

**TESIS**

**ANALISIS BASA NUKLEOTIDA DAN DESAIN PRIMER PADA INTRON  
GEN AMELOGENIN HARIMAU SUMATRA (*Panthera tigris sumatrae*)**



**JURUSAN BIOLOGI**

**PROGRAM STUDI MAGISTER BIOLOGI**

**FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM**

**UNIVERSITAS ANDALAS**

**PADANG, 2022**

**TESIS**

**ANALISIS BASA NUKLEOTIDA DAN DESAIN PRIMER PADA INTRON  
GEN AMELOGENIN HARIMAU SUMATRA (*Panthera tigris sumatrae*)**



**IKRIMA ASRORI**

**2120421008**

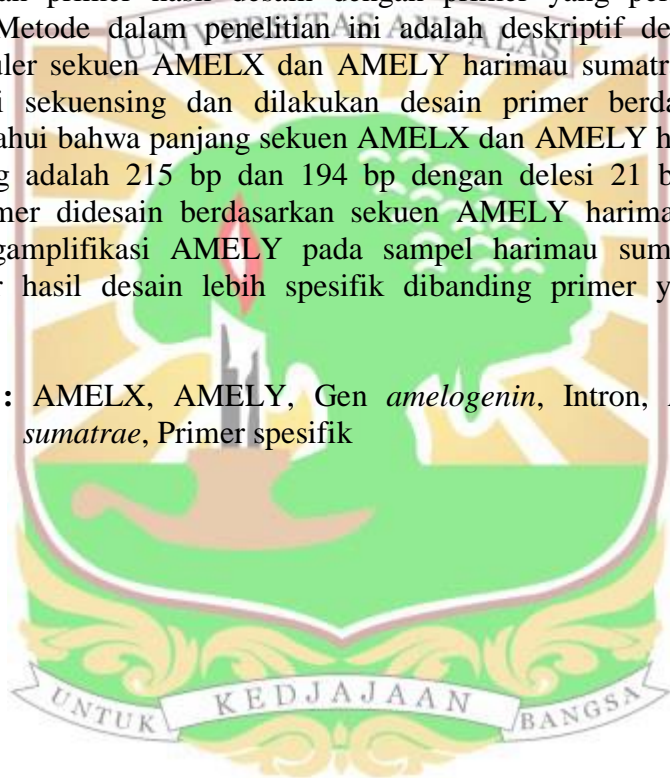
*Sebagai Salah Satu Syarat Untuk Memperoleh Gelar Magister Sains Pada  
Program Studi Magister Biologi Universitas Andalas*

**PROGRAM STUDI MAGISTER BIOLOGI  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS ANDALAS  
PADANG, 2022**

## ABSTRAK

Pita hasil amplifikasi AMELX dan AMELY sampel harimau sumatra jantan sulit dibedakan karena perbedaan berat molekul DNANYa hanya 20 pasang basa (bp). Kesulitan ini berdampak pada terjadinya kesalahan saat mendeteksi sampel individu jantan dan betina. Sehingga perlu untuk dilakukan analisis basa nukleotida AMELX dan AMELY harimau sumatra serta desain primer khusus untuk identifikasi jenis kelamin harimau sumatra. Tujuan penelitian ini adalah untuk menganalisis urutan basa nukleotida pada intron gen *amelogenin* harimau sumatra, mendesain primer untuk identifikasi jenis kelamin harimau sumatra berdasarkan urutan basa nukleotida pada intron gen *amelogenin*, dan membandingkan primer hasil desain dengan primer yang pernah dilaporkan sebelumnya. Metode dalam penelitian ini adalah deskriptif dengan observasi secara molekuler sekuen AMELX dan AMELY harimau sumatra. Sampel hasil amplifikasi di sekuensing dan dilakukan desain primer berdasarkan sekuen sampel. Diketahui bahwa panjang sekuen AMELX dan AMELY harimau sumatra masing-masing adalah 215 bp dan 194 bp dengan delesi 21 bp pada sekuen AMELY. Primer didesain berdasarkan sekuen AMELY harimau sumatra dan berhasil mengamplifikasi AMELY pada sampel harimau sumatra. Diketahui bahwa primer hasil desain lebih spesifik dibanding primer yang dilaporkan sebelumnya.

**Kata Kunci :** AMELX, AMELY, Gen *amelogenin*, Intron, *Panthera tigris sumatrae*, Primer spesifik



## ABSTRACT

The AMELX and AMELY amplified bands from Sumatran tiger samples are difficult to distinguish because the difference in the molecular weight of the DNA is only 20 base pairs (bp). This has an impact on the occurrence of errors when detecting male and female individual samples. So it is necessary to analyze the nucleotide bases of AMELX and AMELY of the Sumatran tiger as well as a special primer design for the identification sex of the Sumatran tiger. The purpose of this study was to analyze the sequence of nucleotide bases in the introns of the tiger amelogenin gene, to design a primer to determine the sex of Sumatran based on the sequence of nucleotide bases in the introns of the amelogenin gene, and to compare the design results with the primers previously reported. The method in this research is descriptive with molecular observation of AMELX and AMELY Sumatran tiger sequences. The amplified sample was sequenced, and a primary design was carried out based on the sample sequence. On the other hand, the AMELX and AMELY Sumatran tiger sequences are 215 bp and 194 bp, respectively, with a 21 bp deletion in the AMELY sequence. The primer was designed based on the Sumatran tiger AMELY sequence and successfully applied to Sumatran tiger samples. It can be seen that the primary design results are more specific than the primers previously reported.

**Keyword** : AMELX, AMELY, Amelogenin gene, Intron, *Panthera tigris sumatrae*, Specific primer

