

Struktur Genetik Penyu Hijau Di Kepulauan Derawan, Kalimantan Timur, Dengan Marker Molekul D-Loop Dna Mitokondria

DEWA AYU PUTU ARIE SERATHAN SUPARTHA¹⁾,
I NENGAH WANDIA²⁾, IDA BAGUS WINDIA ADNYANA¹⁾

²Lab. Patologi, ³Lab. Anatomi Veteriner
Fakultas Kedokteran Hewan, Universitas Udayana
Jl.P.B.Sudirman Denpasar Bali tlp. 0361-223791

ABSTRAK

Penelitian ini menggunakan 310 sampel jaringan Penyu Hijau (*Chelonia mydas*) yang ditangkap di ruaya pakan perairan Berau, kemudian akan menampilkan hasil temuan 86 sampel jaringan di Kepulauan Derawan, Kalimantan Timur. Identifikasi asal usul dari Penyu Hijau di ruaya pakan dilakukan dengan menggunakan marker molekul d-loop (*displacement loop*) DNA mitokondria melalui amplifikasi teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Produk PCR kemudian diurutkan (*sequencing*) di *Macrogen inc.* (Korea). Hasil pengurutan kemudian dianalisis menggunakan program MEGA 4.0, DNAsp 5.10, dan BAYES. Penyu Hijau yang ditemukan di habitat pakan tersebut terdiri dari 11 haplotipe yaitu D2 (N=35; 40.7%), C3 (N=19; 22.1%), C5 (N=12; 14%), C14 (N=7; 8.14%), A3 (N=5; 5.81%), E2 (N=2; 2.33%), NEW 1 (N=2; 2.33%), B4 (N=1; 1.16%), NEW 2 (N=1; 1.16%), NEW 3 (N=1, 1.16%), dan NEW 4 (N=1; 1.16%). Selanjutnya persentase kontribusi populasi dari beberapa habitan peneluran dan beberapa unit menejemen dihitung menggunakan *Mixed Stock Analysis* (MSA) dengan program BAYES, dengan hasil presentase Berau *Islands* (56.56%), Sulu *Sea* (52.59%), Papua Nugini (17.48%), dan Mikronesia (13.21%).

Kata Kunci: Ruaya pakan, *Chelonia mydas*, haplotipe, *Mixed Stock Analysis*.

ABSTRACT

*This research used 86 tissue samples of Green Turtles (*Chelonia mydas*) captured in the feeding ground of Berau Isles, then show the result from 86 tissue samples of Derawan Islands, East Kalimantan. The identification of the origin of the Green Turtle in feeding ground using molecular marker d-loop (displacement loop) of mitochondrial DNA then prior to amplification by PCR (Polimerase Chain Reaction) technique. PCR products were then submitted to Macrogen inc. (Korea). The results were for sequencing by MEGA 4.0, DNAsp 5.10, and BAYES programs. Eleven different haplotypes were identified. They are: D2 (N=35; 40.7%), C3 (N=19; 22.1%), C5 (N=12; 14%), C14 (N=7; 8.14%), A3 (N=5; 5.81%), E2 (N=2; 2.33%), NEW 1 (N=2; 2.33%), B4 (N=1; 1.16%), NEW 2 (N=1; 1.16%), NEW 3 (N=1, 1.16%), dan NEW 4 (N=1; 1.16%). The percentage contribution are originated from several nesting habitat populations and management units is showed using the Mixed Stock Analysis (MSA) with the BAYES program data, notably Berau Islands (56.56%), Sulu Sea (52.59%), Papua New Guinea (17.48%), and Micronesia (13.21%).*

Keywords: *Feeding ground, *Chelonia mydas*, haplotype, Mixed Stock Analysis.*

PENDAHULUAN

Penyu Hijau (*Chelonia mydas*) merupakan penyu yang umumnya berhabitat di pesisir pantai, mengkonsumsi lamun sebagai sumber pakan utama, serta berperilaku migrasi dari area bertelur/perkawinan menuju ruaya pakan yang jaraknya dapat mencapai ratusan hingga ribuan kilometer.

Salah satu habitat Penyu Hijau terbesar di Indonesia adalah perairan Berau, Kepulauan Derawan yang terletak di Kabupaten Berau, Kalimantan Timur. Wilayah ini terletak di kawasan laut semi tertutup Sulu Sulawesi. Populasi Penyu Hijau yang bertelur di wilayah ini bahkan diduga lebih tinggi dibandingkan dengan populasi sejenis di *Turtle Islands*, Malaysia (Adnyana, 2003). Perairan ini juga diduga sebagai ruaya pakan terbesar bagi Penyu Hijau di Indonesia (Tomascik *et al.*, 1997).

Tingginya populasi Penyu Hijau di wilayah ini adalah salah satu faktor dipilihnya perairan Berau di kepulauan ini sebagai *icon* dan barometer pengelolaan konservasi Penyu Hijau di Indonesia. Itulah sebabnya sejak tahun 2005 perairan ini telah ditetapkan sebagai Kawasan Konservasi Laut (KKL) (Adnyana *et al.*, 2008).

Upaya perlindungan populasi Penyu Hijau di pantai-pantai peneluran di Indonesia tidaklah cukup hanya dengan pengamanan induk penyu yang naik ke pantai saat bertelur saja. Pengamanan area lain seperti jalur migrasi, habitat perkembangan dan ruaya pakan juga harus diidentifikasi dan dikelola dengan baik. Untuk satwa migrasi seperti penyu, identifikasi habitat-habitat selain habitat peneluran dilakukan dengan aplikasi *metal tag* dan satelit *telemetry*. Dewasa ini, teknik genetik molekuler telah terbukti sangat efisien dan kompliter dengan *metal tag* maupun satelit *telemetry* dalam penentuan cakupan wilayah hidup (*home-range*) penyu. Disinilah pengetahuan mengenai genetika populasi secara molekuler akan sangat membantu dalam menentukan jejaring area perlindungan penyu.

Penelitian yang telah dilakukan oleh FitzSimmons *et al.* (1997) tentang mitokondria DNA (mtDNA) yang merupakan materi genetik yang diturunkan secara maternal dapat digunakan sebagai penanda genetik dalam studi genetika populasi penyu. MtDNA juga dapat digunakan untuk menentukan asal tiap individu yang ditemukan pada ruaya pakan, habitat perkembangan dan di jalur migrasinya (Bowen *et al.*, 1989; Dethmers *et al.*, 2006; Cahyani *et al.*, 2007). Penelitian ini menggunakan marker molekul d-loop (*displacement loop*) DNA mitokondria melalui metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*) dan *sequencing*.

Sejauh ini, informasi atau data tentang struktur genetik Penyu Hijau di ruaya pakan perairan Berau masih sangat terbatas. Berdasarkan alasan tersebut, peneliti tertarik untuk melakukan penelitian mengenai struktur genetik Penyu Hijau di ruaya pakan perairan Berau, Kalimantan Timur, dengan marker molekul d-loop DNA mitokondria. Pengambilan sampel pada penelitian ini dilakukan di perairan Kepulauan Derawan, Maratua.

Hasil penelitian ini kedepan, diharapkan dapat menyediakan informasi lebih akurat mengenai komposisi genetik Penyu Hijau di ruaya pakan (*feeding ground*) perairan Berau, Kepulauan Derawan, Kalimantan Timur, serta memberikan informasi tentang adanya

keterkaitan populasi Penyu Hijau di wilayah tersebut dengan habitat peneluran utama di Australasia.

METODE PENELITIAN

Sebanyak 310 sampel jaringan dari ruaya pakan perairan Berau akan dianalisa, namun hanya akan menampilkan hasil temuan dari 86 sampel jaringan yang berasal dari Kepulauan Derawan, Kalimantan Timur. Penyu Hijau ditangkap dengan cara menyebar jala, selain itu juga dilakukan penangkapan di atas perahu. Kemudian sampel diambil pada jaringan di pangkal *flipper*, disimpan dalam 1,5ml tube yang berisi larutan DMSO 20% sebagai media transport. Selain diambil sampel jaringannya, dilakukan juga pengukuran pada karapasnya untuk kepentingan pendataan. Pengambilan sampel ini dilakukan dengan metode non-random. Selanjutnya sampel dikirim ke Laboratorium Pusat Penelitian Satwa Primata Universitas Udayana.

DNA dari jaringan hidup diisolasi dengan menggunakan *QIAamp DNA Mini Kit* (QIAGEN), 2 unit Taq DNA *Polymerase applied biosystem*, MgSO₄, larutan buffer, dNTP, TAE (*Tris Acetic EDTA*), *gel agarose*, *etidium bromide*, *loading dye*, *marker* (100bp *ladder*, Invitrogen), serta primer LTEi9 (GGGAATAATCAAAAGAGAAGG) dan H950 (GTCTCGGATTTAGGGGTTT), primer yang biasa digunakan untuk sampel Penyu Hijau (Abreu-Grobois *et al.*, 2006).

Variabel penelitian meliputi, jumlah haplotipe dan jenis haplotipe, perbedaan nukleotida antar haplotipe yang diukur dari keragaman haplotipe (*haplotype diversity* = h_d) dan keragaman nukleotida (*nucleotide diversity* = π), dan pohon asal usul (*phylogenetic tree*) untuk mengetahui pengelompokan haplotipe pada populasi Penyu Hijau di ruaya pakan perairan Berau, terutama di Kepulauan Derawan.

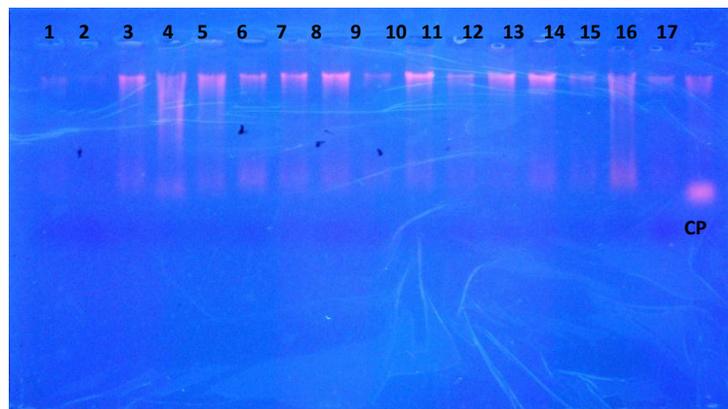
Untuk mengetahui panjang produk PCR dilakukan elektroforesis. *Loading dye* (*Bromphenol-blue* dan *Cyline Cyanol*) ditambahkan sebanyak 1 μ L ke dalam 2 μ L produk PCR. Produk PCR kontrol negatif dan kontrol positif (*marker*) selanjutnya dielektroforesis selama 30 menit dengan tegangan 100volt dalam *gel agarose* 1% dengan pewarnaan *etidium bromide* dengan konsentrasi 25 μ g/ml bersama dengan *marker* 100bp DNA *Ladder*

(Invitrogen). DNA divisualisasikan dengan UV *reader* dan kemudian didokumentasikan dengan kamera. Produk PCR yang berhasil diamplifikasi akan dikirim ke *Macrogen Inc.* (Korea) untuk *disequencing*.

Sekuen diurutkan (*aligned*) menggunakan *Clustal W* dalam Program MEGA 4.0 (Kumar *et al.*, 2004). Kemudian dianalisis dengan program DNAsp 5.10 (Rozas *et al.*, 2003) untuk mengetahui variasi dari setiap sekuen yang unik, mengetahui nilai transisi (*transition*), nilai transversi (*transversion*), jarak genetik (*genetic distance*) dan tempat polimorfik (*polymorphic sites*) dari sekuen haplotipe yang dianalisis. Selain itu dihitung juga jumlah dan persentase dari tiap haplotipe, *haplotype diversity* (hd), *nucleotide diversity* (π). Selanjutnya seluruh parameter dianalisis kembali menggunakan Program MEGA 4.0 (Kumar *et al.*, 2004) untuk mengkalkulasi *genetic distance* antar sekuen dan membuat pohon asal usul dari haplotipe yang diperoleh. Kontribusi individu dari beberapa habitat peneluran pada ruaya pakan ini dianalisis menggunakan *Mixed Stock Analysis* (MSA) dengan program BAYES (Pella *and* Masuda, 2001). Analisis ini membandingkan frekuensi dari haplotipe ruaya pakan perairan Berau dengan frekuensi haplotipe pada 17 unit manajemen di Australasia dari penelitian sebelumnya oleh Dethmers *et al.* (2006).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Panjang produk PCR yang diamplifikasi adalah 821bp. Sekuen produk PCR yang dapat dibaca dengan baik adalah 700bp. Panjang sekuen yang digunakan dalam penelitian ini adalah 384bp sesuai dengan fragmen mtDNA Penyuh Hijau Australasia yang telah dipublikasi oleh Dethmers *et al.* (2006) untuk keperluan perbandingan haplotipe.



Gambar 1. Contoh Hasil Elektroforesis Produk PCR dengan *Gel Agarose* 1% yang Telah Diwarnai dengan *Etidium Bromide* (ket. CP; *Control Positif*, Nomor 1-16 Menunjukkan Respon Positif Berupa Pendaran Cahaya)

Tabel 1. Menampilkan frekuensi haplotipe yang diidentifikasi dari populasi penyu di perairan Berau. Dari tabel tersebut dapat diketahui bahwa Kepulauan Derawan di ruaya pakan perairan Berau didominasi oleh Penyu Hijau haplotipe D2, dengan frekuensi sebanyak 40.7%. Analisis menggunakan program MEGA 4.0 terhadap seluruh sampel yang menghasilkan *haplotype diversity* (hd) sebesar 0.009±0.998 dan *nucleotide diversity* (π) sebesar 0.00172±0.03714.

Tabel 1. Jenis dan Frekuensi Haplotipe Penyu Hijau di Ruaya Pakan Perairan Berau, Kepulauan Derawan, Kalimantan Timur.

| Jenis Haplotipe | A3 | B4 | C3 | C5 | C14 | D2 | E2 | NEW 1 | NEW 2 | NEW 3 | NEW 4 | Total |
|-----------------|------|------|------|----|------|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| Σ | 5 | 1 | 19 | 12 | 7 | 35 | 2 | 2 | 1 | 1 | 1 | 86 |
| % | 5.81 | 1.16 | 22.1 | 14 | 8.14 | 40.7 | 2.33 | 2.33 | 1.16 | 1.16 | 1.16 | 100 |

Sampel jaringan Penyu Hijau diproses dengan metode PCR. Hasil analisis menghasilkan sekuen dengan panjang 384bp (*base pair*), 32 tempat polimorfik, terdiri dari 32 transisi dimana T berubah nukleotidanya menjadi C, yaitu pirimidin ke pirimidin (C-T; T-C) atau dari purin ke purin (A-G; G-A), dari 11 haplotipe sekuen (**Tabel 2**).

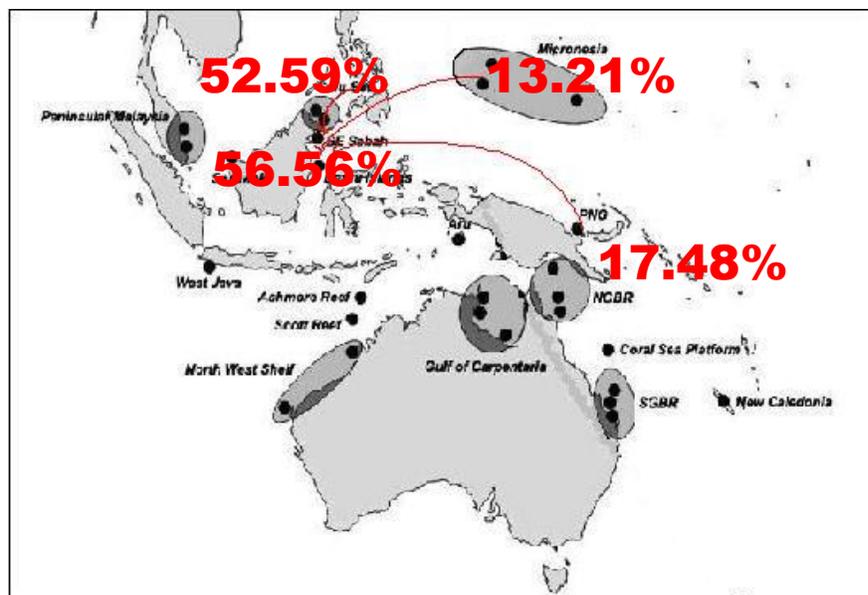
Tabel 2. Tempat Polimorfik dari 11 haplotipe sekuen mtDNA Penyu Hijau di Ruaya Pakan Perairan Berau. Penomoran Berdasarkan posisi panjang Basa 384bp

| Tempat Polimorfik | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | 3 | 3 | 3 | 3 | 3 | 3 | | | | | | | | | | | | |
|-------------------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| A3 | G | G | T | T | G | C | A | A | T | T | C | A | T | A | G | A | A | C | A | G | G | G | T | T | T | C | T | A | C | G | T | G | | |
| B4 | A | A | . | . | T | G | . | . | T | G | . | . | A | G | G | T | G | A | A | . | . | . | C | T | C | G | T | A | . | A | . | . | | |
| C3 | . | A | C | C | A | T | . | . | C | . | . | G | . | G | T | G | A | A | . | C | C | T | C | G | T | A | C | A | . | . | . | . | | |
| C5 | . | A | . | C | A | T | . | . | C | . | . | G | . | G | T | G | A | A | . | C | C | T | C | G | T | A | C | A | . | . | . | . | | |
| C14 | . | A | C | C | A | T | . | . | C | . | . | G | . | T | G | A | A | . | C | C | T | C | G | T | A | C | A | . | . | . | . | . | | |
| D2 | . | A | C | C | A | T | . | G | . | C | . | . | G | . | G | T | G | A | A | . | C | C | T | C | G | T | A | C | A | . | . | . | . | |
| E2 | . | . | . | . | A | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | |
| NEW1 | . | . | . | . | A | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | A | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | |
| NEW2 | . | A | C | C | A | T | . | . | C | . | . | C | . | G | T | G | A | A | . | C | C | T | C | G | T | A | C | A | . | . | . | . | . | |
| NEW3 | . | . | . | . | . | C | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . |
| NEW4 | . | A | C | C | A | T | . | . | C | . | . | . | . | G | T | G | A | A | . | C | C | T | C | G | T | A | C | A | . | . | . | . | . | |

Analisis Bayesian (**Tabel 3.**) memperkirakan persentase kontribusi 17 unit manajemen di Australasia terhadap habitat pakan. Dari 17 unit manajemen di Australasia, kontribusi terbesar berasal dari Kepulauan Berau (56.56%), diikuti unit manajemen Laut Sulu (52.59%), Papua Nugini (17.48%), dan Mikronesia (13.21%)

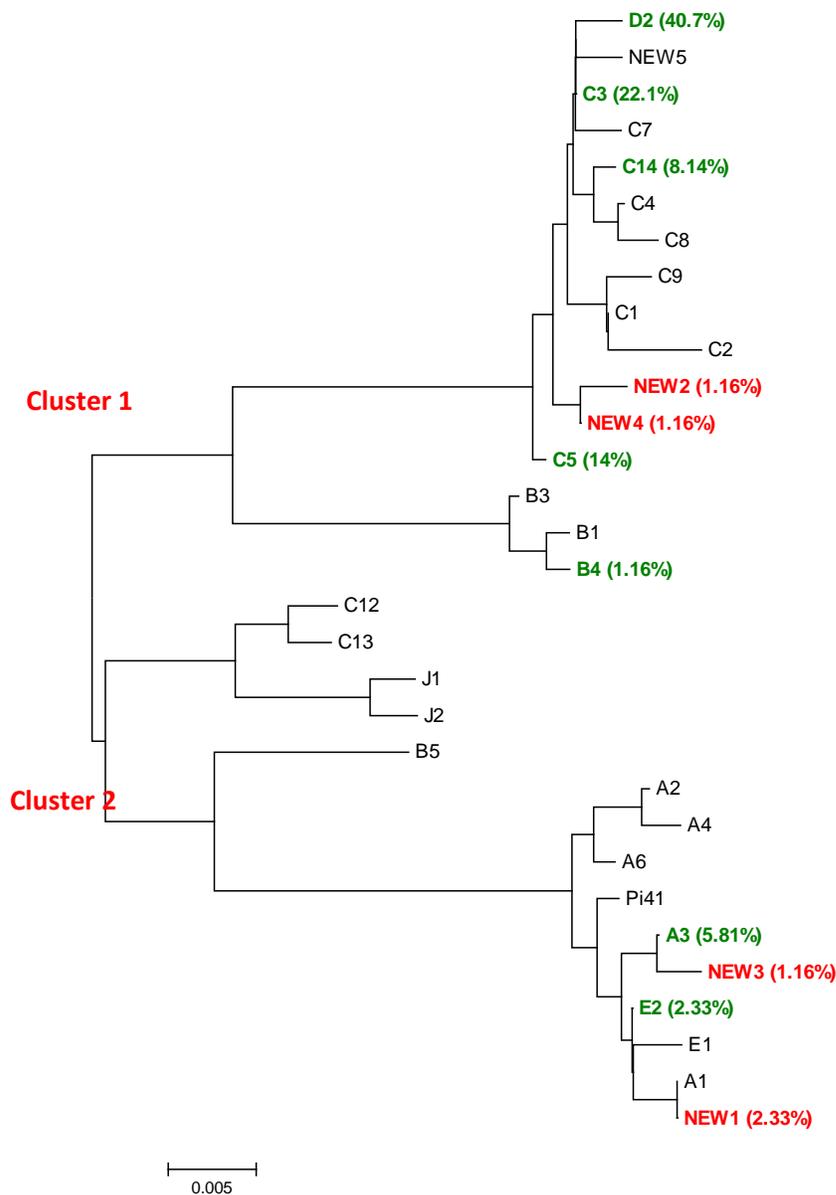
Tabel 3. Perkiraan Kontribusi Unit Manajemen (MU) di Australasia untuk Ruaya Pakan Perairan Berau, Kalimantan Timur

| MU | MEAN | SD | 2.50% | MEDIAN | 97.50% | % KONTRIBUTSI |
|-------------------|--------|--------|--------|--------|--------|---------------|
| NorthWestShelf | 0.0025 | 0.0046 | 0 | 0.0001 | 0.0162 | 1.62 |
| CoralSeaPlat | 0.0003 | 0.0014 | 0 | 0 | 0.0036 | 0.36 |
| GulfofCarpentaria | 0.0004 | 0.0017 | 0 | 0 | 0.0048 | 0.48 |
| NGBR | 0.0003 | 0.0012 | 0 | 0 | 0.0032 | 0.32 |
| SGBR | 0.0003 | 0.0013 | 0 | 0 | 0.0034 | 0.34 |
| AshmoreReef | 0.002 | 0.0088 | 0 | 0 | 0.021 | 2.1 |
| ScootReefs | 0.0006 | 0.0025 | 0 | 0 | 0.0066 | 0.66 |
| Micronesia | 0.0594 | 0.03 | 0.0154 | 0.0545 | 0.1321 | 13.21 |
| Aru | 0.0044 | 0.0115 | 0 | 0 | 0.0428 | 4.28 |
| BerauIslands | 0.4141 | 0.0749 | 0.2688 | 0.4133 | 0.5656 | 56.56 |
| Java | 0.0059 | 0.0197 | 0 | 0 | 0.0685 | 6.85 |
| Sukamade | 0.001 | 0.0044 | 0 | 0 | 0.0102 | 1.02 |
| PeninsulaMalaysia | 0.0017 | 0.0065 | 0 | 0 | 0.0183 | 1.83 |
| Sarawak | 0.0099 | 0.0108 | 0 | 0.0073 | 0.0359 | 3.59 |
| New Caledonia | 0.0003 | 0.0015 | 0 | 0 | 0.0037 | 0.37 |
| PNG | 0.1023 | 0.0365 | 0.0275 | 0.1025 | 0.1748 | 17.48 |
| SuluSea | 0.3945 | 0.0685 | 0.2553 | 0.3961 | 0.5259 | 52.59 |



Gambar 2. Peta Kontribusi Populasi Penyu Hijau di Ruaya Pakan Perairan Berau, dari Beberapa Manajemen Unit (MU) di Australasia (Sumber Peta: Dethmers *et al.*, 2006). Garis-Garis Panah Menunjukkan Pergerakan Penyu Hijau dari Habitat Peneluran Menuju Ruaya Pakan, Sedangkan Angka-Angka pada Gambar Menunjukkan Besar Persentasi Kontribusi Populasi Penyu Hijau di Habitat Peneluran Terhadap Ruaya Pakan

Haplotipe yang ditemukan pada penelitian ini dikelompokkan menjadi dua *cluster* dalam pohon asal usul. *Cluster* pertama adalah D2, C3, C14, C5, B4, NEW 2, dan NEW 4 sedangkan yang *cluster* kedua adalah A3, E2, NEW 1, dan NEW 3. Dari total sampel yang dianalisis, populasi penyu di ruaya pakan perairan Berau, Kepulauan Derawan didominasi oleh D2 (88.42%) oleh kelompok genetik *cluster* pertama (**Gambar 3**).



Gambar 3. Pohon Asal Usul (*Phylogenic Tree*) Penyu Hijau di Ruaya Pakan Perairan Berau, Kepulauan Derawan, Kalimantan Timur. Haplotipe Baru Dicitak dengan Tulisan Berwarna Merah, dan Berwarna Hijau untuk Haplotipe yang Telah Ditemukan di Wilayah Tersebut. Garis Skala Menunjukkan Jarak Genetik 0.005. Angka di Dalam Kurung Menunjukkan Persentase Haplotipe pada Lokasi Penelitian

Keturunan Penyu Hijau yang diidentifikasi dari keseluruhan data di ruaya pakan perairan Berau masih merupakan bagian dari temuan terdahulu (Dethmers *et al.*, 2006), dari 17 haplotipe yang ditemukan di habitat peneluran utama Australasia, 12 diantaranya ditemukan pada ruaya pakan perairan Berau dan 5 haplotipe baru yang belum teridentifikasi dari habitat peneluran manapun, namun dapat diperkirakan 3 haplotipe baru diantaranya berasal dari wilayah pantai peneluran di Indonesia bagian barat dan sisanya di bagian timur. Kesebelas haplotipe tersebut memiliki tingkat keragaman genetik yang tinggi yakni dengan nilai *haplotype diversity* (hd) = 0.009 ± 0.998 dan *nucleotide diversity* (π) = 0.00172 ± 0.03714 . Hal ini menandakan bahwa Penyu Hijau yang berada di ruaya pakan perairan Berau merupakan penyu yang sebagian besar sering berada di wilayah unit-unit manajemen Australasia.

Penelitian sebelumnya yakni sebanyak 51 sampel jaringan yang diambil di Pulau Panjang, Kepulauan Derawan, Kalimantan Timur oleh Cahyani *et al.* (2007) memperlihatkan hasil komposisi genetik dari 15 unit manajemen di Australasia serta persentase kontribusi dari habitat peneluran tersebut dengan *Mixed Stock Analysis* di ruaya pakan populasi Penyu Hijau di Pulau Panjang, Kepulauan Derawan, Kalimantan Timur, yakni dari Kepulauan Berau sebesar 45%, diikuti unit manajemen Laut Sulu (36%), Mikronesia (8%), dan Papua Nugini (6%). Pada penelitian tersebut, ruaya pakan ini diketahui terdiri dari tujuh haplotipe yaitu A3, A4, A6, C3, C5, C14 dan D2, serta didominasi oleh haplotipe D2 dan A3, sedangkan pada penelitian yang kami lakukan di kawasan perairan Berau sebanyak 86 sampel dari 310 sampel yang dianalisis ditemukan 11

haplotipe, yakni A3, B4, C3, C5, C14, D2, E2, NEW1, NEW2, NEW3, dan NEW4. Pada wilayah ini didominasi oleh D2 dan C3.

Melihat sebaran ke-11 haplotipe yang ditemukan di ruaya pakan perairan Berau, Kepulauan Derawan yang ada di Australasia memiliki peluang yang sama untuk berkontribusi. Unit manajemen Pulau Berau mendominasi kontribusi sebanyak 56.56%, sedangkan unit manajemen Laut Sulu, yang terdiri dari habitat peneluran Malaysia *Turtle Islands* dan *Philipine Turtle Islands*, berkontribusi sebanyak 52.59%. Kontribusi lainnya berasal dari unit manajemen Papua Nugini (17.48%), dan Mikronesia (13.21%) (**Tabel 3.**).

Keunikan haplotipe yang ditemukan pada ruaya pakan ini terletak pada 5 haplotipe yang belum teridentifikasi habitat peneluran asalnya. Namun hal ini masih dianggap wajar mengingat masih banyak dan luasnya wilayah pantai peneluran di wilayah peneluran utama Australasia sehingga masih banyak wilayahnya yang belum teridentifikasi secara menyeluruh. Ruaya pakan ini menjadi sangat penting melihat dominasi haplotipe D2 yang ditemukan di perairan ini, ditemukan sebanyak 40.7%. Haplotipe D2 merupakan haplotipe yang dominan ditemukan di unit manajemen Kepulauan Berau dan Laut Sulu. Berdasarkan analisis MSA, wilayah perairan Berau dapat dinyatakan sebagai tempat pakan penting bagi Penyu Hijau yang berasal dari daerah peneluran terdekat.

Setiap ruaya pakan memiliki beberapa habitat peneluran dan unit manajemen tertentu yang berkontribusi terhadap ruaya pakan tersebut. Mengetahui komposisi genetik dan persentase kontribusi di tiap-tiap ruaya pakan adalah penting untuk mengetahui batasan wilayah guna aktivitas konservasi yang akan dilaksanakan. Ruaya pakan perairan Berau selain menjadi daerah pakan dari Berau sendiri, Malaysia, *Philipine*, juga menampung penyu-penyu dari Papua Nugini dan Mikronesia (**Gambar 2.**).

SIMPULAN

1. Sejumlah 11 haplotipe Penyu Hijau ditemukan pada ruaya pakan perairan Berau, Kepulauan Derawan, Kalimantan Timur, yaitu D2 dengan besar kontribusi sebanyak 40.7%, C3 (22.1%), C5 (14%), C14 (8.14%), A3 (5.81%), E2 (2.33%), NEW 1 (2.33%),

B4 (1.16%), NEW 2 (1.16%), NEW 3 (1.16%), dan NEW 4 (1.16%). Terdapat 5 haplotipe baru yang ditemukan di ruaya pakan perairan Berau, 4 haplotipe baru diantaranya terdapat pada Kepulauan Derawan, hal ini dinilai cukup wajar mengingat masih banyaknya pantai-pantai peneluran di wilayah Australasia yang belum diteliti lebih lanjut untuk dijadikan data pembanding.

2. Nilai keragaman haplotipe (h_d) sebesar 0.009 ± 0.998 dan nilai keragaman nukleotida (π) sebesar 0.00172 ± 0.03714 , 44 tempat polimorfik dengan besar rata-rata transisi 32 pasang basa, dan jarak genetik antar haplotipe sebesar 0.005.
3. Kontribusi genetik dari unit-unit manajemen di Australasia menunjukkan adanya kontribusi terbesar yang berasal dari Kepulauan Berau (56.56%), diikuti oleh Laut Sulu (52.59%), Papua Nugini (17.48%), dan terakhir Mikronesia (13.21%).

SARAN

Studi-studi terkait komposisi genetik sebagai dasar pengelolaan konservasi khususnya Penyu Hijau, diharapkan mencakup lebih banyak daerah peneluran dan daerah pakan utamanya di Indonesia, serta keterkaitannya satu dengan yang lain guna mengetahui pola penyebaran terutama. Maka besar harapan dari penelitian ini adalah:

1. Adanya penelitian lebih lanjut untuk mengetahui asal 5 haplotipe baru yang ditemukan pada penelitian ini,
2. Upaya konservasi tidak dapat dilakukan secara individu sehingga diharapkan adanya kerjasama antar negara terkait konservasi Penyu Hijau, mengingat perairan Berau merupakan ruaya pakan penting bagi Penyu Hijau di wilayah peneluran utama Australasia.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih dan penghargaan yang besar kepada Hidayatun Nisa Purwanasari dan Ni Kadek Dita Cahyani atas kesediaan waktu, ilmu, dan kesempatan yang telah diberikan kepada penulis untuk membantu melakukan penelitian dan

menganalisa hasil di bidang genetika molekular. Terima kasih atas semangat serta dukungannya kepada I Made Jaya Ratha, Aldin Khairal Wara (alm), Rangga Wiradharma, Haris Burhan, Magri Nora, Yayan Marchito, dan teman-teman lainnya yang tidak dapat penulis sebutkan satu per satu.

Daftar Pustaka

- Abreu-Grobois F. A., Horrocks J. A., Formia A. 2006. *New MtDNA D-Loop Primers Which Work for a Variety of Marine Turtle Species May Increase the Resolution Capacity of Mixed Stock Analyses. Poster Presented at the 26th Annual Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation, Crete, Greece, 2-8 April 2006. Page: 179.*
- Adnyana, I. B. W. 2003. *Penyu Laut di Kepulauan Derawan, Kalimantan Timur. Laporan untuk WWF Indonesia.*
- Adnyana, I. B. W., Lida Pet Soede, Geoffrey Gearheart, and Matheus Halim. 2008. *Status of Green Turtle (Chelonia mydas) Nesting and Foraging Populations of Berau, East Kalimantan, Indonesia, Including Results from Tagging and Telemetry. Report to WWF Indonesia Turtle Program. Indiana Ocean Turtle Newsletter 7: 2-11.*
- Bowen, Brian W., Anne B. Meylan, and John C. Avise. 1989. *An Odyssey of the Green Sea Turtle: Ascension Island Revisited. Departement of Genetics, University of Georgia, Athens, GA 30602. Page (s) 573-576.*
- Cahyani, Ni Kadek Dita, I. B. W. Adnyana, I W. Arthana. 2007. *Identifikasi Jejaring Pengelolaan Konservasi Penyu Hijau (Chelonia mydas) Melalui Penentuan Komposisi Genetik dan Metal Tag di Laut Sulu Sulawesi. Tesis Megister, Program Magister Ilmu Lingkungan, Universitas Udayana.*
- Dethmers, Kiki E. M., Damien Broderick, Craig Moritz, Nancy N. Fitzsimmons, Colin J. Limpus, Shane Lavery, Scott Whiting, Mick Guinea, Robert I. T. Prince, and Rod Kennett. 2006. *The Genetic Structure of Australasian Green Turtles (Chelonia mydas): Exploring the Geographical Scale of Genetic Exchange. Molecular Ecology, Australia. Page (s) 1-16.*
- Fitzsimmons, Nancy N., Colin J. Limpus, Janette A. Norman, Alan R. Goldizens, Jeffrey D. Miller, and Craig Moritz. 1997. *Phylopatry of Male Marine Turtles Inferred from Mitochondrial DNA Marker. Proc. Natl. Sci. USA. Vol. 94, pp. 8912-8917.*

Kumar, S., K. Tamura, and M. Nei. 2004. *MEGA3: Integrated Software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and Sequence Alignment*. *Briefings in Bioinformatics* 5: 150-163.

Pella, J., and M. Masuda. 2001. *Bayesian methods for analysis of stock mixtures from genetic characters*. *Fish. Bull.* 99:151-167.

Rozas, J., J. C. Sanchez-DelBarrio., X. Messeguer, and R. Rozas. 2003. *DNA_{sp}, DNA Polymorphism Analices by Coalescent and Other Methods*. *Bioinformatics* 19: 2496-2497.

Tomascik T., A. J. Mah, A. Nontji, and M. K. Moosa. 1997. *The Ecology of Indonesian Seas. Part Two, Vol. VIII, Chapter 21. Periplus Edition, pp. 1101-1131.*