

Studi kekerabatan burung madu sriganti (*Cinnyris jugularis* Linnaeus, 1766) aves: Nectariniidae dengan menggunakan gen mtDNA ND2

Phylogenetic relationships of olive-backed sunbird (*Cinnyris jugularis* Linnaeus, 1766) aves: Nectariniidae using MT-ND2 gene

AZIMAH WARDAHTUL ISHLAH¹, YOHANNA^{2,✉}, DWI LISTYORINI^{1,✉}, ANIK BUDHI DHARMAYANTHI², MOHAMMAD IRHAM², TRI HARYOKO², HIDAYAT ASHARI²

¹Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Malang, Jl. Semarang No. 5, Malang 65145, Jawa Timur, Indonesia. Tel.: +62-341-552180, Fax.: +62-341-552180, ✉email: listyorini.aljabari@um.ac.id

²Badan Riset dan Inovasi Nasional. Jl. Raya Jakarta-Bogor Km 46, Cibinong, Bogor 16911, Jawa Barat, Indonesia. Tel.: +62-21-8758558, Fax.: +62-21-7592845, ✉email: yohannadalimunthe@gmail.com

Manuskrip diterima: 29 Maret 2023. Revisi disetujui: 12 Juli 2023.

Abstrak. Ishlah AW, Yohanna, Listyorini D, Dharmayanthi AB, Irham M, Haryoko T, Ashari H. 2023. Studi kekerabatan burung madu sriganti (*Cinnyris sriganti* Linnaeus, 1766) aves: Nectariniidae dengan menggunakan gen mtDNA ND2. *Pros Sem Nas Masy Biodiv Indon 9*: 76-79. *Cinnyris jugularis* merupakan spesies anggota ordo Passeriformes, famili Nectariniidae. Spesies ini memiliki 21 subspecies dengan persebaran yang luas mulai dari Cina, Filipina, Semenanjung Malaysia, Indonesia, dan Australia dengan sembilan di antaranya tersebar di Indonesia. Hal ini memungkinkan adanya *cryptic species* sehingga mengakibatkan sistematika yang kompleks. Oleh karena itu, perlu diidentifikasi posisi taksonomi dan hubungan kekerabatan *C. jugularis* khususnya di Indonesia menggunakan mtDNA ND2. Sampel berupa jaringan dan darah *C. jugularis* yang dikoleksi dari Jawa, Sulawesi, dan Nusa Tenggara, sampel jaringan *C. solaris* dari Sulawesi, dan sampel jaringan *L. aspasia* dari Sulawesi. Sampel diekstraksi menggunakan protokol QIAGEN DNeasy Blood & Tissue Kit, lalu diamplifikasi menggunakan primer *forward* L5219-Met 5'-CCCATACCCCGAAAATGATG-3' dan primer *reverse* H6313-Trp 5'-CTCTTATTTAAGGCTTTGAAGGC-3. Pembacaan, pembentukan *contig sequence*, BLAST hingga *multiple sequence alignment* menggunakan Geneious prime version 2022.2.2. Analisis divergensi genetik serta rekonstruksi pohon filogenetik *Maximum-Likelihood* (ML) menggunakan MEGA11. Rekonstruksi pohon filogenetik menghasilkan empat *clade*, *clade* pertama terdiri dari *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara; *clade* kedua terdiri dari *C. jugularis* populasi Sulawesi; *clade* ketiga terdiri dari *C. solaris*; dan *clade* keempat terdiri dari *L. aspasia*. Terdapat jarak genetik yang cukup besar di antara *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara dengan populasi Sulawesi (0,0551). Hasil studi ini menunjukkan bahwa *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara dengan populasi Sulawesi dapat direvisi dan diangkat statusnya menjadi spesies berbeda.

Kata kunci: *Cinnyris jugularis*, filogenetik, ND2

Abstract. Ishlah AW, Yohanna, Listyorini D, Dharmayanthi AB, Irham M, Haryoko T, Ashari H. 2023. *Phylogenetic relationships of olive-backed sunbird* (*Cinnyris sriganti* Linnaeus, 1766) aves: Nectariniidae using MT-ND2 gene. *Pros Sem Nas Masy Biodiv Indon 9*: 76-79. *Cinnyris jugularis* is a member of order Passeriformes, family Nectariniidae. This species has 21 subspecies with a wide distribution ranging from China, the Philippines, Peninsular Malaysia, Indonesia and Australia. Indonesia is housing nine of them. This wide spread causes of cryptic species which giving rise to a complex taxonomy problem. Therefore, it is necessary to identify its taxonomy position using ND2 mtDNA. Samples in the form of tissue and blood of *C. jugularis* were collected from Java, Sulawesi and Nusa Tenggara, tissue samples of *C. solaris* from Sulawesi, and tissue samples of *L. aspasia* from Sulawesi. Samples were extracted using the QIAGEN DNeasy Blood & Tissue Kit protocol, then amplified using forward primer L5219-Met 5'-CCCATACCCCGAAAATGATG-3' and reverse primer H6313-Trp 5'-CTCTTATTTAAGGCTTTGAAGGC-3. Reading, contig sequence formation, BLAST and multiple sequence alignment using Geneious prime version 2022.2.2. Genetic divergence analysis and Maximum-Likelihood (ML) phylogenetic tree reconstruction using MEGA11. The phylogenetic tree reconstruction resulted in four clades, the first clade consists of *C. jugularis* from Java-Nusa Tenggara; the second clade consists of *C. jugularis* from Sulawesi; the third clade consists of *C. solaris*; and the fourth clade consists of *L. aspasia*. There is a large genetic distance between the *C. jugularis* from Java-Nusa Tenggara and Sulawesi (0.0551). The results of this study indicate that *C. jugularis* in Java-Nusa Tenggara and Sulawesi can be revised and elevated to a different species status.

Keywords: *Cinnyris jugularis*, ND2, phylogenetic

PENDAHULUAN

Cinnyris jugularis merupakan spesies anggota famili Nectariniidae, ordo Passeriformes (Christidis and Boles 2008). *C. jugularis* tersebar luas mulai dari Cina, Asia Tenggara, Filipina, Semenanjung Malaysia dan Indonesia dan Australia (MacKinnon et al. 2010). Berdasarkan persebarannya, *C. jugularis* memiliki 21 subspecies, yaitu *C. j. flammixillaris*, *C. j. rhizophorae*, *C. j. andamanicus*, *C. j. proselius*, *C. j. blanfordi*, *C. j. klossi*, *C. j. ornatus*, *C. j. polyclystus*, *C. j. obscurior*, *C. j. jugularis*, *C. j. aurora*, *C. j. woodi*, *C. j. plateni*, *C. j. robustirostris*, *C. j. frenatus*, *C. j. flavigastrea*, *C. j. infrenatus*, *C. j. teysmanni*, *C. j. buruensis*, *C. j. clementiae*, *C. j. keiensis* (Cheke et al. 2020). Dari 21 subspecies di atas, 9 di antaranya tersebar di Indonesia yaitu *C. j. ornatus* (Semenanjung Malaysia Tengah dan Selatan, Sumatera, Borneo, Jawa, Bali, dan Sunda kecil kecuali Sumba, Timor, dan pulau-pulau kecil), *C. j. polyclystus* (Pulau Enggano), *C. j. infrenatus* (Kepulauan Wakatobi), *C. j. plateni* (Sulawesi, Kep. Talaud, Pulau Sangihe, dan Pulau Siau), *C. j. frenatus* (Maluku Utara dan Kep. Aru), *C. j. clementiae* (Boano, Seram, Ambon, Saparua, Nusa Laut dan Kep Watubela), *C. j. buruensis* (Pulau Buru), *C. j. keiensis* (Kep. Kai), dan *C. j. teysmanni* (Tanahjampea, Kalao, Bonerate, Kalaotoa dan Madu) (Cheke et al. 2020).

Oleh karena persebaran *C. jugularis* yang luas (*widespread*), memungkinkan terbentuknya spesies *cryptic* sehingga memunculkan sistematika yang cukup kompleks (Döring 2022). Hal ini juga disampaikan oleh Marcaigh et al. (2022) bahwa *C. jugularis* perlu diakui sebagai superspesies dan perlu dipisah setidaknya menjadi empat spesies. Sementara itu, Eaton et al. (2021) memisahkan *C. jugularis* menjadi tiga spesies, yaitu *Cinnyris clementiae* Lesson, 1827 untuk *C. jugularis* dari Sulawesi hingga Paparan Sahul, *Cinnyris ornatus* Lesson, 1827 untuk di Paparan Sunda, sedangkan *Cinnyris jugularis* untuk populasi Filipina. Penelitian *C. jugularis* di Indonesia terkini meliputi *C. jugularis* populasi Sulawesi dan Kep. Wakatobi yang mengindikasikan adanya kemungkinan pemisahan *C. infrenatus* Hartert, 1903 untuk *C. jugularis* populasi Kep. Wakatobi (Marcaigh et al. 2022). Namun, penelitian *C. jugularis* dari populasi Sunda Besar belum pernah dilakukan. Sampel pada studi ini meliputi *Cinnyris jugularis*, *Cinnyris solaris*, dan *Leptocoma aspasia* yang merupakan koleksi Laboratorium Genetika Pusat Riset Biosistematika dan Evolusi-BRIN Cibinong, Jawa Barat berdasarkan morfologi.

Barkoding dapat membantu menyelesaikan kendala spesies *cryptic* atau membedakan spesies yang sulit diidentifikasi berdasarkan karakter morfologi (Kress et al. 2015). DNA mitokondria (mtDNA) telah banyak digunakan dalam studi taksonomi, karena laju evolusi mitokondrianya yang lebih cepat dibandingkan pada DNA inti (Brown et al. 1979; Moore 1995). Gen NADH dehidrogenase subunit 2 (ND2) memiliki laju mutasi hampir dua kali lebih besar dibanding gen COI (Pacheco et al. 2011). Gen ND2 dapat menyelesaikan permasalahan taksonomi di dalam spesies (Lerner et al. 2011). Berdasarkan latar belakang di atas, penelitian ini bertujuan

untuk mengidentifikasi dan menganalisis hubungan kekerabatan *C. jugularis* populasi Jawa dan Sulawesi dengan menggunakan gen mtDNA ND2.

METODE PENELITIAN

Penelitian ini menggunakan sampel material genetik berupa 12 sampel jaringan *Cinnyris jugularis* (Ilomata, Luwu Timur, Kangean, Sumenep, Yogyakarta, Halmahera Tengah, Bima, dan Pandeglang), tiga sampel darah *Cinnyris jugularis* (Kangean), satu sampel jaringan *Cinnyris solaris* (Manggarai), dan tiga sampel jaringan *Leptocoma aspasia* (Ilomata, Luwu Timur dan Maluku Tengah). Semua sampel material genetik merupakan sampel yang dikoleksi di laboratorium Genetika Pusat Riset Biosistematika dan Evolusi-BRIN Cibinong, Jawa Barat (Tabel 1).

Tabel 1. Daftar sampel yang diekstraksi

Nama Jenis	Kode Sampel	Jenis Sampel	Lokasi
<i>C. jugularis</i>	YHN 014	Jaringan	Ilomata, Gorontalo
<i>C. jugularis</i>	YHN 016	Jaringan	Ilomata, Gorontalo
<i>C. jugularis</i>	AG 7224	Jaringan	Luwu Timur, Sulawesi Selatan
<i>C. jugularis</i>	AG 3323	Darah	Kangean, Jawa Timur
<i>C. jugularis</i>	AG 3327	Darah	Kangean, Jawa Timur
<i>C. jugularis</i>	AG 3329	Darah	Kangean, Jawa Timur
<i>C. jugularis</i>	AG 3358	Jaringan	Kangean, Jawa Timur
<i>C. jugularis</i>	AG 4237	Jaringan	Sumenep, Jawa Timur
<i>C. jugularis</i>	AG 903	Jaringan	Yogyakarta, DIY
<i>C. jugularis</i>	AG 4783	Jaringan	Halmahera Tengah, Maluku Utara
<i>C. jugularis</i>	AG 4784	Jaringan	Halmahera Tengah, Maluku Utara
<i>C. jugularis</i>	AG 4785	Jaringan	Halmahera Tengah, Maluku Utara
<i>C. jugularis</i>	AG 6451	Jaringan	Bima, Nusa Tenggara Barat
<i>C. jugularis</i>	AG 6452	Jaringan	Bima, Nusa Tenggara Barat
<i>C. jugularis</i>	AG 3281	Jaringan	Pandeglang, Banten
<i>C. solaris</i>	AG 1401	Jaringan	Manggarai, NTT
<i>L. aspasia</i>	MI 0147	Jaringan	Ilomata, Gorontalo
<i>L. aspasia</i>	AG 7229	Jaringan	Luwu Timur, Sulawesi Selatan
<i>L. aspasia</i>	AG 6198	Jaringan	Maluku Tengah

Sampel diekstraksi menggunakan QIAGEN DNeasy Blood & Tissue Kit Cat. No. 69505. dengan mengikuti standar protokol yang disediakan. Amplifikasi gen target ND2 dilakukan melalui proses PCR menggunakan primer forward L5219-Met 5'-CCCATACCCCGAAAATGATG-3' dan primer reverse H6313-Trp 5'-CTCTTATTTAAGGCTTTGAAGGC-3' (Sorenson 1999). Tahapan PCR dimulai dengan menyiapkan terlebih dahulu PCR mix dengan masing-masing tube berisikan (12.5 µL 2x mytaq HS redmix, 1 µL primer L5219-Met, 1 µL primer H6313-Trp, 9.5 µL NFW, dan 1 µL ekstrak DNA. Tube

kemudian dimasukkan ke dalam alat PCR dengan kondisi pra denaturasi (95°C) selama 3 menit, denaturasi (95°C) selama 40 detik, penempelan primer (*annealing*) (56°C) selama 1 menit, pemanjangan (*extension*) (72°C) selama 1 menit, serta pematapan (*post extension*) (72°C) selama 8 menit. Proses PCR dilakukan sebanyak 35 siklus. Target fragmen gen ND2 yang telah diamplifikasi dikirim ke PT. Genetika Science untuk dilakukan sekuensing.

Semua data sekuen dibaca dan dilakukan *editing* manual untuk puncak yang tidak terbaca (N) menggunakan Geneious prime version 2022.2.2. Pembentukan *contig sequence*, BLAST hingga *multiple sequence alignment* juga menggunakan Geneious prime version 2022.2.2. Analisis divergensi genetik serta rekonstruksi pohon filogenetik metode *Maximum-Likelihood* (ML) menggunakan MEGA11.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Posisi taksonomi

Rekonstruksi pohon filogenetik pada penelitian ini menggunakan metode *Maximum-Likelihood* (ML) dengan bootstrap 1000 kali. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik membentuk empat *clade* (Gambar 1). *Clade* pertama terdiri dari *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara (Gambar 1.*), *clade* kedua terdiri dari *C. jugularis* populasi Sulawesi (Gambar 1.**), *clade* ketiga terdiri dari *C. solaris* (Gambar 1.***), dan *clade* keempat terdiri dari *L. aspasia* (Gambar 1.****). Berdasarkan hasil rekonstruksi pohon filogenetik tersebut, *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara dan populasi Sulawesi memiliki nenek moyang yang sama. *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara membentuk klaster besar dengan nilai *bootstrap* 99, begitu pula dengan *C. jugularis* Sulawesi dengan nilai *bootstrap* 100. *Clade* *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara dan Sulawesi,

secara molekuler membentuk kelompok filogenetik yang alopatrik.

Divergensi genetik

Hasil analisis jarak genetik di dalam spesies menunjukkan bahwa *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara merupakan satu spesies (0,0026), begitu pula dengan populasi Sulawesi (0,0131). *L. aspasia* menunjukkan kompleksitas di dalam satu spesies (0,0611). Sementara itu, jarak genetik di dalam spesies *C. solaris* tidak terbaca, karena sampel yang dipakai hanya satu (Tabel 2). Dari analisis jarak genetik antar spesies, *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara dengan populasi Sulawesi menunjukkan spesies berbeda (0,0551) (Tabel 3).

Tabel 2. Jarak genetik dalam spesies

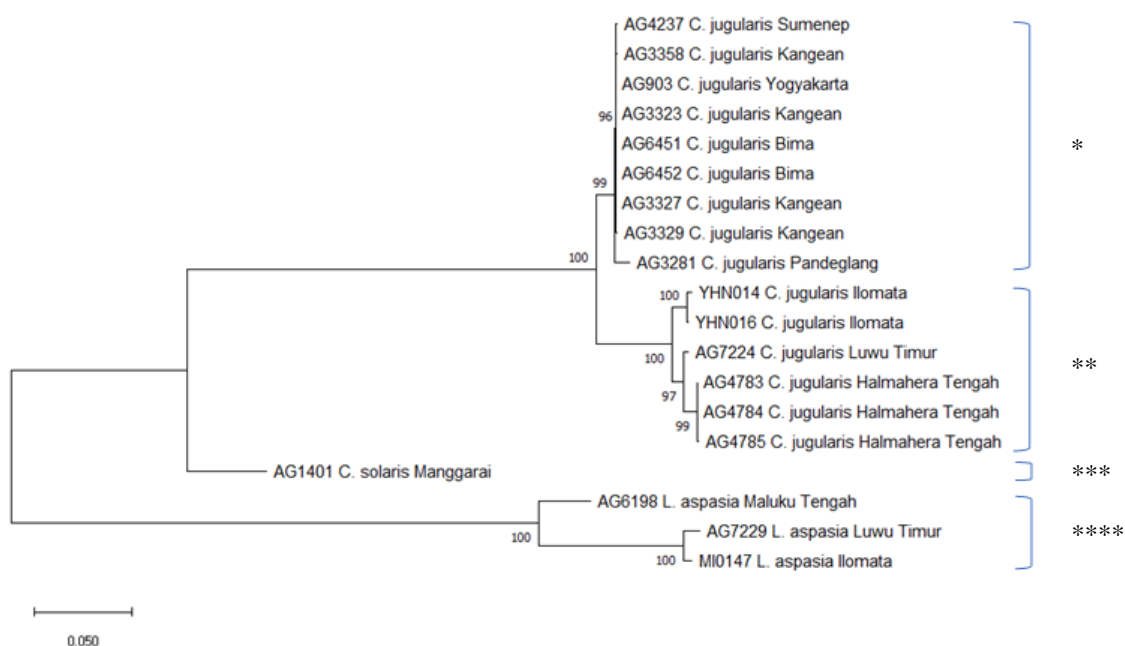
Nama jenis	d	S.E
<i>C. jugularis</i> (Jawa-Nusa Tenggara)	0,0026	0,0008
<i>C. solaris</i>	n/c	n/c
<i>C. jugularis</i> (Sulawesi)	0,0131	0,0026
<i>L. aspasia</i>	0,0611	0,0069

Keterangan: SE (*Standard Error*)

Tabel 3. Jarak genetik antarspesies

	<i>C. jugularis</i> (Jawa-Nusa Tenggara)	<i>C.</i> <i>solaris</i>	<i>C. jugularis</i> (Sulawesi)	<i>L.</i> <i>aspasia</i>
<i>C. jugularis</i> (Jawa-Nusa Tenggara)		0,0145	0,0072	0,0162
<i>C. solaris</i>	0,1539		0,0147	0,0150
<i>C. jugularis</i> (Sulawesi)	0,0551	0,1642		0,0161
<i>L. aspasia</i>	0,2052	0,1819	0,2079	

Keterangan: Warna biru menunjukkan *standard error*



Gambar 1. Pohon filogenetik menggunakan metode Maximum Likelihood dengan model Tamura-Nei pada 19 sekuen berdasarkan gen ND2. * : *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara; ** : *C. jugularis* populasi Sulawesi; *** : *C. solaris* ; **** : *L. aspasia*

Diskusi

Rekonstruksi pohon filogenetik menghasilkan empat *clade*, yaitu dua *clade* *C. jugularis*, satu *clade* *C. solaris*, dan satu *clade* *L. aspasia*. Kedua *clade* *C. jugularis* membentuk satu klaster besar yang memisahkan *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara dengan populasi Sulawesi. Pemisahan ini diakibatkan adanya pengaruh aspek biogeografi (Lohman et al. 2011).

Biogeografi di Indonesia diperkirakan terjadi selama 50 juta tahun yang lalu pada daerah Indo-Australian Archipelago (IAA). IAA terdiri lebih dari 20.000 pulau di garis khatulistiwa di Asia Tenggara, termasuk Brunei, Timor Leste, Indonesia, Malaysia, Papua Nugini, Filipina, Singapura, dan semenanjung Thailand (Lohman et al. 2011). Pada masa Eocene, sekitar 45 juta tahun yang lalu, Kep. Sunda membentang dari Sumatera, melalui Jawa dan daerah lengan utara Sulawesi, dan berlanjut ke Pasifik barat terbagung dengan Filipina-Kep. Halmahera. Pada masa Miocene awal, sekitar 23 juta tahun yang lalu, lempeng Australia bergerak hingga melakukan kontak dengan pinggirannya Paparan Sunda yang terendam di dekat Sulawesi, sehingga pergerakan Paparan Sunda mengikuti pergerakan lempeng Australia ke arah utara. Di antara Kalimantan dengan Sulawesi bagian barat, terdapat perairan dalam yang memisahkan kedua area, yakni Selat Makassar, sehingga membentuk batas imajiner yang diberi nama Garis Wallace (Lohman et al. 2011). Selain itu, Paparan Sunda mengalami beberapa kali perubahan permukaan air laut pada masa Glasial Maksimum Terakhir (*Last Glacial Maximum* - LGM) yang diperkirakan sekitar 20.500 tahun yang lalu. Paparan Sunda menyatu membentuk dataran luas, lalu permukaan air laut naik sehingga membentuk beberapa dataran masa kini yang terfragmentasi (Kalimantan, Jawa, Sumatera, dan Semenanjung Malaya) (Solihuddin, 2014).

Perubahan yang terjadi di daerah IAA membentuk isolasi geografis yang memisahkan area Paparan Sunda dengan Paparan Sahul. Hal ini ditunjukkan adanya nilai divergensi yang besar antara *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara dengan populasi Sulawesi (0,0551). Jarak genetik yang digunakan sebagai pembeda jenis sebesar >2% (Hebert et al. 2004) yang artinya jika jarak genetik di antara dua *clade* >2%, maka anggota dari kedua *clade* merupakan jenis yang berbeda. Dengan demikian, *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara dengan populasi Sulawesi diduga merupakan spesies yang berbeda.

Eaton et al. (2021) memisahkan *C. jugularis* menjadi tiga spesies, yaitu *Cinnyris clementiae* Lesson, 1827 untuk *C. jugularis* populasi Sulawesi hingga Paparan Sahul, *Cinnyris ornatus* Lesson, 1827 untuk *C. jugularis* populasi Paparan Sunda, sedangkan *Cinnyris jugularis* untuk populasi Filipina. Sementara itu, menurut Marcaigh et al. (2022), *C. jugularis* perlu diakui sebagai *superspecies* dan mendukung usulan Eaton et al. (2021) mengenai *limbo split* *C. jugularis* populasi Kep. Wakatobi., sehingga *C. jugularis* setidaknya dipisah menjadi empat spesies. Data studi ini dapat melengkapi hasil studi yang dilakukan

Marcaigh et al. (2022) yang belum memasukkan data *C. jugularis* populasi Jawa.

Kesimpulannya, dari studi ini dihasilkan rekonstruksi pohon filogenetik model *Maximum-Likelihood* menggunakan 19 sekuen ND2 yang membentuk empat *clade*. *Clade* pertama terdiri dari *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara, *clade* kedua terdiri dari *C. jugularis* populasi Sulawesi, *clade* ketiga terdiri dari *C. solaris*, dan *clade* keempat terdiri dari *L. aspasia*. Divergensi genetik yang dihasilkan antara *C. jugularis* populasi Jawa-Nusa Tenggara dengan populasi Sulawesi mengindikasikan spesies yang berbeda (0,0551). Hal ini diduga dipengaruhi oleh aspek biogeografi yang membentuk isolasi geografis.

DAFTAR PUSTAKA

- Brown WM, George MJr, Wilson AC. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. Proc Natl Acad Sci U S A 76 (4): 1967-1971. DOI: 10.1073/pnas.76.4.1967.
- Cheke R, del Hoyo A, Collar N, Mann C, Kirwan GM, Christie DA. 2020. Olive-backed Sunbird (*Cinnyris jugularis*), version 1.0. In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds). Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, New York. DOI: 10.2173/bow.olbsun4.01.
- Christidis L, Boles WE. 2008. Systematics and Taxonomy of Australian Birds. CSIRO Publishing, Clayton.
- Döring M. 2022. *Cinnyris jugularis* (Linnaeus, 1766) in English Wikipedia - Species Pages. Wikimedia Foundation. Checklist dataset. (Online). DOI: 10.15468/c3kkgh.
- Eaton JA, van Balen S, Brickley NW, Rheindt FE. 2016. Birds of the Indonesian Archipelago: Greater Sundas and Wallacea 2nd Edition. Lynx Edicions, Barcelona.
- Hebert PDN, Stoeckle MY, Zemplak TS, Francis CM. 2004. Identification of birds through DNA barcodes. PLoS Biol 2 (10): 1657-1663. DOI: 10.1371/journal.pbio.0020312.
- Kress WJ, García-Robledo C, Uriarte M, Erickson DL. 2015. DNA barcodes for ecology, evolution, and conservation. Trend Ecol Evol 30 (1): 25-35. DOI: 10.1016/j.tree.2014.10.008.
- Lerner HR, Meyer M, James HF, Hoffreiter M, Fleischer RC. 2011. Multilocus resolution of phylogeny and timescale in the extant adaptive radiation of Hawaiian honeycreepers. Curr Biol 21 (21): 1838-1844. DOI: 10.1016/j.cub.2011.09.039.
- Lohman DJ, de Bruyn M, Page T, von Rintelen K, Hall R, Ng PKL, Shih HT, Carvalho GR, von Rintelen T. 2011. Biogeography of the Indo-Australian archipelago. Annu Rev Ecol Evol Syst 42 (1): 205-226. DOI: 10.1146/annurev-ecolsys-102710-145001.
- MacKinnon J, Phillips K, van Balen B. 2010. Burung-burung di Sumatera, Jawa, Bali dan Kalimantan (termasuk Sabah, Sarawak, dan Brunei Darussalam). Puslit Biologi-LIPI & Birdlife-IP.
- Marcaigh FÓ, Kelly DJ, O'Connell DP, Anuluddin K, Karya A, Mccloughan J, Ellen T, Lawless N, Marples NM. 2022. Small islands and large biogeographic barriers have driven contrasting speciation patterns in Indo-Pacific sunbirds (Aves: Nectariniidae). Zool J Linn Soc 198 (1): 72-92. DOI: 10.1093/zoolinnean/zlac081.
- Moore WS. 1995. Inferring phylogenies from mtDNA variation: mitochondrial-gene trees versus nuclear-gene trees. Evolution 49 (4): 718-726. DOI: 10.1111/j.1558-5646.1995.tb02308.x.
- Pacheco MA, Battistuzzi FU, Lentino M, Aguilar RF, Kumar S, Escalante AA. 2011. Evolution of modern birds revealed by mitogenomics: timing the radiation and origin of major orders. Mol Biol Evol 28 (6): 1927-1942. DOI: 10.1093/molbev/msr014.
- Solihuddin T. 2014. A drowning Sunda Shelf model during Last Glacial Maximum (LGM) and Holocene: A review. Indonesian J Geosci 1 (2): 99-107. DOI: 10.17014/ijog.v1i2.182.
- Sorenson MD, Ast JC, Dimcheff DE, Yuri T, Mindell DP. 1999. Primers for a PCR-based approach to mitochondrial genome sequencing in birds and other vertebrates. Mol Phylogen Evol 12 (2): 105-114. DOI: 10.1006/mpev.1998.0602.