

"Analisis Variasi Genetik DNA Mitokondria Kura-Kura Leher Ular Rote (*Chelodina mccordi*, Rhodin 1994) pada Populasi Bakal Reintroduksi" = "Analysis of Genetic Variation in Mitochondrial DNA of Rote Snake-necked Turtle (*Chelodina mccordi*, Rhodin 1994) in Prospective Reintroduction Populations"

Nur Rachmah Salsabila, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920566819&lokasi=lokal>

Abstrak

Kura-kura leher ular rote (*Chelodina mccordi*) merupakan spesies endemik dari Pulau Rote, Nusa Tenggara Timur, yang dinyatakan punah di alam. Pengembangbiakan *C. mccordi* secara ex-situ dapat menjadi upaya penyelamatan untuk mempertahankan keberlangsungan populasi spesies tersebut melalui program reintroduksi. Salah satu faktor yang memengaruhi kesintasan populasi hasil reintroduksi adalah tingkat keragaman genetik. Oleh karena itu, penelitian ini mengkaji variasi genetik dan hubungan kekerabatan antarindividu terutama bagi individu yang ditujukan untuk program reintroduksi. Penelitian ini menggunakan markah mtDNA spesifik spesies dengan gen target ND2, ND5, dan Cyt b terhadap 30 individu *C. mccordi* yang berasal dari dua penangkaran. Hasil analisis variasi genetik menunjukkan keragaman haplotipe (hd) dan nukleotida () yang tergolong tinggi, yaitu sebesar $hd=0,738\pm0,069$ dan $=0,00497\pm0,00107$. Jaringan haplotipe yang direkonstruksi memvisualisasikan temuan 9 haplotipe dengan tiga diantaranya (Hap_2, Hap_3, dan Hap_4) dapat ditemukan pada kedua populasi penangkaran. Rekonstruksi pohon filogenetik yang dilakukan dengan metode Neighbor Joining dan Maximum Likelihood menghasilkan topologi yang sama, yaitu keseluruhan sampel penelitian merupakan populasi dari subspecies *C. mccordi mccordi*.

.....The Rote snake-necked turtle (*Chelodina mccordi*) is an endemic species to Rote Island, East Nusa Tenggara, which has been declared extinct in the wild. Ex-situ breeding was set up in an aim to reintroduce the species to its natural habitat. One of the factors that influences the survival of reintroduced populations is the level of genetic diversity. Therefore, this study carried out a molecular approach using mtDNA species-specific markers with the target genes ND2, ND5, and Cyt b to assess genetic variation and kinship relationships among 30 individuals of *C. mccordi* from 2 captive populations. The genetic variation on haplotype (hd) and nucleotide () diversity are relatively high, namely $hd=0.738\pm0.069$ and $=0.00497\pm0.00107$. The reconstructed haplotype network visualized the discovery of 9 haplotypes, with three of them (Hap_2, Hap_3, and Hap_4) found in both captive populations. Phylogenetic tree reconstruction carried out using the Neighbor Joining and Maximum Likelihood methods produces the same topology, therefore confirming the subspecies *C. mccordi mccordi* for all individuals used in this study.