INTISARI

Analisis Genetik Kuda Bima (*Equus bima)* Berdasarkan Gen Penyendi NADH *Dehydrogenase Sub-unit 2* (ND2)

Muhammad Ilham Lasora

Kuda (*Equus caballus*) Bima merupakan kuda lokal asli Indonesia yang saat ini populasinya semakin berkurang. Sehubungan dengan hal tersebut perlu dilakukan tindakan konservasi secara *in-situ* dan *ex-situ*. Keberhasilan usaha konservasi maka diperlukan identifikasi kuda yang tepat yaitu dengan peneguhan taksonomi kuda Bima secara molekuler. Tujuan dari penelitian ini adalah mempelajari dan mengkaji keragaman genetik gen penyadi NADH dehydrogenase subunit 2 (ND2) pada kuda lokal Bima dan mengungkap kedekatan genetik dengan kelompok kuda lainnya. Ampilfikasi gen ND2 dengan metode PCR menggunakan hasil isolasi DNA sebagai cetakan, primer ND2 Forwad dan primer ND2 Reverse. Kondisi PCR predenaturasi 94°C selama 5 menit, denaturasi 94°C selama 30 detik, annealling 52°C selama 45 detik, elongasi 72°C selama 1 menit 30 detik dan post-elongasi 72°C selama 5 menit sebanyak 35 siklus, kemudian dilanjutkan dengan sekuensing. Hasil sekuensing ND2 dibandingkan dengan kuda lain yang diambil dari Genbank dan selanjutnya dianalisis menggunakan MEGA versi 6.00. Hasil analisis dengan Matrik perbedaan urutan nukleutida, asam amino pada gen ND2, dan filogram menggunakan metode *Neighbor-Joining* antar kuda Bima memiliki hubungan kekerabatan yang sangat dekat dan gen penyandi ND2 tidak dapat digunakan untuk penanda genetik antara kuda lokal Bima dengan nilai Boostrap 1000x.

Kata kunci: *Equus caballus, Neighbor-Joining, NADH dehydrogenase subunit 2* (ND2)

ABSTRACT

Analysis of Bima's Equine (*Equus bima)* Genetic Based on NADH *Dehydrogenase Sub-unit 2* (ND2) Encode Gene

Muhammad Ilham Lasora

The Bima Equine (*Equus Bima*) is a local horse origin from Indonesia with the slight population now. Meanwhile, it is necessary to do an effort by a conservancy measures in situ and ex situ. To support the concervancy, it is important to molecular identify correctly by reconfirming the taxonomy of Bima equine. The aim of this study was to know and assess the genetic diversity NADH dehydrogenase subunit 2 coding genes in local Bima equine and to find the genetic closeness with the other horses. Then followed by sequencing of ND2 segment by PCR was using the product of DNA isolation as a template, ND2 Forwad primer and ND2 Reverse primer. Predenaturation of PCR was 94 ° C for 5 minutes, denaturation was 94 ° C for 30 seconds, annealling was 52 ° C for 45 seconds, elongation was 72 ° C for 1 minute 30 seconds and post-elongation was 72 ° C for 5 min at 35 cycles and then followed sequentially. The result of ND2 sequencing was compared with the other horses collected from Genbank and analyzed using Mega program software version 6.00. The result of the analysis with the difference matrix nucleutida sequences, amino acids sequence and Filogram by using Neighbor – Joining method among Bima equine were found out the genetic closeness and ND2 encoding genes not able used as a marker between local Bima equine with Boostrap 1000x.

Keywords: *Equus caballus, Neighbor-Joining, NADH dehydrogenase subunit 2* (ND2)