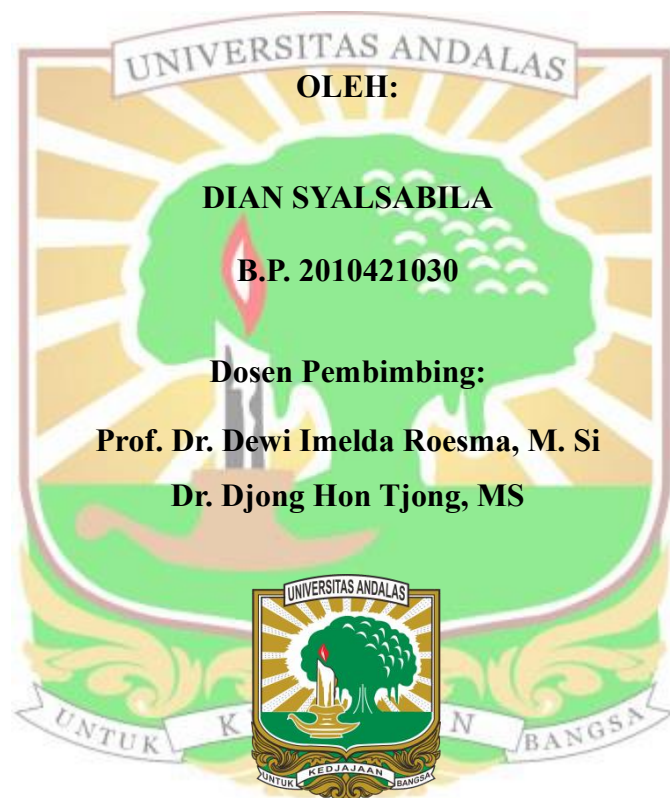


KERAGAMAN HAPLOTIPE KUKANG SUNDA
(*Nycticebus coucang* Boddaert, 1785) DI SUMATERA
BERDASARKAN GEN CO1

SKRIPSI SARJANA BIOLOGI



DEPARTEMENT BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG
2025

ABSTRAK

Kukang Sunda (*Nycticebus coucang*) merupakan primata arboreal dan nokturnal yang tersebar di Paparan Sunda dan telah diklasifikasikan sebagai spesies *endangered*. Informasi mengenai keragaman haplotipe dengan penanda gen CO1 (Cytochrome Oxidase Sub Unit 1) merupakan salah satu parameter dalam menentukan keragaman genetik dan mengetahui kesimpulan biogeografis pada suatu spesies berdasarkan *haplotype network*. Riset ini bertujuan untuk mengetahui bagaimana keragaman genetik dan penentuan wilayah persebaran geografis *N. coucang* di Sumatera. Penelitian ini telah dilaksanakan selama lima bulan di Laboratorium Genetika dan Biomolekuler, Departemen Biologi, Universitas Andalas. Sampel yang digunakan yaitu sampel rambut dari hasil pelepasliaran *N. coucang* di Hutan Pendidikan dan Penelitian Biologi (HPPB), Universitas Andalas dan sampel yang dikoleksi secara langsung di Taman Margasatwa dan Budaya Kinantan, Bukittinggi berupa sampel rambut. Analisis dilakukan pada sekuen gen CO1 *N. coucang* di Sumatera Barat dan sekuen dari peneliti lain untuk beberapa tempat di Sumatera. Hasil analisis gen CO1 sepanjang 667 bp dilakukan pada 15 individu *N. coucang* asal Sumatera dan tambahan sekuen pembanding menghasilkan 9 haplotipe. Nilai diversitas haplotipe (H_d) dan diversitas nukleotida (π) dengan panjang sekuen 667 bp masing-masing adalah 0,939 dan 0,011. Nilai tersebut menunjukkan diversitas haplotipe yang tergolong tinggi dengan diversitas nukleotida yang rendah.

Kata Kunci : Haplotipe, *Haplotype Network*, *Nycticebus coucang*, Gen CO1.

ABSTRACT

The Sunda slow loris (*Nycticebus coucang*) is an arboreal and nocturnal primate distributed in the Sunda Shelf and has been classified as an endangered species. Information on haplotype diversity with the CO1 (Cytochrome Oxidase Sub Unit 1) gene marker is one of the parameters in determining genetic diversity and knowing the biogeographic inference of a species based on a haplotype network. This research aims to determine the genetic diversity and geographical distribution of *N. coucang* in Sumatra. This research was conducted for five months at the Genetics and Biomolecular Laboratory, Department of Biology, Andalas University. The samples used were hair samples from the release of *N. coucang* in the Biology Education and Research Forest (HPPB) of Andalas University and samples collected directly at Kinantan Wildlife and Culture Park, Bukittinggi in the form of hair samples. Analysis was carried out on the CO1 gene sequence of *N. coucang* in West Sumatra and sequences from other researchers for several places in Sumatra. The results of the analysis of the 667 bp CO1 gene conducted on 15 *N. coucang* individuals from Sumatra and additional comparative sequences resulted in 9 haplotypes. The values of haplotype diversity (H_d) and nucleotide diversity (π) with a sequence length of 667 bp were 0,939 and 0,011, respectively. These values indicate high haplotype diversity with low nucleotide diversity.

Keywords : Haplotype, Haplotype Network, *Nycticebus coucang*, CO1 Gene.