

## INTISARI

### **ANALISIS GENETIK KUDA (*Equus caballus*) MINANG BERDASARKAN SEKUEN GEN CYTOCHROME B**

Ivan Saputra  
07/251016/KH/5799

Kuda (*Equus caballus*) Minang merupakan kuda lokal asli Indonesia yang saat ini populasinya terancam punah. Populasi beberapa kuda secara nasional pada tahun 2009 sebesar 398.226 dan diperkirakan populasi kuda lokal asli Indonesia tersebut tinggal 3.834 atau 0,96% (Anonim, 2009). Sehubungan dengan masalah tersebut perlu dilakukan tindakan untuk meningkatkan jumlah populasi kuda asli Indonesia yaitu melalui upaya konservasi *in-situ* dan *ex-situ*. Dalam upaya konservasi, identifikasi *Equus caballus* di Indonesia selama ini hanya berdasar pada karakter morfologi saja, oleh karena itu perlu dilakukan kajian genetik agar konservasi *Equus caballus* di Indonesia berhasil guna. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengamati hubungan kekerabatan genetik (filogenik) beberapa kuda lokal asli Minang dengan *Equus caballus* berdasarkan gen penyandi *cytochrome b* (*cyt b*).

Empat sampel darah kuda dikoleksi dari Kabupaten Tanah Datar, Sumatera Barat. Kajian genetik dimulai dari isolasi DNA mitokondria dengan metode DNA *Isolation Kit-Rosche*. Amplifikasi fragmen mtDNA dilakukan dengan menggunakan metode PCR yang dilanjutkan dengan elektroforesis. Amplikon (produk PCR) kemudian dimurnikan dengan *GFX Column Purification kit* dan dilanjutkan dengan sekuensing fragmen mtDNA. Runutan nukleotida diperoleh dengan menggunakan alat *ABI Prism versi 4*. Potensi sekuen DNA daerah gen *cytochrome b* (*cyt b*) mitokondria *Equus caballus* Minang dibuktikan dengan menganalisis diversitas genetik antar jenis kuda menggunakan program MEGA versi 4.

Penentuan runutan PCR menggunakan primer *CYTBEC Forward* dan *CYTBEC Reverse* didapatkan runutan basa sebesar 371 nukleotida yang dapat dianalisis. Fragmen *cytochrome b* hasil sekuensing disejajarkan berganda dengan *Equus caballus* diperoleh 3 situs nukleotida yang berbeda. Nilai transisi dan transversi paling tinggi masing-masing sebesar 22 dan 4, nilai paling kecil masing-masing 0. Jarak genetik paling tinggi sebesar 6,9% dan paling kecil 0%. Filogram menggunakan metode *neighbor joining* dengan pengulangan 1000x pada wilayah *cytochrome b* parsial diperoleh hasil yaitu hubungan kekerabatan yang sangat dekat diantara sampel kuda lokal asli Minang. Kuda (*Equus caballus*) Minang memiliki hubungan kekerabatan dekat dengan *Equus prevalzky*, dan berada dalam kelompok kekerabatan dengan *Equus caballus*. Kuda (*Equus caballus*) Minang, *Equus prevalzky*, dan *Equus caballus* berada di luar kelompok kekerabatan dengan *Equus burchellii* dan *Equus asinus*.

Kata kunci: *Equus caballus*, DNA, PCR, Sekuen, *Cytochrome B*.

## ABSTRACT

### MOLECULAR GENETIC ANALYSIS OF MINANG HORSE (*Equus caballus*) BASED CYTOCHROME B SEQUENCES

Ivan Saputra  
07/251016/KH/5799

Minang horse (*Equus caballus* Minang) is the local horse native to Indonesia which is currently endangered population. The population of some horses nationally in 2009 amounted to 398,226 and an estimated population of native horses Indonesia is live 3834 or 0.96% (Anonymous, 2009). In connection with this problem needs to be taken to increase the number of Indonesian native horse population through in-situ and ex-situ conservation. In a conservation effort, the identification of *Equus caballus* in Indonesia so far only based on morphological characters alone, therefore, needs to be done genetic studies for conservation of *Equus caballus* in Indonesia was effective. The purpose of this study was to investigate the relationship of genetic (filogenic) some kind of local horses in Indonesia *Equus caballus* Minang with *Equus caballus* through genetic fragments encoding cytochrome b (cyt b).

Four horse blood samples were collected from Tanah Datar, West Sumatra. Genetic studies of mitochondrial DNA starting from the isolation method of DNA Isolation Kit-Rosche. MtDNA amplification performed using PCR followed by electrophoresis. Amplikon (PCR product) and then purified with a GFX Purification Column kit and followed by sequencing of mtDNA fragments. Trace nucleotide obtained by using ABI Prism version 4. Potential regions of DNA sequences of genes cytochrome b (cyt b) mitochondrial *Equus caballus* Minang evidenced by analyzing the genetic diversity among the types of horses using the program MEGA version 3.1.

Determination of trace CYTBEC PCR using the primers Forward and Reverse CYTBEC found traces of 371 nucleotide bases that can be analyzed. Fragment of cytochrome b sequence of multiple aligned with *Equus caballus* obtained three different nucleotide sites. The value of transition and transversion highest respectively by 22 and 4, the smallest value of each 0. The highest genetic distance by 6.9% and the smallest 0%. Filogram using the neighbor joining method with the repetition of 1000x on the cytochrome b partial results obtained are very close kinship between the original sample of local Minang horse. *Equus caballus* Minang has close kinship ties with *Equus prevalzky*, and are in a kinship group with *Equus caballus*. *Equus caballus* Minang, *Equus prevalzky*, *Equus caballus* and outside the kinship group with *Equus burchellii* and *Equus asinus*.

Key words: *Equus caballus*, DNA, PCR, Sequence, Cytochrome B.