

**ANALISIS GEN *CYTOCHROME OXYDASE-1 (COI)*
UNTUK KONFIRMASI STATUS TAKSONOMI
BURUNG SRIGUNTING SUMBAWA (*Dicrurus, Dicruridae*)**

**ANALYSIS OF THE *CYTOCHROME OXYDASE-1 (COI)* GENE
TO CONFIRM THE TAXONOMY STATUS OF
SUMBAWA DRONGO (*Dicrurus, Dicruridae*)**

Dwi Astuti, Hidayat Ashari, Mohamad Irham, dan Sri Sulandari[†]

Bidang Zoologi, Pusat Penelitian Biologi LIPI
Gedung Widyasatwaloka Jl. Jakarta-Bogor KM 46, Cibinong, 16911
e-mail: asdwi2016@gmail.com

(diterima Maret 2017, direvisi Mei 2017, disetujui Juli 2017)

ABSTRAK

Sekuen DNA dari gen *cytochrome oxidase-1 (COI)* diadopsi untuk membangun pengelompokan dan kekerabatan dari burung-burung srigunting (*Dicrurus*; *Dicruridae*). Tujuannya adalah untuk mengkonfirmasi apakah srigunting dari Sumbawa merupakan spesies tersendiri atau merupakan bagian dari superspesies *D. hottentotus*. Sekuen DNA sepanjang 795-bp pada gen COI diambil dari delapan burung srigunting dari Sulawesi Tenggara (*D. hottentotus leucops*), enam srigunting dari T.N. Gn. Halimun, Jawa Barat (*D. remifer*), dan dua srigunting dari Sumbawa. Analisis *Neighbor-joining* (NJ) dilakukan untuk mengkonstruksi pohon filogeninya dengan mengkalkulasi semua substitusi basa (transisi dan transverse) pada *software* MEGA-5. Pohon NJ menunjukkan bahwa dua individu yang berasal dari Sumbawa jelas-jelas terpisah dari *Dicrurus* asal Sulawesi Tenggara (*D. hottentotus*) dengan didukung nilai *bootstrap* sebesar 100 % dan dipisahkan oleh nilai divergensi sekuen > 3,5%. Sedangkan *D. remifer* memisah jauh dari keduanya. Penelitian ini cenderung mendukung pendapat bahwa srigunting dari Sumbawa merupakan populasi yang berbeda dan tidak termasuk dalam grup *D. hottentotus*, tetapi termasuk dalam grup *D. densus* dari Nusa Tenggara dan kemungkinan besar adalah spesies monopiletik tersendiri sebagai *D. bimaensis*.

Kata kunci: sekuen DNA, divergensi genetik, filogeni, *Dicrurus*

ABSTRACT

DNA sequences of cytochrome oxidase-1 (COI) gene were adopted in the present study to construct the grouping and relationships of drongos (*Dicrurus*; *Dicruridae*) birds. The aim was to clarify the taxonomic status of Sumbawa population dragon whether it was a full species or part of larger superspecies *D. hottentotus*. Totally 795-bp of COI gene from each of eight birds from South-East Sulawesi (*D. hottentotus leucops*), six birds from Gn. Halimun Nasional Park (*D. remifer*), and two birds from Sumbawa were analyzed. Neighbor-joining (NJ) analysis was done to contract phylogenetic tree of *Dicrurus* based on all base substitutions (transitions and transversions) on MEGA5 software. NJ tree showed that two individuals of drongos birds from Sumbawa clearly were separated from birds from South-East Sulawesi (*D. hottentotus leucops*) supported by 100 % bootstrap value and 3.5 % sequence divergence. While, *D. remifer* was on its own separated cluster. This study suggested and supported that Sumbawa population was different from that of *hottentotus* group. It should be treated as part of *densus* population of Nusa Tenggara, moreover there is a possibility that it is a monophyletic group and can be elevated as *D. bimaensis*.

Key words: DNA sequence, genetic divergence, filogeni, *Dicrurus*

PENDAHULUAN

Famili *Dicruridae* (Drongo/ Srigunting) terdiri atas dua genus (*Chaetorhynchus* dan *Dicrurus*) sekitar 20 - 26 spesies yang meliputi 98 - 106 subspecies yang tersebar luas di wilayah tropis dan subtropis mulai dari Afrika sampai ke beberapa

kepulauan di Pasifik (Rocamora *et al.* 2017a, Dickinson 2003, Mayr & Greenway 1962). Genus *Chaetorhynchus* hanya memiliki satu spesies yaitu *Chaetorhynchus papuensis* (*pygmy drongo*) yang memiliki daerah sebaran di pegunungan Papua. Selebihnya adalah anggota dari *Dicruridae* baik yang monotipik

maupun yang memiliki banyak subspecies.

Indonesia memiliki sekitar 12 spesies srigunting yang meliputi *C. papuensis* dan 11 spesies *Dicrurus* (Sukmantoro dkk 2007). Beberapa spesies merupakan endemik di Indonesia, di antaranya adalah *Dicrurus montanus* (Sulawesi), *D. sumatranus* dan *D. densus*; sedangkan yang lain memiliki kerabat populasi dari wilayah Asia Selatan sampai Pasifik (Sibley & Monroe 1990, Sukmantoro dkk. 2007). Namun demikian, beberapa spesies dari *Dicrurus* belum memiliki status taksonomi yang stabil. Spesies-spesies tersebut sering dianggap superspecies seperti *D. densus*, *D. hottentottus* dan *D. balicassius* yang dianggap sebagai subspecies, baik yang menjadi bagian dari populasi *D. hottentottus* maupun *D. densus* (Dickinson 2003, Rocamora *et al.* 2017b, Vaurie 1949).

Salah satu srigunting kepulauan yang status taksonominya masih dipertanyakan karena dikelompokkan dalam superspecies *D. hottentottus* dan/atau *D. densus* adalah srigunting dari Pulau Sumbawa. Srigunting ini dianggap sebagai salah satu subspecies dari *D. hottentottus* (*D. h. bimaensis*) yang memiliki sebaran di Nusa Tenggara kecuali Sumba dan Timor (Dickinson 2003, Inskipp *et al.* 1996). Tetapi, ada juga yang menyatakan bahwa populasi Nusa Tenggara memiliki tipe *D. densus* yang dapat dibedakan dari *D. hottentottus*, sehingga diangkat menjadi spesies (*D. densus*) menggantikan *D. hottentottus*; dan populasi Sumbawa menjadi anak spesies dari *D. densus* yang dinamakan *D. d. bimaensis* (Rocamora *et al.* 2017, Coates & Bishop 2000).

Perbedaan status spesies tersebut dapat disebabkan karena sulitnya dibedakan

berdasarkan karakter morfologi. Beberapa pendekatan dilakukan untuk mengkonfirmasi adanya perbedaan tersebut agar diperoleh kepastian mengenai status taksonomi satwa tertentu. Pada saat ini kemajuan teknologi di bidang molekuler sangat berkembang pesat dan sangat mungkin dilakukan. Dengan pendekatan molekuler, beberapa status taksonomi bisa diungkap. DNA mitokondria sudah dikenal dan digunakan oleh pakar-pakar taksonomi molekuler untuk keperluan itu (Ericsson & Johansson 2003; Zuccon *et al.* 2006; Zuccon *et al.* 2008). DNA mitokondria ini terdiri atas gen-gen pengkode protein (*protein-coding*) dan *non-coding* (Li & Graur 1991). Salah satu gen di dalam DNA mitokondria yang berperan sebagai gen pengkode protein adalah *cytochrome oxidase-1* atau gen COI. Beberapa peneliti telah mengadopsi sekuen DNA dari gen ini untuk keperluan studi tentang hubungan kekerabatan di antara kelompok burung (Cicero & Jonson 2001; Astuti & Sulandari 2010; Huang & Ke 2014), filogeografi (Campagna *et al.* 2012), dan evolusi (Barreira *et al.* 2016). Sepuluh tahun terakhir ini gen COI juga telah diakui dan digunakan sebagai salah satu penanda DNA yaitu DNA barcode untuk indentifikasi spesies satwa (Hebert *et al.*, 2003; 2004) khususnya burung (Hebert *et al.* 2004a; Johsen *et al.* 2010; Nishiumi 2012; Aliabadian *et al.* 2013; Huang & Ke 2014; Bilgin *et al.* 2016) maupun studi filogeni dan genetika populasi (Hajibabaei *et al.* 2007).

Melalui analisis DNA dari gen COI ini diharapkan dapat menginformasikan dan mengungkap posisi taksonomi burung srigunting dari Sumbawa ini terhadap spesies

conspesific dari Sulawesi. Penelitian menggunakan gen COI sepanjang 785-bp untuk mengkonfirmasi apakah srigunting dari Sumbawa merupakan spesies tersendiri/terpisah atau bagian dari superspesies *D. hottentotus*.

METODE PENELITIAN

Penelitian ini menggunakan 17 sampel berupa darah dari burung srigunting (*Dicrurus*) yang merupakan koleksi material genetik di Lab. Genetika, Bidang Zoologi-LIPI. Sampel darah ini dipreservasi dalam etanol absolut. Sampel tersebut berasal dari spesies *D. h. leucops* (Sulawesi Tenggara) sebanyak sembilan sampel, *D. h. bimaensis* (Sumbawa) sebanyak dua sampel, dan *D. remifer* (Jawa Barat) sebanyak 6 sampel. *Mino sp* dan *Oriolus sp* digunakan sebagai outgroup.

DNA diekstraksi dari tiap sampel darah menggunakan dan mengikuti prosedur Qiagen DNA mini Kit. Kualitas dan kuantitas DNA yang diekstraksi dicek melalui proses elektroforesis dan divisualisasi dengan foto di bawah UV.

Fragmen gen COI diamplifikasi dari DNA total melalui proses PCR dengan menggunakan sepasang primer L6958 (Mindell *et al.* 1999) dan H7827 (De Filippis 2000) pada kondisi: 93 °C-5 min; 35 X (93°C-45 detik , 45°C- 45 detik, 72°C-1 min); 72 °C- 5 min. Fragmen gen COI yang berhasil diamplifikasi dari masing-masing sampel kemudian disekuon urutan basanya dengan DNA Sequencer.

Proses analisis data sekuen DNA diawali dengan proses *alignment* dengan menggunakan perangkat lunak ProSequen. Komposisi basa dan jumlah basa yang

bervariasi dianalisis menggunakan perangkat lunak DnaSP. Jarak genetik intraspesies/ intraspesifik dan interspesies dianalisis dengan perangkat lunak Mega-5. Pohon filogeni dikonstruksi berdasarkan *neighbor-joining* (NJ) dengan metode Kimura *two-parameter* untuk mengetahui pengelompokan individu-individu di dalam genus *Dicrurus*. Nilai bootstrap dilakukan dengan 1000 kali ulangan.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil analisis sekuen DNA sepanjang 795-bp menginformasikan bahwa komposisi basa tersusun basa-basa nukleotida dimana guanin memiliki komposisi terendah seperti COI pada burung-burung lainnya (misal *Cacatua*; Astuti & Sulandari 2010). Jarak genetik atau divergensi antara *D. remifer* vs *D. h. bimaensis* sebesar $0,050 \pm 0,38$; *D. remifer* vs *D. h. leucops* sebesar $0,044 \pm 0,035$; dan *D. h. bimaensis* vs *D. h. leucops* adalah $0,035 \pm 0,28$. Sedangkan rata-rata jarak genetik di antara individu-individu *D. remifer* adalah 0,02; *D. h. bimaensis* adalah 0,001; dan *D. h. leucops* adalah 0,001. Di antara sekuen DNA yang dianalisis, terdapat 167 situs yang bervariasi, 136 situs diantaranya bersifat informatif parsimoni.

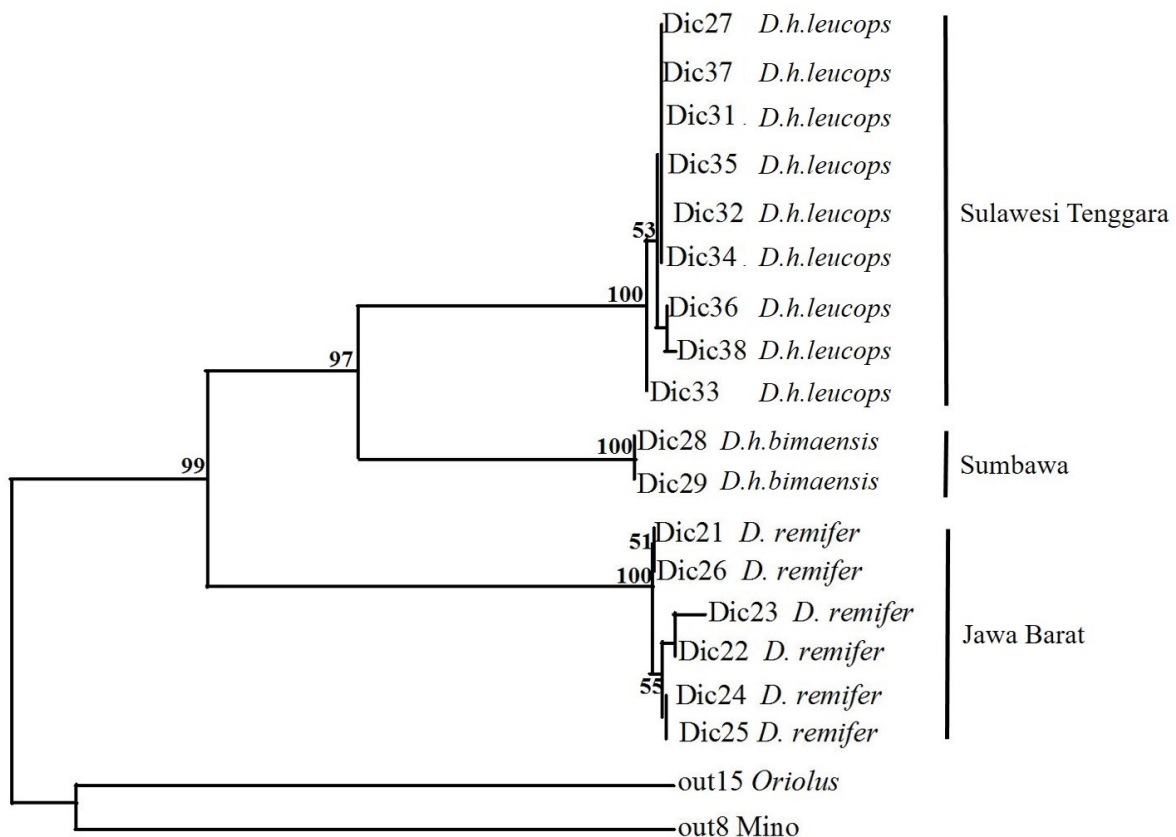
Pohon NJ (Gambar 1) menunjukkan bahwa 17 individu *Dicrurus* yang diteliti terbagi ke dalam 3 kelompok. Pertama, terdiri dari tujuh individu yang dikoleksi dari Sulawesi Tenggara (*D. h. leucops*) dengan nilai *bootstrap* 100 %. Kedua, terdiri dari dua individu yang dikoleksi dari Pulau Sumbawa didukung oleh nilai *bootstrap* 100 %. Ketiga, terdiri dari enam individu dari Jawa Barat (*D. remifer*) didukung

nilai *bootstrap* 100 % . Semua individu dari Sumbawa terpisah dari individu-inividu asal Sulawesi Tenggara didukung oleh nilai *bootstrap* sebesar 97 % . Posisi *D. remifer* terpisah dari *D. h. bimaensis* dan *D. h. leucops* dengan nilai *bootstrap* 99 % .

Pohon filogeni yang dihasilkan pada penelitian ini secara umum mendukung pohon filogeni yang diajukan oleh Vaurie (1949). Semua anggota Dicruridae berada dalam satu kluster monofiletik. Sedangkan di antara anggota Dicruridae sendiri kluster *D. remifer* dan *D. hottentottus* terpisah. Secara umum ada dua kelompok besar dalam suku Dicruridae, yaitu kelompok pertama yang meliputi *D.*

macrocerus (Asia) dan *D. adsimilis* (Afrika); dan kelompok kedua yang terdiri atas *D. annectans* grup. Kelompok *D. annectans* merupakan gabungan dari tiga kluster, yaitu *D. remifer*, *D. basillicus*, dan *D. andamanensis* – *D. paradiseus*. *D. hottentottus* tergabung dalam kluster *D. basillicus*. Posisi populasi Sumbawa atau *D. bimaensis* berada di bawah *D. Hottentottus* (Vaurie 1949).

D. hottentottus merupakan superspesies atau spesies yang kompleks karena terdiri atas banyak subspecies terutama pada populasi-populasi di kepulauan. Hasil penelitian ini mengindikasikan bahwa berdasarkan jarak genetik, populasi Sumbawa



Gambar 1. Pohon NJ dari *Dicrurus* berdasarkan 785-bp dari gen COI. Angka-angka di atas adalah nilai-nilai *bootstrap*.

dan *D. h. leucops* adalah populasi yang berbeda, apalagi dengan *D. remifer* yang tidak berada dalam satu kluster. Jarak genetik ini mencerminkan bahwa divergensi sekuen (*sequence divergence*) di antara ketiga grup ini adalah 5,0 % untuk *D. remifer* vs *D. h. Bimaensis*; 4,4 % untuk *D. remifer* vs *D. h. Leucops*; dan 3,5 % untuk *D. h. leucops* vs *D. h. Bimaensis*. Jika dibandingkan dengan divergensi sekuen di antara individu dalam satu spesies, maka nilai divergensi di antara spesies di dalam genus *Dicrurus* ini sangat jauh nilainya.

Nilai divergensi sekuen antara *D. h. leucops* dan *D. h. bimaensis* (Sumbawa) mengindikasikan bahwa kedua anak spesies tersebut dapat dianggap berada pada tingkat spesies yang berbeda. Karakterisasi dengan menggunakan gen COI berhasil mengungkapkan status spesies ini. Hasil penelitian pada burung-burung di *New World*, Jepang, Semenanjung Korea dan Skandinavia memiliki divergensi inter-takson sebesar 2-2,5% dan diakui sebagai standar ukuran peringkat spesies (Nishiumi 2012).

Nilai jarak genetik atau divergensi sekuen antar individu (*intraspesifik/intraspecies*) maupun antarspesies (*interspecies*) dari pada beberapa kelompok burung berdasarkan gen COI itu beragam. Divergensi *intraspecific* 1,01% pada kelompok burung lain genus *Picoides* (Weible & Moore 2002). Burung-burung di Turki dari 33 spesies burung dari 26 genus memiliki rata-rata divergensi *intraspecific* 0,3- 0,62%; tetapi ada yang relatif tinggi pada beberapa kasus yaitu

3,2% (*Sylvia curruca*); 2,8% (*Saxiola maurus*); 2,6% (*Phoenicurus phoenicurus*); 1,7% (*Parus major*); dan 1,7 % (*Caprimulgus europaeus*) dan *interspecific* 6,8% (Bilgin *et al.* 2016). Burung-burung kakatua putih dari Indonesia divergensinya 0,000 hingga 0,26%, (*intraspecific*) dan 2,99% hingga 9,91% (*interspecific*) (Astuti & Sulandari 2010). Divergensi 1% (*intraspecific*) dan >4,3% (*interspecific*) pada burung-burung di Amerika (Kerr *et al.* 2007), 2-2,5% (*interspecific*) pada burung-burung di Jepang (Nishiumi 2012), dan 5% antara spesies dalam satu genus dan 0,2 % (dalam satu spesies) pada burung-burung di Korea (Park *et al.* 2011); 0,29 % (*intraspecific*) dan 9,94 % (*interspecific*) pada burung-burung di Belanda (Aliabadian *et al.* 2013); 0,24% (*intraspecific*) pada burung-burung di Skandinavia. Jarak genetik *intraspecific* berkisar 0,0-1,6% dan rata-rata perbedaan antarspesies dalam satu genus 7,2%; antara *congeneric species* berkisar 1,6% (*Coturnix japonica* dan *Coturnix coturnix*) hingga 14,2% (*Coturnix chinensis* dan *Coturnix coturnix*) (Huang & Ke 2014).

Hasil dari penelitian ini mendukung terpisahnya subspecies dari populasi *D. h. bimaensis* di Sumbawa dari kelompok superspecies *D. hottentottus* (Rocamora *et al.* 2017). Rocamora *et al.* (2017) mengelompokkan kelompok Sumbawa bersama populasi-populasi lainnya di Nusa Tenggara dan sekitarnya dalam *D. densus*. *Dicrurus densus* terdiri atas *D. d. vicinus* (Lombok), *D. d. sumbae* (Sumba), *D. d. densus* (Roti, Timor, Wetar dan Serma-

ta), *D. d. kuehni* (Tanimbar), *D. d. megaloris* (Gorong, Watubela dan Kai). *D. d. bimaensis* memiliki daerah sebaran yang paling luas di antara spesies densus lainnya, yaitu Sumbawa, Komodo, Rinca, Flores, Pantar, Alor dan Gunungapi.

Hasil penelitian ini juga dapat mendukung status *D. d. bimaensis* menjadi spesies monopiletik tersendiri, yaitu *D. bimaensis* seperti yang dinyatakan oleh Eaton *et al.* (2016). Semua populasi yang sebelumnya dianggap sebagai subspecies dari *D. hottentottus* dan/atau *D. densus* adalah populasi yang dapat dibedakan sehingga status taksonominya menjadi spesies yang penuh (*full species*). Nomenklatur *D. hottentottus* tidak digunakan lagi untuk populasi di Indonesia.

D. bimaensis dapat dibedakan secara morfologi dari spesies lainnya, terutama *D. densus* berdasarkan karakter bulu dan suara. *D. bimaensis* memiliki postur lebih kompak dan lebar, bulu leher, dada dan penutup punggung atas hijau-ungu mengkilap, sayap dan ekor hijau mengkilap, ekor relatif pendek menggarpu dangkal dengan ujung ekor yang melengkung; sedangkan *D. densus* memiliki postur lebih panjang, paruh lebar, ekor menggarpu dalam, sayap sedikit ungu-hijau mengkilap dan memiliki rambut tengkuk lebih panjang (Eaton *et al.* 2016).

KESIMPULAN

Hasil analisis sekuen DNA dari gen COI pada penelitian ini menunjukkan nilai divergensi genetik dan pohon NJ mendukung populasi *Dicrurus* dari Sumbawa sebagai pop-

ulasi yang terpisah dari populasi *Dicrurus hottentossus* (Sulawesi Tenggara). Individu-individu *Dicrurus* dari spesies yang sama berkumpul dalam satu kluster, sementara dari spesies yang berbeda pada kluster terpisah. Ada kemungkinan bahwa *Dicrurus* di Sumbawa adalah spesies tersendiri sebagai populasi monotipik menjadi *Dicrurus bimaensis*. Perlu penelitian lebih lanjut dengan menambahkan informasi molekuler dari populasi lain di Nusa Tenggara untuk dapat memperkuat status spesies-spesies *Dicrurus* di wilayah tersebut.

UCAPAN TERIMA KASIH

Terima kasih disampaikan kepada semua teknisi maupun peneliti di Bidang Zoologi atas sumbangsuhnya dalam penelitian ini. Kegiatan penelitian ini dibiayai oleh Projek DIPA Tematik Pusat Penelitian Biologi-LIPI.

DAFTAR PUSTAKA

- Aliabadian, M., Beentjes K. K., Roselaar, C. S. K., van Brandwijk, H., Nijman, V. & Vonk, R. (2013). DNA barcoding of Dutch birds. *R. ZooKeys*, 365, 25-48.
- Astuti, D. & Sulandari, S. (2010). The DNA sequence performance of COI gene in white cockatoos (*Cacatua*, Psittaciformes). *Treubia*, 37, 1-14.
- Barreira, A. S., Lijtmaer, D. A. & Tubaro, P. L. (2016). The multiple applications of DNA barcodes in avian evolutionary studies. *Genome*, 59, 899-911.
- Bilgin, R., Ebeoğlu, N., İnak, S., Kırpık, M. A., Horns, J. J., Cagan, H. & Sekercioglu. (2016). DNA barcoding of birds at a migratory hotspot in Eastern Turkey highlights continental phylogeographic relationships. *PLOS ONE*, 11 (6), e0154454. doi: 10.1371/journal.pone.0154454.

- Campagna, L., St Clair, J. J. H., Loughheed, S. C., Woods, R. W., Imberti, S., & Turbaro, P. L. (2012). Divergence between passerine populations from the Malvinas – Falkland Islands and their continental counterparts: a comparative phylogeographical study. *Biol. J. Linn. Soc.* 106, 865–879.
- Cicero & Jonson (2001). Higher-level phylogeny of New World vireos (Aves: Vireonidae) based on sequences of multiple mitochondrial DNA genes. *Molecular Phylogeny and Evolution*, 20 (1), 27-40.
- Coates, B. J. & Bishop, K. D. (2000). *Panduan lapangan burung-burung di kawasan Wallacea: Sulawesi, Maluku dan Nusa Tenggara*. BirdLife International. Indonesia Programme & Dove Publication. Indonesia. 246p
- DeFilippis, V. R. & Moore, W. S. (2000). Resolution of phylogenetic relationships among recently evolved species as a function of amount of DNA sequence: An empirical study based on Woodpeckers (Aves: *Picidae*). *Molecular Phylogeny and Evolution*, 16 (1), 143-160.
- Dickinson, E. C. (eds). (2003). *The Howard and Moore complete checklist of the birds of the world*. London: Christopher Helm. 1039 p.
- Eaton, J. A., van Balen, B., Brickle, N. W. & Rheindt, F. E. (2016). *Birds of the Indonesian Archipeago. Greater Sundas and Wallacea*. Barcelona: Lynx Edicions.
- Ericsson, P. G. P. & Johansson, U. S. (2003). Phylogeny of Passerida (Aves: Passeriformes) based on nuclear and mitochondrial sequence data. *Molecular Phylogeny and Evolution* 29, 126-138.
- Hajibabaei, M., Singer, G. A. C, Hebert, P. D. N. & Hickey, D. A. (2007). DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics, and population genetics. *TRENDS in Genetics*, 23 (4), 167- 172.
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L. & deWaad, R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Science*, 270: 313 - 321
- Hebert, P. D. N., Stoeckle, T. S., Zemplak, T. S. & Francis, C. (2004). Identification of birds through DNA barcodes. *Public Library of Science. Biology* 2: 1657-1663
- Huang, Z. H. & Ke, D. H. (2014). DNA barcoding and evolutionary relationships of the Phasianidae family in China. *Genetics and Molecular Research*, 13 (3), 7411-7419.
- Inskipp, T. Lindsey, N. Duckworth. 1996. *An annotated checklist of the birds of the oriental region*. United Kingdom: Oriental Bird Club.
- Johnsen, A., Rindal E., Erikson P. G. P., Zuccon, D., Kerr, K. C. R., Stoeckle, M. Y. & Lifjeld, J. T. (2010). DNA barcoding of Scandinavian birds reveals divergent lineages in trans-Atlantic species. *J Ornithol*, 151, 565–578.
- Kerr, K. C. R., Stoekle, M. Y., Dove, C. J., Weight, L. A., Franciss C. M. & Hebert, D. N. P. (2007). Comprehensive DNA barcode coverage of North American birds. *Molecular Ecology*, 7, 535-543.
- Li, W. & Graur, D. (1991). *Fundamental of molecular evolution*. Sinauer Ass. Inc. Publisher, Sunderland, Massachusetts. 284 p .
- Mayr, E. & Greenway, J. C. (eds). (1962). *Check-list of birds of the world: A continuation of the work of James L. Peters*. Cambridge : Museum of Comparative Zoology.
- Mindell, D. P., Sorenson, M. D., Dimcheff, D. E., Hasegawa, M., Ast J. C. & Yuri, T. (1999). Interordinal Relationships of Birds and Other Reptiles Based on Whole Mitochondrial genome. *Syst. Biol.*, 48 (1), 138-152.
- Nishiumi, I. (2012). DNA barcoding and species classification of Japanese birds. *Japan Journal of Ornithology*, 61, 223-237.
- Park, H. Y., Yoo, H. S., Jung, G. & Kim, C. B. (2011). New DNA barcodes for identification of Korean birds. *Genes Genom*, 33, 2, 91. doi:10.1007/s13258 - 010-0089-3.
- Rocamora, G., Yeatman-Berthelot, D. & Bonan, A. (2017a). Drongos (*Dicruridae*). In: del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D.A. & de

- Juana, E. (eds.). *Handbook of the Birds of the World Alive*. Barcelona: Lynx Edicions. (retrieved from <http://www.hbw.com/node/52360> on 28 February 2017).
- Rocamora, G. & Yeatman-Berthelot, D. (2017b). Wallacean Drongo (*Dicrurus densus*). In: del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D.A. & de Juana, E. (eds.). *Handbook of the Birds of the World Alive*. Barcelona: Lynx Edicions, (retrieved from <http://www.hbw.com/node/60581> on 2 March 2017).
- Sibley, C. G. & Moonroe, B. L. Jr. (1990). *Distribution and Taxonomy of Birds of the World*. New Haven & London: Yale University Press.
- Sukmantoro, W., Irham, M., Novarino, W., Hasudungan, F., Kemp, N. & Muchtar, M. (2007) *Daftar Burung Indonesia No. 2*. Bogor: Indonesian Ornithologists' Union.
- Vaurie, C. (1949). A revision of the birds family Dicruridae. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 93 (4), 199-342.
- Weible, A.C. & Moore, S. (2002). Molecular phylogeny of cosmopolitan group of woodpeckers (Genus Picoides) based on COI and cyt b mitochondrial gene sequences. *Molecular Phylogenetic and Evolution*, 22 (1): 65 – 75.
- Zuccon, D., Cibois, A., Pasquet, E., Ericson, P. G. P. (2006). Nuclear and Mitochondrial Sequence Data Reveal the Major Lineages of Starling, Mynas and Related Taxa. *Molecular Phylogeny and Evolution*, 41, 333-344.
- Zuccon, D., Pasquet, E. & Ericson, P.G.P. (2008). Phylogenetic Relationships among Palearctic-Oriental Starlings and Mynas (genera *Sturnus* and *Acridotheres*: Sturnidae). *Zoologica Scripta*, 37, 469-481.