

# Taksonomi i bevaringsbiologien

Prosjektinfo nr.2 Dato: 26.02.2003 "Naturens mangfold"

## Norsk institutt for naturforskning, NINA,

er et nasjonalt og internasjonalt kompetansesenter innen naturforskning.

Vår kompetanse utøves gjennom forskning, utredningsarbeid, overvåking og konsekvensutredninger.

NINA har ca 150 ansatte. Vi har kontorer i Trondheim, Oslo, Lillehammer og Tromsø.

NINA er et institutt i Miljøalliansen.



Tungasletta 2,  
7485 Trondheim

Tel: 73 80 14 00  
Fax: 73 80 14 01

<http://www.nina.no>

e-post:  
[jan.o.gjershaug@nina.no](mailto:jan.o.gjershaug@nina.no)

layout: InB©2003

## Hva er problemet?

På grunn av manglende taksonomisk kunnskap blir mange truete arter i dag regnet som underarter av vanlige arter. De kommer dermed ikke med på den Globale Rødlista over truete fuglearter, og får ikke den oppmerksomhet de burde ha i bevaringssammenheng. Det byr på betydelige vanskeligheter å avgjøre den taksonomiske status til isolerte bestander, da det biologiske artsbegrepet er lite anvendelig under slike forhold. Vi har benyttet molekylærgenetiske metoder for å se om dette kan løse noen taksonomiske problemer hos tropiske ørnearter.

## Nye ørnearter oppdaget i Indonesia

I et Forskningsrådsfinansiert prosjekt om art og underart som anvendte kategorier i bevaringsbiologien, kom vi på sporet av to nye ørnearter på De Små Sundaøyer (Nusa Tenggara) i det østlige Indonesia.

### Genetisk analyse

I samarbeid med forskere ved naturhistorisk museum i Wien har vi analysert mitokondrielt DNA fra opptil 150 år gamle fjær fra et stort antall ørner i flere av verdens største museer. Analysen tar utgangspunkt i PCR-teknikken som gir mulighet for oppformering av korte fragmenter av arvematerialet som i de gamle fjærene er sterkt nedbrutt. Sammenligning av arvematerialet i området som blir analysert fra de ulike ørneprøvene gir grunnlag for å beregne genetisk avstand, dvs. gir en indikasjon på hvor nært beslektet arter er. I prosjektet ble to områder av mitokondrielt-DNA analysert; cytokrom b som er en mye benyttet markør mhp. fuglegenetikk og

kontroll området som er et område med høy mutasjonsrate.

### Floreshaukørn

Vi fant ut at Floreshaukørna *Spizaetus floris* skilte seg ut fra variabelhaukørna *Spizaetus cirrhatus limnaeetus* både genetisk og av utseende. Disse har vært regnet som underarter av samme art. Ingen visste hvordan fjærdrakten til voksne floreshaukørner så ut, så vi måtte dra til Indonesia for å studere ørnene i felt. Dessuten ville vi undersøke hvordan bestands-situasjonen var for denne lite kjente ørna.

Voksne og ungfugler var svært lik hverandre i utseende, i motsetning til hva som er tilfelle hos andre ørner i samme slekt. Flores-ørnene var dessuten betydelig større enn variabelhaukørnene. De to ørnenes utbredelse grenser mot hverandre mellom øyene Bali og Lombok uten at det er funnet noen mellomformer. Dette er forhold som viser at de må regnes som ulike biologiske arter.

### Andre rapporter om temaet:

- Aagaard, K., Hindar, K., Pullin, A.P., James, C. H., Hammarstedt, O., Balstad, T., & Hanssen, O. 2002. Phylogenetic relationship in brown argus butterflies (Lepidoptera: Lycaenidae: Aricia) from north-western Europe. – Biological Journal of the Linnean Society 75:27-37

### Samarbeidspartnere:

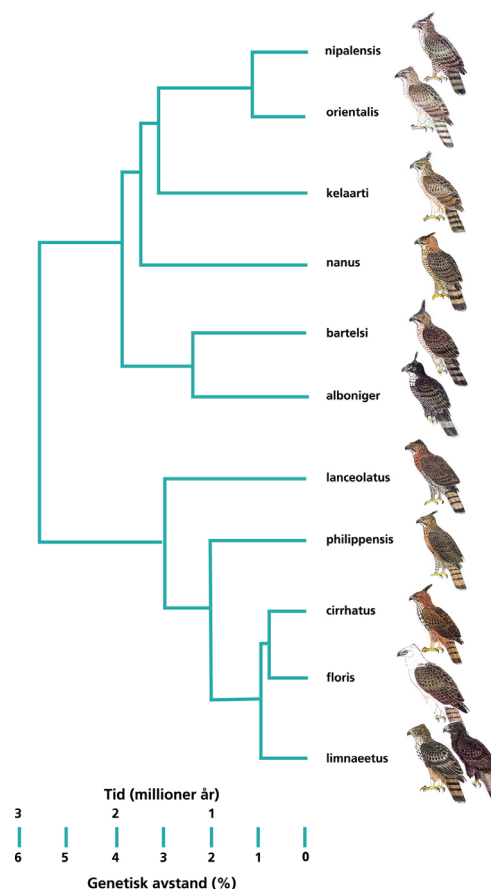
- Naturhistorisk museum i Wien
- Fauna & Flora International – Indonesia Programme
- YAPAL, Indonesia

Størrelsen på leveområdet til et par av floreshaukørn ble beregnet, og vi kunne ut fra gjenværende areal av egnet habitat beregne bestanden av arten til mindre enn 100 par. Dette gjør den til en av verdens sjeldneste fuglearter. Dette sammen med trusselfaktorer som habitatødeleggelse og ulovlig jakt gjør at arten fortjener en plass på den Globale Rødlista.

### En ny slangeørnart

Under arbeidet med å studere skinn av floreshaukørner på Naturhistorisk museum i Leiden, "snublet" vi over et skinn av en liten dununge som viste seg å være feilbestemt til floreshaukørn. Våre genetiske analyser viste at den ikke var nært beslektet med floreshaukørna. Ved å sammenligne DNA-sekvensen av denne dunungen med sekvenser i Genbanken ble det funnet at den var mest i slekt med slangeørnen *Circaetus gallicus*, men disse var hele 6% forskjellige. Det er mer enn det som er kjent mellom individer innen samme art. Senere fant vi ut at de indonesiske slangeørnene er genetisk identisk med slangeørner fra India.

Under feltarbeidet i Indonesia og i skinnsamlingen i Leiden fant vi at denne nye slangearten er svært lik den europeiske slangeørna i fjædrakten, men har en mørk fargevariant som er ukjent hos den europeiske arten. De vil derfor bli beskrevet som en ny art.



Slektskapstre som viser floreshaukørnas plassering i forhold til andre asiatiske haukørner i slekta *Spizaetus*. Tegninger av Friedhelm Weick.

Gjershaug, J. O., Kvaløy, K., Røv, N., Gamauf, A., Haring, E., Prawiradilaga, D. M., Suparman, U. & Rahman, Z. (in prep.). The taxonomic status of Flores Hawk eagle *Spizaetus floris* (Hartert, 1898).

Aagaard, K., Kvaløy, K. & Gjershaug, J. O. 2001. Molekylær og tradisjonell taksonomi: ørner og sommerfugler. In K. Hindar & B. Johnsson (eds). NINA's strategiske instituttprogrammer 1996-2000: Bevaring av biodiversitet – fra gener til landskap. NINA Temahefte 17.

[http://www.nrk.no/programmer/tv/schrodingers\\_katt/2436858.html](http://www.nrk.no/programmer/tv/schrodingers_katt/2436858.html)