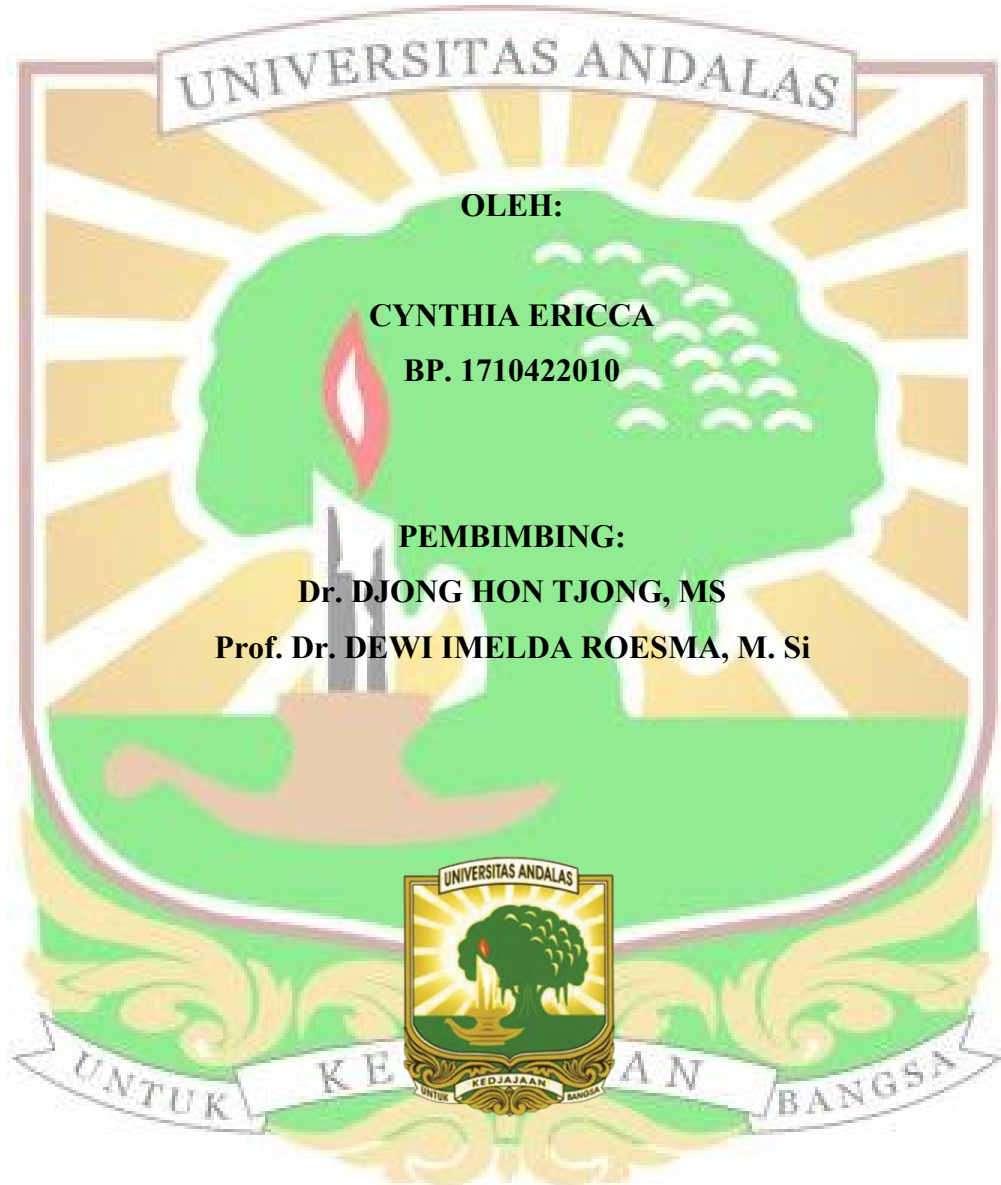


**ANALISIS FILOGENETIK KUAU RAJA (*Argusianus argus* Linnaeus, 1766)
SUMATERA BARAT DAN POPULASI *Argusianus argus* LAINNYA
BERDASARKAN GEN *CYTOCHROME b***

SKRIPSI SARJANA BIOLOGI



OLEH:

CYNTHIA ERICCA

BP. 1710422010

PEMBIMBING:

Dr. DJONG HON TJONG, MS

Prof. Dr. DEWI IMELDA ROESMA, M. Si

JURUSAN BIOLOGI

FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM

UNIVERSITAS ANDALAS

PADANG, 2022

ABSTRAK

Kuau raja (*Argusianus argus*) merupakan salah satu satwa yang dilindungi di Indonesia dan dijadikan maskot fauna provinsi Sumatera Barat. Kuau raja terbagi menjadi dua subspecies menurut morfologi dan distribusinya yaitu *A. argus argus* yang terdistribusi di Peninsular Malaysia, Sumatera dan *A. argus grayi* di Borneo. Saat ini dalam identifikasi dan mempelajari hubungan kekerabatan (filogenetik) spesies tidak hanya dilakukan melalui pengamatan morfologi tetapi juga secara molekuler. Gen *cytochrome b* merupakan gen yang tepat digunakan dalam analisis filogenetik. Penelitian ini dilaksanakan di Laboratorium Genetika dan Biomolekuler, Jurusan Biologi, Universitas Andalas. Sampel bulu kuau raja dikoleksi dari Taman Margasatwa dan Budaya Kinantan, Bukittinggi. Sampel bulu diisolasi, diamplifikasi, dan disekuensing. Hasil analisis 789 bp gen *cyt b* menunjukkan bahwa kuau raja Malaysia (Borneo) memiliki jarak genetik sebesar 3.26-3.80% dengan kuau raja Sumatera sehingga diusulkan sebagai spesies yang berbeda. Hal ini didukung dengan perbedaan bagian tubuh individu jantan pada kedua subspecies kuau raja. Selanjutnya hasil penelitian ini perlu dilengkapi dengan informasi ekologi seperti morfologi, tingkah laku, habitat, ukuran tubuh serta vokalisasi dari kedua subspecies kuau raja untuk memperkuat data yang didapatkan.

Kata kunci: kuau raja, filogenetik, gen *cytochrome b*, jarak genetik



ABSTRACT

Great argus (*Argusianus argus*) is one of the protected animals in Indonesia and is used as the fauna mascot of the province of West Sumatra. Great argus is divided into two subspecies according to morphology and distribution, namely *A. argus argus* which is distributed in Peninsular Malaysia, Sumatera and *A. argus grayi* in Borneo. Currently, the identification and study of phylogenetic relationships of species is not only done through morphological observations but also molecularly. The *cytochrome b* gene is the right gene to be used in phylogenetic analysis. This research was conducted at the Genetics and Biomolecular Laboratory, Department of Biology, Andalas University. Samples of great argus feathers were collected from the Kinantan Cultural and Wildlife Park, Bukittinggi. Feather samples were isolated, amplified, and sequenced. The results of the analysis of 789 bp of the *Cyt b* gene showed that the Malaysian great argus (Borneo) has a genetic distance of 3.26-3.80% with the great argus, so it was proposed as a different species. This is supported by differences in individual male body parts in the two great argus subspecies. Furthermore, the results of this study need to be supplemented with ecological information such as morphology, behavior, habitat, body size and vocalizations of the two subspecies of great argus to strengthen the data obtained.

Keywords: great argus, phylogenetic, cytochrome b gene, genetic distance

