



KARAKTERISTIK GENETIK LABI-LABI (*Amyda cartilaginea*) DI KABUPATEN MUSI BANYUASIN

Arif Wibowo¹, Agus Arifin Sentosa², dan Danu Wijaya²

¹Balai Penelitian Perikanan Perairan Umum, Palembang

²Balai Penelitian Pemulihan dan Konservasi Sumber Daya Ikan, Purwakarta
agusarifinsentosa7@gmail.com

ABSTRAK

Labi-labi (*Amyda cartilaginea*) merupakan salah satu spesies famili Trionychidae dan ordo Testudines yang memiliki daerah sebaran di Sumatera, Jawa dan Kalimantan. Walaupun labi-labi sudah termasuk dalam CITES Appendix II dan dikategorikan rentan, pemanenannya di alam masih tetap berlangsung. Penelitian ini bertujuan untuk mengkaji karakteristik genetik labi-labi di Kabupaten Musi Banyuasin yang merupakan salah satu daerah pemanenan labi-labi terdapat di Sumatera Selatan. Penelitian dilakukan pada bulan Juli 2012 dengan mengambil sampel otot labi-labi yang berasal dari empat lokasi di Kabupaten Musi Banyuasin, yaitu Lubukbuah, Penggage I, Penggage II dan Plakat Tinggi. Analisis karakteristik genetik dilakukan berdasarkan gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) DNA mitokondria. Hasil analisis yang meliputi penanda genetik dan hubungan kekerabatan labi-labi berdasarkan runutan nukleotida dan asam amino menggunakan program MEGA versi 4.0 dengan metode *Bootstrapped Neighbor Joining* dengan 1000 kali pengulangan menunjukkan bahwa labi-labi pada empat lokasi tersebut benar termasuk pada jenis *A. cartilaginea* dan tidak terdapat keragaman genetik antarlokasi sehingga labi-labi di Musi Banyuasin merupakan satu populasi genetik.

Kata kunci: *Amyda cartilaginea*, genetik, Musi Banyuasin

PENDAHULUAN

Labi-labi (*Amyda cartilaginea* Boddaert, 1770) merupakan salah satu jenis kura-kura air tawar yang memiliki habitat di perairan air tawar seperti sungai dan rawa di daerah tropis dan subtropis (Poughet *al.*, 2004). Preferensi habitat labi-labi adalah di daerah perairan yang tenang, berarus lambat dan umumnya selalu bersembunyi di dalam lumpur atau di dalam pasir di dasar kolam atau sungai (Iskandar, 2000).

Klasifikasi *A. cartilaginea* menurut Bisby *et al.* (2012) adalah sebagai berikut:

Kingdom	: Animalia
Phylum	: Chordata
Kelas	: Reptilia
Ordo	: Testudinata
Subordo	: Cryptodira
Superfamilia	: Trionychoidea
Familia	: Trionychidae (Fitzinger, 1826)
Subfamilia	: Trionychinae
Genus	: <i>Amyda</i>
Spesies	: <i>Amyda cartilaginea</i> (Boddaert, 1770)
Nama Umum	: <i>Southeast Asian softshell turtles</i>

Ciri khas labi-labi tersebut adalah bentuk tubuh oval atau agak bulat, pipih tanpa sisik. Bagian punggung atau karapas pada bagian dorsal dan plastron atau tempurung pada bagian ventral terbungkus oleh kulit yang liat (Gambar 1). Di sisi belakang karapas terdapat pelebaran pipih yang bentuknya membulat mengikuti bentuk karapas bagian belakang dengan tekstur seperti tulang rawan (*cartilago*) (Ernst & Barbour, 1989; Iskandar, 2000).



Gambar 1. Morfologi labi-labi (*A. cartilaginea*) bagian dorsal (kiri) dan ventral (kanan)

Penyebaran *A. cartilaginea* di Indonesia dijumpai di Kalimantan, Sumatera, Jawa, Bali, dan Lombok (Auliya, 2007; Iverson, 1992). Sumatera Selatan merupakan salah satu daerah penyebaran labi-labi dimana aktivitas pemanenan labi-labi di alam masih berlangsung di provinsi tersebut (Oktaviani *et al.*, 2008; Oktaviani & Samedi, 2008). *A. cartilaginea*, walaupun status perlindungan menurut IUCN dikategorikan rawan atau *vulnerable*, namun berdasarkan *Convention on International Trade in Endangered of Wild Flora and Fauna* (CITES) termasuk dalam Appendix II sehingga organisme tersebut masih dapat ditangkap dan diperdagangkan berdasarkan kuota yang telah ditetapkan (CITES, 2010).

Keragaman genetik memiliki pengertian keragaman struktur maupun fungsi dari kehidupan pada tingkat komunitas dan ekosistem, populasi, spesies dan molekul DNA. Molekul DNA dapat pula berfungsi menjadi penanda molekular yang mampu mengidentifikasi perbedaan genetik langsung pada level DNA sebagai komponen genetik. Karakteristik penanda molekular ini dapat menanggulangi keterbatasan penggunaan penanda morfologi karena penanda ini bebas dari pengaruh-pengaruh epistasi, lingkungan dan fenotipe, sehingga dapat menyediakan informasi yang lebih akurat (Muladno, 2006).

Penelitian mengenai keragaman genetik *A. cartilaginea* di Sumatera Selatan pernah dilakukan oleh Kasmirudin (1998) di Sungai Lematang, Palembang. Informasi mengenai karakteristik genetik labi-labi di daerah lainnya di Sumatera Selatan penting dalam upaya pengelolaan dan konservasi labi-labi di Sumatera Selatan. Informasi keragaman genetik dan penanda genetik diperoleh dengan melakukan analisis terhadap sekuense DNA mitokondria (mtDNA) mengingat mtDNA bersifat maternal dan diturunkan oleh parentalnya tanpa rekombinasi (Harrison, 1989; Amos & Hoelzel, 1992), molekulnya kompak dan ukuran panjangnya relatif pendek (antara 16.000–20.000 nukleotida), tidak sekompleks DNA inti sehingga dapat dipelajari sebagai satu kesatuan utuh. Menurut Wibowo (2012), gen penyandi protein dari mtDNA mitokondria adalah bagian yang sering digunakan untuk mendapatkan informasi keragaman genetik dan sebagai penanda genetik suatu spesies, terutama gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI).

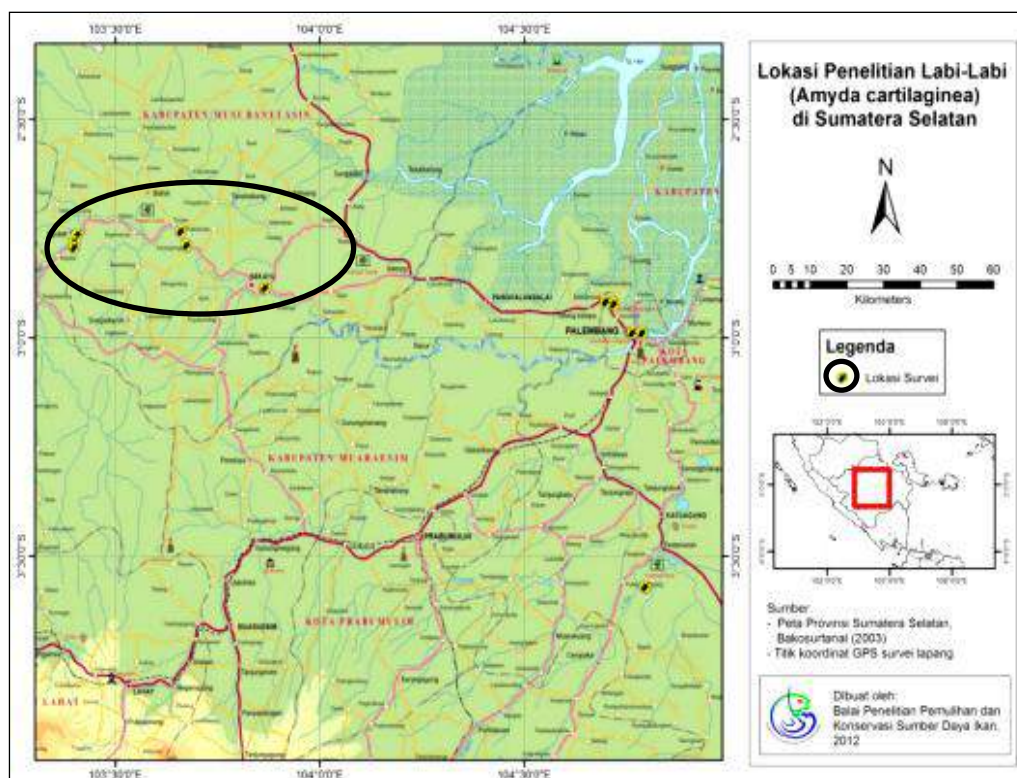


Kabupaten Musi Banyuasin (MUBA) merupakan salah satu wilayah di Sumatera Selatan yang termasuk dalam bagian dari Daerah Aliran Sungai (DAS) Musi dan banyak memiliki anak-anak sungai Musi yang merupakan habitat dari labi-labi. Kabupaten MUBA juga merupakan salah satu penyumbang hasil tangkapan labi-labi terbesar di Sumatera Selatan (Oktaviani *et al.*, 2008). Tujuan penelitian adalah untuk mengetahui karakteristik genetik labi-labi di Kabupaten Musi Banyuasin yang merupakan salah satu daerah pemanenan labi-labi terdapat di Sumatera Selatan.

BAHAN DAN METODE

Lokasi dan Waktu Penelitian

Penelitian dilakukan pada bulan Juli 2012 dengan lokasi di Kabupaten Banyuasin, Sumatera Selatan (Gambar 2). Sampel labi-labi diperoleh pada pengumpul pertama dengan asal lokasi tangkap yang berbeda.



Gambar 2. Lokasi penelitian di Kabupaten Musi Banyuasin, Sumatera Selatan

Pengumpulan Data

Obyek penelitian adalah labi-labi dari spesies *Amyda cartilaginea* dengan identifikasi dilakukan mengacu kepada Ernst & Barbour (1989) dan Iskandar (2000). Sampel *A. cartilaginea* diperoleh dari pengumpul yang ditentukan secara *snowball sampling* (Spreen, 1992). Pengukuran morfologi dilakukan dengan metoda *curveline* menurut Nuija (1992), meliputi pengukuran panjang lengkung karapas (PLK) dan lebar lengkung karapas (LLK)



menggunakan pita ukuran dengan ketelitian 1 mm serta berat tubuh labi-labi menggunakan timbangan komersial (Gambar 3). PLK diukur mulai anterior hingga posterior pada bagian tengah karapas sedangkan LLK diukur dari sisi kiri ke kanan pada bagian tengah karapas (Oktaviani *et al.*, 2008).

Cara Kerja

Pengamatan keragaman genetik *A. cartilaginea* hanya dilakukan untuk sampel labi-labi berdasarkan survei lapangan di Provinsi Sumatera Selatan.

a. Cara kerja dan preparasi

Analisis keragaman genetik *Amyda cartilaginea* berdasarkan gen *Cytochrome Oxidase Subunit I (COI)* dilakukan di Laboratorium Biologi Molekuler, Balai Penelitian Perikanan Perairan Umum (BP3U), Palembang.



Gambar 3. Pengukuran (a) PLK, (b) LLK dan (c) berat tubuh *A. cartilaginea*

Sampel otot/jaringan labi-labi diawetkan dengan alkohol absolut (Gambar 4), selanjutnya sampel tersebut dibawa ke laboratorium untuk dilakukan isolasi dan purifikasi DNA totalnya. Jumlah sampel sebanyak 4 buah dan data runtutan nukleotida yang diperoleh dari *Genbank*.



Gambar 4. Teknik preparasi jaringan otot labi-labi untuk analisis DNA



b. Isolasi, Ekstraksi dan Purifikasi DNA Total

Ekstraksi DNA menggunakan *Genomic DNA mini kit for blood (Geneaid)* yang dimodifikasi. Bagian yang dimodifikasi adalah dalam penghancuran jaringan, penambahan SDS dan Proteinase K (Muladno, 2006). Sel-sel otot labi-labi disimpan dalam alkohol 70%, sebelum dicuci dengan air destilata, otot labi-labi diambil dalam bentuk potongan kecil dan dicacah halus untuk mempermudah melisis sel otot. Sampel otot yang sudah diperlakukan dengan SDS 1% dan proteinase K 0,125 mg/ml dihomogenasi dengan *rotary* dan diinkubasi pada suhu 55°C selama semalam. Metode ekstraksi DNA selanjutnya mengikuti petunjuk *Genomic DNA mini kit for fresh blood (Geneaid)* (Petunjuk perusahaan). Sampel DNA yang didapat disimpan pada suhu 4°C.

c. Amplifikasi dan Visualisasi Fragmen mtDNA

Amplifikasi sebagian fragmen *Cytochrome Oxidase Subunit I (COI)* mtDNA menggunakan primer universal Ivanova *et al.* (2009): COI F (5' – TCT ACC AAC CAC AAA GAC ATC GG 3') dan COI R (5' – TAC TTC TGG GTG TCC RAA GAA TCA 3'). Komposisi reaksi PCR dilakukan dengan volume akhir 50 µl terdiri atas sampel DNA 5 µl, DW steril 16 µl, primer masing-masing 2 µl dan *Taq ready mix* 25 µl. Reaksi PCR dilakukan menggunakan mesin *thermocycler BIOER* dengan kondisi sebagai berikut: tahap pradenaturasi 95°C selama 10 menit, tahap kedua yang terdiri dari 30 siklus yang masing-masing mencakup tahap denaturasi 94°C selama 1 menit, penempelan primer (*annealing*) pada suhu 48°C selama 1 menit, pemanjangan (*extension*) pada suhu 72°C selama 1,5 menit dan tahap terakhir yaitu pemanjangan akhir (*final extension*) pada suhu 72 °C selama 7 menit. Produk PCR diuji menggunakan PAGE 6% dalam bufer 1x TBE (10 Mm Tris-HCL, 1 M asam borat, dan EDTA 0.1 Mm) yang dijalankan pada kondisi 200 Mv selama 50 menit. Selanjutnya DNA diwarnai dengan pewarnaan sensitif perak (Tegelstrom, 1986).

d. Amplifikasi dan Visualisasi Fragmen mtDNA

DNA produk *PCR* dipurifikasi dengan kit purifikasi, kemudian digunakan sebagai cetakan untuk perunutan. Amplifikasi untuk perunutan menggunakan primer universal Ivanova *et al.* (2009) dengan kondisi *PCR* yaitu *pra PCR* (denaturasi) dengan suhu 95°C selama 10 menit; *PCR*: denaturasi dengan suhu 94°C selama 1 menit, penempelan dengan suhu 48°C selama 1 menit, pemanjangan dengan suhu 72°C selama 1,5 menit (sebanyak 35 siklus) dan *post PCR* dengan suhu 72°C selama 7 menit.

Perunutan sampel DNA dengan kit perunutan DNA, menggunakan mesin perunutan DNA otomatis *Bio Trace 3100* (USA). Semua pekerjaan ini dilakukan pada dua arah (*forward* dan *reverse*) dikerjakan di First Base, *DNA Sequence Service*, Singapura (<http://www.base-asia.com>).

e. Analisis Data Keragaman Genetik

Sisi homolog dari runutan-runutan basa nukleotida maupun runutan asam amino gen *Cytochrome Oxidase Subunit I (COI)* DNA mitokondria labi-labi yang diperoleh, kemudian disejajarkan (*multiple alignment*) yang dibandingkan dengan runutan-runutan gen *Cytochrome Oxidase Subunit I (COI)* kerabat labi-labi dari *Genbank* yang utuh maupun parsial. Runutan asam amino diterjemahkan mengikuti kode genetik DNA mitokondria untuk

vertebrata. Sekuen chromatograms ditampilkan dan diedit secara manual menggunakan BIOEDIT (*Applied Biosystems, Foster City, CA, USA*). Setelah proses editing, dilakukan *multiple alignment* menggunakan CLUSTAL X 1.81 (Thompson *et al.*, 1997).

Analisis keragaman genetik yang meliputi penanda genetik dan hubungan kekerabatan ikan semah berdasarkan runutan nukleotida dan asam amino, dilakukan menggunakan program MEGA versi 4.0 (Tamura *et al.*, 2007) dengan metode *Bootstrapped Neighbor Joining* dengan 1000 kali pengulangan. Identifikasi haplotipe dan kontruksi network evolusi haplotipe berdasarkan NETWORK 4.5.1.6 (Polzin & Daneshmand, 2004).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Labi-labi yang digunakan untuk analisis karakteristik genetik adalah sebanyak 4 ekor dengan ukuran morfologi contoh *A. cartilaginea* disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Karakter morfologi contoh labi-labi untuk analisis genetik

No	Kode	Asal Tangkap	PLK (cm)	LLK (cm)	B (kg)
1	A	Lubuhbuah, Sekayu	32	24.5	2.2
2	B	Penggage I	21	18	0.9
3	C	Penggage II	25.5	21	1.5
4	D	Plakat Tinggi	32	26	4

DNA total telah diisolasi dari cuplikan otot semua sample tersebut. Hasil isolasi DNA total labi-labi digunakan sebagai cetakan untuk amplikasi gen *Cytochrome Oxidase Subunit I (COI)* DNA mitokondria dengan teknik PCR. Amplikasi gen *Cytochrome Oxidase Subunit I (COI)* menghasilkan fragmen gen COI berukuran 679-702 pb pada posisi 5534-6239 pb berdasarkan acuan *Genbank*. Profil DNA hasil amplikasi disajikan pada Gambar 5.



Gambar 5. Profil DNA *Amyda cartilaginea* hasil amplifikasi menggunakan pasangan primer COI F dan COI R.

Berdasarkan 223 asam amino hasil translasi 669 nukleotida pada gen COI parsial *Amyda cartilaginea*, seluruhnya 223 situs asam amino bersifat kekal. Analisa komposisi basa nukleotida untuk *Amyda cartilaginea* tidak mengidentifikasi adanya situs nukleotida yang bervariasi. Komposisi empat basa nukleotida, rata-rata nukleotida *Adenin* adalah yang paling banyak ditemukan (29,3%), sedangkan rata-rata yang paling sedikit ditemukan adalah *Guanin* (16,1%). Rata-rata komposisi basa nukleotida *Adenin+Timin* secara keseluruhan pada *Amyda*



cartilaginea adalah lebih banyak (56,1%) daripada rata-rata *Guanin+Cytosin* (43,9%) (Tabel 2).

Tabel 2. Komposisi empat basa nukleotida pada gen COI parsial (669 pb)

	T	C	A	G
1016838 A F	26,8	27,8	29,3	16,1
1016839 B F	26,9	27,9	29,4	16,2
1016840 C F	26,10	27,10	29,5	16,3
1016841 D F	26,11	27,11	29,6	16,4
Avg.	26,12	27,12	29,7	16,5

Berdasarkan posisi kodon, komposisi basa nukleotida pada posisi pertama triplet kodon, frekuensi yang paling banyak ditemukan adalah nukleotida *Adenin* (47,1%), sedangkan nukleotida *Guanin* mempunyai frekuensi yang paling sedikit yaitu 3,6%. Komposisi pada posisi kedua dari triplet kodon, frekuensi yang paling banyak ditemukan adalah nukleotida *Guanin* (29,6%), sedangkan yang paling sedikit ditemukan adalah nukleotida *Timin* (20,2%). Komposisi pada posisi ketiga triplet kodon, frekuensi paling banyak ditemukan adalah nukleotida *Timin* (41,3%), sedangkan yang paling sedikit ditemukan adalah nukleotida *Guanin* dan *Adenin* (15,2%). Keragaman terbesar komposisi basa nukleotida dari keseluruhan triplet kodon gen COI *Amyda cartilaginea* terletak pada posisi kodon pertama.

Tabel 3. Situs basa nukleotida sebagai penanda genetik pada gen COI parsial (669 pb) yang membedakan *Amyda cartilaginea* dan kerabatnya

Jenis	Basa nukleotida						
	188 (5726)	320 (5768)	56 (5594)	122 (5660)	161 (5699)	185 (5723)	212 (5750)
<i>Dogania_subplana_AF366350.1</i>	A	T	-	-	-	-	-
<i>Rafetus_swinhoei_ADV42010.1</i>	A	T	-	-	-	-	-
<i>Lissemys_punctata_ABK41352.1</i>	A	T	-	-	-	-	-
<i>Pelochelys_cantorii_</i>	G	T	-	-	-	-	-
<i>Trionyx_triunguis_BAH79147.1</i>	A	T	-	-	-	-	-
<i>Nilssonina_nigricans_AEN19322.1</i>	A	T	-	-	-	-	-
<i>Rafetus_euphraticus_ADO20212.1</i>	A	T	-	-	-	-	-
<i>Nilssonina_gangetica_ADO20206.1</i>	G	T	-	-	-	-	-
<i>Chitra_indica_HQ329771.1</i>	A	T	-	-	-	-	-
<i>Trionyx_axenaria_HQ116600.1</i>	A	T	-	-	-	-	-
<i>Amyda_cartilaginea_AF083976</i>	T	C	G	T	T	C	A
<i>Amyda_cartilaginea_AF083972</i>	T	C	G	T	T	C	A
<i>Amyda_cartilaginea_AD020195</i>	T	C	G	T	T	C	A
A	T	C	A	C	C	T	G
B	T	C	A	C	C	T	G
C	T	C	A	C	C	T	G
D	T	C	A	C	C	T	G

Keterangan: Angka dalam tanda kurung () = urutan berdasarkan gen COI utuh labi-labi data *GenBank*



Lanjutan Tabel 3.

Jenis	Basa nukleotida						
	242 (5780)	272 (5810)	284 (5822)	320 (5858)	380 (5918)	417 (5955)	644 (6182)
<i>Dogania_subplana_AF366350.1</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Rafetus_swinhoei_ADV42010.1</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Lissemys_punctata_ABK41352.1</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Pelochelys_cantorii_</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Trionyx_triunguis_BAH79147.1</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Nilssonia_nigricans_AEN19322.1</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Rafetus_euphraticus_ADO20212.1</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Nilssonia_gangetica_ADO20206.1</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Chitra_indica_HQ329771.1</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Trionyx_axenaria_HQ116600.1</i>	-	-	-	-	-	-	-
<i>Amyda_cartilaginea_AF083976</i>	T	T	A	C	T	T	G
<i>Amyda_cartilaginea_AF083972</i>	T	T	A	C	T	T	G
<i>Amyda_cartilaginea_AD020195</i>	T	T	A	C	T	T	G
A	C	C	G	T	C	C	A
B	C	C	G	T	C	C	A
C	C	C	G	T	C	C	A
D	C	C	G	T	C	C	A

Keterangan: Angka dalam tanda kurung () = urutan berdasarkan gen COI utuh labi-labi data *GenBank*

Dari 669 nukleotida gen COI *Amyda cartilaginea* yang dibandingkan dengan data *GenBank*, beberapa basa nukleotida dapat dijadikan penanda genetik untuk membedakan *Amyda cartilaginea* Indonesia dengan labi-labi dan kerabat labi-labi dari luar Indonesia (Tabel 3). Basa nukleotida yang dapat membedakan spesies *Amyda cartilaginea* dengan kerabatnya adalah *Timin* yang berada pada posisi ke-188 (5726) dan *Cytosin* yang berada pada posisi ke-230(5768). Untuk *Amyda cartilaginea* yang berasal dari Indonesia secara spesifik memiliki penanda genetik *Adenin* pada posisi basa nukleotida ke-56 (5594), 644 (6182), *Cytosin* pada basa nukleotida ke-122 (5660), 161 (5699), 242 (5780), 272 (5810), 380 (5918), 417 (5955), *Timin* pada posisi basa nukleotida ke-185 (5723), 320 (5858) dan *Guanin* pada posisi basa nukleotida ke-212 (5750), 284 (5822).

Dari 223 asam amino hasil translasi 669 nukleotida pada gen COI parsial *Amyda cartilaginea* yang dibandingkan dengan data *GenBank*, beberapa asam amino dapat dijadikan penanda genetik untuk membedakan *Amyda cartilaginea* Indonesia dengan labi-labi dari luar Indonesia (Tabel 4). Untuk *Amyda cartilaginea* yang berasal dari Indonesia secara spesifik memiliki penanda genetik *Treolin* pada posisi asam amino ke- 41 (1887), *seriosin* pada posisi asam amino ke-54 (1900), *Leusin* pada posisi asam amino ke- 62 (1908), *Isoleosin* pada posisi asam amino 81 (1927), *Croalin* pada posisi asam amino ke-95 (1941) (Tabel 4).

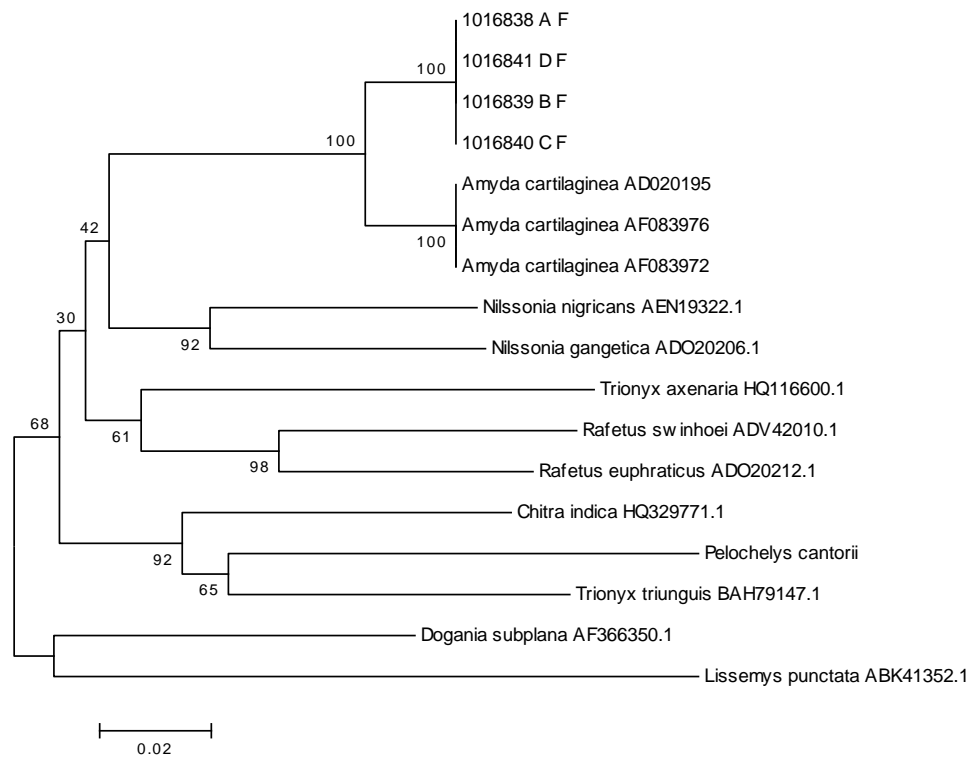
Rekonstruksi hubungan kekerabatan dari runutan basa nukleotida *Amyda cartilaginea* dan kerabatnya tersebut disajikan pada Gambar 6. Hasil filogram berdasarkan nukleotida gen COI memperlihatkan bahwa intraspecies labi-labi masing-masing secara garis besar membentuk satu hubungan kekerabatan yang didukung oleh nilai *bootsrap* 100%. Tidak ada variasi haplotipe yang terbentuk, haplotipe tunggal untuk contoh koleksi. Kelompok ini memiliki hubungan kekerabatan yang paling dekat dengan *Amyda cartilaginea*, didukung



dengan nilai *bootstrap* 100%. Hal ini dapat diartikan bahwa labi-labi yang digunakan dalam penelitian secara jelas merupakan spesies *Amyda cartilaginea*.

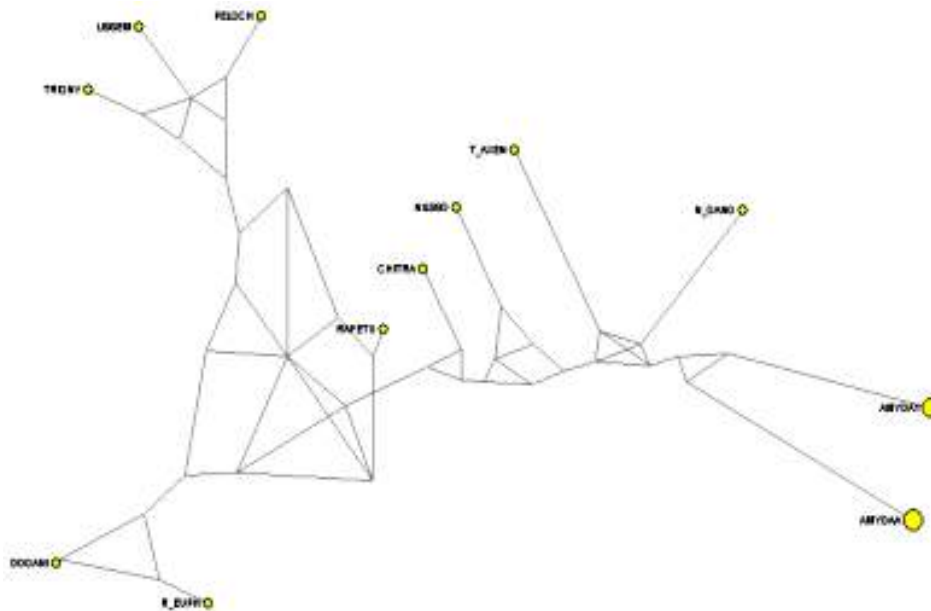
Tabel 4. *Situs* asam sebagai penanda genetik pada gen COI parsial (669 pb) yang membedakan *Amyda cartilaginea* Indonesia

Spesies	Asam amino					
	41 (1887)	54 (1900)	62 (1908)	81 (1927)	95 (1941)	127 (1973)
<i>Dogania subplana</i> _AF366350.1	-	-	-	-	-	-
<i>Rafetus swinhoei</i> _ADV42010.1	-	-	-	-	-	-
<i>Lissemys punctata</i> _ABK41352.1	-	-	-	-	-	-
<i>Pelochelys cantorii</i> _	-	-	-	-	-	-
<i>Trionyx triunguis</i> _BAH79147.1	-	-	-	-	-	-
<i>Nilssonina nigricans</i> _AEN19322.1	-	-	-	-	-	-
<i>Rafetus euphraticus</i> _ADO20212.1	-	-	-	-	-	-
<i>Nilssonina gangetica</i> _ADO20206.1	-	-	-	-	-	-
<i>Chitra indica</i> _HQ329771.1	-	-	-	-	-	-
<i>Trionyx axenaria</i> _HQ116600.1	-	-	-	-	-	-
<i>Amyda cartilaginea</i> _AF083976	I	L	P	T	Y	L
<i>Amyda cartilaginea</i> _AF083972	I	L	P	T	Y	L
<i>Amyda cartilaginea</i> _AD020195	I	L	P	T	Y	L
A	T	S	L	I	C	P
B	T	S	L	I	C	P
C	T	S	L	I	C	P
D	T	S	L	I	C	P



Gambar 6. Filogram *bootstrapped Neighbor Joining* 10000 kali pengulangan berdasarkan 669 pb nukleotida gen COI labi-labi dan kerabat pembandingnya dari *Genbank*.

Rekonstruksi haplotipe network memperlihatkan evolusi *Amyda cartilaginea* dan kerabatnya (Gambar 7). Spesies *Amyda cartilaginea* Indonesia (sampel koleksi) memiliki evolusi yang berdekatan dengan *Amyda cartilaginea*, sementara spesies *Amyda cartilaginea* berevolusi dari *Nilssonia ganggetica* dan *Trionyx axenaria*.



Gambar 7. Rekonstruksi evolusi *Amyda cartilaginea* dan kerabatnya berdasarkan 669 pb nukleotida gen COI labi-labi dan kerabat pembandingnya dari *Genbank*.

Karakteristik populasi labi-labi di Kabupaten Musi Banyuasin diduga hampir sama dengan populasi *A. cartilaginea* di lokasi lainnya, hanya bisa jadi berbeda dalam keragaman genetiknya. Namun, keragaman genetik *A. cartilaginea* yang rendah di lokasi tersebut perlu diwaspadai. Nei (1987) menyebutkan bahwa keragaman genetik yang rendah menunjukkan berkurangnya kemampuan individu dalam beradaptasi terhadap perubahan habitat. Perubahan habitat menjadi kurang baik atau adanya kerusakan habitat akan menyebabkan perkembangan populasi labi-labi tertekan sehingga kemampuan reproduksinya akan menurun yang pada akhirnya akan menyebabkan keragaman genetik juga menurun. Adanya fragmentasi habitat, sebagaimana banyak terjadi di Kabupaten Musi Banyuasin dimana banyak lahan rawa habitat labi-labi yang berubah menjadi pemukiman dan lahan perkebunan sawit diduga juga turut berperan bagi keragaman genetik labi-labi yang rendah. Kasmiruddin (1998) menyatakan bahwa fragmentasi habitat akan menyebabkan terpisahnya individu-individu labi-labi dalam populasi kecil dan akan membawa risiko biologis yang relatif besar seperti pengurangan variabilitas genetik dan peningkatan kawin silang dalam satu populasi (*inbreeding*).

Muliawati (2009) menyatakan bahwa upaya pengelolaan spesies berbasis genetik berguna untuk memprediksi kelangsungan hidup suatu populasi di masa depan dan bahan pertimbangan untuk usaha-usaha konservasi. Variasi genetik suatu populasi dapat dievaluasi dengan berbagai cara mulai dari tingkat morfologi sampai ke molekular. Analisis DNA mitokondria (mtDNA) sering digunakan untuk mempelajari keragaman genetik populasi dan hubungan-hubungan filogenetik. Genom mitokondria memiliki pewarisan sifat dari



ibu/maternal. Adanya kekhasan karakteristik mtDNA, salah satunya basa nukleotida COI dapat digunakan sebagai penanda genetik spesifik labi-labi yang memungkinkan untuk mengkaji populasi secara genetik. Penanda molekuler dapat diandalkan dan memiliki hasil yang konsisten untuk identifikasi diantara spesies dan tingkat keragaman genetik (Ryan&Esa, 2006).

KESIMPULAN

Labi-labi yang tertangkap di Kabupaten Musi Banyuasin jelas merupakan jenis *Amyda cartilaginea* dan merupakan satu populasi genetik karena tidak memiliki keragaman genetik antarlokasi (haplotipe tunggal untuk contoh koleksi).

PERSANTUNAN

Tulisan ini merupakan kontribusi dari kegiatan penelitian “Penelitian Biologi, Populasi dan Habitat Labi-Labi (*Amyda cartilaginea*) untuk Mendukung Evaluasi Penetapan Status Perlindungannya di Jawa Barat dan Sumatera Selatan”, Tahun Anggaran 2012 di Balai Penelitian Pemulihan dan Konservasi Sumber Daya Ikan.

DAFTAR PUSTAKA

- Amos, B. & A.R, Hoelzel. 1992. *Applications of Molecular Genetic Techniques to the Conservation of Small Populations*. Biological Conservation 6: 133–144.
- Auliya, M. 2007. *An Identification Guide to the Tortoise and Freshwater Turtles of Brunei Daussalam, Indonesia, Malaysia, Papua New Guinea, Philippines, Singapore and Timor Leste*. TRAFFIC Southeast Asia. Petaling Jaya, Malaysia.
- Bisby F., Roskov Y., Culham A., Orrell T., Nicolson D., Paglinawan L., Bailly N., Appeltans W., Kirk P., Bourgoin T., Baillargeon G. & Ouvrard D., eds (2012). Species 2000 & ITIS Catalogue of Life, 3rd February 2012. Digital resource at www.catalogueoflife.org/col/. Species 2000: Reading, UK.
- Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora. 2010. <http://www.cites.org/eng/resources/species.html> [20 Juli 2010].
- Ernst, C.H. & R.W. Barbour. 1989. *Turtle of the World*. Smithsonian Intitution Press. Washington DC and London: 96 – 110.
- Harrison, R.G. 1989. *Animal Mitochondrial DNA As a Genetic Marker in Population and Evolutionary Biology*. Trends in Evolution and Ecology 4: 6–11.
- Iskandar, D.T. 2000. *Kura-Kura dan Buaya Indonesia dan Papua Nugini dengan Catatan Mengenai Jenis-Jenis di Asia Tenggara*. PAL Media Citra, Bandung. 191p.
- Iverson, J.B. 1992. *A Revised Checklist with Distribution Maps of the Turtles of the World*. Richmond, Indiana: Privately Printed. 363p.
- Kasmiruddin. 1998. *Morfologi dan Keragaman Genetik Labi-Labi, Amyda cartilaginea (Testudines: Trionychidae) dari Bengkulu dan Palembang*. Program Pascasarjana Institut Pertanian Bogor. Tesis. 61p.



- Muladno. 2006. *Aplikasi Teknologi Molekuler dalam Upaya Peningkatan Produktivitas Hewan*. Pelatihan Teknik Diagnostik Molekuler untuk Peningkatan Produksi Peternakan dan Perikanan di Kawasan Timur Indonesia. Kerjasama Pusat Studi Ilmu Hayati, Lembaga Penelitian dan Pemberdayaan Masyarakat Institut Pertanian Bogor dan Direktorat Jendral Pendidikan Tinggi Depdiknas, Bogor.
- Muliawati, B. 2009. *Kajian Populasi Labi-Labi Belawa, Amyda cartilaginea (Testudinata; Trionychidae) Berdasarkan Variasi mtDNA*. Departemen Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Institut Pertanian Bogor. *Skripsi*. 52 p.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.
- Nuitja, I.N.S. 1992. *Biologi dan Ekologi Pelestarian Penyu Laut*. IPB Press. Bogor. 128p.
- Oktaviani, D., N. Andayani, M.D. Kusri & D. Nugroho. 2008. *Identifikasi dan Distribusi Jenis Labi-Labi (Famili: Trionychidae) di Sumatera Selatan*. Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia Vol. 14 No. 2 Juni 2008: 145 – 157.
- Oktaviani, D. & Samedi. 2008. *Status Pemanfaatan Labi-Labi (Famili: Trionychidae) di Sumatera Selatan*. Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia Vol. 14 No. 2 Juni 2008: 159 – 171.
- Polzin, T & S.V. Daneshmand. 2004. *Steiner (MP) algorithm*. Fluxus Technology. <http://www.fluxus-technology.com/>.
- Pough, F.H., R.M. Andrews, J.E. Cadle, M.L. Crump, A.H. Savitzky & K.D. Wells. 2004. *Herpetology*. 3rd edition. Pearson Education. Inc. United State of America. 726 p.
- Ryan J.R.J & Y.B. Esa. 2006. *Phylogenetic Analysis of Hampala Fishes (Subfamily Cyprininae) in Malaysia Inferred from Partial Mitochondrial Cytochrome b DNA Sequences*. Zool. Sci. 23: 893-901.
- Spreen, M. 1992. *Rare populations, hidden populations and link-tracing designs: What and why?* Bulletin Methodologie Sociologique 36: 34 – 58.
- Tamura K., J. Dudley, M. Nei & S. Kumar. 2007. *MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0*. Molecular Biology and Evolution 10.1093/molbev/msm092.
- Tegelstrom H. 1986. *Mitochondrial DNA in Natural Populations: an Improved Routine for the Screening of Genetic Variation Based on Sensitive Silver Staining*. Electrophoresis 7: 226 – 229.
- Thompson, J.D., T.J. Gibson., F. Plewniak., F. Jeanmougin & D.J Higgins. 1997. *The clustal X windows interface: Flexible strategies for multiple sequences alignment aided by quality analysis tool*. Nucleic Acid Res, 25(24): 4876 – 4882.
- Wibowo, A. 2012. *Keragaman Genetik Ikan Semah (Tor tambroides Bleker 1854) di Sungai Manna, Bengkulu dan Sungai Semangka, Lampung*. BAWAL Vol. 4 (2) Agustus 2012 : 105-112.