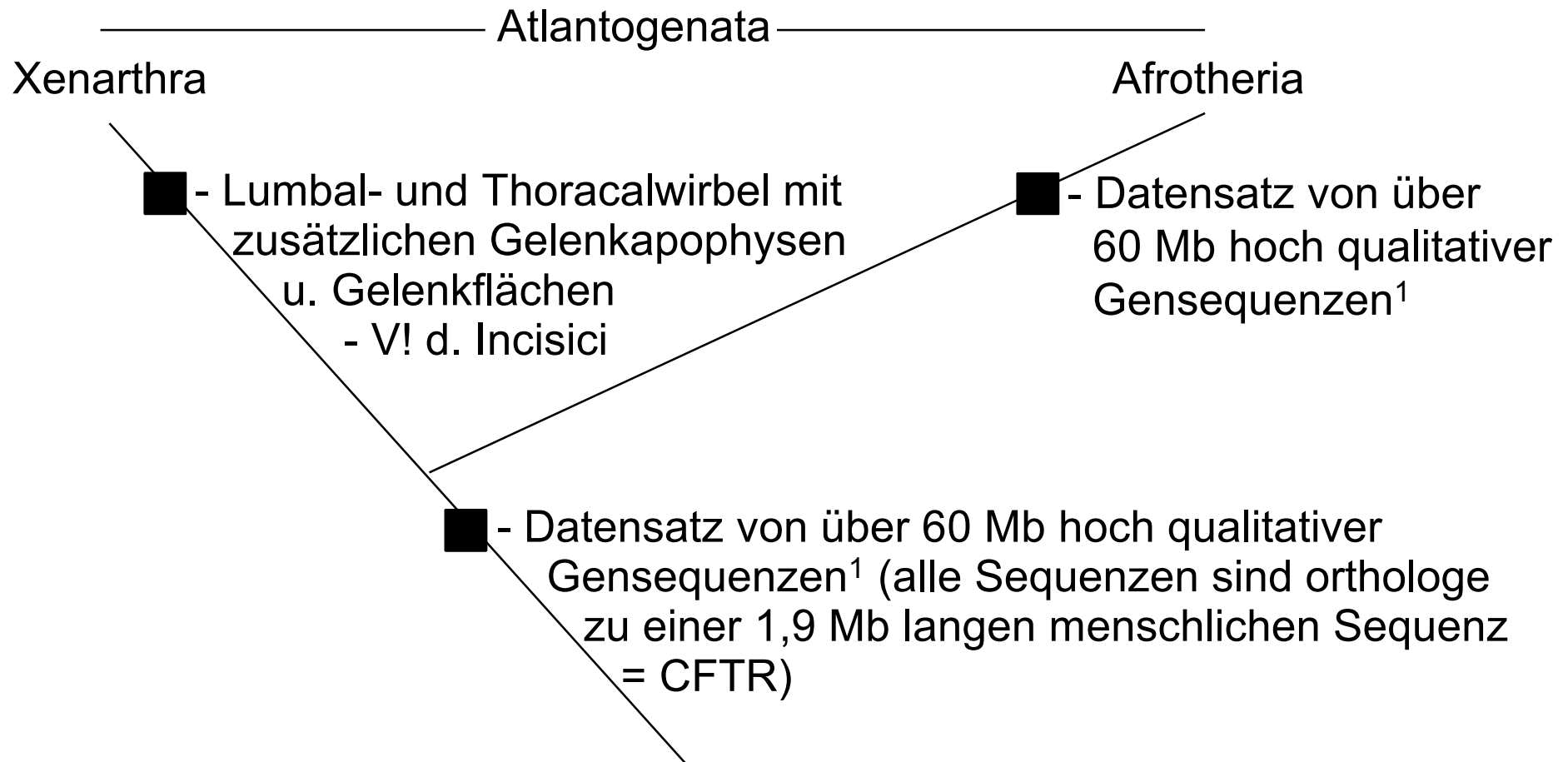
¹ Amrine-Madsen, H., M. Scally, et al. (2003). Nuclear gene sequences provide evidence for the monophyly of australidelphian marsupials. *Mol Phylogenet Evol.* **28**: 186-196

Placentalia



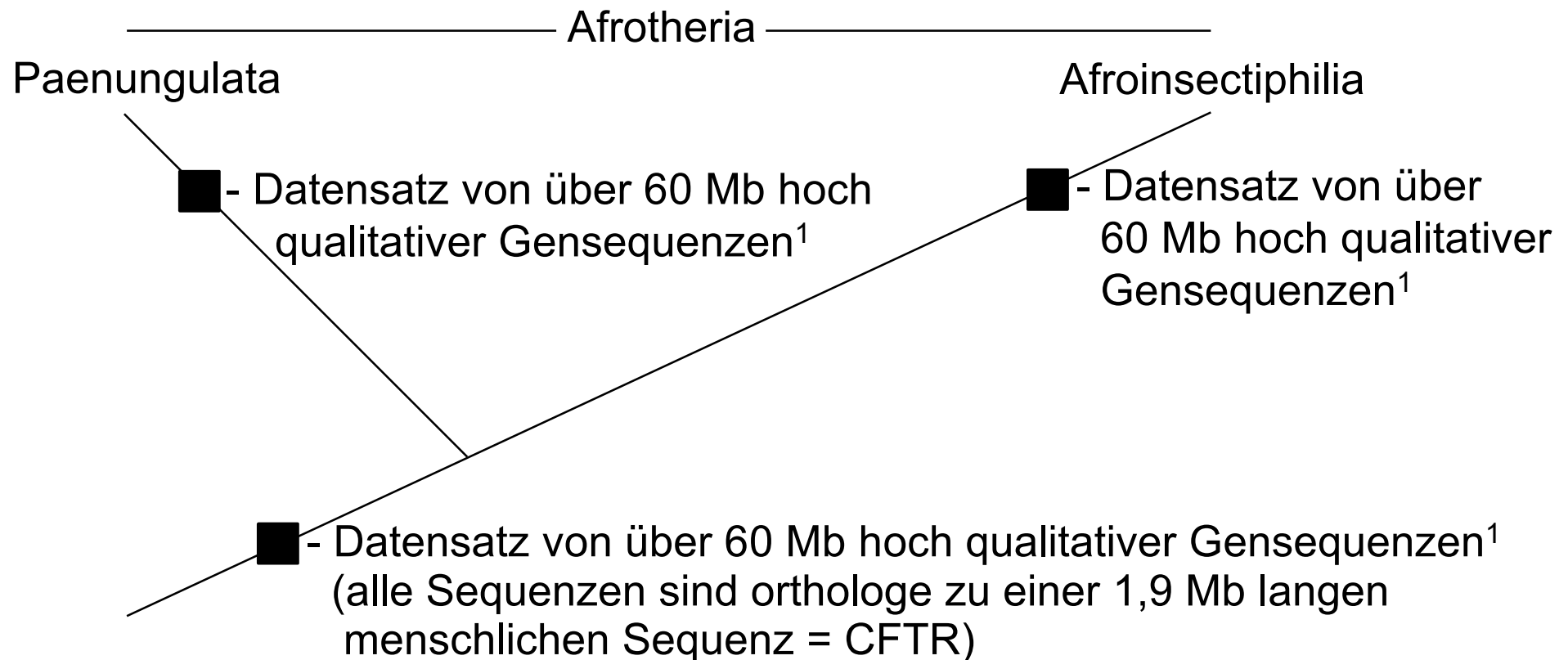
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Atlantogenata



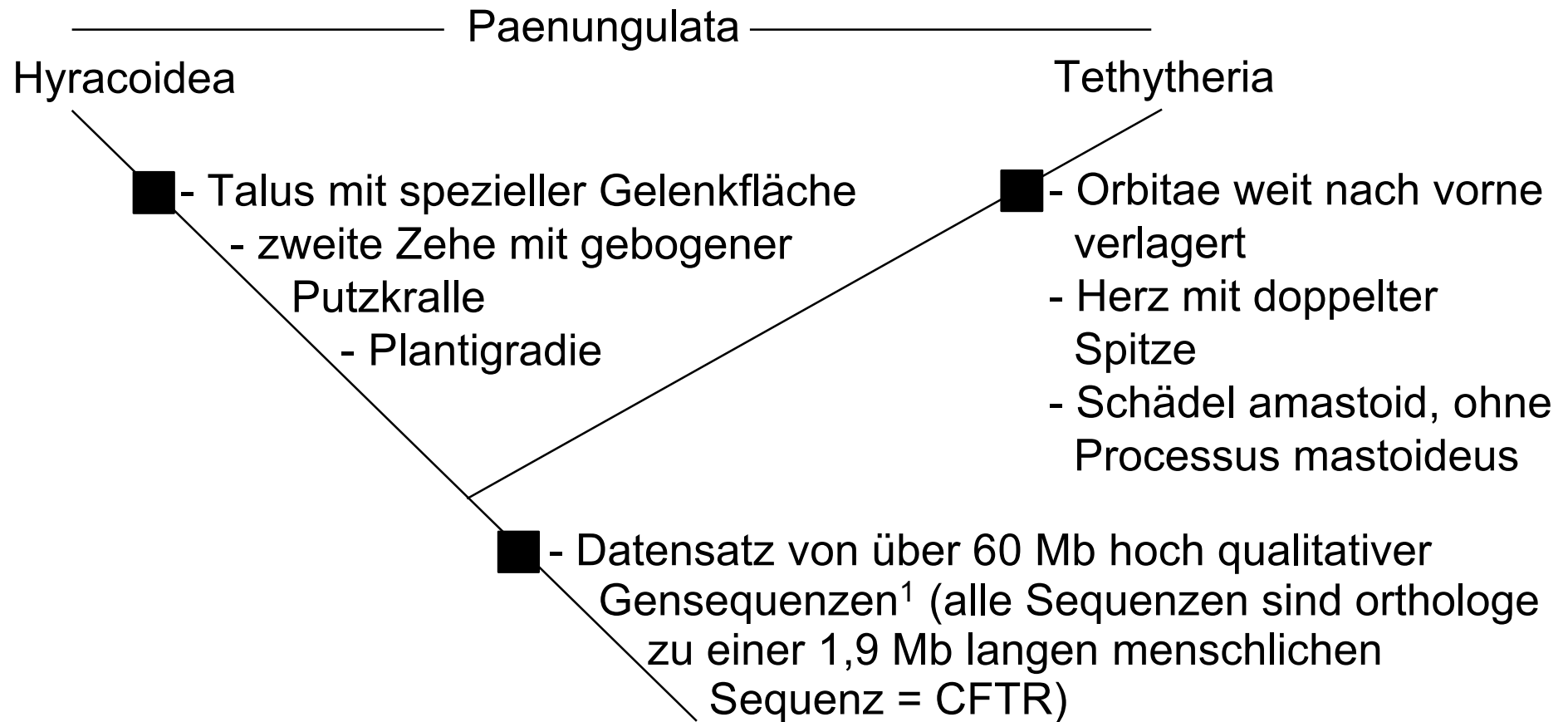
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Afrotheria



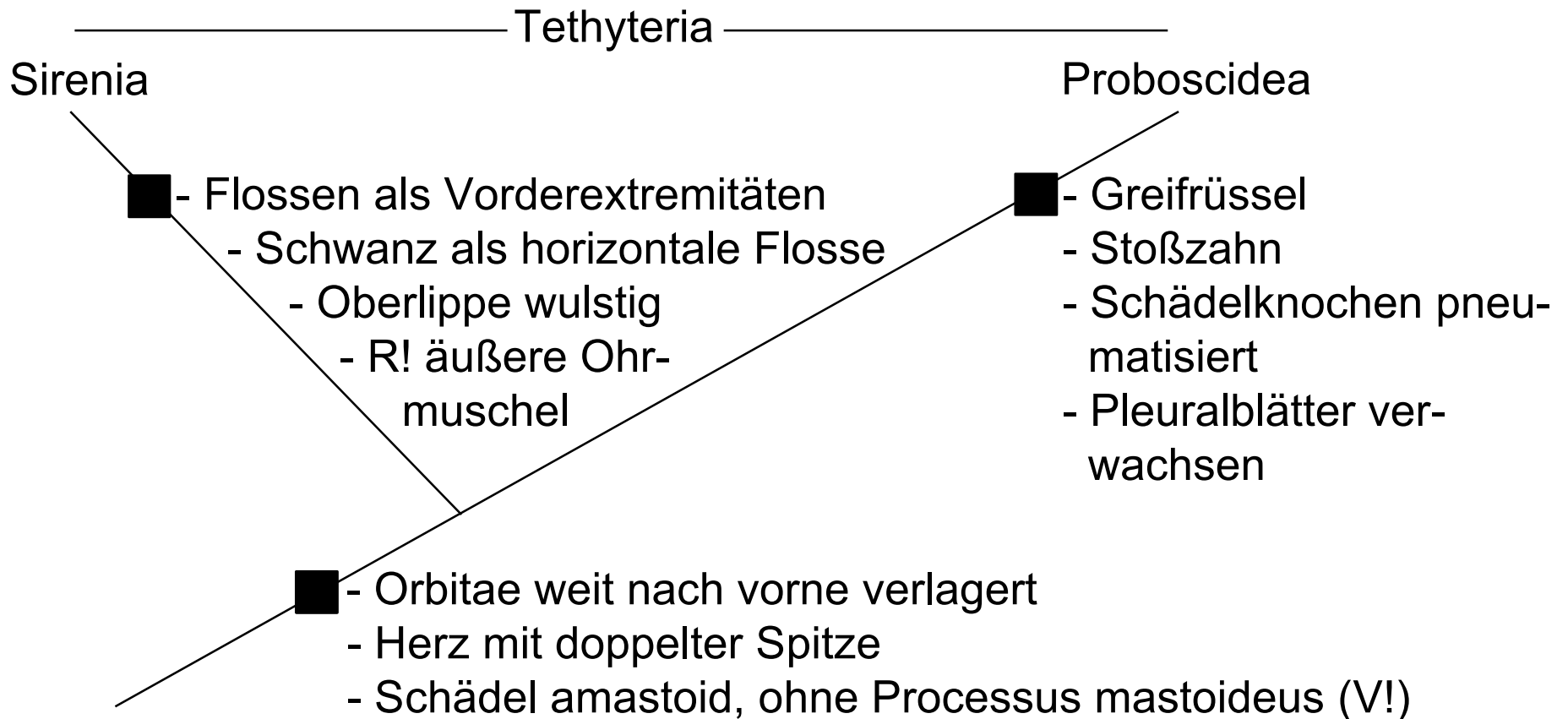
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Paenungulata

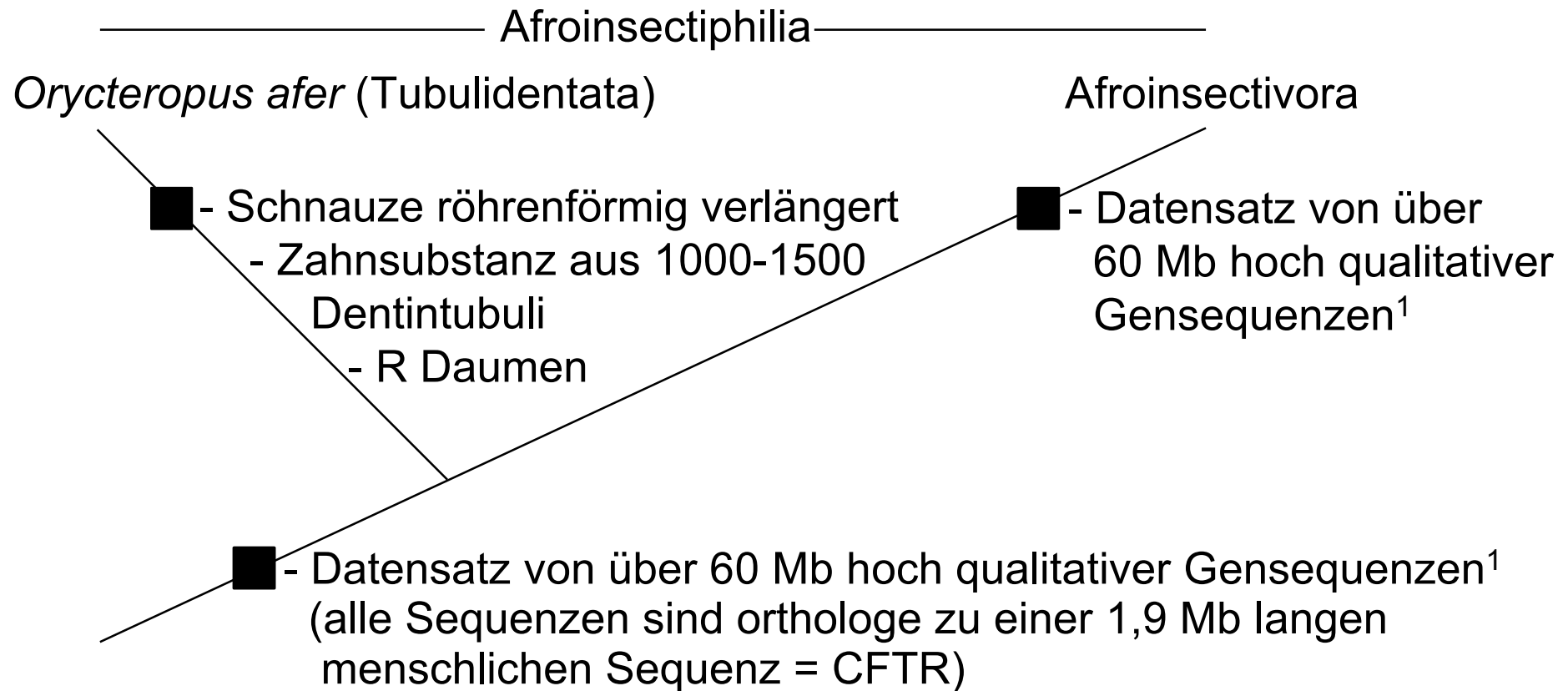


¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Tethyteria

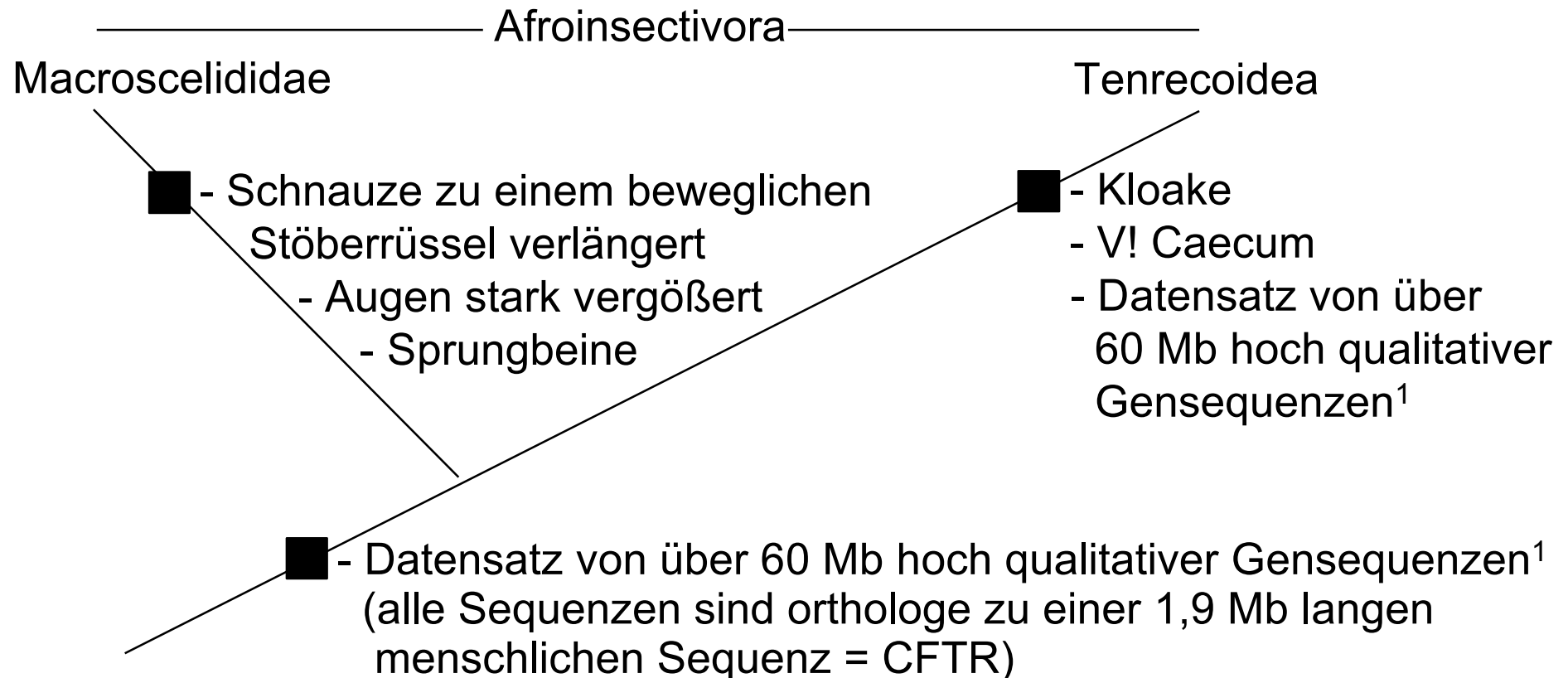


Afroinsectiphilia



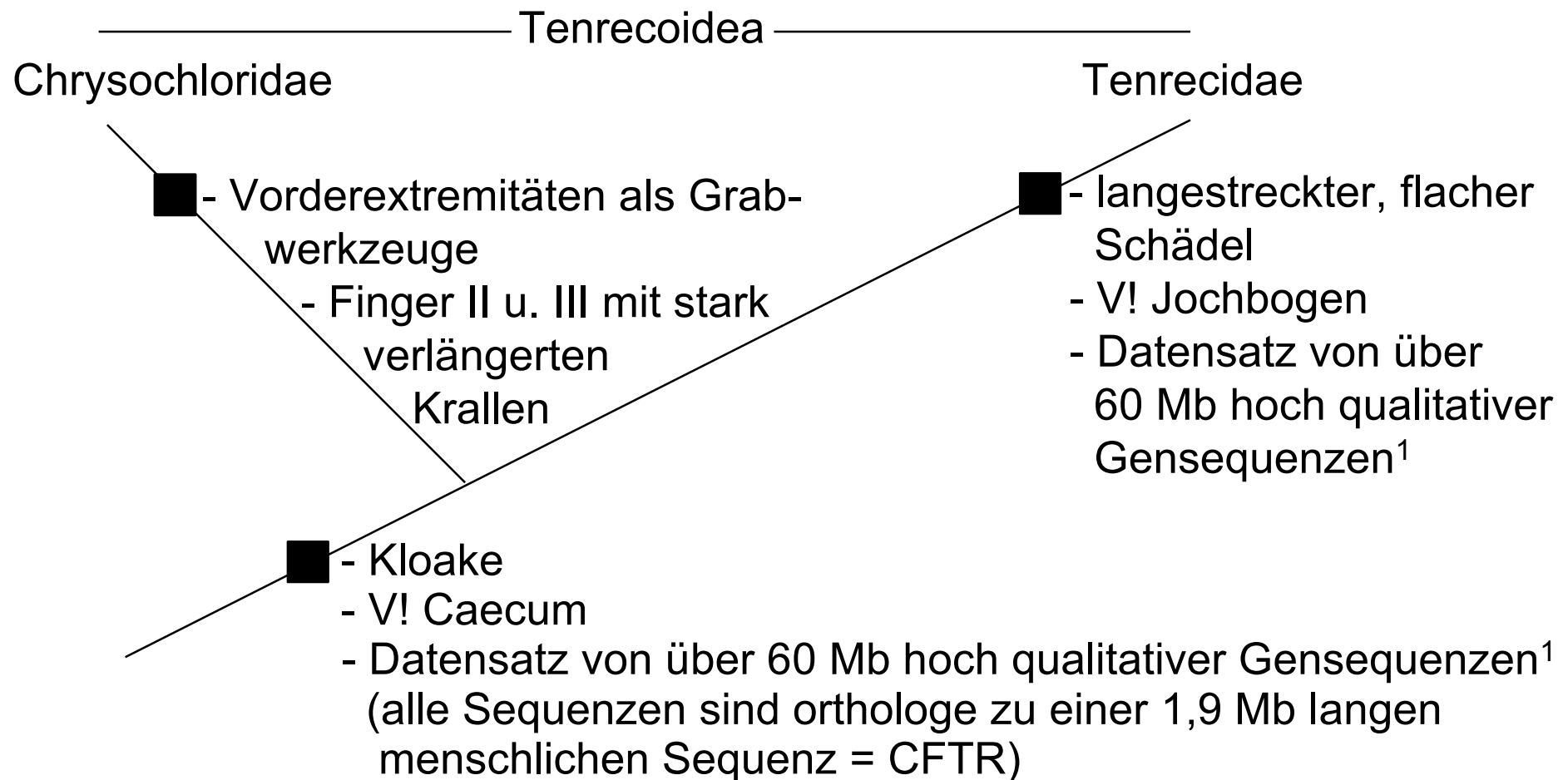
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Afroinsectivora



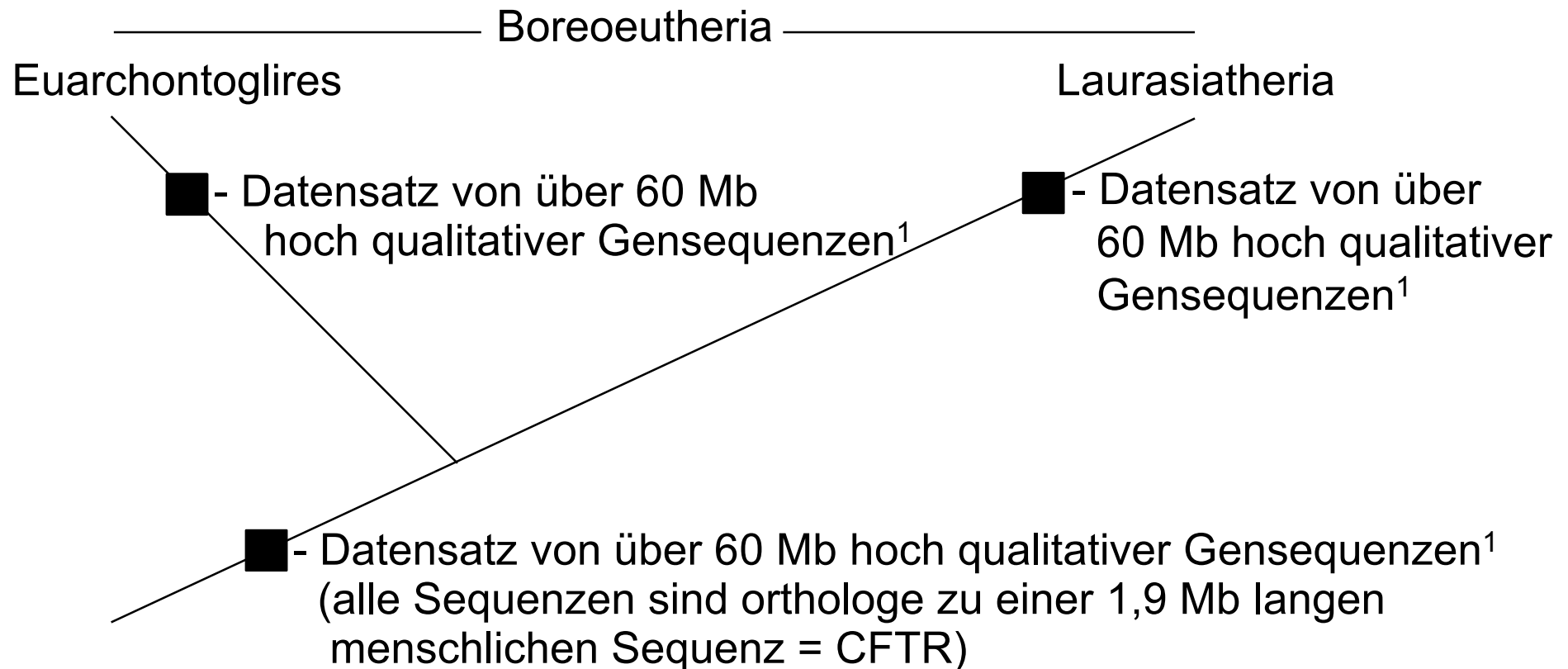
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Tenrecoidea (Afrosoricidae)



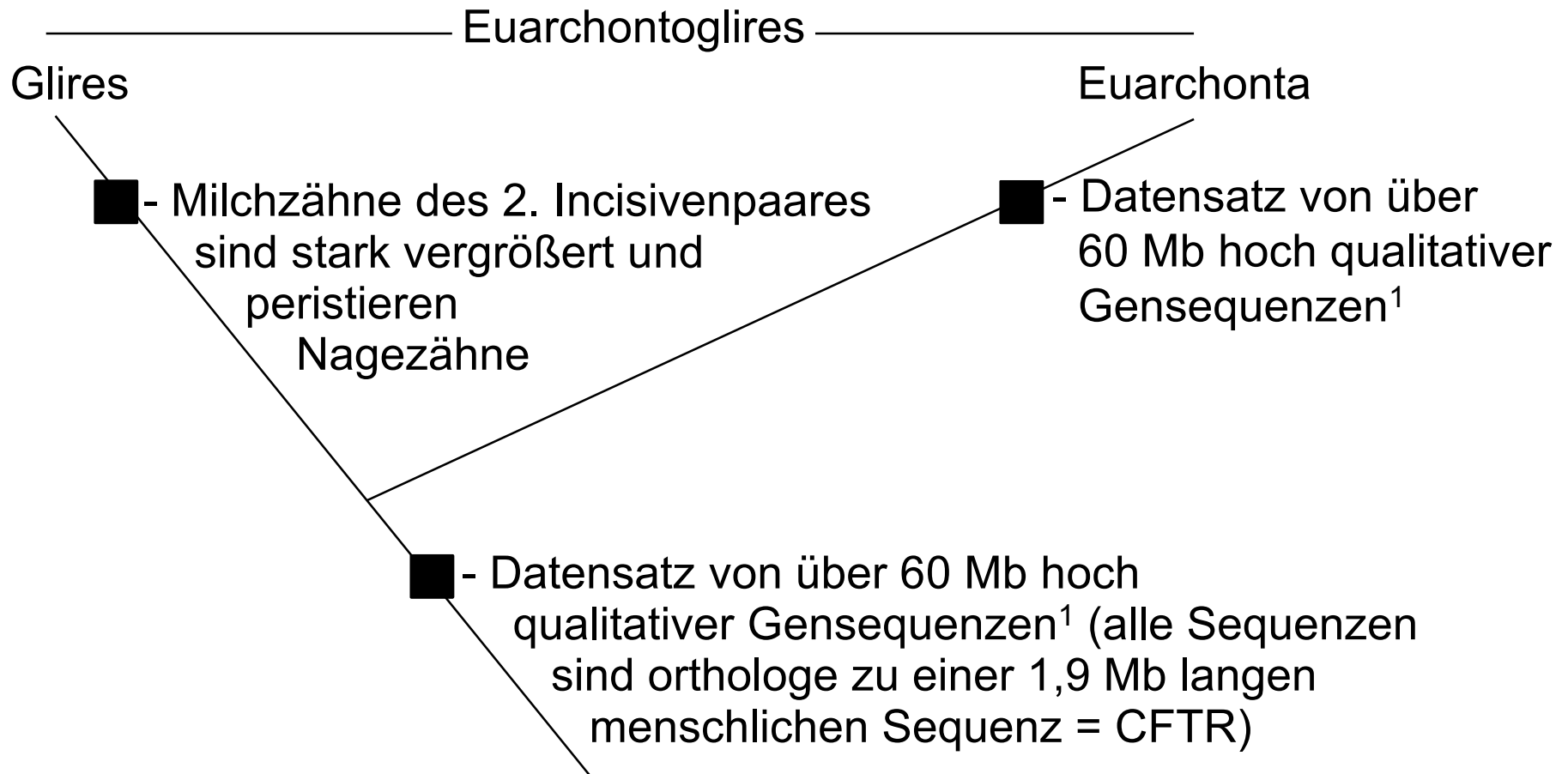
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Boreoeutheria



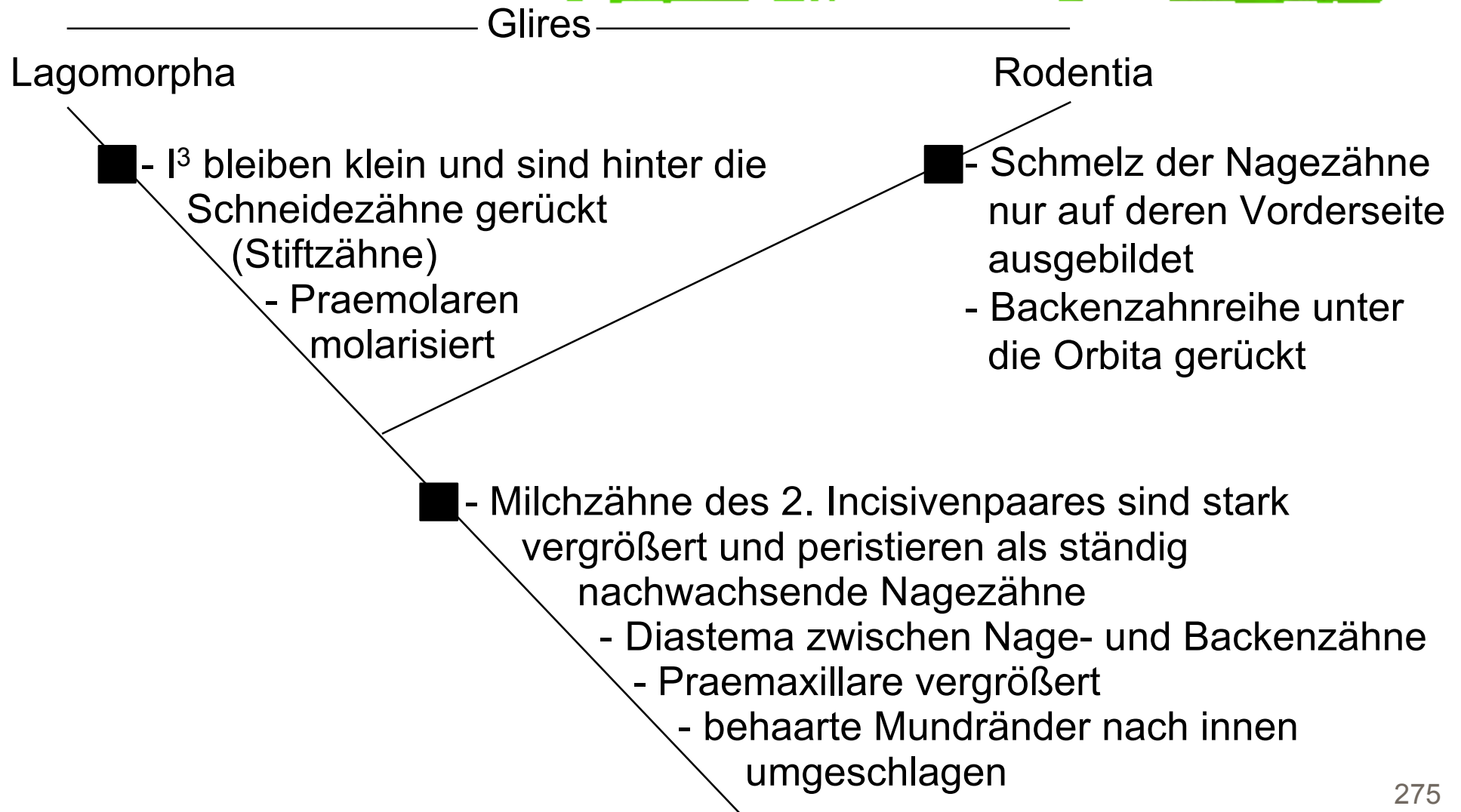
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Euarchontoglires

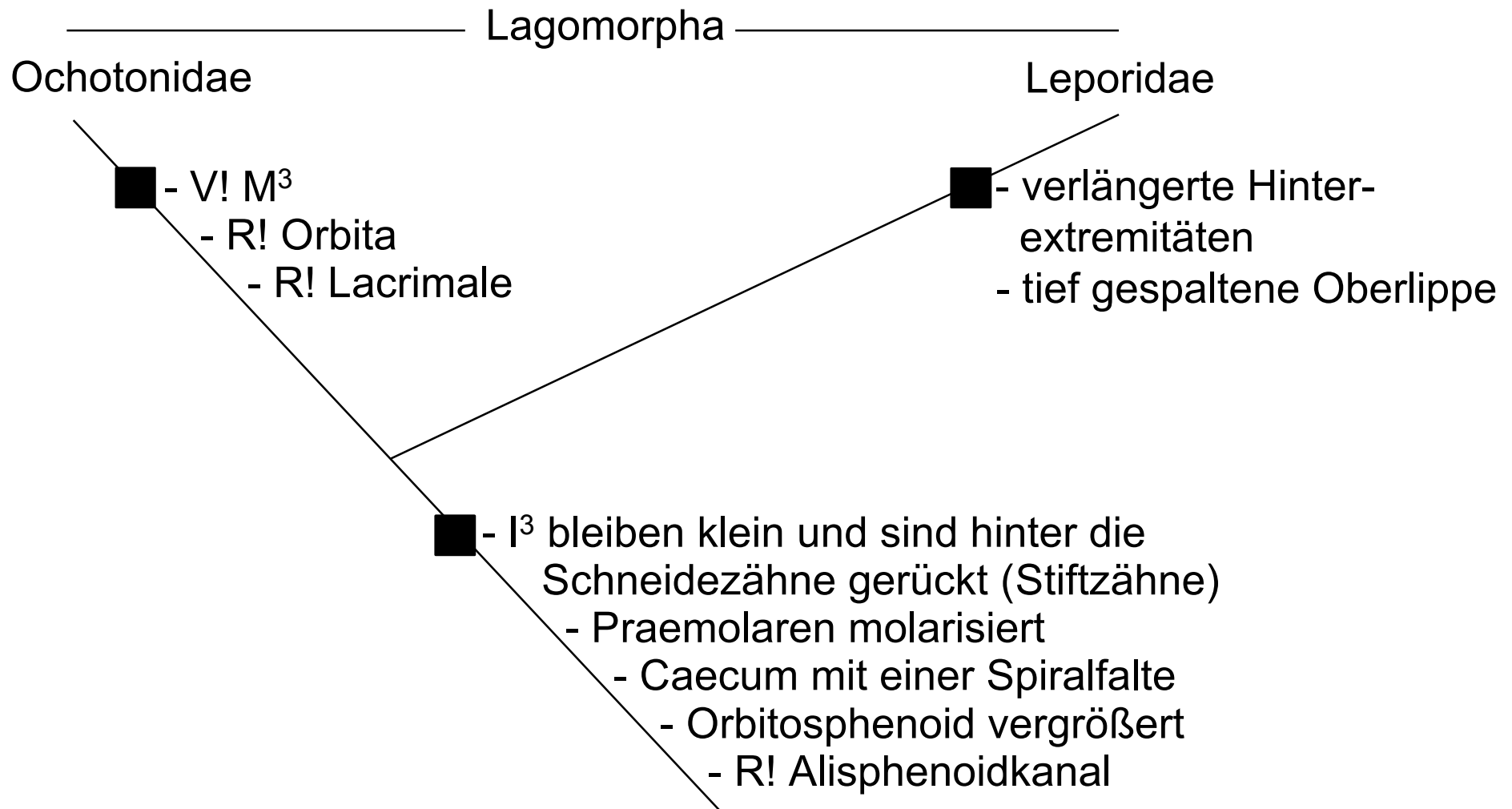


¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

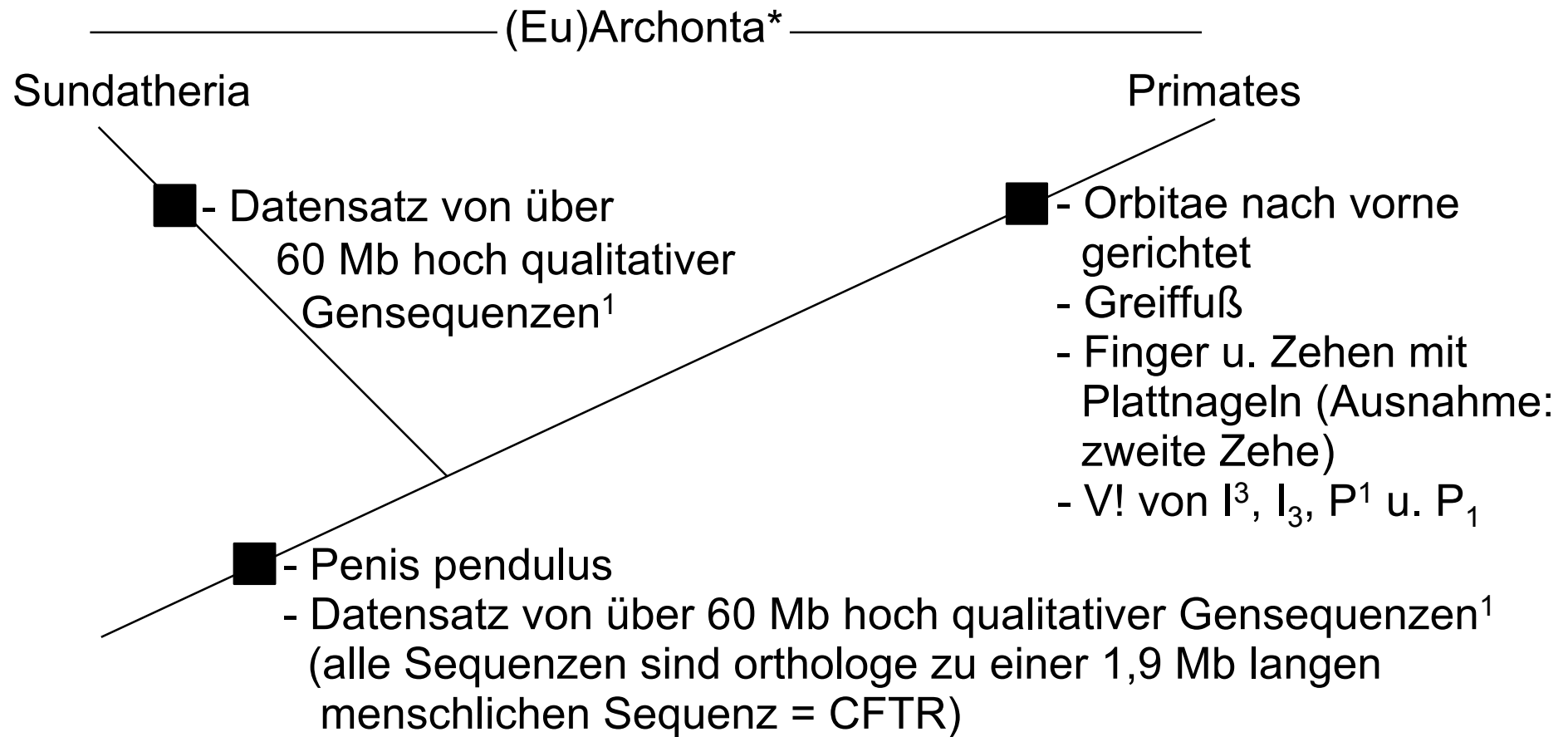
Glires



Lagomorpha

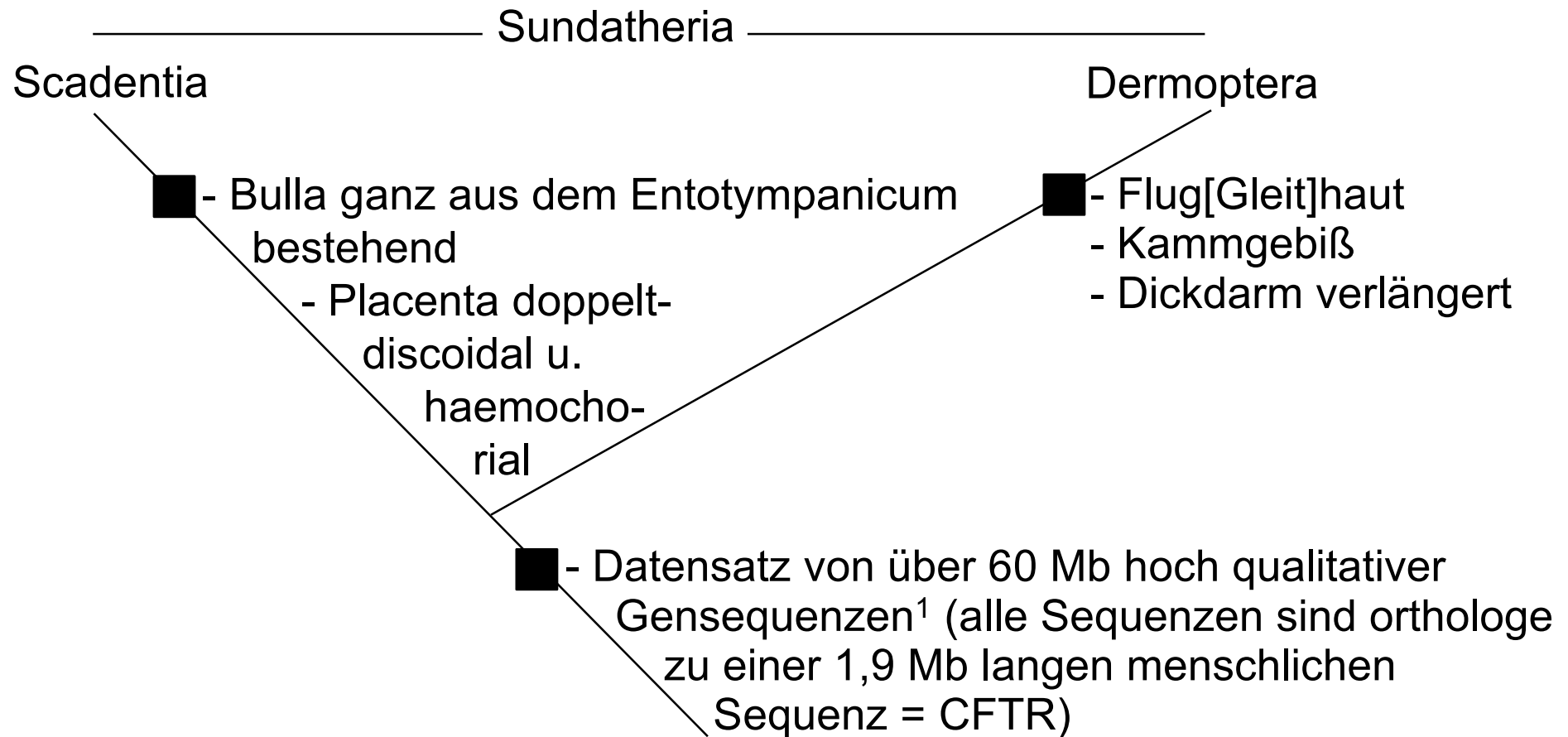


(Eu)Archonta



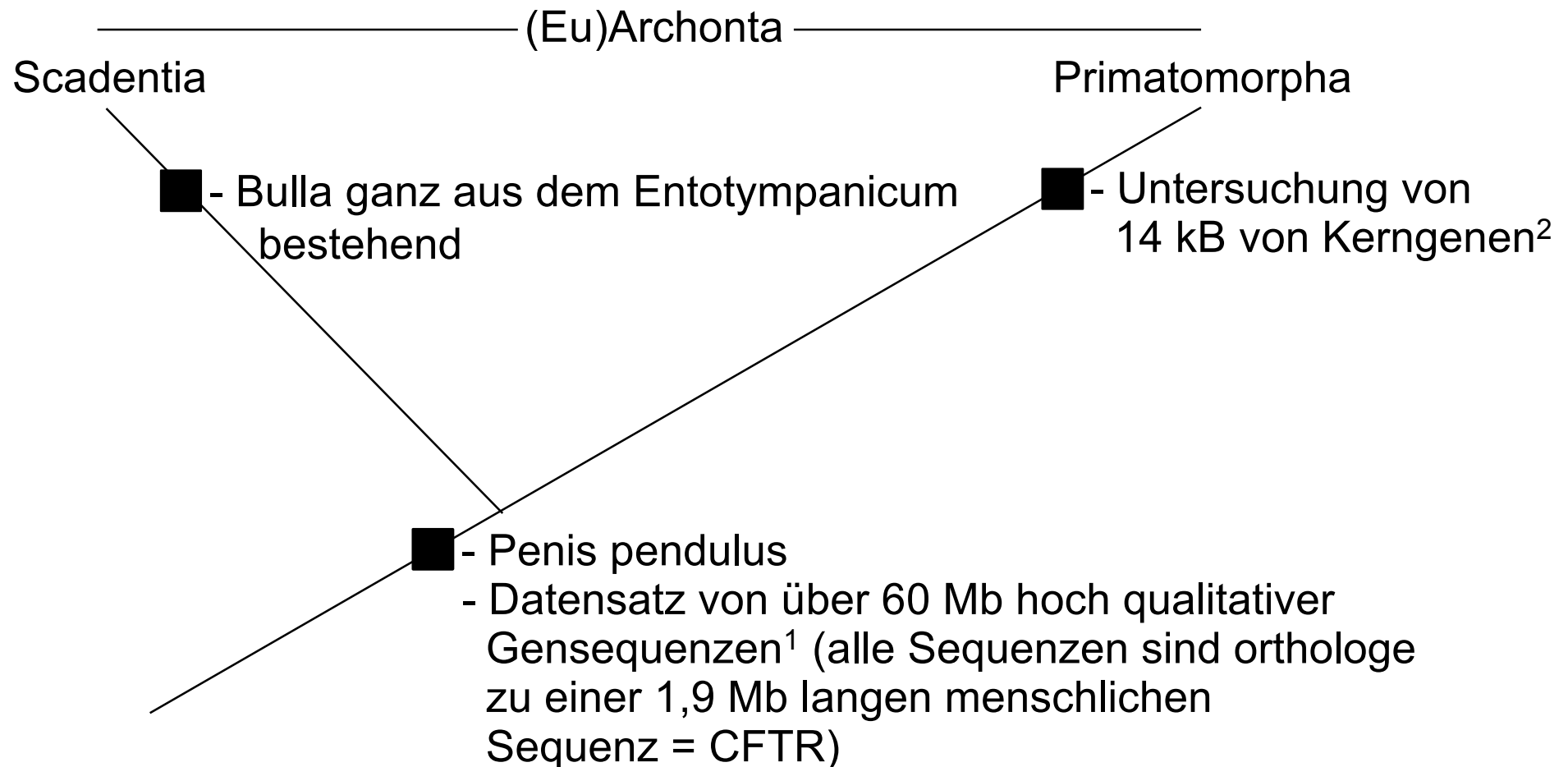
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Sundatheria



¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

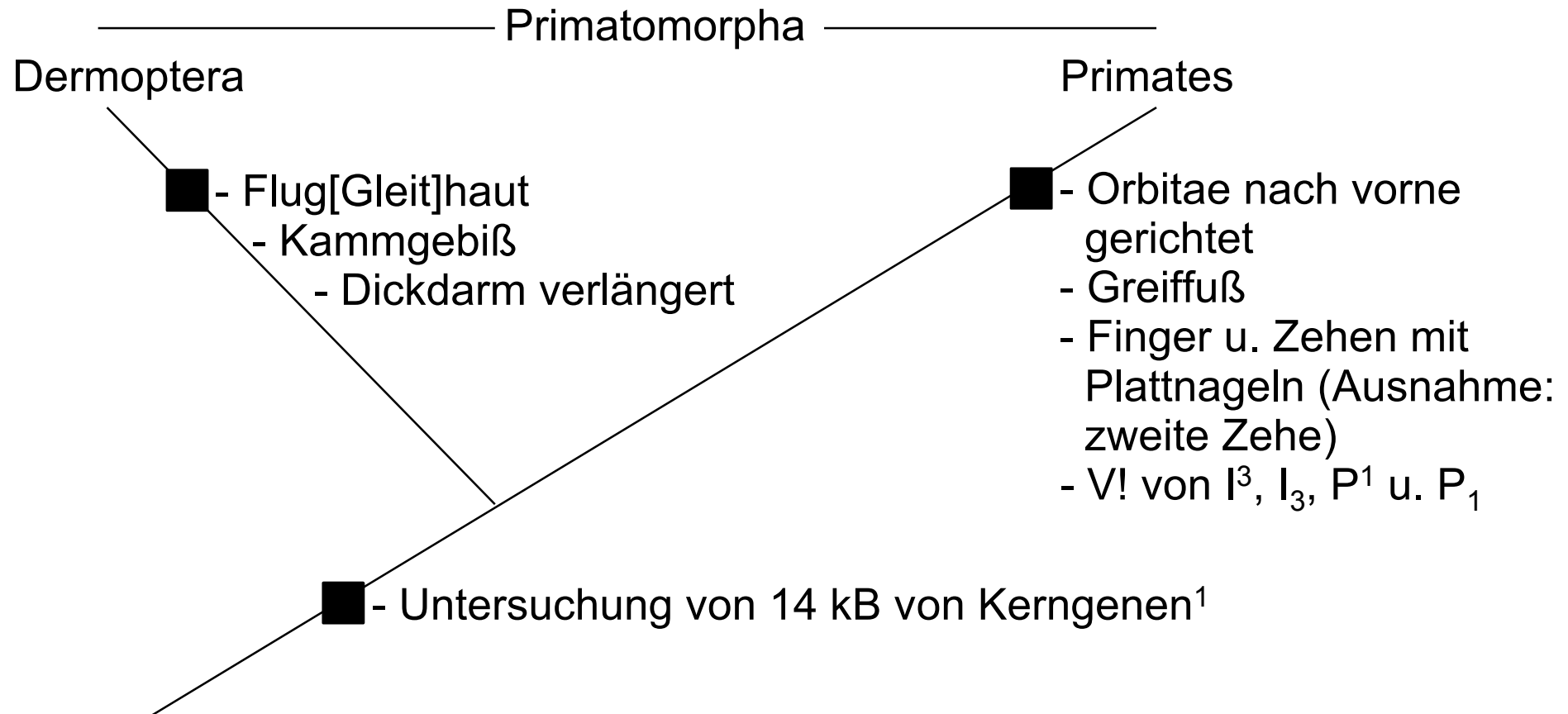
(Eu)Archonta-Alternative



¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

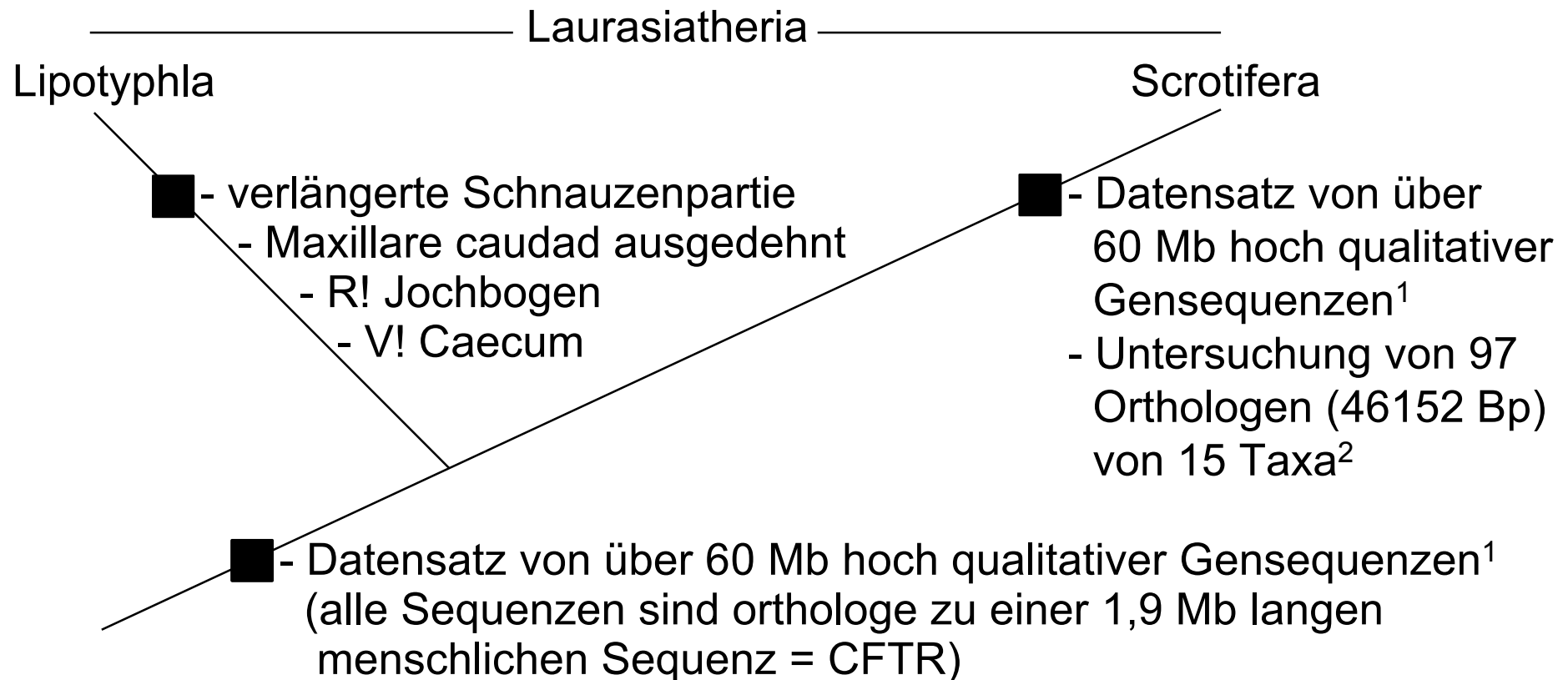
² Janecka, J., W. Miller, et al. (2007). Molecular and Genomic Data Identify the Closest Living Relative of Primates. *Science*. 318: 792-794.

Primates



¹ Janecka, J., W. Miller, et al. (2007). Molecular and Genomic Data Identify the Closest Living Relative of Primates. Science. 318: 792-794.

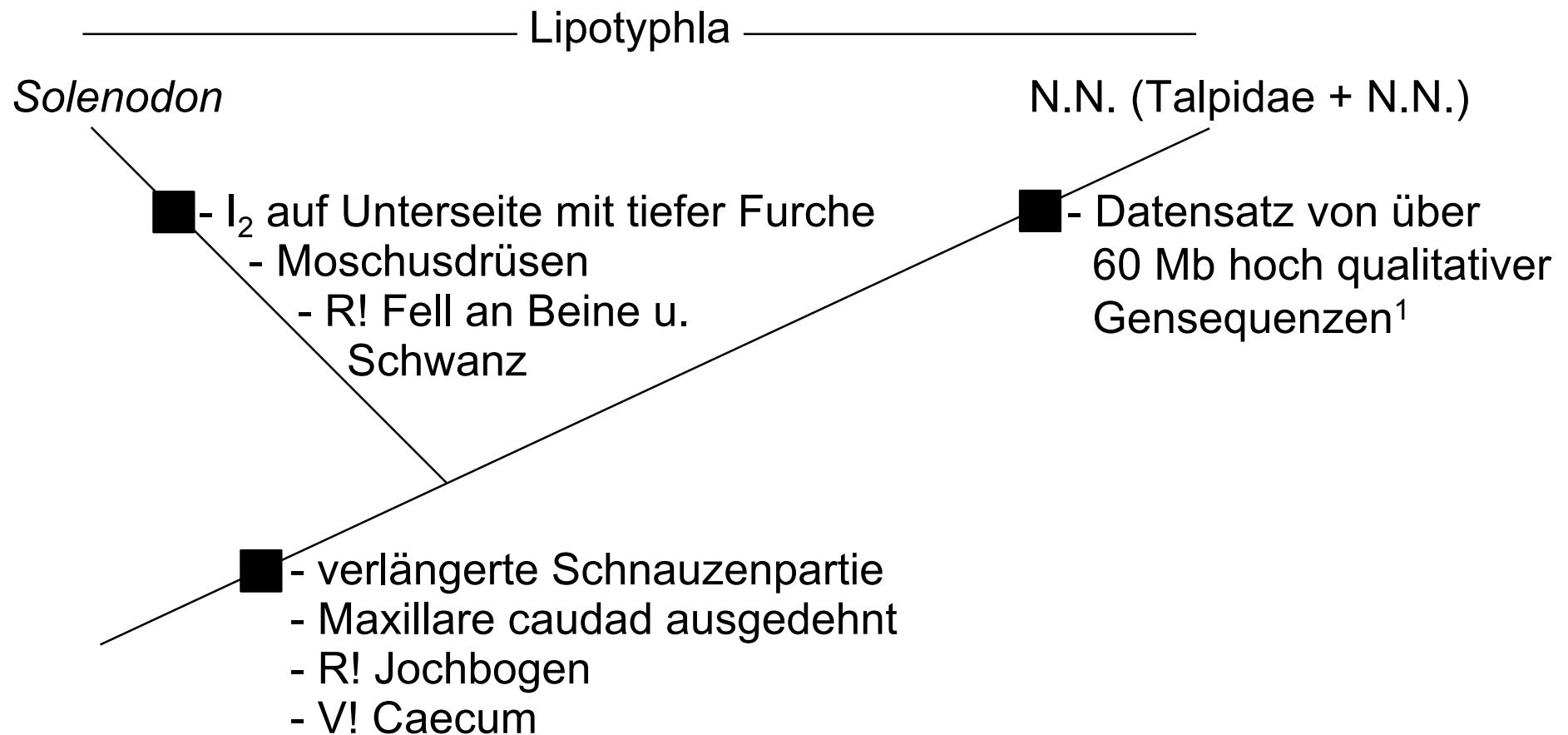
Laurasiatheria



¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

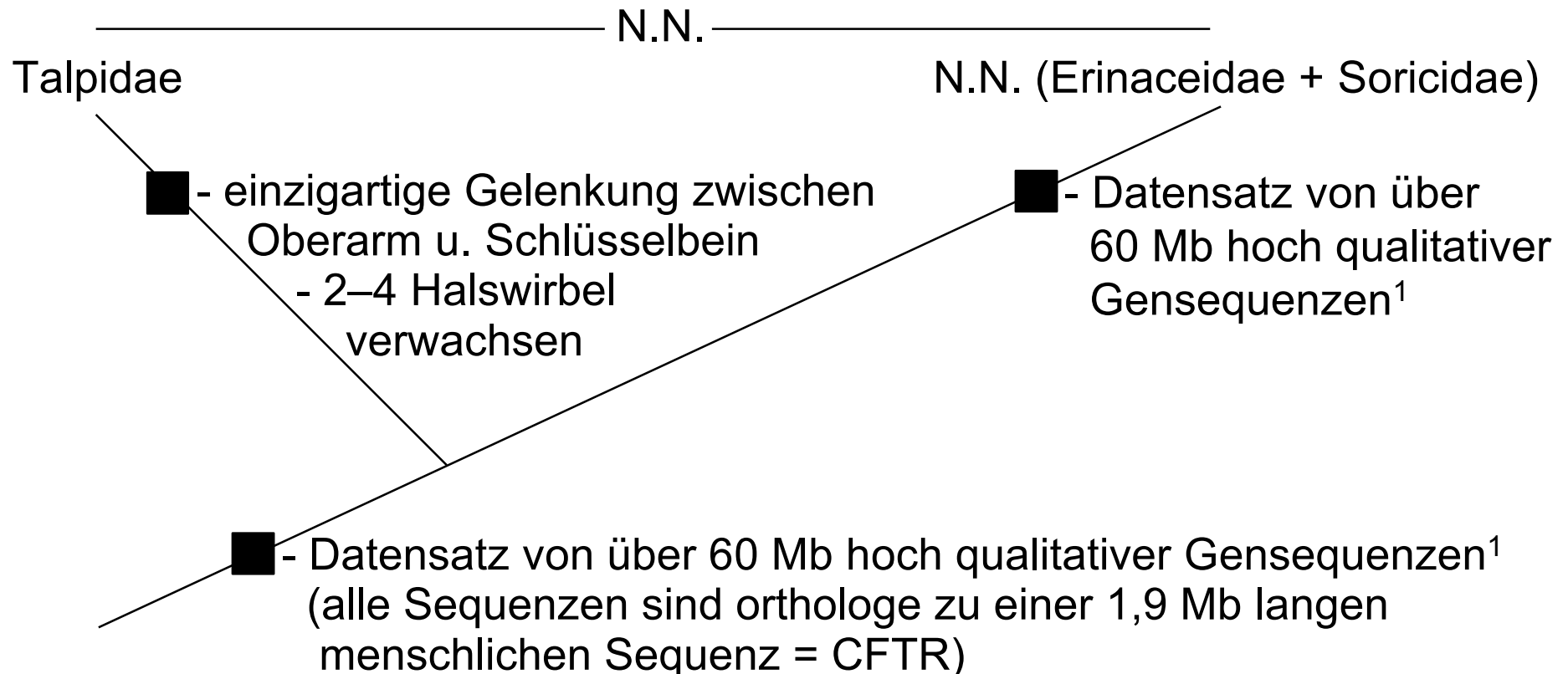
² Zhou, X., S. Xu, et al. (2011). Phylogenomic analysis resolves the interordinal relationships and rapid diversification of the laurasiatherian mammals. *Systematic Biol.* **61**: 150-164.

Lipotyphla



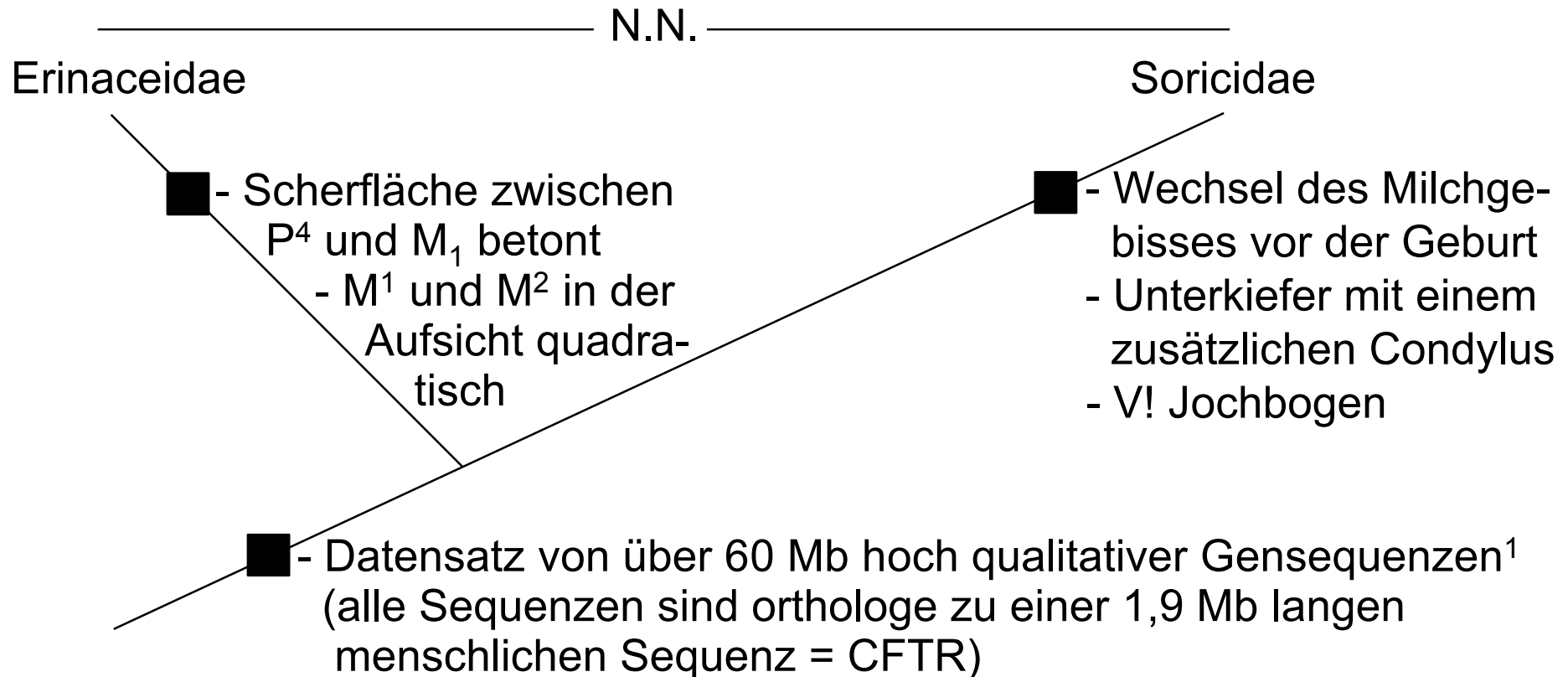
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

N.N. (Talpidae + N.N.)



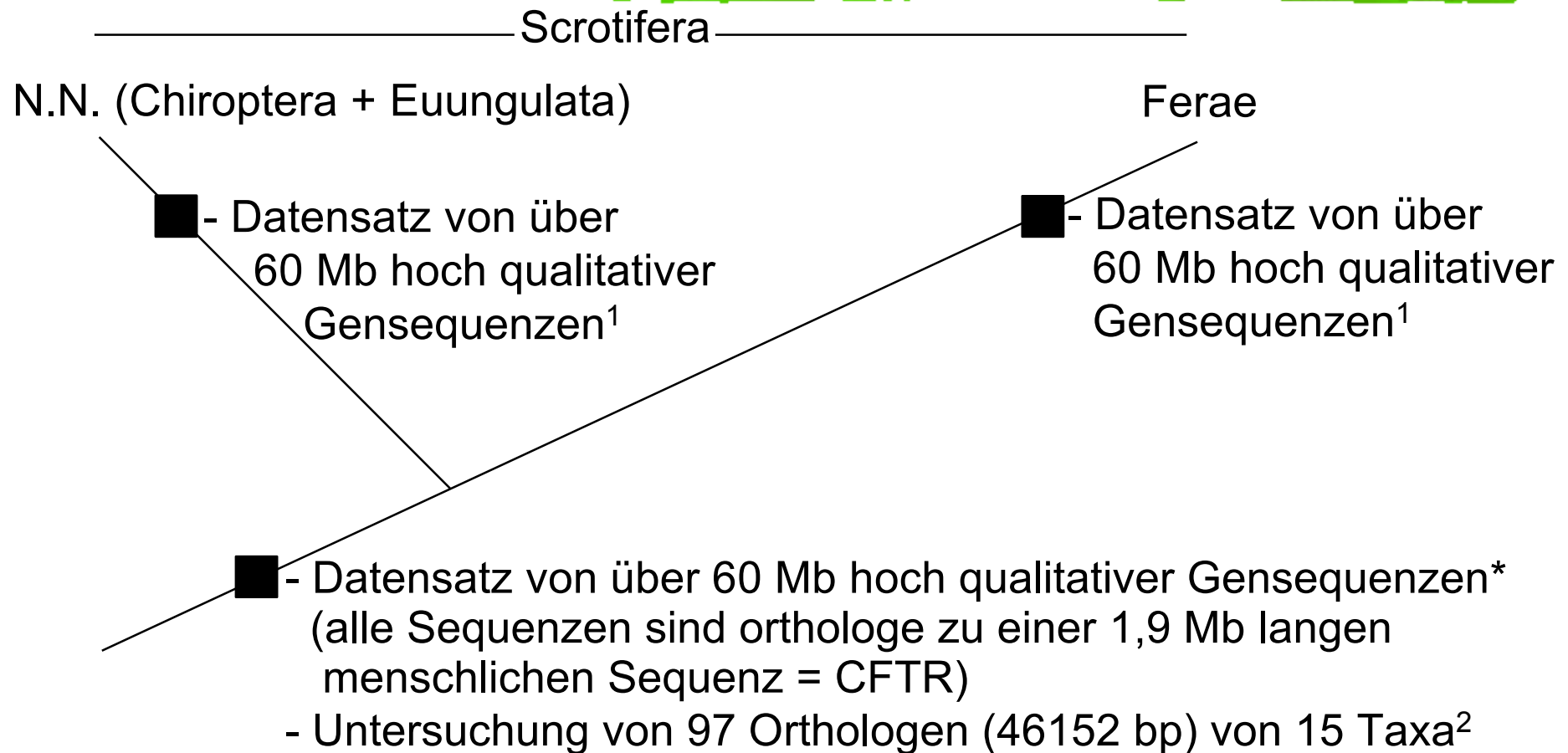
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

N.N. (Erinaceidae + Soricidae)



¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

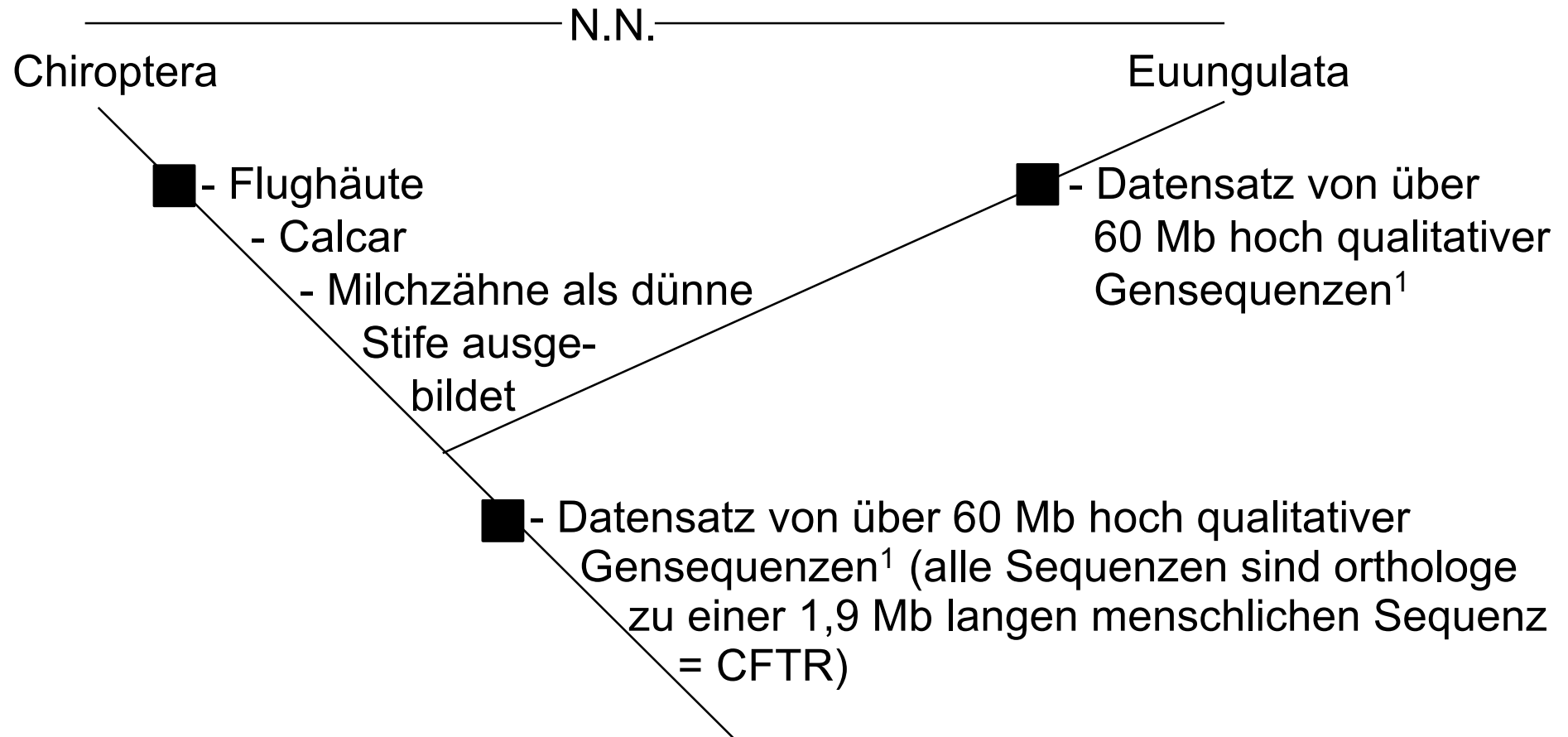
Scrotifera



¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

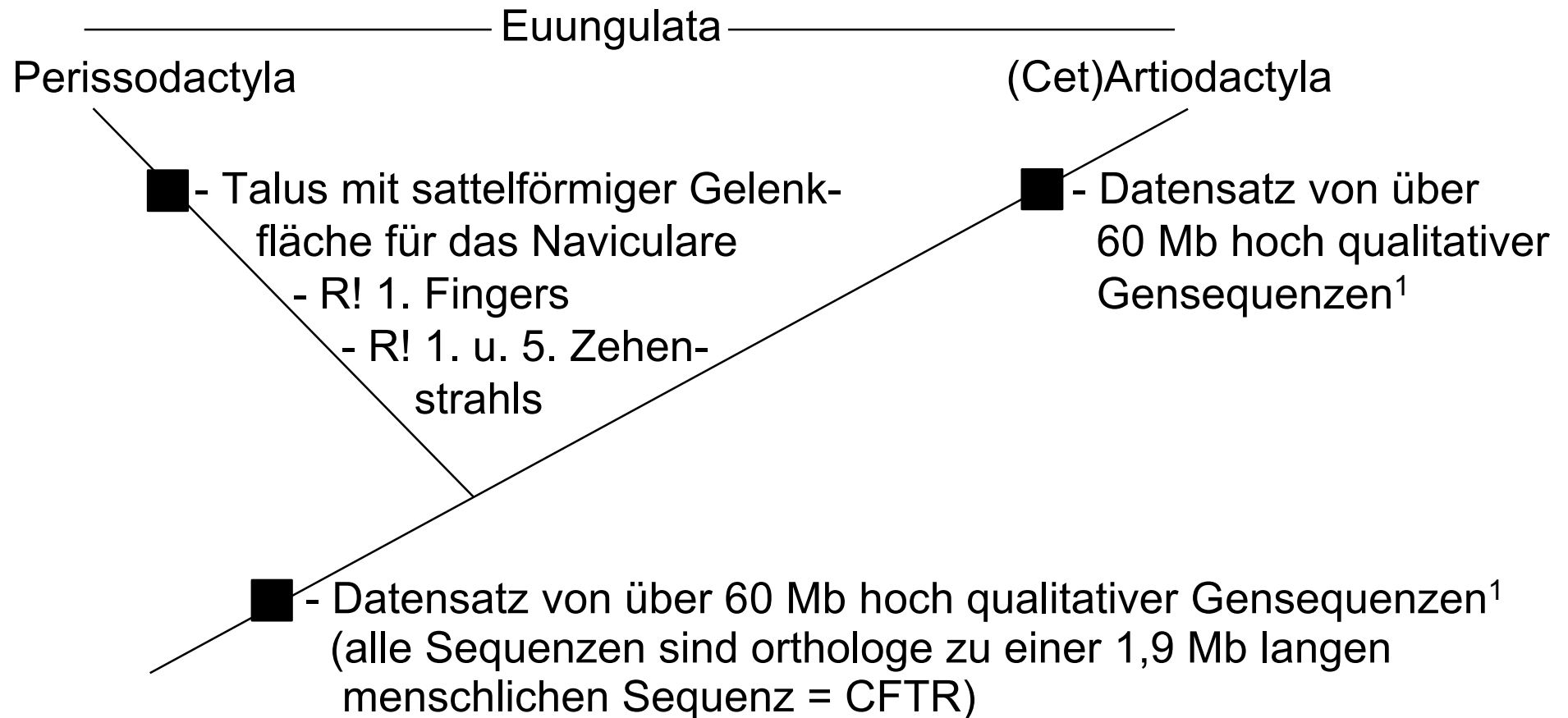
² Zhou, X., S. Xu, et al. (2011). Phylogenomic analysis resolves the interordinal relationships and rapid diversification of the laurasiatherian mammals. *Systematic Biol.* **61**: 150-164.

N.N. (Chiroptera + Euungulata)



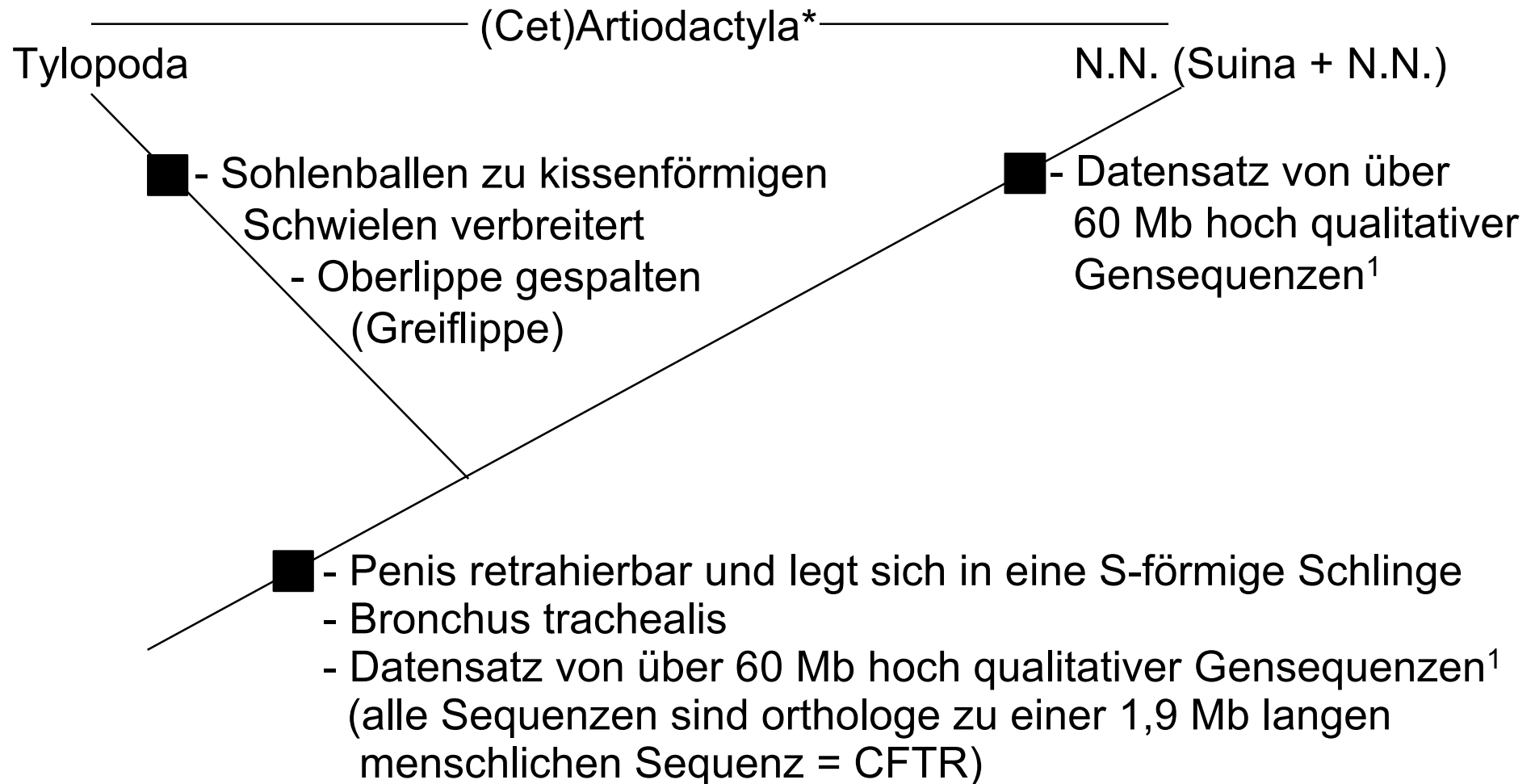
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Euungulata



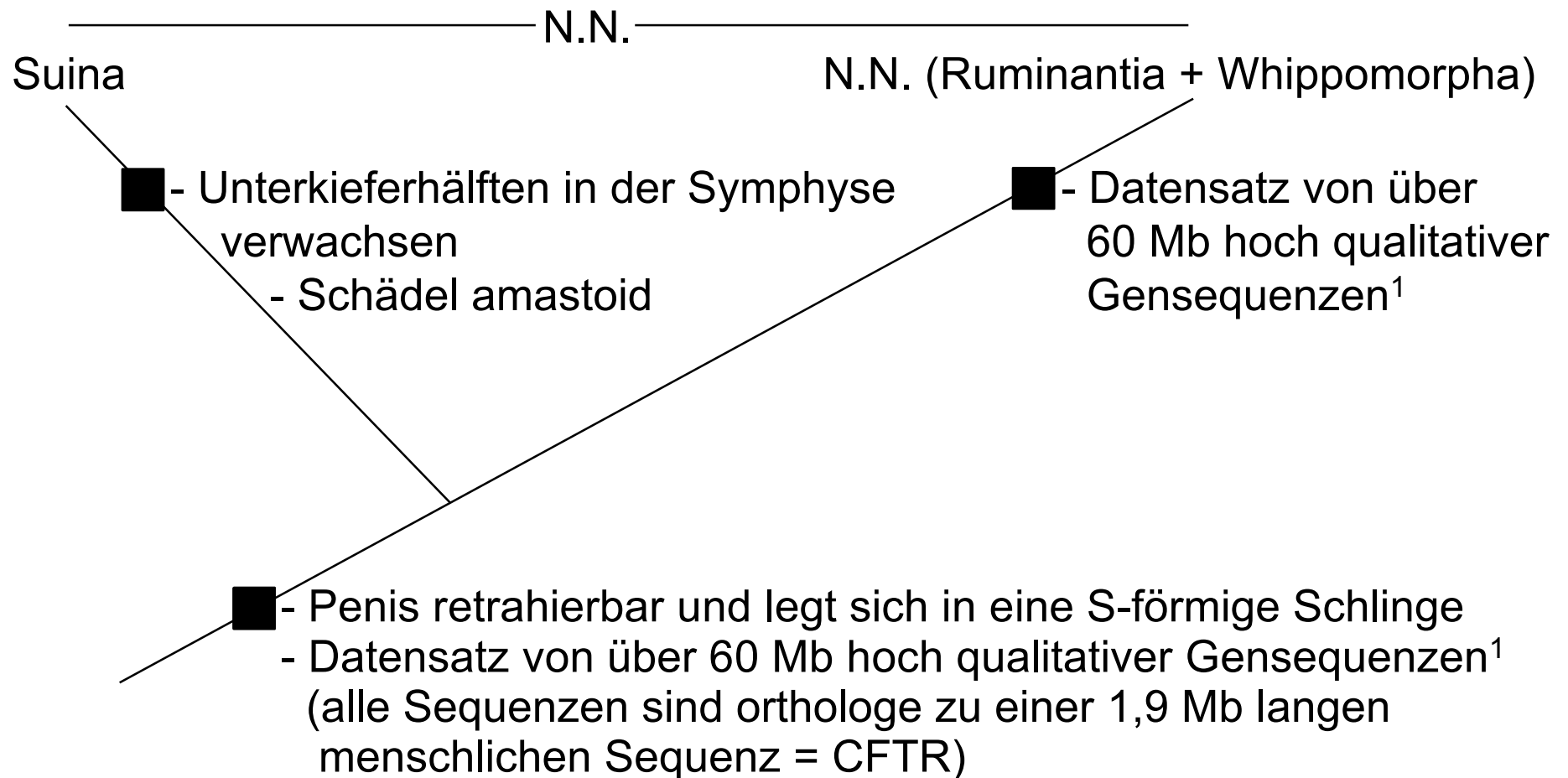
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

(Cet)Artiodactyla



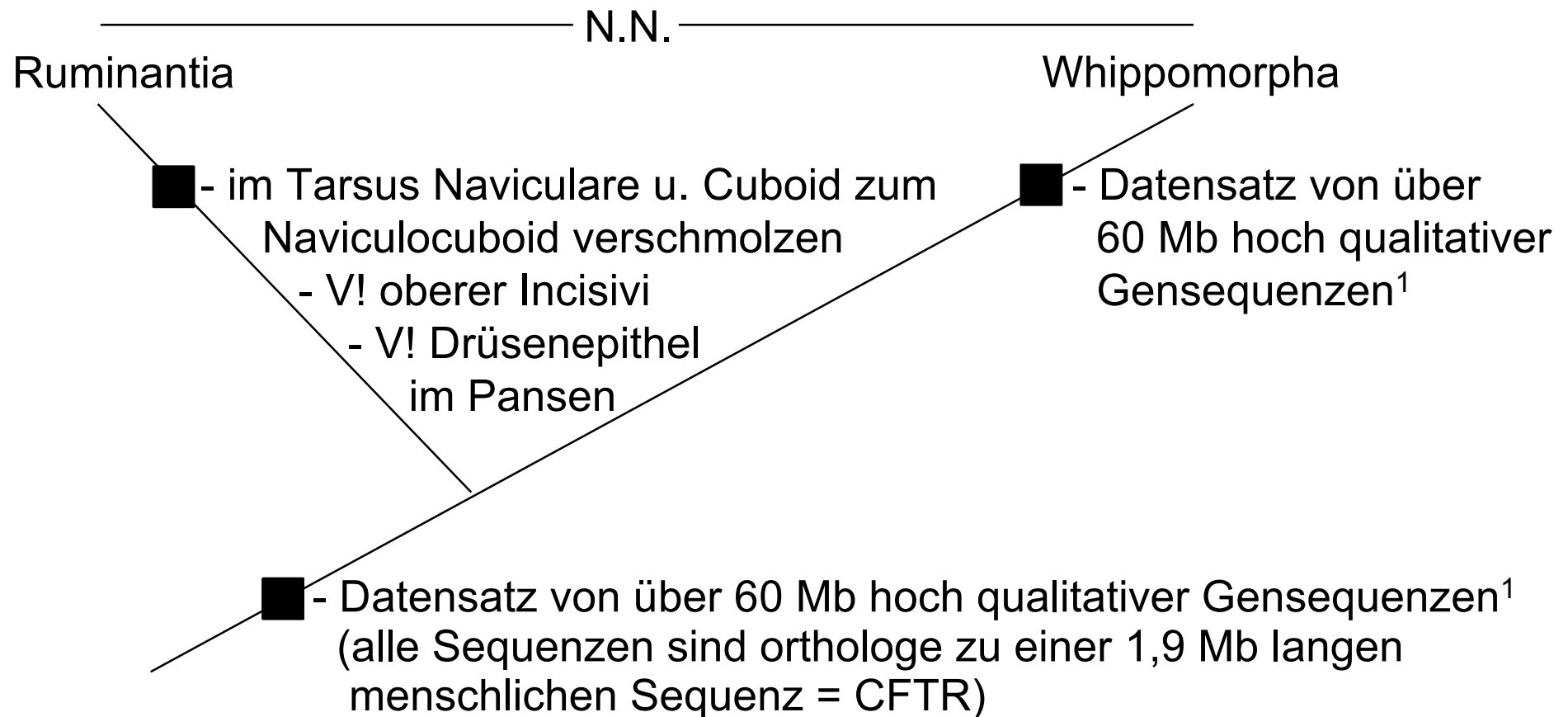
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

N.N. (Suina + N.N.)



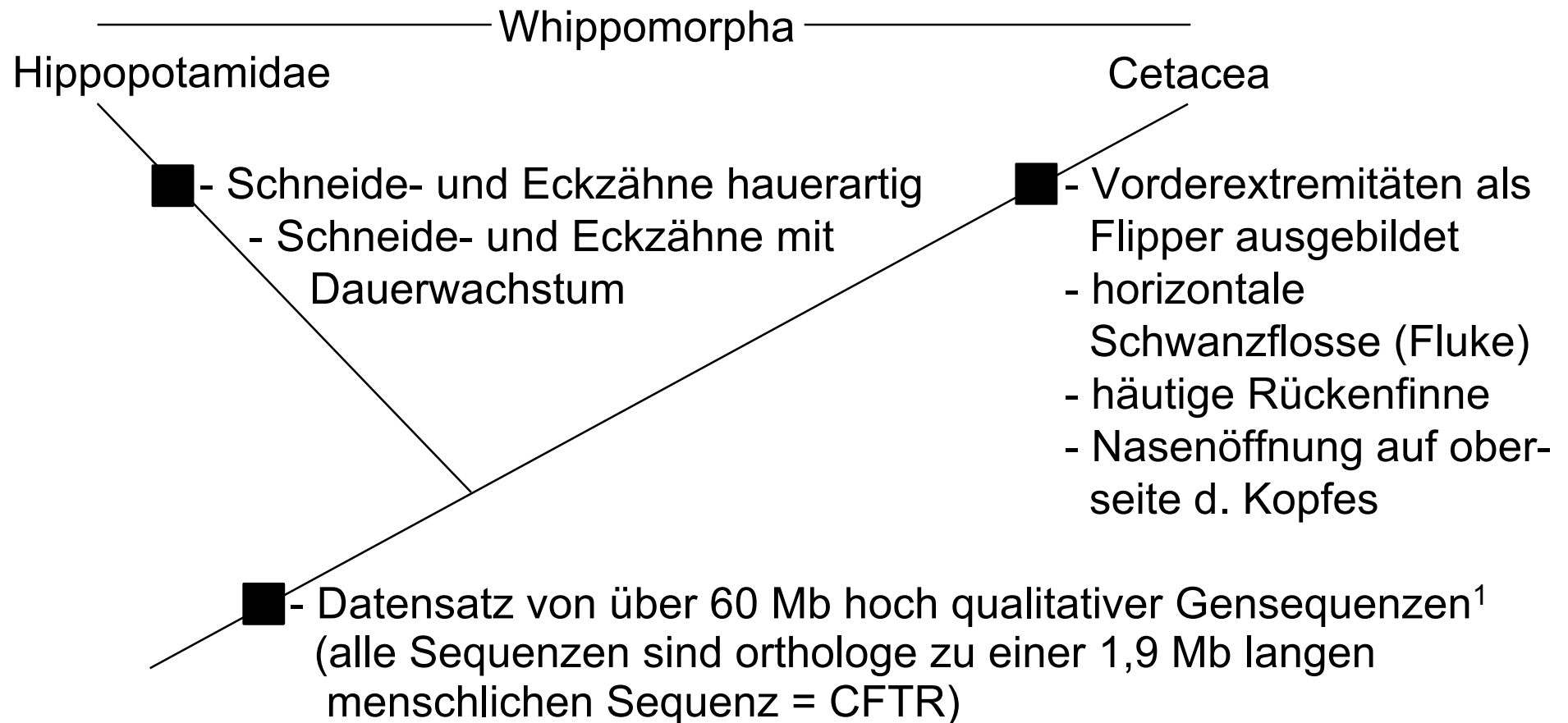
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

N.N. (Ruminantia + Whippomorpha)



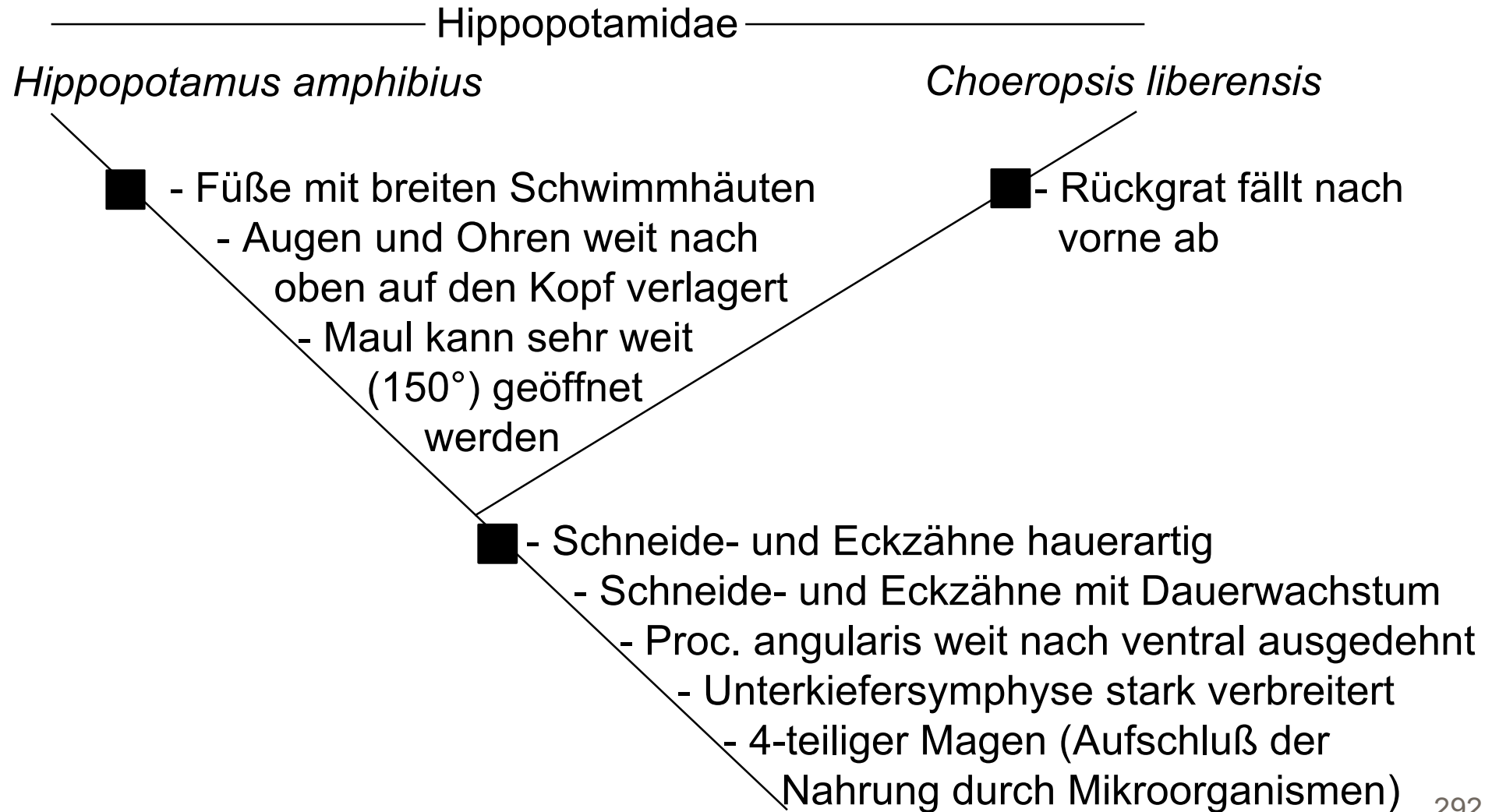
¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Whippomorpha

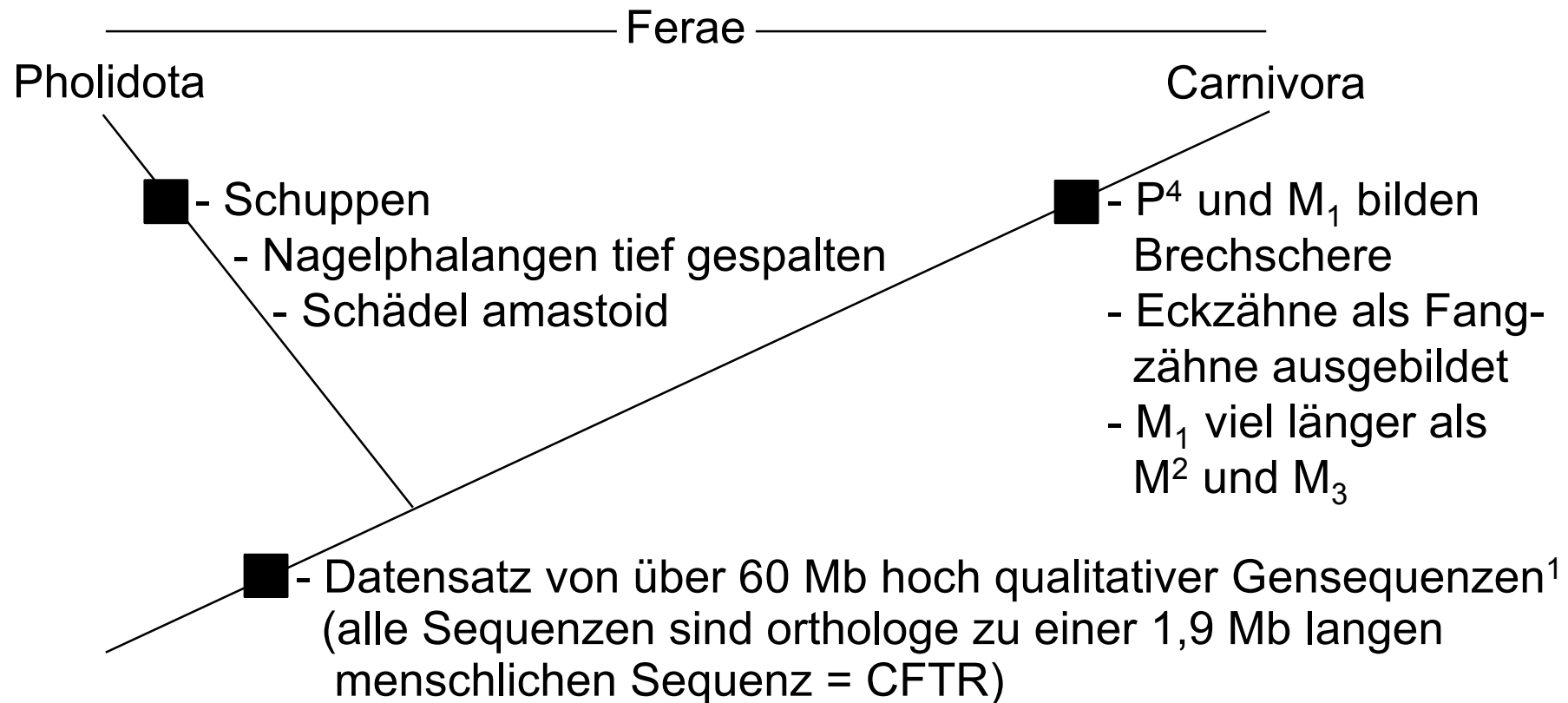


¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Hippopotamidae



Ferae



¹ Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. *Molecular Biology and Evolution*. **25**: 1795-1808.

Metazoa - geschriebenes System

Metazoa

Porifera

Silicea

Demospongiae

Hexactinellida

Calcarea

Epitheliozoa

Trichoplax adhaerens (Placozoa)

Eumetazoa

Ctenophora

N.N. (Cnidaria + Bilateria)

Cnidaria

Anthozoa

N.N. (Myxozoa + Medusozoa)

Myxozoa

Medusozoa

Staurozoa

N.N. (Hydrozoa + Acraspeda))

Hydrozoa

Acraspeda

Cubozoa

Scyphozoa

Bilateria

Protostomia

N.N. (Chaetognatha + Ecdysozoa)

Chaetognatha

Ecdysozoa

Cycloneuralia

Nematoida

Nematoda

Nematomorpha

Scalidophora

Kinorhyncha

Vinctiplicata

Pirapulida

Loricifera

(Pan)Arthropoda

N.N. (Amphionidacea + Decapoda)

Amphionides reynaudi (Amphionidacea)

Decapoda

Miracrustacea

Xenocarida

Remipedia

Cephalocarida

Hexapoda

Ellipura

Protura

Collembola

Cercophora

Diplura

Ectognatha

Archaeognatha

Dicondylia

Zygentoma

Pterygota

Paleoptera

Ephemeroptera

Odonata

Neoptera

N.N. (Pleconeoptera + Orthoneoptera)

Pleconeoptera

Embioptera

Plecoptera

Orthoneoptera

Phasmatodea

Orthoptera

Ensifera

Caelifera

N.N. (Blattoneoptera + Eumetabola)

Blattoneoptera

Zoraptera

Blattopteriformia

Notoptera

Grylloblattodea

Manthophasmatodea

N.N. (Blattopteriformia s. str.)

Dermaptera

- Dictyoptera
 - Mantodea
 - Blattodea
 - Polyphagoidea
 - N.N. (Blaberoidea + Blattoidea)
 - Blaberoidea
 - Blattoidea
 - Blattidae
 - N.N. (*Cryptocerus* + Isoptera)
 - Cryptocerus*
 - Isoptera
- Eumetabola
 - Hemineoptera
 - Psocodea
 - Psocoptera
 - Phthiraptera
 - Condylognatha
 - Thysanoptera
 - Hemiptera
 - Sternorrhyncha
 - Euhemiptera
 - Auchenorrhyncha
 - Fulgoriformes
 - Ciadiformes
 - Heteropterodea
 - Coleorrhyncha
 - Heteroptera
 - Endoneoptera
 - Hymenoptera
 - N.N. (Neuropteriformia + Mecopterida)
 - Neuropteriformia
 - Coleopteroidea
 - Stepsiptera
 - Coleoptera
 - Neuropteridea
 - Planipennia
 - N.N. (Megaloptera + Raphidoptera)
 - Megaloptera
 - Raphidoptera
 - Mecopterida

- Amphiesmenoptera
 - Trichoptera
 - Lepidoptera
- Antilophora
 - N.N. (Mecoptera + Siphonaptera)
 - Mecoptera
 - Siphonaptera
 - Diptera
- N.N. (Platyzoa + Lophotrochozoa)
 - Platyzoa
 - Gnathifera (sensu lato)
 - Gnathostomulida
 - N.N.
 - Gastrotricha
 - N.N. (Limnognathia maerski + Syndermata)
 - Limnognathia maerski* (Micrognathozoa)
 - Syndermata
 - Rotifera
 - N.N. (Seison + Acanthocephala)
 - Seison
 - Acanthocephala
 - Plathelminthes
 - Catenulida
 - Rhabditophora
 - Macrostomorpha
 - Trepaxonemata
 - Polycladida
 - Neophora
 - Lophotrochozoa
 - Rhombozoa
 - N.N. (Lophorata + Eutrochozoa)
 - Lophorata
 - Bryozoa sensu lato
 - Ectoprocta
 - N.N. (Cycliophora + Entoprocta)
 - Cycliophora
 - Entoprocta
 - Brachiozoa
 - Phoronida
 - Brachiopoda

Eutrochozoa

Nemertini

Neotrochozoa

Mollusca

Aplacophora

Solenogastres

Caudofoveata

Eumollusca

Polyplacophora

Conchifera

Neopilinida

Ganglioneura

Rhacopoda

Gastropoda

Cephalopoda

Nautiloidea

Coleoidea

Decabrachia

Octobrachia

Acnyropoda

Scaphopoda

Bivalvia

Annelida sensu lato

Orthonectida

Annelida sensu stricto

Chaetopteridae

N.N. (Myzostomidae + N.N.)

Myzostomidae

N.N. (Sipunculidae + N.N.)

Sipunculidae

N.N. (Errantia + Sedentaria)

Errantia

Sedentaria

Deuterostomia

N.N. (Xenacoelomorpha + Ambulacaria)

Xenacoelomorpha

Xenoturbellida

Acoelomorpha

Acoela

Nemertodermatida

- Squalomorphii
 - Hexanchiformes
 - N.N. (Squaliformes + N.N.)
 - Squaliformes
 - N.N. (Squantiniformes + N.N.)
 - Squantiniformes
 - N.N. (Echinorhiniformes + Pristiophoriformes)
 - Echinorhiniformes
 - Pristiophoriformes
- Osteognathostomata
 - Actinopterygii
 - Cladistia
 - Actinopteri
 - Chondrostei
 - Neopterygii
 - Ginglymodi
 - Halecostomi
 - Halecomorphi
 - Teleostei
 - Sarcopterygii
 - Actinistia
 - Rhipidistia
 - Dipnoi
 - Tetrapoda
 - Amphibia
 - Gymnophiona
 - Batrachia
 - Caudata
 - Anura
 - Amniota
 - Sauropsida
 - Chelonia
 - Pleurodira
 - Chelidae
 - N.N. (Podocnemidae + Pelomedusidae)
 - Podocnemidae
 - Pelomedusidae
 - Cryptodira
 - Trionychidae
 - N.N. (N.N. + Testudinoidea)

N.N. (Chelonioidea + N.N.)

Chelonioidea

N.N. (Kinosternidae + Chelydridae)

Kinosternidae

Chelydridae

Testudinoidea

N.N. (Emydidae + Platysternidae)

Emydidae

Platysternon megacephalum (Platysternidae)

N.N. (Geomydidae + Testudinidae)

Geomydidae

Testudinidae

Diapsida

Lepidosauria

Rhynchocephalia

Squamata

Dibamia

Bifurcata

Gekkota

Unidentata

Scinciformata

Episquamata

Toxicofera

Serpentes

N.N. (Iguania + Anguimorpha)

Iguania

Iguanidae

Acrodonta

Chamaeleonidae

Agamidae

Anguimorpha

Paleoanguimorpha

Shinisaurus crocodilurus (Shinsauridae)

Varanoidea

Lanthanotus borneensis (Lanthanoitidae)

Varanidae

Neoanguimorpha

Xenosauridae

N.N. (Helodermatidae + Anguioidea)

Helodermatidae

- Anguioidea
 - Aniellidae
 - Anguidae
- Laterata
 - Teiiformata
 - Gymnophthalmidae
 - Teiidae
 - Lacertibaenia
 - Amphisbaenia
 - Lacertiformata
- Archosauria
 - Crocodylia
 - Crocodylidae
 - Gavialinae
 - Tomistoma schlegelii*
 - Gavialis gangeticus*
 - Crocodylinae
 - Crocodylus*
 - N.N. (*Osteolaemus* + *Mecitops cataphractus*)
 - Osteolaemus*
 - Mecitops cataphractus*
 - Aligatoridae
 - Aligator*
 - Caimaninae
 - Paleosuchus*
 - N.N. (*Melanosuchus niger* + *Caiman*)
 - Melanosusachus niger*
 - Caiman*
 - Aves
 - Palaeognathae
 - Struthionidae
 - N.N. (Rheidae + N.N.)
 - Rheidae
 - N.N. (Timanidae + N.N.)
 - Timanidae
 - N.N. (Apterygidae + Casuarii)
 - Apterygidae
 - Casuarii
 - Dromaiidae
 - Casuaridae

Neognathae

Galloanseres

Galliformes

Megapodiidae

N.N. (Galli)

Cracidae

N.N. (Numididae + N.N.)

Numididae

N.N. (Odontophoridae + Phasianidae)

Odontophoridae

Phasianidae

Anseriformes

Anhimae

Anseres

Anseranas semipalmata (Anseranatidae)

Anatidae

Neoaves

Mammalia

Monotremata

Ornithorhynchus anatinus

Tachyglossidae

Tachyglossus aculeatus

Zaglossus

Theria

Marsupialia

Didelphimorpha

N.N. (Paucituberculata + Australidelphia)

Paucituberculata

Australidelphia

Dromiciops gliroides (Microbiotheria)

Euastralidelphia

Diprotodontia

Vombatiformes

Phascolarctidae

Vombatidae

N.N. (Petauroidea + Australoplagiulacoidea)

Petauroidea

Australoplagiulacoidea

Phalangeroidea

Macropodiformes

Hypsiprymnodon moschatus (Hypsiprymnodontidae)

N.N. (Potoroidae + Macropodidae)

Potoroidae

Macropodidae

N.N. (Peramelemorphia + N.N.)

Peramelemorphia

N.N. (Dasyuromorphia + Notoryctemorphia)

Notoryctemorphia

Dasyuromorphia

Placentalia

Atlantogeneata

Xenarthra

Afrotheria

Paenungulata

Hyracoidea

Tethytheria

Sirenia

Proboscidea

Afroinsectiphilia

Orycteropus afer (Tubulidentata)

Afroinsectivora

Macroscelididae

Tenrecoidea

Chrysochloridae

Tenrecidae

Boreoeutheria

Euarchontoglires

Glires

Rodentia

Lagomorpha

Ochotonidae

Leporidae

(Eu)Archonta

Primates

Sundatheria

Dermoptera

Scadentia

Laurasiatheria

Lipotyphla

Solenodon

N.N. (Talpidae + N.N.)

Talpidae

N.N. (Erinaceidae + Soricidae)

Erinaceidae

Soricidae

Scrotifera

N.N. (Chiroptera + Euungulata)

Chiroptera

Euungulata

Perissodactyla

(Cet)Artiodactyla

Tylopoda

N.N. (Suina + N.N.)

Suina

N.N. (Ruminantia + Whippomorpha)

Ruminantia

Whippomorpha

Hippopotamidae

Choeropsis liberensis

Hippopotamus amphibus

Cetacea

Ferae

Pholidota

Carnivora

Anmerkungen

Anmerkungen zur Seite 4:

* Die Homoscleromorpha werden sonst zu den Demospongiae innerhalb der Silicea gerechnet.

Anmerkungen zur Seite 5:

* Die Diploblasta umfassen die Taxa: Porifera, *Trichoplax adhaerens*, Ctenophora und Cnidaria.

Anmerkungen zur Seite 10:

* Allgemein wird die systematische Stellung von *Trichoplax adhaerens* stark kontrovers diskutiert. So sprechen z.B. mitochondrialen Untersuchungen dafür, dass die Placozoa die basal abweigendste Tiergruppe überhaupt darstellt (Dellaporta et. al. 2006). Bei der sog. Eumetazoa-Hypothese, wo *Trichoplax* als eine morphologisch sekundär „vereinfachte“ Art angesehen wird, werden nahezu alle Schwestergruppenverhältnisse diskutiert (siehe Nielsen 2008 sowie den deutschen Wikipedia-Eintrag über *Trichoplax adhaerens*: <http://de.wikipedia.org/wiki/Placozoa>). Nach der vollständigen Sequenzierung des Kerngenoms von *Trichoplax adhaerens* (Srivastava et al. 2008) ist *Trichoplax adhaerens* mit aller Wahrscheinlichkeit die Schwestergruppe zu einem Taxon bestehend aus Cnidaria + Bilateria (wie auf dieser Seite aufgeführt). Allerdings haben Srivastava, et. al. (2008) keine Rippenquallen bei ihren Untersuchungen berücksichtigt. Bislang sind nur bei den Schwämmen und den Rippenquallen keine ParaHox- oder Hox-Gene entdeckt worden, so dass man diese, nach dem bisherigen Kenntnisstand, als Apomorphien für die letzte gemeinsame Stammart von *Trichoplax adhaerens* + Cnidaria + Bilateria ansehen kann. Allerdings wäre es nicht besonders verwunderlich, wenn man in Zukunft auch Para- und Hox-Gene bei Schwämmen und Rippenquallen finden würde (siehe z.B. Dawkins 2009), so dass diese Merkmale mit einer gewissen Vorsicht zu genießen sind.

Mir erscheint eine Stellung von *Trichoplax adhaerens* als Schwestergruppe zu Ctenophora + (Cnidaria + Bilateria) oder als Schwestergruppe zu Cnidaria + Bilateria am Wahrscheinlichsten. Da zwischen einzelnen *Trichoplax adhaerens* Individuen z.T. recht starke genetische Unterschiede gibt wird überlegt, ob es sich bei *Trichoplax adhaerens* vielleicht um mehrere kryptische Arten handelt (Eitel & Schierwater 2010; siehe auch deutschen Wikipedia-Eintrag: <http://de.wikipedia.org/wiki/Placozoa>).

Anmerkungen zur Seite 21:

* Bei einige molekularbiologischen Untersuchung kommen die Acoelomorpha als paraphyletische Gruppe heraus (z.B. Wallberg et. al. 2008).

Anmerkungen zur Seite 23:

* Das Schwestergruppenverhältnis zwischen Chaetognatha und Ecdysozoa ist nicht gesichert. Die Position der Chaetognatha wird vielfach diskutiert (siehe z.B. Matus et. al. 2008 oder Vallès & Boore 2006),

Anmerkungen zur Seite 29:

* Die Taxonbezeichnung Panarthropoda für Tardigrada und Onychophora + Euarthropoda habe ich der Literatur entnommen. Der Begriff Arthropoda wird entsprechend für Onychophora + Euarthropoda verwendet. Ich halte diese Namensgebung für ungünstig, da dies leicht mit Pan-Arthropoda verwechselt werden könnte, was für die rezenten Arthropoden mit ihren Stammgruppen und Ahnenlinienvertretern steht. Die Vorsilbe „Pan“ vor dem Namen des Taxons welches die rezenten Arten umfasst (= Kronengruppe) wurde von Lauterbach (1989) vorgeschlagen (siehe z.B. Sudhaus & Rehfeld 1992). Dieses „Pan-Monophylum-Konzept“ halte ich für eine sehr gute Lösung, um unnötige Vielfalt in der Bezeichnung von Taxa vorzubeugen und daher plädiere ich für eine Verwendung der Vorsilbe „Pan“ nur in dem von Lauterbach (1989) vorgeschlagenen Sinn. Siehe hierzu auch die Erklärung für die Bevorzugung der Taxonbezeichnung Tetraconata gegenüber Pancrustacea in Richter et. al. (2008).

Anmerkungen zur Seite 30:

* Nach anderen molekularbiologischen Untersuchungen sind die Onychophora die Schwestergruppe der Chelicerata (zB. Marlétaz et. al. 2008).

Anmerkungen zur Seite 33:

Die Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der Arachnida sind zum großen Teil unklar und werden oft nur in Form von Polytomien dargestellt.

Eine Monophylie der Chelicerata wird heute im Grunde nicht mehr angezweifelt und die basale Stellung der Pycnogonida als Schwestergruppe zu allen anderen Chelicerata = Euchelicerata kann auch als gesichert angesehen werden. Die Xiphosura als Schwestergruppe der Arachnida scheint ebenfalls ziemlich gesichert. Innerhalb der Arachnida kann das Taxon Tetrapulmonata als gesichert angesehen werden, welches die Gruppen Araneae, Uropygi und Amblypygi umfasst. Die Schwestergruppe zu den Tetrapulmonata sind mit hoher Wahrscheinlichkeit die Ricinulei. Des Weiteren wird ein Schwestergruppenverhältnis zwischen Scorpiones und Opiliones stark gestützt, wobei deren Stellung innerhalb der Arachnida nicht befriedigend geklärt ist. In den letzten Jahren kristallisiert sich heraus, dass die Acari kein Monophylum darstellen sondern sich in zwei Taxa auflösen, die nicht näher miteinander verwandt sind. Diese zwei Taxa sind die Acariformes und die Parasitiformes. Dabei sprechen einige Untersuchungen (sowohl molekulare als morphologische) dafür, dass die Acariformes die Schwestergruppe zu den Solifugae sind. Die Parasitiformes könnten die Schwestergruppe zu den Pseudoscorpiones sein, dafür gibt es bislang aber nur molekulare Unterstützung.

Weil eben so viele Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der Arachnida unklar sind habe ich in dieser Datei darauf verzichtet diese näher darzustellen. Ich verweise für diejenige, die sich mehr dafür interessieren auf folgenden Arbeiten:

Giribet, G., G. D. Edgecombe, et al. (2002). Phylogeny and Systematic Position of Opiliones: A Combined Analysis of Chelicerate Relationships Using Morphological and Molecular Data. Cladistics. **18**: 5-70.

Schultz, J. W. (2007). A phylogenetic analysis of the arachnid orders based on morphological characters. Zoological Journal of the Linnean Society. **150**: 221-265.

Dabert, M., W. Witalinski, et al. (2010). Molecular phylogeny of acariform mites (Acari, Arachnida): Strong conflict between phylogenetic signal and long-branch attraction artifacts. Mol Phylogenet Evol. **56**: 222-241.

Pepato, A., C. Da Rocha, et al. (2010). Phylogenetic position of the acariform mites: sensitivity to homology assessment under total evidence. BMC Evol Biol. **10**: 235.

Außerdem versuche ich eine Extradatei zur Systematik der Chelicerata zu erstellen.

Anmerkungen zur Seite 38:

* Die meisten molekularbiologischen Untersuchungen deuten darauf hin, daß die „Crustacea“ paraphyletisch sind. Allerdings gibt es Unstimmigkeiten, welche Gruppe der Krebse näher mit den Insekten verwandt ist, als mit den restlichen Krebsen. Nach einigen molekularbiologischen Untersuchungen sind es die Branchiopoda (z.B. Rota-Stabelli 2011 oder Montagné 2010), nach anderen sind es die Xenommacarida (z.B. Rieger et. al. 2010). Der zweiten Hypothese wurde in dieser Arbeit gefolgt.

Anmerkungen zur Seite 69:

* Die Position der Zoraptera innerhalb der Neoptera ist unklar. Nach Kukalova-Peck (2008) teilen die Zoraptera 7 Synapomorphien mit anderen Blattoneoptera (Flügelmerkmale). Nach einer 18S rDNA Untersuchungen (Yoshizawa & Johnson 2005) sind die Zoraptera nahe mit den Dictyoptera verwandt. Dies kann als ein Hinweis gedeutet werden, daß die Zoraptera innerhalb der Blattoneoptera anzusiedeln sind, obwohl ein Taxon Blattoneoptera in den hier aufgeführten Sinne nicht durch die 18S rDNA Untersuchung gestützt wird. Andere Untersuchungen stellen die Zoraptera in die Nähe der Embioptera (z.B. Yoshizawa 2007).

Anmerkungen zur Seite 72:

* Blattopteriformia s. str. (= senu stricto) ist eine Taxonnamensgebung von mir.

Anmerkungen zur Seite 97:

* Die Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der Diptera werden kontrovers diskutiert. Andere Untersuchungen sehen andere „Nematocera“-Gruppen als die Bibionomorpha als Schwestergruppe der Brachycera (erwähnt in Bertone et. al. 2008). Auch welche Gruppe die basal abzweigende ist, wird kontrovers diskutiert. Ich halte mich hier an den Artikel von Bertone et. al. 2008 wo (überraschend) die kleine Gruppe der Deuterophlebiidae Schwestergruppe zu allen anderen Diptera ist und die Bibionomorpha die Schwestergruppe der Brachycera ist. Die Reihenfolge der anderen Gruppen ist nach dieser Untersuchung nicht eindeutig, weshalb ich diese hier auch nicht aufführe. Das Schwestergruppenverhältnis der Bibionomorpha zu den Brachycera wurde übrigens bereits von Willi Hennig postuliert (siehe Bertone et. al. 2008).

Anmerkungen zur Seite 99:

* Die Platyzoa entsprechend nahezu den Plathelminthomorpha, nur daß die Gastrotricha noch zu diesem Taxon gehören (hier innerhalb der Gnathifera (sensu lato) geführt).

Anmerkungen zur Seite 103:

* Bei der Bearbeitung der Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der Plathelminthes habe ich mich stark an der Arbeit von Littlewood (2008) gehalten. In dieser Arbeit ist ein Stammbaum dargestellt, der die Ergebnisse mehrerer Arbeiten berücksichtigt (S. 335 in der Arbeit). Die Verwandtschaftsverhältnisse für die Neophora bzw. Polycladida und Neophora sind dort nicht aufgelöst sondern als Polytomie dargestellt. Diese konnte ich leider nicht vollständig auflösen. Deshalb ist auf der Seite 103 ausnahmsweise mal eine Polytomie dargestellt.

Anmerkungen zur Seite 112:

* Die systematische Stellung der Gastrotricha ist sehr ungewiß. Nach anderen molekularbiologischen Untersuchungen sind sie die Schwestergruppe der Plathelminthes (Giribet et. al. 2000) oder sogar der Ecdysozoa (Zrzavy´ 2003, entnommen Todaro et. al. 2006). Die Monophylie der Gastrotricha wird durch manche molekularbiologischen Untersuchungen bezweifelt (Giribet et. al. 2004 entnommen von Todaro et. al. 2006). Wenn die Gastrotricha an der hier vorgeschlagenen Stelle im System stehen sollten, müßte sie die Kieferstruktur verloren haben (Konvergent zu Seison + Acanthocephala) und sie müßten den cuticulären Saugpharynx konvergent zu den Cycloneuralia ausgebildet haben, da eine nähere Verwandtschaft zu den Cycloneuralia sonst (z.B. durch molekularbiologischen Untersuchungen) bislang nicht unterstützt wird. Die Alternative hierzu wäre eine mehrmaliger unabhängiger Verlust des Saugpharynx in der Mehrzahl der Protostomia-Taxa, wenn man davon ausgeht, daß dieser bereits bei deren Stammart vorhanden war. Die Taxonbezeichnung Gnathifera sensu lato ist eine Wortschöpfung von mir.

Anmerkungen zur Seite 116:

* Die phylogenetische Position der Rhombozoa ist sehr ungewiß. Die auf der Seite genannte molekulare Untersuchungen (Kohayashi et. al. 1999) spricht dafür, sie innerhalb der Lophotrochozoa anzusiedeln. Sie wurden früher mit den Orthonectida als „Mesozoa“ zusammengefaßt.

Anmerkungen zur Seite 119:

* Bei meiner Darstellung der Lophorata sind die Ergebnisse der, auf dieser Seite genannten Arbeiten, zusammengefügt worden, wodurch eine Monophylie der Lophorata und ein Schwestergruppenverhältnis von Cycliophora und Entoprocta innerhalb der Bryozoa sensu lato innerhalb der Lophorata postuliert wird. Bryozoa sensu lato ist eine Wortschöpfung von mir.

Anmerkungen zur Seite 120:

* Die Stellung der Cycliophora ist ungewiss und wird kontrovers diskutiert. Manche Untersuchungen stellen sie z.B. in nahe Verwandtschaft mit den Syndermata innerhalb der Gnathifera (entnommen aus Zotto & Todaro 2008).

Anmerkungen zur Seite 138:

* Insgesamt ist die Systematik der Mollusken stark im Fluss. Neuere Untersuchungen besagen sogar, dass die Mollusca kein Monophylum sind. Nach der Arbeit: Goloboff et. al. (2009) sind die Scaphopoda und die Bivalvia zwei von den restlichen Mollusken getrennte Linien. Die Arbeit von Wilson et. al. (2010) kommt ebenfalls zu dem Schluß, dass die Mollusca kein Monophylum sind und das in diesem Fall die Solenogastres näher mit nicht „Mollusken“ verwandt sind.

Anmerkungen zur Seite 139:

* Die Position der Orthonectida ist sehr ungewiß. In der Literatur findet man den Hinweis, daß das Vorhandensein einer sog. echten Kutikula und Faserbänden, die in der aus bewimperten und unbewimperten Zellen bestehenden Epidermis verlaufen, die Hypothese unterstützen, daß die Orthonectida abgewandelte Anneliden oder zumindest abgewandelte Trochozoa sind (Slyusarev, & Kristensen 2003).

Anmerkungen zur Seite 149:

* Die Mehrheit der hier aufgeführten morphologischen Apomorphien sind der Arbeit von Cameron (2005)“ entnommen. Es gibt auch molekularbiologische Untersuchungen bei denen die Hemichordata paraphyletisch sind (entnommen aus Janies 2001).

Anmerkungen zur Seite 164:

* Da mir die Arbeit von McEachran & Aschliman von 2004 leider nicht vorlag, versuchte ich Merkmale für das vorliegende Stammbaumschema aus der Arbeit von McEachran et. al. (1996) sowie aus den jeweiligen Wikipedia-Einträgen zu den Gruppen zu extrahieren. Aus diesem Grund sind die meisten möglichen Apomorphien auf den folgenden Seiten mit einem Fragezeichen versehen. Im Jahr 2012 soll eine überarbeitete Version der Arbeit von McEachran & Aschliman erscheinen. Vielleicht kann ich deren Ergebnisse in einer Extradatei zur Systematik der Batoidea verarbeiten.

Anmerkungen zur Seite 167:

* Die Galeomorphi (Galea) sind als Monophylum nur ungenügend gesichert. Die hier aufgelisteten Merkmale sind von Mickoleit (2004) entnommen. Das Fragezeichen sollen verdeutlichen, dass für die Galeomorphi nur unzureichende mögliche Apomorphien vorliegen. Die Untersuchung von Zuazoa & Agnarsson (2011) führen die Galeomorphi aber auch als Monophylum und im folgenden wird die interne Systematik der Galeomorphi nach deren Arbeit dargestellt.

Anmerkungen zur Seite 169:

* Die Lamniformis sind schwer als Monophylum zu begründen, weil sie durch zahlreiche Plesiomorphien und schwer zu beurteilenden Reduktionsmerkmale gekennzeichnet sind (Mickoleit 2004).

Anmerkungen zur Seite 184:

* Die Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der Teleostei werden kontrovers diskutiert. Von Nelson gibt es eine Arbeit zur Phylogenie der Teleostei aus dem Jahr 2006 (Joseph S. Nelson: Fishes of the World, John Wiley & Sons, 2006). Eine noch aktuellere Arbeit liegt von Wiley & Johnson aus dem Jahr 2010 vor. Diese Arbeit strebt es an nur monophyletische Taxa gelten zu lassen. Dieser Anspruch ist lobenswert und die Arbeit kann wohl zur Zeit als die umfassendste und aktuellste Arbeit zu der Systematik der Teleostei angesehen werden. Sie präsentiert einige neue Erkenntnisse bzw. stellt neue Hypothesen vor. Allerdings kann ich mir nicht verkneifen anzumerken, dass das von Wiley und Johnson präsentierte geschriebene System keineswegs in ein aus rein monophyletischen Taxa bestehendes Stammbaumschema umgesetzt werden kann (sonst hätte ich das in dieser Datei getan). Hier bedarf es anscheinend einer gründlichen Durcharbeitung der Arbeit, was mir bisher noch nicht gelungen ist. Aus diesem Grund habe ich keine Verwandtschaftshypothese der Teleostei in dieser Datei dargestellt. Ich hoffe dies in einer zukünftigen Datei nachholen zu können oder eine Extradatei zur Systematik der Teleostei präsentieren zu können. Bis dahin verweise ich auf die Arbeit von Wiley & Johnson aus dem Jahr 2010:

Wiley, E. O. and G. D. Johnson (2010). A teleost classification based on monophyletic groups. Origin and Phylogenetic Interrelationships of Teleosts: 123-182.

Anmerkungen zur Seite 186:

* Der Taxonname Rhipidistia wird teilweise auch nur für die Stammgruppen- und Ahnenlinienvertreter der Tetrapoda plus der rezenten Tetrapoda verwendet. Ich folge hier Mickoleit (2004) und verwendete den Begriff für ein Taxon Dipnoi + Tetrapoda.

Anmerkungen zur Seite 188:

* Für die Tetrapoden gibt es in der Literatur zahlreiche aufgelistete Apomorphien. Viele dieser Merkmale sind bereits bei vielen Stammgruppen- und Ahnenlinienvertreter ausgebildet, so dass sich die Apomorphien für die Kronengruppe der Tetrapoda bei genauerem hinschauen drastisch reduziert. Von den hier aufgelisteten Apomorphien kommen die letzten drei als Apomorphien der Kronengruppe in Frage. Die Ausbildung eines einfachen Hinterhauptshöckers (Condylus occipitale) könnte je nachdem, wo z.B. sich das Fossil *Loxommatidae* † einordnen lässt, auch als Apomorphie der Kronengruppe wegfallen. *Loxommatidae* † weist ebenfalls einen einfachen Hinterhauptshöcker auf und falls es sich bei diesem Fossil um einen Stammgruppenvertreter der Tetrapoda und nicht der Amniota handeln sollte, dann würde das Merkmal eines einfachen Hinterhauptsgelenk als Apomorphie der Kronengruppe entfallen.

Anmerkungen zur Seite 198:

* Nach der Arbeit von Krenz et. al. (2005) sind die Kinosternidae die Schwestergruppe von Chelydridae + Chelonioidea.

Anmerkungen zur Seite 200:

* Nach der Arbeit von Krenz et. al. (2005) sind die Platysternidae die Schwestergruppe der restlichen Testudinoidea und die Emydidae die Schwestergruppe der Testudinidae + Geomydidae.

Anmerkungen zur Seite 212:

* Das Taxon Iguania + Anguimorpha ist nur schwach begündet. In der Arbeit von Vidal & Hedges (2005) liegt der Bootstrap-Wert für dieses Taxon nur bei 53 und der Bayesian-Wert bei 58.

Anmerkungen zur Seite 236:

* Die Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der Palaeognathae werden vielfach diskutiert. Die klassische, morphologische Aufspaltung in Timanidae und die Ratitae scheint überholt.

Anmerkungen zur Seite 241:

* Die Neoaves werden durch mehrere molekularbiologische als Monophylum gestützt. Siehe hierzu z.B. auch die Arbeit von Ericson et. al. (2006). Die Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der Neoaves sind allerdings zum großen Teil noch nicht gut geklärt. So scheint z.B. eine Aufspaltung der Neoaves in die Taxa Coronaves und Metaves, wie sie unter anderem durch die Arbeiten von Ericson et. al. (2006) und Harshman et. al. (2008) postuliert werden, ungewiss. Denn nach der Arbeit von Mayr. (2011) ist das Taxon Metaves wahrscheinlich ein Artefakt des β -fibrinogen-Gens und somit ein Paraphylum.
Auch wenn ich es selbst damit unzufrieden bin, verschiebe ich eine nähere Aufspaltung der Neoaves in die Zukunft.

Anmerkungen zur Seite 250:

* Der hauptsächlich bei den Männchen ausgebildete, hornüberzogene und umklappbare Sporn, auf dessen Spitze eine im Schenkelbereich liegende Giftdrüse ausmündet, wird z.T. als Apomorphie der Monotremata genannt. Dieses Merkmal könnte aber eine Plesiomorphie sein denn *Gobicondon* †, ein mutmaßlicher Stammgruppenvertreter der Mammalia und *Zahngheotherium* †, ein mutmaßlicher Stammgruppenvertreter der Theria, scheinen ebenfalls einen spornartigen Fersenanhang besessen zu haben (Mickoleit 2004 zit. n. Hu, Wang, Lou & Li 1997).

** Ob die schnabelförmige Schnauze ein abgeleitetes Merkmal für *Ornithorhynchus anatinus* ist, lässt sich schwer sagen, da ungewiss ist, wie die Schnauzenform der Stammart der Monotremata war. Somit ist auch die röhrenförmige Schnauzenform der Tachyglossidae als Apomorphie dieser Gruppe fraglich (siehe Seite 251).

Anmerkungen zur Seite 251:

* *Ornithorhynchus anatinus* weist juvenil noch 2-3 Paar höckerigen Zähnen im Ober- und Unterkiefer auf (Mickoleit 2004).

** Innerhalb von *Zaglossus* werden zur Zeit drei Arten anerkannt.

Zaglossus bruinji (Westlicher Langschnabeligel) ist durch die Reduktion auf 3 Krallen an den Vorder- und Hinterpfoten gekennzeichnet. *Zaglossus batoni* (Östlicher Langschnabeligel) weist in der Regel 5 Krallen an den Vorder- und Hinterpfoten auf aber es können auch nur 4 an den Hinterpfoten vorkommen. Bei *Zaglossus bartoni* ist weiterhin die Orbitotemporal-Grube reduziert, die bei *Zaglossus bruinji* sehr groß ausgebildet ist. Die dritte erst 1998 beschriebene Art ist *Zaglossus attenboroughi* (Attenborough-Langschnabeligel), die nur anhand eines einzigen Museumsexemplar beschrieben ist. Diese Art ist die kleinste *Zaglossus*-Art, weist wohl 5 Krallen an allen Pfoten auf und lebt ausschließlich in den Cyclops-Bergen auf Neuguinea (alle Angaben nach Flannery & Groves 1998).

Wie die Verwandtschaft der 3 Arten untereinander ist, konnte ich leider nicht ermitteln.

Anmerkungen zur Seite 261:

* Die morphologischen apomorphen Merkmale für Potorooidae + Macropodidae sind der Arbeit von Burk et. al. (1998) entnommen.

Anmerkungen zur Seite 277:

* Bei der Namensgebung der Placentalia-Taxa habe ich mich an der Arbeit von Asher & Helgen (2010) orientiert. Diese Arbeit gibt Vorschläge für eine einheitliche Benennung höherrangiger Taxa (Taxa mit einem höheren kategorialen Rang als den der Familie). Dabei versuchen sie die für Artnamen geltende Prioritätsregel auch auf diese höherrangigen Taxa anzuwenden. Dies bedeutet den zuerst verwendeten Namen für ein Taxa zu benutzen, um somit Stabilität in die Namensgebung zu bringen. Für das auf der Seite 277 dargestellte Taxon schlagen Asher und Helgen den Begriff Archonta vor.

Ich habe die Vorsilbe „Eu“ in Klammern davor gesetzt, weil dieses Taxon eher unter dem Begriff Euarchonta bekannt ist.

Anmerkungen zur Seite 288:

* Ähnlich wie für das Taxon Archonta auf der Seite 277, habe ich hier in Klammern eine Vorsilbe gesetzt, da dieses Taxon eher als Cetartiodactyla bekannt ist.

Literaturverzeichnis

Bücher:

Ax, Peter (1995): Das System der Metazoa I. Gustav Fischer

Ax, Peter (1999): Das System der der Metazoa II. Gustav Fischer

Ax, Peter (2001): Das System der Metazoa II. Spektrum Gustav Fischer

Dawkins, Richard (2008): Geschichten vom Ursprung des Lebens. Eine Zeitreise auf Darwins Spuren. Ullstein Verlag.

Hennig, Willi (1984): Wirbellose I. Taschenbuch der Zoologie, Bd. 2, 5. Auflage. Gustav Fischer

Hennig, Willi (1986): Wirbellose II. Gliedertiere. Taschenbuch der Zoologie, Bd. 3, 4. Auflage. Gustav Fischer

Knoop, V. and K. Müller (2009). Gene und Stammbäume. Ein Handbuch zur molekularen Phylogenetik. 2. Auflage. Spektrum Akademischer Verlag

Mickoleit, Gehard (2004): Phylogenetische Systematik der Wirbeltiere. Pfeil-Verlag

Richter & Sudhaus (2004, Hrsg.): Sitzungsberichte der Gesellschaft Naturforschender Freunde zu Berlin, Band 43: Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa. Goecke & Evers / Keltern

Westheide & Rieger (2003, Hrsg.): Spezielle Zoologie, Teil 1: Einzeller und Wirbellose. Spektrum Gustav Fischer

Westheide & Rieger (2003, Hrsg.): Spezielle Zoologie, Teil 2: Wirbel- oder Schädeltiere. Spektrum Gustav Fischer

Mitschriften aus folgenden Lehrveranstaltungen der Freien Universität Berlins:

Seminar: Phylogenie der Landwirbeltiere - die Stammlinienvertreter. (2003)

Seminar: Phylogenie der Landwirbeltiere. (2002 / 2003)

Vorlesung: Wirbeltiere I. (2002)

Vorlesungsteil des Großpraktikums: Evolution und Systematik der Tiere. (2004)

Vorlesungsteil des Praktikums: Evolution und Systematik der Arthropoda (exklusive Insecta). (2002 / 2003)

Vorlesungsteil des Praktikums: Evolution und Systematik der Insekten. (2001)

Vorlesungsteil des Praktikums: Systematik der Wirbellose (exklusive Arthropoda). (2002)

Artikel, die auf den Seiten aufgelistet sind:

- Barley, A., P. Spinks, et al. (2010). Fourteen nuclear genes provide phylogenetic resolution for difficult nodes in the turtle tree of life. Mol Phylogenet Evol. **55**: 1189-1194.
- Bertone, M., G. W. Courtney, et al. (2008). Phylogenetics and temporal diversification of the earliest true flies (Insecta: Diptera) based on multiple nuclear genes. Systematic Entomology. **33**: 668-687.
- Bourlat, S. J., T. Juliusdottir, et al. (2006). Deuterostome phylogeny reveals monophyletic chordates and the new phylum Xenoturbellida. Nature. **444**: 85-88.
- Eaton, M. J., A. Martin, et al. (2009). Species-level diversification of African dwarf crocodiles (Genus *Osteolaemus*): A geographic and phylogenetic perspective. Mol Phylogenet Evol. **50**: 496-506.
- Haas, F. and J. Kukalová-Peck (2001). Dermaptera hindwing structure and folding: New evidence for familial, ordinal and superordinal relationships within Neoptera (Insecta). Eur. J. Entomol. **98**: 445-509.
- Halanych, K. M. (2004). THE NEW VIEW OF ANIMAL PHYLOGENY. Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst. **35**: 229-256.
- Harshman, J., E. L. Braun, et al. (2008). Phylogenomic evidence for multiple losses of flight in ratite birds. Proc Natl Acad Sci USA. **105**: 13462-13467.
- Harshman, J., C. J. Huddleston, et al. (2003). True and False Gharials: A Nuclear Gene Phylogeny of Crocodylia. Systematic Biol. **52**: 386-402.
- Helmkampf, M., I. Bruchhaus, et al. (2008). Phylogenomic analyses of lophophorates (brachiopods, phoronids and bryozoans) confirm the Lophotrochozoa concept. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences. **275**: 1927-1933.
- Hugall, A., R. Foster, et al. (2007). Calibration choice, rate smoothing, and the pattern of tetrapod diversification according to the long nuclear gene RAG-1. Systematic Biol. **56**: 543-563.
- Inward, D., G. Beccaloni, et al. (2007). Death of an order: a comprehensive molecular phylogenetic study confirms that termites are eusocial cockroaches. Biol Lett. **3**: 331-335.
- Janies, D. (2001). Phylogenetic relationships of extant echinoderm classes. Can. J. Zool. **79**: 1232-1250.
- Jondelius, U., A. Wallberg, et al. (2011). How the Worm Got its Pharynx: Phylogeny, Classification and Bayesian Assessment of Character Evolution in Acoela. Systematic Biol. **60**: 845-871.
- Kennet, L. (2000). Phylogeny of the Nemertodermatida (Acoelomorpha, Platyhelminthes). A cladistic analysis. Zool Scripta. **29**: 65-74.
- Kobayashi, M. (1999): Dicymids are higher animals. Nature. **21**; 401(6755):762
- Krenz, J. G., G. J. Naylor, et al. (2005). Molecular phylogenetics and evolution of turtles. Mol Phylogenet Evol. **37**: 178-191.

- Kriegs, J., A. Matzke, et al. (2007). Waves of genomic hitchhikers shed light on the evolution of gamebirds (Aves: Galliformes). BMC Evol Biol. **7**: 190.
- Kukalová-Peck, J. (2008). Phylogeny of Higher Taxa in Insecta: Finding Synapomorphies in the Extant Fauna and Separating Them from Homoplasies. Evol Biol. **35**: 4-51.
- Littlewood, D. T. J. (2008). PLATYHELMINTH SYSTEMATICS AND THE EMERGENCE OF NEW CHARACTERS. Parasite. **15**: 333-341.
- Mallatt, J. and C. J. Winchell (2007). Ribosomal RNA genes and deuterostome phylogeny revisited: more cyclostomes, elasmobranchs, reptiles, and a brittle star. Mol Phylogenet Evol. **43**: 1005-1022.
- Man, Z., W. Yishu, et al. (2011). Crocodylian phylogeny inferred from twelve mitochondrial protein-coding genes, with new complete mitochondrial genomic sequences for *Crocodylus acutus* and *Crocodylus novaeguineae*. Mol Phylogenet Evol. **60**: 62-67.
- Mckenna, D., B. Farrell, et al. (2010). 9-Genes Reinforce the Phylogeny of Holometabola and Yield Alternate Views on the Phylogenetic Placement of Strepsiptera. PLoS ONE. **5**: e11887.
- Medina, M., A. G. Collins, et al. (2001). Evaluating hypotheses of basal animal phylogeny using complete sequences of large and small subunit rRNA. Proc Natl Acad Sci USA. **98**: 9707-9712.
- Meredith, R. W., M. Westerman, et al. (2009). A phylogeny of Diprotodontia (Marsupialia) based on sequences for five nuclear genes. Mol Phylogenet Evol. **51**: 554-571.
- Nilsson, M.A. et. al. (2003): Radiation of extant marsupials after the K/T boundary: Evidence from complete Mitochondrial genomes. Journal of Molecular Evolution. **57**:S3-12.
- Norén M. and Jondelius U. (2002): The phylogenetic position of the Prolecithophora (Rhabditophora, "Platyhelminthes"). Zoologica Scripta. **31**: 403-414.
- Paps, J., J. Baguna, et al. (2009). Bilaterian Phylogeny: A Broad Sampling of 13 Nuclear Genes Provides a New Lophotrochozoa Phylogeny and Supports a Paraphyletic Basal Acoelomorpha. Molecular Biology and Evolution. **26**: 2397-2406.
- Passamanek, Y. and K. M. Halanych (2006). Lophotrochozoan phylogeny assessed with LSU and SSU data: evidence of lophophorate polyphyly. Mol Phylogenet Evol. **40**: 20-28.
- Perkins, E., S. Donnellan, et al. (2010). Closing the mitochondrial circle on paraphyly of the Monogenea (Platyhelminthes) infers evolution in the diet of parasitic flatworms. International Journal for Parasitology. **40**: 1237-1245.
- Peterson, K. J. and D. J. Eernisse (2001). Animal phylogeny and the ancestry of bilaterians: inferences from morphology and 18S rDNA gene sequences. Evolution & Development. **3**: 170-205.
- Philippe, H., H. Brinkmann, et al. (2011). Acoelomorph flatworms are deuterostomes related to Xenoturbella. Nature. **470**: 255-258.
- Philippe, H., R. Derelle, et al. (2009). Phylogenomics Revives Traditional Views on Deep Animal Relationships Current Biology. **19**: 706-712.

- Phillips, M., G. Gibb, et al. (2010). Tinamous and Moa Flock Together: Mitochondrial Genome Sequence Analysis Reveals Independent Losses of Flight among Ratites. Systematic Biol. **59**: 90-107.
- Prasad, A. B., M. W. Allard, et al. (2008). Confirming the phylogeny of mammals by use of large comparative sequence data sets. Molecular Biology and Evolution. **25**: 1795-1808.
- Regier, J., J. Shultz, et al. (2010). Arthropod relationships revealed by phylogenomic analysis of nuclear protein-coding sequences. Nature. **463**: 1079-1083.
- Ruiz-Trillo, I., J. Paps, et al. (2002). A phylogenetic analysis of myosin heavy chain type II sequences corroborates that Acoela and Nemertodermatida are basal bilaterians. Proc Natl Acad Sci USA. **99**: 11246-11251.
- Schierwater, B., M. Eitel, et al. (2009). Concatenated Analysis Sheds Light on Early Metazoan Evolution and Fuels a Modern "Urmetazoon" Hypothesis. PLoS Biol. **7**: e20.
- Sliusarev, G. S. (2008). [Phylum Orthonectida: morphology, biology, and relationships to other multicellular animals]. Zh Obshch Biol. **69**: 403-427.
- Sorensen J.T., Campbell B.C., Gill R.J., Steffen-Campbell J.D., (1995). Non-monophyly of Auchenorrhyncha ("Homoptera"), based upon 18S rDNA phylogeny: eco-evolutionary and cladistic implications with pre-Heteropteroidea Hemiptera (s.l.) and a proposal for new monophyletic suborders. Pan-Pacific Entomologist, **71** (1): 31-60
- Sperling, E. A., K. J. Peterson, et al. (2009). Phylogenetic-signal dissection of nuclear housekeeping genes supports the paraphyly of sponges and the monophyly of Eumetazoa. Molecular Biology and Evolution. **26**: 2261-2274.
- Struck, T. H., C. Paul, et al. (2011). Phylogenomic analyses unravel annelid evolution. Nature. **471**: 95-98.
- Telford, M. J., A. E. Lockyer, et al. (2003). Combined large and small subunit ribosomal RNA phylogenies support a basal position of the acoelomorph flatworms. Proc Biol Sci. **270**: 1077-1083.
- Terry, M. D. and M. F. Whiting (2005). Mantophasmatodea and phylogeny of the lower neopterous insects. Cladistics. **21**: 240-257.
- Todaro, M. A., M. J. Telford, et al. (2006). Interrelationships of the Gastrotricha and their place among the Metazoa inferred from 18S rRNA genes. Zoologica Scripta. **35**: 251-259.
- Urban, J. M. and Cryan, J. R. (2007). Evolution of the planthoppers (Insecta: Hemiptera: Fulgoroidea). Molecular Phylogenetics and Evolution **42**: 556-572.
- Vidal, N. and S. B. Hedges (2005). The phylogeny of squamate reptiles (lizards, snakes, and amphisbaenians) inferred from nine nuclear protein-coding genes. C R Biol. **328**: 1000-1008.
- Vélez-Zuazo, X. and I. Agnarsson (2011). Shark tales: a molecular species-level phylogeny of sharks (Selachimorpha, Chondrichthyes). Mol Phylogenet Evol. **58**: 207-217.
- Wiegmann, B., M. Trautwein, et al. (2009). Single-copy nuclear genes resolve the phylogeny of the holometabolous insects. BMC Biol. **7**: 34.

Willems, W. R., A. Wallberg, et al. (2006). Filling a gap in the phylogeny of flatworms: relationships within the Rhabdocoela (Platyhelminthes), inferred from 18S ribosomal DNA sequences. Zoologica Scripta. **35**: 1-17.

Winchell, C.J. (2002). Evaluating Hypotheses of Deuterostome Phylogeny and Chordate Evolution with New LSU and SSU Ribosomal DNA Data. Mol. Biol. Evol. **19**(5):762-776.

Yoshizawa, K. and K. P. Johnson (2005). Aligned 18S for Zoraptera (Insecta): phylogenetic position and molecular evolution. Mol Phylogenet Evol. **37**: 572-580.

Zhou, X., S. Xu, et al. (2011). Phylogenomic analysis resolves the interordinal relationships and rapid diversification of the laurasiatherian mammals. Systematic Biol. **61**: 150-164.

Artikel, die der Bearbeitung dienten aber nicht auf den Seiten aufgelistet sind:

Arnason, U., J. A. Adegoke, et al. (2002). Mammalian mitogenomic relationships and the root of the eutherian tree. Proc Natl Acad Sci USA. **99**: 8151-8156.

Aruga, J., Y. Odaka, et al. (2007). Dicyema Pax6 and Zic: tool-kit genes in a highly simplified bilaterian. BMC Evol Biol. **7**: 201.

Asher, R. J. and K. Helgen (2010). Nomenclature and placental mammal phylogeny. BMC Evol Biol. **10**: 102.

Asher, R. J. and T. Lehmann (2008). Dental eruption in afrotherian mammals. BMC Biol. **6**: 14.

Beck, R. M., O. R. Bininda-Emonds, et al. (2006). A higher-level MRP supertree of placental mammals. BMC Evol Biol. **6**: 93.

Bertone, M., G. W. Courtney, et al. (2008). Phylogenetics and temporal diversification of the earliest true flies (Insecta: Diptera) based on multiple nuclear genes. Systematic Entomology. **33**: 668-687.

Bieler, R. and P. M. Mikkelsen (2006). Bivalvia – a look at the Branches. Zoological Journal of the Linnean Society. **148**: 223-235.

Boisserie, J. R., F. Lihoreau, et al. (2005). The position of Hippopotamidae within Cetartiodactyla. Proc Natl Acad Sci USA. **102**: 1537-1541.

Bourdon, E., A. De Ricqlès, et al. (2009). A new Transantarctic relationship: morphological evidence for a Rheidae-Dromaiidae-Casuariidae clade (Aves, Palaeognathae, Ratitae). Zoological Journal of the Linnean Society. **156**: 641-663.

Cameron, C. (2005). A phylogeny of the hemichordates based on morphological characters. Can. J. Zool. **83**: 196-215.

Collins, A. G., P. Cartwright, et al. (2005). Phylogenetic context and Basal metazoan model systems. Integr Comp Biol. **45**: 585-594.

Collins, A. G., P. Schuchert, et al. (2006). Medusozoan phylogeny and character evolution clarified by new large and small subunit rDNA data and an assessment of the utility of phylogenetic mixture models. Systematic Biol. **55**: 97-115.

- Dabert, M., W. Witalinski, et al. (2010). Molecular phylogeny of acariform mites (Acari, Arachnida): Strong conflict between phylogenetic signal and long-branch attraction artifacts. Mol Phylogenet Evol. **56**: 222-241.
- Douady, C. J., M. Dosay, et al. (2003). Molecular phylogenetic evidence refuting the hypothesis of Batoidea (rays and skates) as derived sharks. Mol Phylogenet Evol. **26**: 215-221.
- Dunn, C. W., A. Hejnol, et al. (2008). Broad phylogenomic sampling improves resolution of the animal tree of life. Nature. **452**: 745-749.
- Dunn, K. A., J. D. McEachran, et al. (2003). Molecular phylogenetics of myliobatiform fishes
- Eitel, M. and B. Schierwater (2010). The phylogeography of the Placozoa suggests a taxon-rich phylum in tropical and subtropical waters. Molecular Ecology. **19**: 2315-2327.
- Ericson, P. G., C. L. Anderson, et al. (2006). Diversification of Neoaves: integration of molecular sequence data and fossils. Biol Lett. **2**: 543-547.
- Flannery, T. and C. Groves (1998). A revision of the genus *Zaglossus* (Monotremata, Tachyglossidae), with description of new species and subspecies. Mammalia. **62**: 367-396.
- Furuya, H. and K. Tsuneki (2003). Biology of dicyemid mesozoans. Zoological Science. **20**: 519-532.
- Furuya, H. and K. Tsuneki (2003). Biology of dicyemid mesozoans. Zoological Science. **20**: 519-532.
- Giribet, G. (2008). Assembling the lophotrochozoan (=spiralian) tree of life. Philos Trans R Soc Lond, B, Biol Sci. **363**: 1513-1522.
- Giribet, G., C. W. Dunn, et al. (2007). A modern look at the Animal Tree of Life. Zootaxa **1668**: 61-79 (2007) 1-20.
- Giribet, G., D. L. Distel, et al. (2000). Triploblastic relationships with emphasis on the acoelomates and the position of Gnathostomulida, Cycliophora, Plathelminthes, and Chaetognatha: a combined approach of 18S rDNA sequences and morphology. Systematic Biol. **49**: 539-562.
- Glennier, H., A. J. Hansen, et al. (2004). Bayesian inference of the metazoan phylogeny; a combined molecular and morphological approach. Curr Biol. **14**: 1644-1649.
- Goloboff, P. A., S. A. Catalano, et al. (2009). Phylogenetic analysis of 73060 taxa corroborates major eukaryotic groups. Cladistics. **25**: 211-230.
- Hackett, S., R. Kimball, et al. (2008). A Phylogenomic Study of Birds Reveals Their Evolutionary History. Science. **320**: 1763-1768.
- Hallström, B. M. and A. Janke (2008). Resolution among major placental mammal interordinal relationships with genome data imply that speciation influenced their earliest radiations. BMC Evol Biol. **8**: 162.
- Hanelt, B., D. Van Schyndel, et al. (1996). The phylogenetic position of *Rhopalura ophiocoma* (Orthonectida) based on 18S ribosomal DNA sequence analysis. Molecular Biology and Evolution. **13**: 1187-1191.

- Hochberg, R. and M. K. Litvaitis (2000). Phylogeny of Gastrotricha: a morphology-based framework of gastrotrich relationships. Biol Bull. **198**: 299-305.
- Janssen, R. and G. Budd (2010). Gene expression suggests conserved aspects of Hox gene regulation in arthropods and provides additional support for monophyletic Myriapoda. EvoDevo. **1**: 4.
- Kjer, K. M. (2004). Aligned 18S and Insect Phylogeny. Systematic Biol. **53**: 506-514.
- Kjer, K. M., F. L. Carle, et al. (2006). A Molecular Phylogeny of Hexapoda. Arthropod Systematics & Phylogeny. **64**: 35-44.
- Livezey, B. and R. Zusi (2007). Higher-order phylogeny of modern birds (Theropoda, Aves: Neornithes) based on comparative anatomy. II. Analysis and discussion. Zoological Journal of the Linnean Society. **149**: 1-95.
- Mallatt, J. and G. Giribet (2006). Further use of nearly complete 28S and 18S rRNA genes to classify Ecdysozoa: 37 more arthropods and a kinorhynch. Mol Phylogenet Evol. **40**: 772-794.
- Martin, J. and M. Benton (2008). Crown Clades in Vertebrate Nomenclature: Correcting the Definition of Crocodylia. Systematic Biol. **57**: 173-181.
- Matus, D. Q., K. M. Halanych, et al. (2007). The Hox gene complement of a pelagic chaetognath, *Flaccisagitta enflata*. Integr Comp Biol. **47**: 854-864.
- Maxmen, A. (2011). A Can Of Worms. An obscure group of tiny creatures takes centre stage in a battle to work out the tree of life. Nature. **470**: 161-162.
- Mayr, G. (2011). Metaves, Mirandornithes, Strisores and other novelties - a critical review of the higher-level phylogeny of neornithine birds. Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research. **49**: 58-76.
- McAliley, L. R., R. E. Willis, et al. (2006). Are crocodiles really monophyletic?--Evidence for subdivisions from sequence and morphological data. Mol Phylogenet Evol. **39**: 16-32.
- McHugh, D. (2000). Molecular phylogeny of the Annelida. Can. J. Zool. **78**: 1873-1884.
- Meredith, R. W., M. Westerman, et al. (2008). A Phylogeny and Timescale for Marsupial Evolution Based on Sequences for Five Nuclear Genes. Journal of Mammalian Evolution. **15**: 1-36.
- Murphy, W. J., E. Eizirik, et al. (2001). Molecular phylogenetics and the origins of placental mammals. Nature. **409**: 614-618.
- Murphy, W., T. Pringle, et al. (2007). Using genomic data to unravel the root of the placental mammal phylogeny. Genome Research. **17**: 413-421.
- Nielsen, C. (2008). Six major steps in animal evolution: are we derived sponge larvae? . Evolution & Development. **10**: 241-257.
- Olson, P. D. and D. T. Littlewood (2002). Phylogenetics of the Monogenea--evidence from a medley of molecules. Int J Parasitol. **32**: 233-244.
- Pawlowski, J., J. I. Montoya-Burgos, et al. (1996). Origin of the Mesozoa inferred from 18S rRNA gene sequences. Molecular Biology and Evolution. **13**: 1128-1132.

- Pepato, A., C. Da Rocha, et al. (2010). Phylogenetic position of the acariform mites: sensitivity to homology assessment under total evidence. BMC Evol Biol. **10**: 235.
- Petrov, N. B., A. N. Pegova, et al. (2007). Molecular phylogeny of Gastrotricha on the basis of a comparison of the 18S rRNA genes: Rejection of the hypothesis of a relationship between Gastrotricha and Nematoda. Molecular Biology. **Volume 41**: 445-452.
- Podsiadlowski, L., A. Braband, et al. (2009). Phylogeny and mitochondrial gene order variation in Lophotrochozoa in the light of new mitogenomic data from Nemertea. BMC Genomics. **10**: 364.
- Rawlinson, K. (2010). Embryonic and post-embryonic development of the polyclad flatworm *Maritigrella crozieri*; implications for the evolution of spiralian life history traits. Front Zool. **7**: 12.
- Richter, S., O. S. Møller, et al. (2009). Advances in Crustacean Phylogenetics. Arthropod Systematics & Phylogeny. **67**: 275-286.
- Rota-Stabelli, O., L. Campbell, et al. (2011). A congruent solution to arthropod phylogeny: phylogenomics, microRNAs and morphology support monophyletic Mandibulata. Proc Biol Sci. **278**: 298-306.
- Rousset, V., F. Pleijel, et al. (2006). A molecular phylogeny of annelids. Cladistics. **22**: 1-23.
- Ryan, J. F. and A. D. Baxevanis (2007). Hox, Wnt, and the evolution of the primary body axis: insights from the early-divergent phyla. Biol Direct. **2**: 37.
- Schmidt-Rhaesa, A. (2002). Two Dimensions of Biodiversity Research Exemplified by Nematomorpha and Gastrotricha. INTEG. AND COMP. BIOL. **42**: 633-640.
- Schuchert, P. (2009). Phylogenetic analysis of the Cnidaria. Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research. **31**: 161-173.
- Seiffert, E. R. (2007). A new estimate of afrotherian phylogeny based on simultaneous analysis of genomic, morphological, and fossil evidence. BMC Evol Biol. **7**: 224.
- Shen, X., X. Ma, et al. (2009). A close phylogenetic relationship between Sipuncula and Annelida evidenced from the complete mitochondrial genome sequence of *Phascolosoma esculenta*. BMC Genomics. **10**: 136.
- Silva, F. B. d., V. C. Muschner, et al. (2007). Phylogenetic position of Placozoa based on large subunit (LSU) and small subunit (SSU) rRNA genes. Genetics and Molecular Biology. **30**: 1-8.
- Slowinski, J. B. and R. Lawson (2002). Snake phylogeny: evidence from nuclear and mitochondrial genes. Mol Phylogenet Evol. **24**: 194-202.
- Slyusarev, G. S. and R. Kristensen (2003). Fine structure of ciliated cells and ciliary rootlets of *Intoshia variabilis* (Orthonectida). Zoomorphology. **122**: 33-39.
- Srivastava, M., E. Begovic, et al. (2008). The *Trichoplax* genome and the nature of placozoans. Nature. **454**: 955-960.
- Suzuki, T. G., K. Ogino, et al. (2010). Phylogenetic Analysis of Dicyemid Mesozoans (Phylum Dicyemida) From Innexin Amino Acid Sequences_ Dicyemids Are Not Related to

- Platyhelminthes. The Journal of Parasitology. **96**: 614-625.
- Telford, M. J., S. J. Bourlat, et al. (2008). The evolution of the Ecdysozoa. Philos Trans R Soc Lond, B, Biol Sci. **363**: 1529-1537.
- Wallberg, A., M. Thollesson, et al. (2005). The phylogenetic position of the comb jellies (Ctenophora) and the importance of taxonomic sampling. Cladistics. **20**: 558-578.
- Wildman, D. E., C. Chen, et al. (2006). Evolution of the mammalian placenta revealed by phylogenetic analysis. Proc Natl Acad Sci USA. **103**: 3203-3208.
- Wiley, E. O. and G. D. Johnson (2010). A teleost classification based on monophyletic groups. Origin and Phylogenetic Interrelationships of Teleosts: 123-182.
- Wilson, N. G., G. W. Rouse, et al. (2010). Assessing the molluscan hypothesis Serialia (Monoplacophora+Polyplacophora) using novel molecular data. Mol Phylogenet Evol. **54**: 187-193.