Keragaman Genetik Gurita Octopus Cyanea (Linnaeus 1758) Papua

by Abdul Toha

Submission date: 24-Apr-2022 06:56PM (UTC+0900)
Submission ID: 1818542904
File name: al._2016_Prosiding_semnas_biologi_2016-pages-237-244,25,2-4.pdf (607.57K)
Word count: 4796
Character count: 27584

KERAGAMAN GENETIK GURITA *Octopus cyanea* (LINNAEUS 1758) PAPUA

Jeni[1,2*], Sutiman B. Sumitro[3], Endang Suarsini[4], Dwi Listyorini[4], Hamid A. Toha[5]
[1]Jurusan Biologi FKIP Universitas Papua
[2]Mahasiswa Pascasarjana UM
[3]Jurusan Biologi FMIPA UB
[4]Jurusan Biologi FMIPA UM
[5]Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan FPIK Universitas Papua
E-mail: j.jeni@unipa.ac.id

Abstract: The purpose of this study was to determine the genetic diversity of *Octopus cyanea* in Papua waters make use of the marker gene cytochrome oxidase I mitochondrial genome (mtDNA). A total of eight samples of octopus were collected from the fish market in Papua, respectively 2 samples from Serui, Biak, Manokwari and Wasior. Octopus identification using DNA barcoding. Extraction method using Chelex 5-10%, continued with the COI gene fragment amplified through Polymerase Chain Reaction, purification with SAP/EXO and sequenced by the Sanger dideoxy method. Analysis of genetic diversity is done using software Mega 5 (Tamura et al., 2011) and DnaSP 5:10:01 (Rozas et al. 2010). The sequencing results obtained 687 bp gene fragments with a frequency of nucleotide A = 32.45%; T = 32.45%; C = 17.55%; and G = 17.55%;. Estimated bias transition / transversion (R) was 0.51. This study identified 573 pb (nucleotide) side monomorphic, 54 bp side polymorphic (S) and the total number of mutations (Eta), 48 bp side and six single nucleotide variations parsimony side. The entire sample showed significant different between one with another. Total haplotype (h) were identified is eight haplotypes according to the number of samples. Haplotype diversity (Hd) and nucleotide (p) respectively were 1.00 and 0.0248.

Keywords: Genetic diversity, Papua (Manokwari), COI gene, *Octopus cyanea*, mtDNA

Abstrak Tujuan penelitian ini adalah menentukan keragaman genetic gurita *Octopus cyanea* perairan Papua berdasarkan penanda gen sitokrom oksidase I genom mitokondria (mtDNA). Total delapan sampel gurita dikoleksi dari pasar ikan di Papua yaitu masing-masing 2 sampel dari Serui, Biak, Manokwari, dan Wasior. Identifikasi gurita menggunakan DNA *barcoding*. Metode ekstraksi dilakukan dengan Chelex 5-10%, dilanjutkan dengan amplifikasi fragmen gen COI melalui *Polymerase Chain Reaction*, pemurnian dengan SAP/EXO dan sekuensing dengan metode dideoksi Sanger. Analisis keragaman genetik dilakukan menggunakan software Mega5 (Tamura *et al*. 2011) dan DnaSP 5.10.01 (Rozas *et al*. 2010). Hasil sekuensing menemukan 687 pb fragmen gen dengan frekuensi nukleotida A= 32,45%; T= 32,45%; C=17,55%; dan G=17,55%. Estimasi bias transisi/transversi (*R*) adalah 0,51. Penelitian ini mengidentifikasi 573pb (nukleotida) sisi monomorfik, 54 pb sisi polimorfik (S) dan jumlah total mutasi (Eta), 48 pb sisi variasi tunggal dan enam nukleotida sisi parsimony. Seluruh sampel menunjukkan perbedaan yang signifikan satu dengan yang lain. Jumlah haplotipe (h) yang teridentifikasi adalah delapan haplotipe sesuai jumlah sampel. Keragaman haplotipe (Hd) dan nukleotida (π) masing-masing adalah 1.00 dan 0.0248.

Kata kunci: Keragaman genetik, Papua (Manokwari), gen COI, *Octopus cyanea*, mtDNA)

Papua kaya dengan keragaman hayati laut (Mangubhai dkk., 2012). Sebagai bagian pusat segitiga karang dunia (*the heart of the Coral Triangle*), Papua memiliki keragaman hayati terumbu karang tertinggi di dunia (McKenna dkk., 2002; CI Indonesia 2007). Veron dkk. (2009) dan Allen & Erdmann (2012) menyatakan bahwa kawasan ini memiliki lebih dari 1.638 jenis ikan karang dan 600 jenis terumbu karang (sekitar 75 persen dari total dunia). Papua juga terkenal sebagai salah satu "hotspot" atau pusat organisme laut endemik regional di Indonesia (Allen & Adrim 2003; Allen 2007). Meskipun demikian, pengetahuan khusus dan mendalam terkait spesies ekonomis penting di kawasan ini masih terbatas. Salah satu spesies di antaranya adalah *O. cyanea*.

O. cyanea adalah salah satu spesies

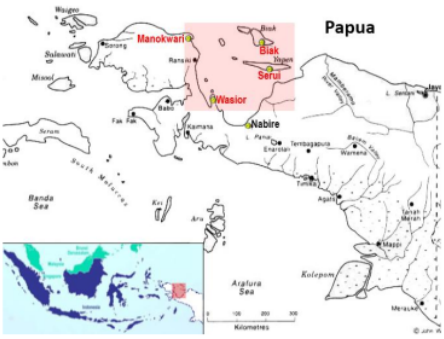
gurita yang ditemukan di Perairan Papua. Spesies Famili Octopodidae ini memiliki peran ekologis baik sebagai predator maupun mangsa (Hanlon & Messenger, 1996). Gurita tergolong komoditas perikanan ekonomis penting. Sebagian besar jenis gurita termasuk *O. cyanea* menjadi produk perikanan yang dapat dikonsumsi. Nilai ekspor gurita dunia tahun 2014 dapat mencapai 350.710 ton dengan nilai $ 133 triliun (FAO, 2014). Sedangkan nilai ekspor gurita Indonesia tahun 2012 mecapai US$ 73.87 juta (KKP, 2013). Gurita dapat menjadi sumber devisa bagi negara kita, termasuk Papua khususnya. Komoditas ini tergolong diminati oleh negara-negara di Asia seperti Korea, China, Taiwan, dan Jepang serta negara-negara Benua Amerika dan Eropa. Namun, menurut KKP (2013), potensi gurita belum terkenal sebagai komoditi ekspor utama maupun kebutuhan dalam negeri seperti komoditas perikanan lain. Selain itu, data dan informasi keragaman genetik gurita *O. cyanea* di kawasan ini masih terbatas.

Keragaman genetik mempunyai dampak langsung dan tidak langsung terhadap populasi, komunitas, dan ekosistem (Hughes dkk., 2008). Ferguson dkk. (1995) menyatakan bahwa keragaman genetik penting untuk stabilitas dan ketahanan populasi. Lebih lanjut Frankham (1996) menyatakan bahwa kehilangan keragaman genetik mengurangi kemampuan spesies untuk beradaptasi terhadap perubahan lingkungan. Selain itu informasi pola keragaman genetik dapat menjadi pusat usaha masa depan yang bertujuan untuk konservasi spesies (IUCN, 2007; http://www.iucnredlist.org) dan memiliki implifikasi untuk konservasi dan managemen (Ning dkk., 2015). Penelitian variasi genetik gurita belum pernah dilakukan di Perairan Papua. Hal ini menyebabkan terbatasnya sekuens DNA gen COI gurita asal Indonesia di genbank (www.ncbi.nlm.gov/).

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui variasi genetik spesies gurita *O. cyanea* berdasarkan penanda genetik COI. Hasil penelitian diharapkan menjadi data pendukung untuk pengelolaan sumberdaya gurita di Papua, terutama di Papua, dan dapat menambah jumlah sekuens DNA gurita pada *genebank*. Kajian keragaman genetik juga diharapkan dapat menentukan status hidup populasi yang diteliti.

METODE

Sampel gurita dikoleksi dari pasar ikan beberapa lokasi di Papua. Total delapan sampel dikoleksi dari Serui (2 sampel), Biak (2), Manokwari (2), dan Wasior (2). Jaringan tentakel gurita setiap individu digunakan untuk analisis genetik. Semua jaringan sampel diambil dan dimasukkan ke dalam wadah berisi alkohol 95%. Sampel dibawa ke laboratorium dan disimpan sampai waktunya untuk digunakan. Identifikasi gurita menggunakan DNA *barcoding*.



Gambar 1. Peta Papua, lokasi pengambilan sampel meliputi 1. Manokwari, 2. Biak, 3. Wasior, dan 4. Serui.

Ekstraksi DNA gurita dilakukan dengan menggunakan extraction kit (Qiagen). Bagian jaringan spesimen dimasukkan dalam tabung berisi Qiagen dan dipanaskan dengan *heating block* pada suhu 90ºC selama 25 menit. Selanjutnya divorteks dan disentrifuge (kecepatan 13.000 rpm) masing-masing selama 30 detik. DNA genom gurita dihasilkan pada tahap ini dalam bentuk supernatan.

Supernatan selanjutnya diamplifikasi menggunakan pasangan primer HCO2198: 5'-*TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA*-3' dan LCO1490: 5'-*GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG*-3'

(Folmer dkk. 1994) untuk amplifikasi fragmen gen COI. Komposisi proses PCR (25µl), yaitu 2,5µl dNTPs (8 µM), 2,5 µl PCR Buffer (10x), 1,25 μl primer forward (10 mM), 1,25 μl primer reverse (10 mM), 2 MgCl2 (25 mM), 0,125 μl Amplitag (5 unit/l), 2 μl DNA genom, dan 14,5 μl ddH_2O. Amplifikasi dilakukan dalam mesin *Thermal cycler* Biorad 48-Well. Reaksi PCR dilakukan sebanyak 30 siklus dengan predenaturation 94ºC (5 menit), denaturasi 94ºC (30 detik), penempelan primer 50 ºC (30 detik), pemanjangan 72 ºC (45 detik), dan pemanjangan akhir 72 ºC (10 menit). Hasil PCR disekuensing menggunakan jasa laboratorium komersial di Malaysia untuk menghasilkan sekuens gurita.

Hasil sekuens dialignment dengan ClustalW menggunakan *software* MEGA versi 5.2 (Tamura dkk., 2011). Sekuens yang telah disejajarkan (*alignment*) diekspor ke NCBI untuk analisis identitas spesies. Identifikasi spesies dilakukan melalui *DNA Barcoding* (Kumar & Gadagkar, 2001). Monte Carlo (replikasi 1000) digunakan untuk menduga nilai *P* (Kumar & Gadagkar, 2001). Analisis dilakukan menggunakan MEGA 5.2 (Tamura dkk., 2011). Hubungan kekerabatan antar taksa dianalisis berdasarkan metode *neibour joining* (NJ) dan direkonstruksi berdasarkan pengulangan (*boostrap*) 1000 kali. Analisis variasi atau keragaman genetik berdasarkan variabel komposisi basa sekuens COI menggunakan *software* MEGA versi 5.2 (Tamura dkk., 2011) serta variabel haplotipe, keragaman haplotipe, dan keragaman nukleotida menggunakan DnaSP versi 5.10.01. (Rozas dkk., 2010).

HASIL

Jumlah total nukleotida setiap sekuens adalah 687pb. Seluruh sekuens digunakan untuk analisis keragaman genetik termasuk identifikasi spesies melalui DNA barcoding.

DNA Barcoding

Hasil identifikasi spesies pada seluruh sekuens nukleotida gurita menegaskan bahwa sampel penelitian merupakan spesies tunggal yang berasal dari *Octopus cyanea*. Hasil *DNA barcoding* (http://www.boldsystems.org/index.php/IDS_IdentificationRequest) disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Analisis identitas sekuens penelitian berdasarkan perbandingannya dengan sekuens genbank melalui analisis DNA Barcoding

Sampel	Spesies	Kemiripan (%)	Keterangan
1	*O. cyanea*	93.35	Manokwari
2	*O. cyanea*	99,50	Manokwari
3	*O. cyanea*	99.49	Biak
4	*O. cyanea*	99.16	Biak
5	*O. cyanea*	99,50	Serui
6	*O. cyanea*	99,83	Serui
7	*O. cyanea*	100,00	Wasior
8	*O. cyanea*	99,33	Wasior

Tabel di atas menunjukkan bahwa *identity* 93-100%, menunjukkan kemiripan yang tinggi antara sekuens penelitian dengan spesies *O. cyanea* sekuens genbank.

Variasi Genetik

Seluruh nukleotida terdiri atas sisi monomorfik sebanyak 573pb, sisi polimorfik (*variable polymorphic sites*) atau jumlah total mutasi adalah 54pb dan sisi variabel tunggal (*singleton variable sites*) terdapat pada 48 sisi nukleotida. Sementara sisi parsimoni (*parsimony informative sites*) terdapat enam nukleotida yaitu posisi 605 608 609 610 643 dan 669. Perkiraan bias transisi/transversi (*R*) seluruh sampel adalah 0.51. Rasio substitusi transisi berbeda antara A dan G serta C dan T adalah 8.47. Demikian juga rasio substitusi transversi berbeda antara A dan T, C dan A, G dan C, T dan G adalah 8.47 (Tabel 2).

Frekuensi nukleotida masing-masing adalah A = 32.45%, T = 32.45%, C = 17.55%, and G = 17.55%. Keragaman haplotipe dan nukleotida pada penelitian ini seluruhnya berturut-turut adalah 1 dan 0.024. Penelitian ini mengidentifikasi 8 haplotipe dari 8 sampel sekuens/individu (100% berbeda). Rincian jenis keragaman genetik *O. cyanea* disajikan pada Tabel 3.

Tabel 2. Maximum Likelihood Estimate of Substitution Matrix

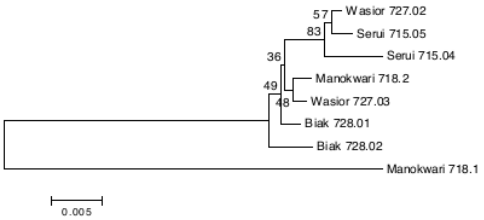
	A	T	C	G
A	-	*8.26*	*8.26*	**8.47**
T	*8.26*	-	**8.47**	*8.26*
C	*8.26*	**8.47**	-	*8.26*
G	**8.47**	*8.26*	*8.26*	-

Tabel 3. Total haplotype (H), jumlah sisi segregasi (S), keragaman haplotipe (Hd), keragaman nukleotida (π) and total samples (n) dari populasi Manokwari, Biak, Serui, dan Wasior.

Populasi	N	Variasi Genetik			
		H	S	Hd	π
Manokwari	2	2	43	1.00	0.068
Biak	2	2	5	1.00	0.008
Serui	2	2	4	1.00	0.008
Wasior	2	2	5	1.00	0.008
Total populasi	8	8	54	1.00	0.024

Tabel di atas menunjukkan bahwa keragaman genetik populasi setiap lokasi tergolong tinggi. Setiap populasi memiliki 2 haplotipe dari 2 sampel dengan keragaman haplotipe satu. Keragaman nukleotida tertinggi dari seluruh lokasi teridentifikasi pada populasi Manokwari (0,068), dengan jumlah segregasi 43 sisi. Keragaman nukleotida populasi lain lebih rendah (0,008) dengan jumlah segregasi antara 4-5 sisi.

Analisis filogenetik antar sekuens dari empat populasi memperoleh dua clade yang bercampur (*mixing*) satu dengan lainnya (Gambar 2).



Gambar 2. Pohon Filogenetik. Pohon dibangun dari delapan sekuens/individu gurita *O. cyanea* dari empat populasi (Manokwari, Biak, Serui, dan Wasior).

Clade 1 hanya berisi satu individu dari Manokwari sedangkan clade 2 terdiri atas tujuh individu yang berasal populasi Biak, Wasior, Manokwari, dan populasi Serui. Clade 2 terbagi dalam dua subclade dengan individu Biak dalam satu kelompok dan subclade lain yang berasal dari berbagai individu dari beberapa populasi. Tingkat kemiripan antar individu dalam subklaster antara 36-83%. Hasil yang diperoleh mengindikasikan individu dalam populasi memiliki hubungan kekerabatan yang dekat meskipun dalam tingkat genetik yang cukup tinggi.

Matriks jarak genetik antar individu gurita Papua berdasarkan sequens gen COI juga menunjukkan kedekatan antar individu dan antar populasi (Tabel 4).

Tabel 4. Jarak genetik antar individu *O. cyanea*

Populasi	B_728.01	B_728.02	M_718.1	M_718.2	W_727.02	W_727.03	S_715.04	S_715.05
B_728.01								
B_728.02	0.01							
M_718.1	0.07	0.07						
M_718.2	0.00	0.01	0.07					
W_727.02	0.01	0.01	0.07	0.01				
W_727.03	0.00	0.01	0.07	0.00	0.01			
S_715.04	0.01	0.02	0.07	0.01	0.01	0.01		
S_715.05	0.01	0.01	0.07	0.01	0.00	0.01	0.01	

B= Biak, M= Manokwari, W=Wasior, S= Serui

Jarak genetik antar individu di dalam satu populasi dan antar populasi antara 0.00–0.07. Hasil ini menunjukkan kedekatan antar individu baik dalam satu populasi (Biak 01:02 =0.01, Manokwari 01-02=0.00-0.07) dan antar populasi (Biak dan Manokwari

B:M=0.00-0.07; Biak, Wasior, Serui (B:W:S =0.00-0.01). Makin rendah nilai matrik jarak makin dekat hubungan antar sekuens/individu tersebut. Data aliran gen mendukung hal tersebut. Nilai Fst adalah 0.09 sedangkan jumlah Nm adalah 4.67.

PEMBAHASAN

Semua sekuens/individu gurita yang dianalisis merujuk pada spesies tunggal sebagai *O. cyanea*. Sekuens nukleotida gurita *O. cyanea* dapat diakses dari berbagai sumber. Sumber tersebut diantaranya melalui GenBank (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore).

Sampai saat ini, terdapat 40 sekuens *O. cyanea*. Sekuens nukleotida spesies ini berasal dari beragam marka genetik dan asal individu. Sekuens dengan marka *Cytochrome oxidase* I (COI) berasal dari *O. cyanea* Jepang, Pulau Line, Sulawesi, dan Hawaii total 6 individu (Kaneko dkk., 2011; Takumiya dkk., 2004; Huffard dkk., 2010), COII berasal dari India (Mashhoor dkk., 2010), COIII dari Jepang, Australia, Kaledonia Perancis (Kaneko dkk., 2011; Guzik dkk., 2005; Bonnaud dkk., 2001). Marka genetik lain yang diterapkan pada *O. cyanea* adalah Gen EF-1a, mRNA, 16S rRNA, 12S rRNA, 28S rRNA, cytb. (Guzik dkk., 2005; Fry, 2013; Huffard dkk., 2010; Hudelot 1999; Teske dkk., 2007; Bonnaud dkk. 2001, Takumiya dkk. 2004). Selain itu terdapat satu sekuens dari penanda yang belum teridentifikasi (seperti COI) dari individu *O. cyanea* (Appukuttan & Vijayamma, 2013).

Metode identifikasi spesies berdasarkan analisis molekular DNA fragmen gen *Cytochrom oxydase* 1 (COI) (dikenal dengan *DNA Barcoding*) merupakan salah satu metode standar yang umum diterapkan saat ini. Kelebihan metode ini diantaranya dapat mengidentifikasi spesies yang sulit dibedakan secara morfologi (Hebert dkk., 2004), sampelnya dapat berasal dari semua fase siklus hidup hewan termasuk telur dan larva (Stoeckle, 2003), menggunakan sampel jaringan yang sangat sedikit sehingga tidak harus mematikan hewannya. Namun demikian metode ini sangat tergantung pada tersedia tidaknya data sekuens (*reference sequences*) yang akurat sebagai pembanding (Stoeckle, 2003). Kelebihan lain metode ini yaitu memberikan informasi genetik sehingga dapat digunakan sebagai studi yang lebih luas, misalnya untuk studi filogenetik (Erickson & Driskell, 2012; Huang dkk., 2016), filogeografi (Yu, 2014) dan genetika populasi (Draft dkk., 2010). Sementara itu, variasi genetik menurut Ferguson dkk., (1995) mempunyai arti penting dalam stabilitas dan ketahanan populasi.

Keragaman genetik *O. cyanea* tergolong tinggi. Setiap populasi *O. cyanea* memiliki tingkat keragaman haplotipe 1. Menurut Nei (1987) nilai keragaman genetik yang berkisar 0,8 - 1 masuk dalam kategori tinggi, sementara nilai 0,5 - 0,7 tergolong dalam kategori sedang dan 0,1 - 0,4 merupakan kategori rendah. Hasil ini berbeda dengan penelitian gurita di lautan Hindia, keragaman genetiknya sangat rendah (Taylor, 2014). Keragaman haplotipe *O. cyanea* yang tinggi pada penelitian ini menunjukkan bahwa gurita asal Perairan Papua (Manokwari, Biak, Serui, dan Wasior) memiliki kemampuan beradaptasi yang baik terhadap perubahan lingkungan yang terjadi.

Taylor & Aarsen (1988) menjelaskan bahwa spesies dengan kemampuan beradaptasi yang baik akan menghasilkan variasi fenotip dan genotip yang baik sebagai respon terhadap kondisi lingkungan tertentu sehingga dapat meningkatkan kemampuan individu untuk tetap bertahan hidup dan berkembang biak. Keanekaragaman penting untuk keberlanjutan sumberdaya alam pada masa depan. Menurut Frankham (1996) kehilangan keragaman genetik akan mengurangi kemampuan spesies tersebut untuk beradaptasi terhadap perubahan lingkungan. Keragaman genetik mempunyai dampak potensial secara langsung maupun tidak terhadap populasi, komunitas dan ekosistem (Hughes dkk., 2008).

Pohon filogenetik menggambarkan garis keturunan evolusi dari speseis, organisme atau dari satu nenek moyang berbeda (Hall, 2011). Berdasarkan pohon filogenetik yang dibuat diketahui terdapat hubungan genetik

antar gurita dalam satu populasi dan antar populasi. Meskipun terdapat dalam dua klaster (clade), umumnya setiap individu termasuk dalam satu kelompok karena rendahnya persentase perbedaan antar kelompok. Filogeni berguna untuk mengorganisir pengetahuan keragaman biologis untuk klasifikasi structural dan untuk memberikan wawasan ke dalam peristiwa yang terjadi selama evolusi (Taylor, 2014). Hasil ini serupa ulasan Carpenter dkk., (2011) yang menunjukan variasi hubungan genetik beberapa biota laut yang berasal dari populasi berbeda di perairan Indonesia termasuk perairan Papua.

Jarak genetik yang rendah (0.00-0.07) serta aliran gen dengan Fst 0.09 dan Nm 4.67 menunjukkan ketiadaan struktur genetik karena tingginya migrasi antar individu (Hudson dkk., 1992) pada *O. cyanea*. Kajian struktur genetik dalam beberapa organisme laut mengusulkan bahwa spesies dengan larva planktonik homolog secara genetik sering tidak ditemukan (Hart, 2002; Weersing & Toonen, 2009). Fase larva *O. cyanea* berlangsung selama satu-dua bulan. Spesies tumbuh lebih besar dan hidup bentik sebagai gurita dewasa. Pengetahuan struktur genetik untuk identifikasi satuan managemen merupakan hal penting untuk konservasi biota.

KESIMPULAN

Analisis genetik berdasarkan fragmen gen COI menunjukkan bahwa kedelapan sampel penelitian berasal dari satu spesies yaitu *O. cyanea*. Variasi genetik spesies sangat tinggi. Hasil analisis menunjukan bahwa gurita *O. cyanea* memiliki tipe haplotipe yang beragam dan nilai keragaman yang tinggi, sehingga mampu beradaptasi terhadap perubahan lingkungan yang terjadi. Pohon filogenetik, jarak genetik, Fst, dan Nm menunjukkan bahwa keempat populasi gurita sangat dekat dan terjadi percampuran sempurna.

Ucapan Terima Kasih

Terimakasih kepada Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi (DIKTI) untuk beasiswa program doktor (BPP-DN) dan Laboratorium Genetika Universitas Papua (Manokwari) untuk pekerjaan laboratorium. Terima kasih juga disampaikan kepada M. Dailami (Universitas Papua) atas diskusi dan sumbang sarannya.

DAFTAR RUJUKAN

Appukuttan, N.B., Vijayamma S. 2013. Taxonomy and Diversity of Cephalopods (Phylum: Mollusca) of Kerala Coast. Unpublished.

Bonnaud, L., Saihi, A. and Boucher-Rodoni, R. 2001. Are 28SrDNA and 18SrDNA informative for cephalopod phylogeny? Unpublished.

Carpenter, K.E., Barber, P.H., Crandall ED, Ablan-Lagman MCA, Ambariyanto, Mahardika N, Manjaji-Matsumoto BM, Juinio-Meñez MA, Santos MD, Starger C, Toha, AHA. 2011. Comparative Phylogeography of the Coral Triangle and Implications for Marine Management. Marine Biology. 1-14.

Draft, K.J., Pauls, S.U., Darrow, K., Miller S.C., Hebert, P.D., Helgen, L.E., Novotny, V., Weiblen, G.D. 2010. Population genetics of ecological communities with DNA barcodes: an example from New Guinea Lepidoptera. PNAS 107(1):5041-5046.

Erickson, D.L., Driskell, A.C. 2012. Construction and analysis of phylogenetic trees using DNA barcode data. Methods Mol.Biol.858.395-408.doi:10.1007/978-1-61779-591-6_19.

Ferguson, A.J.B., Taggart, P.A., Prodohl, O., Mc Meel, C., Thompson, C., Stone, Mc., Ginnity, R.A., Hynes. 1995. The Application markers to the study & conservation of fish population with special referens to Salmon. Fish Biology, 47: 103-126.

Folmer, O.M., Black, W., Hoen, R., Lutz, R., Vrijenhoek R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. Molecular Marine Biology and Biotechnology 3: 294-299.

Frankham, R. 1996. Relationship of genetic variation to population size in wildlife. Conservation Biology, 10(6): 1500-1508.

Fry, B.G. 2013. Molecular phylogeny and evolution of the proteins encoded by coleoid (cuttlefish, octopus, squid) posterior venom glands. Unpublished,

Geller, J., Meyer, C., Parker, M., Hawk, H. 2013. Redesign of per primers for mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I for marine invertebrates and application in all-taxa biotic surveys. Molecular ecology resources 13(5):851-61. Doi: 10.1111/1755-0998.12138.

Guzik, M.T., Norman, M.D., Crozier, R.H. 2005. Molecular phylogeny of the benthic shallow-water octopuses (Cephalopoda: Octopodinae). Mol. Phylogenet. Evol. 37 (1): 235-248.

Hart, M.W. 2002. Life history and comparative developmental biology of echinoderms. Evolution and Development 4: 62-71.

Hebert, P.D.N., Penton, E.H., Burns, J.M., Janzen, D.H., Hallwachs, W. 2004. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. PNAS 101 (41): 14812-14817.

Hohenlohe, P.A. 2004. Limits to gene flow in marine animals with planktonic larvae: models of Littorina species around Point Conception, California. Biological Journal of the Linnean Society 82, 169–187.

Huang, Z., Yang, C., Ke, D. 2016. DNA barcoding and phylogenetic relationships in Anatidae. Mitochondrial DNA 27(2):1042-4. Doi: 10.3109/19401736.2014.926545.Epub 2015 Sep 4.

Hudson, R.R., Slatkin, M., Maddison, W.P. 1992. The Genetics Society of America Estimation of Levels of Gene Flow from DNA Sequence Data. Genetics 132: 583-589.

Hughes, A.R., Inouye, B.D., Johnson, M.T.J, Underwood, N., Vellend, M. 2008. Ecological consequences of genetic diversity. Ecology Letters, 11: 609-623.

IUCN 2007. http://www.iucnredlist.org

Kumar, S., Gadagkar, S.R. 2001. Disparity Index: A simple statistic to measure and test the homogeneity of substitution patterns between molecular sequences. *Genetics* 158:1321-1327.

Nei, M. 1987. Moleculer evolutionary genetics. Columbia University Press, New York.

Ning, Y.F., Li, Z.B., Li, Q.H., Dai, G., Shangguan, J.B., Yuan, Y., Huang, Y.S. 2015. Isolation and characterization of novel microsatellite markers for molecular genetic diversity in Siganus fuscescens. Genet Mol Res. 14(1):89-92.

Rozas, J., Sanchez-DeI Barrio, J.C., Messeguer, Rozas, R.X. 2010. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. Bioinformatics, 19(18): 2496-2497.

Stoeckle, M. 2003. Taxonomy, DNA and the bar code of life. BioScience. 53:2–3.

Hudelot, C. 1999. A preliminary review of the Octopod systematic by the 3'end of the L rRNA gene. Unpublished

Huffard, C.L., Saarman, N., Hamilton, H., Simison, W.B. 2010. The evolution of conspicuous facultative mimicry in octopuses: an example of secondary adaptation? Biol. J. Linn. Soc. Lond. 101 (1), 68-77.

Kaneko, N., Kubodera, T., Iguchi, A. 2011. Taxonomic Study of Shallow-Water Octopuses (Cephalopoda: Octopodidae) in Japan and Adjacent Waters using Mitochondrial Genes with Perspectives on Octopus DNA Barcoding. Malacologia 54: 97-108.

Takumiya, M., Kobayashi, M., Tsuneki, K., Furuya, H. 2004. Phylogenetic relationships among coleoid cephalopods in Japanese water. Unpublished.

Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., Kumar, S. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Like-

lihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution* (In Press).

Taylor, A.L. 2014. Population structure and phylogeography of *Octopus cyanea* and Lethrinus species in the Southwestern Indian Ocean. Thesis. Tidak diterbitkan.

Taylor, D.R., Aarssen, L.W. 1988. An interpretation of phenotypic plasticity in Agropyron repens (Gramineae). American Journal of Botany, 75(3): 401-413.

Teske, P.R., Oosthuizen, A., Papadopoulos, Barker, N.P. 2007. Phylogeographic structure of Octopus vulgaris in South Africa revisited: identification of a second lineage near Durban harbor. Mar. Biol. 151 (6): 2119-2122.

Weersing, K., Toonen, R.J. 2009. Population genetics, larval dispersal, and connectivity in marine systems. Marine ecology progress series 393:1-12.

Yu, S.S. 2014. DNA barcoding and phylogeographic analysis of *Nipponacmea* limpets (Gastropoda: Lottiidae) in China. J. Mollus.Stud. 80(4): 420-429. Doi: 10.1093/mollus/eyu034.

Craig Hilton-Taylor). IUCN Species Survival Commission, Gland, Switzerland and Cambridge, UK.

IUCN (The International Union for the Conservation of Nature and Natural Resources), 2010. IUCN Red List of Threatened Species. IUCN Species Survival Commission, Gland.

Jepson, P. dan Whittaker, R. J., 2002. Ecoregions in context: a critique with special reference to Indonesia. *Conservation Biology* **16 (1)**: 42-57.

Jhamtani, H., 1995. Atlas Keanekaragaman Hayati di Indonesia. Kantor Menteri Negara Lingkungan Hidup RI dan KONHALINDO. Jakarta.

Johns, R. J., 1995. Introduction to Malesia: An Overview. *Curtis's Botanical Magazine* **12 (2)**: 53 – 62.

Johns, R. J., 1997a. Background Papers for the Study of the Flora and Vegetation of the N. E. Kepala Burung, Irian Jaya, Indonesia. Royal Botanic Gardens, Kew.

Johns, R. J., 1997b. A checklist of the fern allies, ferns and gymnosperms of the N. E. Kepala Burung (Vogelkop), Irian Jaya, Indonesia.

Kementerian Lingkungan Hidup (KLH), 1997. Agenda 21 Indonesia. Strategi Nasional Untuk Pembangunan Berkelanjutan. KMNLH. Jakarta.

Kementerian Lingkungan Hidup dan Kehutanan, 2015. Strategi Nasional dan Arahan Rencana Aksi Pengelolaan Jenis Asing Invasif di Indonesia. Jakarta.

Keputusan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan RI Nomor: SK. 755/Menlhk/KSDAE/KUM.O/9/2016 Tentang Kelompok Kerja Balai Kliring Keanekaragaman Hayati Indonesia, 23 September 2016.

Lamoureaux, C. H. & Djirman, S., 1974. Observation on the Flora and Vegetation of Southern Maluku (Part 7. Report on the Rumphius Expedition 1). Oseanologi di Indonesia **1**: 46-60.

Lee, R. J., Riley, J. & Merril, R., 2001. Keanekaragaman Hayati dan Konservasi di Sulawesi Bagian Utara. WCS-IP bekerjasama dengan NRM dan Departemen Kehutanan RI. Jakarta.

LIPI, 2013. Ubah Paradigma Pembangunan atau Indonesia Hancur. [http://www.lipi.go.id/www.cgi?berita&1360371958&&2013]. Diakses 12 Januari 2014.

Mac Kinnon, K., Hatta, G., Halim, H., and Mangalik, H., 1996. The Ecology of Kalimantan. Periplus Edition. Singapore.

Marggraf, R., 2005. Global Conservation of Biodiversity from an Economic Point of View. Co-published in Valuation and Conservation of Biodiversity, Interdisiplinary Perspectives on the Convention on Biological Diversity. Markussen, M., Buse, R., Garrelts, H., Manez-Costa, M. A., Menzel, S., Marggraf, R. (eds.). Springer. Germany.

Mittermeier, R. A., Myers, N., and Mittermeier, C. G., & Gill, P. R. 1999. Hotspots, Earth's Biologically Richest and Most Endangered Terrestrial Ecoregion 1st ad. CEMEX & Conservation International. Mexico.

Prosiding

Seminar Nasional ke-3 Biologi, IPA, dan Pembelajarannya

Tema:
Biodiversitas Tropis : Penelitian dan Pelestarian berbasis Kearifan Lokal serta Peningkatan Profesionalitas Pendidik melalui *Lesson Study* untuk Pembangunan Berkelanjutan

Bidang Biologi, IPA, dan Pembelajarannya

Malang, 15 Oktober 2016

Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

Universitas Negeri Malang

Malang

Prosiding
Seminar Nasional ke-3 Biologi, IPA, dan Pembelajarannya
Biodiversitas Tropis : Penelitian dan Pelestarian berbasis Kearifan Lokal serta Peningkatan Profesionalitas Pendidik melalui *Lesson Study* untuk Pembangunan Berkelanjutan

ISBN : 978-602-73915-6-7

Editor:
Prof. Dra. Herawati Susilo, M.Sc, Ph.D
Dr. Sri Endah Indriwati, M.Pd
Prof. Dr. Siti Zubaidah, S.Pd, M.Pd
Prof. Dr. Mimien Henie Irawati, M.S
Drs. Triastono Imam Prasetyo, M.Pd
Dr. Dahlia, M.S
Prof. Dr. Suratno, M.Si
Dr. Arie Srihardyastutianti, M.Si
Dr. Umie Lestari, M.Si
Dr. Betty Lukiati, M.S
Dr. Fatchur Rohman, M.Si
Prof. Dr. Ir. Suhadi, M.Si
Prof. Dr.agr. Mohamad Amin, S.Pd, M.Si
Dr. Abdul Gofur, M.Si
Dwi Listyorini, M.Si, D.Sc
Dr. Rike Oktarianti, M.Si

Desain sampul:
Andik Wijayanto, S.Si, M.Si
Siti Imroatul Maslikah, S.Si, M.Si

Penerbit dan Redaksi :
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Universitas Negeri Malang
Jl. Semarang 5, Malang 65145
Telp/Fax (0341) 562180
Email: semnasbio@um.ac.id
Web: semnas.biologi.um.ac.id

Cetakan pertama, Oktober 2016

Hak Cipta @ 2015 ada pada penulis dan dilindungi undang-undang
Artikel pada prosiding ini dapat digunakan, dimodifikasi, dan disebarkan secara bebas untuk tujuan bukan komersil (non profit) dengan syarat tidak menghapus atau mengubah atribut penulis. Tidak diperbolehkan melakukan penulisan ulang kecuali mendapatkan izin terlebih dahulu dari penulis.

KATA PENGANTAR

Dengan mengucap syukur alhamdulillah, kegiatan Seminar Nasional ke-3 dan Workshop Biologi, IPA dan Pembelajarannya dalam rangka memperingati Dies Natalis ke 62 Jurusan Biologi FMIPA Universitas Negeri Malang dapat terlaksana. Seminar Nasional dan Workshop dengan tema **Biodiversitas Tropis: Penelitian dan Pelestarian berbasis Kearifan Lokal serta Peningkatan Profesionalitas Pendidik melalui *Lesson Study* untuk Pembangunan Berkelanjutan** membahas tentang peran biologi yang berkaitan dengan kekayaan alam Indonesia dan pendidikan biologi/IPA untuk memecahkan berbagai permasalahan dan tantangan di bidang kesehatan, pangan, lingkungan dan energi.

Pemanfaatan keanekaragaman hayati melalui kearifan lokal budaya setempat merupakan kekayaan Indonesia yang merupakan salah satu kekuatan dasar dalam pembangunan yang dapat diwujudkan antara lain melalui dunia pendidikan. Oleh karena itu, dilakukan Seminar Nasional ke-3 dan Workshop Biologi, IPA dan Pembelajarannya dengan tujuan untuk mewadahi, menyebarluaskan, dan mensosialisasikan publikasi hasil penelitian maupun gagasan inovatif terkait dengan riset keanekaragaman hayati maupun pemanfaatan biodiversitas pada berbagai bidang, termasuk bidang pendidikan untuk menyiapkan manusia Indonesia yang cerdas, bermartabat, kompetitif, dan maju.

Penyelenggaraan seminar dan workshop ini dapat terwujud karena dukungan dari berbagai pihak. Oleh sebab itu kami mengucapkan terima kasih kepada semua pihak yang telah mendukung terlaksananya kegiatan ini baik secara langsung maupun tidak langsung, terutama kepada seluruh peserta seminar dan workshop yang datang dari berbagai daerah di Indonesia, seluruh narasumber, segenap panitia, dan jajaran pimpinan di Universitas Negeri Malang.

Akhirnya, semoga seminar ini dapat mencapai tujuan dan memberi manfaat bagi kemajuan pendidikan di Indonesia.

Malang, 15 Oktober 2016

Panitia

Keragaman Genetik Gurita Octopus Cyanea (Linnaeus 1758) Papua

ORIGINALITY REPORT

11%	9%	5%	3%
SIMILARITY INDEX	INTERNET SOURCES	PUBLICATIONS	STUDENT PAPERS

PRIMARY SOURCES

1	Rifda Tanfiziyah, Minnathul Khasanah, Riandi Riandi, Bambang Supriatno. "Inovasi Pembelajaran Berbasis Teknologi Informasi: Model Learning Cycle 5E Menggunakan Gather Town pada Materi Protista", BIODIK, 2021 Publication	1%
2	core.ac.uk Internet Source	1%
3	Submitted to Universitas Brawijaya Student Paper	1%
4	adoc.pub Internet Source	1%
5	media.neliti.com Internet Source	1%
6	id.123dok.com Internet Source	1%
7	birdsheadseascape.com Internet Source	1%

8	Submitted to Udayana University Student Paper	<1%
9	download.garuda.kemdikbud.go.id Internet Source	<1%
10	www.scribd.com Internet Source	<1%
11	link.springer.com Internet Source	<1%
12	ejournal2.undip.ac.id Internet Source	<1%
13	repositorio.unb.br Internet Source	<1%
14	eprints.uny.ac.id Internet Source	<1%
15	jp.feb.unsoed.ac.id Internet Source	<1%
16	pure.royalholloway.ac.uk Internet Source	<1%
17	www.scielo.br Internet Source	<1%

Exclude quotes	Off	Exclude assignment template	Off
Exclude bibliography	On	Exclude matches	Off