

## RINGKASAN

Strigidae merupakan salah satu famili Ordo Strigiformes yang terus mengalami perubahan taksonomi. Hal ini terjadi akibat adanya revisi taksonomi dan penemuan spesies baru. Perubahan ini dapat berdampak pada sulitnya manajemen konservasi burung hantu. Identifikasi berdasarkan karakter morfologi pada burung hantu sulit dilakukan karena variasi morfologi antar spesies sangat rendah. Oleh karena itu, identifikasi burung hantu secara molekuler perlu dilakukan. Aplikasi DNA *barcoding* sebagai alat identifikasi hewan memanfaatkan sekuen spesifik DNA mitokondria. Penelitian ini menggunakan sekuen penanda MtDNA *Cytochrome C Oxidase Subunit I* (COI) dan *Cytochrome b* (Cytb). Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui keragaman taksonomik spesies burung hantu pada Famili Strigidae menggunakan teknik *DNA barcoding*.

Penelitian ini dilakukan di Laboratorium Genetika, Pusat Riset Biosistemika dan Evolusi, BRIN selama 10 bulan. Metode penelitian yang digunakan adalah metode kuantitatif untuk menghitung jarak genetik intra-spesifik dan inter-spesifik serta mengetahui konstruksi filogenetik burung hantu famili Strigidae berdasarkan sekuen nukleotida DNA mitokondria Cytb dan COI. Penelitian ini bermanfaat sebagai acuan penentu upaya konservasi genetik yang efektif dalam manajemen konservasi burung melalui *barcode* DNA dengan gen penanda Cytb dan COI. Variabel bebas penelitian ini adalah *barcode* penanda DNA mitokondria COI dan Cytb. Variabel terikat penelitian ini keragaman spesies dan hubungan kekerabatan anggota Famili Strigidae. Parameter penelitian yang akan dihitung adalah jarak genetik intraspesies, interspesies anggota Famili Strigidae. Jarak genetik dan konstruksi filogenetik famili Strigidae dianalisis menggunakan *software* MEGA 11.

Berdasarkan hasil penelitian hanya terdapat 7 sampel yang dapat digunakan untuk konstruksi filogenetik. Hal ini diduga disebabkan oleh kualitas DNA dan hasil sekuensing yang buruk dilihat dari kromatogram yang memiliki *peak* rendah, *overlapping* dan *noise background* lebih dari 20%. Faktor yang dapat mempengaruhi hasil ini antara lain kualitas. Terbentuknya *multiple band* dan *smear* yang menunjukkan DNA terfragmentasi. Sampel AG 7305, AG 788, dan AG 1796 terkonfirmasi sebagai spesies *Otus angelinae*, *Ketupa ketupu*, dan *Ketupa ketupu* berdasarkan hasil BLAST dengan nilai similaritas 99,60%, 98,76%, dan 98,74%, *query cover* 96%, 100%, dan 100%, serta *e-value* untuk ketiga sampel tersebut sebesar 0,0. Sampel AG 706, 743, 713, dan 777 memiliki nilai similaritas dibawah 97%. Terdapat inkonsistensi percabangan *O. lempiji* dan *O. angelinae* pada konstruksi filogenetik Cytb dan COI dengan jarak genetik pada Cytb sebesar 10% dan COI sebesar 0,2%. Berdasarkan konstruksi filogenetik Cytb *O. angelinae* dan *O. lettia* monofiletik dengan nilai jarak genetik 3,6% sedangkan pada COI *O. angelinae* monofiletik dengan *O. lempiji* serta memiliki nilai jarak genetik sebesar 0,2%. Genus *Bubo* berkerabat dekat dengan genus *Ketupa*.

Kata kunci: *COI*, *Cytb*, *DNA Barcoding*, *Strigidae*.

## SUMMARY

Strigidae is one of the families of Strigiformes Order which undergo continuous taxonomic changes. This happened due to taxonomy revisions and the discovery of new species. These changes make owl conservation management become challenging. Owls identification based on morphological characters is difficult to apply due to the low morphological variation among species. Therefore, molecular identification of owls could be the solution. The application of DNA barcoding as an animal identification tool utilizes specific mitochondrial DNA sequences. This study used the MtDNA marker sequences Cytochrome C Oxidase Subunit I (COI) and Cytochrome b (Cytb). The aim of this research is to determine the taxonomic diversity of owl species in the Strigidae family using DNA barcoding techniques.

This research was carried out at the Genetics Laboratory, Research Centre for Biosystematics and Evolution, BRIN for ten months. The research method used is a quantitative method to calculate intraspecific and interspecific genetic distances and determine the phylogenetic construction of Strigidae family based on the MtDNA marker sequences Cytb and COI. The research could be used as a reference for determining effective bird genetic conservation efforts. The independent variables were the MtDNA marker sequences Cytb and COI. The dependent variables were species diversity and the kinship relationships among Strigidae species members. The research parameters were intraspecies, interspecies genetic distances and monophyly of species of the Strigidae family. Genetic distance and phylogenetic construction of the Strigidae family were analyzed using MEGA 11 software.

Based on the results, there were only 7 samples that could be used to construct a phylogenetic tree. This result could be caused by poor DNA quality and bad sequencing results which have low chromatogram peaks, overlapping and more than 20% of background noise. The formation of multiple bands and smears indicate fragmented DNA. Samples AG 7305, AG 788, and AG 1796 were confirmed as *Otus angelinae*, *Ketupa ketupu*, and *Ketupa ketupu* based on BLAST results with similarity values of 99.60%, 98.76%, and 98.74%, query cover 96%, 100 %, and 100%, and the e-value for the three samples is 0.0. Samples AG 706, 743, 713, and 777 have similarity values below 97%. There is an inconsistent result of *Otus lempiji* and *O. angelinae* in the phylogenetic construction of Cytb and COI with a genetic distance in Cytb is 10% and COI is 0,2%. Based on the phylogenetic construction of Cytb *O. angelinae* is monophyly with *O. lettia* with a genetic distance value of 3.6%, while in COI *O. angelinae* is monophyly with *O. lempiji* with a genetic distance value of 0.2%. The genus *Bubo* is closely related to the genus *Ketupa*.

Key words: COI, Cytb, DNA Barcoding, Strigidae