

**ANALISIS FILOGENETIKA GAJAH SUMATERA
(*Elephas maximus sumatranus* Temminck, 1847) DI PUSAT
LATIHAN GAJAH PADANG SUGIHAN,
OGAN KOMERING ILIR**

SKRIPSI

**Diajukan sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar sarjana di
Jurusan Biologi pada Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam**

Oleh :

PUTRI BALQIS

08041281823039



**JURUSAN BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS SRIWIJAYA**

2022

HALAMAN PERSETUJUAN SKRIPSI

Judul Skripsi : Analisis Filogenetika Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus* Temminck, 1847) di Pusat Latihan Gajah Padang Sugihan, Ogan Komering Ilir

Nama Mahasiswa : Putri Balqis

NIM : 08041281823039

Jurusan : Biologi

Telah disetujui untuk disidangkan pada tanggal 19 Januari 2022

Indralaya, Januari 2022

Pembimbing

1. Dr. Arum Setiawan, M.Si.
NIP. 197211221998031001
2. Dr. rer.nat. Indra Yustian, M.Si
NIP. 197307261997021001


(.....)


(.....)

HALAMAN PENGESAHAN SKRIPSI

Judul Skripsi : Analisis Filogenetika Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus* Temminck, 1847) di Pusat Latihan Gajah Jalur 21 Padang Sugihan, Ogan Komering Ilir

Nama Mahasiswa : Putri Balqis

NIM : 08041281823039

Jurusan : Biologi

Telah dipertahankan dihadapan Panitia Sidang Ujian Skripsi Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya pada tanggal 19 Januari 2022 dan telah diperbaiki, diperiksa, serta disetujui sesuai masukan panitia Sidang Ujian Skripsi.

Indralaya, Januari 2022

Ketua

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

()

Anggota

1. Dr. rer.nat. Indra Yustian, M.Si
NIP. 197307261997021001
2. Dra. Muharni, M.Si.
NIP. 196306031992032001
3. Dr. Laila Hanum, M.Si.
197308311998022001
4. Dra. Nita Aminasih, M.P.
NIP.196205171993032001

()
()
()
()

Mengetahui,

Ketua Jurusan Biologi
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Universitas Sriwijaya

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

PERNYATAAN KEASLIAN KARYA ILMIAH

Yang bertanda tangan di bawah ini :

Judul Skripsi : Analisis Filogenetika Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus* Temminck, 1847) di Pusat Latihan Gajah Padang Sugihan, Ogan Komering Ilir

Nama Mahasiswa : Putri Balqis

NIM : 08041281823039

Fakultas/Jurusan : MIPA/Biologi

Menyatakan bahwa skripsi ini adalah hasil karya saya sendiri dan karya ilmiah ini belum pernah diajukan sebagai pemenuhan persyaratan untuk memperoleh gelar kesarjanaan strata satu (S1) dari Universitas Sriwijaya maupun perguruan tinggi lain.

Semua informasi yang dimuat dalam skripsi ini yang berasal dari penulis lain baik yang dipublikasikan atau tidak telah diberikan penghargaan dengan mengutip nama sumber penulis secara benar. Semua isi dari skripsi ini sepenuhnya menjadi tanggung jawab saya sebagai penulis.

Demikianlah surat pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya.



Indralaya, Januari 2022

Penulis,



Putri Balqis
08041281823039

**HALAMAN PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH UNTUK
KEPENTINGAN AKADEMIS**

Sebagai civitas akademik Universitas Sriwijaya, yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama Mahasiswa : Putri Balqis
NIM : 08041281823039
Fakultas/Jurusan : FMIPA/Biologi
Jenis Karya : Skripsi

Demi pengembangan ilmu pengetahuan, saya menyetujui untuk memberikan kepada Universitas Sriwijaya “Hak bebas royalti non-eksklusif (*non-exclusively royalty-free right*)” atas karya ilmiah saya yang berjudul:

“Analisis Filogenetika Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus* Temminck, 1847) di Pusat Latihan Gajah Padang Sugihan, Ogan Komering Ilir”

Hak bebas royalti non-eksklusif ini Universitas Sriwijaya berhak menyimpan, mengalih media/memformatkan, mengelola dalam bentuk pangkalan data (*database*), merawat, dan mempublikasikan tugas akhir atau skripsi saya selama tetap mencantumkan nama saya sebagai penulis/pencipta dan sebagai penulis/pencipta dan sebagai pemilik hak cipta.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sesungguhnya.

Indralaya, Januari 2022

Yang menyatakan,

Putri Balqis
08041281823039

HALAMAN PERSEMBAHAN

Kupersembahkan skripsi ini untuk:

- ♥ *Allah SWT dan Agamaku, Agama Islam*
- ♥ *Ibuku Sofiah tersayang, yang selalu mendukung dan medoakan ku disetiap langkah ku*
- ♥ *Ayahku Julian tercinta, yang selalu menyayangiku sepenuh kasih dan menjagaku sampai akhir hayatmu*
- ♥ *Kedua kakakku, Ahmad Yani Dinata dan Mochamad Irfan Safitra*
- ♥ *Teman angkatan ku, Biologi 2018*
- ♥ *Almamaterku*

Motto

“Berusaha dan berdoa untuk hari ini, jadikan pengalaman untuk masa lalu, serta bertawakalah untuk masa depan”

KATA PENGANTAR

Puji syukur penulis panjatkan kepada Allah SWT karena berkat rahmat-Nya, penulis dapat menyelesaikan skripsi ini yang berjudul “**Analisis Filogenetika Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus* Temminck, 1847) di Pusat Latihan Gajah, Ogan Komering Ilir**” sebagai syarat untuk mencapai gelar Sarjana Sains di Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya.

Penulisan skripsi ini tidak dapat terselesaikan dengan baik tanpa adanya bantuan berbagai pihak. Penulis mengucapkan terimakasih kepada dosen pembimbing Bapak Dr. Arum Setiawan, M.Si dan Dr. rer.nat. Indra Yustian, M.Si. atas bimbingan, arahan, saran, nasihat, dan kesabarannya selama pelaksanaan penelitian serta penulisan skripsi ini. Penulis juga mengucapkan terimakasih kepada :

1. Dr. Hermansyah, M.Si. selaku Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya.
2. Dr. Arum Setiawan, M.Si. selaku Ketua Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya.
3. Dra. Muharni, M.Si. dan Dr. Laila Hanum, M.Si. Sebagai dosen pembahas yang telah memberikan saran dan masukan dalam penyusunan skripsi.
4. Dosen dan staff pengajar Jurusan Biologi, yang telah memberikan ilmu berharga bagi penulis.
5. Seluruh pihak resort Pusat Latihan Gajah Padang Sugihan yang memberikan sarana dan prasarana serta waktu dan tenaga dalam penelitian ini.

6. Hibah TFCA Siklus VIII Tahun 2021 yang turut andil dalam membiayai penelitian ini.
7. Agus Wahyudi, S.Si. selaku analis Laboratorium Genetika dan Bioteknologi Jurusan Biologi yang banyak membantu dalam kegiatan di laboratorium.
8. Winda Indriati, M.Si. selaku senior yang telah banyak membantu, membimbing, dan memberi masukan dalam penelitian serta penyusunan skripsi ini.
9. Tim kerja lapangan yang telah banyak membantu saat di lapangan, kak Rio Firman Saputra, kak Guntur Pragustiandi, dan kak Rhamdhon Dorojatun
10. Rekan-rekan seperjuangan Alifia Anisya, Dinda Sari, dan Wahid Herlanda, yang telah memberikan waktu dan tenaga pada saat di Laboratorium Genetika dan Bioteknologi Jurusan Biologi.
11. Seluruh rekan angkatan Biologi 2018
12. Serta pihak-pihak lain yang tidak dapat penulis sebutkan satu persatu.

Harapan penulis, semoga skripsi ini dapat menjadi referensi bagi civitas akademik dan masyarakat umum atau dilakukan penelitian lebih lanjut, sehingga didapatkan data yang lebih lengkap. Penulis menyadari masih banyak terdapat kekurangan dalam penyusunan skripsi ini. Oleh karena itu kritik dan saran sangat diperlukan untuk kebaikan skripsi ini dimasa datang.

Indralaya, Januari 2022
Penulis,

Putri Balqis
08041281823039

Phylogenetic Analysis of the Sumatran Elephant (*Elephas maximus sumatranus* Temminck, 1847) at the Elephant Training Center Padang Sugihan, Ogan Komering Ilir

Putri Balqis

0804128182039

RESUME

The Sumatran elephant (*Elephas maximus sumatranus* Temminck, 1847) is one of the endemic animals protected by the Regulation of the Minister of Environment and Forestry of the Republic of Indonesia Number P.106/MENLHK/SETJEN/KUM.1/12/2018 concerning Protected Plants and Animals. The Elephant Training Padang Sugihan is a part of the Wildlife Sanctuary area of Padang Sugihan. There are 31 Sumatran elephants consisting of 14 male and 17 female elephants. The Sumatran elephants in this Elephant Training Center came from translocations from around the Wildlife Sanctuary area of Padang Sugihan and from outside areas such as Ogan Komering Ulu, Gunung Raya OKU Selatan, Lampung Province, and Punti Kayu. The birth rate of elephants is quite high with 11 calves. The genealogical data of elephants at this elephant Training Center have not been recorded optimally. Thus, phylogenetic analysis is needed. Phylogenetic analysis based on the mitochondrial D-loop region aims to determine the relationship by looking at genetic distances and phylogenetic trees. This research used a non-invasive method in the form of fecal samples. Fecal samples have a high success rate in genetic analysis and are more effective for studies involving large and protected animals. This research involved 31 fecal samples. The fecal collection was carried out at the Elephant Training Center of Padang Sugihan. Genetic analysis was carried out at the Laboratory of Genetics and Biotechnology, Department of Biology, Faculty of Mathematics and Natural Sciences, Sriwijaya University, Indralaya. Phylogenetic analysis was carried out based on the genetic distance between individual elephants using the MEGA 11 application. The fecal condition of the 31 samples obtained from the Elephant Training Center was in the fresh category. The results of sample extraction showed that there were fecal samples that were outside the range of pure DNA (1.8-2.0), namely Dalung, Gapula, Tulus, Iin, Juwita, Mareti, Keenan, Felice, Lamora, Een, and Gambir. The MDL3 and MDL5 primers used successfully amplified 27 samples out of a total of 31 samples. A total of 4 samples, namely Topann, Elsa, Azis, and Genman were not analyzed further as they were not amplified during the PCR process. The total range of base lengths in the 27 samples that were successfully amplified was as expected, namely 633 bp to 705 bp. The alignment results showed that elephants in this Elephant Training Center had low nucleotide variations, but had changed a lot when compared to the nucleotide sequences in the outgroup. The existing mutations were deletion, insertion, and substitution mutations. Substitution mutations were

only found in Een elephants at base sequence 19 marked by a change in base G to T. The similarity of nucleotide sequences was reflected in the genetic distance with genetic distance values in the ingroup group or sample of 0.000% and 0.003%. The lower the value of the genetic distance, the closer the kinship between individuals. The ingroup was more closely related to the outgroup EF588275.2 Asian elephants from Thailand and KX027533.1 Mammoth, with a mean genetic distance value of 0.4% compared to the AF219240.1 African elephant. Reconstruction of phylogenetic trees revealed that Sumatran elephants at the Elephant Training Center of Padang Sugihan were closely related between individuals grouped in the same sub-cluster with an average similarity between individuals of 100% based on genetic distance values and nucleotide sequence similarities in the mitochondrial D-loop region.

Keywords: *Phylogenetic Analysis, Mitochondria D-loop, Sumatran Elephant (Elephas maximus sumtranus), and Fecal Samples.*

**Analisis Filogenetika Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus*,
Temminck, 1847) di Pusat Latihan Gajah Padang Sugihan,
Ogan Komering Ilir**

Putri Balqis

08041281823039

RINGKASAN

Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus* Temminck, 1847) termasuk salah satu hewan endemik yang keberadaannya di lindungi oleh Peraturan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan Republik Indonesia Nomor P.106/MENLHK/SETJEN/KUM.1/12/2018 tentang Tumbuhan dan Satwa Dilindungi. Pusat Latihan Gajah Padang Sugihan termasuk ke dalam wilayah Suaka Margasatwa Padang Sugihan. Terdapat 31 ekor Gajah Sumatera dengan 14 ekor gajah jantan dan 17 ekor gajah betina. Gajah Sumatera yang ada di PLG Padang Sugihan berasal dari hasil translokasi dari sekitar kawasan SM Padang Sugihan ataupun dari luar daerah, yaitu berasal dari Ogan Komering Ulu, Gunung Raya OKU Selatan, Provinsi Lampung, dan Pundi Kayu. Tingkat kelahiran gajah dapat dikatakan cukup tinggi dengan jumlah anakan gajah sebanyak 11 ekor. Data silsilah keturunan gajah di PLG belum tercatat dengan optimal, untuk itu perlu dilakukan analisis filogenetik. Analisis filogenetik berdasarkan daerah *D-loop* mitokondria bertujuan untuk mengetahui hubungan kekerabatan dengan melihat jarak genetik serta pohon filogenetika. Metode non invasif berupa sampel fecal digunakan dalam penelitian ini. Sampel fecal memiliki tingkat keberhasilan yang tinggi dalam analisis genetik dan lebih efektif dipilih untuk penelitian yang melibatkan satwa besar serta dilindungi. Jumlah sampel fecal yang diambil sebanyak 31 sampel. Pengambilan fecal dilakukan di PLG Padang Sugihan. Analisis genetik dilakukan di Laboratorium Genetika dan Bioteknologi Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya, Indralaya. Analisis filogenetika dilakukan berdasarkan nilai jarak genetik antar individu gajah dengan menggunakan aplikasi MEGA 11. Kondisi sampel fecal yang didapatkan dari PLG Padang sugihan semua 31 sampel masuk dalam kategori *fresh*. Hasil ekstraksi sampel menunjukkan adanya sampel fecal yang berada luar rentang DNA murni (1,8-2,0), yaitu pada sampel Dalung, Gapula, Tulus, Iin, Juwita, Mareti, Keenan, Felice, Lamora, Een, dan Gambir. Primer MDL3 dan MDL5 yang digunakan pada penelitian ini berhasil mengamplifikasi dengan baik pada 27 sampel dari total 31 sampel. Kisaran total panjang basa yang berhasil diamplifikasi sesuai yang diharapkan, yaitu 633 bp hingga 705 bp. Hasil *alignment* menunjukkan gajah di PLG memiliki variasi nukleotida yang rendah, namun banyak mengalami perubahan jika dibandingkan dengan *outgroup*. Mutasi yang ada berupa mutasi delesi, insersi, dan mutasi substitusi. Mutasi substitusi hanya ditemukan pada gajah Een pada urutan basa 19 ditandai dengan adanya perubahan basa G menjadi T. Kesamaan sekuen nukleotida tergambar pada jarak

genetik, dengan nilai jarak genetik pada kelompok *ingroup* atau sampel 0,000% dan 0,003%. Nilai jarak genetik yang semakin rendah menunjukkan kekerabatan antar individu semakin dekat. Kelompok *ingroup* lebih berkerabat dekat dengan *outgroup* EF588275.2 Gajah Asia dari Thailand dan KX027533.1 mamut, dengan rata-rata nilai jarak genetik sebesar 0,4% dibandingkan dengan AF219240.1 Gajah Afrika. Rekonstruksi pohon filogenetika mendapatkan bahwa Gajah Sumatera di PLG Padang Sugihan berkerabat dekat antar individu dan terkelompok dalam subklaster yang sama dengan rata-rata kesamaan antar individu 100% berdasarkan nilai jarak genetik dan persamaan sekuen nukleotida daerah *D-loop* mitokondria.

Kata Kunci: *Analisis Filogenetik, D-loop Mitokondria, Gajah Sumatera (Elephas maximus sumtranus), dan Sampel Fecal.*

DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL.....	i
HALAMAN PERSETUJUAN.....	ii
HALAMAN PENGESAHAN.....	iii
HALAMAN PERNYATAAN KEASLIAAN KARYA ILMIAH.....	iv
HALAMAN PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH UNTUK.....	v
KEPENTINGAN AKADEMIS	
HALAMAN PERSEMBAHAN MOTTO.....	vi
KATA PENGANTAR.....	vii
RESUME.....	ix
RINGKASAN.....	xi
DAFTAR ISI.....	xiii
DAFTAR TABEL.....	xv
DAFTAR GAMBAR.....	xvi
BAB 1 PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang.....	1
1.2 Perumusan Masalah.....	4
1.3 Tujuan Penelitian.....	4
1.4 Manfaat Penelitian.....	4
BAB 2 TINJAUAN PUSTAKA.....	5
2.1 Gajah Sumatera (<i>Elephas maxiumus sumatranus</i>).....	5
2.1.1 Klasifikasi dan Karakteristik.....	5
2.1.2 Habitat dan Persebaran Populasi.....	8
2.1.3 Status Konservasi.....	10
2.2 Kawasan Suaka Margastwa Padang Sugihan.....	12
2.3 Sampel Fecal Gajah Sumatera (<i>Elephas maximus sumatranus</i>).....	13
2.4 DNA Mitokondria (mtDNA).....	15
2.5 Daerah D-Loop DNA Mitokondria.....	18
2.6 Analisis Filogentika.....	19
BAB 3 METODELOGI PENELITIAN.....	22
3.1 Waktu dan Tempat.....	22
3.2 Alat dan Bahan.....	23
3.3 Metode Penelitian.....	25
3.3.1 Pengambilan Fecal Sampel.....	25
3.3.2 Ekstraksi.....	26
3.3.3 Kuantitas.....	28
3.3.4 Amplifikasi PCR.....	29
3.3.5 Elektroforesis dan Visualisasi Produk PCR.....	30
3.3.6 Sekuensing DNA.....	31
3.4 Analisis Data.....	31
BAB 4 HASIL DAN PEMBAHASAN.....	33
4.1. Kondisi Fecal Sampel.....	33
4.2 Hasil Ekstraksi.....	36
4.3 Produk <i>Polymerase Chain Reaction</i> (PCR).....	38

4.4 Urutan Pasang Basa.....	41
4.5 Hasil Alignment DNA Gajah Sumatera.....	43
4.6 Homologi <i>Search</i> BLAST (<i>Basic Local Aligment Search Tool</i>) NCBI...	49
4.7 Jarak Genetik.....	51
4.8 Pohon Filogenetika.....	53
4.9 Manajemen Konservasi Gajah Sumatera di PLG Padang Sugihan.....	58
BAB 5 KESIMPULAN.....	60
5.1 Kesimpulan.....	60
5.2 Saran.....	60
DAFTAR PUSTAKA.....	61
LAMPIRAN.....	69

DAFTAR TABEL

Tabel 1.	Data Individu Gajah Sumatera di PLG Padang Sugihan.....	24
Tabel 2.	Primer <i>Foward</i> dan <i>Reverse</i>	29
Tabel 3.	Tahapan amplifikasi PCR (<i>Polymerase Chain Reaction</i>).....	30
Tabel 4.	Data Sampel Fecal dan Hasil Ekstraksi Gajah Sumatera di PLG..... Padang Sugihan	34
Tabel 5.	Total Pasang Basa Fecal Sampel Gajah Sumatera.....	42
Tabel 6.	Persentase Homologi <i>Search</i> BLAST NCBI dengan Sampel Fecal Gajah Sumatera di PLG Padang Sugihan	50
Tabel 7.	Jarak Genetik Gajah Sumatera di PLG Padang Sugihan Beserta <i>Outgroup</i>	52

DAFTAR GAMBAR

Gambar 1.	Gajah Sumatera Jantan.....	7
Gambar 2.	Gajah Sumatera Betina.....	7
Gambar 3.	Kategori Kondisi Sampel Fecal.....	14
Gambar 4.	Peta Genom DNA Mitokondria Mamut.....	16
Gambar 5.	Peta Genom mtDNA dan Struktur daerah <i>D-loop</i> Mitokondria.....	18
Gambar 6.	Peta Kawasan Suaka Margasatwa Padang Sugihan.....	22
Gambar 7.	Peta Titik Pengambilan Fecal Sampel di Pusat Latihan Gajah Suaka Margasatwa Padang Sugihan	23
Gambar 8.	Kondisi Sampel Fecal di Lapangan	36
Gambar 9.	Visualisasi Produk PCR Fecal Sampel Gajah Sumatera di Pusat Latihan Gajah Padang Sugihan	39
Gambar 10.	Skema Hasil Sekuensing mtDNA Gajah Sumatera di Pusat Latihan Gajah Padang Sugihan	44
Gambar 11.	Mutasi <i>D-loop</i> mitokondria fecal Gajah Sumatera.....	45
Gambar 12.	Rekonstruksi Pohon Filogenetika.....	54

BAB 1

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus* Temminck, 1847) merupakan hewan endemik Pulau Sumatera yang masuk ke dalam *red list* IUCN (*International Union for Conservation and Nature Resources*) kategori *Critically Endangered* (Gopala *et al.*, 2011). Gajah Sumatera juga termasuk satwa yang dilindungi berdasarkan Peraturan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan Republik Indonesia Nomor P.106/MENLHK/SETJEN/KUM.1/12/2018 tentang Perubahan Kedua Atas Peraturan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan Nomor P.20/MENLHK/SETJEN/KUM.1/6/2018 tentang Jenis Tumbuhan dan Satwa Dilindungi yang menjadi penjelasan tambahan dari Peraturan Pemerintah RI Nomor 7 tahun 1999 tentang Pengawetan Jenis Tumbuhan dan Satwa.

Populasi Gajah Sumatera di alam liar dalam kurun waktu 2007 sampai 2019 mengalami penurunan sebanyak 61,3% (Direktorat Jendral KSDAE, 2020). Disebutkan juga bahwa penurunan populasi Gajah Sumatera diakibatkan oleh hilangnya habitat Gajah Sumatera akibat alih fungsi lahan, perburuan liar dan konflik gajah dengan manusia. Kondisi populasi Gajah Sumatera yang terus mengalami penurunan dapat menyebabkan terbentuknya kelompok kecil atau subpopulasi yang dapat meningkatkan persentase *inbreeding* yang berbahaya bagi kelangsungan hidup Gajah Sumatera (Ahlering *et al.*, 2011).

Analisis filogenetik dapat digunakan untuk merekonstruksi pohon filogenetika dan jarak genetik untuk mengetahui kekerabatan berdasarkan nilai jarak genetik. Analisis filogenetika berdasarkan daerah *D-loop* mitokondria memungkinkan untuk merekonstruksi pohon filogenetika karena *D-loop* mitokondria memiliki laju mutasi tinggi dan hipervariabel (Fernando *et al.*, 2000; Nicholls and Minczuk, 2014).

Penelitian mengenai kajian genetik gajah banyak menerapkan metode non invasif salah satunya dengan fecal. Fecal mengandung materi genetik yang berasal dari sel epitel usus hasil pencernaan. Gajah merupakan satwa yang memiliki tingkat defekasi tinggi sehingga dapat meningkatkan keberhasilan dalam sampling fecal. Gajah termasuk satwa besar sehingga untuk mengurangi resiko kecelakaan, maka metode invasif terutama sampel fecal menjadi salah satu pilihan yang banyak dilakukan (Fernando *et al.* 2000; Fleischer *et al.* 2001; Sulandari dan Zein, 2012; Savira *et al.*, 2012; Indriati *et al.* 2020). Data genetik dari fecal juga memiliki tingkat kepercayaan dan keakuratan yang tinggi (Fernando *et al.*, 2003).

Penelitian oleh Sulandari dan Zein (2012) melaporkan populasi Gajah Sumatera di wilayah Padang Sugihan dan Bentayan memiliki variasi genetik yang rendah dan diduga terjadi *inbreeding* dengan nilai *Haplotype diversity* menunjukkan angka 0. Potensi *inbreeding* diperkuat oleh penelitian Indriati (2020), yang melaporkan bahwa variasi genetik subpopulasi gajah di Distrik Sungai Penyabungan Ogan Komering Ilir (OKI) termasuk kategori rendah berpotensi *inbreeding* yang tinggi dengan nilai pada analisis Tajima D -0,429 dan pada analisis Fu & Li's F^* sebesar 0,70901 (tidak signifikan dengan $P > 0,10$).

Pusat Latihan Gajah (PLG) Padang Sugihan termasuk bagian dari Suaka Margasatwa Padang Sugihan (Mahanani, 2012). Gajah Sumatera yang ada di PLG Padang Sugihan merupakan gajah jinak, saat ini berjumlah 31 ekor dengan gajah jantan sebanyak 14 ekor dan 17 ekor gajah betina. Gajah Sumatera yang ada di PLG Padang Sugihan merupakan hasil penangkapan di sekitar kawasan SM Padang Sugihan dan translokasi (Nur Siddiq, tenaga paramedis PLG Padang Sugihan, *pers. comm*)

Gajah yang merupakan hasil translokasi dari luar Kabupaten Ogan Komering Ilir (OKI) berjumlah 5 ekor, 1 ekor berasal dari Lampung, 2 ekor berasal Kabupaten OKU, 1 ekor dari TWA Pundi Kayu, dan 1 ekor dari Gunung Raya OKU Selatan sisanya merupakan gajah hasil penangkapan dan translokasi dari Kabupaten OKI. Tingkat kelahiran anak gajah di PLG Padang Sugihan termasuk cukup tinggi dengan empat anak gajah di bawah umur 5 tahun dan tujuh anak gajah berumur di bawah 10 tahun (Nur Siddiq, tenaga paramedis PLG Padang Sugihan, *pers. comm*).

Pengelolaan kawasan PLG Padang Sugihan yang belum memadai, menyebabkan tidak terdatanya silsilah keturunan, baik gajah hasil penangkapan atau translokasi dan gajah yang berasal dari kelahiran di PLG Padang Sugihan. Hal ini dikhawatirkan akan terjadi perkawinan sedarah atau *inbreeding* pada subpopulasi Gajah Sumatera di PLG Padang Sugihan. Kajian genetik pada kawasan ini belum dilakukan sehingga perlu analisis filogenetik untuk merekonstruksi pohon filogenetika dan jarak genetik Gajah Sumatera, khususnya gajah jinak di PLG Padang Sugihan yang diharapkan menjadi data tambahan dalam strategi konservasi gajah Sumatera.

1.2 Perumusan Masalah

Strategi yang tepat dalam upaya konservasi Gajah Sumatera menjadi agenda utama dalam upaya untuk mencegah penurunan populasi Gajah Sumatera. Konservasi genetik merupakan metode yang optimal dan tepat dalam penyusunan strategi konservasi kedepannya. Pengelolaan Pusat Latihan Gajah Padang Sugihan belum optimal berdasarkan data genetik gajah yang belum tercatat. Oleh karena itu, kajian molekuler dengan analisis filogenetik perlu dilakukan. Analisis filogenetik berdasarkan daerah *D-loop* mitokondria diharapkan dapat memberikan informasi mengenai kekerabatan gajah dengan rekonstruksi pohon filogenetika dan data jarak genetik di PLG Padang Sugihan sehingga dapat menjadi data tambahan untuk strategi konservasi ke depannya.

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dilakukan penelitian adalah menyusun rekonstruksi pohon filogenetika berdasarkan daerah *D-loop* mitokondria sehingga dapat dikaji kekerabatan Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus* Temminck, 1847) di Pusat Latihan Gajah Padang Sugihan melalui pohon filogenetika dan jarak genetik.

1.4 Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan dapat memberikan informasi ilmiah mengenai pohon filogenetika dan jarak genetik pada Gajah Sumatera di Pusat Latihan Gajah Padang Sugihan sehingga dapat dijadikan data untuk strategi konservasi di PLG Padang Sugihan.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdullah, A., Asiah, A., dan Japisa, T. (2012). Karakteristik Habitat Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus*) di Kawasan Ekosistem Seulawah Kabupaten Aceh Besar. *Jurnal Biologi Edukasi*. 4(1): 41-45.
- Ahlering, M. A., Hedges, S., Johnson, A., Tyson, M., Schuttler, S. G., and Eggert, L. S. (2011). Genetic diversity, Social Structure, and Conservation Value of the Elephants of the Nakai Plateau, Lao PDR, Based on Non-Invasive Sampling. *Conservation Genetics*. 12(2): 413-422.
- Apriyanto, V. dan Sembiring, L. (2016). *Filogenetika Molekular Teori dan Aplikasi*. Yogyakarta: Innosain.
- Arnason, U., Adegokke, J. A., Gullberg, A., Harley, E. H., Janke, A. and Kullberg, M. 2016. *Elephas maximus* Complete Mitochondrial Genome. *NCBI Genbank*: AJ428946. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/AJ428946.1>. Diakses pada 29 November 2021.
- Balai Konservasi Sumber Daya Alam. 2015. Peta Kerja Kawasan Suaka Margasatwa (SM) Padang Sugihan. Sumatera Selatan: BKSDA Sumatera Selatan.
- Campbell, N. A. *et al.* 2014. *Biologi Edisi Kedelapan Jilid 2*. Jakarta: Erlangga.
- Dharmayanti, N. L. P. I. (2011). Filogenetika Molekuler: Metode Taksonomi Organisme Berdasarkan Sejarah. *Wartazoa*. 20(1): 1-10.
- Direktorat Jendral Konservasi Sumber Daya Alam dan Ekosistem (KSDAE). (2020). *Rencana Tindakan Mendesak Penyelamatan Populasi Gajah Sumatera (Elephas maximus sumatranus) 2020-2023*. Jakarta: Direktorat KKH-KSDAE Kementerian Lingkungan Hidup dan Kehutanan Republik Indonesia.
- Enk, J., Devault, A., Widga, C., Saunders, J., Szpak, P., Southon, J., Rouillard, J. M., Shapiro, B., Golding, G. B., Zazula, G., Froese, D., Fisher, D. C., MacPhee, R. D. E. and Poinar, H. (2016). *Mammuthus primigenius* isolate

- Oimyakon Mitochondrion, Partial Genome. *NCBI Genbank: KX027533.1*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/KX027533.1>. Diakses pada 23 November 2021.
- Fernando, P., Michael E. P., Sandra E. E., and Russel L. (2000). Mitochondrial DNA Variation, Phylogeography and Population Structure of the Asian Elephant. *Journal of Heredity*. 84(3): 362-372.
- Fernando, P., T. N. C. Vidya, C. Rajapakse, A. Dangolla, and D. J. Melnick. (2003). Reliable Noninvasive Genotyping: Fantasy or Reality?. *Journal of Heredity*. 94(2):115-123.
- Fernando, P. T. N. C., Polet, G., Foad, N., Linda, S. Ng., Pastorini, J., and Melnick, D. J. (2006). Genetic Diversity, Phylogeny, and Conservation of the Java Rhinoceros (*Rhinoceros sondaicus*). *Conservation Genetics*. 7: 439-448.
- Fleischer, R. C., Perry, E. A., Muralidharan, K., Stevens, E. E., dan Wemmer, C. M. (2001). Phylogeography of the Asian elephant (*Elephas maximus*) based on mitochondrial DNA. *Evolution*. 55(9): 1882-1892.
- Flot, J. F., and Tillier, S. (2007). The Mitochondrial Genome of Pocillopora (Cnidaria: Scleractinia) Contains Two Variable Regions: the Putative D-loop and a novel ORF of unknown function. *Gene*. 401(1-2): 80-87.
- Forgacs, D., Wallen, R. L., Boedeker, A. L., and Derr, J. N. (2019). Evaluation of fecal Samples as a Valid Source of DNA by Comparing Paired Blood and Fecal Samples From American Bison (*Bison Bison*). *BMC Genetics*. 20(22): 1-8.
- Gopala, A. et al. 2011. *Elephas maximus ssp. sumatranus*. the IUCN Red List of Threatened Species 2011: e.T199856A9129626. Tersedia pada <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2011-2.RLTS.T199856A9129626.en> Diakses pada 05 Oktober 2021.
- Gardipee, F. M. (2007). *Development of Fecal DNA Sampling Methods To Assess Genetic Population Structure of Greater Yellowstone Bison*. Unpublished master's thesis, University of Montana, Missoula.

- Garsetiasih, R., Rianti, A., dan Takandjandji, M. (2018). Potensi Vegetasi dan Daya Dukung untuk Habitat Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus*) di Areal Perkebunan Sawit dan Hutan Produksi Kecamatan Sungai Menang, Kabupaten Ogan Komering Ilir. *Berita Biologi*. 17(1): 49-64.
- Hasibuan, F. E. B., Mantiri, F. R., & Rumende, R. R. (2017). Kajian Variasi Sekunes Intraspesies dan Filogenetik Monyet Hitam Sulawesi (*Macaca Nigra*) dengan Menggunakan Gen Coi. *Jurnal Ilmiah Sains*, 17(1), 59-67.
- Haryono, S. K. (2018). *Sitogenetika*. Yogyakarta: Lily Publisher.
- Hidayat, T., dan Pancoro, A. (2019). Ulasan Kajian Filogenetika Molekuler dan Perannya dalam Menyediakan Informasi Dasar Untuk Meningkatkan Kualitas Sumber Genetik Anggrek. *Jurnal Agrobiogen*. 4(1): 35-40.
- Hikmatyar, M. F., dan Royani, J. I. (2015). Isolasi dan Amplifikasi DNA Keladi Tikus (*Thyponium flagelliform*) untuk Identifikasi Keragaman Genetik. *Jurnal Bioteknologi & Biosains Indonesia (JBBI)*, 2(2), 42-48.
- Iqbal, M., Ibnu, D.B., Nia, K. 2016. Analisis perbandingan metode isolasi DNA untuk deteksi *White Spot Syndrome Virus (WSSV)* pada udang Vaname (*Litopenaeus vannamei*). *Jurnal Perikanan Kelautan*. 8(1):54-65.
- Indriati, W., Yustian, I, dan Setiawan, A. (2020). Quantitative and Qualitative Test of the Fecal Sampel From Sumatran Elephant (*Elephas maximus sumatranus*). *BIOVALENTIA: Biological Research Journal*. 6(5): 15-20.
- Indriati, W. (2020). *Analisis Variasi Genetik Mitokondria DNA Gajah Sumatera (Elephas maximus sumatranus) di Kawasan Pelestarian Plasma Nutfah Distrik Penyambungan, OKI, Sumatera Selatan*. Tesis Jurusan Biologi FMIPA Universitas Sriwijaya. Tidak dipublikasikan.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., dan Tamura, K. (2021). MEGA XI: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Across Computing Platforms. *Molecular biology and evolution*. 35(6): 1547.
- Mahanani, A. I. (2012). Daya Dukung Habitat Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus* Temminck) di Suaka Margasatwa Padang Sugihan Provinsi

Sumatera Selatan. *Prosiding Seminar Nasional Pengelolaan Sumberdaya Alam dan Lingkungan*. Semarang.

Maikaew, U., Pinyopummin, A., Wajjwalku, W., Siripholvat, V. and Mahasawankul, S. 2007. *Elephas maximus* Complete Genom. *NCBI GenBank*: EF588275.2. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/EF588275.1> Diakses pada 23 November 2021.

Mirabella, F. M. (2011). Pendekatan Pohon dalam Filogenetik. *Makalah IF2091 Struktur Diskrit*.

Mustafa, H., Indra R., dan Yusran U. (2016). Pengukuran Konsentrasi dan Kemurnian DNA Genom Nyamuk. *Jurnal Vektor Penyakit*. 10(1): 7-10.

Mueller, S., Steinborn, R. and Mueller, M. 2016. *Loxodonta africana* Cytochrome b (CYTB) Gene, Partial cds; tRNA-Thr, tRNA-Pro, and tRNA-Phe Genes, Complete sequence; and 12S Ribosomal RNA Gene. *NCBI Genbank*: AF219240.1. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/AF219240.1>. Diakses pada 23 November 2021.

Nancy, S. (2019). *Aktivitas Nokturnal Gajah Sumatera (Elephas maximus sumatranus) di Kandang Sosialisasi Kawasan Hutan dengan Tujuan Khusus (KHDTK) Aek Nauli, Simalungun, Sumatera Utara*. Skripsi Jurusan Biologi FMIPA Universitas Sumatera Utara.

Nicholls, T. J., and Minczuk, M. (2014). in D-loop: 40 Years of Mitochondrial 7S DNA. *Experimental gerontology*. 56: 175-181.

Nur, M. N., Maryanto, A. E., Andayani, N., Syarifa, A., Nofinska, B. A., Kheng, V., dan Sumayyah, S. (2019). Genetic Variation of *Elephas maximus sumatranus* from Bukit Barisan Selatan National Park, Indonesia. *Proceedings of the 4th International Symposium on Current Progress in Mathematics and Sciences*. 2168(1): 1-4.

Osawa, S., Su, Z. H., dan Imura, Y. (2004). *Molecular phylogeny and evolution of carabid ground beetles*. Springer Science & Business Media.

- Pagala, M. A. dan Nafiu, L. O. (2020). *Teknologi Biomarka Molekuler*. Kendari: Universitas Halu Oleo Press.
- Palkopoulou, E. *et al.* (2018). A Comprehensive Genomic History of Extinct And Living Elephants. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 115(11): E2566-E2574.
- Praharani, L. dan Sianturi, R. S. G. (2018). Tekanan *Inbreeding* dan Alternatif Solusi pada Ternak Kerbau. *Wartazoa*. 28(1): 1-12.
- Rahmanita, D dan H. Bashari (2020). *Pedoman Pelepasliaran Satwa Liar di Taman Nasional Bogani Nani Wartabone*. Kotabagu: Balai Taman Nasional Bogani Nani Wartabone dan Enhancing the Protected Area System in Sulawesi for Biodiversity Conservation (EPASS)–Project.
- Rahmat, U., M. (2009). Genetika Populasi dan Strategi Konservasi Badak Jawa (*Rhinoceros sondaicus*, Desmarest 1822). *Jurnal Manajemen Hutan Tropika*. 15(1): 83-90.
- Ratnayani, K., Wirajana, I. N., dan Laksmiwati, A. A. I. A. M. (2007). Analisis Variasi Nukleotida Daerah *D-Loop* DNA Mitokondria pada Satu Individu Suku Bali Normal. *Jurnal Kimia*. 1(1): 7-14.
- Rogaev, E. I., Moliaka, Y. K., Malyarchuk, B. A., Kondrashov, F. A., Derenko, M. V., Chumakov, I., dan Grigorenko, A. P. (2006). Complete Mitochondrial Genome and Phylogeny of Pleistocene Mammoth *Mammuthus primigenius*. *Plos Biology*. 4(3): e73.
- Savira, M. (2012). *Analisis Variasi D-loop DNA Mitokondria pada populasi Gajah Sumatera (Elephas Maximus Sumatranus) di Taman Nasional Way Kambas* Skripsi Jurusan Biologi FMIPA Universitas Indonesia. Tidak dipublikasikan.
- Sawitri, R. dan Takandjandji, M. (2012). *Inbreeding* pada Populasi Banteng (*Bos javanicus* d'Alton 1832) di Kebun Binatang Surabaya. *Buletin Plasma Nuftah*. 18(2): 84-94.

- Schmieder, R., dan Edwards, R. (2011). Fast Identification and Removal of Sequence Contamination from Genomic and Metagenomic Datasets. *PLoS one*. 6(3): 1-11.
- Setiaputri AA, Barokah GR, Sahaba MAB, Arbajayanti RD, Fabella N, Pertiwi RM, Nurilmala M, Nugraha R, Abdullah A. 2020. Perbandingan Metode Isolasi Dna Pada Produk Perikanan Segar dan Olahan. *Jurnal Pengolahan Hasil Perikanan Indonesia*. 23(3): 447-458.
- Shoshani, J. and Eisenberg, J.F. (1982). *Elephas maximus* Mammalian Species. American Society of Mammalogists. 4(182): 1 – 8.
- Sitompul, A. F. (2011). *Ecology and Conservation of Sumatran Elephants (Elephas maximus sumatranus) in Sumatra, Indonesia*. Unpublished master's thesis, University of Montana, Missoula.
- Suhada, N., Yoza, D., dan Arlita, T. (2016). Habitat Optimal Gajah Sumatera *Elephas maximus sumatranus* Temminck) di Pusat Latihan Gajah (PLG) Minas. *Jom Faperta*. 3(1): 1-9.
- Sukumar, R. (2006). A Brief Review of the Status, Distribution and Biology of Wild Asian Elephants *Elephas maximus*. *International Zoo Yearbook*. 40(1): 1-8.
- Sukumar, R. (2011). *The Story of Asia's Elephants*. Mumbai: Radhika Sabavala.
- Sulandari, S., dan Zein, M. A. (2009). Analisis D-loop DNA Mitokondria untuk memposisikan Ayam Hutan Merah dalam domestikasi ayam di Indonesia. *Media Peternakan*. 32(1): 31-39.
- Sulandari, S. dan Zein, M. S. (2012). Mitochondrial DNA Variation of the Sumatran Elephant in Sumatera. *The Southeast Asian Journal of Tropical Biology*. 19(2): 92-102.
- Sulandari, S., Zein, M. S. A., Sutrisno, H., Dharmayanthi, A. B., dan Natalia, I, (2013). Tahapan Kerja dalam DNA Barcode. Dalam Zein, M. S. A. dan Prawiradilaga, D. M., editor. (2013). *DNA Barcode Fauna Indonesia*. 49-57. Jakarta: Kencana Prenadamedia Group.

- Susilowati, O., Maharani, A. I., Yustian, I., Setiawan, A., dan Sumantri, H. (2016). *Identifikasi dan Pemetaan Kantong-kantong Habitat Gajah dan Harimau di Sumatera Selatan*. Indralaya: FMIPA Universitas Sriwijaya.
- Syahri, B. F., Haris G., dan Herawati S. (2015). Analisis Mikrosatelit pada Sampel Feses Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus*) di Taman Nasional Tesso Nilo, Riau. *Jom FMIPA*. 2(1): 42-49.
- Tobe, S. S., Kitchener, A. C., dan Linacre, A. M. (2010). Reconstructing Mammalian Phylogenies: a Detailed Comparison of the Cytochrome b and Cytochrome Oxidase Subunit I Mitochondrial Genes. *PloS one*. 5(11): e14156.
- Vidya, T. N. C., Fernando, P., Melnick, D. J., and Sukumar, R. (2005). Population Genetic Structure and Conservation of Asian Elephants (*Elephas Maximus*) Across India. *Journal of Heredity*. 8(4): 337-338.
- Vidya, T. N. C., Sukumar, R., and Melnick, D. J. (2009). Range-Wide mtDNA Phylogeography Yields Insights into the Origins of Asian Elephants. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 276(1658): 893-902.
- Virnarenata, E., Rustiati, E. L., Priyambodo, Srihartanto, E. A., dan Pratiwi, D. N. (2021). Short Communication: Identification and Characterisation of COI Gene in Female Sumatran Elephant (*Elephas maximus sumatranus*) in Elephant Training Centre, Way Kambas National Park. *Biological Research Journal*. 7(1): 1-4.
- Walberg, M. W., & Clayton, D. A. (1981). Sequence and Properties of the Human KB Cell and Mouse L Cell D-loop Regions of Mitochondrial DNA. *Nucleic Acids research*. 9(20): 5411-5421.
- Wehausen, J. D., Ramey, R. 2., and Epps, C. W. (2004). Experiments in DNA Extraction and PCR Amplification from Bighorn Sheep Feces: the Importance of DNA Extraction Method. *Journal of Heredity*. 95(6): 503-509.
- Wibowo, D. S., Widiyanti, R., Asvan, M., Restanti, P. D., and Wijayanto, H. (2021). Molecular Study on mt-DNA COX2 Gene of Sumatran Elephant

(*Elephas maximus sumatranus*). *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*. 22(2): 1603-1068.

Yuriadi, Widayanti, R., Haryanto, A., dan Artama, W. T. (2009). Kajian Molekuler Daerah *D-loop* Parsial *Deoxyribonucleic Acid* (DNA) Mitokondria Kuda (*Equus caballus*) Asli Priangan. *Journal Sains Verterner*. 27(2): 67-74.

Yuwono, T. 2005. *Biologi Molekular*. Jakarta: Erlangga.

Zein, M. S. A., dan Sulandari, S. (2016). Kajian gen Amely Gajah Sumatera (*Elephas maximus sumatranus*). *Jurnal Biologi Indonesia*. 12(1): 81-86.

Zymo *Quick-DNATM Fecal/Soil Microbe Miniprep Kit*. 2021. <https://www.zymoresearch.com/products/quick-dna-fecal-soil-microbe-dna-miniprep-kit>. Diakses pada 18 September 2021.