

**APLIKASI PENANDA GENETIK GEN *COI* UNTUK IDENTIFIKASI,
DETEKSI VARIASI GENETIK DAN HUBUNGAN KEKERABATAN
HARIMAU SUMATERA (*Panthera tigris sumatrae*)**

TESIS

OLEH

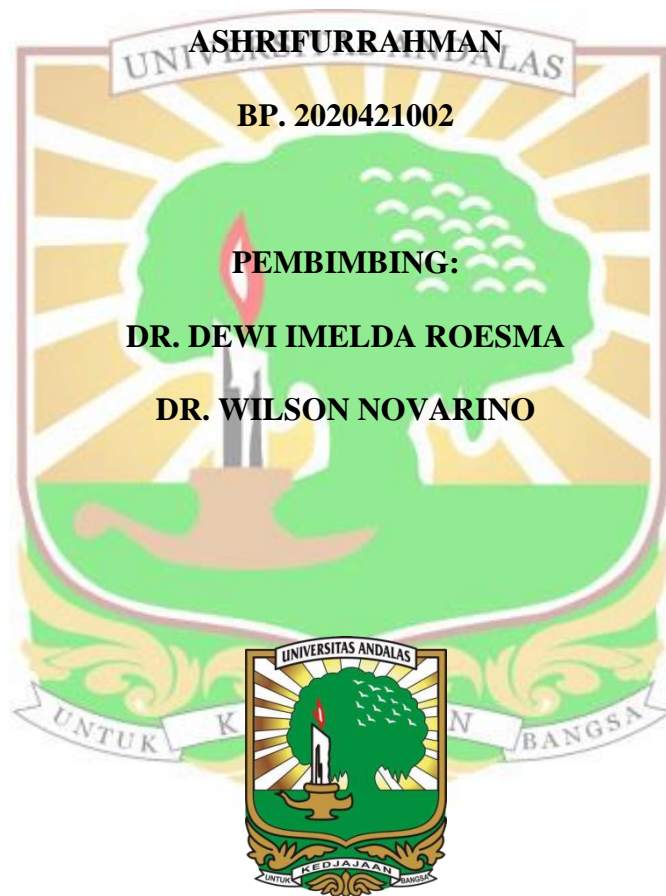
ASHRIFURRAHMAN

BP. 2020421002

PEMBIMBING:

DR. DEWI IMELDA ROESMA

DR. WILSON NOVARINO

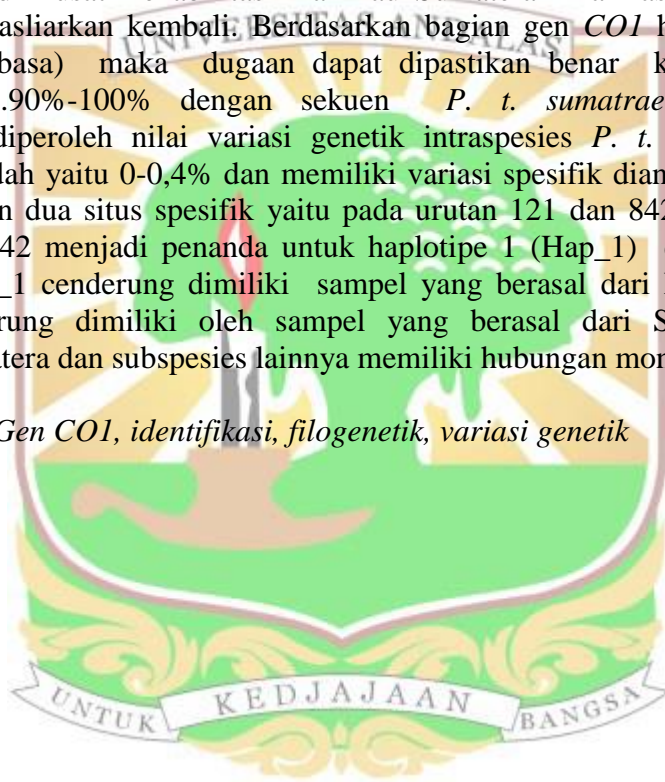


**PROGRAM STUDI MAGISTER BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG, 2021**

ABSTRAK

Penelitian ini dilakukan untuk 1) mengidentifikasi sampel hasil sitaan yang diduga merupakan bagian tubuh harimau sumatera (*Panthera tigris sumatrae*), 2) menganalisis variasi genetik serta 3) menganalisis hubungan kekerabatan (filogenetik) harimau sumatera dengan subspecies lainnya berdasarkan gen sitokrom oksidase subunit I (*COI*) DNA mitokondria. Sampel yang digunakan dalam penelitian ini adalah sampel-sampel awetan harimau sumatera yang diperoleh dari Balai Konservasi Sumber Daya Alam Sumatera Barat (BKSDA Sumbar) yang merupakan sampel sitaan dari kasus perdagangan ilegal di Sumatera Barat serta yang berasal dari individu-individu harimau sumatera yang direhabilitasi di Pusat Rehabilitasi Harimau Sumatera Dharmasraya (PR-HSD) sebelum dilepasliarkan kembali. Berdasarkan bagian gen *COI* hasil sekuensing (999 pasang basa) maka dugaan dapat dipastikan benar karena memiliki kesamaan 99.90%-100% dengan sekuen *P. t. sumatrae* (JF357969.1). Selanjutnya, diperoleh nilai variasi genetik intraspecies *P. t. sumatrae* yang tergolong rendah yaitu 0-0,4% dan memiliki variasi spesifik diantara sub spesies lainnya dengan dua situs spesifik yaitu pada urutan 121 dan 842. Situs spesifik pada urutan 842 menjadi penanda untuk haplotipe 1 (Hap_1) dan haplotipe 2 (Hap_2). Hap_1 cenderung dimiliki sampel yang berasal dari Riau sedangkan Hap_2 cenderung dimiliki oleh sampel yang berasal dari Sumatera Barat. Harimau sumatera dan subspecies lainnya memiliki hubungan monofiletik.

Kata Kunci: *Gen COI, identifikasi, filogenetik, variasi genetik*



ABSTRACT

The research was conducted to 1) identify confiscated samples suspected of being part of the Sumatran tiger (*Panthera tigris sumatrae*), 2) to analyze genetic variation, and 3) to analyze the phylogenetic of the Sumatran tiger with other subspecies based on the cytochrome oxidase subunit I (CO1) gene mitochondrial DNA. The samples consist of preserved Sumatran tigers obtained from the West Sumatra Natural Resources Conservation Center (BKSDA) West Sumatra and Sumatran tiger individuals rehabilitated before being released back into the wild from Dharmasraya Sumatran Tiger Rehabilitation Center (PR-HSD) West Sumatra. Based on the part of the CO1 gene sequenced (999 base pairs), the assumption can be confirmed to be correct because it has 99.90%-100% similarity with the *P. t sumatrae* sequence (JF357969.1). Furthermore, the value of the intraspecies genetic variation of *P. t. sumatrae* is classified as low at 0-0.4%. It has specific variations among other sub-species with two specific sites, namely on the order of 121 and 842. The specific site on the order of 842 becomes a marker for haplotype number 1 (Hap_1) and haplotype number two (Hap_2). Hap_1 tends to be owned by samples from Riau, while Hap_2 was owned by samples from West Sumatra. The Sumatran tiger and other Subspecies have a monophyletic relationship.

Keyword: *CO1 gene, identification, phylogenetic, genetic variation*

