

KONSERVASI BIODIVERSITAS RAJA4

Lindungi Ragam, Lestari Indonesia

Oktober 2015

Informasi Status, Kondisi dan Berita Biodiversitas Indonesia

Vol.4 No. 10 Tahun 2015

Kegiatan MB-RAI bulan Oktober 2015 adalah workshop analisis genetik dan bioinformatika. Edisi sekarang juga mewartakan publikasi internasional pengelola MB-RAI bersama peneliti internasional. Tinjauan Invertebrata Raja Ampat dan Belajar Genetika Molekuler disajikan seperti edisi sebelumnya. Selamat membaca!!!

Strategi Konservasi

Strategi konservasi adalah pendekatan yang fokus pada konservasi sumber daya makhluk hidup dan memberikan panduan kebijakan tentang bagaimana hal ini dapat dilakukan. Secara khusus, strategi mengidentifikasi tindakan yang diperlukan baik untuk meningkatkan efisiensi dan konservasi untuk mengintegrasikan konservasi dan pembangunan. Strategi konservasi penting untuk mencapai tiga tujuan utama konservasi yaitu: 1. menjaga proses ekologi dan sistem pendukung kehidupan untuk mempertahankan kelangsungan hidup dan perkembangan manusia, 2. melestarikan keragaman genetik untuk mempertahankan fungsi banyak proses dan sistem pendukung kehidupan yang menggunakan sumber daya hidup; dan 3. memastikan pemanfaatan berkelanjutan spesies dan ekosistem yang mendukung manusia serta industri.

Strategi konservasi sumber daya alam hayati di Indonesia sangat dipengaruhi oleh Strategi Konservasi Dunia IUCN. Konsep IUCN dalam membangun Kawasan Konservasi lebih banyak mengadopsi situasi di negara maju sehingga tidak sepenuhnya cocok untuk kita. WWF-Indonesia menerapkan empat strategi terpadu untuk memastikan konservasi dan penggunaan sumber daya alam yang berkelanjutan di Indonesia, yaitu pengelolaan kawasan, rencana pemanfaatan lahan berkelanjutan, reformasi sector, dan pendanaan berkelanjutan (http://www.wwf.or.id/tentang_wwf/upaya_kami/forest_spesies/strategi/).

Pemerintah Indonesia juga menyusun strategi konservasi yang menyesuaikan dengan kondisi domestik agar dapat melakukan upaya

konservasi lebih efektif. Arah strategis konservasi di Indonesia telah dirumuskan diantaranya melalui peraturan menteri kehutanan Nomor P.57/Menhut-II/2008. Peraturan ini tentang Arah Strategis Konservasi Spesies Nasional 2008-2018 yang dapat dievaluasi dan diperbaharui setiap lima tahun.

Arah strategis konservasi spesies nasional digunakan untuk menetapkan fokus dan prioritas dari upaya-upaya yang akan dilakukan agar dalam sepuluh tahun ke depan konservasi flora dan fauna di Indonesia dapat berjalan dengan arah yang jelas.

Strategi konservasi bagi spesies hewan yang bersifat makro (kasat mata) dapat dilakukan langsung terhadap spesies tersebut, sedangkan untuk spesies tumbuhan dan spesies yang berukuran kecil (mikro), diperlukan pendekatan ekosistem yang lebih holistik. Kebijakan umum bagi konservasi spesies Indonesia dirumuskan dalam berbagai tujuan yaitu menentukan spesies prioritas, merumuskan kebijakan konservasi, memberikan status perlindungan, memanfaatkan secara lestari, pengamanan hayati/lingkungan, melaksanakan kegiatan konservasi in situ, melakukan kegiatan konservasi ex situ, meningkatkan konservasi spesies berbasis ekosistem, merumuskan peran pemerintah, melakukan pengaturan penangkaran dan budidaya, kajian peraturan perundangan, riset, partisipasi masyarakat, ketersediaan dana.

Buletin KBR4 adalah bagian proyek *Marine Biodiversity of Raja Ampat Islands* yang didanai oleh program USAID PEER dan dikerjakan oleh Universitas Negeri Papua, Universitas Brawijaya, Conservation International, Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia, Indonesian Biodiversity Research Center dengan partner US Paul H. Barber (University of California, Los Angeles), Christopher Meyer (Smithsonian Institution) dan Kent Carpenter (Old Dominion University).

Lagi, Publikasi Artikel

Pengelola MB-RAI menjadi co-author artikel berjudul “*strong genetic structure among coral populations within a conservation priority region, the Bird's Head Seascape* (Papua, Indonesia)”. Artikel ini dipublikasi dalam majalah ilmiah *Frontiers of Biogeography* vol. 7, No. 3 pada edisi Oktober 2015. Artikel dan majalah ini dapat diakses via internet melalui <http://escholarship.org/uc/item/6ds1g7bt>.

Strong genetic structure adalah artikel yang sebelumnya disajikan pada PeerJ PrePrints (<https://peerj.com/preprints/25v1/>) untuk mendapatkan masukan dan saran perbaikan dari pembaca. Setelah melakukan perbaikan, artikel ditawarkan ke majalah *Frontiers of Biogeography*. Pengiriman artikel dilakukan oleh para penulis sejak 10 April 2014 dan mendapat keputusan pertama pada 17 Mei 2014. Artikel mendapat persetujuan untuk diterbitkan pada 24 Juni 2015.



The screenshot shows the eScholarship website interface. At the top, there is a search bar and navigation links for 'About eScholarship', 'Publish/Deposit', 'Browse Content', 'Help', 'My Account', and 'My Saved Items (0)'. The main content area displays the article title, authors (Craig J. Starger, Mark V. Erdmann, Abdul Hamid A. Toha, Andrew C. Baker, and Paul H. Barber), and their affiliations. The article is identified as a 'research article' with ISSN 1948-6596. The sidebar on the left contains a 'Document Info' section with a Creative Commons license icon, a 'Peer Reviewed' status, and a list of navigation options: 'Document Info', 'Search Document', 'Document Metrics', 'Journal Info', and 'Similar Items'. The article text includes a detailed list of affiliations for each author and a note for the corresponding author, Paul H. Barber, with his email address: paulbarber@ucla.edu.

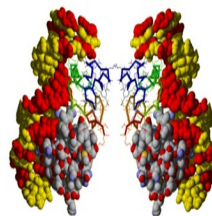
Workshop Analisis Genetik dan Bioinformatika

Pengelola MB-RAI berpartisipasi dalam Workshop Analisis Genetik dan Bioinformatika yang diselenggarakan oleh Research Group Marine Resource Exploration and Management FPIK Universitas Brawijaya. Workshop diselenggarakan di gedung FPIK UB pada 15 Oktober 2015.

Dalam workshop, Pengelola menyajikan materi Analisis Data Genetik untuk Publikasi serta prinsip dan teknik-teknik dasar analisis data bioinformatika. Informasi penanda genetik dan konsep bioinformatika disampaikan oleh Nashi Widodo. Sedangkan pengolahan data genetik menggunakan berbagai program disajikan oleh Hamid Toha.

Peserta workshop dibekali dengan materi dalam bentuk file powerpoint dan panduan dasar. Peserta merupakan dosen Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan UB yang tergabung dalam RG-MREM.

Konsep bioinformatika



Genetik Marker

2. PETUNJUK UMUM

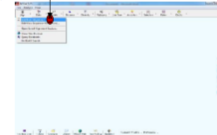
Tujuan: mengakses, mengedit, mengerjakan dan menyiapkan data genetik urutan nukleotida hasil sekuesing untuk analisis genetik. Data genetik berasal dari penelitian sendiri (data primer) dan penelitian pihak lain terutama dari genbank (data sekunder). Berikut adalah petunjuk umum menggunakan kedua jenis data.

A. Data primer

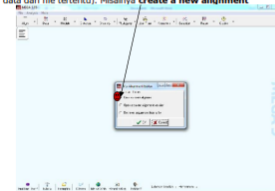
1. Buka/aktifkan program **Megas.05** (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*)



2. Tekan Align lalu ke **Edit/Build Alignment** untuk mengedit atau membuat perbandingan



3. Pilih **Create a new alignment** (bila membuat perbandingan baru), pilih open a saved alignment session (bila ingin mengedit/perbandingan data yang sudah ada sebelumnya), pilih open retrieve sequences from a file (bila ingin mengakses data dari file tertentu). Misalnya **create a new alignment**



Peneliti MB-RAI dalam Webometric

Webometric kembali merilis ilmuwan top asal Indonesia pada periode Oktober 2015. Hingga saat ini, rilis dengan judul *Ranking of scientists in Indonesian Institutions according to their Google Scholar Citations public profiles* telah memasuki edisi keempat. Ranking ini berdasarkan data semua profil ilmuwan yang bekerja di berbagai universitas dan institusi di Indonesia yang terdaftar hingga minggu kedua Oktober 2015.

Dalam edisi terbaru ini terdapat empat peneliti MB-RAI yang masuk dalam top scientist Indonesia. Keempat ilmuwan berasal dari Universitas Brawijaya dan Universitas Papua (sebelumnya Universitas Negeri Papua), masing-masing tiga dari UB dan seorang dari UNIPA.

Nashi Widodo adalah salah seorang ilmuwan asal UB yang menempati urutan 92 dari 1000 ilmuwan Indonesia atau ranking ke-4 ilmuwan UB. H-Index dan jumlah sitasi Widodo berturut-turut 12 dan 461. Sedangkan Hamid Toha dari UNIPA menempati peringkat 626 dengan H-Index 6 dan jumlah sitasi 129.

Ilmuwan UNIPA hanya memiliki tiga ilmuwan dalam daftar ranking ini, sedangkan UB mencatat 27 ilmuwan. Urutan lengkap 1000 ilmuwan asal Indonesia dapat diakses dan dilihat di <http://www.webometrics.info/en/node/96>.

Ranking	Nama	H-Index	Sitasi	Universitas
92	Nashi Widodo	12	461	Universitas Brawijaya
470	Sutiman B. Sumitro	7	165	Universitas Brawijaya
626	Abdul Hamid A. Toha	6	129	Universitas Papua
646	Luchman Hakim	6	117	Universitas Brawijaya

Teripang *Holothuria scabra* Raja Ampat

Abdul Hamid A. Toha, Sutiman B. Sumitro, Luchman Hakim, Nashi Widodo

Abstrak

Diketahui ada 53 jenis teripang di Perairan Indonesia dan 15-20 diantaranya merupakan jenis yang bernilai ekonomis tinggi. Salah satu jenis teripang ekonomis penting tersebut adalah *Holothuria scabra*. Teripang *H. scabra* Raja Ampat diantaranya disebut dengan nama lokal *te bat* dan *teo bat* (nama lokal Matlol dan Matbat). Spesies ini tersebar pada beberapa perairan di Raja Ampat. *H. scabra* juga tersebar luas di perairan Indo-Pasifik. Artikel ini mengulas *H. scabra* ditinjau dari aspek biologi, ekologi, genetik, dan status konservasinya.

Kata kunci: *Holothuria scabra*, Teripang, Raja Ampat

Pendahuluan

Perairan Raja Ampat kaya dengan berbagai jenis teripang. Hasil pengamatan di perairan Kampung Kapisawar saja menemukan sepuluh jenis teripang yaitu *Holothuria leucospilota*, *Holothuria rigida*, *Holothuria sucosa*, *Holothuria scabra*, *Bohadchia marmorata*, *Bohadchia vitiensis*, *Synapta maculata*, *Opheodesoma gricea*, dan *Sticopus varigatus*.

Holothuria adalah genus hewan laut dari Famili *Holothuriidae*. Anggota genus ditemukan di perairan pantai di daerah tropis dan subtropis. Tubuh lembut, tanpa kaki dan hidup menetap di dasar laut (organisme benthik). Spesies dari genus ini tampak seperti mentimun. Genus terdiri atas beberapa spesies yang dipanen untuk makanan dan dijual sebagai teripang.



H. scabra (Jaeger, 1833).

H. scabra adalah salah satu spesies dalam

genus *Holothuria*. Nama umum *H. scabra* adalah teripang. Secara lokal spesies ini disebut teripang gosok. Klasifikasi lengkap spesies ini adalah filum Echinodermata, sub filum Echinozoa, kelas Holothuroidea, sub kelas Aspidochirota, ordo Aspidochirota, famili Aspidochirotae, genus *Holothuria*, dan spesies *Holothuria scabra* (Jaeger).

Peran

H. scabra disebut juga teripang pasir atau teripang putih adalah spesies teripang yang biasa dipanen dan diolah menjadi bahan makanan dan dimakan di berbagai daerah di Indonesia. Teripang ini juga dimanfaatkan untuk bahan pangan di luar negeri terutama masyarakat Cina dan masyarakat pesisir Pasifik lainnya.

H. scabra adalah salah satu jenis teripang yang paling bernilai secara ekonomi. Pemanfaatan *H. scabra* sebagai sumber pangan telah berlangsung selama ribuan tahun, terutama di pasar Asia. Permintaan spesies ini tumbuh sangat pesat khususnya di China sejak 1980-an. *H. scabra* termasuk sumber pendapatan penting untuk perikanan lokal di Indonesia.

Kandungan gizi teripang (dalam berat kering) adalah protein 82%, lemak 1,7%, kadar air 8,9%, kadar abu 8,6%, dan karbohidrat 4,8%, vitamin A (455 ug%), vitamin B (tiamin 0,04 mg%, riboflavin 0,07 mg%, niacin 0,4 mg%) dan total kalori (385 cal/100g) (dkp.go.id 2007).

H. scabra komensalisme dengan *Lissocarcinus orbicularis* dan *Gastrolepidia clavigera*. Spesies ini juga menjadi inang bagi beberapa endoparasit seperti *Lichoturia mandibularis* (Stock 1968), *Scambicornus affinis* (Ho 1982), *Scambicornus pectinis* (Ho & Kim 1990), dan *Scambicornus idoneus* (Humes & Cressey 1961).

H. scabra seperti spesies lain juga memiliki peran ekologis penting dalam lingkungan laut. Kontribusi spesies diantaranya dalam jaring makanan organisme laut.

Reproduksi

Teripang termasuk hewan dioecious. Untuk menentukan jenis kelamin biasanya dilakukan pembedahan gonad. Organ kelamin betina berwarna kekuning-kuningan dan berubah menjadi kecoklatan bila sudah matang. Sedangkan organ kelamin jantan berwarna bening keputihan (Martoyo 2007).

Periode reproduksi *H. scabra* bervariasi antar populasi dalam kisaran tahunan (Morgan 2000), dua kali setahun (Tuwo 1999), tiga kali setahun (Cowan & Gomez 1982) atau terus-menerus (Ramofafia dkk. 2003). Sementara menurut Hamel & Mercier (1996) teripang biasanya memiliki musim tahunan atau dua tahunan kematangan gonad.

Menurut Ramofafia dkk (2003) pola pemijahan *H. scabra* dapat diprediksi secara musiman (lintang tinggi) atau non musiman (lintang rendah). Berbagai faktor lingkungan mempengaruhi gametogenesis dan waktu pemijahan (Hamel dkk. 2002). Faktor-faktor tersebut diantaranya adalah suhu, salinitas dan lama waktu paparan sinar matahari.

Proses matang gonad dikendalikan secara endogen dan diatur melalui isyarat eksogen (Morgan 2000). Ada empat tahap matang gonad *H. scabra* (Conand, 1989, Morgan 2000) yaitu: tahap pertama, pemijahan lengkap meskipun beberapa sperma matang tetap dalam lumen tubule, tahap dua (tahap pemulihan) dinding tubule tebal dan spermatogenesis mulai dalam dinding gonad. Tida ada sperma matang. Tahap tiga, tahap pertumbuhan; spermatogenesis aktif dan beberapa sperma matang ada. Tahap empat, tahap matang, dinding tubule tipis dan berhenti spermatogenesis. Lumen jantan penuh sesak dengan sperma serta beberapa tubule dapat terisi secara parsial.

Spesies *H. scabra* tumbuh relatif cepat ketika muda, mencapai ukuran matang pertama pada ukuran 180g dalam setahun (Purcell 2010). Spesies matang dan tumbuh hingga 15 cm pada satu hingga dua tahun (Skewes dkk. 2000). Spesies ini dapat tumbuh sekitar 14g/bulan. Spesies memasuki tahap menetap setelah 13-16 hari sebagai larva planktonik (Skewes dkk. 2004).

Kisaran umur *H. scabra* tidak diketahui secara jelas.

Morfologi

Semua teripang cenderung memiliki tubuh simetri radial dan memiliki sistem vaskular air yang beroperasi dengan tekanan hidrostatis, yang memungkinkan untuk bergerak dengan menggunakan banyak pengisap yang dikenal sebagai kaki tabung.

Saat hidup *H. scabra* berwarna coklat dengan bintik-bintik kecil putih pada bagian punggung atau bercak pucat sedikit, sisi menjadi pucat dan satunya putih susu. *H. scabra* memiliki tubuh abu-abu hitam di sisi atas dengan kerutan berwarna gelap tapi lebih pucat di bagian bawah. *H. scabra* dapat tumbuh mencapai panjang empat sentimeter atau lebih. Tubuh ditutupi oleh spikula berkapur dalam bentuk tablet dan tombol.

Ukuran tubuh *H. scabra* bukan indikator yang baik untuk menentukan umurnya.

Kebiasaan Makan

Sumber utama makanan teripang ini di alam yaitu zat organik dalam lumpur, detritus, dan plankton. Makanan lain adalah organisme-organisme kecil, bakteri, protozoa, nematoda, kopepoda, rumput laut, dan masih banyak lagi.

H. scabra tergolong hewan detritus feeder dan deposit feeder.

Tingkah Laku

H. scabra memiliki kebiasaan membenamkan diri di pasir atau lumpur habitatnya. Hal ini lebih intensif dilakukan bila salinitas perairan menurun. Bila suhu perairan meningkat perilaku membenamkan diri berkurang (Mercier dkk. 2000).

Saat larva *H. scabra* hidup planktonic. Juvenil kecil di bawah 10mm hidup pada padang lamun sebagai epibiotik. Pada saat juvenil dan dewasa merupakan endobiotik.

Predator dan Sistem Pertahanan

Pada periode juvenil, jenis gastropoda dan beberapa spesies ampipod dapat menjadi predator *H. scabra*. Predator *H. scabra* muda adalah kepiting, udang, gastropod dan ikan-ikan dari famili Siganidae (Pitt & Duy 2004). *H. scabra* juga menjadi predator bintang laut (Hatanaka dkk. 1994).

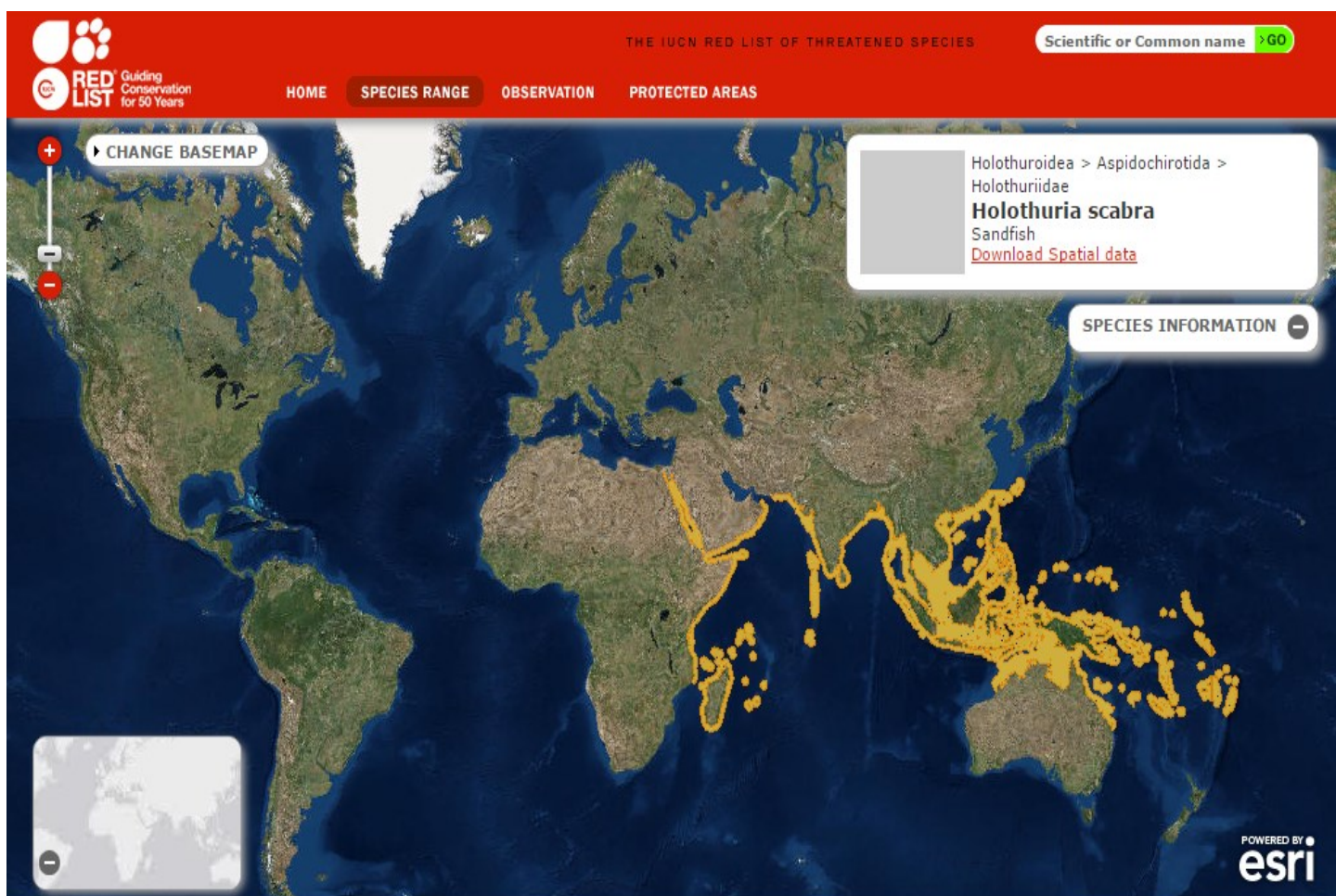
Distribusi dan Habitat

Hewan mirip ketimun ini dapat ditemukan di hampir semua perairan pantai, mulai dari daerah pasang surut yang dangkal sampai perairan yang lebih dalam. Spesies tersebar luas di perairan bersubstrat lunak di Wilayah Indo-Pasifik termasuk Raja Ampat dan perairan Indonesia lain. Menurut Hamel dkk. (2002) *H. scabra* tersebar pada lintang 30°N dan 30°S dari Afrika Selatan ke Laut Merah, India, China dan Jepang hingga Australia dan ke Mikronesia di pantai utara dan Tonga di bagian selatan.

Saat larva, *H. scabra* hidup epibiotik (pada padang lamun). Habitat paling disukai oleh juvenil

H. scabra adalah mangrove atau padang lamun. Kedua habitat digunakan oleh juvenil untuk menempel dan menetap karena memiliki predator yang rendah (Skewes dkk. 2004).

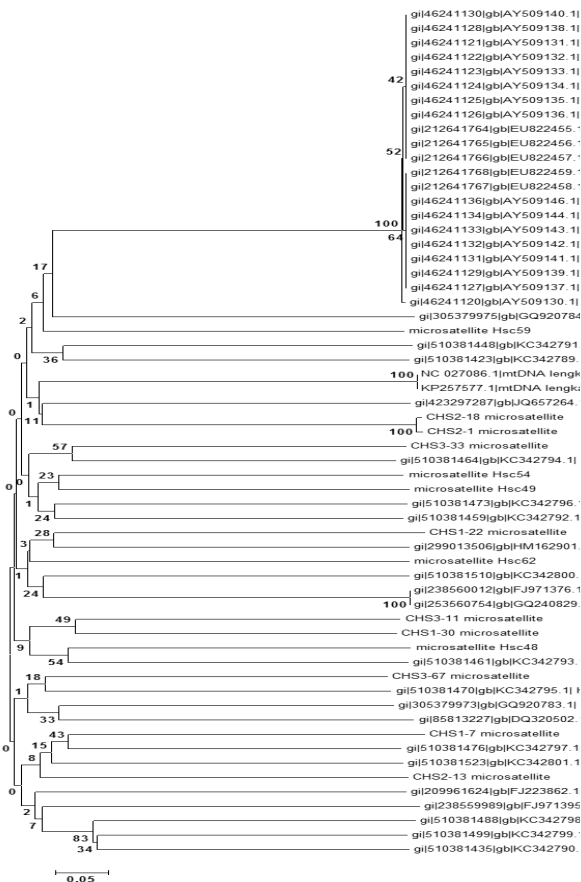
Spesies yang tersebar di perairan tropis Indo-Pasifik Barat ini, ditemukan di Raja Ampat pada perairan jernih dan airnya relatif tenang. Banyak teripang ditemukan hidup berkelompok. Kebanyakan terdiri atas 2– 30 ekor. Umumnya spesies tersebar pada lingkungan dengan energi rendah di belakang terumbu karang (fringing reefs) atau di teluk dan pantai yang terlindung.



Distribusi *H. scabra*. Spesies tersebar luas di perairan Indo-Pasifik (Sumber <http://maps.iucnredlist.org/map.html?id=180257>)

Urutan Nukleotida

Hasil penelusuran sekuens nukleotida *H. scabra* di genbank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) menemukan 60 sekuens. Umumnya sekuens diperoleh menggunakan penanda mikrosatelit. Sekuens lain menggunakan penanda genetik COI, 16S rRNA, 5.8S rRNA. Sekuens tersebut umumnya berasal dari sekuens parsial. Dua sekuens lain adalah sekuens lengkap dari DNA mitokondria *H. scabra*. Panjang sekuens mtDNA adalah 15779 bp (kode akses NC_027086.1 dan KP257577.1)(Xia dkk. 2015).



Gambar ilustrasi sekuens *H. scabra*. Ilustrasi dianalisis menggunakan program MEGA6 berdasarkan data-data sekuens genbank dari spesies *H. scabra*.

Kajian genetik pada spesies *H. scabra* menunjukkan aliran gen populasi berbeda pada beberapa lokasi. Kajian ini menunjukkan bahwa *H. scabra* memiliki aliran gen kecil (Kinch dkk. 2008) dan sangat terbatas mempengaruhi rekrutmen pada daerah tertentu (Skewes dkk. 2004).

Status Konservasi

Dalam beberapa kawasan, perikanan *H. scabra* memiliki kecenderungan sangat menurun karena lebih tangkap (Hamel dkk. 2001). Upaya panen yang tinggi pada populasi alami *H. scabra* telah menimbulkan krisis atau ancaman pada spesies ini.

Menurut Hamel dkk. (2013), spesies ini dieksploitasi secara komersial dalam kawasan regional yang luas untuk memasok pangan Asia. Penelitian kuantitatif dan kualitatif menunjukkan bahwa populasi *H. scabra* diperkirakan telah menurun lebih dari 90% dalam setidaknya 50% dari daerah penelitian, dan dianggap dieksploitasi secara berlebihan dalam setidaknya 30% dari lokasi penelitian, meskipun angka penurunan pasti sulit untuk diketahui. Penurunan populasi *H. scabra* mencapai 25% di Indonesia (Choo 2008). Status spesies menurut daftar merah IUCN adalah terancam (Hamel dkk. 2013). Spesies ini dimasukkan dalam daftar CITES (Toral-Granda 2007).

Penurunan dan eksploitasi berlebihan terjadi sejak puluhan tahun lalu. Spesies ini diperkirakan telah mengalami setidaknya penurunan 50% selama 30-50 tahun terakhir, oleh karena itu terdaftar sebagai spesies langka. Jika tekanan tangkapan secara signifikan menurun, spesies ini dapat pulih relatif cepat karena kapasitas reproduksinya (Hamel dkk. 2013).

Upaya budidaya *H. scabra* secara efisien dan program pengayaan pengetahuan tentang seluruh aspek biologi dan ekologi adalah diantaranya usaha untuk melestarikan *H. scabra*. Ukuran minimum boleh ditangkap atau dipanen juga diperlakukan pada spesies ini (Kinch dkk. 2008). Setiap negara atau daerah suatu negara memiliki ukuran yang berbeda. Hal penting lain untuk konservasi spesies adalah aturan dan regulasi suatu negara atau wilayah lokasi spesies berada.

Raja Ampat memiliki aturan tidak tertulis untuk melindungi berbagai jenis teripang ini. *Sasi* adalah kearifan lokal masyarakat Raja Ampat dalam melindungi sumberdaya hayati. Program konservasi lain juga perlu direkomendasikan untuk menjaga dan memelihara sumberdaya ini dapat tumbuh dan berkembang dengan baik. Perlu dipikirkan pemanfaatan berkelanjutan dan ramah lingkungan untuk menjaga kelestarian jenis teripang ini.

Untuk sitasi artikel ini:

Toha, AHA, Widodo N, Hakim L, Sumitro SB (2015) Teripang *Holothuria scabra* Raja Ampat. *Kons.Biod.Raja Ampat 4 (10): 4-8.*

Rujukan

- Choo PS (2008) Population status, fisheries and trade of sea cucumbers in Asia. In: MV Toral-Granda, A. Lovatelli, M. Vasconcellos. (ed.), *Sea cucumbers. A global review on fisheries and trade.* FAO. Rome.
- Conand C (1989) The fishery resources of Pacific Islands countries. Part 2. olothurians. FAO Fish. Tech. Pap. No. 272.2. FAO, Rome. 143 p.
- Cowen ME, Gomez ED (1982) A preliminary note on the reproductive periodicity of the sea cucumber *Holothuria scabra*. *Philippine J. Biol.* 11: 175-178.
- Hamel J-F, Conand C, Pawson DL, Mercier A (2001) The sea cucumber *Holothuria scabra* (Holothuroidea: Echinodermata): its biology and exploitation as *Beche-de-Mer*. *Advances in marine biology* 41: 130-
- Hamel J-F, Mercier A (1996) Gamete dispersion and fertilization success of the sea cucumber *Cucumaria frondosa*. *SPC Beche-de-mer Info. Bull.* 8:34-40.
- Hamel J-F, Mercier A, Conand C, Purcell S, Toral-Granda T-G, Gamboa R (2013) *Holothuria scabra*. The IUCN red list of threatened species 2013:e.T180257A1606648. <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2013-1.RLTS.T180257A1606648.en>. Downloaded on 02 October 2015.
- Hambuako R (2014) Struktur Komunitas Teripang (*Holothuroidea*) di Kampung Kapisawar Distrik Meos Mansar Kabupaten Raja Ampat. Skripsi. Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan UNIPA. Tidak diterbitkan.
- Hatanaka H, Uwaoku H, Yasuda T (1994) Experimental studies on the predation of juvenile sea cucumber, *Stichopus japonicus* by sea star, *Asterina pectinifera*. *Suisanzoshoku* 42:563-566.
- Kinch J, Purcell S, Uthicke S, Friedman K (2008) Population status, fisheries and trade of sea cucumbers in the Western Central Pacific. In: V. Toral-Granda and A. Lovatelli and M. Vasconcellos. (eds). *Sea cucumbers. A global review of fisheries and trade.* Fisheries and Aquaculture Technical Paper. No. 516: 7-55. FAO, Rome.
- Morgan AD (2000) Aspects of the reproductive cycle of the sea cucumber *Holothuria scabra* (Echinodermata: Holothuroidea). *Bull. Mar. Sci.* 66: 47-57.
- Mercier A, Battaglione SC, Hamel J-F (2000) Periodic movement, recruitment and size-related distribution of the sea cucumber *Holothuria scabra* in Solomon Islands. *Island, Ocean and Deep Sea Biology* 152: 81-100.
- Paulay, G. (2015). *Holothuria (Metriatyla) scabra* Jaeger, 1833. Accessed through: World Register of Marine Species at <http://www.marinespecies.org/aphia.php?p=taxdetails&id=210813> on 2015-11-29.
- Pitt R, Duy NDQ (2004) Breeding and rearing of the sea cucumber *Holothuria scabra* in Viet Nam. P. 333-346. In: Lovatelli A, Conand C, Purcell S, Uthicke S, Hamel JF, Mercier A (eds). *Advances in sea cucumber aquaculture and management.* Fisheries Technical Paper No. 463. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Purcell SW (2010) Managing sea-cucumber fisheries with an ecosystem approach. In: A. Lovatelli, M. Vasconcellos, Y. Yimin. (ed). *FAO Fisheries and Aquaculture Technical Paper No. 520.*, Rome.
- Ramofafia C, Byrne M, Battaglione SC (2003) Reproduction of the commercial sea cucumber *Holothuria scabra* (Echinodermata: Holothuroidea) in the Solomon Islands. *Mar. Biol.* 142: 281-288.
- Skewes TD, Dennis DM, Burrige C (2000) Survey of *Holothuria scabra* (sandfish) on Warrior Reef, Torres Strait, January 2000, CSIRO Division of Marine Research.
- Skewes T, Haywood M, Pitcher R, Willan R (2004) *Holothurians.* National Oceans Office, Hobart, Australia.
- Toral-Granda VM (2007) The biological and trade status of sea cucumbers in the families Holothuriidae and Stichopodidae. *Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora: 33.* The Hague, Netherlands.
- Tuwo A (1999) Reproductive cycle of the holothurian *Holothuria scabra* in Saugi Island, Spermonde Archipelago. Southwest Sulawesi, Indonesia. *Beche-de-Mer Bull.* 11:9-12.
- Xia J, Ren C, Yu Z, Wu X, Qian J, Hu C (2015)(in press) Complete mitochondrial genome of the sandfish *Holothuria scabra* (Holothuroidea, Holothuriidae) *Journal Mitochondrial DNA*, 1-2.

Profil DNA Individu

Abdul Hamid A. Toha, Nashi Widodo, Luchman Hakim, Sutiman B. Sumitro

Saat ini, pengetahuan dan penggunaan alat dan metode genetika molekuler sangat berkembang dan dapat membantu mengatasi keterbatasan pendekatan konvensional. Sidik DNA, Barkod DNA, Blast, dan filogeni adalah beberapa alat dan metode yang mampu menentukan profil DNA individu sehingga bisa mengetahui identitas spesimen dengan keakuratan yang tinggi dan cepat. Meskipun sampel terbatas misalnya tanpa spesimen utuh, membusuk, dan dalam semua fase kehidupan, organisme dapat dianalisis dengan metode dan alat di atas. Bagian ini akan membahas lebih rinci tentang profil DNA individu berdasarkan pendekatan sidik DNA, barkod DNA, Blast dan filogeni.

Pendahuluan

Identifikasi spesimen untuk menentukan identitas hingga mengetahui golongan spesies makhluk hidup penting dilakukan. Taksonomi dan ahli bidang lain (kedokteran forensik, karantina, nutrisi, dan lain-lain) biasa melakukan identifikasi dengan cara konvensional yang memerlukan spesimen utuh, segar, dan dalam keadaan dewasa berdasarkan tampilan fenotip organisme. Sayangnya, banyak spesimen dalam kondisi yang tidak sesuai untuk identifikasi konvensional tersebut.

Ilmuwan forensik dapat menggunakan DNA yang terletak dalam darah, sperma, kulit, liur atau rambut yang tersisa di tempat kejadian kejahatan untuk mengidentifikasi kemungkinan tersangka, sebuah proses yang disebut fingerprinting genetika atau pemfilan DNA (*DNA profiling*). Dalam pemfilan DNA panjang relatif dari bagian DNA yang berulang seperti *short tandem repeats* dan minisatelit, dibandingkan. Pemfilan DNA dikembangkan pada 1984 oleh genetikawan Inggris Alec Jeffreys dari Universitas Leicester, dan

pertama kali digunakan untuk mendakwa Colin Pitchfork pada 1988 dalam kasus pembunuhan Enderby di Leicestershire, Inggris.

Manfaat

Sidik DNA berguna untuk penentuan induk atau hubungan kekerabatan atau digunakan untuk penyelidikan kesehatan dan induk atau penyelidikan pembunuhan/pemeriksaan/anak tertukar/asal usul individu. Namun demikian, penerapan teknik ini juga dipakai untuk materi uji dari flora dan fauna, khususnya bila keduanya dapat masuk dalam skenario pembuktian, seperti dalam kasus perdagangan ilegal, penyelundupan atau narkotika (Zaya & Ashley 2012).

Barkod DNA berperan dalam memecahkan berbagai masalah dalam kehidupan sehari-hari. Teknik ini dapat digunakan untuk mengidentifikasi potongan atau serpihan dari suatu spesies, mengidentifikasi spesies untuk semua tahap kehidupan, membedakan antara spesies yang memiliki kemiripan morfologi, mengurangi keracunan, mempercepat pengungkapan spesies.

DNA barkode adalah metode paling cepat dan tepat untuk mengungkap identitas makhluk hidup. DNA barkode dapat mengidentifikasi makhluk hidup semua tingkatan kehidupan baik telur, larva, pupa sampai dewasa bahkan mampu digunakan untuk berbagai ketersediaan specimen makhluk hidup, dalam bentuk utuh maupun serpihan bahkan specimen busuk sekalipun. Spesimen dan fragmen bagian organisme yang tidak diketahui juga dapat dimanfaatkan untuk mengetahui identitas termasuk asal-usulnya.

DNA barkode dapat digunakan oleh ahli taksonomi dan ahli lain untuk mengungkap keragaman hayati makhluk hidup. Melalui DNA barkode, kita dapat mengetahui nama dan identitas spesies meskipun tanpa bantuan ahli taksonomi.

DNA barkode dapat juga digunakan untuk melakukan pengujian atau konfirmasi identitas spesies organisme dalam waktu singkat secara tepat. Pengujian spesies invasif dapat juga dilakukan melalui DNA barkode untuk membantu pihak karantina.

Sejarah

Metode pengujian DNA (DNA testing) pertama kali dilaporkan pada publikasi 1986 oleh Sir Alec Jeffreys dari Universitas Leicester, Inggris (Jeffreys dkk.1986). Teknik ini dikomersialkan pada tahun 1987 ketika perusahaan teknik kimia ICI membuka pusat pengujian DNA di Inggris. Metode ini sekarang menjadi prosedur forensik rutin di banyak negara.

Sedangkan Barkode ditemukan pada tahun 1949 oleh Bernard Silver dan Norman Joseph Woodland (Amerika Serikat) dan dipatenkan pada 7 Oktober 1952. Barkode secara komersial baru digunakan tahun 1967, misalnya *Universal Product Code* (UPC) yang terdiri atas 12 angka yang dipakai oleh banyak industri. Barkode DNA pertama kali mendapat perhatian masyarakat ilmiah tahun 2003 ketika kelompok riset Paul Hebert di University of Guelph, Canada, menerbitkan makalah berjudul "Identifikasi Biologi melalui barkode DNA".

Hebert dkk. (2003) mengusulkan sebuah sistem baru identifikasi dan penemuan spesies menggunakan bagian pendek DNA dari daerah genom standar. Urutan DNA tersebut dapat digunakan untuk mengidentifikasi spesies yang berbeda, cara yang sama seperti pemindai (*scanner*) supermarket yang menggunakan garis-garis hitam khas dari kode produk universal (universal product code, UPC) untuk mengidentifikasi pembelian kita. Analogi antara "barkode DNA" dan UPC dimaksudkan sebagai ilustrasi harafiah; semua produk dari jenis yang sama memiliki UPC identik, tetapi anggota dari spesies memiliki beberapa variabilitas terbatas dalam barkode DNA mereka. Namun demikian, COI terbukti efektif sebagai alat

diagnostik dalam banyak kelompok taksonomi.

Indonesia menggunakan barkode sistem *European Articles Numbering* (EAN) yang memiliki 13 digit yang terdiri atas 12 angka dan 1 cek digit.

Definisi

Sidik jari tangan manusia bersifat unik dan berbeda pada setiap orang. Oleh karena itu, sidik jari dapat digunakan sebagai identitas setiap orang. Identifikasi manusia dapat dilakukan dengan menyidik sidik jari manusia. Sayangnya, bila manusia mati atau tanpa tangan maka sidik jari manusia akan hilang. Mengatasi masalah ini, para ahli mengembangkan sidik DNA yang tidak akan pernah hilang dan dapat ditemukan pada bagian seluruh bagian manusia.

Sidik DNA (*DNA fingerprinting*) disebut juga pengujian DNA (*DNA testing* atau *DNA profiling*) adalah suatu pengujian forensik yang melibatkan teknik molekuler untuk mendapatkan profil DNA sejumlah materi uji yang merupakan bahan biologis makhluk hidup. Profil DNA dapat dicocokkan untuk menunjukkan keterkaitan biologis berbagai materi uji, sehingga dapat mendukung suatu pembuktian forensik.

Barkode adalah kode dengan sistem garis linier (garis bar) hitam-putih dengan angka di bawahnya yang sengaja dibuat untuk menentukan identitas suatu produk atau barang secara tepat dan mudah. Sedangkan barkode DNA atau *DNA Barcode* adalah teknik identifikasi organisme dengan menggunakan potongan gen tertentu yang telah teruji kemampuannya untuk membedakan pada tingkat spesies. Daerah gen yang digunakan sebagai barkode standar untuk hampir semua kelompok hewan adalah daerah 648 pasang basa dalam gen mitokondria sitokrom oksidase sub unit c 1 (CO1). CO1 telah terbukti sangat efektif dalam mengidentifikasi burung, kupu-kupu, ikan, lalat dan banyak kelompok hewan lain. Keuntungan menggunakan COI adalah bagian gen cukup pendek yang dapat diurutkan secara cepat dan murah namun tidak cukup lama untuk mengidentifikasi variasi antar spesies.

Meskipun demikian, gen CO1 bukan barcode efektif pada tanaman karena berkembang terlalu lambat. Dua daerah gen dalam kloroplas, matK dan rbcL, dapat digunakan sebagai barcode pada tanaman. MatK dan rbcL telah disetujui sebagai daerah barcode untuk tanaman.

Tujuan dan Aplikasi

Barkode DNA atau barkode genetik dapat digunakan untuk berbagai tujuan. Diantaranya adalah tujuan karantina, konservasi, pencegahan penyakit menular, dan sebagainya. Barkode DNA digunakan oleh berbagai ahli yang secara umum dikelompokkan dalam dua kelompok pengguna, yaitu taksonom dan ilmuwan bidang lain (kedokteran forensik, perusahaan industri makanan, pakan ternak, karantina dan lain sebagainya). Ahli taksonomi menggunakan untuk menentukan takson dan identitas makhluk hidup. Sementara tujuan penggunaan ilmuwan bidang lain bervariasi termasuk untuk menentukan sumber dan asal sumberdaya makhluk hidup; perancangan upaya konservasi; menghindari perdagangan ilegal spesies langka dan dilindungi; penegakan aturan terkait perdagangan spesies.

Penggunaan barkode genetik untuk identifikasi spesies memiliki dua terapan umum, yaitu identifikasi spesies yang dikarakterisasi sebelumnya dari perbandingan urutan DNA terdokumentasi dan penemuan spesies baru berdasarkan urutan DNA baru.

Prinsip Barkode

DNA adalah materi dasar untuk menentukan profil DNA individu spesies. DNA termasuk materi genetik yang stabil dan tidak mudah terurai oleh gangguan fisik atau kimia. DNA yang dimiliki oleh suatu individu selalu sama profilnya, tidak peduli dari bagian tubuh mana sampel diambil, asalkan terdapat sel tubuh terikat pada sampel tersebut.

Prinsip dasar menentukan profil DNA individu adalah mencocokkan data genetik individu sebelum dan sesudah kejadian yang diselidiki (sidik DNA) dan mencocokkan data genetik sampel

dengan data genetik basis data (barkode DNA, Blast dan filogeni). Kecocokan DNA adalah argumentasi penting dalam menentukan identitas individu.

Empat komponen dalam proyek barkode adalah:

1. Spesimen: museum sejarah alam, herbarium, kebun binatang, akuarium, koleksi jaringan beku, bank benih, jenis koleksi budaya dan simpanan bahan biologis lain merupakan harta karun dari spesimen yang diidentifikasi.
2. Analisis Laboratorium: mengikuti protokol barkode untuk mendapatkan urutan barkode DNA dari spesimen tersebut. Laboratorium molekuler dapat menghasilkan urutan barkode DNA dalam beberapa jam dengan biaya tertentu per spesimen. Data tersebut kemudian ditempatkan dalam database untuk analisis selanjutnya.
3. Basis data: salah satu komponen yang paling penting dari barkode adalah pembuatan perpustakaan rujukan publik pengidentifikasi spesies yang dapat digunakan untuk menetapkan spesimen spesies yang dikenal. Saat ini ada dua basis data barkode utama yang mengisi peran ini: 1) *International Nucleotide Sequence Database Collaborative* yaitu kemitraan antara *GenBank* di AS, *Nucleotide Sequence Database of the European Molecular Biology Lab* di Jerman, dan *DNA Data Bank Japan*. Ketiganya sepakat dengan standar data CBOL untuk catatan barcode. 2) *Barcode of Life Database (BOLD)* diciptakan dan dipelihara oleh *University of Guelph* di Ontario. Menawarkan para peneliti cara untuk mengumpulkan, mengelola, dan menganalisis data barkode DNA.
4. Analisis data: spesimen diidentifikasi melalui pencarian rujukan pas yang paling cocok dalam basis data. CBOL memiliki kelompok kerja analisis data untuk meningkatkan cara analisis, tampilan, dan penggunaan data barkode DNA.

Persyaratan Barkode DNA

Beberapa persyaratan dalam mewujudkan metode identifikasi menggunakan Barkode DNA berkaitan dengan marka molekuler, jenis gen dan primer yang digunakan untuk barkode.

Sampel dikoleksi dari individu mahluk hidup, dari bagian tubuh, serta tersangka (*suspect*) maupun barang pribadi (seperti sikat gigi atau sisir pribadi), dari kerabat vertikal (kakek, nenek, orang tua kandung, anak kandung maupun tiri tetapi bukan anak angkat, serta cucu) maupun horizontal (saudara kandung atau tiri), atau dari bank sampel (seperti bank sperma atau bank jaringan) yang menyimpan jaringan pihak-pihak yang terlibat. Sampel hewan juga diperoleh dengan cara mirip manusia, sedangkan sampel tumbuhan diambil dari sisa tumbuhan yang menjadi barang bukti.

Tidak semua urutan nukleotida DNA efektif untuk dijadikan barcode DNA. Selain itu barcode DNA harus memiliki ukuran nukleotida yang pendek tapi memiliki variasi yang tinggi antarspesies, dan harus bisa mengakomodir 10-100 juta spesies. Persyaratan gen sebagai marka molekuler untuk barcode DNA adalah: mampu membedakan antar semua spesies dan baiknya lebih konservatif dalam variasi spesies daripada antar spesies; standar bagi kebanyakan taksa yang berbeda; mudah diamplifikasi; ukuran gen pendek.

Persyaratan umum gen dapat digunakan dalam barcode antara lain adalah:

1. Mampu membedakan antar semua spesies dan bersifat lebih konservatif dalam variasi spesies daripada antar-spesies.
2. Harus standar sehingga dapat digunakan untuk banyak taksa yang berbeda.
3. Memiliki informasi filogeni sehingga memudahkan pengelompokan taksa (marga, famili, dan sebagainya).
4. Memiliki tingkat amplifikasi yang tinggi.
5. Sebaiknya ukurannya pendek sehingga dapat digunakan untuk menguji DNA yang sudah terpotong-potong atau rusak.

Gen yang banyak digunakan sebagai penanda barcode pada kelompok hewan adalah gen *cytochrome oxidase I* (COI) dan *cytochrome b* (*cyt-b*), sedangkan penanda molekuler lain berasal dari marka RNA ribosom seperti 12s rRNA dan 16s rRNA. Gen ribosom umumnya untuk taksa yang lebih tinggi, seperti tingkat famili (suku) atau ordo

(marga), sedangkan marka gen pengkode protein untuk identifikasi spesies atau subspecies hingga memiliki kekerabatan sangat dekat.

Beberapa keuntungan penanda COI adalah: relatif stabil, memiliki variabilitas yang rendah, memiliki jumlah salinan yang banyak sehingga mudah memperolehnya. Meskipun demikian, gen COI tidak bervariasi dalam beberapa kelompok takson tertentu, dan kemungkinan tidak mampu membedakan tingkat spesies pada semua subkelompok dari takson.

Pada tanaman penanda barcode yang digunakan kebanyakan berasal dari gen DNA plastida (DNA kloroplas) bukan DNA mitokondria yaitu gen *rbcL* dan *matK*. Sedangkan pada jamur, gen-gen barcode berasal dari gen ribosomal RNA (SSU rRNA) (Stoeckle 2003). Daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) juga digunakan sebagai penanda genetik jamur pada sistem identifikasi BOLD (*Barcode of Life Data System*).

Berikut adalah pasangan primer yang sering digunakan dalam barcode DNA:

Gen *rbcL* tanaman

- *rbcLa* f 5'-
ATGTCACCACAAACAGAGACTAAAGC-
3' (*forward primer*)
- *rbcLa* rev 5'- GTAAAATCAAGTCCACCRCG-
3' (*reverse primer*)

Gen COI vertebrata (bukan ikan)

- VF1_t1 5'-
TCTCAACCAACCACAAAGACATTGG-
3' (*forward primer*)
- VR1d_t1 5'-
TAGACTTCTGGGTGGCCRAARAAYCA-
3' (*reverse primer*)

Gen COI ikan

- VF2_t1 5'-
CAACCAACCACAAAGACATTGGCAC-
3' (*forward primer*)
- FishR2_t15'-
ACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA-
3' (*reverse primer*)

ITS jamur (fungi)

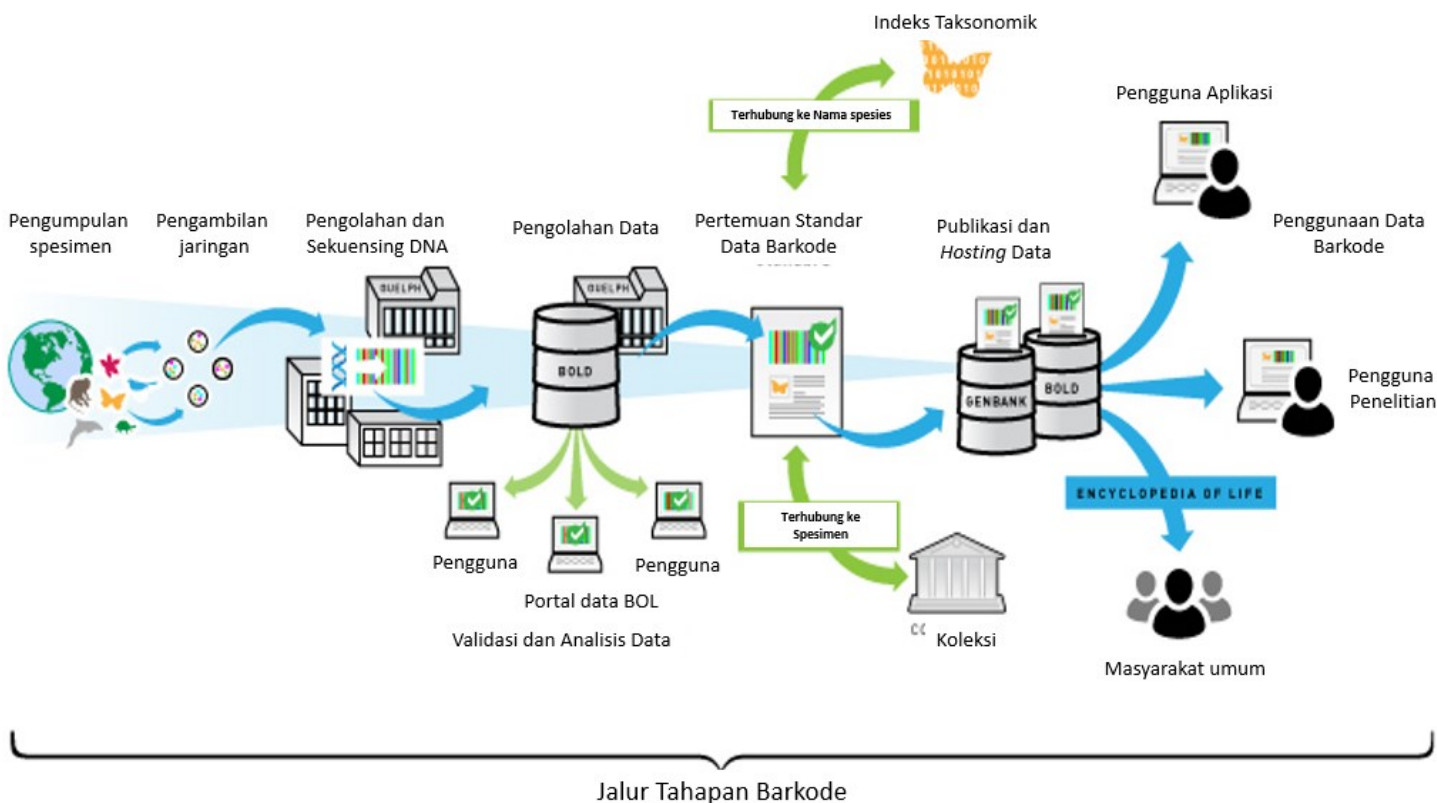
- ITS1 F 5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3' (*forward primer*)
- ITS4 R 5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3' (*reverse primer*)

Gen COI invertebrata

- LCO1490_F 5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3' (*forward primer*)
- HC02198_R 5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3' (*reverse primer*)

Tahapan Barkode

Tahapan barkode seperti di bawah ini.



Gambar/Illustrasi Tahapan Barkode (<http://www.barcodeoflife.org/content/about/what-dna-barcoding>)



**Partnerships for Enhanced
Engagement in Research
(PEER)**

Marine Biodiversity of Raja Ampat Islands (MB-RAI)

adalah proyek pendidikan, penelitian dan publikasi konservasi dan biodiversitas laut Kepulauan Raja Ampat yang didanai oleh program PEER-USAID tahun 2012-2016. Proyek dikerjakan bersama perguruan tinggi dan lembaga penelitian Indonesia seperti Universitas Papua (UNIPA, Manokwari), Universitas Brawijaya (UB, Malang), Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia (LIPI, Jakarta), Indonesian Biodiversity Research Center (IBRC-Bali), Conservation International-Indonesia (CI-I), dan didukung oleh Paul H. Barber, University of California Los Angeles (UCLA) Christopher Meyer, Smithsonian Institution (SI) dan Kent Carpenter, Old Dominion University (ODU) sebagai partner proyek dari US. Proyek MB-RAI dipimpin oleh Abdul Hamid A. Toha dari UNIPA.

Buletin Konservasi Biodiversitas Raja4 (Buletin KBR4)

adalah salah satu kegiatan MB-RAI bidang publikasi dan menginformasikan pengetahuan serta praktek cerdas terkait konservasi dan biodiversitas untuk mendukung pembangunan berkelanjutan di Indonesia umumnya dan di Raja Ampat khususnya. Buletin berisi kolom-kolom: Konservasi (aktivitas konservasi, lembaga konservasi, praktek konservasi, teori konservasi, penelitian dan pendidikan konservasi), Raja Ampat, Biodiversitas (Satwa, Fauna, Penelitian Biodiversitas), Info Alat dan Metode, serta Berita Proyek Raja Ampat. Buletin terbit secara berkala pada setiap akhir bulan.

Info

Pemerintah Kabupaten Raja Ampat kembali menyelenggarakan festival bahari. Festival dengan nama Festival Bahari 2015 diselenggarakan di Pantai Waisai (ibukota Kabupaten Raja Ampat) pada 18-21 Oktober 2015. Dalam festival diselenggarakan lomba foto bawah laut, lomba perahu dayung, orientasi bawah air, olahraga pantai dan atraksi budaya lokal.

Festival bahari menjadi kegiatan tahunan seperti festival-festival lain di Papua (seperti festival Lembah Baliem, Festival Asmat, Festival Komoro, Festival Danau Sentani). Tujuan festival diantaranya adalah untuk meningkatkan kunjungan wisatawan ke Raja Ampat.

Redaksi menerima tulisan menurut kolom info dari penulis dan pemerhati biodiversitas dan atau konservasi serta bisa disampaikan ke alamat Buletin KBR4 d/a Laboratorium Perikanan. Jurusan Perikanan. Fakultas Peternakan Perikanan dan Ilmu Kelautan. Universitas Papua. Jl Gunung Salju Amban Manokwari. Papua Barat 98314. Atau Jurusan Biologi FMIPA Universitas Brawijaya Jl. Veteran 16 Malang 65145. Telepon (0341) 554403, Fax (0431) 554403. Email: buletinkbr4@gmail.com, Online: www.ibcraja4.org atau http://ibc.ub.ac.id

Penerbit: FPPK UNIPA

ISSN: 2338-5421

e-ISSN: 2338-5561



Konsultan: Prof. Sutiman B. Sumitro, SU, D.Sc. **Koordinator:** Abdul Hamid A. Toha. **Dewan Redaksi:** Widodo, S.Si, M.Si., PhD. Med.Sc, Luchman Hakim, S.Si, M.AgrSc, Ph.D. **Staf Redaksi:** Muhammad Dailami, Robi Binur, Jehan Haryati, Qomaruddin Mohammed, Jeni, Nurhani W. **Koresponden:** M. Takdir, Juliana Leuwakabesy, Irma Arlyza, Hemawaty Abubakar, Lutfi. **Distributor:** Andre Kuncoro, Andika.

