

11. Zusammenfassung

Das Taxon *Celtenham guimarotae* sp. nov. aus der Kohlengrube Guimarota (Kimmeridgium) und Porto Dinheiro (Ober-Kimmeridgium–Unter-Tithonium) in Zentralportugal wird anhand von Prämaxillaria, Maxillaria, Dentalia und Frontalia definiert. *Celtenham guimarotae* sp. nov. repräsentiert die bisher größte Albanerpetontiden-Art mit einer maximalen Gesamtlänge von ca. 17 cm.

Weiteres Albanerpetontiden-Material aus der zentralportugiesischen Lokalität Porto das Barcas (Ober-Kimmeridgium–Unter-Tithonium) kann aufgrund der schlechten Erhaltung nur bis auf die Familienebene bestimmt werden.

Die ostspanische Fundstelle Uña (Ober-Barrémium) liefert die Arten *Albanerpeton krebsi* sp. nov. und *Celtenham megacephalus*. Die Diagnose von *Albanerpeton krebsi* sp. nov. basiert auf verschmolzenen Frontalia. Vorhandene Prämaxillaria aus der Lokalität gehören wahrscheinlich ebenfalls zu dieser neuen Art. *Celtenham megacephalus* aus Uña stellt den ersten Nachweis dieser Art außerhalb seiner Typus-Lokalität Pietraroia (Albium) in Süditalien dar. Die Art wird anhand von verschmolzenen Frontalia nachgewiesen, die die Existenz eines rundlichen internasalen Fortsatzes, eines spitzen antero-lateralen Fortsatzes und eines nasalen Artikulationsschlitzes bei diesem Taxon belegen.

Albanerpetontiden aus der ostspanischen Fundstelle Pio Pajarón (Ober-Barrémium) können nur als Albanerpetontidae indet. beschrieben werden. Die Prämaxillaria dieser Lokalität ähneln aber stark den Prämaxillaria von *Albanerpeton krebsi* sp. nov. aus Uña.

Aus dem Randecker Maar (Unter- bis Mittel-Miozän) und Petersbuch 2 (Unter-Miozän) wird der erste gesicherte Nachweis von *Albanerpeton inexpectatum* aus dem Neogen von Süddeutschland beschrieben. In beiden Fundstellen weisen aber nur die größten Kieferelemente bzw. Frontalia die diagnostischen Merkmale der Art auf. Entweder repräsentiert das überlieferte Material jeweils nur einen Teil des gesamten ontogenetischen Spektrums oder die süddeutschen Vertreter entsprechen „Zwergformen“ der Art, bei denen nur die größten Tiere die charakteristischen Merkmale tragen.

Die kladistische Analyse der intra-familiären Beziehungen der Albanerpetontiden bestätigt die Monophylie der beiden Gattungen *Celtenham* und *Albanerpeton*. *Celtenham* zeichnet sich durch einen kurzen, rundlichen internasalen Fortsatz aus. Ein kurzer, spitz zulaufender internasaler Fortsatz, ein triangularer Umriss der verschmolzenen Frontalia, ein schräg geradlinig bis schwach konkav verlaufender orbitaler Rand und eine linguad geöffnete Grube sind für *Albanerpeton* charakteristisch. Beide Gattungen werden zur Unter-Familie Albanerpetontinae

nov. gestellt, der Schwestergruppe des „ursprünglichen“ Kirtlington-Taxons. Das Kirtlington-Taxon besitzt einen langen internasalen Fortsatz und keinen antero-lateralen Fortsatz.

Die Ergebnisse der morphometrischen Messungen deuten auf unterschiedliche Wachstumstrends bei den Kieferelementen von *Celtenham guimarotae* sp. nov. aus der Grube Guimarota und von *Albanerpeton inexpectatum* aus Petersbuch 2 hin. Allerdings ist aufgrund des fehlenden ontogenetischen Gesamtspektrums der beiden Populationen, einer unterschiedlichen Körpergröße und einer verschiedenen großen Messpunktdichte die Unterscheidung der beiden Gattungen mit Hilfe von Wachstumstrends und r -Werten der Trendlinien kritisch zu betrachten.

Vergleiche mit der Schädelanatomie und der Lebensweise von desmognathinen Salamandern belegen eine subterrane und höchstwahrscheinlich kopfgrabende Lebensweise der Albanerpetontiden. Allerdings kann anhand der Schädelausbildung nicht geklärt werden, ob sie neue unterirdische Gänge angelegt, alte Gänge genutzt, verbreitert bzw. erweitert oder sich nur unter Steinen eingekeilt haben.

Der lückenhafte Fossilbericht läßt mehrere Verbreitungsmodelle der Albanerpetontiden zu: 1.) Von ihrem Ursprungsgebiet Europa aus sind die Albanerpetontiden auf einer der möglichen Wege nach Afrika, Asien und Nordamerika gelangt. 2.) Die Albanerpetontiden sind in Afrika entstanden und haben sich dementsprechend auf anderen Migrationsrouten verbreitet. Um die Paläobiogeographie der Familie besser zu rekonstruieren sind neue Funde notwendig, die die zeitlichen und geographischen Lücken schließen und eine größere taxonomische Aussagekraft haben.