

**Keragaman Genetik Bulu Babi *Tripneustes gratilla* (Linnaeus 1758) Papua
(Studi Kasus *T. gratilla* Perairan Manokwari)**

Abdul Hamid A. Toha^{1,2*}, Luchman Hakim³, Widodo³, Sutiman B. Sumitro³

¹Laboratorium Perikanan FPPK Universitas Negeri Papua, ²Mahasiswa program Doktor Biologi
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Brawijaya, ³Jurusan Biologi
FMIPA UB

*Email contact : hamid.toha@gmail.com

ABSTRACT

The aim of this study was to determine genetic diversity of *Tripneustes gratilla* (Linnaeus 1758) in Manokwari waters based on cytochrome oxidase I (COI) gene of the mitochondrial genome. We extracted DNA, amplified, cleaned and sequenced PCR products on 34 samples of *T. gratilla*. Genetic diversity analyses were performed using Mega5 dan DnaSP 5.10.01. We sequenced a 592-bp and the nucleotide composition average of this gene is T (34,42%), A (27,43%), C (22,76%) and G (15,38%), respectively. There are fifteen polymorphic sites and twelve haplotypes were identified in COI gene of *T. gratilla* of Manokwari. The haplotype diversity (Hd) and nucleotide diversity (π) values were 0.75 and 0.00248. We also identified 15 nucleotides in the synonymous substitution and they are in transition. No one nucleotide in transversion, insertion, and deletion.

Key words : COI gene, Genetic diversity, Mitochondrial genome, Papua (Manokwari), *Tripneustes gratilla*.

PENGANTAR

Perairan Papua merupakan persinggahan komunitas ikan karang paling beragam di Coral Triangle. Allen and Erdmann (2009) mencatat 1.511 spesies ikan terumbu karang dari 451 genus dan 111 famili (secara keseluruhan telah mencapai lebih dari 1.600 spesies) di Perairan Raja Ampat, Fakfak-Kaimana, dan Teluk Cenderawasih, Papua. Hal ini merupakan keragaman paling tinggi yang pernah ditemukan di perairan seluas ini. Veron *et al.* (2009) juga mencatat 600 spesies karang keras atau sekitar 75 % dari spesies karang dunia ada di perairan ini. Perairan Papua juga sering menjadi

wilayah temuan spesies baru pada beberapa tahun terakhir. Di Perairan Raja Ampat misalnya ditemukan 9 spesies baru dalam kurun waktu 2001-2009. Sedangkan di Perairan Teluk Cenderawasih ditemukan 10 spesies baru dalam kurun 2006-2010. Di Perairan Fak-Fak sampai Kaimana juga ditemukan 10 spesies baru dalam kurun 2007-2008 (Alonso *et al.*, 2011).

Tripneustes gratilla (Linnaeus 1758) adalah salah satu jenis bulu babi yang tersebar luas dari Pasifik tengah hingga Pantai Afrika Samudera Hindia (Lessios *et al.*, 2003; Lawrence and Agatsuma, 2001) serta banyak ditemukan di perairan Indonesia khususnya di Perairan Papua (Toha dkk., 2009).

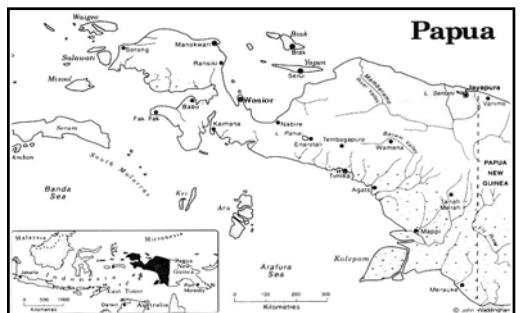
Organisme ini penting secara ekologi dan sumber pangan (Aziz, 1993; Toha dan Zain, 2004) yang potensial untuk budidaya perairan (Lawrence and Agatsuma, 2007; Koike *et al.*, 1987; Juinio-Meñes *et al.*, 1998; Dworjanyn *et al.*, 2007; Unsworth *et al.*, 2010). *T. gratilla* dapat juga dimanfaatkan sebagai bioindikator perairan laut (Toha & Zain, 2006, Stimson *et al.*, 2007). *T. gratilla* merupakan sumberdaya perikanan yang bernilai tinggi secara ekonomi (Kato and Schroeter, 1985; Toha dkk., 2009). Sebagai organisme model, bulu babi dapat digunakan untuk mempelajari biologi reproduksi (Vacquier *et al.*, 1995), embriologi (Davidson *et al.*, 1998; Lee *et al.*, 1999), toksikologi (Dinnel *et al.*, 1989), regulasi gen (Davidson *et al.*, 2002), biologi evolusi (Peterson *et al.*, 2000). Meskipun demikian *T. gratilla* termasuk jenis bulu babi yang berpotensi terancam pada masa datang. Hal ini berkaitan dengan siklus hidup organisme yang mudah ditangkap. Organisme ini mudah dipanen, dapat ditangkap oleh semua lapisan umur, penangkapan mudah dan murah serta pemanenannya relatif tidak diatur dalam pengelolaan tertentu (Toha and Fadli, 2008). Pemanenan *T. gratilla* juga belum memiliki aturan konservasi (Juinio-Meñes *et al.*, 2008). Selain itu *T. gratilla* tergolong jenis bulu babi yang memiliki tingkat kematian tinggi (Lawrence and Agatsuma, 2007). Ke depan, seiring dengan pertambahan

jumlah penduduk dan bertambahnya pengetahuan akan manfaat bulu babi maka akan mendorong penambahan pemanfaatan bulu babi untuk berbagai kepentingan.

Adanya krisis dan ancaman sumberdaya hayati telah mendorong berbagai usaha untuk mendaftarkan semua keragaman hayati dan melakukan upaya konservasi (Wilson, 2003). Di samping itu keragaman genetik bulu babi *T. gratilla* masih sangat terbatas. Pengetahuan keragaman genetik populasi merupakan hal penting untuk mempelajari dinamika populasi laut, managemen stok perikanan, dan merancang perlindungan laut (Cowen *et al.*, 2000). Dengan demikian pengungkapan keragaman genetik bulu babi *T. gratilla* penting untuk merancang program perlindungan bulu babi khususnya dan sumberdaya laut Indonesia umumnya. Penelitian bertujuan untuk mengakses polimorfisme DNA, sisi polimorfik, haplotipe, dan indeks diversitas *T. gratilla* berdasarkan gen sitokrom oksidase I mtDNA.

BAHAN DAN CARA KERJA

Sampel *T. gratilla* dikoleksi dari Perairan Manokwari. Duri *T. gratilla* diambil dan disimpan dalam etanol 95%. Penentuan taksa sampel menggunakan bantuan buku identifikasi (Colin and Arneson, 1995). Total sampel yang dikumpulkan sebanyak 34 sampel.



Gambar 1. Lokasi Penelitian (pengambilan sampel)

Ekstraksi mtDNA pada kaki tabung *T. gratilla* menggunakan larutan Chelex 5-10% (Bioradm Gercules, CA)(Walsh *et al.* 1991). Amplifikasi gen COI mtDNA menggunakan program Gold (Saiki *et al.*, 1988) mengikuti protokol modifikasi (Barber dan Erdmann 2000) dengan primer COI Trip2F (5'-CCTGCAGGAGGAGGAGAYCC-3') yang berkaitan dengan posisi 6448 mtDNA *Strongylocentrotus purpuratus* (Jacobs *et al.* 1988) dan primer COI Tri1R (5'-GGCATTCCAGCTAGTCCTARAA-3'), primer spesifik *Tripneustes* berkaitan dengan posisi 7094 mtDNA *S. purpuratus* (Lessios *et al.* 2003). Hasil PCR divisualisasi dengan elektroforesis gel agarosa 1% (b/v), dimurnikan menggunakan *Shrimp Alkaline Phosphotase* (Amersham Biosciences Corporation, Arlington Heights, Illinois, USA) dan *Exonuclease* (Amersham)(SAP/EXO). Sekuensing COI mtDNA *T. gratilla* menggunakan Big Dye[®] terminator chemistry (Perkin Elmer).

Urutan nukleotida gen COI diperoleh menggunakan program sequencer

otomatis ABI 377 (Applied Biosystem). Analisis keragaman genetik berupa polimorfisme, komposisi nukleotida, sisi polimorfik, jumlah haplotipe, keragaman nukleotida, keragaman haplotipe, indeks diversitas molekuler menggunakan program Mega5 (Tamura *et al.* 2011), DnaSP 5.10.01 (Rozas *et al.* 2010) dan Arlequin Version 2.000 (Schneider *et al.* 2000).

HASIL

Total nukleotida gen COI mtDNA bulu babi *T. gratilla* yang diperoleh dan dianalisis dari setiap sampel berjumlah 592 nukleotida. Komposisi nukleotida didominasi oleh T (34,85%), kemudian diikuti A (27,92%), C (22,29%) dan G (14,94%). Rata-rata rasio G+C adalah 37,23%. Hal ini sesuai dengan runutan nukleotida spesies acuan gen-gen mitokondria vertebrata yang biasanya didominasi oleh A dan T. Jumlah nukleotida yang mengalami transisi 15 nukleotida dan tidak satupun nukleotida mengalami transversi, insersi dan delesi. Nukleotida yang mengalami substitusi sebanyak 15 nukleotida (Tabel 1).

Tabel 1. Urutan nukleotida polimorfik yang diidentifikasi pada Gen COI mtDNA *T. gratilla* Manokwari

Haplotype	Urutan Nukleotida Polimorfik	Jumlah sampel (individu)	Kategori
H_01	CCCTTGAATGTAAGTTCTGTTAA TAACC	6	Non spesifik
H_02	CCCTTGAATGTAAGTCCTGTC CAA TAACC	1	Spesifik
H_03	CCCTTGAATGTAAGTTCC G TAA TAACC	16	Non spesifik
H_04	CCCTTGAATGT G AAGTTCTGTTAA TAACC	1	Spesifik
H_05	CCCTT A AATGTAAGTTCTGTTAA TAACC	1	Spesifik
H_06	CCCTTGAATGTA G GTTCTG C AA TAACC	3	Non spesifik
H_07	CCCTTGAATGTAAGTTT T GTTAAT AACC	1	Spesifik
H_08	CCCTTGAAT AT G AAGTTCTGTTAA TAACC	1	Spesifik
H_09	CC T TGAATGTAAGC T TCTGTTAA TAACC	1	Spesifik
H_10	CCCTTGAATGTAAGTTCT A TTAA TAACC	1	Spesifik
H_11	CCCTTGAATGTAAGTTCTGTT G A TAACC	1	Spesifik
H_12	CTCTTGAGTGTAAGTCCTGTC CAA TAACC	1	Spesifik

Polimorfisme *T. gratilla* yang terdeteksi pada seluruh sampel ditunjukkan pada Tabel 2. Jumlah sisi polimorfik yang terdeteksi dari 592

nukleotida gen COI sebanyak 15 sisi. Haplotype yang terdeteksi sebanyak 12 haplotipe, terdiri atas 9 haplotipe spesifik dan 3 haplotipe non spesifik.

Tabel 2. Polimorfisme *T. gratilla* Manokwari

Populasi	Jumlah sisi polimorfik, S	Jumlah haplotipe	Keragaman haplotipe, Hd	Keragaman nukleotida, π
Manokwari	15	12	0,75401	0,00248

Keragaman genetik pada semua individu cukup rendah. Meskipun

keragaman haplotipe *T. gratilla* 0,754, keragaman nukleotida hanya 0,00248.

PEMBAHASAN

Berdasarkan primer yang digunakan telah ditemukan 592 nukleotida gen COI mtDNA pada setiap sampel *T. gratilla* yang diteliti. Hal ini sesuai dengan pernyataan Lessios *et al.* (2003) yang menyebutkan bahwa primer COIf dan COItre mampu mengamplifikasi panjang nukleotida COI mtDNA antara 589 sampai 640 nukleotida. Komposisi nukleotida gen COI yang kaya akan A dan T sesuai dengan penggunaan nukleotida pada posisi ketiga dari kodon degeneratif spesies bulu babi *Arbacia lixula*, *S. purpuratus*, dan *Paracentrotus lividus* (De Giorgi *et al.*, 1996). Rata-rata rasio G+C di bawah 40% lebih kecil dari temuan di wilayah lain (Lessios *et al.*, 2003).

mtDNA adalah salah satu jenis DNA yang luas digunakan untuk mempelajari filogenetik hewan dibandingkan DNA inti (Brown *et al.*, 1979; Moore, 1995; Mindell *et al.*, 1997; Toha, 2006). mtDNA memiliki beberapa keunggulan dan terbaik untuk barcoding DNA hewan. Hal ini terkait dengan pewarisannya secara maternal atau tidak mengalami rekombinasi antar individu dari spesies yang sama. mtDNA juga memiliki frekuensi delesi dan insersi yang rendah sehingga penjajaran spesies berbeda lebih mudah karena *abrupt gaps* rendah. Selanjutnya mtDNA juga berada dalam jumlah banyak dalam sel karenanya mudah untuk terdeteksi (Butler, 2001). Urutan lengkap mtDNA bulu babi telah ditentukan diantaranya pada dua bulu

babi camarodonta *Paracentrotus lividus* (Cantatore *et al.*, 1989) dan *Strongylocentrotus purpuratus* (Jacobs *et al.*, 1988).

Jumlah nukleotida gen COI mtDNA *T. gratilla* yang mengalami transisi sampai 15 nukleotida tergolong lebih tinggi dari jumlah transisi gen mtDNA bulu babi *A. lixula* vs *P. lividus* (10 nukleotida), *A. lixula* vs *S. purpuratus* (13 nukleotida), dan *P. lividus* vs *S. purpuratus* (7 nukleotida). Sedangkan jumlah nukleotida COI mtDNA *T. gratilla* yang mengalami transversi hanya 1 nukleotida dan tanpa nukleotida indel termasuk lebih rendah dari yang ditemukan oleh De Giorgi *et al.* (1996). Nukleotida tanpa indel juga ditemukan pada gen COI mtDNA bulu babi *S. nudus*, *S. purpuratus*, *S. intermedius*, *H. pulcherrimus*, dan *P. lividus* (Lee, 2003). Hal ini menunjukkan bahwa gen COI mtDNA *T. gratilla* tergolong sangat stabil dan kurang mengalami perubahan. Perubahan nukleotida hanya terjadi melalui penggantian basa nitrogen dengan induk sama, purin dengan purin dan pirimidin dengan pirimidin. Perubahan nukleotida jenis ini mengurangi perubahan asam amino protein yang akan disintesis.

Jumlah sisi polimorfik yang ditemukan lebih rendah dari temuan peneliti lain meskipun menggunakan jumlah sampel lebih besar. Secara keseluruhan dari 12 haplotipe temuan terdapat 9 haplotipe tergolong spesifik dan 3 haplotipe lain tersebar pada tiga, enam, atau enam belas individu (Tabel 1). Populasi Manokwari dianggap sebagai sumber haplotipe spesifik dan

dapat dijadikan sumber keragaman karena memiliki haplotipe spesifik yang banyak dibandingkan populasi lain. Fenomena haplotipe spesifik juga dijumpai pada *T. gratilla* Hawaii (Lippe and Carlon 2006) dan jenis hewan laut lain seperti diantaranya *Haptosquilla pulchella* (Barber *et al.*, 2002).

Jumlah haplotipe yang ditemukan tergolong rendah. Lippe dan Carlon (2006) menemukan 47 haplotipe dari 427 sampel *T. gratilla*. Persentase haplotipe *T. gratilla* Manokwari sekitar 35,29% termasuk lebih rendah dibandingkan dengan *T. gratilla* di Oman ($H = 2$; 100%), Philipina ($H = 9$; 81,8%), Chile-Easter Island ($H = 6$; 75%), Jepang ($H = 6$; 60%), PNG ($H = 5$; 71,4%), Madagascar ($H = 6$; 75%), USA-Hawaii ($H = 6$; 60%), Guam ($H = 1$; 50%), Kiribati-Kiritimati ($H = 7$; 77,78%), dan lebih tinggi dibandingkan dengan populasi French_Polynesia_Marques ($H = 3$; 33,3%) dan Reunion ($H = 1$; 20%) (Lessios *et al.* 2003).

KESIMPULAN

Keragaman genetik COI mtDNA *T. gratilla* Manokwari tergolong cukup rendah. Penelitian ini hanya mengidentifikasi 12 haplotipe dari 34 sampel penelitian dan keragaman nukleotida seluruh sampel 0,00248.

TERIMA KASIH

Terima kasih disampaikan kepada Direktorat Jenderal Pendidikan

Tinggi atas hibah penelitian Strategis Nasional kepada AHAT berdasarkan kontrak Nomor: 546/SP2H/PP/DP2M/VII/2010 tanggal 24 Juli 2010. Terima kasih juga disampaikan kepada Dr. Mark Erdmann dan Conservation International Indonesia atas bantuan peralatan lab molekuler serta kepada Dr. Paul H. Barber, UCLA, atas bantuan sekensing di Cornell University, US. Kami juga menyampaikan terima kasih kepada Hemawaty Abubakar, Lutfi, R. Binur, Suhaemi, S.A. La Aji atas pengumpulan data yang telah dilakukan.

KEPUSTAKAAN

- Allen G.R. and M.V. Erdmann, 2009. Reef fishes of the Bird's Head Peninsula, West Papua, Indonesia. Check List: *Journal of Species Lists and Distribution*. 5.
- Alonso, L.E., J.L. Deichmann, S.A. McKenna, P. Naskrecki and S.J. Richards. (Editors), 2011. Still Counting... Biodiversity Exploration for Conservation – The First 20 Years of the Rapid Assessment Program. Conservation International, Arlington, VA, USA, 316 pp.
- Aziz, A., 1993. Beberapa Catatan tentang Perikanan Bulu Babi. Dalam Oseana Vol. 18 No. 2. Pusat Pengembangan Oseanologi; Indonesia Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia. Jakarta.

Barber, P.H. and Erdmann, M.V., 2000. Molecular systematic of the

- Gonodactylidae (Stomatopoda) using mitochondrial cytochrome oxidase C (subunit 1) DNA sequence data. *J. Crustacean Biol.*
- Barber, P.H., Palumbi S.R., Erdmann M.V., Moosa M. K., 2002. Sharp genetic breaks among populations of a benthic marine crustacean indicate limited oceanic larval transport: patterns, causes, and consequences. *Molecular Ecology*.
- Brown WM, George M, Wilson AC., 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 76.
- Butler, J.M., 2001. Forensic DNATyping, Academic Press, London.
- Colin, P.L. and L.Arneson, 1995. Tropical Marine Invertebrates. Coral Reef Press, Beverly Hills. 296 pp.
- Cowen, R.K., Lwiza, K.M.M., Sponaugle, S., Paris, C.B., and Olson, D.B., 2000. Connectivity of Marine Populations: Open or Closed? *Science* 287
- Davidson, E.H., R.A. Cameron, and A. Ransick, 1998. Specification of cell fate in the sea urchin embryo: summary and some proposed mechanisms. *Development*. 125.
- Davidson, E.H., Rast, J.P., Oliveri, P., et al. 2002. A genomic regulatory network for development. *Science*. 295.
- De Giorgi C, Martiradonna A, Lanave C, and Saccone C., 1996. Complete sequence of the mitochondrial DNA in the sea urchin *Arbacia lixula*: conserved features of the echinoid mitochondrial genome. *Mol Phylogenet Evol*. 1996 Apr; 5(2).
- Dinnel, P.A., J.M. Link, Q.J. Stober, M.W. Letoumeau, and W.E. Roberts, 1989. Comparative sensitivity of sea urchin sperm bioassays to metals and pesticides. *Arch. Environ. Contam. Toxicol.* 18.
- Dworjanyn SA, Pirozzi I, Liu W., 2007. The effect of the addition of algae feeding stimulants to artificial diets for the sea urchin *Tripneustes gratilla*. *Aquaculture*. 273.
- Jacobs, H. T., D. J. Elliot, B. M. Veerabhadracharya, and A. Farquharson, 1988. Nucleotide sequence and gene organization of sea urchin mitochondrial DNA. *J. Mol. Biol.*
- Kato, S. and Schroeter, S.C., 1985. Biology of the red Sea Urchin, *Strongylocentrotus franciscanus*, and its fishery in California Marine Fisheries Review.
- Koike I, Mukai H, Nojima S. 1987. The role of the sea urchin *Tripneustes gratilla* (Linnaeus), in decomposition and nutrient cycling in a tropical sea grass bed. *Ecol Res* 2.
- Lawrence J.M, Agatsuma Y., 2007. Ecology of *Tripneustes*. In:

- Lawrence J.M., ed. The biology and ecology of edible urchins, Elsevier Science, Amsterdam.
- Lee, Y.-H., G.M. Huang, R.A. Cameron, G. Graham, E.H. Davidson, L. Hood, and R.J. Britten, 1999. EST analysis of gene expression in early cleavage-stage sea urchin embryos. *Development*. 126.
- Lee, Y. H., 2003. Molecular Phylogenies and Divergence Times of Sea Urchin Species of Strongylocentotidae, Echinoida. *Molecular Biology and Evolution*. 20(8).
- Lessios, HA, Kane, J. and Robertson, RD., 2003. Phylogeography of the pantropical sea urchin *Tripneustes*: contrasting patterns of population structure between oceans. *Evolution*, 57(9).
- Lippe, C. and Carlon, DB., 2006. Genetic structure of keystone herbivore, *Tripneustes gratilla*, in the Hawaiian Island. Benthic Ecology Meeting.
- Mindell, DP. Sorenson, MD. Huddleston, CJ. Miranda, HC. Knight, A., et al., 1997. Phylogenetic relationships among and within select avian orders based on mitochondrial DNA. In: Mindell DP., editor. Avian molecular evolution and systematics. Academic Press, New York. pp.
- Moore, WS., 1995. Inferring phylogenies from mtDNA variation: Mitochondrial-gene trees versus nuclear-gene trees. *Evolution*.
- Peterson, K.J., R.A. Cameron, and E.H. Davidson, 2000. Bilaterian origins: significance of new experimental observations. *Dev. Biol.*
- Rozas JJ, Sanchez-DelBarrio C, Messequer X, Rozas R., 2010. DnaSP5, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*.
- Saiki, R.K., Gelfand, D.H., StoVel, S., Scharf, S.J., Higuchi, R., Horn, G.T., Mullis, K.B., Erlich, H.A., 1988. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science*.
- Schneider S, Roessli D, Excoffier L. 2000. *Arlequin*, Version 2.000: A software for population genetics data analysis Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Geneva Switzerland.
- Stimson J, Cunha T, Philippoff J., 2007. Food preferences and related behaviour of the browsing sea urchin *Tripneustes gratilla* (Linnaeus) and its potential for use as a biological control agent. *Mar Biol*.
- Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., and Kumar S., 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution*

(In Press).

Toha, A.H.A., 2006. Manfaat bulu babi (Echinoidea). Dari pangan hingga hewan hias. *Jurnal Perikanan dan Ilmu Perairan.* 13(1).

Toha, A.H.A dan Fadli Z., 2008. Keragaman Spesies Bulu Babi di Perairan Manokwari. *Jurnal Perikanan dan Ilmu Kelautan. Berkala Ilmiah Penelitian Perikanan dan Kelautan.* 4(1).

Toha, A.H.A. dan Zain, S., 2006. Bulu babi: Bioindikator Perairan Laut. *Jurnal Perikanan dan Ilmu Kelautan.* 1(3).

Toha, A.H.A. and Zain, S., 2004. Pemanfaatan gonad bulu babi sebagai pangan alternatif ikan. *Prosiding Pangan Spesifik Lokal.*

Toha, A.H.A., R. Binur, dan Suhaemi, 2009. Keragaman bulu babi *Tripneustes gratilla* Papua. *Laporan Penelitian,* Pusat Penelitian UNIPA. Tidak diterbitkan.

Unsworth RKF, Cullen LC, Pretty JN, Smith DJ, Bell JJ., 2010. Economic and subsistence values of the standing stocks of seagrass fisheries: Potential benefits of no-fishing maring protected area management. *Ocean and Coastal Management.*

Vacquier, V.D., W.J. Swanson, and M.E. Hellberg, 1995. What have we learnt about sea urchin sperm bindin? Dev. Growth Differ.

Veron J.E.N., L.M. Devantier, E. Turak, A.L. Green, S. Kininmonth, M. Stafford-Smith, and N. Peterson, 2009. Delineating the Coral Triangle. Galaxea: *Journal of Coral Reef Studies.*

Walsh, P.S., Metzger, D.A., Higuchi, R., 1991. Chelex-100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR based typing from forensic material. *Biotechniques.*

Wilson, E.O., 2003. The encyclopedia of life. *Trends Ecol. Evol.*

Keanekaragaman, Struktur dan Komposisi Jenis Pohon Di Hutan Rancak Erang, Cagar Alam Bojonglarang Jayanti, Kabupaten Cianjur, oleh: Ruddy Polosakan	180
Keanekaragaman Tumbuhan Berpotensi Obat Dari Cagar Alam Leuweung Sancang, Garut, Jawa Barat, oleh: Diah Sulistiari	188
Keanekaragaman Jenis Jambu-Jambuan (<i>Myrtaceae</i>) Di Hutan Porabua-Silui Dan Sanggona, Kecamatan Uluiwoi, Kabupaten Kolaka, Sulawesi Tenggara, oleh: Siti Sunarti	196
Keanekaragaman Zingiberaceae Di Kawasan Konservasi Gunung Endut, Taman Nasional Gunung Halimun Salak dan Pemanfaatannya Oleh Masyarakat Lokal, oleh: Yessi Santika	207
Keanekaragaman Anggrek Di Kawasan Cagar Alam Faruhumpenai, Sulawesi Selatan, oleh: Dwi Murti Puspitaningtyas	215
Pola Dan Struktur Keragaman Semut Dalam Kawasan Hutan Lindung Sirimau Kota Ambon, oleh: Fransina.S. Latumahina, Musyafa, Sumardi, Nugroho Susetya Putra ,Agus Ismanto	230
Keanekaragaman Jenis Serangga Yang Menjadi Hama Pada Sengon (<i>Falcataria moluccana</i> (Miq.) Berneby and J.W Grimes) Di Hutan Rakyat Di Pulau Jawa, oleh: Illa Anggraeni, Agus Ismanto, dan Neo Endra Lelana	237
Keragaman Genetik Bulu Babi <i>Tripneustes gratilla</i> (Linnaeus 1758) Papua (Studi Kasus <i>T. gratilla</i> Perairan Manokwari), oleh: Abdul Hamid A. Toha, Luchman Hakim, Widodo, Sutiman B. Sumitro	245
Potensi Pengelolaan Hama Terpadu (PHT) Terhadap Eksistensi Keanekaragaman Hayati (Kasus Artropoda) Pada Lahan Sawah Irigasi, oleh: Lyswiana Aphrodyanti, Salamiah, Yandi Anggalih Pebrianto dan Helda Orbani Rosa	254
Interaksi Kualitas Air Dengan Logam Berat (Fe, Mn) PADA <i>Chanos chanos</i> Di Pertambakan Marunda, Teluk Jakarta, oleh: Fridaviza Dharmesta, Adiwibowo, Noverita Dian Takarina, Sunardi, Sharfina Tammy Aryanti, Risa Djuniarti	267
Konsentrasi Cd, Cr, dan Cu Pada <i>Chanos chanos</i> dan <i>Penaeus monodon</i> Di Pertambakan Marunda, Teluk Jakarta, oleh: Maya Pada Romauli, Noverita Dian Takarina, Adiwibowo, Sunardi, Sharfina Tammy Aryanti, Dwi Apriyanti	273

DEPARTEMEN BIOLOGI
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS AIRLANGGA

Proceeding
Seminar Nasional Biodiversitas IV

**Biodiversitas Menunjang
Pembangunan Berkelanjutan**

Pemetaan Biodiversitas Daerah Tropis

Judul	: <i>Proceeding Seminar Nasional Biodiversitas IV</i> Biodiversitas Menunjang Pembangunan Berkelanjutan Pemetaan Biodiversitas Daerah Tropis
Penyusun	: Dr. Bambang Irawan Nur Indradewi O., ST., MT.
Tim Editor	
Ketua	: Nur Indradewi O., ST., MT.
Anggota	: Moh. Huznul Romdon Deavy Trianingtyas S. Fandi Nufinda Rachman Nadya Betari Karlinda
Reviewer (Penyunting)	:
	Prof. Win Darmanto, M. Si., Ph. D. Prof. Dr. Agoes Soegianto, DEA. Dr. Bambang Irawan Dr. Y. Sri Wulan Manuhara, M. Si. Drs. Hery Purnobasuki, M.Si., Ph. D. Dr. Alfiah Hayati Dr. Ni'matuzahroh Dr. Eko Prasetyo Kuncoro S.T. DEA.
Penerbit	:Departemen Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Airlangga
ISBN	: 978-979-98109-3-9
Alamat	: Kampus C Universitas Airlangga, Jl. Mulyorejo, Surabaya 60115
E-mail	: biologi_fst@unair.ac.id
Telp./Fax	: 031-592 6804

SAMBUTAN KETUA PANITIA
SEMINAR NASIONAL BIODIVERSITAS IV

Assalaamu`alaikum warahmatullahi wabarakatuh

Peserta Seminar yang saya hormati,

Dengan memanjangkan puji syukur kehadiran Allah Tuhan Yang Maha Esa atas rahmat dan hidayahNya sehingga kami dapat menyelesaikan seluruh tahapan pelaksanaan Seminar Nasional Biodiversitas IV dengan tema **Pemetaan dan Pengelolaan Biodiversitas Daerah Tropis**. Kegiatan seminar yang diadakan oleh Program studi Biologi, Departemen Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Airlangga bertujuan untuk mewadahi publikasi hasil penelitian maupun gagasan-gagasan inovatif terkait dengan riset yang berhubungan dengan biodiversitas maupun pemanfaatan biodiversitas pada berbagai bidang dan menyampaikan hasil kajiannya yang nantinya dapat digunakan sebagai dasar dalam pemanfaatan sumberdaya hayati secara berkelanjutan.

Harapan kami Seminar Nasional Biodiversitas IV dapat berkontribusi dalam meningkatkan peranan nyata pemanfaatan biodiversitas dalam kehidupan masyarakat meliputi berbagai bidang, seperti kesehatan, pertanian, peternakan, perikanan, perlindungan lingkungan, dan penyediaan sumber energi meningkatkan kesejahteraan masyarakat.

Terima kasih kami haturkan kepada *Keynote speaker* Bapak Prof. Dr. Ir. Bambang Prasetya selaku Deputi Ilmu Pengetahuan Hayati-LIPI yang telah meluangkan waktunya untuk memberikan pencerahan dan berbagi pengalaman kepada seluruh peserta Seminar Nasional Biodiversitas IV ini. Ucapan terima kasih tak terhingga kami sampaikan kepada seluruh jajaran panitia baik dosen, karyawan, dan mahasiswa atas kerjasamanya yang tidak mengenal lelah selama ini sampai seluruh tahapan terlaksana dengan baik. Semoga semangat juang teman-teman semua selalu membara dan tidak lapuk dan tidak lekang oleh suatu apapun sehingga Departemen Biologi dapat selalu terdepan.

Terima kasih kami sampaikan kepada para sponsor yang telah berkenan memberikan kontribusinya pada seminar ini. Semoga kerja sama yang telah dibina sejak Seminar Nasional Biodiversitas I dan berlanjut di tahun-tahun yang akan datang. Ucapan terima kasih juga kami sampaikan kepada Bapak/Ibu/Undangan dan peserta seminar Nasional Biodiversitas IV, atas kehadiran dan partisipasinya pada seminar kami ini. Kami atas nama panitia mohon maaf yang sebesar-besarnya jika ada kekilafan kami serta ada yang kurang berkenan bagi para peserta seminar ini.

Semoga Allah SWT senantiasa selalu memberikan bimbingan dan petunjukNya untuk kita semua. Selamat seminar, semoga seminar ini dapat berkontribusi baik dalam kemajuan ilmu dan teknologi maupun membantu meningkatkan kesejahteraan masyarakat.

Wassalaamu`alaikum warahmatullahi wabarakatuh

Surabaya, 15 September 2012

Ketua Panitia Seminar Nasional Biodiversitas IV,

Dr. Sucipto Hariyanto, DEA



**PROCEEDING
SEMINAR NASIONAL
BIODIVERSITAS IV**

**BIODIVERSITAS MENUNJANG
PEMBANGUNAN BERKELANJUTAN**

PEMETAAN BIODIVERSITAS DAERAH TROPIS

Surabaya, 15 September 2012

Penyusun :
Bambang Irawan
Nur Indradewi O.



Departemen Biologi

Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Airlangga

Kampus C, Jl. Mulyorejo, Surabaya, 60115

E-mail : semnasbiodiversitas@gmail.com