

INTISARI

ANALISIS FILOGENETIK TUMBUHAN LAMUN DI SEKOTONG, LOMBOK BARAT DENGAN *DNA BARCODING* GEN *rbcL*

Stevanus

Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada Yogyakarta – Indonesia
email: stevanus@mail.ugm.ac.id

Studi keanekaragaman tumbuhan lamun telah banyak dilakukan di Indonesia dan berbagai tempat di dunia sehingga berbagai data keanekaragaman tersebut telah dihasilkan melalui proses identifikasi morfologi. Namun, hingga saat ini data molekular mengenai keanekaragaman dan analisis filogenetik dari jenis-jenis tumbuhan lamun di Indonesia masih sangat terbatas, sedangkan tekanan aktivitas manusia terhadap lingkungan dapat menjadi faktor pemicu kepunahan spesies tertentu. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi keanekaragaman dan melakukan analisis filogenetik tumbuhan lamun di Lombok Barat dengan menggunakan data molekular. Dari hasil yang ada dapat dibangun sebuah basis data terhadap keanekaragaman lamun di Indonesia. Sebanyak 35 sampel dari tujuh spesies yang teridentifikasi secara morfologi diambil dari empat pantai Gili di Sekotong, Lombok Barat kemudian dilakukan ekstraksi DNA dan amplifikasi terhadap gen *rbcL* dari genom kloroplas. Gen yang telah diamplifikasi kemudian di sekuen dan di BLAST ke GenBank. Analisis filogenetik dilakukan menggunakan tiga algoritma evolusioner, yaitu Neighbor-Joining, Maximum Likelihood dan Bayesian menggunakan MEGA5 dan MrBayes3 dengan *bootstrap* 1000. Locus *rbcL* dari keseluruhan sampel berhasil diamplifikasi dengan panjang maksimum 552 pasang basa. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa terbentuk enam *clade*, yaitu *clade Enhalus acoroides*, *Thalasia hemprichii*, *Halophila complex*, *Halodule pinifolia*, *Syringodium isoetifolium*, dan *Cymodocea rotundata* dengan nilai *bootstrap* di atas 95% untuk Neighbor-Joining dan Bayesian. Pembagian *clade* terjadi berdasarkan Familia dan Genus. Situs polimorfik tidak ditemukan pada intraspesies dan nilai *p-distance* antar *clade* berkisar pada 0,008 – 0,097%. Sekuen *rbcL* belum dapat memberikan gambaran pembagian *clade* berdasarkan spesies sehingga diperlukan analisis lanjutan menggunakan tambahan lokus DNA untuk mengkonfirmasi filogeni hingga pada level spesies.

Kata kunci: lamun, Sekotong, *rbcL*, analisis filogenetik, *DNA barcoding*

ABSTRACT

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF SEAGRASS IN SEKOTONG, WEST LOMBOK BY DNA BARCODING OF *rbcL* GENE

Stevanus

Faculty of Biology Universitas Gadjah Mada Yogyakarta – Indonesia
email: stevanus@mail.ugm.ac.id

Studies on seagrass biodiversity have been done in Indonesia and many sites around the world and produced many data of seagrass biodiversity by morphological identifications. However, the molecular data about biodiversity and phylogenetic analysis of Indonesian seagrass still scanty, whereas the pressure to the ecosystem by human activities can be one of factors to the extinction of certain species. The aim of the research were to identify the biodiversity and analyze the phylogeny of seagrass in West Lombok using molecular data. Results can be used to build database of Indonesian seagrass biodiversity. As many as 35 samples from 7 morphological-identified species were taken from 4 Gili beaches in Sekotong, West Lombok then extracted to gain the DNA and amplified for gene *rbcL* from chloroplast genome. The amplified gene then sequenced and BLAST to GenBank. Phylogenetic analysis was carried out using three evolutionary algorithms, which were Neighbor-Joining, Maximum Likelihood and Bayesian using MEGA5 and MrBayes3 with 1000 bootstrap. *rbcL* loci was successfully amplified from all samples with maximum length of 552 base pairs. Phylogenetic analysis showed that there were 6 clades, which are *Enhalus acoroides*, *Thalassia hemprichii*, *Halophila* complex, *Halodule pinifolia*, *Syringodium isoetifolium* and *Cymodocea rotundata* by more than 95% of bootstrap for Neighbor-Joining and Bayesian. Clades were split by family and genera. Polymorphic site was not found in intraspecies and *p-distance* values was 0.008-0.097%. *rbcL* sequence still not resolve the clade splitting into species level so further analysis using addition loci is needed to confirm the phylogeny into species level.

Keyword: seagrass, Sekotong, *rbcL*, phylogenetic analysis, DNA barcoding