



Burung Gosong Filipina (*Megapodius cumingii*) di Sulawesi Tengah: Variasi Haplotipe dan Hubungan Filogenetik Berdasarkan Gen *EEF2*

¹Novitasari, ^{2*}I Made Budiarsa, ³Samsurizal M. Suleman, ⁴I Nengah Kundera, ⁵Zulaikhah Dwi Jayanti, ⁶Manap Trianto

^{1,2,3,4,5,6}Program Studi Pendidikan Biologi, Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan, Universitas Tadulako, Palu, Indonesia

*Corresponding Author e-mail: budiarsa_imade@yahoo.com

Received: July 2025; Revised: August 2025; Accepted: September 2025; Published: September 2025

Abstrak: Penelitian ini bertujuan untuk mendeskripsikan variasi persebaran haplotipe dan hubungan filogenetik burung gosong Filipina berdasarkan gen *EEF2*. Sampel berupa cangkang telur diperoleh dari Tolitoli dan Luwuk, Sulawesi Tengah. Isolasi DNA mengikuti protokol gSYNCTM Extraction Kit, proses amplifikasi dilakukan dengan 38 siklus meliputi tahap pre-denaturasi (95°C, 5 menit), tahap denaturasi (95°C, 45 detik), tahap *annealing* (53°C, 40 detik), tahap *elongation* (72°C, 1 menit), dan tahap *post-elongation* (72°C, 10 menit), selanjutnya proses *sequencing*. Editing sekuen menggunakan GeneStudio, *alignment* sekuen dan rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan MEGA 11, rekonstruksi *haplotype network* menggunakan DnaSP dan PopART. Hasil penelitian menunjukkan bahwa *haplotype network* berdasarkan gen *EEF2* membentuk 3 haplotipe, dimana populasi dari Tolitoli memiliki haplotipe yang tersebar luas, sedangkan populasi dari Luwuk memiliki haplotipe spesifik. Selain itu, berdasarkan hasil rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan bahwa burung gosong Filipina asal Tolitoli dan Luwuk berada pada *clade* yang sama namun terjadi variasi genetik antar populasi.

Kata Kunci: Burung gosong Filipina; haplotipe; filogenetik; gen *EEF2*

Abstract: This study aims to describe the variation in haplotype distribution and phylogenetic relationships of the Philippine scrub fowl based on the *EEF2* gene. Eggshell samples were obtained from Tolitoli and Luwuk, Central Sulawesi. DNA isolation followed the gSYNCTM Extraction Kit protocol, and the amplification process was carried out in 38 cycles, including the pre-denaturation stage (95°C, 5 minutes), denaturation stage (95°C, 45 seconds), annealing stage (53°C, 40 seconds), elongation stage (72°C, 1 minute), and post-elongation stage (72°C, 10 minutes), followed by sequencing. Sequence editing was performed using GeneStudio, sequence alignment and phylogenetic tree reconstruction using MEGA 11, and haplotype network reconstruction using DnaSP and PopART. The results showed that the haplotype network based on the *EEF2* gene formed three haplotypes, with the population from Tolitoli having a widespread haplotype, while the population from Luwuk had a specific haplotype. In addition, based on the results of phylogenetic tree reconstruction, it was found that the Philippine white-eye birds from Tolitoli and Luwuk were in the same *clade* but there was genetic variation between populations.

Keywords: Philippine scrubfowl; haplotype; phylogenetic; *EEF2* gene

How to Cite: Novitasari, Budiarsa, I. M., Suleman, S. M., Kundera, I. N., Jayanti, Z. D., & Trianto, M. (2025). Burung Gosong Filipina (*Megapodius cumingii*) di Sulawesi Tengah: Variasi Haplotipe dan Hubungan Filogenetik Berdasarkan Gen *EEF2*. *Bioscientist: Jurnal Ilmiah Biologi*, 13(3), 2086–2095. <https://doi.org/10.33394/bioscientist.v13i3.17540>



<https://doi.org/10.33394/bioscientist.v13i3.17540>

Copyright© 2025, Novitasari et al
This is an open-access article under the [CC-BY-SA](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/) License.



PENDAHULUAN

Burung gosong Filipina (*Megapodius cumingii*) merupakan salah satu jenis burung megapoda yang memiliki keunikan dalam strategi inkubasi telurnya, yaitu dengan memanfaatkan panas lingkungan bukan panas tubuh (Harris *et al.*, 2014; Bashari *et al.*, 2017). Burung ini memiliki distribusi geografis yang luas, tersebar di berbagai habitat mulai dari ekosistem pesisir hingga hutan hujan tropis, baik di dataran rendah maupun pegunungan (Paguntalan *et al.*, 2021). Habitat yang berbeda berpotensi untuk mempengaruhi keragaman haplotipe dalam populasi (Perrier *et al.*, 2020) akibat terbatasnya pertukaran gen akibat isolasi geografis (Hoffmann *et al.*, 2021) yang berinteraksi dengan tekanan seleksi pada lingkungan, sehingga

mendorong terjadinya adaptasi lokal (Yeaman, 2022). Kondisi ini membentuk akumulasi gen yang berbeda antar populasi (Roesma *et al.*, 2023).

Sulawesi sebagai salah satu lokasi persebaran dari burung gosong Filipina (BirdLife Internasional, 2021) menarik untuk dikaji karena karakteristik geografisnya yang unik sebagai hasil dari sejarah geologi yang kompleks (Hall, 2013). Karakteristik tersebut berpotensi menimbulkan isolasi geografis dan mendorong terjadinya adaptasi lokal pada berbagai spesies (Arini *et al.*, 2020; Struebig *et al.*, 2022), termasuk burung Gosong Filipina. Beberapa penelitian sebelumnya telah menggunakan berbagai pendekatan dalam memahami hubungan evolusioner burung ini. Brom & Dekker (1992) menganalisis hubungan filogenetik berdasarkan karakter morfologi, sementara Mey (1999) menganalisis hubungan filogenetik berdasarkan kutu penguyah. Selanjutnya, Birks & Edwards (2002) merekonstruksi pohon filogenetik menggunakan gen RDP1 dan ND2. Hasil penelitian Mey (1999) dan Birks & Edwards (2002) menghasilkan filogeni yang menunjukkan pemisahan burung megapoda menjadi dua *clade* utama dimana *Megapodius* dan *Eulipoa* berada dalam satu *clade*. Namun, berbeda dengan Brom & Dekker (1992) mengelompokkan *Megapodius*, *Eulipoa*, *Macrocephalon* berada dalam satu *clade*. Perbedaan hasil filogenetik ini menunjukkan bahwa pemahaman tentang hubungan evolusioner burung gosong Filipina belum sepenuhnya terselesaikan. Selain itu, data mengenai variasi persebaran haplotipe burung ini masih terbatas. Oleh karena itu, diperlukan kajian lebih lanjut untuk memahami spesies ini serta mendukung upaya konservasi dan penelitian lanjutan. Analisis molekuler menjadi pendekatan yang efektif dalam merepresentasikan keragaman haplotipe sebagai respon terhadap heterogenitas lingkungan (Leitwein *et al.*, 2020) serta mengungkap hubungan genetik, sehingga dapat dijabarkan pengaruh biogeografi terhadap keragaman haplotipe dan sejarah evolusi (Garg, 2021), termasuk estimasi waktu divergensi berdasarkan laju evolusi gen tertentu (Dos Reis *et al.*, 2016).

Pada kajian molekuler, penggunaan gen mitokondria telah banyak dilakukan (Johnson & Clayton (2000); Artika (2020)). Namun, gen mitokondria memiliki keterbatasan karena hanya mengandung informasi genetik berdasarkan garis ibu (*maternal inheritance*) (Rane & Barve, 2011). Oleh karena itu, penggunaan gen nukleus dapat menjadi alternatif karena memberikan gambaran keanekaragaman genetik yang lebih komprehensif disebabkan informasi genetik yang diwariskan dari induk jantan dan betina (Fujita *et al.*, 2004). Salah satu gen nukleus yang berpotensi untuk digunakan adalah Gen EEF2 (*Eukaryotic Elongation Factor 2*) yang berperan krusial dalam sintesis protein serta bersifat konservatif pada semua eukariot (Liu *et al.*, 2012). Sifat konservatif tersebut menjadikan gen EEF2 sebagai salah satu gen yang dapat dimanfaatkan dalam analisis molekuler.

Penelitian ini bertujuan untuk mendeskripsikan variasi persebaran haplotipe dan hubungan filogenetik burung gosong Filipina berdasarkan gen EEF2 sehingga dapat memberikan kontribusi pada pemahaman evolusi burung gosong Filipina. Selain itu, hasil penelitian ini juga diharapkan dapat menjadi acuan dalam strategi pengembangan burung gosong Filipina di kemudian hari serta menjadi acuan bagi kepentingan penelitian di masa yang akan datang.

METODE

Penelitian ini dilakukan dengan pengambilan sampel berupa cangkang telur burung gosong Filipina di Kabupaten Tolitoli dan Luwuk, Sulawesi Tengah. Isolasi dan amplifikasi DNA dilakukan di Laboratorium Genetika Universitas Gadjah Mada, kemudian sekuensing DNA dilakukan di Genetika Science Jakarta, sedangkan analisis bioinformatika dilaksanakan di Kota Palu. Sampel dikoleksi dari sarang berdasarkan

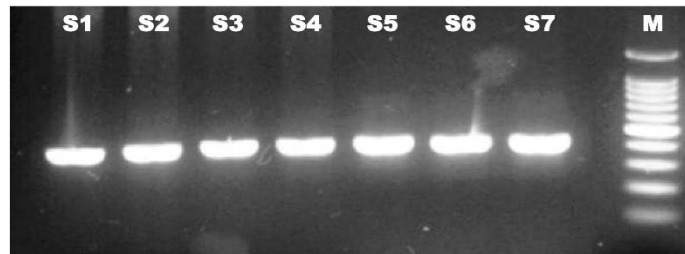
tingkat kebersihan, ditempatkan secara terpisah dalam plastik *zip-lock* berisi silika gel dan disimpan pada suhu -40°C untuk menjaga kestabilan DNA hingga proses isolasi.

DNA diisolasi mengikuti metode Yuda & Saputra (2020), DNA membran cangkang telur diisolasi mengikuti protokol gSYNC™ Extraction Kit dari Geneaid Biotech Ltd. Sebanyak 25 mg membran cangkang telur digerus, ditambahkan 300 μL GST *buffer* dan 30 μL proteinase, dihomogenkan dan diinkubasi semalaman pada suhu 60°C . Selanjutnya, ditambahkan 200 μL GSB *buffer*, dihomogenkan dan diinkubasi pada 70°C selama 10 menit. Setelah itu, 200 μL etanol (100%) ditambahkan, dicampur, dan dimasukkan ke dalam kolom GS, lalu disentrifugasi pada 14.000 RPM selama 1 menit. Kolom GS dipindahkan ke tabung koleksi baru, ditambahkan 400 μL W1 *buffer*, disentrifugasi, dan filtrat dibuang. Proses ini diulangi dengan 750 μL wash *buffer*, kemudian kolom disentrifugasi kembali selama 3 menit untuk mengeringkan. Selanjutnya, 50 μL *elution buffer* yang telah dipanaskan ($\text{pH} \pm 7,5-9,0$) ditambahkan ke kolom, didiamkan selama 3 menit, dan disentrifugasi selama 2 menit untuk melulusi DNA. DNA hasil isolasi selanjutnya diuji kualitasnya menggunakan NanoVoe Plus™. Pada amplifikasi DNA, digunakan primer gen *EEF2*, yaitu *EEF2.7F (forward)* (5-GACGCGATCATGACCTTCAAGAAAGA-3) dan *EEF2.7R (reverse)* (5-GGTTTGCCCTCCTTGTCCTTATC-3) (Kimball *et al.*, 2009). Reagen yang digunakan sebanyak 25 μL dengan komposisi 25 ng total DNA, 2,5 μL 10 $\times$ *buffer* PCR, 1,0 μL dNTP (2,5 mM), 1 μL primer, dan 0,5 U Taq polymerase. Siklus PCR mencakup *pre-denaturation* (95°C , 5 menit), 38 siklus *denaturation* (95°C , 45 detik), *annealing* (53°C , 40 detik), *elongation* (72°C , 1 menit), dan *post-elongation* (72°C , 10 menit). Hasil amplifikasi DNA dikirim ke Genetika Science Jakarta untuk dilakukan sekuensing DNA.

Data hasil sekuensing pada setiap sampel membran cangkang telur burung gosong Filipina (file sekuen *forward* dan *reverse*) diolah dan diedit menggunakan program GeneStudio (GeneStudio, Ins., Georgia). Analisis homologi sekuen gen dilakukan dengan membandingkan data sekuen hasil penelitian terdahulu pada database Genbank dalam website NCBI dengan menggunakan metode BLAST. Data yang diperoleh selanjutnya diolah dengan menggunakan perangkat lunak berupa aplikasi MEGA 11 untuk dilakukan *alignment* (pensejajaran) (Tamura *et al.*, 2021) yang kemudian sekuen hasil *alignment* disimpan dalam bentuk file MEGA, lalu file diubah ke dalam file nexus dengan menggunakan aplikasi DnaSP v.5.10.01 (Librado & Rozas, 2009) agar file dapat diinput ke dalam perangkat lunak selanjutnya untuk pembuatan *haplotype network*. Rekonstruksi pohon filogenetik dianalisis menggunakan perangkat lunak MEGA 11 (Tamura *et al.*, 2021) menggunakan metode Neighbor-Joining (NJ). Analisis variasi distribusi haplotipe (*haplotype network*) dilakukan dengan software PopART v.1.7 (Leigh *et al.*, 2015) dengan metode *Median Joining Network* (MJN).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Tujuh sampel burung gosong Filipina berhasil diamplifikasi menggunakan gen *EEF2* dengan primer *forward* *EEF2.6F* dan primer *reverse* *EEF2.7R* (Kimball *et al.*, 2009) yang menghasilkan pita DNA tunggal berukuran 410 bp. Hasil elektroforesis gen *EEF2* dapat dilihat pada Gambar 1.



Gambar 1. Hasil elektroforesis gen *EEF2* burung gosong Filipina

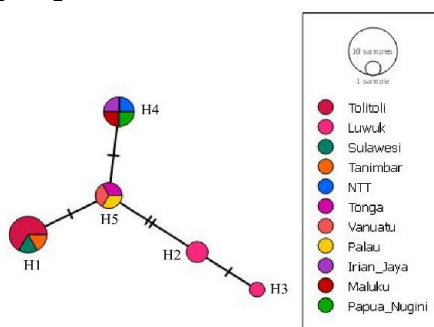
Hasil elektroforesis gen *EEF2* burung gosong Filipina menunjukkan bahwa amplifikasi berada dalam kondisi yang optimal. Hal ini dikarenakan suhu yang digunakan pada saat proses *annealing* sangat berpengaruh terhadap kondisi amplifikasi. Primer akan melekat pada nukleotida yang tepat pada suhu optimal sehingga DNA template teramplifikasi dengan kualitas tinggi dan dalam jumlah banyak (Akram *et al.*, 2024).

Seluruh sekuen burung gosong Filipina kemudian diidentifikasi di GenBank menggunakan metode BLAST. Berdasarkan analisis similaritas sekuen DNA burung gosong Filipina asal Tolitoli dan Luwuk (Tabel 1.) diperoleh hasil *query cover* sebesar 100% dan *percent identity* berkisar 98,72 – 99,74% ketika dibandingkan dengan data sekuen yang ada di *database GenBank*. Hal ini menunjukkan bahwa sekuen yang diperoleh memiliki kemiripan yang sangat tinggi dengan sekuen gen *EEF2* burung gosong Filipina yang tersedia di *database NCBI*. Menurut Dash *et al.* (2021) semakin tinggi nilai *query cover* dan *similarity*, maka semakin besar kemiripan antara sekuen sampel dengan sekuen *database*.

Tabel 1. Hasil identifikasi sekuen burung gosong Filipina menggunakan metode BLAST

Sampel	BLAST			Verifikasi Spesies	Lokasi
	Query Cover (%)	Percent Identity (%)	Accession Number		
Sampel 1	100	99,74	KF833642.1	<i>Megapodius cumingii</i>	Tolitoli
Sampel 2	100	99,74	KF833642.1	<i>Megapodius cumingii</i>	Tolitoli
Sampel 3	100	99,49	KF833642.1	<i>Megapodius cumingii</i>	Tolitoli
Sampel 4	100	99,74	KF833642.1	<i>Megapodius cumingii</i>	Tolitoli
Sampel 5	100	98,97	KF833642.1	<i>Megapodius cumingii</i>	Luwuk
Sampel 6	100	98,72	KF833642.1	<i>Megapodius cumingii</i>	Luwuk
Sampel 7	100	98,97	KF833642.1	<i>Megapodius cumingii</i>	Luwuk

Analisis *haplotype network* Burung Gosong Filipina berdasarkan gen *EEF2* dengan PopART menggunakan metode analisis *median joining network* (MJN). Hasil analisis *haplotype network* berdasarkan gen *EEF2* burung gosong Filipina terbentuk 3 haplotype dari 5 haplotype yang terbentuk.



Gambar 2. *Haplotype network* yang direkonstruksi menggunakan PopART dengan metode MJN (*Median Joining Network*)

Tabel 2. Kelompok sampel berdasarkan pengelompokan dari analisis *haplotype network*

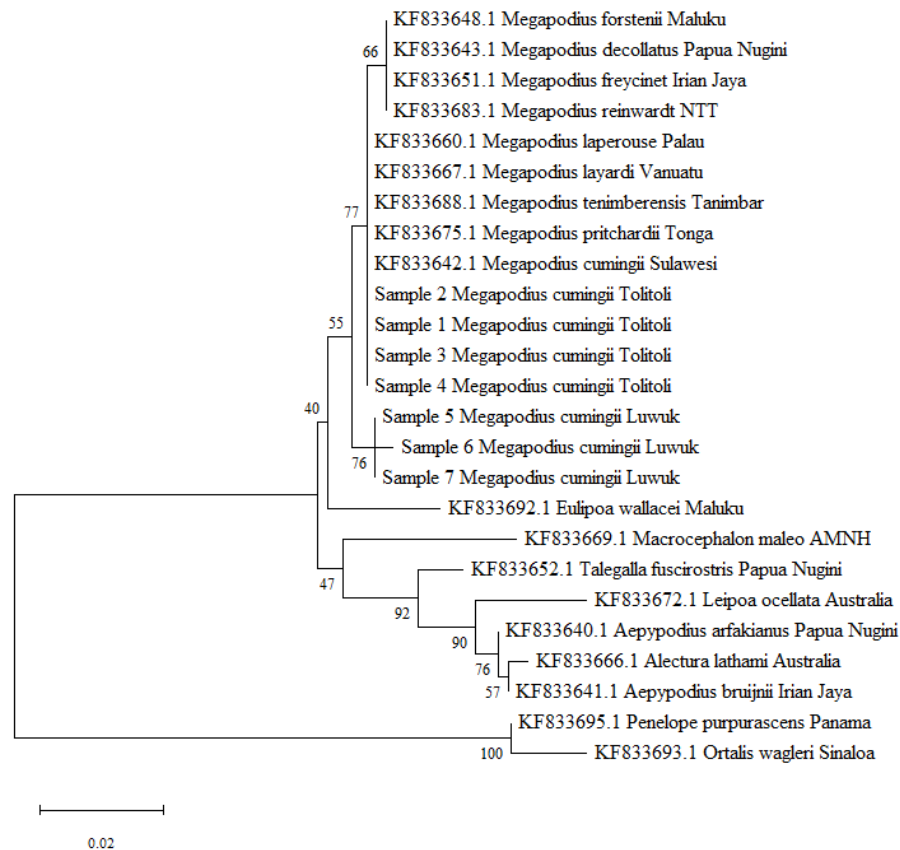
Haplotype	Kode Individu	Lokasi
H1	Sample 1 <i>Megapodius cumingii</i>	Tolitoli
	Sample 2 <i>Megapodius cumingii</i>	Tolitoli
	Sample 3 <i>Megapodius cumingii</i>	Tolitoli
	Sample 4 <i>Megapodius cumingii</i>	Tolitoli
	KF833642.1 <i>Megapodius cumingii</i>	Sulawesi
H2	KF833688.1 <i>Megapodius tenimberensis</i>	Tanimbar
	Sample 5 <i>Megapodius cumingii</i>	Luwuk
	Sample 7 <i>Megapodius cumingii</i>	Luwuk
H3	Sample 6 <i>Megapodius cumingii</i>	Luwuk
H4	KF833683.1 <i>Megapodius reindwardt</i>	NTT
	KF833651.1 <i>Megapodius freycinet</i>	Irian Jaya
	KF833648.1 <i>Megapodius forstenii</i>	Maluku
	KF833643.1 <i>Megapodius decollates</i>	Papua Nugini
H5	KF833675.1 <i>Megapodius pritchardii</i>	Tonga
	KF833667.1 <i>Megapodius layardi</i>	Vanuatu
	KF833660.1 <i>Megapodius laperouse</i>	Palau

Berdasarkan hasil rekonstruksi *haplotype network*, kelompok H1 ditandai dengan *pie chart* berukuran besar dan terdiri dari beberapa warna. Pada *pie chart* ini juga terlihat bahwa burung gosong Filipina yang berasal dari Tolitoli memiliki haplotipe yang sama dengan populasi burung genus *Megapodius* yang berada di Sulawesi dan Tanimbar. Ukuran *pie chart* yang besar menunjukkan frekuensi haplotipe yang tinggi, sementara komposisi warna yang beragam menunjukkan bahwa haplotipe tersebut ditemukan di beberapa lokasi dengan kondisi geografis berbeda. Adanya kesamaan haplotipe dapat mengindikasikan adanya aliran gen (*gene flow*) dan konektivitas antar populasi di wilayah-wilayah tersebut. Selain itu, populasi tersebut kemungkinan berasal dari satu nenek moyang yang sama (Roesma *et al.*, 2023) dan bermigrasi dengan pola migrasi pada lokasi yang sama menyebabkan terjadinya kemiripan genetik antar populasi (Limmon *et al.*, 2024). Kemiripan genetik suatu spesies pada suatu populasi menunjukkan bahwa spesies tersebut memiliki tingkat migrasi yang tinggi. Hal ini mendukung pernyataan Dekker (2007) yang menyatakan bahwa spesies dari genus *Megapodius* merupakan penerbang handal dan kuat bila dibandingkan dengan spesies megapoda yang lain.

Haplotype yang spesifik ditunjukkan pada populasi burung gosong Filipina yang berasal dari Luwuk (H2 dan H3) dimana kelompok haplotipe ini memiliki haplotipe tersendiri yang berbeda dengan populasi yang terdapat di Tolitoli menandakan bahwa haplotipe tersebut bersifat lokal yang menunjukkan variasi genetik yang lebih baru atau unik. Hal ini sesuai dengan Morinha *et al.* (2020) bahwa haplotipe dengan frekuensi tinggi cenderung memiliki distribusi yang luas, sedangkan haplotipe dengan frekuensi rendah cenderung terlokalisasi.

Perbedaan haplotipe pada burung gosong Filipina asal Tolitoli dan Luwuk dapat disebabkan oleh adanya perbedaan geografis dan ekologi antara Tolitoli dan Luwuk yang mendukung kemungkinan terjadinya isolasi populasi. Tolitoli yang terletak di bagian utara Sulawesi Tengah, berbatasan dengan Teluk Tomini di sebelah timur dan Selat Makassar di sebelah barat. Wilayah ini memiliki ekosistem pesisir, hutan hujan tropis, serta daerah berbukit dan bergunung (Yusuf *et al.*, 2019). Sedangkan, Luwuk berada di bagian timur Sulawesi Tengah, menghadap Laut Sulawesi. Luwuk memiliki topografi yang lebih bervariasi dengan wilayah pesisir, perbukitan, dan pegunungan yang lebih terjal (Ramadhan, 2015) dibandingkan dengan Tolitoli. Sehingga, dengan adanya perbedaan kondisi geografis, populasi burung gosong Filipina di kedua daerah

ini kemungkinan mengalami isolasi reproduktif, yang mengarah pada akumulasi perbedaan genetik dari waktu ke waktu.



Gambar 3. Pohon filogenetik yang direkonstruksi berdasarkan metode *Neighbor-Joining* menggunakan MEGA11

Hasil rekonstruksi pohon filogenetik berdasarkan gen *EEF2* dengan metode *Neighbor-Joining* (NJ) menunjukkan bahwa spesies burung Megapodiidae (*ingroup*) membentuk kelompok monofiletik. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik juga menunjukkan pada kelompok burung Megapodiidae terbagi menjadi 2 *clade* utama yaitu *clade* pertama yang beranggotakan *Megapodius* dan *Eulipoa* kemudian *clade* kedua yang beranggotakan genus *Macrocephalon*, *Talegalla*, *Leipia*, *Aepypodius*, dan *Alectura*. Pola pengelompokan ini konsisten dengan temuan beberapa penelitian sebelumnya yang menggunakan pendekatan berbeda. Hasil penelitian berdasarkan kutu pengunyah (Mey, 1999), berdasarkan gen *RDP1* dan *ND2* (Birks & Edwards, 2002), dan beberapa penanda gen nukleus (Harris *et al.*, 2014) juga menunjukkan pemisahan antara *Megapodius* dan *Macrocephalon*. Hasil penelitian ini berbeda dengan hasil penelitian Brom & Dekker (1992) yang melakukan analisis hubungan filogenetik berdasarkan morfologi, dimana genus *Megapodius*, *Eulipoa*, dan *Macrocephalon* berada dalam satu *clade* yang sama.

Berdasarkan hasil rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan bahwa burung gosong Filipina asal Tolitoli dan Luwuk berada pada *clade* yang sama dengan dukungan nilai *bootstrap* yaitu 55%. Meskipun berada dalam *clade* yang sama, burung gosong filipina asal Luwuk mengelompok dengan dukungan nilai *bootstrap* 76%. Nilai *bootstrap* ini menunjukkan tingkat kepercayaan yang tinggi terhadap pengelompokan burung gosong Filipina asal Luwuk, yang menunjukkan adanya variasi genetik antara

populasi Tolitoli dan Luwuk. Selain itu, posisi genus *Macrocephalon* dalam pohon filogenetik didukung oleh nilai *bootstrap* sebesar 47%, menunjukkan ketidakpastian dalam penempatan taksonomi genus ini. Hal ini sejalan dengan perbedaan hasil antara analisis molekuler dan morfologi pada penelitian sebelumnya, sehingga diperlukan penelitian lebih lanjut baik berfokus pada genus *Macrocephalon* atau penambahan sampel burung gosong Filipina dari beberapa daerah sebaran lainnya.

Pada umumnya, pohon filogenetik akan berkorelasi dengan hasil jarak genetik spesies (Lucic *et al.*, 2011). Dimana hubungan kekerabatan yang dekat antar spesies akan menunjukkan hasil analisis jarak genetik yang kecil (Madduppa *et al.*, 2016). Kategori nilai jarak genetik yaitu 0.010-0.099 termasuk ke dalam kategori rendah, sementara 0.1-0,99 termasuk ke dalam kategori sedang, sementara 1.00-2.00 termasuk ke dalam kategori tinggi (Nei, 1972). Nilai jarak genetik yang diperoleh dapat membentuk pohon filogenetik, sehingga hubungan kekerabatan antar spesies maupun subspecies dapat tergambar dengan jelas (Limmon dkk, 2024).

	Sample 1 Megapodius cumingii Tolitoli	Sample 2 Megapodius cumingii Tolitoli	Sample 3 Megapodius cumingii Tolitoli	Sample 4 Megapodius cumingii Tolitoli	Sample 5 Megapodius cumingii Luwuk	Sample 6 Megapodius cumingii Luwuk	Sample 7 Megapodius cumingii Luwuk	KF833642.1 Megapodius cumingii Sulawesi	KF833688.1 Megapodius temberensis Tambora	KF833683.1 Megapodius reiwardi NTT	KF833675.1 Megapodius pichadisi Tonga	KF833671.1 Megapodius layardi Vanuatu	KF833660.1 Megapodius lapense Palau	KF833648.1 Megapodius forsteri Maluku	KF833651.1 Megapodius freycinet Irian Jaya	KF833643.1 Megapodius decollatus Papua Nugini	KF833692.1 Eulopoa wallacei Maluku	KF833672.1 Leipoa ocellata Australia	KF833666.1 Macrocephalon maleo AMNH	KF833661.1 Macrocephalon minor AMNH	KF833665.1 Alcedo lathami Australia	KF833652.1 Talegalla fuscescens Papua Nugini	KF833641.1 Aspyodius brunnei Irian Jaya	KF833640.1 Aspyodius affricanus Papua Nugini	KF833696.1 Branta bernicla USA	KF833695.1 Penelope purpurascens Panama	KF833693.1 Ortalis wagleri Sinaloa	
Sample 1 Megapodius cumingii Tolitoli																												
Sample 2 Megapodius cumingii Tolitoli	0.00%																											
Sample 3 Megapodius cumingii Tolitoli	0.00%	0.00%																										
Sample 4 Megapodius cumingii Tolitoli	0.00%	0.00%	0.00%																									
Sample 5 Megapodius cumingii Luwuk	0.62%	0.62%	0.62%	0.62%																								
Sample 6 Megapodius cumingii Luwuk	0.93%	0.93%	0.93%	0.93%	0.31%																							
Sample 7 Megapodius cumingii Luwuk	0.62%	0.62%	0.62%	0.62%	0.00%	0.31%																						
KF833642.1 Megapodius cumingii Sulawesi	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.62%	0.93%	0.62%																					
KF833688.1 Megapodius temberensis Tambora	0.16%	0.16%	0.16%	0.16%	0.62%	0.93%	0.62%	0.16%																				
KF833683.1 Megapodius reiwardi NTT	0.31%	0.31%	0.31%	0.31%	0.93%	1.24%	0.93%	0.31%	0.31%																			
KF833675.1 Megapodius pichadisi Tonga	0.26%	0.26%	0.26%	0.26%	0.62%	0.93%	0.62%	0.26%	0.26%	0.31%																		
KF833671.1 Megapodius layardi Vanuatu	0.26%	0.26%	0.26%	0.26%	0.62%	0.93%	0.62%	0.26%	0.26%	0.31%	0.21%																	
KF833660.1 Megapodius lapense Palau	0.31%	0.31%	0.31%	0.31%	0.93%	1.24%	0.93%	0.31%	0.31%	0.23%	0.31%	0.21%																
KF833648.1 Megapodius forsteri Maluku	0.31%	0.31%	0.31%	0.31%	0.93%	1.24%	0.93%	0.31%	0.31%	0.23%	0.31%	0.31%	0.31%															
KF833651.1 Megapodius freycinet Irian Jaya	0.31%	0.31%	0.31%	0.31%	0.93%	1.24%	0.93%	0.31%	0.31%	0.23%	0.31%	0.31%	0.31%	0.23%														
KF833643.1 Megapodius decollatus Papua Nugini	0.31%	0.31%	0.31%	0.31%	0.93%	1.24%	0.93%	0.31%	0.31%	0.23%	0.31%	0.31%	0.31%	0.23%	0.23%													
KF833692.1 Eulopoa wallacei Maluku	2.51%	2.51%	2.51%	2.51%	2.83%	2.48%	2.51%	2.51%	2.51%	2.62%	2.51%	2.51%	2.51%	2.83%	2.82%	2.82%	2.82%											
KF833672.1 Leipoa ocellata Australia	5.18%	5.18%	5.18%	5.18%	5.84%	6.18%	5.84%	5.18%	5.84%	5.18%	5.18%	5.18%	5.18%	5.83%	5.51%	5.51%	6.52%											
KF833666.1 Macrocephalon maleo AMNH	4.12%	4.12%	4.12%	4.12%	3.48%	3.81%	3.48%	4.12%	4.12%	4.45%	4.12%	4.12%	4.12%	4.46%	4.45%	4.45%	6.52%	4.56%	6.37%									
KF833661.1 Alcedura lathami Australia	4.14%	4.14%	4.14%	4.14%	4.79%	5.13%	4.79%	4.14%	4.14%	4.47%	4.14%	4.14%	4.14%	4.48%	4.47%	4.47%	5.45%	2.49%	5.66%									
KF833652.1 Talegalla fuscescens Papua Nugini	3.19%	3.19%	3.19%	3.19%	3.84%	4.17%	3.84%	3.19%	3.19%	3.19%	3.19%	3.19%	3.19%	3.20%	3.19%	3.19%	4.17%	3.15%	5.05%	2.81%								
KF833641.1 Aspyodius brunnei Irian Jaya	3.81%	3.81%	3.81%	3.81%	4.45%	4.78%	4.45%	3.81%	3.81%	4.13%	3.81%	3.81%	3.81%	4.14%	4.13%	4.13%	5.11%	2.17%	5.33%	0.30%	2.49%							
KF833640.1 Aspyodius affricanus Papua Nugini	3.49%	3.49%	3.49%	3.49%	4.13%	4.47%	4.13%	3.49%	3.49%	3.81%	3.49%	3.49%	3.49%	3.82%	3.81%	3.81%	4.79%	2.17%	5.01%	0.30%	2.18%	0.18%						
KF833696.1 Branta bernicla USA	19.21%	19.21%	19.21%	19.21%	19.57%	20.00%	19.57%	19.21%	19.21%	19.24%	19.21%	19.21%	19.21%	19.21%	19.21%	19.21%	21.50%	19.91%	22.56%	19.82%	22.06%	21.71%						
KF833695.1 Penelope purpurascens Panama	13.69%	13.69%	13.69%	13.69%	14.00%	14.50%	14.00%	13.69%	13.69%	14.00%	13.69%	13.69%	13.69%	14.11%	14.06%	14.06%	14.87%	15.90%	15.93%	15.76%	14.62%	15.33%	14.98%	20.18%				
KF833693.1 Ortalis wagleri Sinaloa	14.86%	14.86%	14.86%	14.86%	15.26%	15.66%	15.26%	14.86%	14.86%	15.22%	14.86%	14.86%	14.86%	15.26%	15.22%	15.22%	16.03%	17.42%	18.06%	17.26%	15.83%	16.83%	16.49%	20.85%	1.24%			

Gambar 4. Jarak genetik burung gosong Filipina berdasarkan gen *EEF2*

Berdasarkan hasil analisis jarak genetik, sampel burung gosong Filipina dari Tolitoli menunjukkan nilai jarak genetik 0.00% dengan sekuen pembandingan dari NCBI (KF833642.1), mengindikasikan jarak genetik berada dalam kategori rendah. Hal ini menunjukkan bahwa sampel Tolitoli memiliki kemiripan sekuen basa nukleotida yang tinggi dengan sekuen pembandingan, mengkonfirmasi bahwa antara sampel Tolitoli masih dianggap sebagai spesies yang sama dengan sekuen pembandingan dari NCBI (KF833642.1). Hal ini sesuai dengan Butet *et al.* (2019) yang menyatakan bahwa nilai jarak genetik yang rendah mengindikasikan bahwa terdapat kemiripan sekuen basa nukleotida antar spesies. Kemiripan sekuen basa nukleotida yang tinggi antar individu atau populasi disebabkan karena berasal dari garis keturunan atau nenek moyang yang sama.

Sementara itu, berdasarkan hasil analisis jarak genetik, sampel Luwuk menunjukkan jarak genetik yang bervariasi dengan sampel Tolitoli dan sekuen pembandingan dengan rentang antara 0.31-0,93%. Nilai ini menunjukkan bahwa jarak genetik berada dalam kategori sedang, mengindikasikan adanya perbedaan genetik yang cukup signifikan. Hal ini menunjukkan adanya variasi intraspesies yang cukup tinggi atau kemungkinan telah mengalami isolasi genetik yang cukup lama sehingga membentuk variasi genetik.

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian, dapat disimpulkan bahwa terdapat tiga haplotipe burung gosong Filipina. Populasi dari Tolitoli memiliki haplotipe yang tersebar luas, sedangkan populasi dari Luwuk memiliki haplotipe spesifik yang menunjukkan diferensiasi genetik akibat isolasi geografis. Hal ini mengindikasikan adanya variasi genetik intraspesies yang dipengaruhi oleh kondisi geografis. Berdasarkan hasil rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan bahwa burung gosong Filipina asal Tolitoli dan Luwuk berada pada *clade* yang sama namun menunjukkan adanya variasi genetik antar populasi.

REKOMENDASI

Perlu dilakukan penelitian lebih lanjut terhadap variasi haplotipe *Megapodius cumingii* di Sulawesi Tengah dengan menggunakan penanda gen lain dan dengan jumlah sampel yang lebih banyak dengan sebaran populasi yang lebih luas agar pola variasi haplotipe dan adaptasi populasi *Megapodius cumingii* dapat dipahami secara mendalam.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terimakasih kepada pembimbing serta semua pihak yang telah memberikan dukungan baik berupa saran, bimbingan, fasilitas, maupun motivasi yang telah membantu dalam penyelesaian penelitian yang berjudul "Burung Gosong Filipina (*Megapodius cumingii*) di Sulawesi: Variasi Haplotipe dan Hubungan Filogenetik Berdasarkan Gen *EEF2*".

DAFTAR PUSTAKA

- Akram, A., Budiarsa, I. M., Suleman, S. M., & Kundera, I. N. (2024). Kajian Marka Genetik Gen RDP1 pada Burung Gosong Filipina (*Megapodius cumingii*) asal Pulau Kabetan Kabupaten Tolitoli Sulawesi Tengah. *Journal of Biology Science and Education*, 12(2), 84-88.
- Arini, D. I. D., Christita, M., Sheherazade, Mayasari, A., Suryaningsih, R., & Simamora, A. T. A. J. (2020). A review of Anoa Conservation Efforts in Sulawesi, Indonesia. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 533(1), 1-13.
- Artika, I. M. (2020). Allotopic expression of mitochondrial genes: Basic Strategy and Progress. *Genes and Diseases*, 7(4), 578-584.
- Bashari, H., Mangangue, B. & Mangangue, A. (2017). Incubation Strategy of Philippine Scrubfowl *Megapodius cumingi* on Manumpitaeng Islet, North Sulawesi, Indonesia. *BirdingASIA*, 27: 82–85.
- BirdLife International. (2021). *Megapodius cumingii*. The IUCN Red List of Threatened Species.
- Birks, S. M., & Edwards, S. V. (2002). A phylogeny of the megapodes (Aves: Megapodiidae) based on nuclear and mitochondrial DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 23(3), 408-421.
- Brom, T. G. & Dekker, R. W. R. J. (1992). Current Studies on Megapode Phylogeny. *Zoologische Verhandelingen*, 278(3), 7-17.
- Butet, N. A., Anggraeni, I., Dewi, B. P., Zairion, A., Alim, H., Manajemen, D., Perairan, S., Perikanan, F., Kelautan, I., & Pertanian Bogor, I. (2019). Validasi Spesies Undur-Undur Laut Berdasarkan Penanda Molekuler 16s rRNA dari Perairan Bantul dan Purworejo. *Jurnal Pengelolaan Perikanan Tropis*, 3(2), 28-35

- Dash, S., Rahman, S. R., Hines, H. M., & Feng, W. C. (2021). iBLAST: Incremental BLAST of New Sequences Via Automated E-value Correction. *PLoS ONE*, 16(4), 1-16.
- Dekker, R. W. R. J. (2007). *Distribution and Speciation of Megapodes (Megapodiidae) and Subsequent Development of Their Breeding Behaviour. Biogeography, Time, and Place: Distribution, Barriers, and Islands*. Springer, Dordrecht: The Netherlands.
- Dos Reis, M., Donoghue, P. C. J., & Yang, Z. (2016). Bayesian Molecular Clock Dating of Species Divergences in The Genomics Era. *Nature Reviews Genetics*, 17(2), 71-80.
- Fujita, M. K., Engstrom, T. N., Starkey, D. E., & Shaffer, H. B. (2004). Turtle Phylogeny: Insights from a Novel Nuclear . *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 31(3), 1031-1040.
- Garg, S. (2021). Computational Methods for Chromosome-scale Haplotype Reconstruction. *Genome Biology*, 22(1), 1-24.
- Hall, R. (2013). The Palaeogeography of Sundaland and Wallacea Since the Late Jurassic. *Journal of Limnology*, 72(S2), 1-17.
- Harris, R. B., Birks, S. M., & Leaché, A. D. (2014). Incubator Birds: Biogeographical Origins and Evolution of Underground Nesting in Megapodes (Galliformes: Megapodiidae). *Journal of Biogeography*, 41(11), 2045–2056.
- Hoffmann, A. A., Miller, A. D., & Weeks, A. R. (2021). Genetic Mixing for Population Management: From Genetic Rescue to Provenancing. *Evolutionary Applications*, 14(3), 634-652.
- Johnson, K. P., & Clayton, D. H. (2000). Nuclear and Mitochondrial Genes Contain Similar Phylogenetic Signal for Pigeons and Doves (Aves: Columbiformes). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 14(1): 141-151.
- Kimball, R. T., Braun, E. L., Barker, F. K., Bowie, R. C. K., Braun, M. J., Chojnowski, J. L., Hackett, S. J., Han, K. L., Harshman, J., Heimer-Torres, V., Holznagel, W., Huddleston, C. J., Marks, B. D., Miglia, K. J., Moore, W. S., Reddy, S., Sheldon, F. H., Smith, J. V., Witt, C. C., & Yuri, T. (2009). A Well-tested Set of Primers to Amplify Regions Spread Across the Avian Genome. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 50(3), 654–660.
- Leigh, J. W., & Bryant, D. (2015). POPART: Full-feature Software for Haplotype Network Construction. *Methods in Ecology and Evolution*, 6(9), 1110–1116.
- Leitwein, M., Duranton, M., Rougemont, Q., Gagnaire, P. A., & Bernatchez, L. (2020). Using Haplotype Information for Conservation Genomics. *Trends in Ecology and Evolution*, 35(3), 245-258.
- Librado, P., & Rozas, J. (2009). DnaSP v5: a Software for Comprehensive Analysis of DNA Polymorphism Data. *Bioinformatics*, 25(11), 1451-1452.
- Limmon, G. V, Tetelepta, J. M. S., Pattikawa, J. A., Natan, J., Laimeheriwa, B. M., & Leatemia, B. M. (2024). Studi Konektivitas *Lutjanus gibbus* pada Daerah Konservasi dan Daerah Penangkapan di Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia (WPP-NRI) 714 dengan Menggunakan DNA Barcoding. *TRITON: Jurnal Manajemen Sumberdaya Perairan*, 20(1), 16-27.
- Liu, S., Bachran, C., Gupta, P., Miller-Randolph, S., Wang, H., Crown, D., Zhang, Y., Wein, A. N., Singh, R., Fattah, R., & Leppla, S. H. (2012). Diphthamide Modification on Eukaryotic Elongation Factor 2 is Needed to Assure Fidelity of mRNA Translation and Mouse Development. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109(34), 13817–13822.

- Lucic, A., Isajev, V., Rakonjac, L., Mataruga, M., Babic, V., Ristic, D., & Drinic, S. (2011). Application of Various Statistical Methods to Analyze Genetic Diversity of Austrian (*Pinus nigra* Arn.) and Scots Pine (*Pinus sylvestris* L.) Based on Protein Markers. *Genetika*, 43(3): 477-486.
- Madduppa, H., Ayuningtyas, R. U., Subhan, B., Arafat, D., & Prehadi, P. (2016). Exploited but Unevaluated: DNA Barcoding Reveals Skates and Stingrays (Chordata, Chondrichthyes) Species Landed in the Indonesian Fish Market. *IJMS*, 21(1), 77-84.
- Mey, E. (1999). Phylogenetic Relationships of the Megapodiidae as Indicated by Their Ischnoceran, in Particular Goniodid, Chewing Lice (Insecta: Phthiraptera). *Zoologische Verhandelingen*, 327: 23-35.
- Morinha, F., Milá, B., Dávila, J. A., Fargallo, J. A., Potti, J., & Blanco, G. (2020). The Ghost of Connections Past: A Role for Mainland Vicariance in the Isolation of an Insular Population of the Red-billed Chough (Aves: Corvidae). *Journal of Biogeography*, 47(12), 2567-2583.
- Nei, M. (1972). Genetic Distance Between Populations. *The American Naturalist*, 106(949), 2567-2583.
- Paguntalan, L. J., Feliza, M., Oquendo, J. M., Bonares, B. A., & Villegas, G. M. (2021). Ecology of Philippine Scrubfowl *Megapodius cumingii* on Palawan with Notes on Other Islands. *Journal Of Asian Ornithology*, 37, 99-106.
- Perrier, C., Rougemont, Q., & Charmantier, A. (2020). Demographic History and Genomics of Local Adaptation in Blue Tit Populations. *Evolutionary Applications*, 13(6), 1145-1165.
- Ramadhan, R. (2015). Studi Perencanaan Pengembangan Jaringan Pipa Untuk Pemenuhan Air Bersih Kelurahan Hanga-Hanga Kabupaten Banggai Sulawesi Tengah. *Skripsi*, Program Sarjana. Universitas Brawijaya.
- Rane, P. P., & Barve, S. S. (2011). Standardization and Optimization of mtDNA Isolation and Molecular Genetic Analysis of D-loop Region in Animal Natural Fibres. *International Journal of Zoological Research*, 7(2), 190-200.
- Roesma, D. I., Syaifullah, Hardianti, C. F., & Salis, V. M. (2023). Haplotype Network and Molecular Evolution of *Clarias batrachus* in Sumatera Based COI Gene. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 26(1), 48-55.
- Struebig, M. J., Aninta, S. G., Beger, M., Bani, A., Barus, H., Brace, S., Davies, Z. G., De Brauwier, M., Diele, K., Djakiman, C., Djamaluddin, R., Drinkwater, R., Dumbrell, A., Evans, D., Fusi, M., Herrera-Alsina, L., Iskandar, D. T., Jompa, J., Juliandi, B., ... Supriatna, J. (2022). Safeguarding Imperiled Biodiversity and Evolutionary Processes in the Wallacea Center of Endemism. *BioScience*, 72(11), 1118-1130.
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022-3027.
- Yeaman, S. (2022). Evolution of Polygenic Traits Under Global vs Local Adaptation. *Genetics*, 220(1), 1-15.
- Yuda, P., & Saputra, A. W. (2020). Eggshell Membrane for DNA Sexing of the Endangered Maleo (*Macrocephalon maleo*). *F1000Research*, 9: 1-12.
- Yusuf, R. (2019). Perencanaan Obyek Wisata Pantai dan Wahana Alam Sabang Tende Kecamatan Galang Kabupaten Tolitoli. *Tolis Ilmiah: Jurnal Penelitian*, 1(2), 110-120.