

Jon Fjeldså: Fuglenes systematik og en ny DOF-navneliste



Det nyeste stamtræ for fuglenes hovedgrupper baseret på analyser af deres samlede arvemasse (genomer). Centrum repræsenterer den fælles stamform for de nulevende fuglegrupper for 100 mio. år siden, og de fleste af stamtræets forgreninger ligger i tidsintervallet 68-55 mio. år tilbage. Tegning: Jon Fjeldså.

Rigtig mange fugleinteresserede er formentlig udmærket tilfredse med den 'gammeldags' klassifikation, hvor fuglene blev grupperet efter udseende og levevis. Det er bare ikke et særlig godt udgangspunkt for forskning, som søger at forstå de dybere sammenhænge i naturen. Her giver det nemlig mere mening at gruppere arterne efter deres indbyrdes slægtskab.

Den traditionelle fuglesystematik var baseret på grundige beskrivelser af fuglenes anatomi, især deres skeletter og muskelsystemer. Disse bygningstræk hænger i høj grad sammen med arternes levevis og levesteder, og man har lige siden 1800-tallet diskuteret, i hvilken grad sådanne tilpasninger kunne give pålidelig information om fuglegruppernes indbyrdes slægtskab. Efterhånden som forskere beskrev nye anatomiske detaljer, opstod der alternative ideer om slægtskabsforholdene. Da amerikanerne Brad Livezey og Dick Zusi i 2007 gennemgik de næsten 3000 karaktertræk, som i årenes løb har været diskuteret, og analyserede dem med moderne computermetoder, fik de et resultat, som stort set var i overensstemmelse med, hvad man troede for 100 år siden. Det virker betryggende – hvis det ikke lige var for de seneste 25 års DNA-forskning, som har givet et ganske andet resultat.

Det giver naturligvis grund til alvorlige overvejelser, både om hvilke typer af data, der giver troværdig information om fortiden, og om hvordan disse data skal analyseres. Det står imidlertid ganske klart, at mange anatomiske sammenligninger har været for overfladiske. For eksempel vil alle specialiserede dykkende fugle vise en mere eller mindre strømlinet kropsform, et tungt skelet med mere eller mindre massive knogler, og lemmer der er formet, så de giver god fremdrift under vand. Men hvis det nu viser sig, at to grupper af dykkende fugle bruger forskellige muskler til fremdriften, er det ikke specielt sandsynligt, at de havde en fælles dykkende stamform. Så er der mere grund til at lægge vægt på karakterer, der er funktionelt neutrale.

DNA-data er mere objektive størrelser. Gennem selvsamlende og selvkopierende processer bringes de gigantiske DNA-molekyler automatisk videre fra generation til generation, og fordi den genetiske kode er baseret på rækkefølgen af kun fire 'baser' (som betegnes g, a, t og c), er disse data fri for subjektive tolkninger. DNA-data kan nemt gøres til genstand for computersimuleringer, både fordi datamængderne er så store, fordi man kan fastslå om variationen er statistisk neutral, og fordi man kan regne sig frem til hvilket stamtræ, der bedst tager højde for den samlede variation. For ca. 20 år siden nøjedes man af tekniske årsager med at analysere et enkelt såkaldt mitokondrie-gen, men efterhånden er det blevet muligt at foretage analyser af mange uafhængige gener. Som det allernyeste kan man nu kortlægge arternes samlede arvemasse, genomet. For fuglenes vedkommende vil det sige lidt over en milliard DNAbaser. Det kostede i 1990'erne et to-cifret milliardbeløb at kortlægge menneskets genom. I dag kan man med et rationelt set-up klare det for 1000 US\$ pr. art.

Det gjorde vi så! Et internationalt konsortium ledet af Københavns Universitet (Statens Naturhistoriske Museum), Beijing Genomics Institute i Kina samt Duke University og Smithsonian Institute i USA fik i december 2014 publiceret den første analyse af genomdata for alle hovedgrupper af fugle (se figuren) i form af 27 videnskabelige artikler i Science og andre af verdens førende tidsskrifter. I alt har over 200 forskere været involveret i arbejdet. Der skulle udvikles nye analyseprogrammer, som kunne sammenligne så store datamængder og finde ud af, hvordan man håndterer problemer med konvergent udvikling på molekyle-niveau mellem fuglegrupper med lignende stofskifte. Andre problemer skyldes, at hovedgrupperne (ordenerne) åbenbart blev adskilt indenfor et meget kort tidsrum, så der opstod rod i fordelingen af arveanlæg og formentlig også tilfælde af hybridisering. Men problemerne lod sig løse, og vi har dermed kunnet præsentere et resultat, der bygger på fuglenes samlede arvemasse og dermed må formodes at være så tæt på sandheden, som man kan komme.

Nu mangler så kun detaljerne. Konsortiet er allerede i gang med at analysere repræsentanter for alle de over 200 familier af fugle og går så i gang med slægtsniveau, og de 10000 arter, frem til 2020.

Det vigtigste nye ligger egentlig i forståelsen af, hvordan genomet som sådan udvikler sig, hvad baggrunden er for fuglenes meget effektive stofskifte, hvordan et effektivt immunforsvar har udviklet sig samt den genetiske basis for intelligens, fuglesang, ynglebiologiske tilpasninger osv. Her er der allerede kommet et væld af nye erkendelser (se Zhang et al. 2014). Hvad angår selve afstamningen, er der egentlig ikke sket så meget nyt i forhold til, hvor vi var i 2008 (med væsentlig færre data), og vi må derfor tro, at vi nu er meget tæt på en definitiv fugleklassifikation (se Jarvis et al. 2014).

Fuglene skilte sig ud fra dinosaurerne for 150 mio. år siden, da små rovdinosaurer havde udviklet større forlemmer med stive fjerbræmmer på både for- og baglemmer samt hale. Men de klassificeres først som fugle fra det tidspunkt, hvor de havde udviklet evne til at baske med vingerne i stedet for kun at kunne glideflyve. For lidt mere end 100 mio. år siden opstod de mutationer, der blokerede for dannelsen af tænder hos en fælles stamform for alle de nulevende fuglegrupper, mens de ældste udviklingslinjer blandt de nulevende fugle, dvs. strudse og deres slægtinge ('ratiter') samt ande og hønsfugle, opstod midt i kridttiden for hhv. 100 og 90 mio. år siden. Alle de andre nulevende fuglegrupper blev åbenbart udspaltet indenfor et meget kort tidsrum omkring den store naturkatastrofe for 65,8 mio. år siden, da en asteroide ramte Yucatanhalvøen i Mexico, en begivenhed der i øvrigt kan aflæses som en mørk stribe i kridtet på Stevns Klint.



Strudse, ande- og hønsfugle er de ældste nulevende fuglegrupper og meget ældre end lommer og lappedykkere, som hidtil har stået forrest i fuglesystematikken. Foto: Niels Poul Dreyer, Urfugle.

Katastrofen betød undergangen for de store dinosaurer, men fuglene overlevede som et antal lokale bestande, der indenfor et forholdsvis kort tidsrum på kun 5-7 mio. år blev til de nuværende fugleordener. Denne 'eksplosive' udspaltning kan forklare, at det hidtil har været så svært at fortolke slægtskabet ud fra anatomen, idet lappedykkere, flamingoer, duer, turakoer, trapper, gøge, natravne, Hoatzin og vadefugle alle er overlevet fra denne tidlige periode. Herefter skete der endnu en vigtig begivenhed med udviklingen af fiske- og kødædende fugle, som med en ganske ny livsstrategi meget hurtigt kunne erobre hele Jorden og i næste omgang gav ophav til de store grupper af landfugle.

Efter dette kvantespring fremad er det på tide at etablere en ny klassifikation af alverdens fugle – også i DOF's publikationer. I DOF's navnegruppe er Mogens Behnke-Pedersen og Svend Rønnest ved at gennemgå databaserne for at sikre, at alle arter og racer (i alt ca. 30000 navne), som optræder i tidligere klassifikationer, er blevet korrekt overført til det nye system. I samme omgang skal der tages stilling til de mange kommentarer til den danske navneliste, der er kommet indenfor de seneste år. Der er gang i korrekturlæsningen til den nye vestpalæarktiske liste, som meget snart vil være tilgængelig på foreningens hjemmeside, mens der er noget mere kontrolarbejde med den samlede verdensliste. Selv om der nu er godt styr på fuglenes overordnede klassifikation, er der stadigvæk problemer med, hvordan vi skal definere arterne. Der publiceres til stadighed nye 'splits', og det bliver ved. Så lad os hurtigt se på, hvilke muligheder vi har, og hvilken linje Navnegruppen skal følge.

Det første alvorlige forsøg på at opdatere den traditionelle artssystematik var James Clemmerts checkliste, som første gang udkom i 1972, og som senere er videreført af The Cornell Lab of Ornithology. Med et stort ekspertudvalg bag sig var den i mange år 'standard' i USA, men den havde en ret konservativ tilgang, en utilstrækkelig vurdering af den Gamle Verdens arter og ufuldstændig gennemgang af underarterne. Underarterne kom med i The Howard and Moore complete checklist of the birds of the world fra 1980. Tredje oplag kom i 1980, og 4. oplag blev afsluttet med udgivelse af bind 2 i november 2014. Artssystematikken er ret konservativ og bygger på enighed blandt et stort panel af eksperter, idet man kun accepterer ændringer, der understøttes af gode publicerede data. Den er alligevel mere progressiv end de andre lister, hvad angår anvendelsen af ny molekylærbiologisk viden til formel klassifikation (dvs. mange slægter og familier). Listens styrke ligger i grundig videnskabelig evaluering og et stort fodnotesystem med henvisning til hvilke kilder, der ligger til grund. Det er meningen, at den fra 2015 vil udkomme med årlige opdateringer på internettet.

IOC World Bird List, der udkom fra 2006, havde først og fremmest til opgave at løse problemerne med at skabe en fælles international standard for engelske fuglenavne, hvor der tidligere var store forskelle mellem U.K., USA, Sydafrika, Indien og Australien. Hurtigt gik man i gang med at opdatere artssystematikken, og listen er nu web-baseret med hyppig opdatering. Ekspertudvalget træffer hurtige beslutninger, men man tager det ikke så nøje med dokumentationen.

Hertil kommer en mulig 'game-changer', som er gennemført af BirdLife International i samarbejde med Handbook of Birds of the World (se anmeldelsen side 39). Her bliver alle bestande, der kan diagnosticeres ud fra et scoringssystem for størrelse, fjerdragt, stemmer og økologi, ophøjet til at være selvstændige arter. Man ser bort fra graden af genetisk forskel og har heller ikke taget sig af, at selve processen med udvikling af nye arter varierer en del mellem grupperne og mellem forskellige klimaregioner. Den overordnede motivation har været, at man fra BirdLifes side har villet sikre, at alle klart diagnosticerbare bestande fik artsstatus, så man dermed kunne undgå, at en unik bestand kunne uddø i ubemærket, fordi den ikke var formelt anerkendt som art.

Navnegruppen betragter Howard & Moore 4 som den mest autoritative og fremtidssikrede klassifikation og artssystematik, men de mange nye splits, som foreslås i IOC-listen og af BirdLife/HBW-listen, kommer med som 'del-arter' ligesom i Navnegruppens tidligere liste. Dermed kan man se, hvilke former eller bestande, der måske i fremtiden vil blive anerkendt som selvstændige arter. Disse vil alle få egne danske navne, og så må den enkelte DOFer gøre op med sig selv, hvordan man vil tælle, når man gør sin personlige hitliste op.

Jon Fjeldså

Jarvis, E.D. et al. (95 medforfattere) 2014: Whole genome analyses resolve the early branches to the tree of life of modern birds. – Science 346: 1320-1331.

Zhang G. et al. (91 medforfattere) 2014: Comparative genomics across modern birds reveal insights into avian genome evolution and trait diversity. – Science 346: 1311-1320

Artiklen er fra: Dansk Ornitologisk Forenings Tidsskrift. 109. årgang. Nr. 1. 2015