

**DETERMINASI JENIS KELAMIN DAN FILOGENETIK
CENDERAWASIH KUNING-KECIL (*Paradisaea minor* Shaw, 1809)**

Hapiz Al Khairi

22/509611/PBI/01906

ABSTRAK

Cenderawasih kuning-kecil (*Paradisaea minor*) sedang mengalami penurunan populasi akibat perburuan dan perdagangan secara illegal, dan dicari dalam keadaan hidup ataupun mati. Tujuan dari penelitian ini adalah menguji metode *molecular sexing* dengan marker gen *CHD1* dan menganalisis filogenetik dengan kombinasi marker *Cyt-b+D-loop* sebagai upaya mendukung usaha konservasi burung ini. Sebanyak 11 sampel awetan bulu dan jaringan dianalisis untuk *molecular sexing* dan 4 sampel untuk rekonstruksi filogenetik menggunakan *Neighbor-joining* dengan program MEGA11 dan analisis *Bayesian Inference* dengan program BEAST. Identifikasi mutasi, komposisi dan perhitungan variasi nukleotida, serta perhitungan jarak genetik dengan metode *Kimura Two-Parameter* (K2P). Verifikasi sekuens dilakukan pada database di Genbank (BLAST). *Jmodel test 2.1* untuk analisis model rekonstruksi filogenetik yang paling cocok. Hasil penelitian telah berhasil memverifikasi seluruh jenis kelamin individu dengan metode molekuler. Variasi genetik pada intraspecies cenderawasih memiliki nilai 0.0069-0.0356. Spesies yang masih berkerabat dekat dengan *Paradisaea* adalah *Tesiphone paradisi* dan *Symposiachrus* yang masih saling berbagi ciri morfologi yang sama. Filogenetik yang didapatkan untuk *D-loop region* lebih berperan besar dalam diskriminasi spesies cenderawasih. *Concatinated sequence* dari *Cyt-b+D-loop* yang digunakan pada penelitian ini masih belum terlalu jelas untuk mendiskriminasi *minor-raggiana*. Namun demikian, pohon filogenetik yang dibangun dengan analisis Bayesian telah mampu memisahkan kedua spesies ini. Kedepannya disarankan untuk mengeksplorasi *D-loop region* lainnya dengan harapan akan mampu menyelesaikan kompleksitas klade *apoda-minor-raggiana*. Sehingga, strategi konservasi burung ini dapat direncanakan dengan lebih baik.

Kata kunci: *Paradisaea minor*, *Lesser bird-of-paradise*, *CHD1*, *Cyt-b*, *D-loop region*, Filogenetik, Evolusi.

MOLECULAR SEXING AND PHYLOGENETICS OF LESSER BIRD-OF-PARADISE (*Paradisaea minor* Shaw, 1809)

Hapiz Al Khairi

22/509611/PBI/01906

ABSTRACT

Lesser bird-of-paradise (*Paradisaea minor*) is experiencing a decline in population due to illegal hunting and trafficking and is being sought alive or dead. The study aimed to test molecular sexing methods with *CHD1* gene markers and phylogenetic analysis with a combination of *Cyt-b+D-loop* markers as an attempt to support the conservation efforts of these birds. A total of dry 11 feathers and tissue samples were analyzed for molecular sexing and 4 samples for phylogenetic reconstruction using Neighbor-joining with the MEGA11 program and Bayesian Inference analysis with the BEAST program. Identification of mutations, composition, and calculation of nucleotide variations, as well as genetic distance calculation with the Kimura Two-Parameter method (K2P). Sequence verification is done on the database in Genbank (BLAST). Jmodel test 2.1 for analysis of the most suitable phylogenetic reconstruction model. The research results have successfully verified the entire gender of the individual by molecular methods. The genetic variation in the intraspecies of the Lesser bird-of-paradise sample has a value ranging from 0.0069 to 0.0356. Species closely related to *Paradisaea* are the *Tesiphone paradisi* and the *Symposiachrus* which still share the same morphological traits. The phylogenetics obtained for the *D-loop* region plays a bigger role in the discrimination of Bird-of-Paradise species. The concatenated sequence of the *Cyt-b+D-loop* used in this study is still unclear to discriminate *minor-raggiata*. However, phylogenetic trees constructed using Bayesian analysis have been able to separate these two species. In the future, we suggest exploring other *D-loop* regions to solve the complexity of the clades of *apoda-minor-raggiata*. So, this bird conservation strategy can be better planned.

Keywords: *Paradisaea minor*, Lesser bird-of-paradise, *CHD1*, *Cyt-b*, *D-loop* region, Phylogenetic, Evolution.