

BAB I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Berang-berang cakar kecil (*Aonyx cinereus* Illiger, 1815) merupakan salah satu dari 13 spesies belang-berang yang ada di dunia, berasal dari subfamili Lutrinae dan famili Mustelidae. Persebarannya meliputi Asia Tenggara, termasuk Indonesia (Hussain *et al.*, 2011). Di Indonesia, selain *A. cinereus*, terdapat tiga spesies belang-berang lainnya, yaitu *Lutra lutra*, *Lutra sumatrana*, dan *Lutrogale perspicillata* (Corbet dan Hill, 1992; Aadrean *et al.*, 2010). Sebagai salah satu mamalia semi-akuatik, *A. cinereus* berperan sebagai predator puncak dalam rantai makanan di banyak ekosistem air tawar yang menjaga keseimbangan ekosistem dan berfungsi sebagai indikator kesehatan lingkungan akuatik (Kruuk, 2006; Dirgantara *et al.*, 2021). Namun demikian, tekanan akibat alih fungsi lahan, pencemaran lingkungan, dan perburuan telah menyebabkan terancamnya keberadaan *A. cinereus* di habitat alaminya (Gomez dan Shepherd, 2018).

Saat ini *A. cinereus* dikategorikan sebagai spesies yang rentan (*Vulnerable*), karena telah terjadi penurunan populasi lebih dari 30% dalam kurun waktu tiga dekade terakhir (Pacifici *et al.*, 2013; IUCN, 2021). Selain itu, *A. cinereus* dikategorikan ke dalam daftar Appendix I, yang berarti dilarang untuk diperdagangkan secara internasional kecuali untuk tujuan non-komersial (CITES, 2025). Ironisnya, dengan status *Vulnerable* tersebut, hingga saat ini *A. cinereus* belum terdaftar sebagai spesies yang dilindungi dalam Peraturan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan Republik Indonesia No. 106 Tahun 2018 tentang Jenis Tumbuhan dan Satwa yang Dilindungi, sehingga pengelolaannya belum mendapatkan perhatian hukum yang memadai (Gomez dan Shepherd, 2018).

Keberadaan *A. cinereus* di Indonesia salah satunya terdapat di Kabupaten Padang Pariaman, Sumatra Barat. Peneliti sebelumnya telah melaporkan keberadaan *A. cinereus* di

wilayah ini melalui identifikasi jejak dan tanda-tanda keberadaan berang-berang, yaitu di Lubuk Alung (Aadrean, 2010) dan 2x11 Kayu Tanam (Sidik, 2025). Selain itu, beberapa studi genetik yang telah dilakukan terhadap *A. cinereus* di Sumatra Barat, di antaranya analisis filogenetik (Tjong *et al.*, 2024), DNA *barcoding* (Maharani, 2024), serta seleksi dan optimasi primer mikrosatelit (Sanes, 2024), sedangkan informasi mengenai individu *A. cinereus* secara lokal belum diketahui. Oleh karena itu, diperlukan penelitian mengenai identifikasi individu *A. cinereus* yang dapat digunakan untuk memperoleh gambaran struktur populasi secara lokal.

Identifikasi individu memungkinkan estimasi jumlah individu, pemetaan distribusi genetik, serta analisis interaksi antaranggota populasi. Salah satu penanda molekuler yang dapat digunakan dalam studi ini adalah *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) (Sobrinho *et al.*, 2005; Sastre *et al.*, 2023). Penanda ini telah terbukti efektif untuk mendeteksi individu unik dalam populasi satwa liar, seperti *Ursus arctos* (Norman *et al.*, 2013) dan *Gulo gulo* (Ekblom *et al.*, 2021). SNP bersifat bialelik, tersebar luas di seluruh genom, dan memiliki tingkat mutasi yang rendah, sehingga dianggap lebih stabil dan akurat untuk analisis genetik jangka panjang (Morin *et al.*, 2004). Dibandingkan dengan penanda mikrosatelit, SNP memiliki tingkat kesalahan genotipe yang lebih rendah dan lebih kompatibel dengan teknologi sekuensing modern untuk analisis berskala besar (Gonzalez *et al.*, 2023).

Untuk memperoleh DNA dari populasi satwa liar di alam, metode pengambilan sampel tanpa perlu menangkap atau melukai hewan (non-invasif) seperti sampel feses kini semakin banyak digunakan untuk meminimalisasi gangguan terhadap hewan (Rodgers dan Janecka, 2013). Sampel feses relatif mudah ditemukan di habitat alami dan memungkinkan pengambilan sampel berulang dalam jangka waktu tertentu, sehingga mendukung studi identifikasi individu dan pemantauan populasi secara berkelanjutan (Manning *et al.*, 2022). Meskipun demikian, DNA yang diperoleh dari feses umumnya berasal dari sel epitel usus

yang jumlahnya terbatas dan sering mengalami degradasi akibat paparan lingkungan, aktivitas mikroba, serta proses pencernaan, sehingga kualitas dan kuantitas DNA yang dihasilkan cenderung rendah (Ekblom *et al.*, 2021). Kondisi ini menjadi tantangan utama dalam penerapan analisis genetik berbasis SNP dari sampel feses.

Seiring dengan berkembangnya teknologi, berbagai metode identifikasi berbasis SNP telah dikembangkan untuk memungkinkan analisis pada DNA dengan kualitas yang terbatas dari sampel non-invasif. Salah satu metode yang dikembangkan adalah *Multiplexed Inter-simple Sequence Repeat Genotyping by Sequencing* (MIG-seq) oleh Suyama dan Matsuki (2015). Metode ini dirancang untuk mendeteksi SNP secara efisien, bahkan dari DNA yang terfragmentasi. MIG-seq memanfaatkan teknologi *Next Generation Sequencing* (NGS) pada platform Illumina untuk melakukan sekuensing sejumlah besar sampel sekaligus (*multiplexing*) dan menghasilkan data sekuen berkualitas tinggi yang terbatas untuk diperoleh melalui metode Sanger *sequencing*. Oleh karena itu, adanya metode MIG-seq akan mendukung penelitian mengenai identifikasi individu *A. cinereus* berbasis sampel feses ini.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah pada penelitian ini adalah bagaimana mengidentifikasi individu *Aonyx cinereus* menggunakan sampel feses berdasarkan penanda SNP dengan metode MIG-seq?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi individu *Aonyx cinereus* menggunakan sampel feses berdasarkan penanda SNP dengan metode MIG-seq.

1.4 Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan dapat menyediakan data identifikasi individu *Aonyx cinereus* berdasarkan penanda SNP yang diperoleh dari sampel feses, serta memberikan gambaran mengenai penerapan metode MIG-seq pada sampel non-invasif dalam studi molekuler.