

I. PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Kajian molekuler DNA *Barcode* dapat memberi banyak informasi diantaranya mengenai penataan genetik populasi, hubungan kekerabatan dan penyebab hilangnya keanekaragaman genetik pada satu spesies. Hebert dkk., (2007) mengusulkan DNA *Barcode* sekuen pendek yang tepat, cepat dan akurat sebagai sekuen identifikasi spesies. DNA dapat diambil dari DNA mitokondria yang dimiliki oleh semua spesies. Maka dari itu, Hijababei (2007) lebih menjelaskan bahwa DNA *Barcode* dapat memberikan kontribusi yang kuat untuk penelitian taksonomi dan keanekaragaman hayati.

DNA *Barcode* diperoleh dari gen CO1 yang ada pada semua makhluk hidup termasuk burung. Burung atau Aves merupakan salah satu kelas dari sistem klasifikasi yang telah banyak diteliti serta menghasilkan wawasan yang kuat mengenai evolusi, spesiasi, dan biologi populasi. Batas perbedaan spesies burung lebih mudah dan telah diteliti daripada pada kelompok hewan besar lainnya. Kemudahan dari spesifikasi burung membuat mereka menjadi kelompok kelas dalam klasifikasi yang cocok untuk mengeksplorasi ketepatan dan kemampuan DNA *Barcode* (Stoeckle, 2005).

Kajian DNA *Barcode* Elang Brontok sebelumnya telah diteliti oleh Ong, dkk (2010) menggunakan satu Elang Brontok. Penelitian tersebut hanya menggunakan salah satu *morph* dari tiga *morph* Elang Brontok yakni *light morph*, *intermediate morph* dan *dark morph*. Sementara itu Elang Jawa telah diteliti oleh Hermadiyanti pada tahun 2014, namun sekuen belum tercantum

dalam database CO1 GenBank NCBI, maupun BoLDSsystem. Oleh karena keterbatasan data tersebut, kedua burung ini perlu diteliti berdasarkan kajian molekuler *barcode*. Berawal dari kedua sampel yang memiliki keterbatasan data ini, maka dilakukan penelitian yang bertujuan untuk mengidentifikasi Elang Brontok dengan berbagai *morph* untuk mengetahui pengaruh perbedaan *morph* terhadap gen CO1 serta variasi. Selain itu akan dilakukan penelitian yang bertujuan untuk mengetahui karakteristik, variasi dan kekerabatan dari Elang Brontok dan Elang Jawa berdasarkan gen CO1.

B. Keaslian Penelitian

Genetik Elang telah diteliti oleh beberapa penelitian diantaranya Retnaningtyas dkk, (2014), Hermadhiyanti (2014), Lerner dan Mindell (2005) serta Ong dkk. (2011). Retnaningtyas dkk. (2014) meneliti filogenetik Elang Laut Perut Putih (*Haliaeetus leucogaster*). Penelitian ini terfokus pada identifikasi *Haliaeetus leucogaster* berupa analisis morfometrik dan *DNA Barcode* CO1. Analisis filogenetik oleh Retnaningtyas ini menggunakan program *DNA Baser* untuk mendapatkan sekuen konsensus *forward* dan *reverse*. Hasil konsensus dilanjutkan dengan analisis *software ClustalX* untuk membuat *multiple alignment* antara gen CO1 dari *BoLDSsystem* yaitu *Haliaeetus leucocephalus*, *Haliaeetus pelagicus*, *Haliaeetus albicilla* dan kelompok *outgroup Cathartes aura*. Rekonstruksi filogenetik menggunakan metode *Maximum Likelihood* menunjukkan bahwa *Haliaeetus leucogaster* dalam penelitian ini berkaitan erat dengan *Haliaeetus albicilla*, *Haliaeetus leucocephalus* dan *Haliaeetus pelagicus*.

Lerner dan Mindell (2005) melakukan satu penelitian berjudul *Phylogeny of eagles, Old World vultures, and other Accipitridae based on nuclear and mitochondrial DNA* (Filogenetik elang, burung heriang purba dan genus Accipitridae lainnya berdasarkan DNA inti dan DNA mitokondria). Penelitian tersebut membahas tentang hubungan antara burung pemangsa family Accipitridae menggunakan teknologi sekuen molekuler dari gen mitokondria (1047 basa ND2 dan 1041 basa cyt-b) dan satu intron (1074 basa β -fibrinogen intron 7). Sampel yang digunakan adalah 14 subfamili Accipitridae, dengan terfokus pada empat subfamili dari elang dan subfamili heriang purba. Pemilihan burung yang digunakan sebagai identifikasi kekerabatan menggunakan DNA ini berdasarkan pada morfologi dan jejak sejarah kehidupannya.

Penelitian oleh Lerner dan Mindell ini menunjukkan kladistik dari subfamili Haliaeetinea dan Aquilinae memiliki kekerabatan. Sedangkan subfamili Harpiinae, Circaetinae, dan Hering purba yang ditemukan tidak bermonofiletik. *Polyboroides typus* dan *Caerulescens geranospiza* diketahui tidak berkerabat dekat, seperti yang dihasilkan pada evolusi konvergen morfologi. Investigasi dari subspecies *Hieraaetus fasciatus* dan *H. morphnoides* mengungkapkan perbedaan genetik yang signifikan atau non-monofili. Pada genus *Spizaetus*, yaitu genus yang sebelumnya diakui yang sekarang menjadi *Nisaetus* menunjukkan adanya kekerabatan yang dekat antara *Spizaetus cirrhatus* dengan *Spizaetus lenceolatus*. Sedangkan hubungan kekerabatan antara *Spizaetus cirrhatus* dengan *Spizaetus alboniger* maupun *Spizaetus nipalensis* tidak begitu memiliki kekerabatan.

Hermadhiyanti (2014) melakukan penelitian yang berjudul Studi Filogenetik Elang Jawa (*Nisaetus bartelsi*) diantara Elang Genus *Nisaetus* Berdasarkan *Cytochrome-C Oxidase Subunit-1 (COI) DNA Barcode*. Penelitian dilakukan di Malang, Jawa Timur dari sampel BKSDA Jawa Timur namun sekuen CO1 tidak dimasukkan ke dalam *Database. DNA Barcode* menggunakan gen mitokondria CO1 dengan primer universal *Forward Bird F1* 5'-TTC TCC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3'' dan Primer *Reverse BirdR2* 5'-ACT ACA TGT GAG ATG ATT CCG AAT CCA G-3'. Analisis data menggunakan tiga metode yaitu *Maximum Likelihood* dan *Neighbor Joining*, dan *Minimum Evolution*. Filogenetik dari Elang Jawa ini dibandingkan dengan Elang lain yang bergenus sama yaitu Genus *Nisaetus*. Hasil dari penelitian ini menunjukkan bahwa Elang Jawa (*Nisaetus bartelsi*) berkerabat dekat dengan Elang Gunung (*Nisaetus alboniger*).

Ong, dkk., (2011) melakukan penelitian serupa yakni filogenetik Accipitridae yang ada di Filipina berdasarkan *DNA Barcode (DNA Barcodes of Philippine accipitrids)*. Dalam penelitian ini, *DNA Barcode* anggota keluarga Accipitridae, termasuk *Haliastur indus*, *Haliaeetus leucogaster*, *Ichthyophaga Ichthyaetus*, *Spilornis holospilus*, *Spizaetus philippensis* dan *Pithecophaga jefferyi* dilaporkan untuk pertama kalinya. Semua individu sampel disimpan di *Philippine Eagle Center di Davao City*, Filipina. Rekonstruksi filogenetik COI dibangun menggunakan metode *maksimum-likelihood* dan *neighbourjoining* dapat mendukung data monofili dari beberapa spesies dari Subfamili Aquilinae

dan subfamili Haliaeetinae bahwa spesies-spesies tersebut bukan termasuk ke dalam subfamili Milvinae.

C. Rumusan Masalah

1. Bagaimana perbandingan hasil amplifikasi menggunakan beberapa primer *DNA Barcode* untuk Elang?
2. Bagaimana karakteristik dan variasi sekuen dari sekuen CO1 Elang Brontok dan Elang Jawa?
3. Bagaimana filogenetik dan kekerabatan dari Elang Jawa dan Elang Brontok diantara Genus *Nisaetus* lainnya berdasarkan sekuen CO1?
4. Bagaimana filogenetik atau kekerabatan dari sekuen Elang Brontok dan Elang Jawa diantara famili Accipitridae lainnya di Indonesia menggunakan sekuen CO1?

D. Tujuan

1. Mengetahui primer yang cocok digunakan untuk menarget *DNA Barcode* sampel Elang Brontok.
2. Mengetahui karakteristik dan variasi sekuen dari sekuen CO1 Elang Brontok dan Elang Jawa?
3. Mengetahui filogenetik dan kekerabatan dari Elang Jawa dan Elang Brontok diantara Genus *Nisaetus* lainnya berdasarkan sekuen CO1.
4. Mengetahui filogenetik atau kekerabatan dari sampel Elang serta famili Accipitridae lain di Indonesia.

E. Manfaat

Beberapa manfaat yang diperoleh dari penelitian ini diantaranya adalah dari pohon filogenetik, dapat mengetahui kekerabatan terdekat pada Elang, sehingga dapat dilakukan berbagai upaya contohnya konservasi yang berkaitan dengan kesamaan habitat dan mengetahui kekerabatan dari genus *Nisaetus* di Asia serta famili *Accipitridae* di Indonesia. Sampel Elang Brontok dengan *morph* yang berbeda dapat diketahui variasi gennya. Selama penelitian ini juga digunakan beberapa primer sebagai uji primer yang cocok untuk sampel Elang, maka dari hasil uji ini dapat diketahui beberapa primer yang dapat digunakan untuk amplifikasi DNA dari sampel Elang. Hasil dari *barcoding* menggunakan fragmen CO1 dapat berkontribusi dalam koleksi plasma nutfah Elang Brontok dan Elang Jawa.