

¹⁾ Bayerische Staatssammlung für Paläontologie und Geologie, Department of Earth and Environmental Sciences, Palaeontology & Geobiology, Geobio-Center^{LMU}, Richard-Wagner-Str. 10, 80333 München, Germany; e-mail: a.nuetzel@lrz.uni-muenchen.de

Zukunftspreis

Evolution and diversity of Cervidae (Cetartiodactyla, Mammalia)

Nicola S. Heckeberg^{1,2)}, Gertrud E. Rössner^{1,2,3)}
& Gert Wörheide^{1,2,3)}

Cervidae (deer) are a family of Ruminantia, the most successful, large present-day mammals. Equipped with a highly effective, herbivore digestion system, ruminants were able to occupy a large number of niches in the Old and New World since their appearance in terrestrial ecosystems in the early Neogene (20 Ma). Several adaptive radiations produced high species diversity in cervids documented in the fossil record and in the extant fauna. Although numerous studies in various disciplines over the last century were undertaken to resolve the phylogeny of cervids, several discrepancies are left. These include the systematically problematic taxa Chinese Water Deer (*Hydropotes*) and Muntjac (*Muntiacus*) and the systematic position of cervids within Ruminantia in general. Presumably, this is a result of heterogeneous character sets (morphological and/or molecular information) of only a selection of species/genera. Furthermore, the overall exclusion of fossil species in recent phylogenetic analyses (based on morphological and/or molecular characters) causes a tremendous gap in the character matrix, as fossil representatives provide direct information about ancestral characters and character evolution.

To solve these problems of deficiently known character diversity and their evolution a step towards a total evidence approach will be done; first, by compiling a data set of morphological and molecular primary data throughout the Cervidae - including extant and extinct species - in a homogeneous manner and procedure and secondly, by using it in a phylogenetic supermatrix analysis. From this, robust results regarding the phylogeny of living and fossil cervids and their systematic position within ruminants are expected. Sampled characters will be archived and made permanently available for view after publication of the project at appropriate online-databases (MorphoBank, GenBank) to enable researchers to easily build on previous work. The acquired data set of pheno- and genotypic characters will serve as a thoroughly documented and unambiguous basis for

future research in all aspects of comparative studies in context of ruminant evolution.

¹⁾ Department of Earth and Environmental Sciences, Ludwig-Maximilians-Universität München

²⁾ Bayerische Staatssammlung für Paläontologie und Geologie München

³⁾ GeoBio-Center, Ludwig-Maximilians-Universität München

Taphonomie und Paläoökologie

Die Faunenzusammensetzung und Paläoökologie eines subtropischen Ästuars aus dem Burdigal des Korneuburger Beckens

Babette Hengst¹⁾, Martin Zuschin¹⁾, Mathias Harzhauser²⁾, Oleg Mandic²⁾ & Reinhard Roetzel³⁾

Im Zuge des Baus der Wiener Außenring-Schnellstraße (S1) wurde bei Stetten im südlichen Teil des Korneuburger Beckens (NÖ) ein detailliertes Profil des oberen Burdigals (Untermiozän) über eine Länge von 1,8 km aufgenommen. Es wurden 324 Sediment- und 118 quantitative Molluskenproben für paläontologische, mineralogische und sedimentologische Untersuchungen entnommen. Die Sedimentzusammensetzung des Beckenabschnittes reicht von Tonmergeln und geschichteten Tonen mit Feinsand über Silte bis hin zu Sanden und Sandsteinen. Das untersuchte Profil weist einen reichen Fossilinhalt auf: In den untersuchten Proben wurden unter anderem die Organismenreste von Schwämmen, Korallen, Serpuliden, Mollusken, Balaniden, Echinodermen, Fischen und Mikromammalia gefunden, wobei die Mollusken eindeutig dominieren und auch im Detail bearbeitet wurden. Aus 118 Proben wurden mehr als 19.500 Schalen quantitativ ausgelesen und auf Artniveau bestimmt. Es wurden insgesamt 139 Molluskenarten gefunden. Die beiden quantitativ wichtigsten Arten sind die Gastropoden *Agapilia pachii* (Familie Neritidae) und *Granulolabium bicinctum* (Familie Potamididae); zusammen machen sie mehr als 53% aller Individuen aus. Weitere 11 Arten (*Nassarius edlaueri*, *Bittium spina*, *Loripes dujardini*, *Hydrobia* spp., *Paphia subcarinata*, *Cyllenina ternodosa*, *Turritella gradata*, *Corbula gibba*, *Cerastoderma praeplicata*, *Striarca lactea*, *Sandbergeria perpusilla*) tragen jeweils mehr als 1% zur Gesamtmolluskenfauna bei, alle anderen 126 Arten sind quantitativ unbedeutend. Auffällig ist