

9. Zusammenfassung

In der vorliegenden Dissertation werden die phylogenetischen Verwandtschaftsbeziehungen sedentärer Polychaeten untersucht. Die Ergebnisse werden in 5 Kapiteln (Kapitel 2-6) präsentiert, die inhaltlich zwei publizierten und drei eingereichten Manuskripten entsprechen. Eine generelle Einführung (Kapitel 1) und eine zusammenfassende Diskussion (Kapitel 2) werden gegeben.

In Kapitel 2: *A contribution to sedentary polychaete phylogeny using 18S rRNA sequence data*, Kapitel 3: *New insights into polychaete phylogeny (Annelida) inferred from 18S rDNA sequences*, und Kapitel 4: *18S rDNA and polychaetes*, werden die Verwandtschaftsbeziehungen der Polychaeten unter Verwendung eines erhöhten *taxon samplings* untersucht. Durch Verwendung des erweiterten *taxon samplings* ist es möglich Hinweise für die Monophylie für viele der hier untersuchten traditionellen Polychaetenfamilien zu geben. Desweiteren wird die Nützlichkeit von Analysen von 18S rRNA-Gen-Sequenzdaten für die Aufklärung von Verwandtschaftsbeziehungen von Taxa mit ungeklärter phylogenetischer Stellung demonstriert. So unterstützen einhellig, unabhängig von der gewählten Analysemethode, die hier vorliegenden Daten eine engere Verwandtschaftsbeziehung der unsegmentierten Echiuriden mit den Capitellidae.

In Kapitel 5: *Phylogenetic relationships and evolution of Orbiniidae (Annelida, Polychaeta) based on molecular data*, werden die phylogenetischen Verwandtschaftsverhältnisse der Orbiniiden untersucht. Hierzu wurde eine kombinierte Analyse von 18S rRNA-Gen und mitochondrieller 16S rRNA-Gen Sequenzdaten durchgeführt. Die Ergebnisse werden im Vergleich zu den bisherigen morphologischen Vorstellungen zur Phylogenie dieser Gruppe diskutiert. Die Analyse der molekularen Daten führt zu der Annahme, dass die bisher in der Taxonomie zur Genusdiagnose gebrauchten morphologischen Merkmale zu wenig phylogenetisches Signal enthalten und unbrauchbar für kladistische Analysen sind. Weder für die traditionelle Klassifikation der Orbiniidae, noch für die Hypothese, dass ein Großteil der zu den Protoariciinae gehörigen Taxa Juvenilstadien von Orbiniinentaxa darstellen, findet sich Unterstützung. Stattdessen ist im Fall von *Protoaricia oerstedii* die Annahme von progeneretischer Evolution die sparsamste Erklärung.

Kapitel 6: *Molecular phylogeny of lugworms (Annelida, Arenicolidae) inferred from three genes*, behandelt die Verwandtschaftsbeziehungen der Arenicolidae. Die Monophylie der Maldanidae und Arenicolidae wird durch die vorliegende Analyse unterstützt und frühere Hypothesen zur progeneretischen Evolution von *Branchiomaldane* finden ebenfalls Unterstützung durch die Ergebnisse der molekularen Analyse.

Die hier vorliegenden Ergebnisse unterstreichen den Wert der Analyse von 18S Sequenzen für phylogenetische Fragestellungen der Annelidensystematik.