

KONSERVASI BIODIVERSITAS RAJA4

Lindungi Ragam, Lestari Indonesia

Mei 2015

Informasi Status, Kondisi dan Berita Biodiversitas Indonesia

Vol.4 No. 5 Tahun 2015

Pembaca, edisi kali ini menampilkan partisipasi MB-RAI dalam simposium nasional yang diadakan oleh *Journal of Biological Researches* di Malang. Tinjauan Invertebrata Raja Ampat dan Belajar DNA juga disajikan dalam format berbeda. Pembahasan kedua rubrik dilakukan lebih mendalam sehingga menambah jumlah halaman buletin secara keseluruhan. Selamat membaca!!!

Ukuran Kawasan Konservasi

Ukuran Kawasan Konservasi di Papua bervariasi, ada yang besar dan juga ada yang berukuran kecil. Taman Nasional Teluk Cenderawasih, misalnya, merupakan kawasan konservasi terluas di Indonesia. Kawasan konservasi ini memiliki ukuran keseluruhan sekitar 1.5 juta Ha. Sementara SM laut Jamursba Medi merupakan kawasan konservasi dengan ukuran yang kecil. Kawasan konservasi laut ini hanya memiliki luas 4.000 Ha .

Berapa sebaiknya ukuran kawasan konservasi yang baik untuk melindungi secara optimal sumberdaya hayati spesies? Apakah ada standar atau rekomendasi mengenai ukuran kawasan konservasi? Sesuai kategori IUCN, kawasan konservasi yang masuk dalam kategori *wilderness area* (kategori Ib), *National Park* (kategori II), dan *protected area with sustainable use of natural resources* (kategori VI) membutuhkan kawasan berukuran besar untuk melindungi organisme secara optimal. Sedangkan kawasan konservasi *natural monument/features* (kategori III) membutuhkan kawasan berukuran relatif kecil sesuai dengan karakteristik tujuan konservasi.

Umumnya ukuran kawasan konservasi yang besar akan mendukung banyak spesies dan beragam habitat. Hasil penelitian menunjukkan bahwa kawasan yang besar memiliki populasi-populasi yang lebih besar dibandingkan kawasan lebih kecil. Tujuan kawasan konservasi dengan ukuran yang besar adalah dapat melestarikan populasi yang besar dari tiap spesies, serta menyediakan habitat dan sumberdaya alam yang beragam pula.

Kawasan konservasi besar mampu mempertahankan jenis organisme dengan jelajah yang luas dan dalam jangka waktu yang lama. Kawasan yang besar dapat memperkecil perbandingan antara habitat tepi dan habitat keseluruhan. Kawasan besar juga dapat melindungi banyak spesies, dan memiliki keragaman habitat yang lebih besar. Kawasan konservasi yang besar mengurangi pengaruh kepadatan manusia di kawasan konservasi.

Kawasan konservasi berukuran kecil bisa jadi merupakan pilihan satu-satunya alias dilakukan karena tidak ada pilihan lain untuk melestarikan organisme suatu kawasan. Kawasan konservasi kecil efektif melindungi populasi spesies langka, terisolasi di habitat unik. Kawasan konservasi ukuran kecil juga dapat menjadi tempat yang baik untuk pendidikan konservasi masyarakat sekitar dan dapat menjadi pusat studi alam yang mendukung tujuan konservasi melalui pendidikan dan penyadaran masyarakat.

Cagar Alam di Singapura telah berhasil mempertahankan sekitar 74% flora asli, 72% burung asli, dan 56 spesies ikan dan berbagai jenis biota lain dengan konsep kawasan konservasi berukuran kecil ini. Kawasan dengan luas hanya 50 Ha tersebut merupakan 0.2% wilayah hutan asli Negara Singapura yang terisolasi sejak tahun 1860.

Secara umum, para ahli sepakat bahwa setiap populasi dan lokasi akan membutuhkan pendekatan maupun perlakuan yang khas. Penetapan ukuran kawasan konservasi perlu mempertimbangkan kelompok spesies sasaran dan situasi setempat.

Mengikuti Simposium Nasional

Pengelola MB-RAI menghadiri *Symposium and Author Gathering of Journal of Biological Researches* yang diadakan di Hotel Araya, Malang, pada 16 Mei 2015. Simposium diadakan dalam rangka memperingati ulang tahun ke-20 jurnal “Berkala Penelitian Hayati” (sekarang menjadi *Journal of Biological Researches*, JBR).

Simposium menampilkan beberapa pembicara kunci yang mempresentasikan hasil penelitian mutakhir dalam berbagai topik. Dua diantara pembicara kunci adalah Prof. Sutiman B. Sumitro (Universitas Brawijaya) dan Prof. Bambang Irawan (Universitas Airlangga). Prof. Sutiman dan Prof. Irawan adalah pendiri JBR sejak Mei 1995. Pembicara lain adalah Prof. Estri Laras Arumingtyas dan Dr. Sri Rahayu (UB), Dr. Djajadi (Balitjestro), serta Dr. Prof. Siti Zubaidah (Universitas Negeri Malang).

Dalam simposium, pengelola JBR memperkenalkan alamat dan format website baru. Pengenalan sistem online untuk mengirimkan artikel ke JBR juga dilakukan oleh pengelola jurnal untuk memudahkan penulis memantau dan mempublikasikan artikelnya. Simposium juga menghadirkan pameran beberapa hasil penelitian dan teknologi hayati termasuk pameran buku-buku ilmu hayati.

Profil tentang proyek MB-RAI juga disampaikan dalam simposium ini. Diantaranya berkaitan dengan tujuan, capaian dan rencana proyek tahun-tahun mendatang. Proyek yang mulai aktif sejak Juni 2012 tadinya berakhir pada 2014 namun diperpanjang hingga 2016.

Peserta yang hadir dalam simposium lebih dari 100 orang. Peserta berasal dari berbagai perguruan tinggi dan lembaga penelitian di Indonesia.



Mendukung Simposium dan Pertemuan penulis

MB-RAI mendukung simposium dan pertemuan para penulis yang diadakan dalam rangka memperingati ulang tahun ke-20 Jurnal Penelitian Hayati (*Journal of Biological Researches*, JBR). Kegiatan diadakan pada 16 Mei di Hotel Horison Ultima Green Boulevard Araya di Kota Malang.

JBR sebelumnya bernama Berkala Penelitian Hayati. Edisi pertama jurnal ini adalah Volume 1 Nomor 1 pada Mei 1995 yang masih menggunakan Bahasa Indonesia. Jurnal ini diakreditasi oleh Kementerian Pendidikan dan Kebudayaan No. 134/DIKTI/Kep/2001. Sejak April 2012, jurnal berubah menjadi JBR dan menggunakan Bahasa Inggris serta berstatus jurnal internasional.

JBR mempublikasikan hasil penelitian asli, terapan dan artikel-artikel pendidikan dalam semua bidang hayati. Lingkup jurnal termasuk (tetapi tidak terbatas) pada topik seperti: botani, zoologi, ekologi, mikrobiologi, fisiologi, nano biologi, biologi pesisir, hidrobiologi, neurobiologi, genetik, biologi perkembangan, biokimia dan biologi molekuler, biofisik dan ilmu hayati.

JPR terindeks Copernicus, Google Scholar, Academia.edu, and portal garuda. Jurnal dipublikasi dalam versi cetak dan online. Versi online dapat diakses dan diunduh secara bebas. Alamat website jurnal adalah www.berkalahayati.org.

MB-RAI memiliki program publikasi yang bertujuan sosialisasi biodiversitas dan konservasi Indonesia umumnya dan Raja Ampat secara khusus. Program ini sesuai dengan visi dan misi JPR. Hubungan MB-RAI dan JPR diaktualisasikan dalam website masing-masing. Dalam website JBR menampilkan link proyek MB-RAI sedangkan dalam website MB-RAI menampilkan link [website JBR](http://www.ibcraja4.org/page/read/publication) (www.ibcraja4.org/page/read/publication).



Bintang Laut *Linckia laevigata* Raja Ampat

Linckia laevigata adalah bintang laut yang memiliki lima lengan silindris dengan warna biru tengah atau warna tubuh biru terang dan kaki tabung kuning. Spesies ini memiliki "polimorfisme" dalam hal "bentuk warna" seperti biru murni, biru gelap, atau biru muda. Kadang ditemukan warna jenis lain seperti ungu dan lain-lain. Warna *L. laevigata* berasal dari pigmen biru (disebut *linckiacyanin*) dan beberapa karotenoid kuning. Variasi warna tergantung pada rasio pasti dan kombinasi pigmen pada setiap individu.



Linckia laevigata. Klasifikasi ilmiah kingdom Animalia, Filum Echinodermata, Kelas Asteroidea, Ordo Valvatida, Famili Ophiasteridae, Genus *Linckia*, Spesies *Linckia laevigata* (Linnaeus, 1758)

L. laevigata atau bintang laut biru (blue seastar dalam Bahasa Inggris), termasuk hewan ektotermik yaitu hewan yang mampu menggunakan panas yang diperoleh dari lingkungan dan adaptasi perilaku untuk mengatur suhu tubuh; heterotermik

yaitu hewan yang memiliki suhu tubuh yang berfluktuasi sesuai lingkungan terdekat dan tidak memiliki mekanisme atau mekanisme kurang berkembang untuk mengatur suhu tubuh internal; simetri radial yaitu bentuk simetri tubuh di mana bagian dari hewan diatur terpusat sekitar sumbu oral/aboral.

Bobot spesies berkisar antara 11-16 g dengan diameter panjang tubuh antara 30-40 cm.

Peran. *L. laevigata* memiliki peran ekologis sebagai pemakan bangkai (*scavenger*) dan pengurai jaringan hewan yang mati. Spesies ini juga menjadi inang bagi parasit gastropoda *Thyca crystallina* dan berasosiasi komensalisme dengan udang *Periclimenes soror*. Beberapa parasit lain yang memanfaatkan *L. laevigata* sebagai inang adalah *Astroxynus culcitae*, *Stellicola flexilis*, *S. illgi*, *S. novaecaledoniae*, *S. pollex*, *S. semperi*, *S. caeruleus*. Semua parasit ini tergolong ektoparasit.

L. laevigata juga digunakan oleh manusia sebagai hewan hias dan merupakan hewan umum pada industri hayati perairan. *L. laevigata* juga diuji sebagai sumber potensi anti-tumor dan agen antibakteri murah.

Reproduksi. Seperti spesies bintang laut lain, *L. laevigata* dapat melakukan reproduksi secara seksual dan aseksual. Reproduksi aseksual merupakan bentuk dominan reproduksi di penangkaran. Selama reproduksi aseksual, bintang laut ini membagi diri melalui *disc* mereka, menghasilkan berbagai klon yang secara genetik identik.

Spesies yang dinamai *Blaue Seestern* oleh orang Jerman ini tergolong hewan dimorfis seksual, gonokoristik, jantan dan betina merupakan individu terpisah. Spesies ini dapat memijah sekali dalam setahun, biasanya dari Mei hingga Agustus. Periode kehamilan spesies ini antara 28-30 hari. *L. laevigata* jantan dan betina matang secara seksual pada usia dua tahun. Ketika matang secara seksual, betina melepaskan sel telur dan jantan melepaskan sperma di dalam kolom air. Lalu terjadi pembuahan eksternal.

Perkembangan

Bintang laut ini dapat tumbuh dengan diameter hingga 30-40 cm. Telur *L. laevigata* yang telah dibuahi berubah menjadi larva setelah beberapa hari. Larva menghabiskan sekitar 28-30 hari di media air sebelum menetap ke permukaan keras di karang dan mengalami metamorfosis menjadi versi kecil dari bintang dewasa. Transformasi dari remaja ke dewasa diperkirakan berlangsung sekitar 2 tahun. Pada titik ini, mereka dianggap "dewasa mini" dan terus tumbuh hingga mencapai panjang sekitar 30 sentimeter.

Waktu hidup spesies *L. laevigata* dapat mencapai 10 tahun baik hidup di lingkungan alami maupun di habitat buatan.

Morfologi

Morfologi *L. laevigata* saat dewasa adalah segi lima simetri radial dengan lima lengan. Saat larva, spesies ini simetri bilateral. Lengan bulat dan hampir tidak meruncing pada bagian ujung. Lengan tidak berbeda dari *disc* pusat dan di akhir setiap lengan, kaki tabung sensorik (sungut-seperti) terdapat mata majemuk.

Sisi aboral umumnya menghadap ke atas. Anus tidak mudah dikenali, namun titik asimetris bernama madreporite selalu berbeda pada permukaan aborsal. Selanjutnya, mulut terletak di pusat permukaan oral. Sebuah alur lebar, bernama ambulacrum (atau alur ambulacral), ditemukan di bawah lengan masing-masing. Proyeksi tubular disebut kaki tabung berwarna kuning ditemukan dalam alur ambulacral.

Bintang laut ini memiliki ujung bulat di masing-masing lengan; beberapa individu mungkin memiliki bintik-bintik terang atau lebih gelap di sepanjang lengan. Panjang lengan *L. laevigata* bervariasi dari 8 hingga 12 cm.

Geografi dan Habitat

L. laevigata umumnya ditemukan di perairan tropis. Spesies ini mendiami perairan dangkal dan dapat juga ditemukan di perairan dengan kedalaman hingga 50m. Spesies ini ditemukan di Perairan Indo-Pasifik seperti di Aldabra, Madagascar, Kenya, Mozambik, Tanzania. (Lautan Hindia), Philipina, Jepang, Australia, PNG, dan Indonesia. Di Indonesia, selain perairan Raja Ampat, spesies ini juga ditemukan di

Sorong, Manokwari, Selat Lembeh, Bau-Bau dan lain-lain.

Habitat spesies ini di terumbu karang dan padang lamun dengan suhu perairan antara 22-26 derajat Celcius. Umumnya *L. laevigata* ditemukan di dasar perairan berpasir atau substrat keras seperti karang. *L. laevigata* sangat sensitif terhadap perubahan suhu, tingkat oksigen, dan pH.

Kebiasaan Makan

Bintang laut ini pemakan bangkai dan predator oportunistik, tergolong omnivora. Spesies memakan hewan mati, invertebrata kecil dan detritus. Jenis tanaman yang dikonsumsi adalah ganggang sementara jenis hewan yang dikonsumsi adalah cacing air dan invertebrata kecil.

Tingkah Laku

Spesies ini bergerak dan hidup menyendiri. Spesies ini juga tergolong hewan nocturnal, aktif pada malam hari, dan termasuk hewan fototaksis negatif. Spesies sering ditemukan bersembunyi di karang selama siang hari. Hewan ini memiliki mata majemuk yang buta warna dan memiliki resolusi spasial rendah.

Predator dan sistem pertahanan

L. laevigata memiliki sistem pertahanan diri. Spesies ini dapat menghasilkan senyawa saponin untuk melindungi diri dari predator. Predator *L. laevigata* yang umum dikenal adalah ikan buntal, kerang triton, udang, dan anemon laut.

Urutan Nukleotida

Urutan nukleotida gen *L. laevigata* dapat diakses pada berbagai sumber datadasar website seperti di NCBI, BOLD dan lain-lain. Secara total terdapat 886 sekuen nukleotida *L. laevigata* pada datadasar tersebut. Urutan sekuens tersebut berasal dari bagian gen sitokrom oksidase I.

Urutan nukleotida ini merupakan bagian dari penelitian struktur genetik *L. laevigata* dari berbagai belahan perairan Indo-Pasifik, termasuk asal Perairan Papua umumnya dan Perairan Raja Ampat secara khusus.

Status Konservasi

Bintang laut *L. laevigata* tergolong spesies yang memiliki tingkat rekrutmen yang sangat rendah. Berdasarkan penelitian yang dilakukan, spesies *Estrella de mar azu* (Nama umum Spanyol untuk *L. laevigata*) ini hanya memiliki 10 anak dalam kurun waktu satu tahun.

Meskipun demikian, *L. laevigata* tergolong spesies bintang laut yang tidak tercantum dalam program konservasi manapun. Dalam IUCN *red list*, *L. laevigata* tidak dievaluasi, sedangkan dalam CITES tidak memiliki status khusus atau tidak termasuk dalam apendiks.

Untuk sitasi artikel ini:

Toha, AHA, Sutiman B. Sumitro, Nashi Widodo, Luchman Hakim (2015) Bintang Laut *Linckia Laevigata* Raja Ampat. KBR4 4 (5): 4-6.

Rujukan

2009. "Blue Starfish" (On-line). Accessed November 14, 2010 at <http://www.waza.org/en/zoo/choose-a-species/invertebrates/star-fishes-sea-urchins-and-relatives-echinodermata/linckia-laevigata>.
- Crandall, E., E. Jones, M. Muñoz, B. Akinronbi, M. Erdmann. 2008. Comparative phylogeography of two seastars and their ectosymbionts within the Coral Triangle. *Molecular Ecology*, 17: 5276–5290.
- Deep Sea Waters, 2011. "Blue Sea Star" (On-line). Accessed August 01, 2011 at http://www.deepseawaters.com/deep_sea_blue-sea-star.htm.
- Foster, R., M. Smith. 1997. "Linckia Sea Star, Blue (*Linckia laevigata*)" (On-line). Accessed August 01, 2011 at http://www.liveaquaria.com/product/prod_display.cfm?c=497+528+568&pcatid=568.
- Garm A, Nilsson D-E. 2014. Visual navigation in starfish: first evidence for the use of vision and eyes in starfish. *Proc. R. Soc. B* 281: 20133011. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2013.3011>
- Kochzius, M., C. Seidel, J. Hauschild, S. Kirchhoff, P. Mester, I. Meyer-Wachsmuth, A. Nuryanto, J. Timm. 2009. Genetic population structures of the blue starfish *Linckia laevigata* and its gastropod ectoparasite *Thyca crystallina*. *Marine Ecology Progress Series*, 396: 211-219.
- Magsino, R., M. Junio-Meñez, R. Ravago. 2000. Development and application of genetic markers for population structure analysis of the blue coral reef starfish, *Linckia laevigata* (Linn.) (Echinodermata: Asteroidea). *Science Diliman*, 12/2: 10-16.
- Mah C. 2015. *Linckia laevigata* (Linnaeus, 1758). In: Mah CL (2015) World Asteroidea database. Accessed through: World Register of Marine Species at <http://www.marinespecies.org/alpha.php?p=taxdetails&id=207610> on 2015-05-26.
- Mojica, E., R. Layson, M. Rodil, C. Deocariz. 2003. Marine invertebrates as source of potential anti-tumor and antibacterial agents. *8th Southern Luzon Zonal R & D Review, DLSU, 1: 1-11*.
- Reef Reality Series, 2010. "Blue sea star (*Linckia laevigata*) - Reef reality episode 12" (On-line). Accessed August 01, 2011 at <http://www.supergreenme.com/go-green-environment-eco:Blue-Sea-Star--Linckia-laevigata---Reef-Reality-Episode-->.
- Rideout, R. 1975. Toxicity of the asteroid *Linckia laevigata* (L.) to the damselfish *Dascyllus aruanus* (L.). *Micronesica*, 11: 153-154.
- Williams, S., J. Benzie. 1993. Genetic consequences of long larval life in the starfish *Linckia laevigata* (Echinodermata: Asteroidea) on the Great Barrier Reef. *Marine Biology*, 117: 71-77.
- Yamaguchi, M. 1977. Population structure, spawning, and growth of the coral reef asteroid *Linckia laevigata* (Linnaeus). *Pacific Science*, 31/1: 13-30.

Melanjutkan belajar tentang DNA, kali ini disampaikan Kelompok Gen DNA Mitokondria. Selamat membaca, semoga menambah pengetahuan, pemahaman, dan ilmu terkait DNA.

Kelompok Gen DNA Mitokondria

Ringkasan

Mitokondria adalah organel sel yang menghasilkan energi, disebut pabrik energi makhluk hidup. Di dalam mitokondria terdapat genom mitokondria atau DNA mitokondria (mtDNA) yang mendukung fungsi tersebut. Panjang total mtDNA berkisar 16.571-16.710 pb. Genom mtDNA bervariasi namun umumnya terdiri atas 37 gen yang diklasifikasikan dalam beberapa kelompok gen. Kelompok tersebut diantaranya adalah kelompok gen MT-ND, gen sitokrom oksidase c (CO1, CO2, CO3), gen sitokrom b (cytb), gen tRNA, gen rRNA dan kelompok gen MT-ATP. Beberapa gen atau bagian MtDNA telah digunakan secara luas sebagai penanda genetik untuk mempelajari berbagai hal.

Pendahuluan

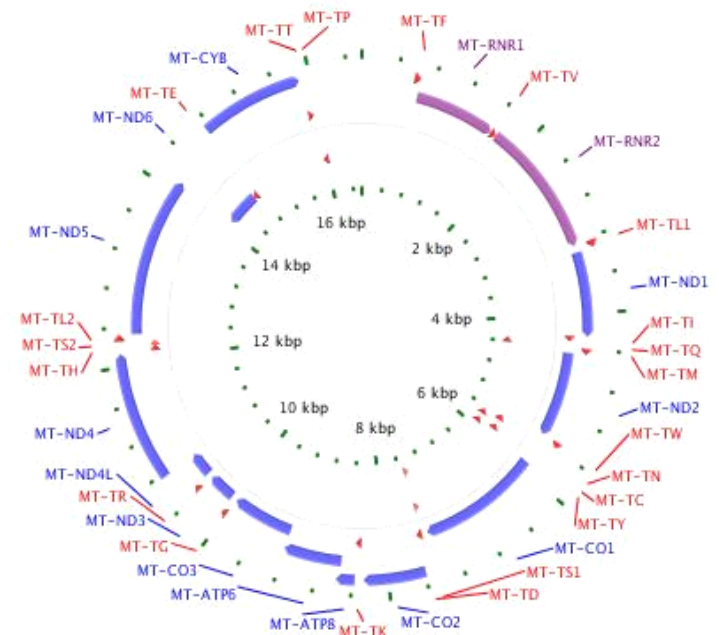
MtDNA adalah DNA rantai ganda (*double-stranded DNA*) berbentuk sirkular dengan panjang total bervariasi. Spesies *Lucilia sericata* dan *Chrysomya megacephala* masing-masing memiliki panjang genom mtDNA 15.945 pb dan 15.831 pb (Stevens dkk. 2008). Jenis bulu babi *Strongylocentrotus droebachiensis* memiliki panjang total mtDNA 15.717 pb (Andersen & Moum 2007) dan *Strongylocentrotus pallidus* memiliki mtDNA dengan panjang total 15.712 pb (Andersen & Moum 2007). Ikan *Merlangus merlangius* memiliki panjang mtDNA 16.571 pb dan *Melanogrammus aeglefinus* berukuran 16.587 pb (Roques dkk. 2006). Panjang total mtDNA manusia adalah 16.569 pb (Olivieri dkk. 2006), sedangkan tanaman (*Vicia faba*) berkisar 387.745-588.000 pb (Negruk 2013) dan fungi (*Flammulina velutipes*) berkisar 88.508 pb (Yoon dkk. 2012).

Genom mitokondria mengandung daerah penyandi (coding) meliputi 90% dan sisanya 10% merupakan daerah bukan penyandi (*non coding*). Genom mitokondria telah digunakan secara luas sebagai penanda molekuler untuk mempelajari genetika molekuler karena ukurannya kecil, tingkat mutasi tinggi, dan pewarisan secara maternal (Harrison dkk. 1989). MtDNA juga menghasilkan

akumulasi perbedaan antara spesies berkerabat cukup dekat (Mindell dkk. 1997). Penggunaan penanda molekuler untuk forensik spesies memiliki fokus pada pemanfaatan mtDNA (Otranto & Stevens 2002).

Jenis Gen dan bagian mtDNA

MtDNA mengandung banyak gen penting untuk fungsi mitokondria normal. Gen adalah satuan fisik dan fungsional dasar hereditas. Gen yang ditemukan pada mtDNA umumnya terdiri atas gen penyandi protein (3 subunit sitokrom oksidase, COX 1-3; 7 subunit NADH-dehidrogenase 1-6 dan NADH 4L; 2 subunit ATPase, ATP sintetase 6 dan 8; dan sitokrom b); gen rRNA (12S dan 16S); dan gen tRNA serta bagian pengatur (*control region*, CR atau *D-loop*).



Organisasi mtDNA. MtDNA memiliki struktur melingkar dan tersusun atas dua rantai DNA (luar disebut *heavy strand*, H dan rantai dalam disebut *light strand*, L).

Karakteristik setiap bagian mtDNA disajikan pada tabel berikut.

Tabel. Gen-gen mtDNA ikan *Merlangus merlangius* (Mm: 16.571 pb), *Melanogrammus aeglefinus* (Ma: 16.587 pb) (Roques dkk. 2006) dan *Rea Americana* (Ra: 16.710 pb) (Härlid dkk. 1998) beserta lokasi, ukuran gen (pb), kodon mulai dan berhenti.

No	Gen	Posisi Mm		Posisi Ma		Posisi Ra		Ukuran (pb)			Kodon		Rantai
		Dari	Sampai	Dari	Sampai	Dari	Sampai	Mm	Ma	Ra	Mulai	Berhenti	
1	tRNA ^{Phe}	1	68	1	68	1	68	68	68	68			H
2	12SrRNA	69	1018	69	1020	69	1031	950	952	963			H
3	tRNA ^{Val}	1019	1090	1021	1092	1032	1102	72	72	71			H
4	16SrRNA	1091	2757	1093	2761	1103	2685	1667	1669	1583			H
5	tRNA ^{Leu}	2758	2831	2762	2835	2686	2759	74	74	74			H
6	ND1	2832	3806	2836	3810	2771	3745	975	975	975	ATG	TAA/AGG	H
7	tRNA ^{Ile}	3808	3877	3812	3881	3754	3824	70	70	71			H
8	tRNA ^{Gln}	3877	3947	3881	3951	3839	3909	71	71	71			L
9	tRNA ^{Met}	3947	4016	3951	4020	3909	3977	70	70	69			H
10	ND2	4017	5063	4021	5067	3978	5018	1047	1047	1041	ATG	TAG	H
11	tRNA ^{Trp}	5062	5131	5066	5136	5017	5087	70	71	71			H
12	tRNA ^{Ala}	5134	5202	5138	5206	5089	5157	69	69	69			L
13	tRNA ^{Asn}	5205	5278	5209	5282	5232	5160	74	74	73			L
14	tRNA ^{Cys}	5310	5374	5314	5379	5302	5236	65	66	67			L
15	tRNA ^{Tyr}	5375	5441	5380	5446	5372	5302	67	67	71			L
16	COI	5443	6996	5448	7006	5374	6924	1554	1559	1551	GTG	TAA/AGG	H
17	tRNA ^{Ser}	6999	7070	7009	7080	6988	6916	72	72	73			L
18	tRNA ^{Asp}	7074	7139	7084	7147	6991	7059	66	64	69			H
19	COII	7154	7852	7162	7860	7061	7747	699	699	687	ATG	AGA/T--	H
20	tRNA ^{Lys}	7845	7918	7853	7926	7749	7816	74	74	68			H
21	ATP8	7920	8087	7928	8095	7818	7985	168	168	168	ATG	TAA	H
22	ATP6	8078	8761	8086	8769	7976	8659	684	684	684	ATG	TAA	H
23	COIII	8761	9546	8769	9554	8659	9441	786	786	783	ATG	TAA/T--	H
24	tRNA ^{Gly}	9547	9614	9555	9622	9443	9511	68	68	69			H
25	ND3	9616	9966	9624	9974	9512	9863	351	351	351	ATG	TAG	H
26	tRNA ^{Arg}	9965	10032	9972	10041	9866	9933	68	70	68			H
27	ND4L	10033	10332	10042	10338	9934	10230	300	297	297	ATG	TAA	H
28	ND4	10326	11711	10332	11714	10224	11600	1386	1383	1377	ATG	AGA	H
29	tRNA ^{His}	11707	11775	11710	11776	11602	11671	69	67	70			H
30	tRNA ^{Ser}	11776	11843	11777	11844	11673	11736	68	68	64			H
31	tRNA ^{Leu}	11846	11918	11847	11919	11737	11807	73	73	71			H
32	ND5	11919	13754	11920	13758	11808	13625	1836	1839	1818	ATG	TAA	H
33	ND6	13751	14271	13755	14275	15471	14947	521	521	525	ATG	TAG	L
34	tRNA ^{Glu}	14272	14341	14276	14344	15542	15474	70	69	69			L
35	Cytb	14345	15505	14349	15509	13638	14777	1161	1161	1140	ATG	TAG/TAA	H
36	tRNA ^{Thr}	15485	15555	15490	15560	14783	14852	71	71	70			H
37	tRNA ^{Pro}	15625	15695	15660	15730	14931	14862	71	71	70			L
38	CR	15696	16569	15731	16585	15543	16710	874	857	1168			H

Kelompok Gen CytB

Gen CytB disebut juga gen MT-CYB menyediakan instruksi untuk sintesis protein sitokrom b. Sitokrom b adalah salah satu dari 11 komponen dari kelompok protein yang disebut kompleks III. Sitokrom b memainkan peran penting dalam mitokondria, mengubah energi makanan menjadi energi bentuk lain yang dapat digunakan oleh sel. Sitokrom b adalah satu-satunya komponen kompleks III yang dihasilkan dari gen yang ditemukan dalam DNA mitokondria.

Gen CytB memiliki panjang sekitar 1.140 pb. Gen ini terletak pada posisi 14.746 sampai 15.886 pb pada mtDNA manusia. Ukuran gen CytB pada *M. merlangius* dan *M. aeglefinus* masing-masing adalah 1161 pb. Sedangkan pada *R. Americana* gen ini berukuran 1140 pb (lihat tabel). Gen CytB telah dianggap sebagai salah satu gen yang paling berguna untuk pekerjaan filogenetik (Castresana 2001), dan mungkin gen mitokondria paling terkenal sehubungan dengan struktur dan fungsi produk proteinnya (Esposti dkk. 1993).

Namun, banyak masalah telah ditemukan saat menggunakan Cyt-B, termasuk bias dasar komposisi, variasi tingkat antara garis keturunan, saturasi pada posisi kodon ketiga, dan variasi terbatas dalam posisi kodon pertama dan kedua, sehingga informasi filogenetik kecil untuk "dalam" pertanyaan evolusi, atau beberapa situs informatif untuk posisi kodon ketiga di tingkat populasi (Meyer, 1994). Oleh karena itu, gagasan yang agak naif bahwa gen ini akan berguna sebagai penanda filogenetik pada tingkat semua filogenetik telah dipertanyakan (Honeycutt dkk. 1995).

Mutasi gen MT-CYB dapat menyebabkan kekurangan kompleks III mitokondria dengan mengubah kerangka bangun protein tunggal (asam amino) dalam protein sitokrom b atau menyebabkan protein pendek abnormal. Mutasi pada gen ini, biasanya ditandai dengan kelemahan otot (myopathy) dan nyeri, terutama selama olahraga. Lebih parah individu yang terkena dapat memiliki masalah dengan sistem tubuh lainnya, termasuk hati, ginjal, jantung, dan otak.

Kelompok Gen MT-ATP

Ada dua gen terkait dengan sintesis ATP sintetase yaitu gen untuk ATP sintetase 6 (MT-ATP6) dan ATP sintetase 8 (MT-ATP8).

Gen MT-ATP6

Gen MT-ATP6 termasuk dalam keluarga gen yang disebut kompleks rantai pernapasan mitokondria. Pada manusia, lokasi gen ini berada pada posisi 8.526 hingga 9.206 pb. Posisi MT-ATP6 pada simpanse antara 7.945-8.625 dengan panjang gen sekitar 681 pb.

Gen MT-ATP6 mengandung informasi untuk sintesis protein yang penting untuk fungsi mitokondria normal. Protein MT-ATP6 merupakan salah satu bagian (subunit) dari enzim besar ATP sintase. Enzim ini, yang juga dikenal sebagai kompleks V, bertanggung jawab untuk langkah terakhir dari fosforilasi oksidatif. Secara khusus, salah satu segmen ATP sintase memungkinkan partikel bermuatan positif, yang disebut proton, mengalir melintasi membran khusus dalam mitokondria. Segmen lain dari enzim menggunakan energi yang diciptakan oleh aliran proton ini untuk mengubah molekul yang disebut adenosin difosfat (ADP) menjadi ATP.

Mutasi gen MT-ATP6 dapat menyebabkan sindrom Leigh (penyakit otak progresif pada anak-anak), neuropati, ataksia dan pigmentasi retinitis serta penyakit lain (misalnya hipotonia).

Kelompok Gen MT-ND

Kelompok gen MT-ND terdiri atas gen-gen yang menyandi NADH dehidrogenase kompleks untuk subunit berbeda yaitu MT-ND1 hingga MT-ND6, dan MT-ND4L.

Gen MT-ND1

Gen MT-ND1 mengandung informasi untuk sintesis protein NADH dehidrogenase subunit 1. Protein ini merupakan bagian dari kompleks enzim besar kompleks I. Gen ini terletak pada posisi 3.306 hingga 4.261 pb mtDNA manusia. Mutasi pada gen MT-ND1 menyebabkan perubahan kondisi kesehatan seperti asidosis laktat, episode seperti stroke, dan lain-lain.

Gen MT-ND4

Gen MT-ND4 adalah gen yang menyandi informasi untuk sintesis protein NADH dehidrogenase subunit 4. Protein ini merupakan bagian dari kompleks enzim besar yang dikenal sebagai kompleks I, yang aktif dalam mitokondria. Gen ini terletak pada posisi 10.759 hingga 12.136 pb mtDNA manusia. Perubahan gen MT-ND4 juga mempengaruhi kesehatan seperti dapat menyebabkan sindrom leigh (seperti MT-ND1).

Gen MT-ND4L

Gen MT-ND4L mengandung informasi untuk sintesis protein NADH dehidrogenase 4L. Protein ini merupakan bagian dari kompleks enzim besar kompleks I, yang aktif dalam mitokondria. Gen ini terletak pada posisi 10.469 hingga 10.765 pb mtDNA manusia.

Mutasi pada gen ini dapat menyebabkan perubahan protein dan dapat mempengaruhi kesehatan seperti neuropati optik hereditas Leber.

Gen MT-ND5

Gen MT-ND5 menyediakan instruksi untuk sintesis protein NADH dehidrogenase 5. Protein ini merupakan bagian dari kompleks enzim besar yang dikenal sebagai kompleks I, yang aktif dalam mitokondria. Gen ini terletak pada posisi 12.336 hingga 14.147 pb mtDNA manusia.

Gen MT-ND6

Gen MT-ND6 menyandi informasi genetik untuk sintesis protein NADH dehidrogenase 6. Protein ini merupakan bagian dari kompleks enzim besar yang dikenal sebagai kompleks I, yang aktif dalam mitokondria. Mutasi gen ini dapat menyebabkan neuropati optik hereditas Leber dan penyakit lain. Posisi gen terletak pada 14.148 hingga 14.672 pb mtDNA manusia.

Kelompok gen rRNA

MtDNA hewan memiliki dua jenis gen rRNA yaitu rDNA 12S dan rDNA 16S. Gen rDNA 12S mitokondria sangat lestari dan telah digunakan untuk mempelajari variasi genetik misalnya pada tingkat Filum. Sementara, gen rDNA 16S sering digunakan untuk mempelajari variasi genetik pada tingkat Famili dan Genus (Gerber dkk. 2001).

Gen rDNA 12S

Gen rDNA 12S atau gen MT-RNR1 menyediakan informasi genetik untuk sintesis jenis 12S RNA, yang hadir hanya dalam struktur selular mitokondria. Struktur ini mengubah energi makanan menjadi bentuk yang dapat digunakan oleh sel. Molekul 12S RNA membantu merakit blok bangunan protein (asam amino) ke dalam protein yang berfungsi yang melakukan fosforilasi oksidatif. Gen ini terletak pada posisi 647 hingga 1.600 pb mtDNA manusia. Perubahan gen ini dapat mempengaruhi kesehatan seperti kehilangan pendengaran.

Kelompok Gen tRNA

Kelompok gen tRNA menyandi asam amino terkait sintesis berbagai jenis protein tRNA. Kelompok gen ini terdiri atas gen-gen untuk tRNA dua jenis asam amino. Gen-gen tRNA bervariasi pada setiap organisme. Beberapa spesies lalat dilaporkan mengandung 23 gen tRNA mtDNA (Junquera dkk. 2004), sementara pada Diptera dan organisme lain mengandung 22 gen tRNA (Wolstenholme 1992, Roques dkk. 2006, Andersen & Moum 2007).

Gen-gen tRNA mitokondria telah digunakan untuk mendukung hubungan filogenetik berbagai kelompok organisme, termasuk artropoda (Roehrdanz dkk. 2002). Kelompok gen ini berkembang pada tingkat lebih tinggi dibandingkan tRNA DNA inti. Meskipun gen-gen tRNA mtDNA berevolusi lebih lambat dibandingkan gen-gen pengkode protein mtDNA.

Gen MT-TE

Gen MT-TE menyediakan informasi genetik untuk sintesis molekul tRNA^{Glu}. Perubahan gen ini dapat mempengaruhi kesehatan seperti kehilangan pendengaran. Gen MT-TE terletak pada posisi 14.673 hingga 14.741 pb mtDNA manusia. Perubahan gen ini dapat menyebabkan penyakit seperti diabetes dan lain-lain.

Gen MT-TH

Gen MT-TH menyediakan instruksi untuk sintesis tRNA^{His}. Posisi gen MT-TH pada 12.137 hingga 12.205 pb mtDNA manusia. Perubahan pada gen ini dapat mempengaruhi kesehatan seperti cardiomiopati.

Gen MT-TK

Gen MT-TK memberikan instruksi untuk sintesis tRNA^{Lys}. Mutasi gen ini dapat menyebabkan diabetes, epilepsi mioklonik. Gen ini terletak pada posisi 8.294 sampai 8.363 pb mtDNA manusia.

Gen MT-TL1

Gen MT-TL1 menyediakan instruksi untuk sintesis tRNA^{Leu}. Gen ini terletak pada posisi 3.229 sampai 3.303 pb mtDNA manusia. Perubahan pada gen ini dapat menyebabkan diabetes, asidosis laktat, episode seperti stroke, epilepsi dan lain-lain.

Gen MT-TS1

Gen MT-TS1 menyediakan instruksi untuk sintesis tRNA^{Ser}. Gen ini terletak pada posisi 7.445 sampai 7.513 pb mtDNA manusia. Perubahan gen ini dapat menyebabkan ketulian nonsindrom, epilepsi mioklonik dan lain-lain.

Gen MT-TV

Gen MT-TV menyediakan instruksi untuk sintesis tRNA^{Val}. Posisi gen ini terletak pada 1.601 sampai 1.669 pb mtDNA manusia. Perubahan gen ini dapat menyebabkan episode seperti stroke dan lainnya.

Kelompok gen sitokrom oksidase c

Kelompok gen kompleks IV menyandi protein sitokrom oksidase c. Kelompok ini terdiri atas tiga gen untuk tiga subunit, yaitu gen MT-CO1, MT-CO2, dan MT-CO3. CO adalah singkatan dari *cytochrome c oxidase* sedangkan angka Romawi yang mengikuti: CO1, CO2, dan CO3 masing-masing menunjukkan subunit I, II dan III). Ketiga gen menyandi protein dalam kategori Kompleks IV yaitu enzim ketiga dan terakhir dari rantai transpor elektron dari fosforilasi oksidatif mitokondria.

Gen MT-COI

Gen MT-COI adalah gen mtDNA yang mengkode sintesis protein sitokrom c oksidase subunit I. Gen ini memiliki berbagai nama sinonim seperti COX1, CO1, atau COI. Gen MT-CO1 merupakan sebutan gen tersebut pada manusia, sedangkan COX1, CO1, atau COI merupakan sebutan gen pada eukariot lainnya. Gen COI merupakan gen pengkode protein paling konservatif pada mtDNA (Brown, 1985). Posisi gen MT-COI terletak pada 5411 hingga 6961 pb pada mtDNA *Corvus frugilegus* (Nilsson dkk. 2003), 5403 hingga 6953 pb pada mtDNA *Sturnus sericeus* (Qian dkk. 2013), dan 11337 hingga 12899 pb pada mtDNA *Ciona intestinalis* (Gissi dkk. 2004).

Gen MT-COI tergolong gen yang banyak dimanfaatkan dalam penelitian genetik. Menurut Simon (1991), gen CO1 merupakan salah satu gen mtDNA yang berevolusi paling lambat. Gen MT-COI adalah gen mitokondria yang banyak digunakan untuk resolusi pada spesies atau tingkat genus, barangkali paling terkenal sebagai pengenalan spesies hewan yang dihipotesakan di *Barcode of Life Project* (Hebert dkk. 2003). Urutan gen ini cocok untuk peran ini karena kecepatan mutasinya sering cukup cepat untuk membedakan spesies dekat dan juga karena urutannya lestari antar individu sejenis. Perbedaan urutan gen ini terlalu kecil untuk mendeteksi antara spesies berhubungan dekat, lebih dari 2% perbedaan urutan terdeteksi antara organisme tersebut (Hebert dkk. 2003), mengusulkan bahwa barkode tersebut efektif. Umumnya tingkat evolusi MT-COI sangat lambat.

Gen COI menjadi salah satu penanda genetik paling populer untuk mempelajari genetika populasi dan filogeografi antar berbagai hewan (Avise, 1994). Gen ini diantaranya telah digunakan sebagai DNA barcode (Hebert dkk., 2003) untuk menentukan atau identifikasi spesies echinodermata (Hoareau & Boissin, 2010), hewan laut lain (Magsino dkk., 2002) dan digunakan untuk memberikan informasi batas-batas penyebaran dan spesiasi bulu babi (McCartney dkk., 2000). Wize (2011) juga menggunakan penanda molekuler COI untuk mempelajari keragaman dan distribusi genetik bulu babi.

Hebert dkk. (2003) menunjukkan bahwa 650-bp gen CO1 sangat berguna untuk membedakan spesies dan kelompok filogeografik di dalam spesies. CO1 memiliki tingkat evolusi cepat dan kejadian substitusi basa tinggi pada nukleotida posisi ketiga. Keberadaan primer yang biasa digunakan pada PCR dalam banyak spesies juga mendorong untuk membuat COI menjadi satu pilihan untuk barcoding DNA. Wallman & Donnellan (2001) menggunakan gen CO1 untuk identifikasi banyak spesies penting secara forensik.

Gen MT-COII

Gen MT-COII atau disebut gen COX2, CO2, atau COXII adalah gen mtDNA yang mengkode sintesis protein sitokrom c oksidase subunit II. Gen ini terletak pada posisi 7586 hingga 8269 pb pada mtDNA *homo sapiens* (Johns & Comblath 1991), 9327 hingga 10017 pb pada mtDNA *Scomberomorus munroi* x *Scomberomorus semifasciatus* (Morgan dkk. 2012), dan 9578 hingga 10268 pb pada mtDNA *Scomberomorus munroi* (Morgan dkk. 2012).

Analisis gen COII (dan gen COI) diantaranya digunakan untuk diagnostik sum-sum tulang atau darah pasien yang menderita penyakit leukemia myeloid akut (*acute myeloid leukaemia*, AML) (Silkjaer dkk. 2013). Gen COII (dan gen COI) juga digunakan diantaranya sebagai penanda molekuler untuk mengetahui struktur genetik populasi spesies tertentu misalnya *Simulium tani* (Low dkk. 2014).

Gen MT-COIII

Gen MT-COIII (gen CO3 atau COXIII) adalah gen yang mengkode sintesis protein sitokrom c oksidase subunit III. Gen ini disebut juga COX3 terletak pada posisi 130680 hingga 131567 pb pada mtDNA *Pseudomonas aeruginosa* (Winsor dkk. 2013), 5790 hingga 6578 pb pada mtDNA *Ciona intestinalis* (Gissi dkk. 2004), dan 10642 hingga 11436 pb pada mtDNA *Astrospartus mediterraneus* (Perseke dkk. 2010).

Gen MT-COIII digunakan untuk penelitian genetik diantaranya adalah analisis filogenetik di dalam Filum echinodermata seperti Crinoidea dan Ophiuroidea dibandingkan dengan Holothuroidea, Echinoidea, dan Asteroidea (Perseke dkk. 2010)

Control Region

Control region (CR) atau *D-loop* adalah lokasi promoter transkripsi mitokondria. Daerah kontrol memiliki sifat yang unik karena memiliki tingkat mutasi dan polimorfisme yang paling tinggi di dalam genom mtDNA.

Pada daerah *D-loop* terdapat hipervariabel 1 (HV1) dan hipervariabel 2 (HV2). HVS1 pada urutan nukleotida 16024-16383 dan HVSII yang terletak pada nukleotida 57-372. Dua daerah ini memiliki laju mutasi yang lebih tinggi dari daerah pengode (Howell dkk. 1996). Oleh karena sifatnya yang polimorfik, daerah ini sangat beragam antar individu tetapi sama untuk kerabat yang satu garis keturunan ibu. Laju mutasi sejauh ini diketahui 1:33 generasi, jadi perubahan urutan nukleotida hanya akan terjadi setiap 33 generasi. Oleh karena itu, daerah ini sering dianalisis dan sangat penting untuk digunakan dalam proses identifikasi individu.

Penelitian urutan CR diantaranya untuk menentukan identitas spesies atau etnis dan evolusi serta migrasi global organisme (terutama pada manusia). Urutan nukleotida CR telah digunakan untuk menentukan hubungan maternal antar individu manusia (Stenoking dkk. 1991).

Untuk sitasi artikel ini:

Toha, AHA, Sutiman B. Sumitro, Nashi Widodo (2015) Kelompok gen DNA mitokondria. KBR 4(5): 8-12.

Rujukan

- Andersen A., Moum T. (2007). Mitochondrial DNA sequence evolution among closely related stronglycentrotid sea urchins. Unpublished.
- Avise J.C. (1994). Molecular markers, Natural History and Evolution. Chapman and Hall, New York.
- Brown WM (1985). The mitochondrial genome of animals. In Molecular Evolutionary Genetics, R.J. Macintyre (ed.) New York: Plenum Press, pp. 95-130.
- Cantatore, P., Roberti, M., Rainaldi, G., Gadaleta, M.N. and Saccone, C. (1989). The complete nucleotide sequence, gene organization, and genetic code of the mitochondrial genome of *Paracentrotus lividus*. J. Biol. Chem. 264 (19), 10965-10975.
- Castresana J. (2001). Cytochrome b phylogeny and the taxonomy of great apes and mammals. Molecular biology and evolution 18(4): 465-571. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a003825.PMID 11264397.
- Esposti, M. D., S. De Vries, M. Crimi, A. Ghelli, T. Patarnello, and A. Meyer. (1993). Mitochondrial cytochrome b: evolution and structure of the protein. Biochim. Biophys. Acta 1143: 243D271.
- Gerber, A.S., Loggins, R., Kumar, S. & Dowling, T.E. (2001) Does nonneutral evolution shape observed patterns of DNA variation in animal mitochondrial genomes? Annual Reviews of Genetics, 35: 539-566.
- Gizzi C., Iannelli F., Pesole G. (2004). Complete mtDNA of *Ciona intestinalis* reveals extensive gene rearrangement and the presence of an *atp8* and an extra *trnM* gene in ascidians. J Mol Evol. 58(4):376-89.
- Härlid A, Janke A, Arnason U (1998). The Complete mitochondrial Genome of *Rhea Americana* and early avian divergences. J Mol Evol 46: 669-679
- Harrison, R.G. (1989). Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. Trends Ecol. Evol. 4: 6-11.
- Hebert PDN, Ratnasingham S, deWaard JR (2003). Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. Proceedings of the Royal Society of London Series B -Biological Sciences 270: S96-S99.
- Hoareau T.B., Boissin E. (2010). Design of phylum-specific hybrid primers for DNA barcoding: addressing the need for efficient COI amplification in the Echinodermata. Mol Ecol Resour; 10(6):960-7. doi: 10.1111/j.1755-0998.2010.02848.x.)
- Honeycutt, R.J., Sobral, B. W. S. & McClelland, M. (1995). tRNA intergenic spacers reveal polymorphisms diagnostic for *Xanthomonas albilineans*. Microbiology 141, 3229-3239.
- Howell N., Kubacka I., Mackey D.A. (1996). How rapidly does the human mitochondrial genome evolve? Am J Hum Genet. 1996 Sep; 59(3): 501-509.
- Johns D.R., Cornblath D.R. (1991). Molecular insight into the asymmetric distribution of pathogenetic human mitochondrial DNA deletions. Biochemical and Biophysical Research Communications. 174(1):244-250. DOI: 10.1016/0006-291X(91)90512-6.
- Junqueira, A.C.M., Lessinger, A.C., Torres, T.T., Da Silva, F.R., Vettore, A.L., Arruda, P., Azeredo-Espin, A.M.L. (2004). The mitochondrial genome of the blowfly *Chrysomya chloropyga* (Diptera: Calliphoridae). Gene 339: 7-15.
- Low V.L., Adler P.H., Takaoka H., Ya'cob Z., Lim P.E., Tan T.K., Lim Y.A., Chen C.D., Norma-Rashid Y., Sofian-Azirun M. (2014). Mitochondrial DNA markers reveal high genetic diversity but low genetic differentiation in the black fly *Simulium tani* Takaoka & Davies along an elevational gradient in Malaysia. PLoS One. 18;9 (6):e100512. doi: 10.1371/journal.pone.0100512. eCollection 2014.
- Magsino, R.M., Ravago, R.G., Junio-Meñez, M.A. (2002). Genetic relationship of *Linckia laevigata* color morphs in the Kalayaan Islands Group, western Philippines: preliminary evidence, Proceedings of the 9th International Coral Reef Symposium, Bali Indonesia, vol. 1, pp. 113-120.
- McCartney M.A., Keller G., Lessios H.A. (2000). Dispersal barriers in tropical oceans and speciation in Atlantic and eastern Pacific sea urchins of the genus *Echinometra*. Mol. Ecol. 9:1391-1400.
- Meyer, A. (1994). Shortcomings of the cytochrome b as a molecular marker. Trends Ecol. Evol. 9, 278-280.
- Mindell, D.P., Sorenson M.D., Huddleston C.J., Miranda H.C., Jr., Knight A, Sawchuk S.J., Yuri T. (1997). Phylogenetic relationships among and within select avian orders based on mitochondrial DNA. In: Mindell DP (ed) Avian molecular evolution and systematic. Academic Press, New York, pp 214-247.

- Morgan, J.A.T., Broderick, D., Whatmore, P., Street, R. And Ovenden, J.R. (2012). Direct Submission. Submitted (28-AUG-2012) Queensland Alliance for Agriculture and Food Innovation, The University of Queensland, 306 Carmody Rd, St Lucia, Queensland 4067, Australia.
- Negrak V. (2013). Mitochondrial Genome Sequence of the Legume *Vicia faba*. *Front Plant Sci.* 4: 128.1-11p. Published online 2013 May 7. doi: 10.3389/fpls.2013.00128
- Nilsson M.A., Gullberg A., Spotorno A.E., Arnason U., Janke A. (2003). Radiation of extant marsupials after the K/T boundary: evidence from complete mitochondrial genomes. *J.Mol Evol.* 57 Suppl 1:S3-12.
- Olivieri A., Achilli A., Pala M., Battaglia V., Fornarino S., Al-Zahery N., Scozzari R., Cruciani F., Behar D.M., Dugoujon J.M., Coudray C., Santachiara-Benerecetti A.S., Semino O., Bandelt H.J. and Torroni, A. (2006). The mtDNA Legacy of the Levantine Early Upper Palaeolithic in Africa. *Science* 314 (5806): 1767-1770.
- Otranto, D., Steven, J.R. (2002) Molecular approaches to the study of myiasis-causing larvae. *International Journal for Parasitology* 32: 1345-1360.
- Perseke M., Bernhard D., Fritzsche G., Brümmer F., Stadler P.F., Schlegel M. (2010). Mitochondrial genome evolution in Ophiuroidea, Echinoidea, and Holothuroidea: insights in phylogenetic relationships of Echinodermata. *Mol Phylogenet Evol.* 56(1):201-11. doi: 10.1016/j.ympev.2010.01.035. Epub 2010 Feb 10.
- Qian C., Ren Q., Kan X., Guo Z., Yang J., Li X., Yuan J., Qian M., Hu Q., Zhang L. (2013). Complete mitochondrial genome of the Red-billed Starling, *Sturnus sericeus* (Aves: Passeriformes): the first representative of the family Sturnidae with a single control region. *Mitochondrial DNA* 24(2):129-31. doi: 10.3109/19401736.2012.731407. Epub 2012 Oct 16.
- Roehrdanz, R.L., Degruillier, M.E., Black, W.C. (2002). Novel rearrangements of arthropod mitochondrial DNA detected with long-PCR: applications to arthropod phylogeny and evolution. *Molecular Biology of Evolution* 19 (6): 841-9.
- Roques, S., Fox C.J., Villasana M.I., Rico C. (2006). The complete mitochondrial genome of the whiting, *Merlangius merlangus* and the haddock, *Melanogrammus aeglefinus*: A detailed genomic comparison among closely related species of the Gadidae family. *Gene* 383: 12–23.
- Silkjaer T., Nyvold C.G., Juhl-Christensen C., Hokland P., Nørgaard J.M. (2013). Mitochondrial cytochrome c oxidase subunit II variations predict adverse prognosis in cytogenetically normal acute myeloid leukaemia. *Eur J Haematol* 91(4):295-303. doi: 10.1111/ejh.12166. Epub 2013 Aug 20.
- Simon C (1991). Molecular Systematics at the Species Boundary: Exploiting Conserved and Variable Regions of the Mitochondrial Genome of Animals Via Direct Sequencing from Amplified DNA. p. 33-73. In G. M. Hewitt, A. W.B. Johnston, and J.P. W. Young (ed.), *Molecular Techniques in Taxonomy*. Nato Advanced Studies Institute, series H: Cell Biology, vol.57. Berlin: Springer Verlag.
- Stenoking M., Hedgecock D., Higuuchi R., Vigilant L., Erlich H.A. (1991). Population variation of human mtDNA control region sequences detected by enzymatic amplification and sequence-specific oligonucleotide. *Am.J. Hum. Genet.*, 48 (2): 370-382.
- Stevens J.R., West H., Wall R. (2008). Mitochondrial genomes of the sheep blowfly, *Lucilia sericata*, and the secondary blowfly, *Chrysomya megacephala*. *Medical and Veterinary Entomology* 22: 89-91.
- Wallman, J.F. Donnellan S.C. (2001). The utility of mitochondrial DNA sequences for the identification of forensically important blowflies (Diptera: Calliphoridae) in southeastern Australia. *For. Sci. Int.* 120 (1–2) 60–67.
- Winsor G.L., Van Rossum T., Lo R., Khaira B., Whiteside M.D., Hancock R.E. (2009). Pseudomonas Genome Database: facilitating user-friendly, comprehensive comparisons of microbial genomes. *Nucleic Acids Res.* Jan;37(Database issue):D483-8. doi: 10.1093/nar/gkn861. Epub 2008 Oct 31.
- Wize M.L. (2011). Phenotypic and Genetic Diversity in the Sea Urchin *Lytechinus variegatus*. University Program in Ecology Duke University. Dissertation submitted in partial fulfillment of the requirements for the degree of Doctor of Philosophy in the Department of Ecology in the Graduate School of Duke University.
- Wolstenholme D.R. (1992). Animal mitochondrial DNA: structure and evolution mitochondrial genomes. Jeon K.W., Wolstenholme D.R., eds. *International Review of Cytology* 141: 173-216.
- Yoon H., You Y-H., Woo J-R., Park Y-J., Kong W-S., Lee B-M., Kim J-G. (2012). The mitochondrial genome of the white-rot fungus *Flammulina velutipes*. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, 58, 331-337.



**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) dan Kent Carpenter, Old Dominion University 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

Raja Ampat Memiliki Harian Lokal Pertama

Mengutip harian Radar Sorong pada 6 Mei 2015, Raja Ampat telah memiliki harian lokal untuk pertama kalinya. Sekda Raja Ampat meluncurkan Harian Raja Ampat Pos di Kantor PT Raja Ampat Pos Waisai pada Selasa 5 Mei 2015. Koran Raja Ampat Pos adalah harian pertama yang berpusat di Raja Ampat. Media massa memiliki peran dan fungsi sebagai wadah penyebaran informasi, pengawal dan monitoring berbagai kebijakan pembangunan demi terwujudnya tata kelola pemerintahan yang baik dan bersih.

HUT Raja Ampat

Harian Radar Sorong (9 Mei 2015) memberitakan peringatan hari ulang tahun Kabupaten Raja Ampat yang jatuh pada 9 Mei 2015. Kabupaten Raja Ampat diresmikan pertama kali pada 9 Mei 2003. Visi Raja Ampat adalah terwujudnya Kabupaten Raja Ampat sebagai kabupaten bahari yang didukung potensi sumberdaya kelautan, perikanan dan pariwisata menuju masyarakat madani. Sedangkan misinya adalah membawa masyarakat Raja Ampat keluar dari kemiskinan, membawa masyarakat Raja Ampat memperoleh pendidikan yang layak dan berkualitas, mewujudkan masyarakat Raja Ampat yang sehat, mewujudkan alam Raja Ampat yang lestari, dan menjadikan Raja Ampat sebagai aset dunia.

Peringatan HUT ke-12 Kabupaten Raja Ampat ini dihadiri oleh Menteri Kelautan dan Perikanan RI dalam agenda panen perdana bibit kerapu dari pusat keramba jaring apung di Waisai, ibukota Kabupaten 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 Negeri 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.

