

# I Linnés fotspår – utforskandet av fåglarnas taxonomi och utveckling

Antalet fågelarter på jorden har ökat markant under de senaste åren – trots att arter dött ut under samma tid. Denna paradox beror framför allt på att den taxonomiska forskningen har fått nya hjälpmedel och på att förbättrad infrastruktur möjliggjort utforskandet av tidigare otillgängliga områden.

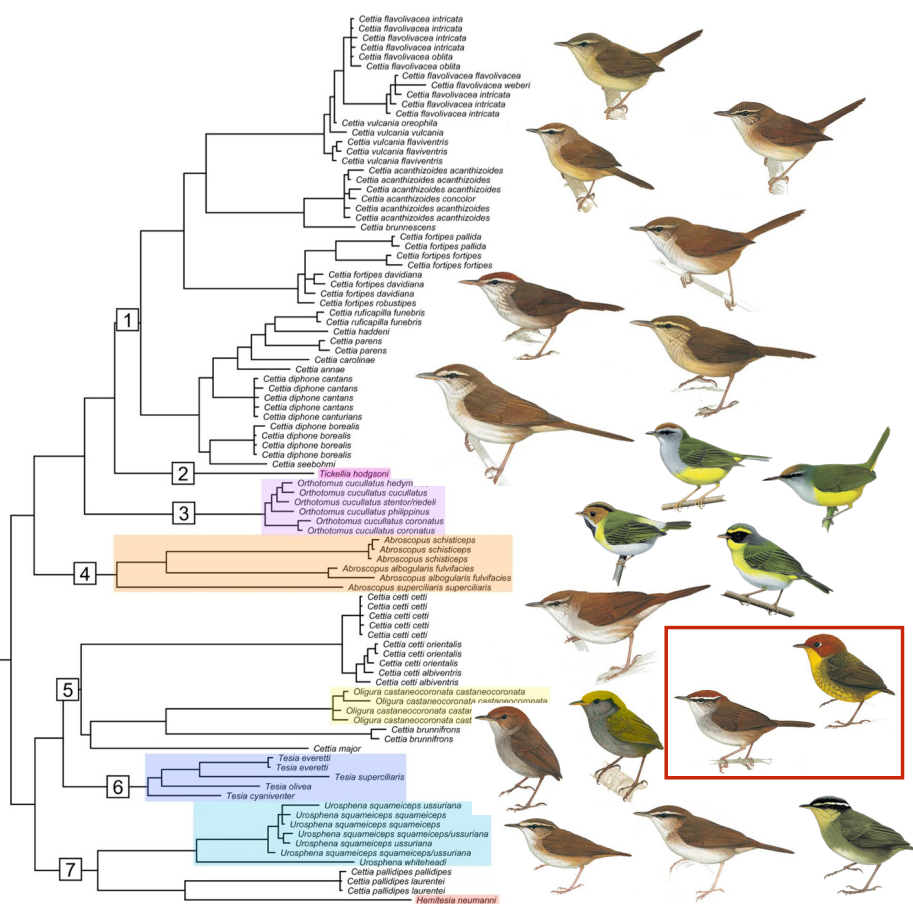
År 1980 ansåg man att det fanns ca 9000 fågelarter i världen. Idag erkänns ca 10660 arter. Endast dygt 10 % av denna ökning utgörs av helt nyupptäckta arter; i genomsnitt har det beskrivits drygt fyra nya arter per år under denna tidsperiod, de flesta från Sydamerika. Resten består av arter som "uppgrade-rats" från underarter till egna arter. Dessa arter som på så vis stigit i rang identifierades och namngavs oftast under 1800- och 1900-talen, men klassificerades senare under lång tid som underarter (raser).

Tills för bara några årtionden sedan utfördes all taxonomisk forskning i museisamlingar, där man studerade likheter och skillnader i utseende mellan olika fåglar. Sådana som förekom i olika geografiska områden, men som påminde mycket om varandra i utseende, betraktades ofta som olika underarter av samma art. Under senare år har forskningen emellertid som komplement till studier av yttre egenskaper utnyttjat metoder som äldre tiders forskare saknade.

Ett av de viktigaste nya redskapen för dagens fågeltaxonomer är ljudanalyser. Numera betraktas konstanta skillnader i sång mellan olika fågelpopulationer som en viktig indikator på att de är olika arter. En av huvudanledningarna till att en fågelhane sjunger (det är nästan uteslutande hanar som sjunger) är för att locka till sig honor. Om honor inte attraheras av sången därför att den låter "fel", kommer sången att fungera som en effektiv parningsbarriär mellan olika populationer. Att utrustningen för inspelning av ljud både har förbättrats och blivit mindre, lättare och billigare, i kombination med att det numera går förhållandevis enkelt att ta sig till områden som tidigare var mycket svåråtkomliga, har möjliggjort omfattande jämförelser av sånger och andra läten mellan fåglar från olika områden. Dessa studier underlättas även av datorprogram som kan visualisera och analysera ljud.

DNA-tekniken har också blivit ett oumbärligt taxonomiskt verktyg. Ofta har DNA-analyser avslöjat att fåglar med snarlika utseenden har varit genetiskt åtskilda under mycket lång tid, ibland miljontals år. I vissa fall har det även visat sig att de inte ens är varandras närmaste släktingar.

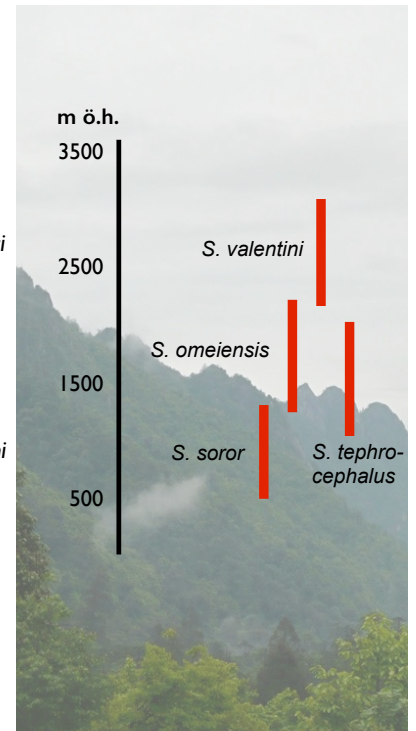
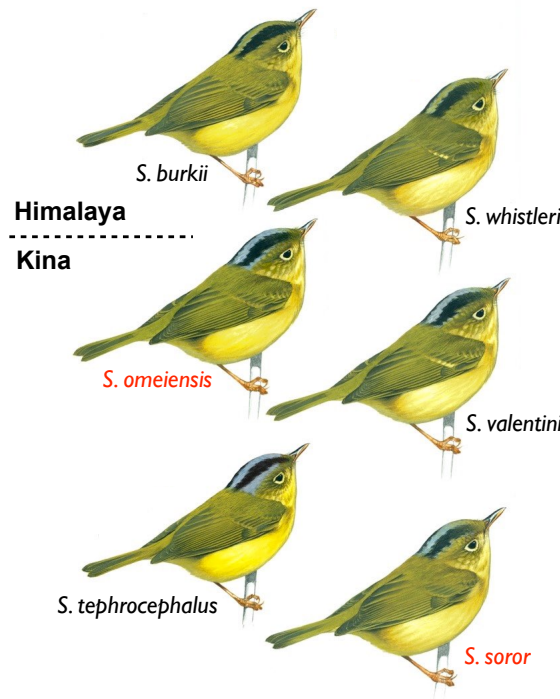
En del av min forskning handlar om att med hjälp av studier av yttre egenskaper, ljud, DNA, beteenden (i synnerhet parningsspel), ekologi och geografiska utbredningar försöka få en bättre bild



Målningar Brian Small, Ren Hathway och Jan Wilczur

Släkträd för cettisångarfamiljen (Cettiidae) baserat på DNA-data, som visar på en häpnadsväckande dålig överensstämmelse mellan släktskapet och den traditionella taxonomin. Troligen såg den gemensamme förfadern till alla dessa ut ungefär som de brunaktiga arterna med medellånga stjärtar som tidigare klassificerades i släktet *Cettia* (utan färgade highlights). Detta utseende har sedan bevarats hos flera av arterna på olika grenar i trädet, medan arterna som representerar sju andra släkten enligt den ursprungliga klassificeringen (med färgade highlights) utvecklade kraftigt avvikande fjäderdräkter och ofta kroppsformer. Ett exempel på två arter som är varandras närmaste släktingar, men som tidigare ansågs vara avlägsnet släkt har markerats med en röd ram.

Finn fem fel! De sex avbildade arterna i släktet *Seicercus* ansågs tidigare utgöra en och samma art med vidsträckt utbredning från Himalaya till sydöstra Kina; de två med röda artnamn beskrevs som nya för vetenskapen 1999. Även om de ser nästan identiska ut, finns det små men konstanta skillnader i fjäderdräkten och proportioner. Deras sånger skiljer sig betydligt mer, och experiment har visat att hanar av en art inte svarar aggressivt på sång av en annan art. Tre av arterna häckar på olika höjder på samma berg i centrala Kina, medan en fjärde art till stor del överlappar en av de andra i höjddled, men föredrar en annan miljö. Enligt DNA-analyser har dessa arter haft skilda utvecklingslinjer i flera miljoner år.



av den verkliga biologiska mångfalden hos fåglar. Dessa studier bedrivs både i museisamlingar, laboratorium, vid datorn och i fält, oftast i otillgängliga delar av Asien.

I flera fall har min forskning lett till att artantalet inom en viss grupp har ökat markant. Inom exempelvis lövsångarfamiljen (*Phylloscopidae*), som jag ägnat mycket tid åt att studera under de senaste 30 åren, har min och andras forskning resulterat i att antalet arter nästan fördubblats! Ett av dessa fall rör vad som tidigare betraktades som en art, orientalisk bambusångare *Seicercus burkii*, som nu klassificeras som sex olika arter. Vi kunde konstatera att upp till fyra av dessa häckar på samma berg i centrala Kina, men skiljer sig åt i utseenden, sånger och locklåten och är till stor del åtskilda höjd- och/eller biotopmässigt (se bild överst på sidan). Dessutom har de enligt DNA-analyser utvecklats som olika arter sedan miljontals år. Två av dessa arter beskrevs som nya för vetenskapen, den ena av mig och min kollega Urban Olsson vid Göteborgs universitet och den andra av en tysk-kinesisk forskargrupp.

Jag har även, återigen tillsammans med bland annat Urban Olsson, varit med och upptäckt tre helt nya arter av lövsångarsläktingar (släktet *Phylloscopus*) i Kina och Sydostasien, ytterligare en ny sångarart i Kina (sichuansmygsångare *Locustella chengi*, som vi namngav efter Kinas genom tiderna främste, numera bortgångne, ornitolog, Cheng Tso-hsin) och en ny trastart från

nordöstra Himalaya och angränsande delar av Kina (himalayatrast *Zoothera salimalii*, uppkallad efter den indiska ornitologins nestor, Sálím Ali). Dessutom har jag i samarbete med brittiska och kambodjanska ornitologer upptäckt en ny ärleart i kambodja (mekongärla *Motacilla samveasnae*, som fått sitt namn efter en kambodjansk ornitolog och miljökampe, Sam Veasna, som tyvärr dog i malaria strax innan vi beskrev denna nya art).

En annan del av min forskning syftar till att med hjälp av DNA försöka rekonstruera släkträd för olika grupper av fåglar. DNA-analyser har revolutionerat utforskandet av släktskapsförhållanden mellan olika arter, släkten, familjer, etc., och har ofta resulterat i omvälvande förändringar av taxonomin. Ett sådant exempel rör cettisångarfamiljen, där släkträdet skiljer sig dramatiskt från den traditionella klassificeringen genom att många av arterna som liknar varandra till utseendet inte är nära släkt med varandra, medan flera arter som tidigare inte ens ansågs vara närbesläktade med cettisångarna sitter på grenar mitt i släkträdet. Nästa stora utmaning, som jag just påbörjat, handlar om att kartlägga arvsmassan för alla världens arter och underarter av ärlor.

Taxonomisk forskning är viktig inte minst ur naturvårdshänseende. Om vi inte vet vad som finns, och saknar kunskap om arternas miljökrav och ekologi, kan vi inte heller skydda dem på ett effektivt sätt. Betydligt mer resurser behövs för att kartlägga den biologiska mångfalden!

**Läs mer:**

Alström, P. & Olsson, U. (1999). *The Golden-spectacled Warbler: a complex of sibling species, including a previously undescribed species*. Ibis 141:545–568.

Alström, P. et al., (2011), *Non-monophyly and intricate morphological evolution within the avian family Cettiidae revealed by multilocus analysis of a taxonomically densely sampled dataset*. BMC Evolutionary Biology 11:352.

Alström, P., Olsson, U & Lei, F. (2013). *A review of the recent advances in the systematics of the avian superfamily Sylvioidea*. Chinese Birds 4: 99–131. <http://dx.doi.org/10.5122/cbirds.2013.0016>.



Foto: Johan Samuelson

TEXT:  
PER ALSTRÖM,  
ARTDATABANKEN OCH  
INSTITUTIONEN FÖR  
EKOLOGI OCH GENETIK,  
ZOOEKOLOGI, UPPSALA  
UNIVERSITET