

Abstract

(Mountain blackeye (*Chlorocharis emiliae*), an endemic species to Borneo, is commonly found above 1,600 m above sea level. The known populations of this montane resident included: Mount Kinabalu and Mount Trus Madi in Sabah, Mount Mulu, Mount Murud, Tama Abo Range and Pueh Range in Sarawak, Maga mountains between Sabah and Sarawak border and Mount Nyiut, in Kalimantan, Indonesia. This species is divided into four sub-species; *C. e. emiliae*, *C. e. trinitiae*, *C. e. fusciceps* and *C. e. moultoni*. The division of mountain blackeye into four sub-species has triggered many questions such as how the species diverged morphologically, and when the diversification occur, and what are the factors that contribute to the sub-specific variation of that species. Probably, the differentiation could be due to the natural selection through adaptation processes and/ or neutral process via random genetic drift within or between populations. /

The aim of this study was to investigate the patterns of variation among isolated populations of the mountain blackeye in Borneo by analyzing selected morphological characters and molecular data. The populations of mountain blackeyes included in this study were (1) Mount Kinabalu, (2) Mount Trus Madi, (3) Mount Murud, (4) Mount Mulu and (5) Pueh Range. The external morphological characters included tarsus length (TR), wing length (WL) and wing span (WS), tail length (TA), total length (TL), bill length (BL), bill depth (BD), bill width (BW) and head + bill (HB) were measured and analysed for the morphological analysis. As for molecular analysis, samples were taken from three populations; (1) Mount Kinabalu, (2) Mount Murud and (3) Mount Mulu. The third domain of Control Region (CR) of mountain blackeye was utilized for the molecular analysis.

The numeric analytical results of morphological characters between the mountain blackeyes populations in Borneo showed that, the bill length trait was highly significant character than the other morphs, including the non-bill characters. In addition, the bill length is the first character that contributed to the patterns of variation between the selected populations and thus regarded as the most 'plastic' morphological characters in mountain blackeye. This finding was probably related to the feeding performance and the adaptation of this species to the environmental elements. The wing length, tail and tarsus characters of mountain blackeye even showed significant differences between the populations in Borneo. The results showed that mountain blackeyes in Mount Kinabalu population have a larger body than the other populations. Probably, the variations in non-bill characters of mountain blackeye are due to the adaptation to the climatic temperature and air pressure.

Results from the molecular analysis, revealed that Mount Mulu and Mount Murud populations are genetically close. The results support the taxonomic classification which those two populations belong to the same sub-species, *C. e. moultoni*. The sub-species *emiliae* in Mount Kinabalu population has substantially diverged from the sub-species *moultoni* of the Mount Mulu and Mount Murud populations. It was suggested that, the two populations in the northern Sarawak were connected during the global cooling of the Pleistocene period. During that time, the montane vegetation in Borneo was expended and this led to the large dispersion of mountain blackeye farther than their recent restricted areas. Based on the molecular analysis, the Mount Murud population is more important compared to Mount Kinabalu and Mount Mulu in terms of the conservation due to its genetic diversity. The Mount Kinabalu could be identified as a separate 'Management Unit' among the three populations.

In conclusion, the study has demonstrated some components of the biogeographic forces that must be quantified in order to identify the contemporary mechanisms that involve in the radiation and evolution of the endemic bird species in Borneo. In addition, this study also showed that the historical and contemporary mechanisms are connected to each other and worked in unison to form the present geographic structure of avian species within this region. Perhaps in future this study will be a platform for future research on evolutionary theory within biogeographically distributed species which emphasize more on the Southeast Asian region.

Abstrak

Burung Gunung Bermata Hitam (Chlorocharis emiliae) yang merupakan spesies endemik di Borneo, selalu dijumpai dikawasan melebihi 1,600 m dari paras aras laut. Populasi-populasi burung tersebut yang setakat ini telah direkodkan ialah: Gunung Kinabalu and Gunung Trus Madi di Sabah, Gunung Mulu, Gunung Murud, Banjaran Tama Abo di Sarawak, Pergunungan Maga yang terletak di antara sempadan Sabah dan Sarawak dan Gunung Nyiut di Kalimantan, Indonesia. Spesies ini dibahagikan kepada empat sub-spesies: C. e. emiliae, C. e. trinitiae, C. e. fusciceps dan C. e. moultoni. Pembahagian spesies ini kepada empat sub-spesies telah mencetuskan banyak persoalan-persoalan seperti bagaimana spesies ini bercapah dari segi morfologinya dan bilakah pecahan ini berlaku dan apakah faktor-faktor yang menyumbang kepada pembahagian sub-spesies ini. Kemungkinan perbezaan ini disebabkan oleh pilihan secara semulajadi melalui proses adaptasi dan/ atau proses neutral melalui hanyutan genetik secara rawak di dalam atau di antara populasi-populasi spesies tersebut.

Matlamat kajian ini ialah untuk menyiasat corak-corak variasi di antara populasi-populasi terasing burung ini di Borneo melalui analisis morfologi bagi ciri-ciri yang terpilih dan juga melibatkan data-data molekul. Populasi-populasi spesies yang dipilih bagi kajian ini ialah: (1) Gunung Kinabalu, (2) Gunung Trus Madi, (3) Gunung Murud, (4) Gunung Mulu dan (5) Banjaran Pueh. Ciri-ciri morfologi luaran yang diukur dan dianalisis untuk analisis morfologi termasuklah panjang kaki (TR), panjang sayap (WL) dan panjang sebaran sayap (WS), panjang ekor (TA), panjang keseluruhan badan (TL), panjang paruh (BL), kedalaman paruh (BD), lebar paruh (BW) dan kepala + paruh (HB). Bagi analisis molekul, sampel-sampel DNA diambil dari tiga populasi-populasi yang

dipilih iaitu: (1) Gunung Kinabalu, (2) Gunung Murud dan (3) Gunung Mulu. Domain Ketiga 'Control Region (CR)' spesies ini digunakan untuk analisis molekul.

Keputusan daripada analisis ciri-ciri morfologi di antara populasi-populasi Burung Gunung Bermata Hitam menunjukkan ciri panjang paruh adalah yang paling signifikan dibandingkan dengan ciri-ciri yang lain termasuklah ciri-ciri bukan paruh. Tambahan, panjang paruh merupakan ciri yang pertama sekali menyumbang kepada corak-corak variasi di antara populasi-populasi yang terpilih dan ini membolehkan ciri tersebut dipilih sebagai ciri yang paling elastik untuk spesies ini. Penemuan ini berkait rapat dengan tabiat pemakanan burung ini dan juga adaptasinya kepada unsur-unsur alam sekitar. Panjang sayap, ekor dan kaki bagi burung ini juga menunjukkan perbezaan yang ketara di antara populasi-populasi di Borneo. Keputusan ini menunjukkan burung Gunung Bermata Hitam bagi populasi di Gunung Kinabalu mempunyai saiz badan yang lebih besar dibandingkan dengan populasi-populasi lain. Kemungkinan, variasi-variasi bagi ciri-ciri bukan paruh bagi burung ini adalah disebabkan adaptasinya kepada suhu persekitaran dan juga tekanan udara.

*Keputusan-keputusan daripada analisis molekul menunjukkan populasi-populasi di Gunung Mulu dan Gunung Murud adalah berhubung rapat dari segi genetik. Keputusan-keputusan tersebut menyokong klasifikasi taxonomi yang menunjukkan kedua-dua populasi tersebut adalah dari sub-spesies yang sama, *C. e. moultoni*. Sub-spesies *emiliae* dari populasi di Gunung Kinabalu telah terpisah dari sub-spesies *moultoni* dari populasi-populasi di Gunung Mulu dan Gunung Murud. Berdasarkan kepada keputusan tersebut, kedua-dua populasi di utara Sarawak tersebut pernah bertemu semasa tempoh penyejukan global pada zaman Pleistocene. Pada zaman*

tersebut, vegetasi pergunungan di Borneo mungkin tersebar luas dan ini menyebabkan penyebaran yang meluas bagi spesies ini sehingga melangkaui kawasan-kawasan yang didiaminya sekarang. Berdasarkan kepada analisis molekular tersebut, populasi di Gunung Murud adalah lebih penting dibandingkan dengan populasi-populasi di Gunung Kinabalu dan Gunung Mulu dari segi pemuliharaan kepelbagaian genetik. Gunung Kinabalu boleh diidentifikasikan sebagai satu 'Unit Pengurusan' yang terasing daripada ketiga-tiga populasi tersebut.

Kesimpulannya, kajian ini menunjukkan sebahagian komponen-komponen tekanan biogeografik yang patut dinilai, di dalam mengenal pasti mekanisme kontemporari yang terlibat di dalam evolusi bagi spesies-spesies burung endemik di Borneo. Tambahan pula, kajian ini juga menunjukkan perkaitan dan kerjasama berlandaskan kepada keharmonian di antara sejarah dan mekanisme kontemporari di dalam membentuk struktur geografik pada zaman sekarang bagi spesies-spesies burung di rantau ini. Diharap pada masa akan datang, kajian ini akan menjadi asas kepada pengkajian teori evolusi di dalam penyebaran spesies biogeografik terutama sekali di rantau Asia Tenggara.