

## ABSTRACT

Sunda shrew, (Soricidae: *Crocidura monticola*) is one of the most highly complex species. It has three synonyms and to date, researchers still have disparities about the species either *C. monticola* is a Javan endemic, or is it a widely distributed species. Plus, the lack of information on their ecology, behaviour and taxonomic relationship may lead to species misidentification (e.g. with *C. neglecta*). This is especially true as populations of such species from Malaysia are poorly studied due to lack of voucher specimens. Therefore, the study aimed to generate the data through genetic analyses and morphological characters in attempt to identify unique lineages that are consistent in both of these markers. A total of 22 samples were sequenced using cytochrome *b* and cytochrome oxidase I gene. Genetic analyses using MEGA7 recovered lineages with high genetic variation that are unique within the samples from Malaysia. None of the samples collected are grouped together with paratype of *C. monticola*, as shown in the phylogenetic analysis, where the biggest cytochrome *b* p-distance value is 20.1%. *Crocidura neglecta* was also included in the analyses, however they were not grouped together except one individual (GB 15244). Thus, this study discovered five plausible new species with two of them may represent two new undescribed genus. To investigate on *Crocidura* diversification events, Bayesian evolutionary analysis sampling trees (BEAST) and reconstruct ancestral state in phylogenies (RASP) analysis were done. The radiation of *Crocidura* in Southeast Asia started to occur during late Miocene (~7.58 mya). Major *Crocidura* diversification event happened during Pliocene (~3.06 mya) and the most recent event was during Pleistocene (~0.63 mya). Morphologically, this study was performed using both conventional and geometric morphometric methods. Principal Component Analysis (PCA) on fourteen cranial measurements of 51 skull samples of *C. monticola* sensu lato from Malaysia recovered two

major variations according to elevation: highland samples (>1100m a.s.l) vs lowland samples(<300m a.s.l). The highest loading characters were observed in Function 1 with Greatest Length of Skull (GLS) and Function 2 with Rostral breadth (ROB) as the characters with eigenvalue of 9.6 and 1.9 respectively. These two characters are therefore inferred as the best morphological characters to group this species in accordance with their habitat altitude. Geometric morphometric analyses from dorsal, ventral and mandible views of the skulls showed the shape variations were mostly detected at dentition part. Diet was hypothesised as the main factor that influence the variations. In conclusion, both genetic and morphometric analyses from this study suggested that there are hidden diversities within *C. monticola* complex from Malaysia.

**Keywords:** *Crocidura monticola*, BEAST, S-DIVA, genetic, geometric morphometric

**Menilai Kepelbagaian Crocidura monticola sensu lato Dari Malaysia Menggunakan Genetik dan Morfologi**

**ABSTRAK**

*Cencurut Sunda, (Soricidae: Crocidura monticola) adalah salah satu spesies yang sangat kompleks. Ia mempunyai tiga sinonim dan setakat ini, para penyelidik mempunyai perbezaan pendapat; C. monticola adalah endemik di Jawa atau ia sebenarnya terdapat juga di tempat-tempat yang lain. Selain itu, maklumat tentang hubungan ekologi, tingkah laku dan hubungan taksonomi bagi spesies ini sangat kurang sehingga boleh menyebabkan kesilapan identifikasi (contoh. C. neglecta). Spesies ini kurang dipelajari daripada populasi Malaysia kerana kurangnya spesimen baucer. Oleh itu, kajian ini bertujuan untuk menghasilkan data melalui analisis genetik dan watak morfologi dalam usaha untuk mengenal pasti keturunan unik yang konsisten dalam kedua-dua aspek ini. Sebanyak 22 individu telah dianalisa menggunakan gene cytochrome b dan cytochrome oxidase I. Analisis genetik telah mengenalpasti keturunan dengan variasi genetik tinggi yang unik dalam sampel dari Malaysia. Tiada sampel yang dikumpulkan sekali bersama dengan paratype C. monticola dalam analisis filogenetik dengan nilai jarak-p terbesar 20.1%. Crocidura neglecta juga dimasukkan ke dalam analisa tetapi mereka juga tidak dikelompokkan bersama-sama kecuali satu individu (GB 15224). Oleh itu, kajian ini menemui kemungkinan lima spesis baru dengan dua daripadanya boleh mewakili dua genus baru yang belum pernah ditemui. Untuk menyiasat peristiwa penyebaran Crocidura, analisa evolusi Bayesian (BEAST) dan analisa 'reconstruct ancestral state in phylogenies' (RASP) telah dilakukan. Pergerakan Crocidura di Asia Tenggara mula berlaku pada akhir Miocene (~ 7.58 mya). Peristiwa penyebaran utama Crocidura berlaku semasa Pliocene (~ 3.06 mya) dan penyebaran yang*

terkini berlaku semasa Pleistocene (~ 0.63 mya). Secara morfologi, kajian ini menggunakan kaedah morfometrik konvensional dan morfometrik geometri. Analisis Komponen Utama (PCA) pada empat belas ukuran kranial daripada 51 sampel tengkorak *C. monticola* sensu lato dari Malaysia menemui dua variasi utama mengikut ketinggian: sampel tanah tinggi (> 1100m a.s.l) vs sampel tanah rendah (<300m a.s.l). Watak pembezaan tertinggi diperhatikan dalam Fungsi 1 dengan Ukuran Tengkorak Terpanjang (GLS) dan Fungsi 2 dengan lebar Rostral (ROB) dengan masing-masing mempunyai nilai eigen 9.6 dan 1.9. Oleh itu, kedua-dua watak tersebut disimpulkan sebagai watak morfologi terbaik untuk mengelompokkan spesies ini mengikut ketinggian habitatnya. Analisis morfometrik geometri dari pandangan dorsal, ventral dan mandible tengkorak menunjukkan variasi bentuk yang kebanyakannya dikesan di bahagian gigi. Diet di hipotesis sebagai faktor utama yang mempengaruhi variasi ini. Kesimpulannya, kedua-dua analisis genetik dan morfometrik geometri dari kajian ini mencadangkan terdapat kepelbagaian tersembunyi dalam *C. monticola* kompleks dari Malaysia.

**Kata kunci:** *Crocidura monticola*, BEAST, S-DIVA, genetik, morfometrik geometri