

I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Kuau raja (*Argusianus argus*) merupakan spesies dari famili Phasianidae, subfamili Phasianinae yang memiliki karakteristik bulu dengan corak seperti mata pada individu jantan (Mackinnon, 2010). Kuau raja secara morfologi dikelompokkan ke dalam dua subspecies yaitu kuau raja Borneo (*A. argus grayi*) dan kuau raja Malaysia (*A. argus argus*) yang terdistribusi di Sumatera dan Semenanjung Malaysia (Avibase, 2020). Perbedaan morfologi kuau raja Sumatera dan Borneo dapat dilihat dari individu jantan, dimana kuau raja Sumatera memiliki warna coklat gelap pada bulu bagian dada, warna coklat yang lebih terang pada bulu bagian pangkal sayap dan punggung sedangkan kuau raja Borneo memiliki warna coklat terang pada bulu bagian dada dan bulu bagian pangkal sayap dan punggung yang berwarna lebih gelap (Eaton *et al.*, 2016).

Kuau raja merupakan maskot Provinsi Sumatera Barat berdasarkan KEPMENDAGRI No. 48 Tahun 1989. Kuau raja juga termasuk satwa yang dilindungi di Indonesia (Rafi *et al.*, 2017). Di Sumatera kuau raja dapat ditemukan di hutan primer dengan ketinggian dibawah 1200 meter (MacKinnon, 2010), seperti Kawasan Ekosistem Leuser (Marfani, 2019), Taman Nasional Bukit Barisan Selatan (Winarni *et al.*, 2009), Taman Nasional Kerinci Seblat (Dinata *et al.*, 2008), Hutan Konservasi Kalaweit Supayang (Solok) (Rafi *et al.*, 2017), dan Kawasan Suaka Alam Malampah, Sumatera Barat (Ladyfandela *et al.*, 2018).

Keberadaan dan kelangsungan hidup burung ini terancam karena kerusakan habitat, degradasi, dan alih fungsi hutan, serta perburuan dan perdagangan untuk

diambil bulu dan dagingnya (Winarno dan Sugeng, 2018). Populasi kuau raja di alam terus mengalami penurunan sehingga pemerintah Indonesia memasukkan spesies ini ke dalam daftar jenis satwa dilindungi yang tercantum di dalam Peraturan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan Nomor P.106 tahun 2018. Menurut IUCN *Red list* tahun 2020, kuau raja berstatus *Vulnerable* (rentan) dan menurut CITES (*Convention On International Trade in Endangered Species*) burung ini termasuk kedalam appendix II (IUCN Red List, 2020).

Sampai saat ini informasi biologi dari kuau raja masih sangat terbatas. Beberapa penelitian pada kuau raja yang telah dilakukan diantaranya tentang pola makan dan persebaran (Davison, 1980), sistem perkawinan (Davison, 1982), aktivitas kuau raja pada *matting ring* (Rafi *et al.*, 2017; Marfani, 2019). Kajian mengenai kuau raja di Sumatera masih belum banyak dilakukan khususnya dalam kajian sistematika molekuler. Sementara informasi ini sangat penting dalam upaya konservasi kuau raja. Salah satu informasi yang penting adalah mengenai analisis filogenetik. Menurut Lemey *et al.* (2009), analisis filogenetik dapat dilakukan dengan menggunakan data molekuler untuk mempelajari lebih detail tentang hubungan kekerabatan antar spesies.

Studi filogenetik pada burung dan juga kelompok vertebrata umumnya menggunakan gen *cytochrome b* (*cyt b*). Gen *cyt b* adalah subunit pusat katalitik redoks yang terlibat dalam proses transportasi elektron pada mitokondria (Espoti *et al.*, 1993). Sifat gen *cyt b* yang *conserved* dan memiliki tingkat variabilitas yang tinggi telah dimanfaatkan dalam analisis diferensiasi spesies yang berkerabat dekat dan mempelajari sejarah evolusi pada hewan vertebrata (Lavinia *et al.*, 2016).

Penelitian Kimball *et al.* (1997) dan Kimball *et al.* (1999) mengenai analisis filogenetik kelompok *Pheasant* (genus dari subfamili Phasianinae) dan *Partridges* (genus dari subfamili Perdicinae) menggunakan gen *cyt b*, tidak memberikan informasi yang tepat mengenai hubungan kekerabatan kuau raja dengan kelompok sempidan dan puyuh. Hal ini disebabkan oleh nilai *bootstrap* yang rendah dan sekuen DNA yang memiliki bias yang tinggi. Hasil analisis filogenetik menggunakan *cyt b* yang menempatkan Kuau Raja ke dalam kelompok *peafowl* (merak) masih diragukan. Norsyamimi *et al.*, (2020) yang menggunakan kuau raja sebagai spesies pembanding dalam menganalisis hubungan filogenetik *Rheinardia ocellata* (argus jambul) melaporkan bahwa kuau raja berkerabat dekat dengan *R. ocellata* dengan jarak genetik sebesar 5,7%. Hal ini berbeda dengan yang dilaporkan Kartavtsev (2011) bahwa hewan vertebrata dikatakan berbeda spesies jika memiliki jarak genetik sebesar 9,38%-11,24% dan berbeda genus jika memiliki jarak genetik sebesar 16,5%-19,22%.

Perbedaan sebaran geografis Kuau Raja yang ada di Sumatera dan Borneo termasuk Sabah dan Sarawak juga dapat mengakibatkan perbedaan genetik diantara dua subspecies tersebut. Menurut Schweizer dan Liu (2018), spesies yang terpisah secara geografis dapat menyebabkan isolasi reproduksi karena tidak adanya aliran gen. Secara umum, spesiasi yang terjadi pada burung adalah spesiasi allopatrik dengan tidak adanya aliran gen.

Berdasarkan uraian diatas maka perlu dilakukan studi filogenetik kuau raja menggunakan gen *cyt b* untuk membandingkan hasil penelitian sebelumnya sehingga dapat menjadi data pendukung untuk memahami hubungan kekerabatan kuau raja dengan kuau raja lainnya dalam famili Phasianidae. Sekuen gen *cyt b* yang diperoleh

akan menjadi informasi baru kuau raja di Sumatera Barat dan untuk mengetahui perbedaan genetik antara spesies kuau raja yang ada di Sumatera Barat dengan spesies kuau raja yang ada di Borneo. Informasi ini juga dapat digunakan untuk penyusunan strategi konservasi kuau raja di Sumatera Barat.

1.2 Perumusan Masalah

Masalah dalam penelitian ini adalah bagaimana hubungan kekerabatan kuau raja (*A. argus*) Sumatera Barat dan populasi *A. argus* lainnya berdasarkan gen *cytochrome b* ?

1.3 Tujuan Penelitian

Mengetahui hubungan kekerabatan kuau raja (*A. argus*) Sumatera Barat dan populasi *A. argus* lainnya berdasarkan gen *cytochrome b*.

1.4 Manfaat Penelitian

Hasil dari penelitian ini dapat menambah data ilmiah dalam biodiversitas serta menjadi data dasar untuk pengelolaan kuau raja di Sumatera Barat khususnya dalam upaya konservasi.

