

TESIS

**ANALISIS VARIASI GENETIK MITOKONDRIA DNA GAJAH SUMATERA
(*Elephas maximus sumatranus*) DI KAWASAN PELESTARIAN PLASMA
NUTFAH DISTRIK PENYABUNGAN, OKI, SUMATERA SELATAN**

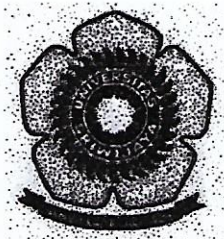


**WINDA INDRIATI
08082621721010**

**PROGRAM STUDI BIOLOGI S2
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS SRIWIJAYA
2020**

TESIS

**ANALISIS VARIASI GENETIK MITOKONDRIA DNA GAJAH SUMATERA
(*Elephas maximus sumatranus*) DI KAWASAN PELESTARIAN PLASMA
NUTFAH DISTRIK PENYABUNGAN, OKI, SUMATERA SELATAN**



**WINDA INDRIATI
08082621721010**

**PROGRAM STUDI BIOLOGI S2
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS SRIWIJAYA**

2020

HALAMAN PENGESAHAN

**ANALISIS VARIASI GENETIK MITOKONDRIA DNA GAJAH SUMATERA
(*Elephas maximus sumatranus*) DI KAWASAN PELESTARIAN PLASMA
NUTFAH DISTRIKPENYABUNGAN, OKI, SUMATERA SELATAN**

TESIS

**Sebagai Salah Satu Syarat untuk Memperoleh Gelar
Magister Sains Bidang Studi Biologi**

Oleh:

WINDA INDRIATI

08082621721010

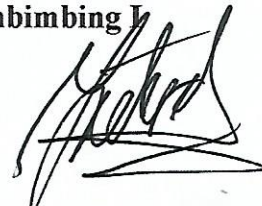
Palembang, Agustus 2020

Pembimbing II



Dr. Arum Setiawan, M.Si.
NIP. 197211221998031001

Pembimbing I



Dr. rer.nat. Indra Yustian, M.Si.
NIP. 197307261997021001

**Mengetahui,
Ketua Prodi Magister Biologi**



Dr. Laila Hanum, M.Si.
NIP. 197308311998022001

HALAMAN PERSETUJUAN

Karya tulis ilmiah berupa Tesis ini dengan judul “Analisis Variasi Genetik Mitokondria DNA Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus*) di Kawasan Pelestarian Plasma Nutfah, Disktrik Penyabungan, OKI, Sumatera Selatan” Telah dipertahankan di hadapan Tim Penguji Karya Tulis Ilmiah Fakultas Matematika Dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya pada tahun 2020.

Palembang, Agustus 2020

Tim Penguji Karya tulis ilmiah berupa Tesis:

1. Dr. rer. nat. Indra Yustian, M.Si.
NIP. 197307261997021001

(.....)

2. Dr. Arum Setiawan, M.Si.
NIP.197211221998031001

(.....)

3. Prof.Dr. Zulkifli Dahlan, M.Si, DEA
NIP. 194801021978031001

(.....)

4. Dr. Laila Hanum, M.Si.
NIP.197308311998022001

(.....)

5. Dr. Elisa Nurnawati, M.Si.
NIP. 197504272000122001

(.....)

Mengetahui,

Dekan FMIPA

Ketua Prodi S2 Biologi



Prof. Iskhaq Iskandar, M.Sc
NIP. 197210041997021001

Dr. Laila Hanum, M.Si.
NIP. 197308311998022001

RESUME

The Sumatran elephant (*Elephas maximus sumatranus*) is one of the endemic Sumatran animals protected by Decree of Ministry of Environment and Forestry Number P 106 year 2018 which was an updated regulation of Government Regulation Number 7 year 1999 concerning protected plant species and protection in Indonesia. Acacia Industrial Forest in the Germplasm Conservation Area, Penyabungan District in Padang Sugihan Landscape is one of the elephant habitats in South Sumatra. Habitat degradation and fragmentation, poaching and conflict pose major threats to elephant populations. In such conditions, molecular studies have never been carried out on Sumatran Elephant populations in the Ogan Komering Ilir Penyabungan District, South Sumatra.

The purpose of this study was to determine the genetic variations of Sumatran Elephant in the Ogan Komering Ilir, Penyabungan District, South Sumatra through polymorphism and haplotypes data. The results of this study were expected to be the initial step in making an elephant genetic database of the sub population habitat patches in South Sumatra, as well as to determine the direction of conservation policy for elephants in the region.

This research collected the fecal sample in January 2018 until August 2018 in the Germplasm Conservation Area (KPPN) of PT. Bumi Mekar Hijau, Penyabungan District, Ogan Komering Ilir Regency, South Sumatra Province. Furthermore, genetic analysis was carried out at the Genetic and Biotechnology Laboratory, Faculty of Mathematics and Natural Sciences, Sriwijaya University, in October 2018 until March 2020. The instruments in this study used the standard for the integration laboratory. The PCR amplification method using T100™ Thermal Cycler (*Applied Biosystems*) (Applied Biosystems) was visualized using UV Transluminator by Camag UV Cabinet. The sequencing data analysis was carried out by using GeneStudio, BLAST NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), Mesquite version 310 (Maddison & Maddison, 2015), MEGA7 version 2.07 (Tamura *et al.*, 2013) and DnaSP version 5.10.01 (Librado & Rozar, 2009). The Data were presented with dendogram, tables and figures which have been described.

Genetic Distance of sub population of Sumatran elephants in the Germplasm Conservation Area (KPPN) Penyabungan District has a close kinship with the percentage of 0,000% in the sample code D, F, G, I, sample H towards A 0.084% and 0.017% towards B. The similarity of clades reaches 100% phylogenetic tree in the sample code clades B and H, and sample codes D, F, G, and I. The percentage of sameness of the sample with AF179924.1 outgroup of Asian Elephant is 72%. Variations in polymorphism indicate the presence of perigenic Single Nucleotide Polymorphism (SNPs), with 9 types of haplotypes. Tajima's analysis shows that $D = -0.429$ is not significant $P > 0.10$, while in Fu and Li's F^* analysis 0.70901 is not significant $P > 0.10$. This indicates that genetic variation sub population of Sumatran elephants in the Germplasm Conservation Area (KPPN) Penyabungan District is low and there is a high potential for inbreeding.

HALAMAN PERNYATAAN INTEGRITAS

Yang bertanda tangan dibawah ini :

Nama : Winda Indriati

NIM : 08082621721010

Judul : Analisis Variasi Genetik Mitokondria DNA Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus*) di Kawasan Pelestarian Plasma Nutfah Distrik Penyabungan, OKI, Sumatera Selatan.

Menyatakan bahwa Tesis saya merupakan hasil karya sendiri didampingi tim pembimbing dan bukan hasil penjiplakan/plagiat. Apabila ditemukan unsur penjiplakan/plagiat dalam Laporan Tesis ini, maka saya bersedia menerima sanksi akademik dari Universitas Sriwijaya sesuai aturan yang berlaku.

Demikian, pernyataan ini saya buat dalam keadaan sadar dan tanpa ada paksaan dari siapapun.

Palembang, Agustus 2020



Winda Indriati

RINGKASAN

Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus*) merupakan salah satu satwa endemik Sumatera yang dilindungi oleh Peraturan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan Nomor P 106 Tahun 2018 tentang jenis tumbuhan dan satwa dilindungi di Indonesia yang merupakan pembaruan dari Peraturan Pemerintah Nomor 7 Tahun 1999. Hutan Tanaman Industri di Distrik Penyabungan yang berada di Lanskap Padang Sugihan merupakan salah satu habitat gajah di Sumatera Selatan. Degradasi dan fragmentasi habitat, serta konflik menjadi ancaman utama bagi populasi gajah. Kajian molekuler mengenai kekerabatan belum pernah dilakukan pada sub populasi Gajah Sumatera di Distrik Penyabungan, Ogan Komering Ilir, Sumatera Selatan.

Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui hubungan kekerabatan Gajah Sumatera di Distrik Penyabungan Ogan Komering Ilir, Sumatera Selatan melalui variasi genetik polimorfisme dan haplotipe. Hasil dari penelitian ini diharapkan mampu menjadi langkah awal membuat data base genetik gajah di kantong populasi Sumatera Selatan serta menjadi salah satu penentu bagi arah kebijakan konservasi bagi gajah di kawasan tersebut.

Penelitian ini telah dilaksanakan dengan pengumpulansampel kotoran pada bulan Januari 2018 sampai dengan Agustus 2018 bertempat di dalam Kawasan Pelestarian Plasma Nutfah Distrik Penyabungan PT. Bumi Mekar Hijau, Kecamatan Tulung Selapan, Kabupaten Ogan Komering Ilir, Provinsi Sumatera Selatan. Selanjutnya di lakukan analisis genetik di Laboratorium Genetika dan Bioteknologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya, Palembang pada bulan Oktober 2018-Maret 2020. Alat yang digunakan pada penelitian ini sesuai dengan standar Laboratorium. Metode amplifikasi PCR menggunakan T100™ Thermal Cycler (*Applied Biosystems*) yang divisualisasi menggunakan UV Transluminator (Camag UV Cabinet). Selanjutnya dilakukan tahap sekuensing, analisa dan dilakukan menggunakan GeneStudio, BLAST NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), Mesquite v.310 (Maddison & Maddison, 2015), MEGA7 versi 2.07 (Tamura *et al.*, 2013) dan DnaSP versi 5.10.01 (Librado & Rozar, 2009). Data disajikan dalam bentuk tabel dan gambar yang dideskripsikan.

Jarak genetik dari sub populasi gajah Sumatera di Distrik Penyabungan berkerabat dekat, sebesar 0.000 % pada kode sampel D, F, G, I, sampel H terhadap A 0.084 % dan 0.017% terhadap B. Diperoleh kesamaan filogenetik 100% pada clade kode sampel B dan H, serta pada kode sampel D, F, G, dan I. Sedangkan persentase kesamaan sampel dengan AF179924.1 *outgroup* Gajah Asia sebesar 72%. Variasi polimorfisme ditunjukkan adanya *Single Nucleotide Polymorphism* (SNPs) perigenik, dengan 9 tipe haplotipe. Analisis Tajima menunjukkan nilai D -0.429 tidak signifikan $P > 0.10$, sedangkan pada analisis Fu dan Li's F^* 0.70901 tidak signifikan $P > 0.10$. Hal ini menunjukkan sub populasi gajah Sumatera di Distrik Penyabungan memiliki variasi genetik rendah dan adanya potensi *inbreeding* cukup tinggi.