

KONSERVASI GENETIKA BADAK SUMATERA DI INDONESIA

CONSERVATION GENETICS OF SUMATRAN RHINOCEROS (*Dicerorhinus sumatrensis*) IN INDONESIA

Handayani^{1*}, Tatang Mitra Setia²

¹Prodi Biologi Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam As-Syafi'iyah, Jl. Raya Jatiwaringin No.12, Jaticempaka, Kec. Pondokgede, Kota Bekasi, Jawa Barat, 17411

² Fakultas Biologi Universitas Nasional, Jl. Sawo Manila, Pejaten Ps. Minggu Jakarta 12520

*Corresponding author: handayani.saintek@gmail.com

Abstrak

Konservasi genetika merupakan salah satu dari aplikasi ilmu genetik yang bertujuan mempertahankan spesies sebagai entitas dinamis yang memiliki kemampuan untuk mengatasi perubahan lingkungan. Berdasarkan gen 12S rRNA dilaporkan bahwa haplotipe di Malaysia dan Sumatera lebih dekat satu sama lain dibandingkan dengan populasi yang ada di Kalimantan. Jarak genetik berdasarkan D-loop menunjukkan individu badak Sumatera memiliki jarak genetik yang berbeda. Keanekaragaman genetik dalam suatu populasi merupakan salah satu cara dari manajemen populasi bagi spesies yang terancam punah. Keragaman genetik turut menentukan keberhasilan konservasi.

Kata kunci: Badak Sumatera; Konservasi; Genetika; Keragaman

Abstract

Genetic conservation is one of the applications of genetic science that aims save species as dynamic entities that have the ability to cope with environmental changes. Based on gene 12S rRNA it is reported that haplotypes in Malaysia and Sumatra are closer to each other compared to the populations in Kalimantan. Genetic distance based on D-loop shows Individual Sumatran rhinoceros has different genetic distances. Genetic diversity in a population that population management for endangered species. Genetic diversity also determines conservation success.

Keywords: *Conservation; Diversity; Genetic; Sumatran rhinoceros;*

PENDAHULUAN

Di dunia terdapat lima jenis badak yang masih hidup, tiga jenis badak yang hidup di Asia, dua jenis diantaranya hidup di Indonesia yaitu badak Sumatera dan badak Jawa, namun kedua jenis badak ini statusnya terancam punah (*Endangered*). populasi badak sumatera berdasarkan data jejak (*footprint*) yang terdapat di dalam kawasan hutan Taman Nasional Way kambas Lampung hanya berjumlah 15-25 ekor, sedangkan Taman Nasional Bukit Barisan Selatan 60-80 ekor, dan Taman Nasional Kerinci Seblat 2-3 ekor, dan hasil survey terbaru pada tahun 2005 populasi badak Sumatera berdasarkan data jejak (*footprint*) yang dilaporkan hanya tinggal 20 -

27 ekor (Isnan *et al.*,2005). Hal ini menunjukkan bahwa populasi yang ada sekarang ini kondisinya semakin menurun.

Variasi genetik telah terbukti terkait langsung dengan daya hidup suatu populasi. Perhitungan keragaman genetik dalam dan antar populasi penting untuk merancang rencana yang bertujuan untuk menjaga keragaman genetik demi mempertahankan persistensi jangka panjang suatu spesies. Beberapa bukti yang berhubungan dengan penurunan keragaman genetik berakibat pada penurunan kemampuan bertahan hidup dan performa individu seperti keberhasilan reproduksi atau daya tahan terhadap penyakit. Namun demikian pola ini tetap ditemukan pengecualian pada hidupan liar di alam (Frankham *et al.*,2010). Oleh sebab itu pengetahuan secara komprehensif tentang keragaman genetik spesies dalam atau antar populasi merupakan langkah penting untuk merancang rencana yang bertujuan menjaga keragaman genetik pada generasi selanjutnya (Li *et al.*,2008).

Kajian genetika konservasi adalah salah satu bagian aplikasi ilmu genetika yang bertujuan mempertahankan spesies sebagai entitas yang dinamis untuk mengatasi perubahan lingkungan. Saat ini, aplikasi teknologi DNA dalam bidang konservasi telah membuka fenomena baru dalam memberikan informasi dasar yang akurat dalam memberikan solusi. Dalam usaha pengembangan populasi, faktor manajemen konservasi diperlukan untuk mempertahankan keberadaan populasi melalui program pengkayaan variasi genetik, di mana dasar informasi dapat diidentifikasi melalui rekonstruksi filogenetik dari suatu populasi (Moritz *et al.*,1996).

Mempertahankan keanekaragaman genetika dalam suatu populasi merupakan salah satu cara dari manajemen populasi bagi spesies yang terancam punah. Keragaman genetik turut menentukan keberhasilan konservasi populasi serta langkah konservasinya lebih terarah (Handayani, 2011).

PERANAN KONSERVASI GENETIKA

Masalah genetik akhir-akhir ini banyak mendapat perhatian dalam hubungannya dengan masalah konservasi. Tolak ukur keberhasilan kegiatan konservasi dapat dilihat dari keanekaragaman genetik yang tinggi, sehingga keberadaan organisme secara alami dapat dipertahankan dalam kurun waktu yang panjang sehingga kepunahannya dapat dihindari. Dengan demikian faktor keragaman genetik menjadi indikator kunci yang utama (Soule, 1983).

Menurut Frankham *et al.*,(2002) konservasi genetika merupakan salah satu dari aplikasi ilmu genetika yang bertujuan mempertahankan spesies sebagai entitas dinamis yang memiliki kemampuan untuk mengatasi perubahan lingkungan, dengan ruang lingkupnya mencakup manajemen genetika populasi berukuran kecil, pemecahan masalah ketidakpastian taksonomi, penentuan unit manajemen intraspesifik, dan penggunaan analisis genetik dalam kegiatan forensik maupun dalam kajian biologi spesifik.

Teknologi DNA molekuler merupakan solusi memberi informasi usaha pengembangan populasi lestari dan berkelanjutan. Gen pada DNA mitokondria (mtDNA) dapat digunakan untuk memecahkan pola diferensiasi genetik pada skala filogenetik yang berbeda. Bagian tertentu dari DNA mitokondria ditandai berdasarkan tingkat evolusi sekuen lebih tinggi yang umumnya digunakan untuk mempelajari tingkat perbedaan genetik antar populasi dan untuk merekonstruksi sejarah pola penyebaran (Avice, 2004).

Dicerorhinus sumatrensis merupakan salah satu satwa endemik Sumatera, oleh karena itu keberadaan satwa ini harus dipertahankan dan berarti bahwa biodiversitasnya harus tetap terjaga dan terpelihara. Mempertahankan keanekaragaman genetik dalam suatu populasi merupakan

salah satu cara dari manajemen populasi spesies yang terancam, dan keragaman turut menentukan keberhasilan populasi untuk dapat beradaptasi kedalam lingkungan yang berubah-ubah. Individu dengan alel tertentu atau kombinasi alel mungkin memiliki sifat-sifat yang sesuai yang diperlukan untuk bertahan dan berkembang biak didalam kondisi yang baru.

Keanekaragaman yang dimiliki dalam suatu populasi inilah yang berpengaruh pada kemampuan adaptasi dalam menghadapi perubahan lingkungan secara terus menerus. Selain itu berkurangnya populasi suatu spesies juga dipengaruhi oleh terfragmentasinya suatu habitat yang akan mendorong terjadinya penurunan genetika dalam populasi. Hal ini disebabkan oleh faktor *gen flow* (putusnya aliran gen), *inbreeding* dan meningkatnya *genetic drift* antar populasi (Frankham *et al.*,2002).

Perkembangan teknik molekuler seperti penemuan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR) yang mampu mengamplifikasi untai DNA hingga mencapai konsentrasi tertentu, penggunaan untai DNA sebagai marker dalam proses PCR, penemuan lokus mikrosatelit dan penemuan metode sekuensing DNA telah menyebabkan ilmu genetika molekuler mempunyai pengaruh yang sangat besar dalam studi biologi suatu populasi.

Memahami dan mempertahankan keragaman genetik suatu populasi sangat penting dalam konservasi karena keragaman genetik yang tinggi akan sangat membantu suatu populasi beradaptasi terhadap perubahan-perubahan yang terjadi di lingkungan sekitarnya, termasuk mampu beradaptasi terhadap penyakit-penyakit yang ada di alam. Sebagai contoh, suatu populasi dengan keragaman genetik yang rendah dapat kita umpamakan sebagai suatu kelompok individu yang saling bersaudara satu sama lain. Sehingga dalam jangka panjang, perkawinan yang terjadi di dalam kelompok tersebut akan merupakan perkawinan antar saudara (*inbreeding*). Kejadian *inbreeding* ini akan menyebabkan penurunan kualitas reproduksi dan menyebabkan suatu individu menjadi sensitif terhadap patogen. Dengan mengetahui status genetik suatu populasi, kita dapat merancang program konservasi untuk menghindari kepunahan suatu spesies.

MtDNA PENANDA GENETIK

Pada umumnya material DNA yang digunakan dalam analisa genetik berasal dari DNA inti, tetapi sumber DNA untuk organisme eukariot dapat pula diperoleh dari organel-organel sitoplasmik. Salah satu organel yang dapat menjadi sumber bahan genetik adalah mitokondria (Duryadi, 2005). DNA mitokondria mengandung sejumlah gen penting untuk respirasi dan fungsi lainnya.

DNA mitokondria berbentuk sirkuler berutas ganda. Setiap mtDNA memberi kode untuk terbentuknya 2 RNA ribosom, 22 RNA transfer dan 13 polipeptida (beberapa belum diketahui fungsinya). Posisi pada mtDNA telah terpetakan, yang terdiri dari daerah 12SrRNA, 16SrRNA, ND1, ND2, CO I, CO II, ATP, CO III, ND3, ND4, ND5, ND6, Cyt b dan D-loop (*displacement loop*) yang terkait dalam proses replikasi (Brown *et al.*,1979). Teknik DNA molekuler ini diketahui dapat digunakan sebagai alat bantu identifikasi jenis melalui urutan sekuen barcode DNA dari gen CO1 (*Cytochrome c oxidase subunit-1*) DNA mitokondria (Hebert *et al.*,2003). Gen CO1 diketahui memiliki variasi dalam spesies (*intraspecies*) rendah, tetapi mempunyai variasi antar taksa (*interspecies*) tinggi (Ward *et al.*,2005; Hajibabaei *et al.*,2006). Amplifikasi fragmen gen CO1 menggunakan primer standard DNA *barcode* yang dikembangkan Ivanova *et al.* (2006)

Kajian komperatif daerah non koding dari DNA mitokondria (D-loop) dari famili *Rhinocerotidae* telah dilakukan secara mendalam yaitu bagian dari segmennya telah diketahui

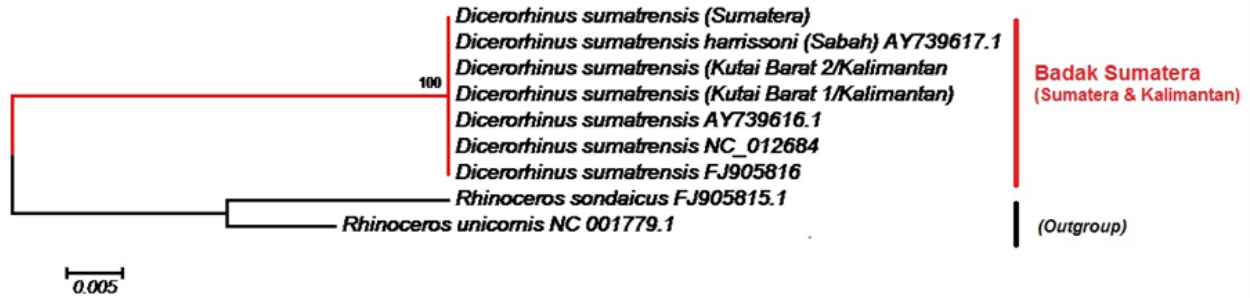
terbagi menjadi tiga bagian utama yaitu *central conserved region*, *left peripheral domain*, dan *right peripheral domain*. Kedua *peripheral domain* tersebut mengapit *central conserved regional*. Daerah *peripheral domain* diketahui sebagai daerah yang sangat bervariasi (*hypervariable*) karena cepat bermutasi, terjadinya delesi, atau insersi dan bahkan terjadi pengulangan pada segmen tertentu. Oleh karena perubahan urutan nukleotida di *peripheral domain* yang tinggi, maka D-Loop digunakan secara luas dalam kajian populasi dan evolusi genetik pada mamalia (Douzery & Randi 1997).

Pada manusia diketahui laju substitusi daerah tersebut kira-kira 2,8 – 5 kali lebih tinggi dari pada laju daerah genom Mt lainnya (Taylor *et al.*,2001). Beberapa peneliti telah menggunakan genom mtDNA untuk analisis keragaman antar spesies maupun intra spesies terutama pada daerah non coding (CR) yaitu daerah yang mengandung D-loop. Diantara peneliti tersebut adalah Fernando *et al.*,(2006), Handayani *et al.*,(2011), Brandt *et al.*,(2018), Steiner *et al.*,(2018).

Cytochrome c oxidase (CO I) merupakan DNA barcoding telah digunakan diantaranya pada jenis burung di Amerika utara dan jenis burung yang telah di barcoding tersebut dilaporkan berjumlah (260- 667 spesies) (Moritz & Cicero 2004). CO I merupakan gen kandidat sebagai DNA barcoding karena memiliki konsentrasi sekuens asam amino yang tinggi dan besar kemampuan pada primer yang digunakan. Menurut Hebert *et al.*,(2003) CO I merupakan resolusi dalam mengetahui keanekaragaman pada semua jenis hewan. Hal ini menunjukkan bahwa gen CO I cukup variable diantara spesies yang dapat digunakan sebagai marker dalam menentukan filogeni dan studi populasi. Selain itu gen CO I mutasinya lebih besar di dibandingkan dengan 12S dan 16S (Hebert *et al.*,2003).

KEKERABATAN BADAH SUMATERA

Berdasarkan penelitian (Zein *et al.*,2019) menggunakan gen 12SrRNA adalah 0% (Gambar 1) lebih lanjut berdasarkan analisis *Population Aggregation analysis* (PAA) dari DNA mitokondrial dari tiga populasi yang terpisah di Malaysia, Sumatera, dan Kalimantan dilaporkan bahwa haplotipe di Malaysia dan Sumatera lebih dekat satu sama lain dibandingkan dengan populasi yang ada di Kalimantan (Amato *et al.*,1995). Laporan lebih dalam hasil analisis diferensiasi genetik berdasarkan sekuens genom DNA mitokondria secara lengkap maka terdeteksi populasi di Sumatera, Kalimantan, dan Semenanjung Malaysia adalah sebagai tiga subspecies badak sumatera yang berbeda. Saat ini yang masih eksis adalah *D. s. sumatrensis* (subspesies Sumatera) dan *D. s. harrisoni* (subspesies Kalimantan). Perkiraan waktu divergensi terjadi sekitar 360.000 tahun yang lalu. Oleh sebab itu disarankan sebagai unit manajemen konservasi yang terpisah (Steiner *et al.*,2018). Namun dikatakan lebih lanjut, pengelolaan subspecies sebagai bagian dari metapopulasi dapat dilakukan sebagai tindakan terakhir untuk menghindari kepunahan mengingat terjadinya penurunan populasi yang cepat walaupun hal ini dilema bagi konservasi.



Gambar 1. Filogeni badak Sumatera berdasarkan gen 12SrRNA (Zein *et al.*,2019)

JARAK GENETIK BADAK SUMATERA

Jarak genetik digunakan untuk melihat kedekatan hubungan genetik antar badak Asia yaitu empat individu badak Sumatera dan satu individu badak India melalui penggunaan analisis perhitungan *Pairwis Distance dengan nilai p-distance*. Matrik perbedaan jarak genetik dari kelima badak tersebut dapat dilihat pada Tabel 1.

Tabel 1. Jarak genetik empat individu badak Sumatera berdasarkan D-loop (Handayani, 2011)

	<i>R. unicornis</i>	Torgamba	Andalas	Rosa	Bina
<i>R. unicornis</i>	-				
Torgamba	0.154	-			
Andalas	0.162	0.056	-		
Rosa	0.155	0.007	0.056	-	
Bina	0.164	0.151	0.152	0.152	-

Jarak genetik menunjukkan Individu badak Sumatera Bina (Bengkulu) berbeda sebesar 0.151 – 0.152 dengan ketiga individu lainnya sedangkan Rosa (Lampung) memiliki jarak genetik yang sangat dekat dengan Torgamba (Riau) sebesar 0.007 namun dengan Andalas (lahir di Cincinnati Zoo namun induknya berasal dari Bengkulu) memiliki jarak genetik sangat jauh sebesar 0.056 (Handayani, 2011).

Perhitungan keragaman genetik dalam dan antar populasi juga penting untuk merancang rencana yang bertujuan untuk menjaga keragaman genetik demi mempertahankan persistensi jangka panjang suatu spesies. Variasi genetik telah terbukti terkait langsung dengan daya hidup suatu populasi hidupan liar. Beberapa bukti yang berhubungan dengan penurunan keragaman genetik berakibat pada penurunan kemampuan bertahan hidup dan performa individu seperti keberhasilan reproduksi atau daya tahan terhadap penyakit. Namun demikian pola ini tetap ditemukan pengecualian pada hidupan liar di alam (Frankham *et al.*,2010). Oleh sebab itu pengetahuan secara komprehensif tentang keragaman genetik spesies dalam atau antar populasi merupakan langkah penting untuk merancang rencana yang bertujuan menjaga keragaman genetik pada generasi selanjutnya (Li *et al.*,2008).

Kajian genetika konservasi adalah salah satu bagian aplikasi ilmu genetika yang bertujuan mempertahankan spesies sebagai entitas yang dinamis untuk mengatasi perubahan lingkungan. Saat ini, aplikasi teknologi DNA dalam bidang konservasi telah membuka fenomena baru dalam memberikan informasi dasar yang akurat dalam memberikan solusi.

SIMPULAN DAN SARAN

Keragaman genetik suatu populasi sangat penting dalam konservasi. Usaha konservasi dalam melindungi keberadaan badak Sumatera menjadi penting karena satwa tersebut memiliki daya dukung terhadap kelangsungan hidup di alam.

Usaha konservasi dalam melindungi keberadaan badak Sumatera harus terus dilakukan, upaya konservasi badak Sumatera secara genetik perlu terus dilakukan, agar informasi plasma nutfah bagi kepentingan jangka panjang dan mendasar dapat diketahui, sehingga usaha konservasi hewan ini dapat dilakukan lebih terarah.

REFERENSI

- Amato, G., Wharton, D., Zainuddin, Z. Z., & Powel, J. R. (1995). Assessment of conservation units for the Sumatran Rhinoceros (*Dicerorhinus sumatrensis*). doi: 10.1002/zoo.1430140502.
- Avise, J.C. (2004). *Molecular Markers, Natural History and Evolution*. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Brandt, J. R., van Coeverden de Groot, K. E., Witt, P. K., Engelbrektsson, K. M., Helgen, R. S., Malhi, O.A., Ryder, A. L., & Roca. (2018). Genetic structure and diversity among historic and modern population of the Sumatran Rhinoceros (*Dicerorhinus sumatrensis*). *Heredity*. 109 (5): 553-565.
- Brown, W. M., George, M., & Wilson, A. C. (1979). Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Genetics*. 76 (4):1967-1971.
- Duryadi, D. (2005). *Prinsip-prinsip dalam teknologi molekuler*. Pelatihan singkat Teknik Biologi Molekuler "kerjasama Pusat Studi Ilmu Hayati, Lembaga penelitian dan Pemberdayaan Masyarakat Institut Pertanian Bogor dan Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi Depdiknas. Bogor.
- Douzery, E., & Randi, E. (1997). The mitochondrial control region of Cervidae: evolutionary patterns and phylogenetic content. *Molecular Biology and Evolution*. 14: 1154-1166.
- Fernando, P., Polet, G., Foad, N., & Linda. (2006). Genetic diversity, phylogeny and conservation of the Javan rhinoceros (*Rhinoceros sondaicus*). *Conservation Genetik*. 7: 439-448..
- Frankham, R., Ballou, J. D., & Briscoe, D.A. (2010). *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Hajibabaei, M., Janzen, D. H., Burns, J. M., Hallwachs, W., & Hebert, P.D.N. (2006). DNA barcodes distinguish species of tropical Lepidoptera. *Proceedings National Academy of Sciences*. USA. 103(4) 968-971.
- Handayani, Solihin, D. D., & Alikodra, H.S. (2011). Analisis DNA Mitokondria Badak Sumatera dalam konservasi genetik. *Prosiding Seminar Nasional Biologi*. Seminar Nasional VIII Pendidikan Biologi, UNS Solo. 439-444.
- Hebert, P. D .N., Cywinska, A., Ball, S.L., & deWaard, J.R.,. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Biological Sciences, Series B*. 270: 313–322.
- Isnan, W., Subrata, D.D., & Van strein, N. J. (2005). Indonesian rhino Conservation Programme (IRCP) 2004. Annual report and summary of relevant data. Pusat Konservasi Badak Indonesia. Bogor.

- Ivanova, N. V., deWaard J. R., & Herbert, P. D. N. (2006). An inexpensive, automation-friendly protocol for recovering high quality DNA. *Molecular ecology Notes*. doi:10.1111/j.1471-8286.2006.0147x.
- Li, J. Y., Chen, H., Lan, X. Y., Kong, X. J., & Min, L. J. (2008). Genetic diversity of five Chinese goat breeds assessed by microsatellite marker. *Czech Journal Animal Sciences* 53(8):315-319).
- Moritz, C., Dowling, T. E., & Brown, W. M. (1987): Evolution of animal mitochondrial DNA relevance for population biology and systematics. *Ann Rev Ecol Syst* . 18: 269-291.
- Moritz, C., & Cicero, C. (2004). DNA Barcoding: Promise and Pitfalls. *journal.pbio*. 2: 1528-1531.
- Steiner, C.C., Houch, M. L., & Ryder, O. A. (2018). Genetic variation of complete mitochondrial genome sequences of the Sumatran rhinoceros (*Dicerorhinus sumatrensis*). *Conservation Genetic* 19:397-408.
- Soule, M. E. (1983). *Genetics and conservation*. Benjamin/cummings publishing. California
- Taylor, R. W., Taylor, G.A., Durham, S. E., & Turnbull, D. M. (2001). the termination of complete human mitochondrial DNA sequences in single cells: implications for the study of somatic mitochondrial DNA point mutations. *Nucleic Acids*. 29: 21-31.
- Zein, M. S. A., Fitriana, Y. S., Kurniawan.Y., Chaerani, K., & Sirupang, M. (2019). Kajian Genetika untuk Konservasi Badak Sumatera (*Dicerorhinus sumatrensis* Gloger, 1841). *Biologi Indonesia*. 15(1): 75-87
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., & Hebert, P. D. N. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the royal B Biological Sciences*. 360:1847-1857. doi: 10.1098/rstb.2005.1716.