

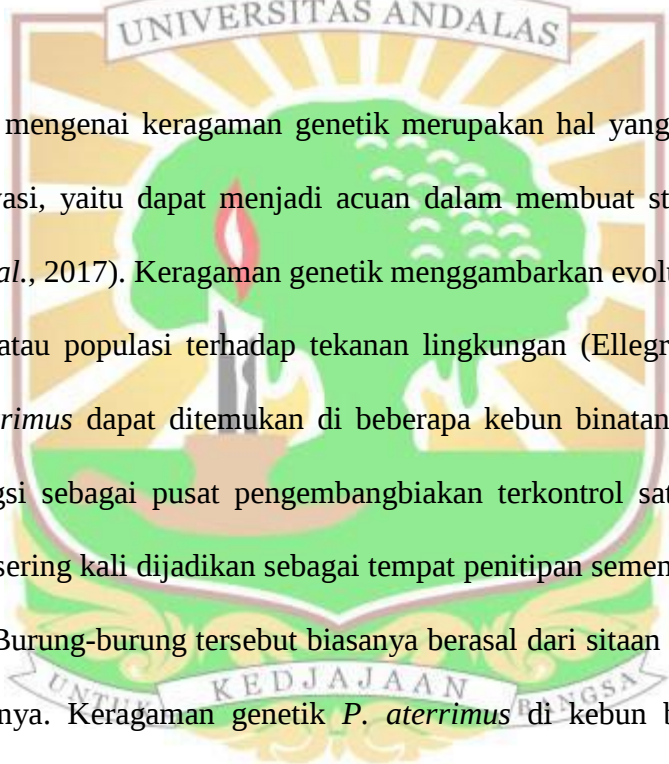
BAB I. PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Burung kakatua raja atau dalam Bahasa Latin disebut *Probosciger aterrimus* merupakan satu-satunya anggota dari genus *Probosciger*. Spesies ini memiliki ciri bertubuh besar, berwarna abu-abu kehitaman dengan jambul yang mencuat tinggi, memiliki paruh hitam yang besar dan pipi merah yang mencolok (Pratt dan Beehler, 2015). Hingga tahun 1912, setidaknya empat subspecies telah dideskripsikan. Namun, karena kurangnya data molekuler, pembatasan subspecies hanya didasarkan pada ciri morfologi dan biogeografi (Gill, Donsker, dan Rasmussen, 2023). *P. aterrimus* merupakan burung asli dari Pulau Papua (Indonesia dan Papua Nugini), Kepulauan Aru, dan Semenanjung Cape York, Australia. Spesies ini terdistribusi di hutan dataran rendah, sabana, dan kaki bukit (BirdLife International, 2023).

Saat ini, populasi *P. aterrimus* di alam cenderung mengalami penurunan. Walaupun memiliki wilayah geografis yang luas, namun spesies ini memiliki perkembangbiakan yang sangat lambat. Ditambah dengan maraknya perdagangan satwa dan kerusakan habitat yang diperkirakan dapat menyebabkan penurunan populasi yang ekstrem. Dalam tiga generasi berikutnya (47 tahun), populasinya diperkirakan akan menurun sebesar 20-29% (Bird *et al.*, 2020). Maka IUCN (*International Union for Conservation of Nature*) menetapkan status *P. aterrimus* sebagai spesies yang “hampir terancam” (*Near Threatened*; BirdLife International, 2023). CITES (*Convention on International Trade in Endangered Species of Wild*

Fauna and Flora; 2021) melaporkan *P. aterrimus* masuk dalam Apendiks I yang berarti dilarang diperdagangkan secara internasional. Berdasarkan Undang-Undang No. 32 Tahun 2004 tentang Perubahan atas UU No. 5 Tahun 1990 tentang Konservasi Sumber Daya Alam Hayati dan Ekosistemnya dan Peraturan Menteri LHK No. P106 Tahun 2018 mengenai Jenis Tumbuhan dan Satwa Dilindungi, *P. aterrimus* masuk dalam daftar satwa yang dilindungi di Indonesia. Oleh sebab itu, berbagai upaya konservasi perlu dilakukan, salah satunya dengan kajian genetik.



Informasi mengenai keragaman genetik merupakan hal yang penting dalam upaya konservasi, yaitu dapat menjadi acuan dalam membuat strategi *breeding* (McGowan *et al.*, 2017). Keragaman genetik menggambarkan evolusi dan adaptasi suatu spesies atau populasi terhadap tekanan lingkungan (Ellegren dan Galtier, 2016). *P. aterrimus* dapat ditemukan di beberapa kebun binatang di Indonesia. Selain berfungsi sebagai pusat pengembangbiakan terkontrol satwa liar, kebun binatang juga sering kali dijadikan sebagai tempat penitipan sementara pada kasus *P. aterrimus*. Burung-burung tersebut biasanya berasal dari sitaan polisi dan tidak diketahui asalnya. Keragaman genetik *P. aterrimus* di kebun binatang belum banyak dilaporkan.

Keragaman genetik dapat dilihat dari variasi nukleotida dan haplotipe. Variasi nukleotida berasal dari adanya deleksi, insersi, duplikasi, dan inversi dalam DNA. Variasi haplotipe berasal dari perbedaan alel yang diwariskan dari induk yang berbeda. Keragaman genetik suatu populasi dapat dipengaruhi oleh faktor-faktor seperti mutasi, *genetic drift*, seleksi alam, dan ukuran populasi (Dutoit *et al.*, 2017).

Mengkaji filogenetik juga penting untuk menganalisis hubungan kekerabatan suatu kelompok organisme. Hubungan kekerabatan yang dekat ditandai dengan kesamaan karakter yang dimiliki. Karakter yang sama tersebut diasumsikan sebagai warisan dari nenek moyang yang sama (Rafiq *et al.*, 2020). Salah satu penanda molekuler yang bisa digunakan untuk analisis keragaman genetik dan evolusi burung adalah DNA mitokondria.

DNA mitokondria memiliki bagian yang konservatif dan variatif dengan laju evolusi yang cukup cepat sehingga mudah untuk melacak sejarah evolusi populasi (Havird dan Santos, 2014). Beberapa sekuens mitokondria yang umum digunakan pada studi molekuler aves adalah gen COI (*Cytochrome Oxidase Subunit 1*), gen ND2 (*NADH Dehydrogenase Subunit 2*), dan control region. Gen COI sangat populer digunakan dalam identifikasi spesies, kajian evolusi, dan filogenetik burung (Pulgarin-R *et al.*, 2021; Barreira *et al.*, 2016; Huang, Yang, Ke, 2016). Karakter gen COI yang lestari, tingkat variabilitas yang tinggi, dan laju mutasi yang cepat menjadikan gen COI sebagai gen penanda yang terstandardisasi untuk identifikasi hingga pada tingkat spesies (Kress *et al.*, 2015). Gen ND2 cukup panjang dan memiliki tingkat variasi genetik yang tinggi, sehingga dapat memberikan informasi yang cukup untuk keanekaragaman intraspesifik (DeCicco *et al.*, 2023) dan dapat mengidentifikasi burung pada taksa yang berkerabat dekat (Luttrell *et al.*, 2020). Control region merupakan daerah *non-coding* yang sangat variatif dibandingkan dengan sekuens pengkode protein karena batasan fungsional berkurang (Wenink *et al.*, 1994). Control region digunakan pada studi-studi sebelumnya untuk mempelajari keragaman genetik dan hubungan filogenetik

intraspesifik (Kangayan *et al.*, 2022; Mereu *et al.*, 2019). Ketiga penanda DNA ini telah digunakan pada studi *P. aterrimus* sebelumnya.

Gen COI digunakan dalam studi filogenetik famili Cacatuidae dan Ordo Psittaciformes (White *et al.*, 2011; Wright *et al.*, 2008). Gen ND2 digunakan untuk membandingkan struktur populasi *P. aterrimus* Australia dengan Papua (Keighley *et al.*, 2019). Control region juga telah digunakan pada studi biogeografi dan identifikasi subspecies *P. aterrimus* (Murphy *et al.*, 2007; Bussière *et al.*, 2014).

Berdasarkan latar belakang yang telah dipaparkan di atas maka penelitian tentang keragaman genetik yang mengkaji variasi nukleotida, variasi haplotipe, dan filogenetik *P. aterrimus* dari beberapa kebun binatang berdasarkan gen COI, ND2 dan control region perlu dilakukan. Kajian genetik ini diharapkan dapat menjadi dasar evaluasi dan pertimbangan dalam merencanakan program konservasi bagi *P. aterrimus* di Indonesia.

B. Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang yang telah dijabarkan, rumusan masalah dalam penelitian ini dapat diuraikan sebagai berikut:

1. Bagaimana variasi nukleotida *Probosciger aterrimus* dari beberapa kebun binatang di Indonesia?
2. Bagaimana variasi haplotipe dan *haplotype network Probosciger aterrimus* dari beberapa kebun binatang di Indonesia?
3. Bagaimana hubungan filogenetik *Probosciger aterrimus* dari beberapa kebun binatang di Indonesia secara molekuler?

C. Tujuan Penelitian

1. Menganalisis variasi nukleotida dari beberapa individu *Probosciger aterrimus* koleksi beberapa kebun binatang di Indonesia berdasarkan gen COI, ND2, dan Control Region
2. Menganalisis variasi haplotipe dan *haplotype network* *Probosciger aterrimus* dari beberapa kebun binatang di Indonesia berdasarkan gen COI, ND2, dan Control Region
3. Menganalisis hubungan filogenetik *Probosciger aterrimus* dari beberapa kebun binatang di Indonesia dengan merekonstruksi pohon filogenetik dan menghitung jarak genetik berdasarkan gen COI, ND2, dan Control Region

D. Manfaat Penelitian

Penelitian ini dapat dijadikan sebagai informasi dasar dalam merancang program dan strategi konservasi dalam menjaga keragaman genetik populasi *Probosciger aterrimus* di Indonesia.

