

BAB I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Trenggiling (*Manis javanica* Desmarest, 1822) merupakan salah satu spesies mamalia unik bersisik dari famili Manidae yang dapat ditemukan di Indonesia dengan wilayah sebaran meliputi Pulau Sumatra, Jawa, Kalimantan dan pulau-pulau sekitarnya (Corbert dan Hill, 1992). *M. javanica* termasuk satwa yang dilindungi dalam Peraturan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan Nomor 106 tahun 2018 dan dikategorikan sebagai spesies kritis dalam IUCN (*Internasional Union for Conservation of Nature*) (Newton *et al.*, 2008). Pengkategorian *M. javanica* ke dalam satwa kritis karena populasi yang mengalami penurunan selama dua dekade ini (Challender *et al.* 2019).

Salah satu faktor penyebab penurunan populasi pada spesies *M. javanica* ini adalah perburuan liar. Perburuan liar terjadi karena tingginya permintaan masyarakat terhadap daging serta sisik *M. javanica*. Pada tahun 2010 hingga 2015 telah terjadi penyitaan sebanyak 111 kali dengan perkiraan 32.632 ekor *M. javanica* berupa tubuh utuh, daging, sisik dan kulit (TRAFFIC, 2017). Penurunan populasi disertai dengan wilayah jelajah *M. javanica* yang tidak luas (Lim dan Ng, 2008) dapat membatasi aliran gen dan beresiko meningkatkan *inbreeding* yang akan menurunkan diversitas genetik (Keller dan Waller, 2002).

Diversitas genetik merupakan perbedaan yang terjadi pada genom suatu organisme baik pada basa nukleotida, alel, gen atau kromosom (Harrison *et al.*, 2004). Informasi mengenai diversitas genetik penting untuk menentukan kemampuan bertahan suatu populasi dari kepunahan dan sebagai dasar untuk menentukan strategi

konservasi (Pierson *et al.*, 2016; Hua *et al.*, 2016). Informasi mengenai diversitas genetik juga berguna sebagai acuan dalam pelepasliaran *M. javanica* hasil sitaan yang tidak diketahui asalnya. Salah satu parameter dalam analisis diversitas genetik adalah diversitas haplotipe. Haplotipe merupakan variasi basa tunggal dalam sekuens DNA diantara individu (Frankham *et al.*, 2010). Diversitas haplotipe dapat diamati dengan penanda molekuler, salah satunya adalah gen CO1 (*Cytochrome Oxidase Sub Unit 1*).

Gen *Cytochrome Oxidase Sub Unit I* (CO1) merupakan salah satu gen pengkode protein DNA mitokondria yang bersifat stabil, jarang mengalami delesi dan insersi, namun masih terjadi mutasi yang bersifat *silent*, serta banyak bagian yang bersifat *conserve* (Lynch dan Jarrell, 1993). Dengan demikian, gen CO1 sangat akurat digunakan sebagai DNA *barcode* untuk identifikasi spesies (Hebert *et al.*, 2003). Selain untuk dasar identifikasi, gen CO1 telah digunakan dalam analisis *haplotype network* dan rekonstruksi pohon filogenetik pada sampel *M. javanica* hasil sitaan (Zhang *et al.*, 2015; Zein., 2020).

Kajian molekuler *M. javanica* menggunakan gen CO1 sebelumnya telah dilakukan oleh Zein (2020) pada 77 sampel sitaan yang berasal dari Sibolga (Sumatra Utara), Bengkulu (Sumatra Selatan), dan Kalimantan Timur. Selain itu, *M. javanica* juga ditemukan di Sumatra Barat (Junaidi dan Novarino, 2012). Namun, kajian molekuler termasuk kajian haplotipe belum dilaporkan. Informasi mengenai diversitas haplotipe *M. javanica* di Sumatra Barat (Sumatra Tengah) perlu dilakukan dikarenakan wilayah jelajah *M. javanica* yang tidak luas (Lim dan Ng, 2008). Luas wilayah jelajah berpengaruh terhadap aliran gen dan struktur genetik antar populasi (Graves *et al.*, 2012). Informasi mengenai diversitas genetik dapat menentukan

strategi konservasi (Pierson *et al.*, 2016 dan Hua *et al.*, 2016). Oleh karena itu, informasi mengenai diversitas haplotipe yang merupakan parameter dalam menentukan diversitas genetik *M. javanica* masing-masing populasi ini nantinya berguna dalam menilai status *M. javanica* di Indonesia yang selanjutnya dapat digunakan untuk penyusunan strategi konservasi *M. javanica* di Indonesia.

1.2 Rumusan Masalah

Bagaimana diversitas haplotipe *M. javanica* populasi Pulau Sumatra, Pulau Jawa dan Pulau Kalimantan berdasarkan gen CO1?

1.3 Tujuan Penelitian

Mengetahui diversitas haplotipe *M. javanica* di Pulau Sumatra, Pulau Jawa dan Pulau Kalimantan berdasarkan gen CO1.

1.4 Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan dapat menjadi sumber informasi dalam membantu program konservasi dan forensik *M. javanica*

