

HUBUNGAN KEKERABATAN BURUNG NURI-PERKICI (LORIINAE, PSITTACIDAE) DITINJAU DARI PERSPEKTIF SEKUEN DNA GEN β -FIBRINOGEN INTRON 7

Dwi Astuti

Museum Zoologicum Bogoriense, Bidang Zoologi-Puslit Biologi LIPI
Jl. Raya Jakarta-Bogor Km 46 Cibinong 16911
Email: wieko03@yahoo.com

ABSTRAK

Astuti, D. 2011. Hubungan kekerabatan burung Nuri-Perkici (Psittaciformes) ditinjau dari perspektif sekuen DNA gen β -fibrinogen intron 7. *Zoo Indonesia* 20(1), 39-44. Sebanyak 12 individu yang termasuk dalam 7 marga (*Charmosyna*, *Glossopsitta*, *Pseudeos*, *Chalcopsitta*, *Lorius*, *Trichoglossus*, and *Eos*) dianalisis berdasarkan sekuen DNA dari intron tujuh pada gen fibrinogen intron tujuh (β -fibrin7). Analisis neighbor-joining (NJ) dan maximum parsimony (MP) dilakukan pada 790-bp (810 situs) untuk mengkonstruksi pohon filogeni. Dari semua data sekuen, terdapat 68 situs yang bervariasi dan 43 diantaranya mengandung nilai parsimoni. Terdapat indel (insersi dan dileksi) sepanjang 16-20 basa. Kedua pohon filogeni (NJ) dan (MP) mendemonstrasikan bahwa *Charmosyna* dan *Glossopsitta* terpisah jauh dari lima marga lainnya, didukung dengan nilai bootstrap 100%. Hubungan kekerabatan di antara 7 marga ini adalah: *Charmosyna* (((*Glossopsitta* ((*Pseudeos* - *Chalcopsitta*) - *Lorius* (*Trichoglossus* dan *Eos*)).

Kata kunci: filogeni, nuri-perkici, sekuen DNA, gen β -fibrinogen intron tujuh.

ABSTRACT

Astuti, D. 2011. Relationship of Lories-Lorikeets (Psittaciformes) viewed from the perspective of DNA sequences of the seventh intron of β -fibrinogen gene. *Zoo Indonesia* 20(1), 39-44. Relationships among genera of lories-lorikeets were inferred from DNA sequences of seventh intron of β -fibrinogen gene (β -fibrin7). A total of 12 individuals from 12 species of seven genera (*Charmosyna*, *Glossopsitta*, *Pseudeos*, *Chalcopsitta*, *Lorius*, *Trichoglossus*, and *Eos*) were analyzed, and neighbor-joining (NJ) and maximum-parsimony (MP) were performed separately to construct the phylogenetic trees. All 790 bp (sites) of β -fibrin7 from these species were obtained, in which 68 variable sites and 43 parsimony informative sites were identified. *Charmosyna* and *Glossopsitta* are evidently distinct from other genera which are grouped as follows: *Pseudeos* + *Chalcopsitta*, and *Lorius* + *Trichoglossus* and *Eos*, supported by bootstrap value 100%. The relationships was *Charmosyna* (((*Glossopsitta* ((*Pseudeos* - *Chalcopsitta*) - *Lorius* (*Trichoglossus* - *Eos*)).

Key words: relationships, lories-lorikeets, DNA sequence, β -fibrinogen gene, seventh intron.

PENDAHULUAN

Kelompok burung nuri-perkici (*lories-lorikeets*) termasuk dalam kelompok burung paruh bengkok ordo Psittaciformes. Beberapa penulis mengklasifikasi *lories-lorikeets* (nuri-perkici) ke dalam subfamili Loriinae (Forshaw 1989) dari famili Psittacidae; (Forshaw 1989; del Hoyo 1996; Sibley dan Ahlquist 1995).

Kelompok burung ini memiliki karakter morfologi yang berbeda dengan burung paruh bengkok lainnya, yaitu memiliki warna bulu yang mengkilat dan berwarna warni, paruh yang relatif panjang dibanding burung paruh bengkok lainnya, dan memiliki lidah yang panjang bersikat. Sikat pada lidah ini sebagai

suatu adaptasi terhadap makanannya yang berupa ekstrak nektar (Forshaw, 1989), dan untuk mengambil pollen (Christensen 1970 in Forshaw 1989).

Di dunia, terdapat 10 marga nuri-perkici yaitu *Trichoglossus*, *Eos*, *Chalcopsitta*, *Lorius*, *Pseudeos*, *Glossopsitta*, *Charmosyna*, *Vini*, *Phigys*, dan *Oreopsittacus* yang tersebar di wilayah Austro-papua atau Pasific. Delapan marga diantaranya (*Trichoglossus*, *Eos*, *Chalcopsitta*, *Lorius*, *Pseudeos*, *Charmosyna*, *Vini*, dan *Phigys*) terdapat di Indonesia (Forshaw 1989).

Secara morfologi pernah dilakukan pengelompokan oleh Smith (1975) terhadap nuri-perkici. Namun, hubungan kekerabatan tidak bisa diungkap dengan jelas (Gambar 2). Analisis pada

tingkat molekuler telah dilakukan dengan menggunakan gen cytochrome b (Astuti et al. 2006) dan multigen (Wright et al. 2008).

Pada umumnya, penelitian molekuler dilakukan berdasarkan analisa gen pengkode protein yang berada di dalam mitokondria. Sementara penggunaan DNA inti menjadi dikenal dan meningkat penggunaannya untuk mempelajari filogeni vertebrata (Deinard dan Smith 2001; Giannasi et al. 2001; Shapiro dan Dumbacher 2001) dan burung (Johnson dan Clayton 2000a, 2000b; Prychitko dan Moore 1997, 2000, 2003) sejak Prychitko dan Moore (1997) melaporkan bahwa introns pada DNA inti adalah kandidat yang menarik untuk analisis filogeni, dikarenakan panjangnya memadai dan mudah diamplifikasi dengan PCR.

Gen β -fibrinogen terdapat pada DNA inti dan terdiri dari beberapa exon dan intron. Intron pada posisi ketujuh (β -fibint7) dari gen ini dinyatakan sangat berguna untuk mengungkap filogeni burung pada tingkatan genus (Prychitko dan Moore 1997; Johnson dan Clayton 2000; Moyle dan Marks 2006; Dor et al. 2010; Gonzalez et al. 2009). Maka, penelitian ini akan menganalisis intron7 pada gen β -fibrinogen (β -fibint7) untuk mengungkap buhungan kekerabatan di antara jenis-jenis ataupun marga-marga pada kelompok burung nuri-perkici. Meskipun tidak semua marga bisa dikoleksi dan dianalisis, namun penelitian ini diharapkan bisa menggambarkan dan menjawab apa yang tidak terjawab melalui analisis morfologi oleh Smith (1975) dan dibandingkan dengan penelitian molekuler sebelumnya (Astuti et al. 2006, Wright et al. 2008).

METODE PENELITIAN

Sampel darah dikoleksi dari masing-masing individu burung di Taman Burung, Taman Marga Satwa dan Taman Safari di Indonesia. Sampel darah di preservasi di dalam cairan alkohol 96 % dan disimpan di dalam almari es 4°C. DNA diekstrak dari 5-20 mg darah dan digunakan sebagai template dalam mengamplifikasi fragmen DNA dari fibint7 melalui proses PCR, dan selanjutnya digunakan untuk proses sekuensing DNA.

Taksa *ingroup* yang diteliti sebanyak 12 individu yang tergabung dalam 12 jenis dan 7 marga nuri-perkici (*Charmosyna placentis*, *Glossopsitta*, *Pseudeos fuscata*, *Chalcopsitta atra*, *C. duivenbodei*,

C. scintilata, *Lorius garrulus*, *L. lory*, *Trichoglossus haematodus*, *T. euteles*, dan *Eos bornea*, *E. squamata*), dengan mengikuti taksonomi dari Forshaw (1989). Dua individu dari kelompok burung paruh bengkok lainnya; *Psittaculirostris desmarestii* dan *P. edwardsii* digunakan sebagai taksa *outgroups*.

DNA total diekstrak dari 5-20 mg darah atau jaringan tubuh dari masing-masing individu burung, menggunakan Qiamp Mini Kit DNA (QIAGEN) dan mengikuti prosedur protokol perusahaan. Fragmen tunggal dari fibint7 diamplifikasi menggunakan sepasang primer (FIB-B17U /FIB-B17L) yang didisain oleh Prychitko dan Moore (1997). Larutan PCR dibuat dalam 30 μ l dengan komponen dan konsentrasi terdiri dari: 0,2 mM dNTPs, 2 mM MgCl₂, 0,1 U *Taq polymerase*, 10X *Taq buffer*, primer masing-masing 2,5 pmol, 1-2 μ g larutan DNA, dan air *nanopure*, pada kondisi PCR : satu siklus 94 °C - 5 min, 35 siklus dari [94 °C- 30 min., 46 °C-30 min., 72 °C-60 min.], dan diakhiri dengan satu siklus 72 °C- 7 min. Fragmen-fragmen DNA produk PCR dipisahkan melalui proses elektroforesis pada gel agar 1.5 %, kemudian direndam dalam *Ethidium Bromide*, dan divisualisasi di bawah sinar UV. DNA produk PCR dibersihkan dengan larutan PEG (*Polyethelene glycol*) dan selanjutnya disekuensing runutan basa nukleotidanya pada 2 sisi *forward* dan *reverse*, menggunakan Big Dy Terminator Kit 3.1 V.

Proses alignment dilakukan untuk mensejajarkan data sekuen DNA dari individu-individu nuri-perkici menggunakan MEGA3 (Kumar dkk 2004), begitu juga dengan analisis keterdapatannya indels (insersi dan delesi) basa nukleotida, komposisi basa, dan jumlah situs-situs yang bervariasi (*variable sites*) dan yang mengandung nilai informasi parsimony (*informative sites*). Jumlah substitusi-substitusi basa nukleotida yang terjadi, dan juga jarak genetik dikalkulasi menggunakan perangkat lunak MEGA 3 (Kumar et al. 2004).

Pohon-pohon filogeni dikonstruksi berdasarkan analisis-analisis *maximum-parsimony* (MP) and *neighbor-joining* (NJ). Semua analisis filogeni dilakukan dengan menggunakan perangkat lunak PAUP* Version 4.0b (Swofford 2000). Pada analisis parsimony, digunakan opsi *heuristic search in PAUP** dengan *random taxon addition sequence* dan *three bisection-reconstruction* (TBR) *branch swapping*. Nilai-nilai bootstrap dianalisis untuk mengetahui tingkat keyakinan dari kluster yang terjadi

pada pohon filogeni, dengan 1000 ulangan untuk NJ dan 100 ulangan untuk MP.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Karakteristik sekuen DNA

Total panjang nukleotida yang dianalisis di sini sebanyak 790-bp. Ketika data sekuen DNA dari taksa-taksa ingroup dan outgroup saling disejajarkan pada proses alignment, maka pada *β-fibint7* terdapat indels (insersi dan delesi) sebanyak 1-16 basa. Posisi indel-indel ini terletak pada situs 33, 35, 36, 37, 38, 39, 498, 614, 615, 616, 617, 618, 619, 620, 621, dan 622. Sedangkan di antara taksa-taksa ingroup terdapat 5 indel (basa C dan basa G) yaitu pada situs ke 25, 467, 499, 793, dan 802. Terdapatnya indel-indel ini menyebabkan jumlah situs DNA menjadi bertambah sehingga total situs menjadi 810. Terdapatnya indel dengan panjang dan posisi basa yang berbeda-beda menyebabkan proses alignment dan analisis filogeni pada penelitian ini menjadi lebih kompleks. Hal ini juga diutarakan oleh (Prychitko dan Moore 1997), lebih ekstrim jika alignment dilakukan pada group taxa yang divergensinya jauh. Penelitian sebelumnya pada Salamander ditemukan variasi panjang sekuen *β-fibint7* pada grup taxon yang berbeda. Sebuah variasi yang cukup panjang dalam urutan sekuen DNA *β-fibint7* dijumpai antara kelompok takson yang berbeda pada Salamandrids. Namun, perbedaan yang nyata dijumpai antara jenis dari marga yang berbeda, panjangnya bisa 723 bp antara *Pleurodeles waltl* dan *Salamandra atra*, tetapi di dalam marga *Triturus* dan *Salamandra*, variasi masing-masing hanya 13-bp dan 1-bp. Dengan demikian, penyelarasan (alignment) intron antara spesies amfibi dalam genus yang sama relatif mudah, tetapi sulit pada beda tingkatan taksonomi yang lebih dalam (Sequeira dan Harris 2006).

Indel juga terjadi pada sekuen DNA *β-fibint7* burung Phycnonotidae (Moyle dan Marks 2006). Lewin (1997) melaporkan bahwa jumlah dan posisi intron di dalam gen biasanya sangat konserf, tetapi panjangnya bervariasi sebagai akibat dari adanya indel. Panjang indel dari 1 sampai 125 bp terjadi pada sekuen DNA *β-fibint7* kelompok burung dara (Johnson dan Clayton 2000a); indel juga terjadi pada burung Canari (Gonzalez et al. 2009). Namun, Moyle dan Marks (2006) mengatakan bahwa lokasi indel pada umumnya tidak membingungkan karena dua alasan. Pertama, indels cukup jarang dan umumnya tidak tumpang tindih,

yang memungkinkan indel-indel homolog sehingga mudah identifikasi. Kedua, urutan nukleotidanya tidak terlalu menyimpang. Indel dalam intron DNA inti dapat memberikan dukungan tambahan untuk beberapa node dalam filogeni sebagai karakter tambahan yang digunakan dalam analisis atau sebagai penilaian kualitatif (misalnya Johnson et al. 2001, Moyle 2004).

Sekuen DNA dari *β-fibint7* tersusun oleh 28.3% adenin, 22.1% sitosin, 18.8% guanin, dan 30.8% timin. Hasil ini sesuai dengan yang dilaporkan oleh peneliti sebelumnya (Prychitko dan Moore, 2000; Johnson dan Clayton 2000a), bahwa sekuen DNA *β-fibint7* mengandung banyak basa timin dan adenin. Jumlah situs-situs yang bervariasi adalah 68 situs, dan diantaranya mengandung nilai informatif (*parsimony informative*) sebanyak 43 situs.

Jarak genetik dianalisis berdasarkan Kimura 2-parameter dengan mengkalkulasi semua tipe substitusi. Rata-rata jarak genetik antara dua jenis dalam satu marga, berkisar antara 0,0075 (*Lorius*) hingga 0,0118 (*Eos*). Sedangkan rata-rata jarak genetik antara 2 marga berkisar 0,128 (*Trichoglossus vs Eos*) hingga 0,377 (*Chamosyna vs Glossopsitta*).

Berdasarkan *β-fibint7*, jarak genetik antara 2 jenis dalam satu marga, maupun antara 2 marga yang dari takson ingroup, relatif sangat kecil. Ini salah satunya karena *β-fibint7* laju evolusi dan substitusi basanya relatif lambat. Hal ini didukung oleh peneliti sebelumnya (Prychitko dan Moore, 2003) yang mengatakan bahwa intron pada gen inti cenderung memiliki kecepatan evolusi lebih cepat dari exon, namun lebih lambat dari gen pada mitokondria (Allen dan Omland, 2003; DeBry dan Seshadri, 2001, Johnson dan Clayton, 2000). Hal ini juga terjadi pada beberapa takson hewan lainnya.

Kekerabatan Nuri-Perkici (Loriinae)

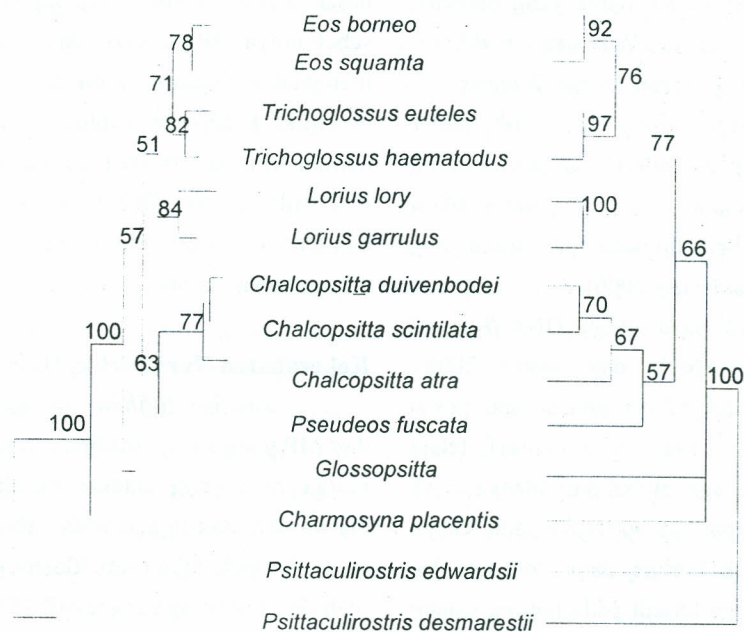
Analisis *β-fibint7* menghasilkan topologi NJ dan MP yang mirip, disajikan pada Gambar 1. Tujuh marga nuri yang diteliti di sini menggambarkan, bahwa dua atau tiga species dalam marga yang sama, mengelompok dalam satu kluster yang sama, didukung oleh nilai bootstrap yang relatif 78% - 92% (*Eos bornea* dan *E. squamata*), 82% - 92% (*Trichoglossus euteles* dan *T. haematodus*), 8% - 100% (*Lorius garrulus* dan *L. lory*), dan 57% - 77% (*Chalcopsitta duivenbodei*, *C. scintilata* dan *C. atra*).

Hubungan antara marga-marga di dalam subfamili Loriinae yang ditampilkan pada Gambar 1, memperlihatkan bahwa tujuh marga yang diteliti: *Trichoglossus*, *Eos*, *Chalcopsitta*, *Charmosyna*, *Eos*, *Glossopsitta*, *Lorius*, dan *Pseudeos* mengelompok ke dalam beberapa kluster. *Trichoglossus* mengelompok dengan *Eos* didukung nilai bootstrap 71 % (NJ) dan 76 % (MP). *Pseudeos* mengelompok dengan *Chalcopsitta* didukung dengan nilai bootstrap 63 % (NJ) dan 57 % (MP). *Lorius* pada posisi terpisah dan menjadi sister group dari (*Trichoglossus* dan *Eos*) didukung dengan nilai bootstrap 51 % (NJ) dan 77 % (MP). *Glossopsitta* berada dalam kluster terpisah dari lima marga lainnya (*Trichoglossus*-*Eos*, *Chalcopsitta*-*Pseudeos*, dan *Lorius*) didukung dengan nilai bootstrap 100 % (NJ) dan 100 % (MP). *Charmosyna* tampak sebagai basal dari keenam marga lainnya (*Glossopsitta*, *Lorius*, *Pseudeos*, *Chalcopsitta*, *Trichoglossus*, dan *Eos*) didukung oleh nilai bootstrap 100 % baik pada NJ maupun MP. Jadi pada hubungan kekerabatan di antara marga-marga nuri-perkici yang diteliti adalah *Charmosyna* (((*Glossopsitta* ((*Pseudeos* - *Chalcopsitta*)) - *Lorius* (*Trichoglossus* dan *Eos*)).

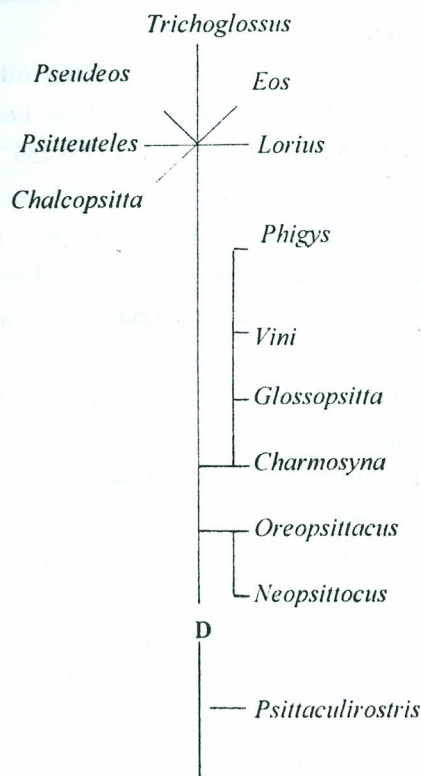
Filogeni berdasarkan β -*fibint7* ini menggambarkan posisi *Charmosyna* dan *Glossopsitta* yang terpisah dari 5 marga lainnya (*Chalcopsitta*, *Eos*, *Pseudeos*, *Lorius*, dan *Trichoglossus*) adalah sejalan

dengan hasil dari analisis data morfologi oleh Smith, 1975), tapi tidak sesuai dengan Wright et al. (2008) yang menggambarkan *Glossopsitta* menjadi sister dari *Lorius*. Sementara hasil dari analisis cytochrome b (Astuti dkk 2006) menggambarkan posisi *Lorius* adalah *Lorius* (*Trichoglossus* - *Eos*) - (*Pseudeos* - *Chalcopsitta*). Hubungan yang stabil berdasarkan analisis cytochrome b (Astuti et al. 2006), multigen gen (Wright et al. 2008) maupun β -*fibint7* adalah bahwa *Trichoglossus* menjadi sister grup dari *Eos*.

Meskipun secara morfologi warna bulu maupun ukuran tubuh dari kelima marga lainnya (*Chalcopsitta*, *Trichoglossus*, *Eos*, *Lorius*, dan *Pseudeos*) tersebut bisa dibedakan dan berbagai karakter morfologi telah digunakan oleh Smith (1975), namun karakter-karakter tersebut tidak bisa mengungkap hubungan kekerabatannya di antara marga-marga di dalam Loriinae (Gambar 2). Dengan menggunakan data sekuen DNA dari β -*fibint7* pada penelitian ini, hubungan kekerabatan ini dapat diungkap dan didukung oleh nilai bootstrap yang merefleksikan tingkat keyakinan, meskipun hasil ini juga menunjukkan perbedaan dengan hasil-hasil analisis molekuler sebelumnya (Astuti et al. 2006 dan Wright et al. 2008) Idealnya, Hubungan kekerabatan di antara nuri-perkici ini mungkin akan lebih sempurna jika semua marga yang ada dapat dianalisis bersama.



Gambar 1. Pohon filogenetik neighbor-joining (kiri) dan maximum-parsimony (kanan) dari lories-lorikeets (Loriinae) dari sekuen DNA β -*fibint7*. Angka-angka di atas mengindikasikan nilai bootstrap yang dikalkulasi dengan 1000 replikasi pada NJ dan 100 full heuristic pada MP.



Gambar 2. Hubungan kekerabatan Lories-lorikeets (Loriinae-Psittacidae) berdasarkan analisis morfologi (Smith, 1975).

KESIMPULAN

Sekuen DNA dari gen β -fibrinogen intron tujuh (β -fibint7) mengungkap filogeni dari tujuh marga dari nuri-perkici (Loriinae, Psittacidae) sebagai berikut *Chamosyna* (((*Glossopsitta* ((*Chalcopsitta*- *Pseudeos*) - *Lorius* (*Trichoglossus* - *Eos*)). Sekuen DNA gen β -fibrinogen intron tujuh pada burung nuri-perkici (Loriinae, Psittacidae) yang diteliti terdapat insersi dan delesi basa nukleotida, laju evolusinya sangat lambat dan divergensi sekuen antara 2 marga yang berbeda relatif kecil

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis menyampaikan terima kasih kepada staf di Taman Margasatwa, Taman Safari, Taman Burung, atas kerja sama dan kemudahan yang diberikan dalam mengkoleksi sampel darah. Terima kasih juga kepada staf di Laboratorium Genetika Bidang Zoologi, Puslitbang biologi-LIPI atas kerja samanya. Bahan kimia yang digunakan penelitian ini didukung oleh Biodiversity Conservation Project JICA-LIPI.

DAFTAR PUSTAKA

- Allen, E., K. Omland. 2003. Novel Intron Phylogeny Supports Plumage Convergence in orioles (*Icterus*). *The Auk* 120: 961-969.
- Astuti, D., N. Azuma, H. Suzuki, S. Higashi. 2006. Phylogenetic Relationships within Parrots (Psittacidae) Inferred from Mitochondrial Cytochrome-b Gene Sequences. *Zoological Sciences*, 23: 191-198.
- DeBry, R.W., S. Seshadri. 2002. Nuclear Intron Sequences for Phylogenetics of Closely Related Mammals: An example using the phylogeny of *Mus*. *Journal of Mammalogy*, 82: 280-288.
- Deinard, A., D.G. Smith. 2001. Phylogenetic Relationships Among the Macaques: Evidence from The Nuclear Locus *NRAMP1*. *J. Human Evol.*, 41:45-59.
- del Hoyo, J., A. Elliott, Sargatal.1996. *Handbook of The Bird of The World*. Volume 4. Lynk Edicions. Barcelona.
- Dor, R., R.J. Safran, F.H. Sheldon, D.W. Winkle, I. J. Lovette. 2010. Phylogeny of The Genus *Hirundo* and The Barn Swallow Subspecies Complex. *Mol. Phylogenetic and Evol.*, 56: 409-418
- Forshaw, J. 1989. *Parrots of the World*. Third Edition. Lansdowne Editions. Sydney, Australia
- Giannasi, N., A. Malhotra, R.S. Thorpe. 2001. Nuclear and mtDNA Phylogenies of The *Trimeresurus* Complex: Implications for The Gene Versus Species Tree Debate. *Mol. Phyl. and Evol.*, 19: 57-66
- Gonzalez J., G.D Castro, E.G. Rey, C. Berger, M. Wink. 2009. Use of Mitochondrial and Nuclear Genes to Infer the Origin of Two Endemic Pigeons from The Canary Islands. *J Ornithol.*, 150:357-367.
- Johnson, K.P., D.H Clayton. 2000. Nuclear and Mitochondrial Genes Contain Similar Phylogenetic Signal for Pigeons and Doves (Aves: Columbiformes). *Mol. Phyl. Evol.*, 14: 141-151.
- Johnson, K.P., D.H. Clayton. 2000a. A Molecular Phylogeny of The Dove Genus *Zenaid*: Mitochondrial and Nuclear DNA Sequences.

- The Condor, 102: 864-870
- Johson, K.P., D.H Clayton. 2000b. Nuclear and Mitochondrial Genes Contain Similar Phylogenetic Signal for Pigeons and Doves (Aves: Columbiformes)
- Lewin, B. 1997. Genes VI. Oxford University Press, Oxford and New York . 427 hlm
- Moyle, R.G. 2004. Phylogenetics of Barbets (Aves: Piciformes) Based on Nuclear and Mitochondrial DNA Sequence. Mol. Phylogenet. Evol., 30: 187-200.
- Moyle, R.G., B.D. Marks. 2006. Phylogenetic Relationships of The Bulbuls (Aves: Pycnonotidae) Based on Mitochondrial and Nuclear DNA Sequence Data. Mol. Phyl. and Evol., 40: 687-695
- Prychitko, T.M., W.S. Moore. 1997. The Utility of DNA Sequences of An Intron from The Beta-Fibrinogen Gene in Phylogenetic Analysis of Woodpeckers (Aves: Picidae). Mol. Phyl. And Evol., 8: 193-204.
- Prychitko, T.M., W.S. Moore. 2000. Comparative Evolution of the Mitochondrial Cytochrome b Gene and Nuclear β -Fibrinogen Intron 7 in Woodpeckers. Mol. Biol. Evol., 17: 1101-1111.
- Prychitko, T.M., W.S. Moore. 2003. Alignment and Phylogenetic Analysis of β -Fibrinogen Intron 7 Sequences Among Avian Orders Reveal Conserved Regions within The Intron. Mol. Biol. Evol. 20: 762-771.
- Shapiro, L.H. & J.P. Dumbacher. 2001. Adenylate Kinase Intron 5: A New Nuclear Locus for Avian Systematics. Auk 118:248-255.
- Sequeiro, F., N. Ferrand, D.J. Harris. 2006. Assessing the phylogenetic signal of the nuclear β -Fibrinogen intron 7 in salamandrids (Amphibia: Salamandridae). Amphibia-Reptilia, 27: 409-418
- Sibley, C.G., S. Ahlquist. 1995. Phylogeny and Classification of Bird. A Study in Molecular Evolution. Yale Univ. Press. New haven & London
- Smith, G.A. 1975. Systematics of parrots. Ibis, 117:18-68
- Swofford, D.L. 2000. PAUP*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (and Other Methods) 4.0 Beta. Sunderland: Sinauer; 1998.
- Wright, T.F., E.E. Schirtzinger, T. Matsumoto, J.R. Eberhard, G. Graves, J.J. Sanchez, S. Capelli, H. Müller, J. Scharpegge , G.K. Chambers, R.C. Fleischer. 2008. A multi-locus molecular phylogeny of the parrots (Psittaciformes): Support for a Gondwanan origin during the Cretaceous. Molecular Biology and Evolution, 25:2141-2156.