

Hubungan Kekerabatan Kakatua (Psittaciformes) Berdasarkan Gen Cytochrome C Oxidase Subunit I (COI) secara In-silico

The Relationship of Cockatoos (Psittaciformes) Based on Cytochrome C Oxidase Subunit I (COI) Gene through In-Silico Analysis

Made Pharmawati^{1*} & I Wayan Rosiana^{1,2}

¹Program Studi Doktor Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Udayana, Indonesia

²Program Studi Biologi, Universitas Dhyana Pura, Indonesia

Disubmit: 04 April 2024; Direview: 06 Juni 2024; Disetujui: 23 Juli 2024

*Corresponding Email: made.pharmawati@unud.ac.id

Abstrak

Kakatua merupakan kelompok burung bangsa Psittaciformes. Di Indonesia terdapat delapan jenis burung kakatua endemik meliputi: kakatua raja (*Probosciger aterrimus*), kakatua maluku (*Cacatua moluccensis*), kakatua tanimbar (*Cacatua goffiniana*), kakatua putih (*Cacatua alba*), kakatua koki (*Cacatua galerita*), kakatua rawa (*Cacatua sanguinea*), kakatua jambul kuning kecil (*Cacatua sulphurea*) dan kakatua jambul kuning jingga (*Cacatua sulphurea citrinocristata*). Studi genetik saat ini dianggap sebagai metode yang tepat dalam mempelajari hubungan kekerabatan spesies. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui kekerabatan kakatua endemik Indonesia dari genus *Cacatua* dengan menggunakan gen COI secara in-silico. Sekuens gen COI setiap individu kakatua diperoleh dari *National Center for Biotechnology* (NCBI), pensejajaran sekuens dan rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan software MEGA version 11. Dari hasil rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan burung kakatua genus *Cacatua* endemik Indonesia tergolong ke dalam tiga kluster yaitu kluster *C. galerita* dan *C. sulphurea*, kluster *C. goffiniana* dan *C. sanguinea* serta kluster *C. alba* dan *C. moluccensis*.

Kata Kunci: Burung Kakatua; Gen COI; In silico; Pohon Filogenetik

Abstract

Cockatoos are member of the order Psittaciformes. Indonesia have eight endemic species of Cockatoos including : Black Palm Cockatoo (*Probosciger aterrimus*), Moluccan Cockatoo (*Cacatua moluccensis*), Tanimbar Cockatoo (*Cacatua goffiniana*), White Crested Cockatoo (*Cacatua alba*), Galerita or Triton Cockatoo (*Cacatua galerita*), Little Corella Cockatoo (*Cacatua sanguinea*), Lesser Cockatoo (*Cacatua sulphurea*) and Citreon Cockatoo (*Cacatua sulphurea citrinocristata*). Genetic studies are currently considered an appropriate method for studying species relationships. This research aimed to determine the relationship of endemic Indonesian Cockatoos genus *Cacatua* using COI gene in silico. The COI gene sequence for each individual cockatoo was accessed through *National Center for Biotechnology* (NCBI) data, sequence alignment and phylogenetic tree reconstruction using software mega version 11. The results of the phylogenetic tree reconstruction showed that the Indonesian endemic cockatoo genus *Cacatua* were grouped into three clusters. The three clusters were the cluster of *C. galerita* and *C. sulphurea*, the cluster of *C. goffiniana* and *C. sanguinea*, and the cluster of *C. alba* and *C. moluccensis*.

Keywords : Cockatoo; COI; In Silico; Phylogenetic tree

How to Cite: Pharmawati, M., Rosiana, I.W. (2024). Hubungan Kekerabatan Kakatua (Psittaciformes) Berdasarkan Gen Cytochrome C Oxidase Subunit I (COI) secara In-silico. *Journal of Natural Sciences*. 5 (2): 77-85



PENDAHULUAN

Burung kakatua dikelompokkan dalam kelompok burung bangsa *Psittaciformes*. Kelompok burung ini memiliki sekitar 360 spesies dengan ciri warna bulu yang cerah dengan suara keras yang berisik. *Psittaciformes* banyak tersebar di wilayah tropis termasuk Indonesia, Australia dan Amerika Latin. Menurut Daftar Burung Ornitologi Internasional (Gill et al., 2024). *Psittaciformes* terdiri dari 398 spesies yang masih ada yang termasuk dalam 87 genera yang dibedakan dalam tiga superfamily yaitu *Psittacidae* ("*true*" *parrots*), sekitar 350 spesies di seluruh dunia, 40 di antaranya ada di Australia; *Cacatuidae* (*cockatoos*), 22 spesies (14 di Australia); dan *Strigopidae* (New Zealand *parrots*) dengan lima spesies, semuanya endemik di Selandia Baru.

Burung kakatua merupakan kelompok burung paruh bengkok ("*true*" *parrots*) dan endemik di Indonesia (Tabba & Nurrani, 2016). Burung kakatua memiliki habitat penyebaran yang dapat dijumpai di sepanjang kawasan yang dilalui garis Wallacea dan Australasia yang meliputi kawasan Nusa Tenggara, Sulawesi, Maluku, Papua sampai dengan Australia (Kim et al., 2021). Burung kakatua memiliki ciri morfologi umum jambul yang bisa digerakkan di atas kepalanya, kaki pemanjat (*zygodactyl*) dua jari menghadap ke depan dan dua ke belakang, paruh membengkok (*hooked bill*) dan suara yang rebut (Rachmatika & Maharani, 2018; Arismayanti et al., 2021). Menurut beberapa ahli taksonomi dan peneliti burung, kakatua dikelompokkan menjadi kakatua *Calyptorhynchini* yang didominasi bulu pelepah berwarna gelap atau hitam (*Calyptorhynchus* dan *Probosciger*) dan *Cacatuini* yang didominasi kulit putih (*Eolophus*, *Callocephalon*, dan *Cacatua*) (Arismayanti et al., 2021).

Di Indonesia terdapat tujuh jenis kelompok *Cacatua* endemik yang merupakan satwa asli Indonesia. Burung-burung tersebut meliputi: kakatua maluku (*Cacatua moluccensis*), kakatua tanimbar (*Cacatua goffiniana*), kakatua putih (*Cacatua alba*), kakatua koki (*Cacatua galerita*), kakatua rawa (*Cacatua sanguinea*), kakatua jambul kuning kecil (*Cacatua sulphurea*) dan kakatua jambul kuning jingga (*Cacatua sulphurea citrinocristata*) (Zein et al., 2017).

Sebaran wilayah habitat alami dari kakatua koki (*C. galerita*), kakatua rawa (*C. sanguinea*) merupakan kakatua endemik wilayah Papua. Kakatua maluku (*C. moluccensis*), kakatua tanimbar (*C. goffiniana*) dan kakatua putih (*C. alba*) merupakan kakatua endemik wilayah Maluku. Kakatua maluku ditemukan di Pulau Seram, kakatua



tanimbar di Kepulauan Tanimbar dan kakatua putih di Maluku Utara Kepulauan Halmahera, Ternate, Tidore dan sekitarnya. Kakatua jambul kuning kecil (*C. sulphurea*) merupakan kakatua endemik yang hidup tersebar di wilayah Nusa Tenggara Timur, Sulawesi dan pernah tercatat ditemukan di Bali. Sedangkan, Kakatua jambul kuning jingga (*C. sulphurea citrinocristata*) merupakan kakatua endemik yang hanya ditemukan di Pulau Sumba Nusa Tenggara Timur.

Beberapa hasil penelitian telah melaporkan studi pelacakan avifauna berbasis DNA Barcoding di Indonesia. Gen sitokrom c oksidase subunit I (COI) merupakan representasi dari seluruh gen penyandi protein genom DNA mitokondria yang banyak digunakan untuk alat identifikasi spesies hewan seperti burung. Aplikasi DNA Barcoding berhasil digunakan untuk mengidentifikasi DNA dari anggota family Accipitridae di Indonesia (Zein, 2018). Aplikasi DNA Barcoding menggunakan COI dengan mengidentifikasi sisa jaringan burung tiga helai dan tiga sampel jaringan. Hasil analisa tersebut menegaskan bahwa sampel menunjukkan jenis *Haliaeetus leucogaster* atau elang laut putih yang mengalami suatu insiden antara burung dan pesawat terbang (Yohanna et al., 2022). Pendekatan yang dibuat secara morfologi dianggap belum bisa secara objektif menjadi dasar dalam membuat rekonstruksi studi kedekatan evolusi dari suatu spesies karena fenotipe merupakan kombinasi pengaruh genetik dengan lingkungan

Studi genetik saat ini dianggap sebagai metode terbaik dalam mempelajari hubungan kekerabatan dan evolusi karena materi genetik setiap spesies tidak bisa dipengaruhi oleh faktor lingkungan (Ruppert et al., 2019). Pendekatan genetik dengan menggunakan DNA dianggap lebih akurat karena DNA akan membawa semua materi genetik pada suatu spesies. Untuk mengidentifikasi hubungan kekerabatan antar spesies dalam satu suku dapat menggunakan sequens DNA sebagai penanda genetik yang dikenal dengan istilah DNA barcode (Hebert et al., 2004). Gen COI sebagai penanda genetik sangat sesuai digunakan dalam merekonstruksi filogenetik pada spesies kakatua endemik Indonesia. Walaupun hubungan kekerabatan berdasarkan sebaran habitat dan morfologi burung sudah banyak diteliti (Dyke et al., 2003; Susanti et al., 2008; Shao et al., 2016), namun pendekatan genetik dirasa perlu untuk melengkapi dan meluruskan hubungan kekerabatan yang sudah dihasilkan sebelumnya.

METODE PENELITIAN

Pencarian Sekuens DNA

Penelitian dilakukan pada bulan Oktober 2023, di Laboratorium Komputer, Program Studi Biologi, FMIPA Universitas Udayana dengan mengakses *website* National Center for Biotechnology Information (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Urutan data basa nukleotida (sekuens) DNA burung kakatua endemik Indonesia pada penelitian ini diperoleh dari data GenBank NCBI. Sekuens DNA yang diunduh adalah sekuens gen COI (*Cytochrome oxidase I*). Sekuens yang didapat disimpan dalam format FASTA. Jumlah sekuens COI yang digunakan dalam penelitian ini berjumlah 12 sekuens yang terdiri dari enam genus *Cacatua* yaitu *C. moluccensis*, *C. goffiniana*, *C. alba*, *C. galerita*, *C. sanguinea*, *C. sulphurea* dan satu genus *Probosciger* yaitu *P. aterrimus*, (Tabel 1).

Tabel 1. Data Spesies Burung Kakatua dan Spesies Outgroup

No	Famili	Spesies	Nomor Akses	Panjang basa
1	Cacatuidae	<i>Cacatua moluccensis</i>	MN736989.1	699
2	Cacatuidae	<i>Cacatua moluccensis</i>	MN736990.1	692
3	Cacatuidae	<i>Cacatua goffiniana</i>	MN736988.1	699
4	Cacatuidae	<i>Cacatua alba</i>	MN736985.1	699
5	Cacatuidae	<i>Cacatua alba</i>	JF414300.1	716
6	Cacatuidae	<i>Cacatua galerita</i>	JN801400.1	639
7	Cacatuidae	<i>Cacatua galerita</i>	JN801403.1	618
8	Cacatuidae	<i>Cacatua sanguinea</i>	JN801415.1	664
9	Cacatuidae	<i>Cacatua sanguinea</i>	JN801417.1	674
10	Cacatuidae	<i>Cacatua sanguinea</i>	JN801420.1	676
11	Cacatuidae	<i>Cacatua sulphurea</i>	JF414291.1	711
12	Cacatuidae	<i>Probosciger aterrimus</i>	EU621651.1	570

Multiple Alignment Sekuens DNA Sampel Burung Kakatua

Sekuens DNA yang diperoleh dari GenBank NCBI kemudian disejajarkan bersama-sama (multiple alignment) dengan menggunakan software Clustal-X yang ada pada MEGA XI (Tamura et al., 2021). Hasil dari pensejajaran ini akan menghasilkan kesamaan yang antar spesies. Celah atau gap yang terdapat pada saat proses pensejajaran menunjukkan adanya mutasi insersi deleksi atau substitusi nukleotida. Kesamaan antar spesies ditunjukkan pada matriks jarak (distance matrix). Matriks jarak dibentuk menggunakan p-distance Nei & Kumar, 2000).

Pembuatan Pohon Filogenetik

Pohon filogenetik dibuat dengan menggunakan *software* MEGA XI. Data urutan nukleotida yang sudah disejajarkan kemudian direkonstruksi untuk membuat pohon



filogenetik. Analisis ini menggunakan *construct/test neighbor joining tree* dengan *bootstrap* 1000 pengulangan.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Spesies burung kakatua (genus *Cacatua*) yang digunakan dalam penelitian ini sebanyak enam spesies dan satu spesies yaitu *Probosciger aterrimus* digunakan sebagai outgroup saat penyusunan pohon filogenetik. Spesies *Cacatua sulphurea citrinocristata* yang juga merupakan kakatua endemik yang hidup di Indonesia, tidak diikuti dalam pembuatan rekonstruksi pohon filogeni karena tidak ditemukan sekuens nukleotida gen COI pada data genbank NCBI. Dari enam spesies kakatua, masing-masing digunakan satu sampai tiga sekuens gen COI yang diambil dari NCBI (Table 1).

Penanda genetik COI yang digunakan dalam penelitian ini merupakan penanda universal yang mampu mendeskriminasikan spesies satwa sehingga sangat baik digunakan dalam penelitian kekerabatan untuk melihat proses evolusi. Dalam klasifikasi suatu jenis hewan seperti misalnya pada burung gen COI target yang dipakai memiliki jumlah nuklotida 650 pasang basa yang juga dapat disebut gen COI parsial (Saitoh et al., 2015). Sampel burung kakatua yang digunakan dalam penelitian ini mempunyai panjang yang sudah memenuhi kriteria dalam analisis kekerabatan yaitu 570 bp sampai 716 bp. Matriks jarak yang dihasilkan berdasarkan p-distance ditampilkan pada Tabel 2.

Tabel 2. Matriks Jarak Antar Spesies Menggunakan p-Distance

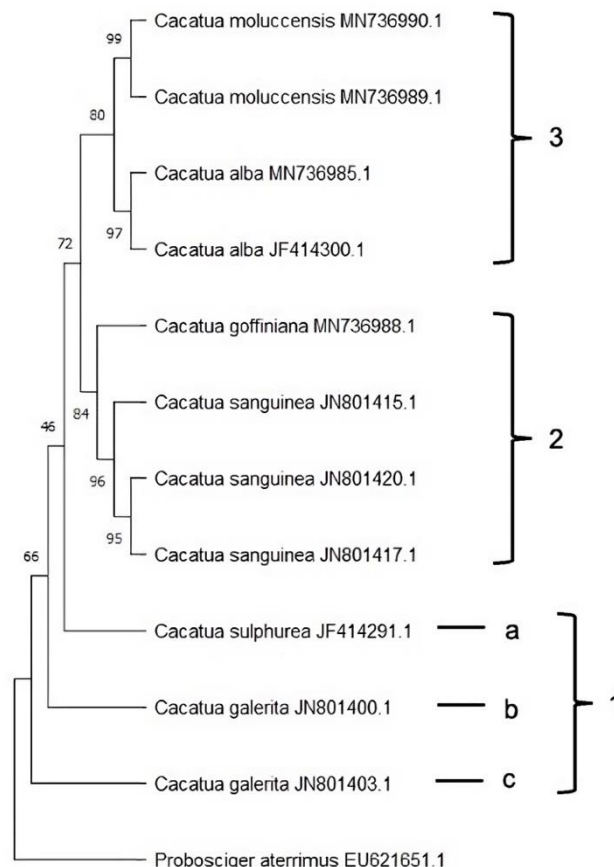
Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1. <i>C. moluccensis</i> _MN736990.1	0										
2. <i>C. moluccensis</i> _MN736989.1	0,000	0									
3. <i>C. goffiniana</i> _MN736988.1	0,091	0,090	0								
4. <i>C. alba</i> _JF414300.1	0,037	0,037	0,095	0							
5. <i>C. alba</i> _MN736985.1	0,037	0,037	0,094	0,003	0						
6. <i>C. galerita</i> _JN801403.1	0,064	0,065	0,101	0,058	0,062	0					
7. <i>C. galerita</i> _JN801400.1	0,061	0,063	0,096	0,054	0,058	0,002	0				
8. <i>C. sanguinea</i> _JN801415.1	0,081	0,084	0,038	0,085	0,085	0,094	0,089	0			
9. <i>C. sanguinea</i> _JN801420.1	0,084	0,087	0,038	0,087	0,087	0,096	0,090	0,008	0,		
10. <i>C. sanguinea</i> _JN801417.1	0,084	0,085	0,037	0,087	0,087	0,094	0,089	0,006	0,000	0	
11. <i>C. sulphurea</i> _JF414291.1	0,074	0,074	0,113	0,089	0,072	0,021	0,018	0,087	0,091	0,092	0
12. <i>P. aterrimus</i> _EU621651.1	1,122	1,122	1,153	1,080	1,093	1,047	1,059	1,099	1,082	1,082	1,069

Matriks jarak disusun berdasarkan *p-distance* yang merupakan proporsi (p) situs nukleotida di mana kedua urutan yang dibandingkan berbeda (Nei & Kumar, 2000). Perbandingan urutan nukleotida merupakan proses yang umum terjadi yang dapat



disebabkan karena insersi ataupun delesi serta substitusi pasangan basa. Insersi merupakan penambahan nukleotida pada sekuens sedangkan delesi merupakan penghilangan nukleotida, sedangkan substitusi merupakan pergantian pasangan basa (Sung et al., 2016). Mutasi merupakan prinsip dasar dari sebuah proses evolusi dan akan diwariskan dari generasi ke generasi (Hershberg, 2015).

Hasil konstruksi pohon filogenetik ditampilkan pada Gambar 2. Spesies outgroup dipilihnya agar pohon filogenetik bisa di *root*-ing untuk menggambarkan perbedaan jalur evolusi karena spesies *outgroup* memiliki hubungan kekerabatan yang lebih jauh dengan anggota takson lain yang digunakan dalam rekonstruksi pohon (Ekajaya et al., 2023).



Gambar 2. Hasil Rekonstruksi Pohon Filogenetik Kakatua. Angka di atas percabangan menunjukkan nilai *bootstrap*

Hasil konstruksi pohon filogenetik yang terbentuk pada Gambar 2. menunjukkan bahwa terdapat 3 klaster yang terbentuk. Dua sampel spesies *C. galerita* dan *C sulphurea* membentuk klaster 1, *C. sanguinea* dan *C. goffiniana* membentuk klaster 2, *C. moluccensis*

dan *C. alba* membentuk klaster 3. Spesies yang sama membentuk klaster sister kecil seperti pada *C. moluccensis* dengan nilai bootstrap yang tinggi yaitu 99%, demikian juga dua sampel *C. alba* membentuk klaster sister dengan nilai bootstrap 97%. Nilai bootstrap menunjukkan persentase berapa kali cabang tertentu muncul dalam struktur pohon filogenetik.

Hasil data penelitian ini menunjukkan hasil yang mirip dengan penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Astuti (Astuti, 2011). Pada penelitian tersebut digunakan gen intron ke 7 dari gen β fibrinogen pada analisis filogenetik genus *Cacatua*, *Callocephalon*, *Eolophus*, *Probosciger*, *Calyptorhynchus*, and *Nymphicus*. Dengan menggunakan penanda genetik tersebut didapat *Probosciger aterrimus* terpisah dengan genus *Cacatua*. Lebih jauh hal yang sama ditemukan dengan penelitian oleh Astuti (Astuti, 2011) bahwa *C. alba* dan *C. moluccensis* memiliki hubungan kekerabatan yang dekat, demikian juga *C. goffiniana* dan *C. sanguinea* memiliki kekerabatan dekat. Penelitian lain menggunakan gen COI menemukan bahwa *C. goffiniana* terpisah jauh *C. moluccensis*, *C. alba* dan *C. galerita* (Zein et al., 2017). Pada penelitian oleh Zein tersebut, *C. sanguinea* tidak digunakan.

Kluster 1 terdiri dari sub klaster a yang terdiri dari *C. sulphurea*, sub klaster b yang terdiri dari satu sampel *C. galerita* dan sub klaster c yang terdiri dari satu sampel *G. galerita*. Hasil yang sama, yaitu *C. sulphurea* berada pada satu klaster dengan *C. galerita* pada pohon filogenetik (Zein et al., 2017). Pohon filogenetik oleh Zein et al (2017) dibangun menggunakan gen COI dengan empat sampel *C. alba*, 53 sampel *C. galerita*, tiga sampel *C. goffiniana*, tujuh sampel *C. moluccensis* dan dua sampel *C. sulphurea* dengan outgroup *Probosciger aterrimus* (Zein et al., 2017). Hasil ini berbeda dengan hasil penelitian (Que et al., 2022) yang menggunakan daerah kontrol mitokondria (*control region*) dari 36 spesies Psittaciformes, bahwa *C. galerita* berada dalam satu kelompok dengan *C. alba* dan *C. moluccensis*. Penggunaan gen yang berbeda dapat memberikan topologi pohon filogenetik yang berbeda. Hal ini dikarenakan adanya variasi alami yang penting antara gen karena sifat keacakan atau ketidakpastian proses mutase. Gen-gen pendek paling terpengaruh oleh ketidakpastian ini, sehingga mutasi yang ditemukan dalam gen tersebut di spesies yang berbeda, tidak cukup untuk benar-benar mencerminkan filogeni (Jeffroy et al., 2006). Walaupun demikian, gen COI memiliki potensi untuk digunakan dalam penyusunan pohon filogenetik.

SIMPULAN

Kakatua endemik Indonesia menghasilkan 3 klaster berbeda berdasarkan pensejajaran gen DNA mitokondria lokus cytochrome oxidase I (COI). Klaster tersebut adalah klaster *C. galerita* dan *C. sulphurea*, klaster *C. goffiniana* dan *C. sanguinea* serta klaster *C. alba* dan *C. moluccensis*.

DAFTAR PUSTAKA

- Arismayanti, E., Rakhmatun Nisa, N., Fanidya, A., Arsyad, W. F., Aulia Putri, N., Raffiudin, R., & Arum Widayati, K. (2021). Perilaku Alami dan Tidak Alami Burung Kakatua Jambul Kuning (*Cacatua* sp.) di Animal Sanctuary Trust Indonesia, Jawa Barat. *Jurnal Sumberdaya Hayati* 7(1):9-16
<https://journal.ipb.ac.id/index.php/sumberdayahayati>
- Astuti, D. (2011). Phylogenetic Relationships within Cockatoos (Aves: Psittaciformes) Based on DNA Sequences of The Seventh intron of Nuclear β -fibrinogen gene. *Jurnal Biologi Indonesia* 7(1):1-11.
- Dyke, G. J., Dyke, G. J., Gulas, B. E., & Crowe, T. M. (2003). Suprageneric Relationships of Galliform birds (Aves, Galliformes): a Cladistic Analysis of Morphological Characters. *Zoological Journal of the Linnean Society* 137(2): 227-244.
<https://academic.oup.com/zoolinnean/article/137/2/227/2632289>
- Gill, F., Donsker, D., & Rasmussen, P. (2024). *IOC World Bird List (v14.1)*.
- Hebert, P. D. N., Stoeckle, M. Y., Zemlak, T. S., & Francis, C. M. (2004). Identification of Birds Through DNA Barcodes. *PLoS Biology*, 2(10). <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0020312>
- Hershberg, R. (2015). Mutation—the Engine of Evolution: Studying Mutation and Its Role in the Evolution of Bacteria. *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology*, 7(9).
<https://doi.org/10.1101/cshperspect.a018077>
- Jeffroy, O., Brinkmann, H., Delsuc, F., & Philippe, H. (2006). Phylogenomics: the Beginning of Incongruence? *Trends in Genetics*, 22(4), 225–231
- Kim, J. Il, Do, T. D., Choi, Y., Yeo, Y., & Kim, C. B. (2021). Characterization and Comparative Analysis of Complete Mitogenomes of Three Cacatua Parrots (Psittaciformes: Cacatuidae). *Genes*, 12(2), 1–16.
<https://doi.org/10.3390/genes12020209>
- Kristianlie Ekajaya, R., Endlessa, C., Putri Salsabila, A., Ratu Rahayu Ningrum, S., & Hidayat, T. (2023). Klasifikasi Accipitriformes dan Falconiformes Berdasarkan Penanda DNA Parsial Cytochrome Oxidase 1 (CO1) secara In Silico. *Biota: Jurnal Ilmiah Ilmu-Ilmu Hayati*, 148–158.
<https://doi.org/10.24002/biota.v8i3.6761>
- Masatoshi Nei, Sudhir Kumar - *Molecular Evolution and Phylogenetics-Oxford University Press, USA (2000)*.
- Que, G., Fontanilla, I., Widmann, P., & Widmann, I. (2022). Phylogenetic Placement of the Philippine Cockatoo *Cacatua haematuropygia* (P.L.S. Muller 1776) Based on a Partial Mitochondrial Genome. *Science Diliman*, 34(1), 5–37.
- Rachmatika, R., & Maharani, S. (2018). Aktivitas Harian Dan Kebutuhan Nutrien Kakatua Jambul Kuning (*Cacatua galerita*) Pada Masa Memelihara Anak Zoo Indonesia 27(1), 50-61
- Ruppert, K. M., Kline, R. J., & Rahman, M. S. (2019). Past, Present, and Future Perspectives of Environmental DNA (eDNA) Metabarcoding: A Systematic Review in Methods, Monitoring, and Applications of Global eDNA. In *Global Ecology and Conservation* (Vol. 17). Elsevier B.V.
<https://doi.org/10.1016/j.gecco.2019.e00547>
- Saitoh, T., Sugita, N., Someya, S., Iwami, Y., Kobayashi, S., Kamigaichi, H., Higuchi, A., Asai, S., Yamamoto, Y., & Nishiumi, I. (2015). DNA barcoding reveals 24 distinct lineages as cryptic bird species candidates in and around the Japanese Archipelago. *Molecular Ecology Resources*, 15(1), 177–186.
<https://doi.org/10.1111/1755-0998.12282>
- Shao, S., Quan, Q., Cai, T., Song, G., Qu, Y., & Lei, F. (2016). Evolution of Body Morphology and Beak Shape Revealed by A Morphometric Analysis of 14 Paridae Species. *Frontiers in Zoology*, 13(1).
<https://doi.org/10.1186/s12983-016-0162-0>
- Sung, W., Ackerman, M. S., Dillon, M. M., Platt, T. G., Fuqua, C., Cooper, V. S., & Lynch, M. (2016). Evolution of the Insertion-deletion Mutation Rate Across the Tree of Life. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 6(8), 2583–2591.
<https://doi.org/10.1534/g3.116.030890>



- Susanti, R., Margareta, R., Nugroho, E., & Martanti, L. (2008). Hubungan Kekerabatan Burung Gelatik Jawa (*Padda oryzivora*) di Pulau Jawa Berdasarkan Karakter Morfologi. *Berkala Penelitian Hayati*, 13, 135–140.
- Tabba, S., & Nurrani, L. (2016). Avifauna Pada Taman Nasional Aketajawe Lolobata Berdasarkan Tipologi Zona Dan Tutupan Lahan. *Wasian*, 3(1), 25–38.
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Yohanna, Irham, M., Gunawan, I., Saryono, A., Tawakal, Y., Prawiradilaga, D. M., & Dharmayanthi, A. B. (2022). DNA Barcoding Reveals the Identity of Bird Remains from The Bird Strike Incident in Indonesia. *Zoo Indonesia*, 31(2), 92–100.
- Zein, M. S. A. (2018). Barkoding DNA Burung Elang (Famili Accipitridae) di Indonesia. *Berita Biologi*, 17(2). <https://doi.org/10.14203/beritabiologi.v17i2.3108>
- Zein, M. S. A., Haryoko, T., Fitriana, Y. S., Sulistyadi, E., & Prawiradilaga, D. M. (2017). Aplikasi Kajian DNA Molekuler dan Fenotipik Pada Program Pelepasliaran Burung Kakatua. *Jurnal Biologi Indonesia*, 13(1), 157–169.