

BAB I. PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Nesolagus netscheri (Schlegel, 1880) atau dikenal dengan nama Kelinci Belang Sumatra merupakan salah satu spesies yang endemik di pulau Sumatra, Indonesia. *N. netscheri* merupakan mamalia langka dari Ordo lagomorpha yang mudah dikenali dari karakter morfologinya (Schai-Braun & Hacklander 2016). Berdasarkan status konservasinya, *N. netscheri* dinyatakan sebagai spesies dengan status kurang data (*Data Deficient*) di IUCN (2018) karena kurangnya data yang menjadi dasar perkiraan ukuran populasi, kepadatan dan distribusi (McCarthy *et al.*, 2019).

Nesolagus netscheri telah dilindungi undang-undang Indonesia sejak tahun 1972, yaitu dalam Peraturan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan Republik Indonesia Nomor P.20/MENLHK/SETJEN/KUM.1/6/2018 tentang Jenis - jenis Tumbuhan dan Satwa yang Dilindungi. Namun pengetahuan dan kesadaran masyarakat Indonesia akan pentingnya melindungi *N. netscheri* masih sangat terbatas. Terbukti hingga saat ini masih ada perburuan liar dan perdagangan *N. netscheri* yang dikhawatirkan akan mengancam keberadaan dan penurunan populasinya (Setiawan *et al.*, 2019). Hingga saat ini informasi biologi tentang *N. netscheri* masih sangat terbatas.

Beberapa penelitian mengenai *N. netscheri* telah dilakukan, seperti McCarthy *et al.* (2012) menggunakan kamera jebak untuk mengetahui keberadaan *N. netscheri*, Setiawan *et al.* (2018) melaporkan keberadaan dan ekologi

N. netscheri di Sumatra Selatan, kemudian Setiawan *et al.* (2019) pertama kali mendeskripsikan *N. netscheri* yang diperjualbelikan oleh masyarakat, dan Setiawan *et al.* (2023) melaporkan status *N. netscheri* di Suaka Margasatwa Isau-Isau di Sumatra Selatan.

Penelitian secara molekuler juga telah dilakukan oleh Surridge *et al.* (1999) mengenai analisis genetik menggunakan gen 12s rRNA pada *N. netscheri* dan *N. timminsi*. Saputra *et al.* (2019) mengenai karakteristik genetik *N. netscheri* untuk informasi dan identifikasi molekuler menggunakan gen 12s rRNA, dan Aurora (2023) mengenai karakterisasi DNA *barcoding* *N. netscheri* dengan menggunakan gen CO1 untuk identifikasi. Priyono *et al.* (2025) telah melakukan penelitian tentang pembuatan genom mitokondria dan filogenetik *N. netscheri* dengan spesies dalam Famili Leporidae. Meskipun Mathee *et al.* (2004) telah melakukan penelitian filogenetik dengan menggunakan supermatrix molekuler termasuk gen sitokrom b, namun hasil analisisnya belum memperlihatkan hubungan kekerabatan *N. netscheri* dengan spesies - spesies dalam Ordo Lagomorpha. Oleh karena itu, perlu dilakukan penelitian hubungan kekerabatan (filogenetik) dari *N. netscheri*.

Hubungan kekerabatan (filogenetik) dan *haplotype network* merupakan informasi penting dalam kajian molekuler. Menurut Lemey *et al.* (2009) analisis filogenetik digunakan untuk mempelajari secara detail tentang hubungan kekerabatan antar spesies. *Haplotype network* digunakan untuk melihat perbedaan urutan DNA antar suatu populasi atau antar spesies (Paradis, 2018; Leigh dan Bryant, 2015). *Haplotype network* memberikan gambaran hubungan evolusi di

tingkat mikro, seperti perbedaan genetik antar individu dalam spesies yang sama (Bandelt *et al.*, 1999). Oleh karena itu, perlu dilakukan penelitian analisis filogenetik dan *haplotype network* pada *N. netscheri* dengan spesies lainnya dalam Ordo Lagomorpha untuk memperjelas hubungan kekerabatan dan evolusinya. Salah satu gen yang dapat digunakan untuk analisis filogenetik dan *haplotype network* adalah gen sitokrom b (*cytb*). Sifat gen sitokrom b (*cytb*) yang lestari dan tingkat variabilitasnya yang tinggi telah digunakan dalam menganalisis diferensiasi spesies yang berkerabat dekat dan mempelajari sejarah evolusi mamalia (Tobe *et al.*, 2010).

Berdasarkan penelusuran literatur yang ada, belum dapat disimpulkan hubungan *N. netscheri* dengan spesies lainnya dalam Ordo Lagomorpha. Maka perlu dilakukan penelitian untuk mengetahui hubungan kekerabatan (filogenetik) dan *haplotype network* *N. netscheri* dengan spesies lainnya dalam Ordo Lagomorpha menggunakan gen sitokrom b (*cytb*) untuk melihat dan memahami hubungan kekerabatan dan evolusi antara *N. netscheri* dengan spesies lainnya Ordo Lagomorpha. Urutan gen sitokrom b (*cytb*) yang diperoleh akan memberikan informasi baru mengenai *N. netscheri*. Informasi ini juga dapat digunakan untuk mengembangkan strategi konservasi *N. netscheri*.

B. Rumusan Masalah

1. Bagaimana hubungan filogenetik *Nesolagus netscheri* dengan spesies lain dalam Ordo lagomorpha berdasarkan gen sitokrom b

2. Bagaimana *haplotype network Nesolagus netscheri* dengan spesies lain dalam Ordo Lagomorpha berdasarkan gen sitokrom b?

C. Tujuan Penelitian

1. Menganalisis hubungan filogenetik *Nesolagus netscheri* dengan spesies lain dalam Ordo Lagomorpha berdasarkan gen sitokrom b.
2. Menganalisis *haplotype network Nesolagus netscheri* dengan spesies lain dalam Ordo Lagomorpha berdasarkan gen sitokrom b.

D. Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan dapat menjadi sumber informasi mengenai hubungan filogenetik dan *haplotype network Nesolagus netscheri* dengan spesies lain dalam Ordo Lagomorpha dan diharapkan dapat memberikan kontribusi bagi perkembangan ilmu pengetahuan dibidang sistematika, taksonomi, konservasi, genetika dan evolusi.

