

VARIASI GENETIK INTRASPESES RUSA TOTOL, *Axis axis* (Erxleben, 1777), DARI EMPAT POPULASI PENANGKARAN BERDASARKAN FRAGMEN MITOKONDRIA *D-LOOP*

M. Zulfiqar Meizar Pratama

20/464826/PBI/01722

ABSTRAK

Rusa totol merupakan hewan endemik Asia Selatan. Hewan ini telah banyak diintroduksi ke berbagai negara, termasuk Indonesia. Rusa totol pertama kali didatangkan ke Indonesia pada tahun 1811 ke halaman Istana Bogor yang selanjutnya banyak ditangkarkan di berbagai penangkaran. Di Indonesia belum ada penelitian variasi genetik rusa totol tersebut. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk menganalisis variasi genetik dan hubungan kekerabatan populasi rusa totol di empat populasi penangkaran, yaitu di PIAT UGM, kompleks Prambanan, Gembira Loka, dan Istana Bogor, serta memberikan gambaran asal-usul masing-masing populasi tersebut. Jumlah sampel yang digunakan pada penelitian ini yaitu 5 sampel dari tiap penangkaran. Pada penelitian ini digunakan fragmen *D-loop* sebagai penanda molekuler yang diekstraksi dari sampel feses. Metode yang digunakan yaitu metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan primer L15995 dan H16498. Data yang diperoleh kemudian dianalisis menggunakan beberapa *software*, yaitu GeneStudio, DNASTAR, BLAST, Mesquite, MEGA, BEAST, JModelTest2, DnaSP, NETWORK, dan GenAlEx. Hasil penelitian menunjukkan bahwa terdapat variasi genetik intrapopulasi pada populasi penangkaran di Istana Bogor dan Gembira Loka, sedangkan pada populasi penangkaran PIAT dan Candi Prambanan tidak ditemukan adanya variasi genetik intrapopulasi. Selanjutnya hasil analisis intraspesies (interpopulasi) antar 4 populasi penangkaran yang diteliti menunjukkan adanya variasi genetik yaitu terdapat 5 haplotipe dengan 10 situs polimorfik dan 2 indel. Nilai keragaman haplotipe adalah 0,4421 dan keragaman nukleotida adalah 0,00217 dengan jarak genetik antara 0-2,03% (rerata 0,55%). Selain itu hasil analisis menunjukkan terdapat satu haplotipe utama di populasi studi yang terdiri dari seluruh individu rusa totol dari PIAT dan Candi Prambanan, 1 individu dari Gembira Loka dan 4 individu dari Istana Bogor. Hal ini menunjukkan bahwa sebagian besar rusa totol yang tersebar di penangkaran Indonesia berasal dari populasi awal dari Istana Bogor. Satu individu di Gembira Loka memiliki perbedaan genetik yang cukup jauh dibanding individu lainnya, sehingga diperkirakan berasal dari luar Indonesia. Hasil yang diperoleh diharapkan dapat membantu konservasi genetik rusa totol di Indonesia.

Kata kunci: Rusa totol, penangkaran, *D-loop*, variasi genetik

INTRASPECIFIC GENETIC VARIATION OF CHITAL, *Axis axis* (Erxleben, 1777), FROM FOUR CAPTIVE POPULATIONS BASED ON MITOCHONDRIAL *D-LOOP* FRAGMENT

M. Zulfiqar Meizar Pratama

20/464826/PBI/01722

ABSTRACT

Chital is an endemic animal from South Asia. Chital had been introduced to many countries, including Indonesia. Chital was first introduced to Indonesia in 1811 to Bogor Palace and since had been kept captive around Indonesia. Currently, no research had been done concerning the genetic variation of Indonesian chital. Therefore, the purpose of this research is to analyze genetic variation and phylogenetic relationship and to determine the population origin of chital from PIAT UGM, Prambanan Temple complex, Gembira Loka Zoo, and Bogor Palace, based on the mitochondrial *D-loop* fragment. This study uses a Polymerase Chain Reaction (PCR) method. The DNA was extracted from a fecal sample of the individual and amplified with L15995 and H16498 primers for *D-loop*. The data obtained are then analyzed using several softwares: GeneStudio, DNASTAR, BLAST, Mesquite, MEGA, BEAST, JmodelTest2, DnaSP, NETWORK, and GenAlEx. The results revealed that there was intrapopulation genetic variation in the captive populations in Bogor Palace and Gembira Loka, while no intrapopulation genetic variation in the captive populations of PIAT and Prambanan Temple. In addition, intraspecific (interpopulation) analysis among four captive populations investigated in this study showed genetic variation. This study detected 5 haplotypes with 10 polymorphic sites and 2 indels. The haplotype diversity and the nucleotide diversity were 0.4421 and 0.00217 respectively, and the genetic distance was between 0 and 2.03% (average 0.55%). This research also showed one main haplotype which consists of all individuals from PIAT and Prambanan Temple, four individuals from Bogor Palace, and one individual from Gembira Loka. This proves that the majority of the chital population in Indonesia came from Bogor Palace. One individual from Gembira Loka has a considerable genetic difference from the rest of the samples, which might indicate it originated from outside Indonesia. The genetic data gained in this study is expected to be applied for in-situ conservation of Chital in several captive areas in Indonesia.

Keywords: chital, captive, *D-loop*, genetic variation