

## BAB 1. PENDAHULUAN

### 1.1. Latar Belakang

Menurut *Biodiversity Action Plan for Indonesia*, 16% dari amfibi dan reptil dunia terdapat di Indonesia, dengan jumlah lebih dari 1100 jenis. Hasil penelitian yang dilakukan sampai sekarang menunjukkan bahwa jumlah tersebut masih jauh di bawah keadaan yang sebenarnya. Indonesia merupakan negara dengan keanekaragaman hayati terbesar di dunia dengan jumlah spesies amfibi dan reptil yang terbesar di dunia (Astirin, 2000; Iskandar dan Erdelen, 2006a).

*Limnodynastes blythii* merupakan salah satu spesies yang tersebar luas di Asia Tenggara mulai dari Myanmar, Thailand, semenanjung Malaysia, dan Sumatera bagian utara (Emerson, 1996); (Tjong, Iskandar, dan Gusman 2010); Kurniawan, Islam, Tjong, Igawa, Belabut, dan Wanichanon. 2010). *L.blythii* merupakan spesies kompleks terdiri dari beberapa spesies yang hubungan kekerabatannya belum mampu diungkapkan dengan jelas. *L.blythii* kompleks mempunyai persamaan fenotip yang besar sehingga terdapat kesulitan dalam penentuan spesies. Di Sumatera Barat katak ini sudah jarang ditemukan pada habitatnya karena populasi menurun. Turunnya populasi disebabkan oleh penangkapan yang tidak terkontrol oleh masyarakat untuk diekspor ke luar negeri untuk dikonsumsi dan juga diakibatkan serta penggunaan pestisida yang dapat mematikan kecebong dan anak-anak katak yang sedang tumbuh serta karena kerusakan habitat. (van Dijk dan Djoko, 2015). Pada masa yang akan datang, tekanan terhadap populasi katak akan terus berlanjut dan bukan tidak mungkin pada suatu saat spesies tersebut akan punah.

Status spesies ini menurut IUCN sebagai “Hampir Terancam” karena populasi spesies ini menurun secara signifikan karena ditangkap terus menerus untuk diekspor dan habitatnya menyusut, membuat spesies dekat dengan kualifikasi rentan (van Dijk dan Djoko, 2015). Untuk itu perlu dilakukan konservasi pada jenis katak tersebut. Hal ini mengalami kendala karena belum adanya informasi mengenai variasi genetik spesies tersebut. de Bruyn 2008, menyatakan bahwa informasi variasi genetik suatu species sangat penting

diketahui karena makin tinggi variasi genetik suatu species maka makin mampu beradaptasi dengan lingkungannya.

Informasi mengenai variasi genetik dan filogenetik merupakan hal yang penting dalam konservasi. Variasi genetik meliputi variasi morfologi maupun molekuler. Data diversitas genetik suatu organisme sangat penting untuk diketahui, karena variasi genetik mempengaruhi eksistensinya di alam. Organisme yang memiliki diversitas genetik yang tinggi akan memiliki daya adaptasi yang tinggi terhadap perubahan lingkungan. Variasi genetik suatu makhluk hidup dapat muncul karena mutasi, seleksi alam, pengaruh lingkungan dan perkawinan. Apabila faktor tersebut muncul dapat menyebabkan terjadinya perubahan genetik individu dan selanjutnya terjadi perubahan susunan genetik populasi yang terbentuk dari individu tersebut. (Kurniawan, Djong, Igawa, Daicus, Yong, Wanichanon, Khan, Iskandar, Nishioka dan Sumida, 2010); (Wati dan Djong, 2013).

Kajian variasi genetik dapat diterapkan dengan menggunakan metode morfometrik dan pendekatan studi molekuler. Kedua metode ini sering digunakan secara bersamaan untuk mendapatkan variasi atau diferensiasi spesies. Morfometri dilakukan dengan pengujian terhadap karakter morfologi serta menjelaskan perbedaan dan persamaan antar populasi, variasi genetik, diferensiasi spesies dan untuk identifikasi suatu spesies ( Alam, Kurabayashi, Hayashi, Sano, Khan, Fujii, dan Sumida. 2010.); (Matsui, Belabut, dan Ahmad, 2014); (Ohler, Dutta, dan Dubois, 2015). Analisis diversitas genetik secara molekuler dalam dan antar populasi dapat dilakukan dengan menggunakan penanda genetik. Salah satu penanda molekuler yang digunakan adalah *random amplified polymorphic DNA* (RAPD). RAPD digunakan untuk mengidentifikasi gen, karena memiliki kelebihan dalam pelaksanaan dan analisis. RAPD memerlukan ekstraksi DNA, kondisi amplifikasi optimum, dan analisis data yang kesemuanya dapat dilakukan dalam waktu yang relatif cepat (Stayton, 2005). Sedangkan untuk mempelajari hubungan filogenetik dapat digunakan sitokrom b mitokondria. Sitokrom b adalah bagian dari sitokrom pada transpor elektron yang terletak di rantai respirasi mitokondria dan dikodekan oleh

Deoxyribonucleic Acid mitokondria (mtDNA). Studi yang melibatkan sitokrom b telah menghasilkan skema klasifikasi baru dan telah digunakan untuk menetapkan spesies baru serta memperdalam pemahaman hubungan kekerabatan spesies.

Variasi genetik meliputi morfologi dan molekuler serta hubungan filogenetik spesies *L.blythii* yang terdapat di Sumatera dan Asia Tenggara sampai sekarang masih belum dipahami dengan baik. Banyak pertanyaan mengenai hubungan antara spesies dan anggota spesies pada geografi berbeda belum terjawab. Untuk lebih memahaminya perlu dianalisis keragaman genetik dari karakter morfologi dan molekuler berdasarkan populasi yang berbeda di Sumatera Barat dengan daerah lain di Asia Tenggara serta hubungan filogenetik intra spesies dan diantara spesies *L.blythii* kompleks. Di sisi lain, status taksonomi jenis ini hingga kini masih belum dapat dipastikan, dan posisi taksonominya hanya berdasarkan karakter morfologi saja.

Memahami dan mempertahankan Variasi genetik untuk tujuan konservasi sangat penting bagi suatu populasi karena variasi genetik dapat digunakan sebagai petunjuk mengenai keadaan populasi di masa mendatang (Rowley, Brown, Bain, Kusriani, Inger, Stuart, dan Wogan, 2010; Kusriani, Fitri, dan Yazid, 2006). Oleh karena itu, untuk mengetahui keanekaragaman dan hubungan kekerabatan katak ini, serta untuk memastikan identitas dari *L.blythii* dari Sumatra Barat, maka diperlukan rekonstruksi pohon filogeni dengan menganalisis sekuens gen sitokrom b. Gen sitokrom b banyak digunakan dalam analisis filogenetik, karena merupakan salah satu gen yang terdapat di dalam DNA mitokondria yang memiliki kecepatan evolusi dan mutasi yang tinggi dan diturunkan secara maternal.

Berdasarkan hal tersebut di atas maka analisis variasi genetik intra populasi dan antar populasi meliputi morfologi dan molekuler serta hubungan kekerabatan *L.blythii* di Sumatera Barat dengan spesies kompleks lainnya di Asia Tenggara penting dilakukan untuk merumuskan strategi konservasi dan pelestariannya dimasa yang akan datang.

## 1.2. Perumusan Masalah

Berdasarkan hal yang telah dikemukakan di atas, maka dilakukan penelitian dengan perumusan masalah sebagai berikut:

1. Bagaimanakah variasi genetik *L.blythii* di Sumatera Barat berdasarkan morfologi
2. Bagaimanakah variasi genetik *L.blythii* di Sumatera Barat berdasarkan molekuler.
3. Bagaimanakah hubungan filogenetik *L.blythii* kompleks di Sumatera Barat dengan berdasarkan gen sitokrom b.

## 1.3. Tujuan Penelitian

Tujuan penelitian ini adalah untuk:

1. Menganalisis variasi morfologi *L.blythii* di Sumatera Barat.
2. Menganalisis variasi molekuler *L.blythii* dengan menggunakan teknik RAPD di Sumatera Barat.
3. Menganalisis hubungan filogenetik *L.blythii* kompleks di Sumatera Barat dengan spesies lain di Asia Tenggara dengan menggunakan sitokrom b.

## 1.4. Manfaat Penelitian

Hasil penelitian ini diharapkan dapat bermanfaat sebagai berikut:

1. Memberikan informasi mengenai variasi genetik secara morfologi *L.blythii* di Sumatera Barat.
2. Memberikan informasi mengenai variasi genetik secara molekuler *L.blythii* di Sumatera Barat.
3. Menjelaskan hubungan filogenetik antara populasi *L.blythii* kompleks di Sumatera Barat dengan spesies lain di Asia Tenggara.

