UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Filogenetik Kakatua Seram Cacatua moluccensis (Gmelin, 1788) menggunakan Marker Gen 12S rRNA
Siti Nurliah, Dr. Dwi Sendi Priyono, S.Si., M.Si.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

FILOGENETIK KAKATUA SERAM *Cacatua moluccensis* (Gmelin, 1788) MENGGUNAKAN MARKER GEN *12S* rRNA

Siti Nurliah
22/502528/BI/11065
Dosen Pembimbing: Dr. Dwi Sendi Priyono, S.Si., M.Si.

INTISARI

Kakatua Seram (*Cacatua moluccensis*) merupakan burung endemik Pulau Seram yang populasinya terus mengalami penurunan akibat perburuan, perdagangan ilegal, dan kerusakan habitat alami, terutama pada kawasan hutan hujan dataran rendah. Kondisi tersebut menyebabkan spesies ini dikategorikan sebagai satwa terancam punah (*Endangered/EN*) oleh *International Union for Conservation of Nature*. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi serta menganalisis hubungan kekerabatan *Cacatua moluccensis* dalam genus *Cacatua* menggunakan marker gen *12S* rRNA. Penelitian menggunakan lima sampel *Cacatua moluccensis* yang dianalisis dengan data referensi dari GenBank. Analisis filogenetik dilakukan dengan *Bayesian inference* menggunakan perangkat lunak BEAST dengan pendekatan *Markov Chain Monte Carlo* (MCMC). Hasil analisis menunjukkan bahwa seluruh sampel *Cacatua moluccensis* dan data referensi GenBank membentuk klad monofiletik dengan dukungan nilai posterior probability sebesar 0,82 yang menunjukkan adanya hubungan kekerabatan dekat dalam satu spesies. Analisis filogenetik juga menunjukkan bahwa *Cacatua alba* merupakan sister group terdekat dari *Cacatua moluccensis*. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa marker gen *12S* rRNA dapat mendukung identifikasi spesies dan memberikan informasi hubungan filogenetik. Informasi filogenetik yang diperoleh dapat menjadi data pendukung dalam upaya konservasi dan pemahaman hubungan kekerabatan spesies *Cacatua moluccensis.*

KATA KUNCI: analisis filogenetik, gen *12S*, kakatua seram

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Filogenetik Kakatua Seram Cacatua moluccensis (Gmelin, 1788) menggunakan Marker Gen 12S rRNA
Siti Nurliah, Dr. Dwi Sendi Priyono, S.Si., M.Si.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

PHYLOGENETIC OF THE SERAM COCKATOO *Cacatua moluccensis* (Gmelin, 1788) USING THE *12S* rRNA GENE MARKER

Siti Nurliah
22/502528/BI/11065
Supervisor: Dr. Dwi Sendi Priyono, S.Si., M.Si.

ABSTRACT

The Seram cockatoo (*Cacatua moluccensis*) is a bird endemic to Seram Island whose population continues to decline due to hunting, illegal trade, and the destruction of its natural habitat, particularly in lowland rainforest areas. These conditions have led the *International Union for Conservation of Nature* to classify this species as *Endangered* (EN). The objective of this study was to identify and analyze the phylogenetic relationships of *Cacatua moluccensis* within the genus *Cacatua* using the *12S* rRNA gene marker. The study utilized five *Cacatua moluccensis* samples analyzed against reference data from GenBank. Phylogenetic analysis was performed using the *Bayesian inference* method with the BEAST software and the *Markov Chain Monte Carlo* (MCMC) approach. The results of the analysis show that all *Cacatua moluccensis* samples and the GenBank reference data form a monophyletic clade with a posterior probability of 0.82, indicating a close phylogenetic relationship within a single species. Phylogenetic analysis also showed that *Cacatua alba* is the closest sister group to *Cacatua moluccensis*. The results of this study indicate that the *12S* rRNA gene marker can support species identification and provide information on phylogenetic relationships. The phylogenetic information obtained can serve as supporting data for conservation efforts and for understanding the phylogenetic relationships of the *Cacatua moluccensis* species.

Keywords: *12S* gene, phylogenetic analysis, seram cockatoo