



## **FILOGENETIK LANDAK JAWA *Hystrix javanica* (F. Cuvier, 1823) BERDASARKAN PENDEKATAN MULTILOKUS**

Ahmad Afan Efendi  
23/513558/PBI/01928

### **ABSTRAK**

Landak Jawa (*Hystrix javanica*) merupakan spesies endemik dari Indonesia dan dilindungi oleh pemerintah, dengan perilaku pertahanan yang unik menggunakan duri di tubuhnya. Meskipun *H. javanica* telah berstatus dilindungi, tetapi populasinya di alam terus menurun karena rusaknya habitat dan aktivitas perburuan. Berbagai upaya konservasi *H. javanica* perlu dilakukan, salah satu upaya konservasi yang bisa dilakukan yaitu dengan pendekatan multilokus. Tujuan penelitian ini adalah menyusun data genetik serta merekonstruksi pohon filogenetik *H. javanica* menggunakan pendekatan multilokus untuk mengetahui kekerabatannya dengan spesies landak lainnya. Sampel yang digunakan adalah sampel darah, duri dan *swab* (hidung dan kloaka) yang di dapatkan dari lembaga konservasi di Pulau Jawa. *Marker* yang digunakan adalah *COI*, *Cytb* dan *12S rRNA*. Data genetik *H. javanica* beserta data genetik spesies landak lain dari Famili Hystricidae dianalisis untuk mengetahui status taksonomi *H. javanica*. Berdasarkan analisis komposisi nukleotida dan jarak genetik interspesies menunjukkan bahwa *H. javanica* memiliki komposisi basa nukleotida yang berbeda, serta jarak genetik mengindikasikan posisi *H. javanica* sebagai spesies yang berbeda dari spesies landak lainnya. Hasil analisis pohon filogenetik menunjukkan bahwa *H. javanica* secara konsisten berada pada klad tersendiri, dengan menggunakan tiga pendekatan model pohon yaitu NJ, ML, dan BI. Penelitian ini menunjukkan validitas *H. javanica* sebagai spesies tersendiri yang berbeda dengan spesies landak lainnya, serta berkerabat dekat dengan *Hystrix brachyura*. Penelitian ini juga memberikan kontribusi upaya konservasi *H. javanica* secara molekuler dan menyempurnakan penelitian sebelumnya. Penelitian ini menyarankan perlu dilakukan penelitian lanjutan untuk memperkirakan waktu divergensi *H. javanica* untuk memberikan pemahaman lebih mendalam mengenai sejarah evolusi, waktu spesiasi, dan biogeografi.

**Kata kunci:** Landak Jawa (*Hystrix javanica*), Multilokus, Filogenetik, *COI*, *Cytb*, *12S rRNA*.



## **PHYLOGENETICS OF SUNDA PORCUPINE *Hystrix javanica* (F. Cuvier, 1823) BASED ON MULTILOCUS APPROACH**

Ahmad Afan Efendi  
23/513558/PBI/01928

### **ABSTRACT**

Sunda porcupine (*Hystrix javanica*) is an endemic species from Indonesia and protected by the government, with a unique defense behavior using the spines on its body. Although *H. javanica* has been classified as protected, its population in the wild continues to decrease due to habitat destruction and hunting activities. Various conservation efforts for *H. javanica* are necessary, one of which involves the use of a multilocus approach. The aim of this research is to assemble genetic data and reconstruct the phylogenetic tree of *H. javanica* using a multilocus approach to understand its relationships with other porcupine species. The samples used are blood, spines, and swabs (nose and cloaca) obtained from conservation institutions in Java. The markers used are COI, Cytb, and 12S rRNA. The genetic data of *H. javanica* along with genetic data from other porcupine species in the Hystricidae family are analyzed to determine the taxonomic status of *H. javanica*. Based on the analysis of nucleotide composition and genetic distance between species, it shows that *H. javanica* has a different nucleotide base composition, and the genetic distance indicates position *H. javanica* as a distinct species from other porcupine species. The results of the phylogenetic tree analysis consistently show that *H. javanica* is in its own clade, using three tree model approaches NJ, ML, and BI. This study demonstrates the validity of *H. javanica* as a distinct species that differs from other porcupine species and is closely related to *Hystrix brachyura*. This research also contributes to molecular conservation efforts for *H. javanica* and refines previous research. The study suggests that further research is needed to estimate the divergence time of *H. javanica* to provide a deeper understanding of its evolutionary history, speciation time, and biogeography.

**Keywords:** Sunda porcupine (*Hystrix javanica*), Multilocus, Phylogenetics, COI, Cytb, 12S rRNA.