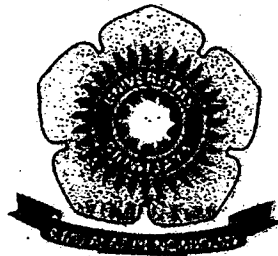


TESIS

**ANALISIS GENETIK KELINCI BELANG SUMATERA (*Nesolagus netscheri*)
ASAL SUMATERA SELATAN MENGGUNAKAN PENANDA GEN 12S rRNA
DAN COI**



Oleh:

RIO FIRMAN SAPUTRA

08082621721011

FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM

UNIVERSITAS SRIWIJAYA

2020

HALAMAN PENGESAHAN

ANALISIS GENETIK KELINCI BELANG SUMATERA (*Nesolagus netscheri*) ASAL
SUMATERA SELATAN MENGGUNAKAN GEN 12S rRNA DAN COI

TESIS

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

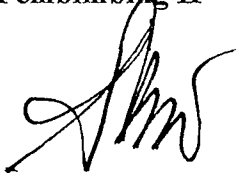
Oleh:

RIO FIRMAN SAPUTRA

08082621721011

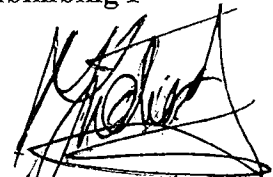
Palembang, 15 Agustus 2020

Pembimbing II



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

Pembimbing I



Dr. ref.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 Genetik Kelinci Belang Sumatera (*Nesolagus netscheri*) Asal Sumatera Selatan Menggunakan Penanda Gen 12S rRNA dan COI” Telah dipertahankan di hadapan Tim Penguji Karya Tulis Ilmiah Fakultas Matematika Dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya pada tanggal 15 Agustus 2020.

Palembang, Agustus 2020

Tim Penguji Karya tulis ilmiah berupa Tesis

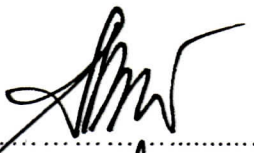
Ketua:

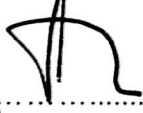
1. Dr. rer. nat. Indra Yustian, M.Si.
NIP. 197307261997021001


()

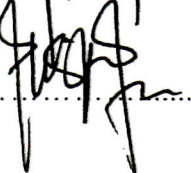
Anggota:

2. Dr. Arum Setiawan, M.Si.
NIP.197211221998031001
3. Dr. Laila Hanum, M.Si.
NIP.197308311998022001
4. Dr. Yuanita Windu Sari, M.Si.
NIP.196909141998032002
5. Dr. Elisa Nurnawati, M.Si.
NIP. 197504272000122001

()

()

()

()

Mengetahui,

Dekan Fakultas MIPA



Prof. Iskhag Iskandar, M.Sc
NIP. 197210041997021001

Ketua Prodi S2 Biologi

()

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

RESUME

The Sumatran Striped Rabbit (*Nesolagus netscheri*) is an endemic animal protected by Government Regulation Number 7 of 1999 and the renewal of Regulation of the Minister of Environment and Forestry No. P. 106 year 2018. Categorized as Data Deficient by IUCN (International Union of Conservation of Nature) since 2019. *N. netscheri* can be found at altitudes above 600 meters above sea level, in mountainous and sub-mountainous habitats. *N. netscheri* samples were obtained from Pagar Alam, South Sumatra. Information and studies on the genetics of these species are needed, so research on genetic analysis of *N. netscheri* will play a very important role in conservation efforts in the future.

This study aims to obtain DNA profiles through genetic analysis of the Sumatran striped rabbit (*Nesolagus netscheri*) from South Sumatra using the 12S ribosomal RNA (12S rRNA) and Cytochrome Oxidase sub-unit I (COI) gene marker. There is no specific information regarding genetic analysis using the 12S rRNA and COI gene markers in *Nesolagus netscheri* from South Sumatra, so the results of this study provide important information at the genetic level.

This research was conducted from January to May 2020 at the Laboratory of Genetics and Biotechnology, Faculty of Mathematics and Natural Sciences, Sriwijaya University. This study used the PCR (Bio-Rad T100 Thermal Cycler) method, the Prodak PCR was observed using a UV Transluminator, then the sequencing stage was carried out. Data analysis was carried out using the Bioedit application, at BLAST NCBI (National Center for Biotechnology Information), EBI (European Bioinformatics Institute) and DDBJ (DNA Data Bank of Japan) to determine the homology level of sequences similarity with their close relatives. Data were analyzed using BioEdit and the results will be presented in the form of a described table and image.

The results obtained DNA profile of Sumatran striped rabbits using the 12S rRNA gene marker, visible DNA bands at 906 bp and no DNA bands visible on the COI gene marker. The sequence of nucleotides from the sequencing is not perfect so that it cannot determine whether a mutation occurs or not.

RINGKASAN

Kelinci Belang Sumatera (*Nesolagus netscheri*) merupakan satwa endemik yang dilindungi berdasarkan Peraturan Pemerintah Nomor 7 Tahun 1999 dan pembaruan Peraturan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan No. P.106 tahun 2018. Dikategorikan Kurang Data (*Data Deficient*) oleh IUCN (*International Union of Conservation of Nature*) sejak 2019. *N. netscheri* dapat dijumpai pada ketinggian di atas 600 meter di atas permukaan laut, di habitat pegunungan dan sub-pegunungan. Sampel *N. netscheri* diperoleh dari Pagar Alam, Sumatera Selatan. Informasi dan studi tentang genetik spesies tersebut sangat diperlukan, sehingga penelitian mengenai analisis genetik *N. netscheri* sangat berperan dalam upaya konservasi dimasa mendatang.

Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan profil DNA melalui analisis genetik Kelinci belang Sumatera (*Nesolagus netscheri*) asal Sumatera Selatan menggunakan penanda gen 12S ribosomal RNA (12S rRNA) dan *Cytochrome Oxidase sub-unit I* (COI). Belum adanya informasi yang spesifik tentang analisis genetik menggunakan penanda gen 12S rRNA dan COI pada *Nesolagus netscheri* asal Sumatera Selatan, sehingga hasil penelitian ini memberikan informasi penting ditingkat genetik.

Penelitian ini telah dilaksanakan pada bulan Januari sampai dengan Mei 2020 bertempat di Laboratorium Genetika dan Bioteknologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya. Penelitian ini menggunakan metode PCR (Bio-Rad T100 *Thermal Cycler*), Produk PCR diamati menggunakan alat UV Translumitor, selanjutnya dilakukan tahap sekuensing. Analisa data dilakukan menggunakan aplikasi Bioedit, di BLAST NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), EBI (*European Bioinformatics Institute*) dan DDBJ (*DNA Data Bank of Japan*) untuk mengetahui tingkat homologi similaritas sekuen dengan kerabat dekat nya. Data dianalisis menggunakan BioEdit dan hasil akan disajikan dalam bentuk tabel dan gambar yang di deskripsikan.

Hasil penelitian didapat profil DNA kelinci belang sumatera menggunakan penanda gen 12S rRNA, terlihat pita DNA pada 906 bp dan tidak terlihat pita DNA pada penanda gen COI . Urutan nukleotida hasil sekuensing tidak sempurna sehingga tidak bisa menentukan terjadi atau tidaknya mutasi.