

## Keterbatasan Data Molekuler Pada Burung Kakatua Raja (*Probosciger aterrimus* Gmelin, 1788): Dampak pada Konservasi

Shovinda Rahmadina (1), Djong Hon Tjong (1), Anik Budhi Dharmayanthi (2)

<sup>1</sup>Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Andalas

<sup>2</sup>Museum Zoologicum Bogoriense, Pusat Riset Biosistemika dan Evolusi (PRBE), Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN), Jl. Raya Jakarta-Bogor, Km. 46, Cibinong, 16911

[shovindarahmadina@gmail.com](mailto:shovindarahmadina@gmail.com) (1), [djonghontjong@sci.unand.ac.id](mailto:djonghontjong@sci.unand.ac.id) (2),  
[anik.budhi.dharmayanthi@gmail.com](mailto:anik.budhi.dharmayanthi@gmail.com) (3)

### ABSTRAK

*Probosciger aterrimus* atau kakatua raja merupakan spesies burung kakatua yang menghadapi ancaman konservasi akibat deforestasi, perdagangan ilegal, dan tingkat reproduksi yang rendah. Kajian ini bertujuan untuk menelaah literatur terkait genetika molekuler guna memahami struktur populasi serta implikasi konservasinya. Studi terdahulu menunjukkan adanya perbedaan genetik yang signifikan antarpopulasi, yang dapat berdampak pada strategi konservasi, terutama dalam translokasi dan program pemuliaan berbasis konservasi. Namun, keterbatasan data molekuler masih menjadi tantangan dalam pengelolaan spesies ini. Selain itu, kurangnya pemetaan genetik dapat meningkatkan risiko hilangnya adaptasi lokal atau *outbreeding depression* akibat pencampuran populasi yang tidak sesuai. Oleh karena itu, penelitian lebih lanjut menggunakan teknologi genomik seperti *Next-Generation Sequencing* (NGS) dan *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs) diperlukan untuk memastikan strategi konservasi yang lebih efektif. Kajian ini menekankan pentingnya pendekatan berbasis genetika dalam perlindungan jangka panjang *P. aterrimus* serta perancangan kebijakan konservasi yang lebih akurat.

**Kata kunci:** Genetika Molekuler, Konservasi, *Probosciger aterrimus*, Struktur Populasi

### ABSTRACT

*Probosciger aterrimus*, or the palm cockatoo, is a parrot species facing conservation threats due to deforestation, illegal trade, and low reproductive rates. This study aims to review the literature on molecular genetics to understand population structure and its conservation implications. Previous studies have revealed significant genetic differences between populations, which may impact conservation strategies, particularly in translocation and conservation-based breeding programs. However, the lack of molecular data remains a challenge in managing this species. Additionally, inadequate genetic mapping increases the risk of losing local adaptations or outbreeding depression due to unsuitable population mixing. Therefore, further research utilizing genomic technologies such as Next-Generation Sequencing (NGS) and Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) is essential to ensure more effective conservation strategies. This review highlights the importance of a genetics-based approach in the long-term protection of *P. aterrimus* and the development of more precise conservation policies.

**Keywords:** Conservation, Molecular Genetics, Population Structure, *Probosciger aterrimus*

## I. PENDAHULUAN

### 1. Latar Belakang

*Probosciger aterrimus* atau kakatua raja merupakan kelompok burung paruh bengkok dan menjadi spesies burung kakatua terbesar (Forshaw, 2006). Memiliki distribusi yang luas, mencakup hutan hujan tropis di Papua, Kepulauan Aru, dan Australia bagian utara. Meski memiliki jangkauan geografis yang luas, spesies ini menghadapi ancaman konservasi yang semakin meningkat akibat tingkat keberhasilan reproduksi yang rendah, deforestasi, perdagangan ilegal, dan fragmentasi habitat (BirdLife International, 2023). Deforestasi yang terjadi akibat ekspansi perkebunan kelapa sawit dan aktivitas pertambangan, terutama di Papua, mengakibatkan penurunan kawasan hutan primer yang menjadi habitat utama burung-burung tersebut (Bird et al., 2020). Selain itu, perdagangan ilegal burung paruh bengkok masih berlangsung meskipun adanya regulasi internasional seperti *Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora* (CITES) (Cahill et al., 2006). Di samping ancaman antropogenik tersebut, kurangnya data molekuler yang komprehensif semakin memperumit upaya konservasi spesies ini. Studi genetika molekuler telah terbukti penting dalam memahami struktur populasi dan diferensiasi genetik pada spesies dengan distribusi luas, seperti pada burung beo *Amazona vittata* dan *Ara macao*, di mana identifikasi unit evolusi signifikan (*Evolutionarily Significant Units*, ESUs) telah membantu perancangan strategi konservasi yang lebih spesifik (Kolchanova et al., 2021). Pendekatan berbasis DNA mitokondria dan *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs) telah berhasil mengungkap adanya perbedaan genetik yang signifikan antara populasi yang secara morfologis serupa (Toews dan Brelsford, 2012). Namun, dalam kasus *P. aterrimus*, penelitian genetika yang komprehensif masih sangat terbatas. Kurangnya pemahaman tentang variasi genetik dalam populasi liar berpotensi menyebabkan pengambilan keputusan konservasi yang kurang tepat, terutama dalam program translokasi atau pemuliaan berbasis konservasi (Frankham et al., 2017). Selain itu, tanpa pemetaan genetik yang memadai, translokasi individu antarhabitat berisiko menyebabkan hilangnya adaptasi lokal atau *outbreeding depression*, yang dapat mengurangi ketahanan populasi terhadap perubahan lingkungan (Weeks et al., 2011). Oleh karena itu, studi genetika yang mendalam sangat diperlukan untuk memahami dinamika populasi *P. aterrimus* dan mengembangkan strategi perlindungan yang berbasis bukti ilmiah.

### 2. Perumusan Masalah

Rumusan masalah pada penelitian ini adalah bagaimana kesenjangan penelitian dalam pemanfaatan data molekuler untuk konservasi *P. aterrimus* dan bagaimana pentingnya pendekatan molekuler dalam perancangan strategi konservasi yang lebih efektif.

### 3. Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi kesenjangan penelitian dalam pemanfaatan data molekuler untuk konservasi *P. aterrimus* dan menyoroti pentingnya pendekatan molekuler dalam perancangan strategi konservasi yang lebih efektif.

### 4. Manfaat Penelitian

Hasil dari penelitian ini diharapkan dapat menyediakan landasan ilmiah yang kuat bagi penelitian selanjutnya, terutama dalam bidang molekuler dan konservasi burung.

## II. METODE

Pencarian sumber untuk kajian literatur ini dilakukan dengan menggunakan berbagai database ilmiah dan organisasi konservasi. Metode pencarian literatur melibatkan:

- a. Jurnal ilmiah yang diperoleh dari database Google Scholar, PubMed, dan Scopus.

- b. Laporan konservasi dari organisasi internasional seperti BirdLife International, International Union for Conservation of Nature (IUCN), dan Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora (CITES).
- c. Disertasi dan tesis akademik yang relevan dengan studi molekuler dan konservasi burung paruh bengkok.

Kriteria inklusi:

- a. Studi terkini untuk memastikan relevansi dengan perkembangan teknologi molekuler terbaru.
- b. Penelitian yang membahas aspek genetika, filogeografi, atau konservasi burung paruh bengkok, terutama *P. aterrimus*.
- c. Studi yang menggunakan pendekatan molekuler dalam analisis struktur populasi dan variasi genetik.

Kriteria eksklusif:

- a. Studi yang tidak menggunakan pendekatan molekuler atau tidak berkaitan langsung dengan konservasi *P. aterrimus*.
- b. Artikel yang tidak tersedia dalam Bahasa Inggris atau Bahasa Indonesia jika tidak dapat diverifikasi kredibilitasnya.

### III. HASIL DAN PEMBAHASAN

Literatur yang telah dievaluasi dan memenuhi kriteria inklusi berjumlah delapan artikel penelitian. Hasil dari penelusuran literatur dapat dilihat pada Tabel 1.

**Tabel 1. Hasil Penelusuran Literatur**

Judul Penelitian	Penulis	Tahun Publikasi	Ringkasan Temuan
<i>The phylogeography of palm cockatoos, Probosciger aterrimus, in the dynamic Australo-Papuan region</i>	Murphy, S. A., Double, M. C., & Legge, S. M.	2007	Mengidentifikasi dua garis keturunan genetik utama pada <i>P. aterrimus</i> , yaitu di Papua bagian barat dan Papua bagian timur. Ditemukan perbedaan genetik sebesar 3,3% pada Control Region mitokondria antara populasi ini. Kedua populasi sebaiknya dikelola sebagai unit konservasi terpisah.
<i>Genomic population structure aligns with vocal dialects in Palm Cockatoos (Probosciger aterrimus); evidence for refugial late-Quaternary distribution?</i>	Keighley, M. V., Heinsohn, R., Langmore, N. E., Murphy, S. A., & Peñalba, J. V.	2019	Struktur populasi genomik pada <i>P. aterrimus</i> , sejalan dengan variasi dialek vokal, menunjukkan hubungan antara perbedaan genetik dan budaya vokal yang dapat berdampak pada strategi konservasi.
<i>Subspecies identification with mtDNA and morphometrics in captive palm</i>	Bussière, H., Mulot, B., Ruivo, E. B., & Pasquet, E.	2014	Evaluasi penggunaan DNA mitokondria dan morfometri dalam mengidentifikasi subspecies <i>P. aterrimus</i> di penangkaran, menunjukkan

Rahmadina S, Hon Tjong D, Budhi Dharmayanthi A : Keterbatasan Data Molekuler Pada Burung Kakatua Raja ((*Probosciger aterrimus* Gmelin, 1788): Dampak pada Konservasi

<i>cockatoos, Probosciger aterrimus</i>			bahwa pendekatan molekuler meningkatkan akurasi klasifikasi subspecies.
<i>Advancing genetic methods in the study of parrot biology and conservation</i>	Olah, G., Smith, B. T., Joseph, L., Banks, S. C., & Heinsohn, R.	2021	Menekankan pentingnya metode genetik dalam konservasi burung paruh bengkok, termasuk <i>P. aterrimus</i> , untuk menghindari perkawinan sedarah dan menjaga keanekaragaman genetik.
<i>Revised evolutionary and taxonomic synthesis for parrots (Order: Psittaciformes) guided by phylogenomic analysis</i>	Smith, B. T., Thom, G., & Joseph, L.	2024	Mengkaji ulang evolusi dan taksonomi burung paruh bengkok.
<i>The breeding biology of palm cockatoos (Probosciger aterrimus): a case of a slow life history</i>	Murphy, S., Legge, S., & Heinsohn, R.	2003	Menunjukkan bahwa <i>P. aterrimus</i> memiliki tingkat reproduksi yang lambat, dengan puncak peneluran pada bulan September, yang dapat memengaruhi pemulihan populasi dan kebijakan konservasi.
<i>The ecology and conservation biology of palm cockatoos Probosciger aterrimus</i>	Murphy, S. A.	2005	Disertasi doktoral yang membahas ekologi dan konservasi <i>P. aterrimus</i> , menyoroti dinamika populasi dan ancaman yang dihadapi untuk mendukung strategi konservasi yang lebih efektif.
<i>Palm Cockatoo Probosciger aterrimus Species Factsheet</i>	BirdLife International	2023	Fakta spesies ini mencakup distribusi, status konservasi, dan ancaman terhadap <i>P. aterrimus</i> . Bukti menunjukkan adanya penurunan populasi yang signifikan di beberapa wilayah, terutama di Australia.

Studi terbaru mengungkapkan adanya perbedaan genetik yang signifikan antara populasi *P. aterrimus* di Australia dan Papua, yang menunjukkan kemungkinan divergensi evolusioner lebih dalam daripada yang diperkirakan sebelumnya. Analisis molekuler berbasis DNA mitokondria dan inti telah menunjukkan bahwa populasi yang terisolasi secara geografis dalam jangka waktu panjang sering mengalami diferensiasi genetik akibat tekanan seleksi yang berbeda (Toews dan Brelsford, 2012). Implikasi dari perbedaan genetik ini sangat krusial dalam upaya konservasi, karena masing-masing populasi mungkin telah mengembangkan adaptasi unik terhadap lingkungan lokalnya. Jika strategi konservasi tidak mempertimbangkan perbedaan ini, tindakan seperti translokasi atau pemuliaan berbasis konservasi dapat menimbulkan risiko *outbreeding depression*, yaitu hilangnya adaptasi spesifik yang dapat menurunkan kelangsungan hidup individu dalam habitat yang berbeda (Frankham et al., 2017). Selain itu, pemetaan struktur genetik antarpopulasi berperan penting dalam mencegah kesalahan klasifikasi taksonomi yang dapat memengaruhi regulasi perdagangan satwa liar di bawah perjanjian konservasi internasional seperti CITES (Shepherd et al., 2012). Dengan berkembangnya teknologi molekuler seperti *Next-Generation Sequencing* (NGS) dan *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), analisis studi lebih lanjut dapat memberikan pemahaman yang lebih mendalam mengenai dinamika genetik populasi *P. aterrimus* serta membantu dalam menentukan unit manajemen konservasi yang lebih akurat. Oleh karena itu, penelitian genetik yang lebih ekstensif sangat diperlukan untuk memastikan bahwa kebijakan konservasi yang diterapkan benar-benar mencerminkan kebutuhan spesifik masing-masing populasi, sehingga meningkatkan efektivitas perlindungan spesies ini dalam jangka panjang.

### **Kurangnya Data Genomik dan Dampaknya terhadap Konservasi**

Kurangnya data molekuler dalam identifikasi subspecies atau populasi *P. aterrimus* menjadi tantangan serius dalam upaya konservasi dan pemahaman keanekaragaman genetik spesies ini. Dalam banyak kasus, diferensiasi taksonomi burung kakatua masih didasarkan pada karakter morfologi dan distribusi geografis, yang sering kali tidak cukup untuk mengungkap struktur populasi yang sebenarnya (Murphy et al., 2007). Studi pada berbagai spesies burung menunjukkan bahwa perbedaan morfologi tidak selalu mencerminkan divergensi genetik yang signifikan, sehingga analisis molekuler sangat diperlukan untuk memastikan apakah suatu populasi memiliki status taksonomi yang unik atau hanya merupakan variasi fenotip dalam satu kesatuan genetik (Toews & Brelsford, 2012). Kurangnya data genomik telah menjadi hambatan utama dalam menentukan taksonomi subspecies *P. aterrimus*, yang pada gilirannya dapat memengaruhi kebijakan konservasi dan manajemen populasi spesies ini. Taksonomi yang tidak akurat berpotensi mengarah pada kegagalan dalam mengidentifikasi ESUs yang penting untuk perencanaan konservasi berbasis genetik (Moritz, 1994). Studi sebelumnya yang menggunakan data DNA mitokondria dan morfometri telah mencoba membedakan populasi *P. aterrimus*, tetapi keterbatasan metode ini dalam mendeteksi variasi genomik yang lebih luas menimbulkan ketidakpastian mengenai jumlah dan distribusi subspecies (Murphy et al., 2007). Di Australia, misalnya, populasi *P. aterrimus* di Semenanjung Cape York menunjukkan perbedaan vokal yang signifikan dibandingkan dengan populasi di Pulau Papua, yang dapat menjadi indikasi diferensiasi genetik yang belum sepenuhnya dikonfirmasi secara molekuler (Keighley et al., 2019). Tanpa data genomik yang memadai, pemetaan filogeografi spesies ini tetap bersifat spekulatif dan risiko pencampuran genetik akibat program penangkaran atau translokasi antarpopulasi menjadi lebih tinggi. Kekurangan data ini juga berdampak pada pemahaman terhadap sejarah evolusi spesies. Studi genetik pada burung paruh bengkok lainnya, seperti kakatua jambul kuning (*Cacatua galerita*), menunjukkan bahwa data genomik dapat mengungkap pola penyebaran dan

Rahmadina S, Hon Tjong D, Budhi Dharmayanthi A : Keterbatasan Data Molekuler Pada Burung Kakatua Raja ((*Probosciger aterrimus* Gmelin, 1788): Dampak pada Konservasi

isolasi populasi yang tidak terdeteksi oleh pendekatan morfologi semata (White et al., 2011).

#### IV. KESIMPULAN

Data molekuler sangat terbatas dalam studi tentang *P. aterrimus*, yang berdampak pada ketepatan strategi konservasi. Beberapa pendekatan genetik modern belum diterapkan secara luas dalam pemantauan populasi spesies ini. Studi genomik lebih lanjut perlu dilakukan untuk mengklarifikasi struktur populasi dan subspecies.

#### DAFTAR PUSTAKA

- Bird, J. P., Martin, R., Akçakaya, H. R., Gilroy, J., Burfield, I. J., Garnett, S. T., & Butchart, S. H. (2020). Generation lengths of the world's birds and their implications for extinction risk. *Conservation Biology*, 34(5), 1252-1261.
- BirdLife International. 2023. *Probosciger aterrimus*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2023:e.T22684723A221314898.<https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.20231.RLTS.T22684723A221314898.en>. Accessed on 08 June 2024.
- Bussière, H., Mulot, B., Ruivo, E. B., & Pasquet, E. (2014). Subspecies identification with mtDNA and morphometrics in captive palm cockatoos, *Probosciger aterrimus*. *Journal of Zoo and Aquarium Research*, 2(1), 1-7.
- Cahill, A. J., Walker, J. S., & Marsden, S. J. (2006). Recovery within a population of the Critically Endangered citron-crested cockatoo *Cacatua sulphurea citrinocristata* in Indonesia after 10 years of international trade control. *Oryx*, 40(2), 161-167.
- Forshaw, J. M., & Knight, F. (2006). *Parrots of the world: an identification guide*. Illustrated by [Frank Knight](#). Princeton University Press. ISBN 978-0-691-09251-5
- Frankham, R., Ballou, J. D., Ralls, K., Eldridge, M., Dudash, M. R., Fenster, C. B., ... & Sunnucks, P. (2017). *Genetic management of fragmented animal and plant populations*. Oxford University Press.
- Keighley, M. V., Heinsohn, R., Langmore, N. E., Murphy, S. A., & Peñalba, J. V. (2019). Genomic population structure aligns with vocal dialects in Palm Cockatoos (*Probosciger aterrimus*); evidence for refugial late-Quaternary distribution?. *Emu-Austral Ornithology*, 119(1), 24-37.
- Kolchanova, S., Komissarov, A., Kliver, S., Mazo-Vargas, A., Afanador, Y., Velez-Valentín, J., ... & Majeske, A. J. (2021). *Molecular Phylogeny and Evolution of Amazon Parrots in the Greater Antilles*. *Genes* 2021, 12, 608.
- Moritz, C. (1994). Defining 'evolutionarily significant units' for conservation. *Trends in ecology & evolution*, 9(10), 373-375.
- Murphy, S. A. (2005). The ecology and conservation biology of palm cockatoos *Probosciger aterrimus*. (Doctoral dissertation). James Cook University, Australia
- Murphy, S. A., Double, M. C., & Legge, S. M. (2007). The phylogeography of palm cockatoos, *Probosciger aterrimus*, in the dynamic Australo-Papuan region. *Journal of Biogeography*, 34(9), 1534-1545.
- Olah, G., Smith, B. T., Joseph, L., Banks, S. C., & Heinsohn, R. (2021). Advancing genetic methods in the study of parrot biology and conservation. *Diversity*, 13(11), 521.
- Shepherd, C. R., Stengel, C. J., & Nijman, V. (2012). The export and re-export of CITES-listed birds from the Solomon Islands. *TRAFFIC Southeast Asia, Petaling Jaya, Selangor, Malaysia*.

Rahmadina S, Hon Tjong D, Budhi Dharmayanthi A : Keterbatasan Data Molekuler Pada Burung Kakatua Raja ((*Probosciger aterrimus* Gmelin, 1788): Dampak pada Konservasi

Smith, B. T., Thom, G., & Joseph, L. (2024). Revised evolutionary and taxonomic synthesis for parrots (Order: Psittaciformes) guided by phylogenomic analysis. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 2024(468), 1-87.

Toews, D. P., & Brelsford, A. (2012). The biogeography of mitochondrial and nuclear discordance in animals. *Molecular ecology*, 21(16), 3907-3930.

Weeks, A. R., Sgro, C. M., Young, A. G., Frankham, R., Mitchell, N. J., Miller, K. A., ... & Hoffmann, A. A. (2011). Assessing the benefits and risks of translocations in changing environments: a genetic perspective. *Evolutionary applications*, 4(6), 709-725.

Accepted Date	Revised Date	Decided Date	Accepted to Publish
10 Maret 2025	14 Maret 2025	24 Maret 2025	Ya