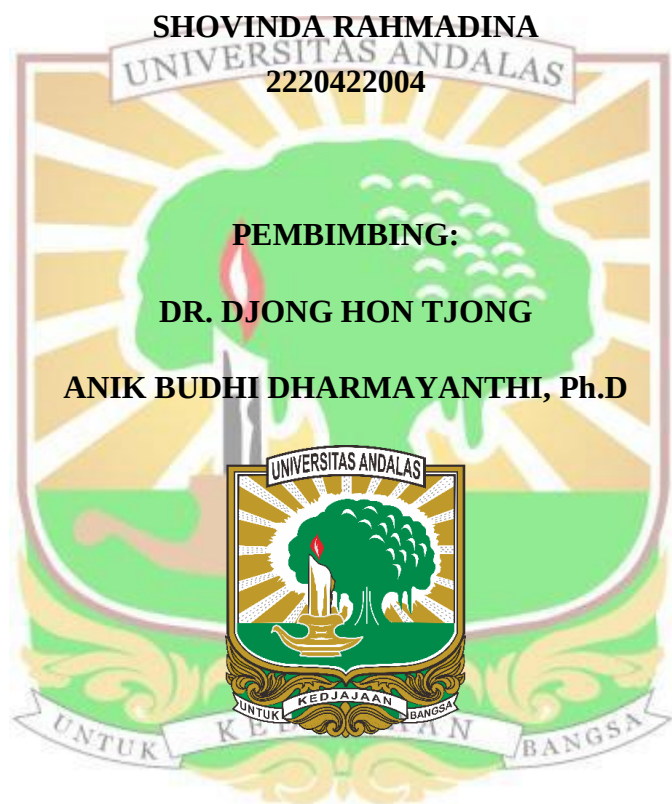


**VARIASI GENETIK KAKATUA RAJA (*Probosciger aterrimus* Gmelin,
1788) DI BEBERAPA KEBUN BINATANG DI INDONESIA
BERDASARKAN GEN COI (*Cytochrome Oxidase Subunit I*), ND2 (*NADH
Dehydrogenase Subunit 2*), DAN CONTROL REGION**

TESIS



**PROGRAM STUDI MAGISTER
DEPARTEMEN BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG**

2025

**VARIASI GENETIK KAKATUA RAJA (*Probosciger aterrimus* Gmelin,
1788) DI BEBERAPA KEBUN BINATANG DI INDONESIA
BERDASARKAN GEN COI (*Cytochrome Oxidase Subunit I*), ND2 (*NADH
Dehydrogenase Subunit 2*), DAN CONTROL REGION**

Oleh: Shovinda Rahmadina (2220422004)

(Di bawah bimbingan: Dr. Djong Hon Tjong dan

Anik Budhi Dharmayanthi, Ph.D)

Abstrak

Identifikasi yang akurat secara evolusioner terhadap organisme yang dilindungi dan hampir terancam akan menjadi dasar bagi pengelolaan dan konservasi yang efektif. Setidaknya empat subspecies kakatua raja (*Probosciger aterrimus*) telah dideskripsikan hingga tahun 1912. Dengan kurangnya data genotipe, pembatasan subspecies *P. aterrimus* hanya didasarkan pada morfologi dan biogeografi. Tujuan penelitian ini adalah untuk menganalisis variasi nukleotida, haplotipe, dan filogenetik *P. aterrimus* berdasarkan gen COI, gen ND2, dan Control Region. Untuk memperjelas hubungan genetik dan menjelaskan diversifikasi spesies ini, tiga penanda mitokondria disekuensing untuk 29 sampel museum. Dikombinasikan dengan empat sekuen *P. aterrimus* liar yang berasal dari NCBI. Haplotipe dianalisis menggunakan program DnaSP, haplotype network dibangun menggunakan program Networks, dan pohon filogenetik direkonstruksi menggunakan program MEGA11. Hasil menunjukkan adanya variasi nukleotida pada tingkat intraspesifik berdasarkan ketiga penanda. Variasi ini mendukung adanya beberapa subspecies yang berbeda secara genetik. Nilai keragaman haplotipe *P. aterrimus* yang berasal dari delapan kebun binatang berdasarkan ketiga penanda mitokondria tergolong rendah. Terdapat perbedaan genetik yang signifikan antara populasi timur dan barat. Seluruh individu *P. aterrimus* yang berasal dari delapan kebun binatang merupakan spesies yang sama dengan terbentuknya klaster yang monofiletik dan berdasarkan gen COI dan ND2 menunjukkan adanya tiga kelompok subspecies sedangkan berdasarkan penanda Control Region diduga mendukung adanya empat kelompok subspecies yang berbeda secara genetik. Hasil molekuler ini menginformasikan prioritas dan perbaikan langkah-langkah konservasi untuk tiap subspecies *P. aterrimus* dengan memberi status konservasi dan pengelolaan yang terpisah.

Kata kunci: Filogenetik; Haplotipe; *Probosciger aterrimus*; Subspecies

GENETIC VARIATION OF PALM COCKATOO (*Probosciger aterrimus* Gmelin, 1788) IN SOME ZOOS IN INDONESIA BASED ON COI GENE (Cytochrome Oxidase Subunit I), ND2 GENE (NADH Dehydrogenase Subunit 2), AND CONTROL REGION

By: Shovinda Rahmadina (2220422004)

(Supervised by: Dr. Djong Hon Tjong and Anik Budhi Dharmayanthi, Ph.D)

Abstract

Accurate identification of protected and near-threatened organisms provides the basis for effective management and conservation. At least four subspecies of palm cockatoo (*Probosciger aterrimus*) have been described up to 1912. With the lack of genotype data, delimitation of *P. aterrimus* subspecies is based solely on morphology and biogeography. The aim of this study was to analyze the nucleotide variation, haplotypes, and phylogenetics of *P. aterrimus* based on the COI gene, ND2 gene, and Control Region. To clarify genetic relationships and explain the diversification of this species, three mitochondrial markers were sequenced for 29 museum samples. Combined with four wild *P. aterrimus* sequences derived from NCBI. Haplotypes were analyzed using the DnaSP program, haplotype networks were constructed using the Networks program, and phylogenetic trees were reconstructed using the MEGA11 program. Results showed intraspecific nucleotide variation based on the three markers. This variation supports the existence of several genetically distinct subspecies. The haplotype diversity of *P. aterrimus* from eight zoos based on the three mitochondrial markers was low. There were significant genetic differences between eastern and western populations. All *P. aterrimus* individuals from the eight zoos belonged to the same species with a monophyletic cluster formed and based on COI and ND2 genes indicated the existence of three subspecies groups while based on Control Region markers supported the existence of four genetically distinct subspecies groups. These molecular results inform the prioritization and improvement of conservation measures for each subspecies of *P. aterrimus* by providing separate management and conservation status.

Keywords: Haplotype; Phylogenetic; *Probosciger aterrimus*; Subspecies