



RESEARCH ARTICLE

Patterns of avian diversification in Borneo: The case of the endemic Mountain Black-eye (*Chlorocharis emiliae*)

Dency F. Gawin,^{1,2*} Mustafa Abdul Rahman,² Mohamad Fizl Sidq Ramji,² Brian Tilston Smith,¹ Haw Chuan Lim,¹ Robert G. Moyle,³ and Frederick H. Sheldon¹

¹ Museum of Natural Science and Department of Biological Sciences, Louisiana State University, Baton Rouge, Louisiana, USA

² Faculty of Resource Science and Technology, Universiti Malaysia Sarawak, Sarawak, Malaysia

³ Biodiversity Institute and Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Kansas, Lawrence, Kansas, USA

* Corresponding author: dgawin1@tigers.lsu.edu

Received September 21, 2013; Accepted November 16, 2013; Published January 22, 2014

ABSTRACT

The Mountain Black-eye (*Chlorocharis emiliae*) is an endemic white-eye (Zosteropidae) of Borneo with a unique “sky island” distribution. We compared mitochondrial ND2, ND3, Cytb, and control region DNA sequences (2,194 nucleotides) to study the phylogeographic relationships of five populations of this species that span its range: Mounts Kinabalu, Trus Madi, Murud, Mulu, and Pueh. These comparisons showed that black-eyes are divided into two main clades that correspond generally to subspecific morphological groups: one in Sabah, Malaysia (Kinabalu and Trus Madi), and one in Sarawak, Malaysia (Murud, Mulu, and Pueh). The genetic and morphologic subdivision of black-eyes disputes the expected merging of populations during the Last Glacial Maximum (LGM), when montane forest presumably expanded and provided the opportunity for currently isolated populations to intermingle. Instead the genetic aging of black-eye populations indicates they diversified long before the LGM, and either did not expand sufficiently in range during the LGM to reach one another, or were reproductively isolated by the time of the LGM and thus prevented from interbreeding. Moreover, the subdivision between black-eyes in Sabah and Sarawak means that this species (and probably several other montane species) has a phylogeographic structure remarkably similar to Borneo’s lowland bird populations, which are presumed to have evolved under different paleo-geographic conditions. The similar phylogeographic pattern found in both montane and lowland species requires that we rethink the causes of bird population diversification on the island of Borneo.

Keywords: Greater Sunda Islands, last glacial maximum, montane avifauna, phylogeography, refugia, sky islands, Zosteropidae

Patrons de diversification aviaire à Bornéo: Le cas d'une espèce endémique, *Chlorocharis emiliae*

RÉSUMÉ

Chlorocharis emiliae est une espèce endémique de Zosteropidae de Bornéo ayant une répartition unique de type “sky island.” Nous avons comparé les séquences d’ADN mitochondrial ND2, ND3, Cytb, et de la région de contrôle (2,194 nucléotides) afin d’étudier les relations phylogéographiques de cinq populations de cette espèce qui couvrent toute son aire de répartition: Les Monts Kinabalu, Trus Madi, Murud, Mulu, et Pueh. Ces comparaisons ont montré que *C. emiliae* se divise en deux principaux clades qui correspondent généralement aux groupes morphologiques sous-spécifiques: un à Sabah, en Malaisie (Kinabalu et Trus Madi) et un à Sarawak, en Malaisie (Murud, Mulu, et Pueh). La subdivision génétique et morphologique de *C. emiliae* conteste l’hypothèse de fusion des populations au cours du dernier maximum glaciaire (DMG), lorsque la forêt montagnarde s’est vraisemblablement développée et a fourni aux populations actuellement isolées l’occasion de se mélanger. Au lieu de cela, le vieillissement génétique des populations de *C. emiliae* indique qu’elles se sont diversifiées bien avant le DMG, et que leur aire de répartition ne s'est pas suffisamment élargie au cours du DMG pour se rejoindre, ou encore qu'elles étaient isolées sur le plan de la reproduction au moment du DMG, empêchant ainsi les croisements. Par ailleurs, la subdivision entre *C. emiliae* à Sabah et Sarawak signifie que cette espèce (et probablement plusieurs autres espèces montagnardes) possède une structure phylogéographique remarquablement similaire à celle des populations d’oiseaux des basses terres de Bornéo, que l’on croit avoir évolué sous différentes conditions paléo-géographiques. Le patron phylogéographique similaire trouvé à la fois chez les espèces montagnardes et des basses terres nécessite que nous repensions les causes de la diversification des populations d’oiseaux sur l’île de Bornéo.

Mots-clés: Grandes îles de la Sonde, dernier maximum glaciaire, avifaune montagnarde, phylogéographie, refuge, sky islands, Zosteropidae