ISSN: 2338-5421
e-ISSN: 2338-5561

KONSERVASI BIODIVERSITAS RAJA4

Lindungi Ragam, Lestari Indonesia

September 2015 | Informasi Status, Kondisi dan Berita Biodiversitas Indonesia | Vol.4 No. 9 Tahun 2015

Buletin kali ini menginformasikan penerbitan buku hiu paus di Taman Nasional Teluk Cenderawasih dan dukungan pengelola MB-RAI kepada mahasiswa PhD UCSD. Info kelulusan pengelola juga disampaikan pada edisi sekarang. Tinjauan Invertebrata Raja Ampat dan Belajar Genetika Molekuler disajikan seperti edisi sebelumnya. Selamat membaca!!!

IUCN (http://www.iucn.org/)

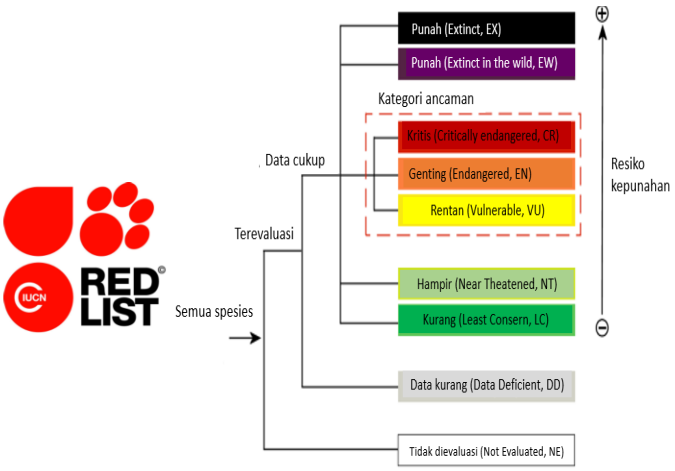
IUCN (*International Union for Conservation of Nature* atau lembaga internasional untuk konservasi alam) membantu dunia dalam mencari solusi pragmatis untuk lingkungan dan tantangan pembangunan yang paling mendesak. IUCN memimpin upaya konservasi alam dan pembangunan berkelanjutan melalui kemitraan global yang melibatkan 15.000 ahli dari 185 negara, menghasilkan pengetahuan baru dan menetapkan standar global di bidangnya; melakukan aksi dengan ratusan proyek konservasi di seluruh dunia; dan memberikan pengaruh dengan kekuatan kolektif kepada lebih dari 1.300 organisasi pemerintah dan non-pemerintah yang menjadi anggota IUCN.

IUCN didirikan pada Oktober 1948, sebagai Lembaga Internasional untuk Perlindungan Alam (*International Union for the Protection of Nature* atau IUPN) menyusul konferensi internasional di Fontainebleau, Prancis. Organisasi berubah nama menjadi Lembaga Internasional untuk Konservasi Alam dan Sumber Daya Alam pada tahun 1956 dengan singkatan IUCN dan nama ini tetap digunakan hingga saat ini.

Visi IUCN adalah hanya dunia yang bernilai dan melestarikan alam. Sedangkan misi IUCN adalah mempengaruhi, mendorong dan membantu masyarakat di seluruh dunia untuk melestarikan integritas dan keanekaragaman alam dan untuk memastikan bahwa penggunaan sumber daya alam yang adil dan berkelanjutan secara ekologis.

IUCN menilai dan melestarikan alam, memastikan pemerintahan yang efektif dan adil dalam menggunakan sumberdaya alam, dan menyebarkan solusi berbasis alam untuk tantangan iklim, pangan dan pembangunan global. IUCN mendukung penelitian ilmiah, mengelola proyek lapangan di seluruh dunia, dan membawa pemerintah, LSM, PBB dan perusahaan bersama untuk mengembangkan kebijakan, hukum dan praktik terbaik.

Red Data Book adalah salah satu *output* aktivitas IUCN. IUCN *red list* adalah daftar satwa dan tumbuhan yang terancam punah di dunia yang dikeluarkan oleh IUCN dengan tujuan untuk memfokuskan perhatian dunia kepada spesies terancam yang membutuhkan upaya konservasi langsung. IUCN mengeluarkan kriteria dan membagi keterancaman spesies menjadi kategori.



Tahun 2000, IUCN *red list* baru menguji 17.000 spesies. Pada 2015, IUCN telah menganalisis 79.800 spesies. Targetnya pada tahun 2020, IUCN akan menganalisis hingga 160.000 spesies sebagai tujuan.

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).

ISSN: 2338-5421
e-ISSN: 2338-5561

Mendukung Penelitian Doktor UCSD

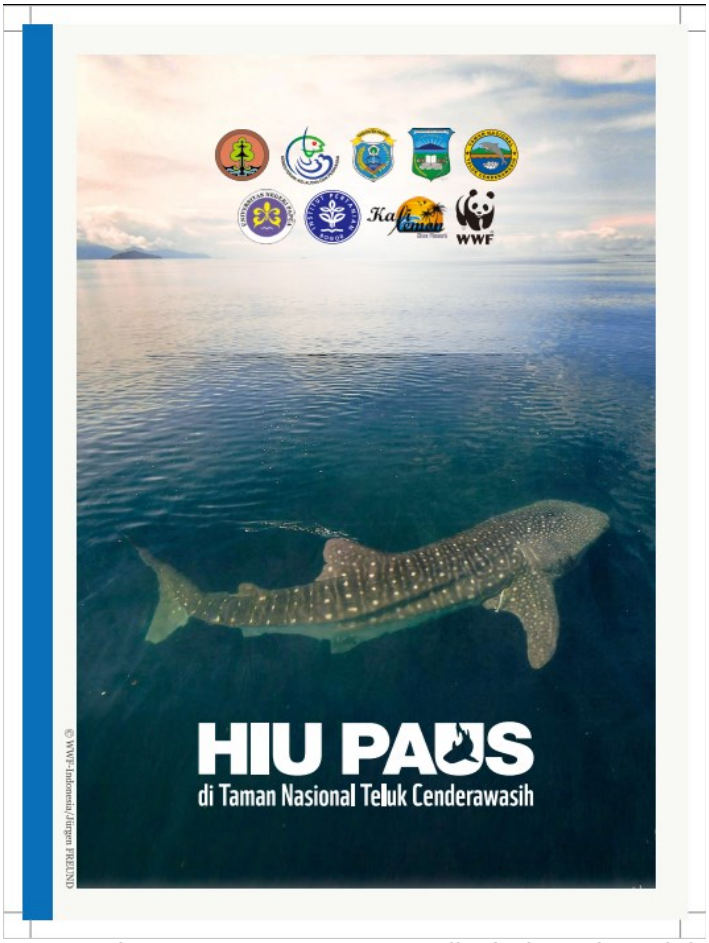
Melanjutkan dukungan kerjasama antara UNIPA dan University of California-San Diego (UCSD), Tim Koordinasi Pemberian Izin Peneliti Asing (TKPIPA RISTEK-DIKTI) mengundang pengelola MB-RAI untuk mempresentasikan proposal penelitian disertasi atas nama Ian N. Parker. Presentasi dilakukan melalui skype pada 9 September 2015 pada pukul 11.30-12.45 wib.

Topik penelitian Parker adalah *Social and Environmental relations in the seascapes of Raja Ampat, West Papua*. Penelitian ini terkait dengan kerjasama antara UNIPA dan UCSD yang telah berlangsung sejak 2010. Kerjasama mencakup berbagai bidang ilmu, termasuk konservasi dan genetika molekuler. Presentasi ini merupakan salah satu syarat untuk mendapat izin penelitian yang akan dilakukan.

Buku Hiu Paus Teluk Cenderawasih Diterbitkan

Buku Hiu di Taman Nasional Teluk Cenderawasih akhirnya diterbitkan oleh WWF Indonesia-Papua Program. Buku tersusun atas inisiatif dan didanai oleh WWW-Indonesia. Buku ini digagas sejak tahun 2014 dan lahir atas kerjasama penulis dari IPB, UNIPA dan WWF. Para Penulis buku adalah Abdul Hamd A. Toha dari Universitas Papua, Hawis H. Maddupa dan Beginer Subhan dari Institut Pertanian Bogor, Casandra Tania dan Benny A. Noor dari WWF Indonesia serta Nashi Widodo dari Universitas Brawijaya.

Buku semi popular ini lahir dari ide menghimpun materi kegiatan "Lokakarya Hasil Studi dan Pemantauan, serta Upaya Konservasi Hiu Paus di Taman Nasional Teluk Cenderawasih (TNTC) dan Indonesia" di Jakarta pada 27 Maret 2014. Topik dan pemateri lokakarya yang diadakan atas inisiatif WWW-Indonesia bekerjasasma dengan Kementerian Kelautan dan Perikanan tersebut adalah 1) program konservasi hiu paus (*Rhincodon typus*) oleh DIdi Sadili, 2) strategi konservasi hiu paus dan tantangannya di TNTC oleh Beny A. Noor, 3) strategi konservasi dan upaya perlindungan serta ekowisata hiu paus/whale shark (*R. typus*) di kawasan TNTC oleh Ben G. Saroy, 4) Komposisi hiu paus berdasarkan jenis kelamin dan ukuran serta perilaku kemunculannya di kawasan TNTC oleh Mahardika R. Himawan dan tim, 6) whale shark of Cenderawasih Bay result of research for conservation and managemen oleh Bren Stewart, 7) Pemantauan hiu paus di TNTC dan peluang pengembangan pemantauan di Indonesia oleh Casandra Tania, 8) prospek kerja sama dan hasil studi genetik hiu paus di TNTC oleh Abdul Hamid Toha, dan 9) wisata hiu paus berbasis masyarakat di Kwatisore oleh Kali Lemon Dive Resort.



ISSN: 2338-5421
e-ISSN: 2338-5561

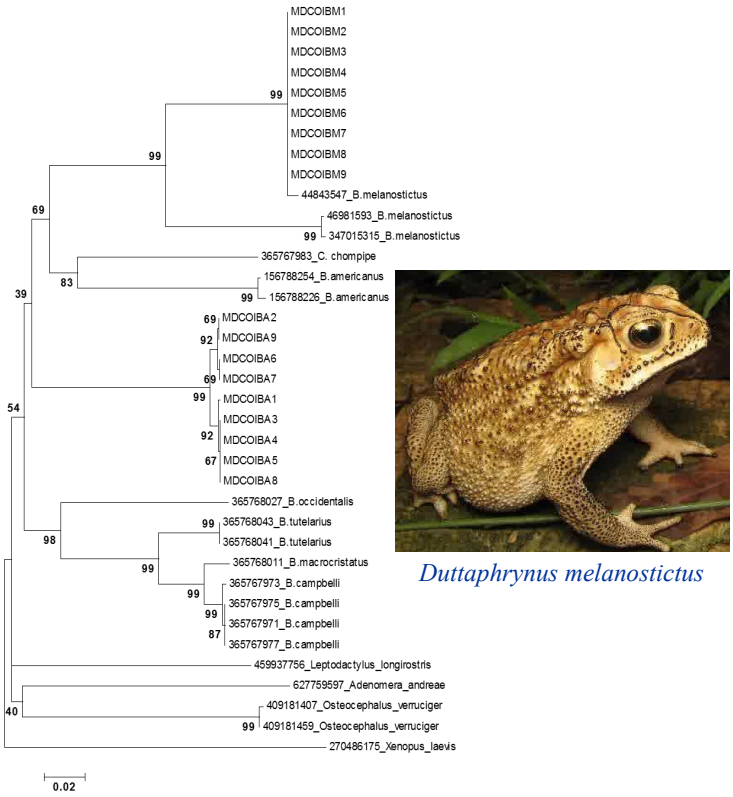
September 2015 Kons. Biod. Raja Ampat 4 (9): 1-3 Vol.4 No. 9 Tahun 2015

M. Dailami menyelesaikan pendidikan S2

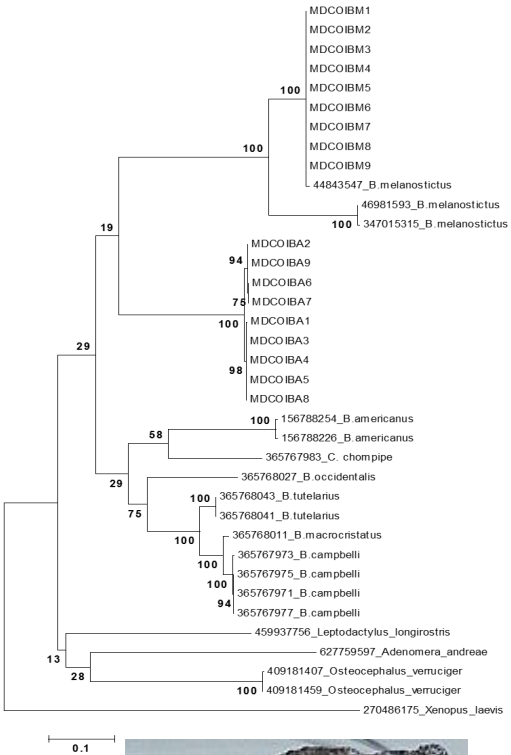
Bulan ini, Muhammad Dailami menyelesaikan pendidikan magister pada program pascasarjana bidang Biokimia di Institut Pertanian Bogor. Dailami terdaftar sebagai mahasiswa sejak tahun 2013 dan menyelesaikan pendidikan pada 16 September 2015 atau dalam kurun waktu 25 bulan. Dailami termasuk salah satu lulusan dengan predikat sangat memuaskan dengan Indeks Prestasi Kumulatif (IPK) 3,88 dalam kisaran IPK sampai 4.

Topik penelitian magister Dailami berjudul Prediksi peptida antimikroba dari histon H2A dan analisis filogenetik gen COI dari kodok buduk *Duttaphrynus melanostictus* dan *Phyrinoidis asper*. Tujuan penelitian adalah mengidientifikasi antimicrobial peptide baru yang berpotensi untuk dikembangkan dari sekuens histon h2a dengan menggunakan metode in silico. Penelitian ini juga bertujuan mengidentifikasi secara molekuler dan menganalisis hubungan kekerabatan *D. melanostictus* dan *P. asper* berdasarkan marka gene COI.

Dailami adalah staf proyek MB-RAI dan Lab. Genetika UNIPA. Setelah tamat pendidikan S1 dari program Kimia Universitas Papua (dulunya Universitas Negeri Papua), mengikuti pendidikan magister atas Beasiswa Pendidikan Pascasarjana Dalam Negeri (BPPDN)-Calon Dosen dari Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi Kementerian Ristek dan Pendidikan Tinggi. .



Duttaphrynus melanostictus



Phyrinoidis asper

Hasil penelitian (Sumber M. Dailami)

ISSN: 2338-5421
e-ISSN: 2338-5561

September 2015 Kons. Biod. Raja Ampat 4 (9): 4-8 Vol.4 No. 9 Tahun 2015

Lobster *Panulirus versicolor* Raja Ampat

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

Abstrak

Panulirus versicolor (Latreille, 1804) adalah satu dari enam varian udang barong (*spiny lobster*) yang ditemukan di Kepulauan Indonesia termasuk di Perairan Raja Ampat. *P. versicolor* dapat tumbuh mencapai 40 sentimeter. Seperti semua lobster, hewan ini bernilai ekonomis penting yang dimanfaatkan untuk sumber pangan. Status konservasi lobster ini dalam kategori LC.

Pendahuluan

Perairan Raja Ampat memiliki berbagai jenis lobster atau udang barong. Hewan tidak bertulang belakang ini umumnya mendiami habitat terumbu karang. Sebaran hewan luas di perairan Raja Ampat. Pusat sebaran lobster berbeda setiap spesies.

Salah satu udang barong Raja Ampat adalah *P. versicolor*. *P. versicolor* termasuk hewan dalam kingdom Animalia, Filum Arthropoda, Kelas Crustacea, Ordo Decapoda, Subordo Macrura Reptantia, Superfamili Palinuroidea, Famili Palinuridae, Genus *Panulirus,* Spesies *versicolor*.

P. versicolor (Latreille 1804)

P. versicolor termasuk komoditas perikanan yang menonjol di Indonesia. Hewan laut ini diekspor ke berbagai negara, terutama ke Jepang dan negara-negara lain. Spesies tergolong hewan ekonomis penting dan mempengaruhi secara signifikan baik ditinjau dari aspek ekologis, biologi dan genetik.

Spesies yang terdaftar sebagai *Least Concern* dalam kode merah IUCN ini mendiami habitat yang terlindung diantara batu-batu karang dan hidup soliter. Artikel ini mengulas *P. versicolor* dalam aspek biologi, ekologi, genetik dan aspek konservasi.

Peran

P. versicolor dapat digunakan sebagai sumber pangan (Holthuis 1991) selain digunakan sebagai organisme hias pada akuarium. Lobster *P. versicolor* juga dapat dimanfaatkan dalam perikanan rekreasi (Atfield 2004).

Lobster juga merupakan komoditas ekspor yang dijual dalam bentuk segar. Jepang termasuk negara pengimpor utama lobster di dunia. Pemenuhan kebutuhan lobster Jepang sebagian besar dipasok dari Taiwan, Filipina, Australia dan Indonesia (Junaidi dkk. 2010). Lobster (*Panulirus* sp.) termasuk komponen penting bagi perikanan udang di Indonesia. Menurut Statistik Indonesia tahun 2005, lobster menempati urutan ke empat untuk komoditas ekspor dari bangsa Krustacea setelah marga Penaeus, Metapeaneus dan Macrobrachium (Ditjenkan, 2007).

Spesies ini ditangkap sebagian besar untuk penggunaan lokal; sebagai sumber pangan yang sangat baik. Penangkapan spesies dilakukan pada siang hari oleh penyelam, baik dengan tangan atau dengan tombak; pada malam spesies yang jarang masuk perangkap ini diburu dan ditombak di daerah terumbu dengan bantuan lampu senter.

P. versicolor juga memiliki peran penting secara ekologi. Hewan ini dapat menjadi inang bagi berbagai parasit yang hidup secara komensalisme atau mutualisme. Pada tingkat larva, juvenil, dan tingkat hidup lain, *P. versicolor* mempengaruhi jaring-jaring makanan biota laut lain. *P. versicolor* juga menjadi mangsa bagi biota laut dan sekaligus menjadi predator bagi biota laut lain.

ISSN: 2338-5421
e-ISSN: 2338-5561
September 2015 Kons. Biod. Raja Ampat 4 (9): 4-8 Vol.4 No. 9 Tahun 2015

Reproduksi

P. versicolor jantan dan betina mulai matang gonad (TKG III) pada Juni sampai September dengan persentase tertinggi untuk jantan pada bulan Juni dan betina pada bulan Agustus. Lobster ini mencapai matang gonad pertama kali pada kisaran ukuran panjang karapas 61–71 mm dan berat tubuh 200–250 g atau berdasarkan analisis dengan metode Spearman-Karber pada selang kepercayaan 95% diperoleh rata-rata pertama kali matang gonad *P. versicolor* pada panjang karapas 82,20 mm, atau berkisar 72,91 – 92,68 mm (Junaidi dkk. 2010).

Hasil pendugaan fekunditas lobster *P. versicolor* berkisar antara 16.500–71.000 butir pada kisaran panjang karapas antara 80–95 mm. Hubungan antara panjang karapas species dengan fekunditas cenderung meningkat secara linear. Ukuran pertama kali matang gonad *P. versicolor* pada panjang karapas 82,20 mm terjadi selama bulan Juni–September dengan fekunditas 16.500–71.000 butir.

Morfologi

P. versicolor dapat mencapai panjang maksimum 40 cm (16 inci), tetapi rata-rata panjang tidak lebih dari 30 cm (12 in)(Holthuis 1991). *P. versicolor* tidak memiliki cakar, dua rostra lobster melewati mata, dan dua pasang antenna besar seperti semua *spiny lobsters* (lobster berduri). Pasangan antena pertama berakhir ganda, kedua keras dan berduri, keduanya biasanya berwarna putih.Karapas *P. versicolor* berwarna putih, merah muda, dan hitam dengan pita horizontal dan retikula. Abdomen berwarna hijau dengan pita hitam dan putih terbalik. Kaki berwarna coklat tua dengan strip putih dan ekor berwarna hijau biru.

Holthuis (1991) dan Page (2013) mendeskripsikan *P. versicolor* sebagai berikut: spesies ini tidak memiliki cakar menonjol dan rostrum berkaitan dengan lobster sebenarnya (Homarus spp.) Karapas lobster ini memiliki dua tanduk depan dan lengan dengan berbagai duri punggung (dorsal). Antena kedua tebal, dengan duri pada tiga segmen basal, dan hampir sama dengan panjang tubuhnya. *P. versicolor* memiliki bagian tubuh (somit) abdomen halus, kurang alur melintang. Somit abdomen 1-6 memiliki perbedaan, pita melintang terus memanjang batas posterior, dengan pita-pita gelap pada kedua sisinya. Maxilliped ketiga tidak memiliki eksopoda. Pelat antena pada dasar antena 1, memiliki empat duri kuat dalam persegi. Lobster jantan cenderung lebih besar daripada betina. Karapas memiliki latar putih, dengan daerah besar hitam kebiruan. Peduncles antena merah muda dengan duri hitam tebal dan flagela antena berwarna putih.

Warna: karapas keputihan dibatasi dengan baik, dipisahkan tajam dengan daerah hitam kebiruan, yang kontras sangat mencolok dengan latar belakang terang. Peduncles antena merah muda, flagela putih. Somit abdomen dengan pita putih melintang mencolok, diapit di kedua sisi dengan pita gelap sepanjang batas posterior. Kaki dengan garis-garis biru tua dan putih memanjang. Dalam masa pertumbuhan, lobster umumnya mengalami pergantian kulit (molting).

Kebiasaan Makan

P. versicolor tergolong hewan karnivora (juga sebagai omnivora), menangkap dan memakan artropoda, krustasea lain, detritus, invertebrata bentik, dan kadang-kadang ikan kecil. Lobster juga mengkonsumsi bulu babi, cacing laut, dan chiton.

Lobster menggunakan kaki depan untuk membawa makanan dan memecahkannya dengan mandibles.

Tingkah Laku

P. versicolor adalah hewan nocturnal dan soliter. Pada siang hari, spesies ini bersembunyi di celah atau gua kecil dalam karang atau di bawah koral di kedalaman hingga 15 meter (49 kaki). Lobster aktif di malam hari (Holthuis 1991).

Lobster memiliki tingkah laku migrasi masal (mencapai 50 individu) ke perairan paling dalam dalam garis tunggal selama seharian pada musim gugur. Antara satu lobster dengan lain saling kontak melalui antenna. Migrasi dilakukan untuk menemukan habitat dengan suhu atau sumber makanan yang mendukung.

ISSN: 2338-5421
e-ISSN: 2338-5561
Vol.4 No. 9 Tahun 2015

Lobster dapat melakukan pergantian kulit (molt) untuk pertumbuhannya. Saat molt, lobster sangat rentan terhadap predator. Oleh karenanya, lobster sering bersembunyi di dalam karang untuk menghindari predator. Molt dapat berlangsung dua kali dalam setahun.

Distribusi dan Habitat

P. versicolor mendiami perairan dangkal, dari sublitoral hingga kedalaman 15 m; di daerah terumbu karang, sering di tepi arah laut dari dataran tinggi karang. Spesies juga mendiami perairan jernih dan di daerah berombak. Spesies ini nokturnal dan tidak suka mengelompok; di siang hari, spesies bersembunyi di celah-celah dan rongga batuan. Di Raja Ampat, spesies ini umum ditemukan di banyak habitat. Spesies ditemukan di substrat berbatu, karang, pasir.

Menurut Animal Diversity Web, *P. versicolor* dapat ditemukan pada kedalaman hingga 90 m. Larva pelagis dapat bergerak ke habitat pantai sebagai tempat mereka berkembang. Juvenil ditemukan dalam vegetasi, terutama pada makroalga dan kadang-kadang dalam sponge besar. Saat dewasa, *P. versicolor* ditemukan di lepas pantai, sering di terumbu karang, karang, dan padang belut.

Distribusi *P. versicolor* membentang di perairan laut Indo-Pasifik dan *temperate* (sedang). Di Lautan Hindia, spesies ini ditemukan di bagian selatan pantai timur Afrika hingga laut Merah dan Semenanjung Persia di Laut Arab melintas ke India, Mianmar dan Thailand turun ke Indonesia hingga perairan Australia bagian barat utara. Di Pasifik bagian barat, spesies ini terdistribusi di utara Jepang hingga selatan melewati Mikronesia, Melanesia, Polinesia dan perairan Australia bagian utara (Fofonoff dkk. 2003).

Peta distribusi *Panulirus versicolor* global. Sumber http://maps.iucnredlist.org/map.html?id=169968

ISSN: 2338-5421
e-ISSN: 2338-5561

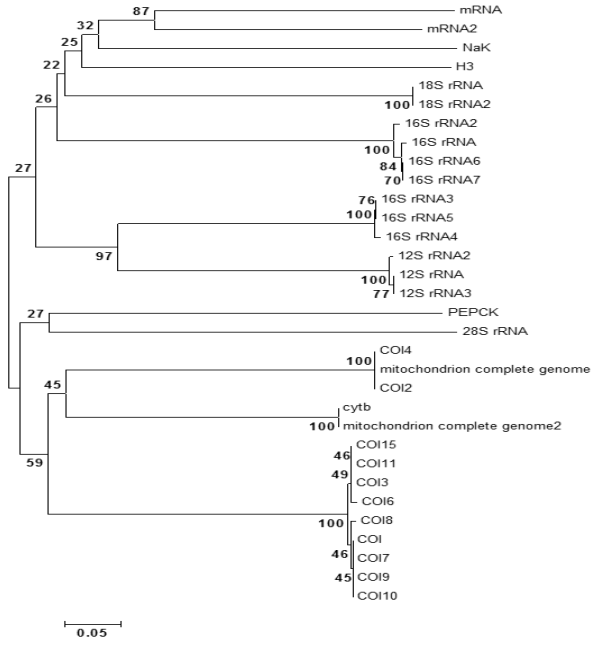
Predator dan Sistem Pertahanan

P. versicolor sering menjadi organisme target tangkapan manusia. Spesies ini juga menjadi predator ikan-ikan besar. Predator utama adalah ikan besar dan hiu (Frisch 2007, Page 2013). Menurut *Animal Diversity Web* pemangsa lobster bervariasi menurut fase hidupnya. Pada fase juvenile dan dewasa, lobster dimangsa oleh hiu, pari, kura-kura, belut listrik, gurita, krustasea, dan ikan.

Lobster menghindar dari predator dengan cara bersembunyi di lubang atau tempat karang. Cara lain adalah menggunakan antena untuk membela atau mempertahankan diri. Menggosok plectrum pada piring di bawah mata (mekanisme *stick* and *slip*), menghasilkan suara melengking untuk mempertahankan diri dari predator. Cara lain adalah membalikkan ekor ke depan dengan cepat (*tail flip*).

Urutan Nukleotida

P. versicolor memiliki 32 sekuens nukleotida yang tersimpan di Genbank (Chan 2015). Sekuens tersebut umumnya merupakan marka genetik parsial seperti CO1 (11 sekuens), 16S rRNA (7 sekuens), 18S rRNA (2 sekuens), 28SrRNA (1 sekuens), 12S rRNA (3 sekuens), cytB (1 sekuens), dan lain-lain. Ada dua sekuen merupakan sekuen lengkap yang berasal dari genom mtDNA.



Penelitian kami menentukan 130 sekuens COI mtDNA *P. versicolor* berbagai perairan Indonesia. Diantaranya terdapat 31 sekuens asal perairan Raja Ampat. Analisis genetik sampel Raja Ampat menunjukkan bahwa tidak ada struktur genetik *P versicolor* lokasi tersebut. Kami juga menemukan 15 haplotipe dari seluruh sampel. Hasil analisis lain disampaikan setelah publikasi pada jurnal.

Status Konservasi

Menurut IUCN, status konservasi *P. versicolor* adalah *Least Consern* (LC). Pembatasan penangkapan lobster ini juga telah dilakukan terutama bagi lobster betina yang bunting dan juvenil yang tumbuh.

Spesies termasuk tidak memenuhi syarat sebagai terancam, hampir terancam, atau (sebelum 2001) bergantung konservasi. Spesies memiliki distribusi yang luas dan tidak menghadapi ancaman kepunahan langsung akibat panen untuk makanan. Perikanan jenis lobster beroperasi pada skala kecil tapi tidak ada indikasi bahwa stok global menurun. Menurut Cockcroft dkk. (2013) spesies ini mungkin mengalami penurunan lokal karena penangkapan ikan, tapi ini tidak diyakini berdampak pada populasi global.

Di Indonesia berdasarkan statistik perikanan 1978–1980 telah terjadi penurunan produksi perikanan karang, termasuk di dalamnya semua jenis lobster. Penurunan populasi lobster diduga karena habitat lobster rusak karena penambangan batu karang, penggunaan cara penangkapan yang tidak benar dan penggunaan alat tangkap yang tidak selektif (Subani 1981). Strategi managemen spesies ini ada beberapa; strategi yang ada berdasarkan pada prinsip kehati-hatian (Frisch 2007).

ISSN: 2338-5421
e-ISSN: 2338-5561

Lobster umumnya berada dalam sarang yang sama 10-15 individu. Hal ini membuat *P. versicolor* mudah ditemukan dan rentan terhadap eksploitasi berlebihan, tapi mungkin berguna untuk melindungi spesies berdasarkan perilaku ini.

Untuk sitasi artikel ini:

Toha, AHA, Widodo N, Hakim L, Sumitro SB (2015) Lobster *Panulirus versicolor* Raja Ampat. Kons.Biod.Raja Ampat 4 (9): 4-8.

Rujukan

Cockcroft A, M. Butler & MacDiarmid A (2009) Panulirus versicolor. IUCN Red List of Threatened Species. *Version 3.1*. International Union for Conservation of Nature. Retrieved August 22, 2011.

Atfield J (2004) An Ecological Assessment of Queensland's East Coast Tropical Rock Lobster Fishery. A report to the Australian Government Department of Environment and Heritage on the ecologically sustainable management of a single-species dive fishery. Queensland government. Department of Primary Industries and Fisheries. 38p.

Chan T (2015) *Panulirus versicolor*. Accessed through: World Register of Marine Species at http://marinespecies.org/aphia.php?p=taxdetails&id=210359 on 2015-09-22

Cockcroft A, Butler M, MacDiarmid A (2013) *Panulirus versicolor*. The IUCN Red List of Threatened Species 2013: e.T169968A6695068. http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2011-1.RLTS.T169968A6695068.en . Downloaded on 22 October 2015.

Ditjenkan. 2007. Statistik ekpor dan impor hasil perikanan 2005. Direktorat Jenderal Perikanan Tangkap. DKP. Jakarta

Fofonoff PW, Ruiz GM, Steves B, & Carlton JT. 2003. National Exotic Marine and Estuarine Species Information System. http://invasions.si.edu/nemesis/. Access Date: 17-Sept -2015.

Frisch AJ (2007) Growth and reproduction of the painted spiny lobster (*Panulirus versicolor*) on the Great Barrier Reef (Australia). *Fisheries Research* 85(1-2): 61-67.

George H. de Bruin, Barry C. Russell & André Bogusch, ed. (1995). Lobster: Palinuridae. The Marine Fishery Resources of Sri Lanka. Rome: Food and And Agriculture Organization.

Holthuis LB (1991). *Panulirus versicolor*. FAO Species Catalogue, Volume 13. Marine Lobsters of the World. FAO Fisheries Synopsis No. 125. Food and Agriculture Organization. pp. 156–157.

Junaidi M, Cokrowati N, Abidin Z (2010) Aspek reproduksi lobster (Panulirus sp.) di Perairan Teluk Ekas Pulau Lombok. Jurnal KELAUTAN 3 (1): 29-35.

Page J (2013) First record of the painted spiny lobster *Panulirus versicolor* (Latrielle 1804) in coastal Georgia, USA. BioInvasions Records 2 (2): 149-152. doi: http://dx.doi.org/10.3391/bir.2013.2.2.10.

Subani W (1981) Penelitian Lingkungan Hidup Udang Barong (Spiny lobster) Perikanan dan Pelestarian Pantai Selatan Bali. Laporan Penenelitian Ikan Laut. 23:17-32.

ISSN: 2338-5421
e-ISSN: 2338-5561
September 2015 Kons. Biod. Raja Ampat 4 (9): 9-13 Vol. 4 No. 9 Tahun 2015

Bioinformatika Genetik

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

Abstrak

Bioinformatika genetik adalah kombinasi Bioinformatika dan Genetik. Bioinformatika sebagai ilmu dan genetik sebagai materi genetik. Dengan Bioinformatika Genetik, pengumpulan, penyimpanan, analisis, interpretasi, penyebaran dan aplikasi data-data genetik mudah dilakukan. Bioinformatika genetik dapat juga menyimpan data genetik dengan teratur, dalam waktu singkat dan tingkat akurasi tinggi. Bioinformatika Genetik dapat mempercepat penyelesaian proyek dan program-program terkait materi genetik yang tersedia sesuai kebutuhan dan tujuan. Artikel ini menyajikan definisi, tujuan dan kegunaan, lingkup serta aspek lain yang terkait dengan Bioinformatika Genetik.

Pendahuluan

Bioinformatika merupakan ilmu yang mempelajari penerapan teknik komputasi untuk mengelola dan menganalisis informasi biologis. Bioinformatika genetik spesifik menggunakan dan mengelola data genetik untuk memecahkan masalah -masalah biologis, terutama dengan menggunakan sekuens DNA dan asam amino serta informasi yang berkaitan dengannya. Desakan kebutuhan untuk mengumpulkan, menyimpan dan menganalisa data-data biologis dari basis data DNA, RNA maupun protein inilah yang semakin memacu perkembangan kajian Bioinformatika.

Bioinformatika genetik sangat mempengaruhi kehidupan manusia, terutama untuk mencapai kehidupan yang lebih baik. Dalam dunia kedokteran, keberhasilan proyek genom membuka kemungkinan luas untuk menangani berbagai penyakit genetik serta memprediksi resiko terkena penyakit genetik. Juga dapat digunakan untuk mengetahui respon tubuh terhadap obat sehingga efektivitas pengobatan bisa ditingkatkan.

Karena Bioinformatika genetik merupakan suatu bidang interdisipliner, maka Bioinformatika Genetik juga tidak bisa berdiri sendiri dan harus didukung oleh disiplin ilmu lain yang mengakibatkan saling bantu dan saling menunjang sehingga bermanfaat untuk kepentingan manusia. Bidang yang terkait dengan Bioinformatika Genetik diantaranya adalah biofisik, biologi komputasi, informasi medis, kimia informatik, genomik, biologi matematis, dan farmakogenomik.

Meskipun merupakan disiplin dan kajian yang masih baru, Bioinformatika telah dipelajari dan dimasukkan dalam kurikulum pendidikan beberapa perguruan tinggi di Indonesia. Bahkan ilmuwan Indonesia sudah memanfaatkan ilmu ini untuk mengkaji berbagai topik penelitian.

Definisi

Secara harafiah, bioinformatika berasal dari dua suku kata yaitu *bio*=hidup, mahluk hidup dan informatika=informasi, rangkaian pesan yang bermakna, sehingga bioinformatika bisa diartikan sebagai pesan atau informasi yang berasal dari mahluk hidup atau infomasi biologi. Bioinformatika merupakan metode matematika, statistik dan komputasi yang bertujuan untuk menyelesaikan masalah-masalah biologi dengan menggunakan sekuen DNA dan asam amino dan informasi-informasi yang terkait dengannya.

Secara umum, Bioinformatika dapat didefinisikan sebagai bentuk penggunaan komputer dalam menangani informasi-informasi biologi. Definisi lain adalah metode matematika, statistik dan komputasi yang bertujuan untuk menyelesaikan masalah-masalah biologi dengan menggunakan sekuens DNA dan asam amino serta informasi-informasi yang terkait dengannya (Tekaia 2004).

Sementara genetik adalah salah satu level atau tingkat keanerkaragaman hayati. Dua tingkat biodiversitas lain adalah ekosistem dan spesies. Genetik merupakan tingkat dasar yang mendasari keragaman dan kesamaan mahluk hidup. Genetik juga merujuk pada materi genetk yaitu materi yang menentukan pewarisan sifat dan variasi organisme.

Dalam artikel ini, genetik lebih merujuk pada pengertian terakhir, yaitu sebagai materi genetik yang menjadi obyek dan subyek Genetika.

Bioinformatika genetik adalah ilmu dan teknologi pengumpulan, penyimpanan, analisis, interpretasi, penyebaran dan aplikasi data-data spesifik materi genetik. Dengan kata lain, Bioinformatika genetik adalah informasi genetik mahluk hidup yang dikumpulkan, disimpan, dianalisis, diinterpretasi, disebarkan dan diaplikasikan dengan perangkat komputer dan perangkat lunak untuk menganalisisnya.

Manfaat

Bioinformatika genetik sangat mempengaruhi kehidupan manusia, terutama untuk mencapai kehidupan yang lebih baik. Dalam dunia kedokteran, keberhasilan proyek genom telah membuka kemungkinan luas untuk menangani berbagai penyakit genetik serta memprediksi resiko terkena penyakit genetik. Juga dapat digunakan untuk mengetahui respon tubuh terhadap obat sehingga efektivitas pengobatan bisa ditingkatkan. Bioinformatika Genetik juga penting untuk identifikasi *agent* penyakit yang belum dikenal penyebabnya. Bioinformatika Genetik dapat dimanfaatkan untuk diagnosa penyakit secara akurat.

Bioinformatika genetik penting untuk pemeriksaan yang efektif data genetik dan genom serta data biologis lain. Dengan Bioinformatika Genetik, data-data yang dihasilkan dari proyek genom dapat disimpan dengan teratur dalam waktu singkat dengan tingkat akurasi yang tinggi serta sekaligus dianalisa dengan program-program yang dibuat untuk tujuan tertentu. Bioinformatika genetik mempercepat penyelesaian proyek berbasis genetik dengan dukungan berbagai perangkat lunak yang diperlukan untuk analisisnya.

Bioinformatika Genetik juga telah dimanfaatkan dalam analisis dinamika individu, populasi, dan ekologi berbagai spesies mahluk hidup. Bioinformatika genetik dapat menentukan identitas spesies, menentukan unit konservasi, analisis keragaman genetik, genetika populasi, struktur genetik, hubungan genetik dan analisis lainnya.

Lingkup

Bioinformatika merupakan suatu bidang interdisipliner, sehingga Bioinformatika Genetik tidak bisa berdiri sendiri dan harus didukung oleh disiplin ilmu lain. Bidang yang terkait dengan Bioinformatika Genetik diantaranya adalah *Biophysics*, *Computational Biology*, *Medical Informatics*, *Cheminformatics*, *Genomics*, *Mathematical Biology*, *Proteomics*, *Pharmacogenomics*. Semua disiplin berkaitan dan memanfaatkan materi genetik (DNA atau RNA) dalam kajiannya.

Menurut Barnes (2007) dalam lingkup lebih luas, bioinformatika untuk konteks penelitian genetik meliputi aspek-aspek: pengetahuan managemen dan ekspansi; managemen, integrasi dan pengumpulan data; penguasaan data gen, genom dan variasi genetik; rancangan dan analisis data genetik; determinasi fungsi (perubahan dari satu gen ke alel penyakit); dan analisis pada data genetik dan genomik.

Lingkup ini cukup umum dan dapat diterapkan pada kebanyakan bidang biologi, tetapi secara jelas dapat diterapkan pada genetika. Genetika dan Bioinformatika peduli secara mendasar dengan pertanyaan hipotesis umum dan uji serta organisasi dan interpretasi sejumlah besar data untuk mendeteksi fenomena biologi. Dengan demikian Bioinformatika Genetik mempunyai ruang lingkup yang sangat luas dan mempunyai peran yang sangat besar dalam berbagai penelitian genetik dan bidang lain. Lingkup ini akan terus berkembang dan disempurnakan sesuai dengan perkembangan ilmu dan teknologi yang ada.

Basis Data Genetik

Basis data adalah istilah ilmu komputer yang didefinisikan sebagai kumpulan informasi yang disimpan secara sistematik sehingga dapat diperiksa menggunakan program komputer untuk memperoleh informasi dari basis data tersebut. Saat ini terdapat milyaran data sekuens yang tersimpan sebagai basis data DNA.

ISSN: 2338-5421
e-ISSN: 2338-5561

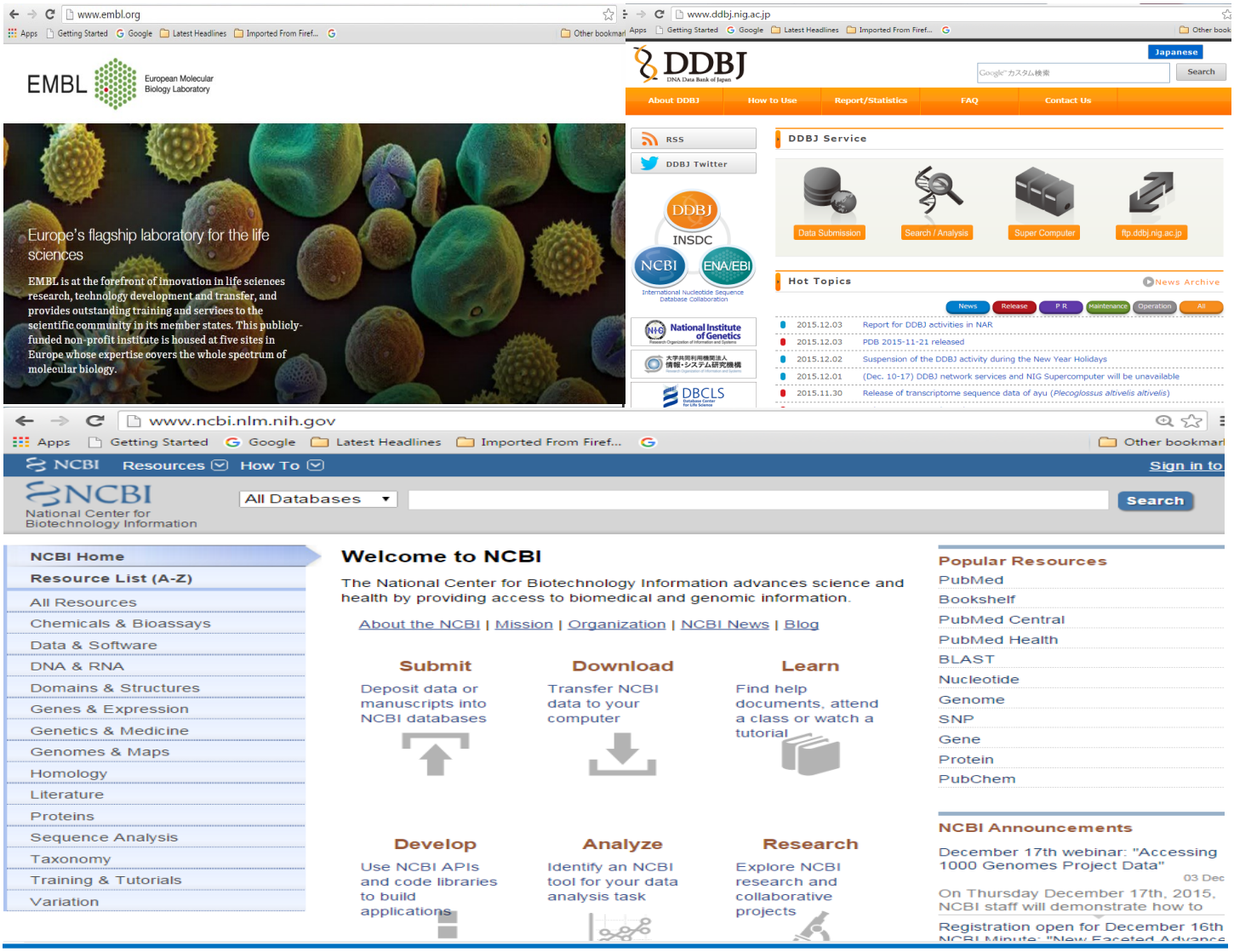
September 2015 Kons. Biod. Raja Ampat 4 (9): 9-13 Vol.4 No. 9 Tahun 2015

Inovasi teknologi DNA *chip* yang dipelopori oleh perusahaan bioteknologi AS, Affymetrix di Silicon Valley telah mendorong munculnya basis data baru mengenai RNA.

Ada tiga basis data materi genetik secara global yaitu GenBank (Amerika Serikat), EMBL (Eropa), dan DDBJ (Jepang). Basis data GenBank di *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Basis data EMBL (*European Molecular Biology Laboratory*) (juga dikenal sebagai EMBL-Bank) di Eropa. Bank data *DNA Data Bank of Japan* (DDBJ) di Jepang. Ketiga basis data utama tersebut dapat diakses melalui internet http:// www.ncbi.nlm.nih.gov/, http://www.embl.org/, www.ddbj.nig.ac.jp. Secara lokal, Indonesia juga memiliki basis data di Lembaga Biologi Molekul Eijkman.

Basis data sekuens yang ada dapat digunakan untuk mengidentifikasi homolog pada molekul baru yang telah dikuatkan dan disekuenkan di laboratorium. Dari satu nenek moyang mempunyai sifat-sifat yang sama, atau homologi, dapat menjadi indikator yang sangat kuat di dalam Bioinformatika Genetik. Basis data dapat juga digunakan untuk berbagai keperluan untuk memecahkan masalah lingkungan, asal usul, kesehatan dan kedokteran, hukum dan lain-lain.

Perangkat lunak yang digunakan untuk mengelola dan memanggil kueri (*query*, pertanyaan) basis data disebut sistem managemen basis data (*database management system*, DBMS).

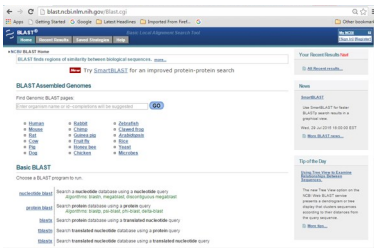


Alat dan Perangkat Lunak

Perangkat utama Bioinformatika Genetik adalah *software* atau perangkat lunak yang didukung oleh kesediaan internet dan server World Wide Web (WWW) sebagai penyedia basis, analisis dan pengolahan data. Bioinformatika Genetik memiliki banyak perangkat lunak yang dapat diakses dengan mudah, berbayar (atau tidak berbayar), sesuai dengan tujuan analisis datanya.

Perangkat lunak Bionformatika Genetik berguna untuk berbagai keperluan termasuk mencari sekuens (*sequence search*) seperti BLAST, mengedit data sekuens, menjajarkan sekuens (*sequence alignment*), serta mengukur, membuat/membangun dan menganalisis data sekuens. Perangkat lunak umumnya dalam bentuk paket dan berisi berbagai tools dengan kegunaan masing-masing. Kegunaan tersebut bermakna khusus atau umum.

BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*, alat mencari penjajaran lokal dasar) merupakan alat mengidentifikasi urutan dalam basis data yang sesuai urutan pertanyaan yang diberikan (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi).



Analisis statistik diterapkan untuk menilai signifikansi setiap kecocokan. Pencocokan urutan mungkin homolog dengan, atau terkait dengan, urutan pertanyaan. Ada beberapa versi dari BLAST yaitu: BLASTN membandingkan sekuens nukleotida permintaan dengan sekuens nukleotida data dasar; BLASTX membandingkan sekuens nukleotida permintaan yang telah diterjemahkan dalam semua kerangka baca dengan sekuens protein data dasar; TBLASTN membandingkan sekuens permintaan protein dengan sekuens nukleotida data dasar yang telah diterjemahkan secara dinamis pada semua kerangka baca; TBLASTX membandingkan terjemahan enam-kerangka sekuens permintaan nukleotida dengan terjemahan enam kerangka sekuens nukleotida basis data:

Beberapa perangkat lunak yang digunakan dalam analisis data genetik diantaranya adalah MEGA (http://www.megasoftware.net/), Network (http://www.fluxus-engineering.com/sharenet.htm), DnaSP (http://dnasp.software.informer.com/5.1/), dan Arlequin (http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/). Masih banyak perangkat lunak lain untuk analisis data dan materi genetik, namun dalam kesempatan ini hanya mengulas empat perangkat lunak di bawah.

MEGA 5 atau 6 dan versi sebelumnya adalah alat yang terintegrasi untuk melakukan penjajaran sekuens, menyimpulkan pohon filogenetik, memperkirakan waktu divergensi, pertambangan basis data *online*, memperkirakan tingkat evolusi molekuler, menyimpulkan sekuens leluhur, dan pengujian hipotesis evolusi. MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) digunakan oleh ahli biologi di sejumlah besar laboratorium untuk merekonstruksi sejarah evolusi spesies dan menyimpulkan tingkat dan sifat dari kekuatan-kekuatan selektif membentuk evolusi gen dan spesies.

Perangkat lunak MEGA juga memiliki alat penjajaran dan data seperti jenis data, akuisisi data web, penjajaran manual dan otomatis. Analisis utama pada perangkat lunak MEGA diantaranya berkaitan dengan model dan parameter, menyimpulkan filogeni, menghitung jarak, tes seleksi, sekuens leluhur, waktu dan tingkat. Pada MEGA juga terdapat model-model substitusi pada DNA/RNA, kodon, protein, tingkat dan komposisi.

Network adalah perangkat yang menghasilkan pohon dan jaringan evolusi dari data genetik, linguistik, dan data lainnya. Jaringan kemudian dapat memberikan perkiraan usia untuk leluhur di pohon.

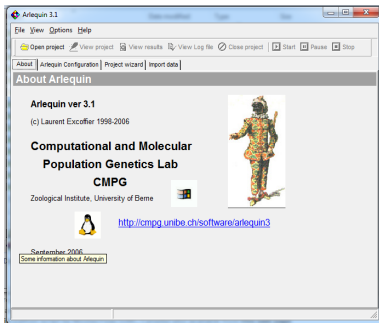
ISSN: 2338-5421
e-ISSN: 2338-5561
September 2015 Kons. Biod. Raja Ampat 4 (9): 9-13 Vol. 4 No. 9Tahun 2015

DnaSP, (*DNA sequence polymorphism* atau Polimorfisme sekuens DNA) adalah paket perangkat lunak untuk analisis polimorfisme nukleotida dari data sekuens DNA berurutan. DnaSP dapat memperkirakan beberapa ukuran variasi sekuens DNA di dalam dan di antara populasi (dalam noncoding, sisi sinonim atau non sinonim, atau dalam berbagai macam posisi kodon), serta ketidakseimbangan hubungan, rekombinasi, aliran gen dan parameter konversi gen.

Menurut Librado & Rozas (2009) DnaSP adalah paket perangkat lunak untuk analisis yang komprehensif data polimorfisme DNA. Versi 5 mengimplementasikan sejumlah fitur baru dan metode analisis yang memungkinkan analisis polimorfisme DNA luas pada dataset besar. Di antara fitur-fitur lainnya, metode yang baru diterapkan memungkinkan untuk: (i) analisis pada beberapa data file; (ii) pentahapan haplotipe; (iii) analisis penyisipan/penghapusan data polimorfisme; (iv) memvisualisasikan hasil terintegrasi dengan penjelasan genom.

DnaSP juga dapat melakukan beberapa tes netralitas: uji Hudson dkk. (1987), Tajima (1989), McDonald & Kreitman (1991), Fu & Li (1993), dan uji Fu (1997). Selain itu, DnaSP dapat memperkirakan interval kepercayaan dari beberapa uji-statistik dengan coalescent tersebut. Hasil analisis ditampilkan pada bentuk tabel dan grafik.

Arlequin adalah perangkat analisis genetika populasi menggunakan seperangkat metode dasar dan uji statistic untuk mengekstrak informasi tentang fitur genetik dan demografi dari koleksi sampel populasi. Jenis data yang dapat dianalisis oleh Arlequin adalah sekuens DNA, data RFLP, data mikrosatelit, data standar, dan data frekuensi alel.



Analisis genetik dalam Arlequin diantaranya adalah menghitung indeks diversitas, distribusi *mismatch*, simpulan haplotipe, uji netralitas, struktur genetik (AMOVA, perbandingan populasi, diferensiasi populasi, analisis genotip, uji Mantel), dan perkiraan jarak genetik antar sekuens DNA.

Untuk sitasi artikel ini:

Toha, AHA, Widodo N, Hakim L, Sumitro SB (2015) Kelompok gen DNA kloroplas. KBR 4(6): 9-13.

Rujukan

Barner MR (ed) (2007) Bioinformatics for Geneticists: A Bioinformatics Primer for the Analysis of Genetic Data, 2nd Edition. John Wiley & Sons, Ltd.

Dunn MJ (2004) Majalah Proteonomics, http://www.wiley.co.uk/wileychi/genomics/proteomics.html per 20 Januari 2004.

Fu Y-X (1997) Statistical tests of neutrality of mutations againstpopulation growth, hitchhiking and background selection. Genetics 147: 915-925.

Fu Y-X, Li W-H (1993). Statistical tests of neutrality of mutations.Genetics 133: 693-709.

Hudson RR, Kreitman M, Aguade M (1987) A test of neutral molecularevolution based on nucleotide data. Genetics 116: 153-159.

Kasman A (2004) Situs Alex Kasman di College of Charleston, http://math.cofc.edu/faculty/kasman/ per 20 Januari 2004.

Librado P, Rozas J (2009) DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. Bioinformatics 25 (11) 1451-1452.

McDonald JH, Kreitman M (1991) Adaptive protein evolution at the Adh locus in Drosophila. Nature 351: 652-654.

Tajima F (1989) Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. Genetics 123:585-595.

Tekaia (2004) Situs Institut Pasteur, http://www.pasteur.fr/externe per 20 Januari 2004.

Zakaria A (2004) Medical Informatics FAQ, http://www.faqs.org/faqs/medical-

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 perkelanjutan 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

Raja Ampat kembali menambah fasilitas pariwisata di daerahnya. Pada bulan ini, Bupati Raja Ampat meresmikan resort baru yang terletak di jalur Waisai-Saporkren. Peresmian resort dihadiri oleh pejabat dan tokoh masyarakat Raja Ampat dan ditandai dengan penandatanganan prasasti oleh Bupati Raja Ampat.

Resort ini menjadi pilihan baru bagi wisatawan yang berkunjung ke Raja Ampat. Diharapkan dengan hadirnya resort ini akan mendorong perkembangan pariwisata di 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.