

Analisis Kariotipe Ular Trawang (*Coelognathus radiatus*, (Boie 1827))

Tony Febri Qurniawan, Tuty Arisuryanti & Niken Satuti Nur Handayani

Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada Yogyakarta

ABSTRACT

Analysis of Radiated Ratsnakes (*Coelognathus radiatus*, (Boie 1827) Karyotype. Radiated ratsnake is a reptile which has an economic potential an export commodity. However, there are few reports on genetic studies of radiated ratsnake. The aim of this research was to examine chromosome characters of the radiated ratsnake collected from Sewon, Bantul, Daerah Istimewa Yogyakarta. Chromosome preparation method used was splash using blood culture. The results revealed that the diploid chromosome number ($2n$) of radiated ratsnake was 30, classified as metacentric (chromosome pairs number 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, dan 11), submetacentric (chromosome pairs number 12 and 13), and telocentric (chromosome pairs number 14 and 15). Therefore the karyotype formula of radiated ratsnake was $2n = 2x = 30 = 22 m + 4 sm + 4 t$. The result showed that the shortest of short arm chromosomes was $0 \mu\text{m}$, the longest one was $0.665 \pm 0.0504 \mu\text{m}$, the shortest of long arm chromosomes was $0.268 \pm 0.0011 \mu\text{m}$, the longest one was $0.746 \pm 0.0059 \mu\text{m}$, the shortest of total length chromosomes was $0.27 \pm 0.001 \mu\text{m}$, and the longest of total length chromosomes was $1.41 \pm 0.045 \mu\text{m}$. The R value was 5.267 ± 0.15408 indicating that radiated ratsnake from Sewon, Bantul, Daerah Istimewa Yogyakarta has chromosome variation size.

Keywords: *Coelognathus radiatus*, blood culture, chromosome character, karyotype

PENDAHULUAN

Ular trawang atau *Coelognathus radiatus* (Boie, 1827) termasuk kedalam famili *Colubridae* yang diketahui tersebar di 13 negara di Asia (Uetz 2009). Famili ini memiliki anggota paling banyak daripada famili yang lain, yaitu sekitar 1800 spesies atau 70% dari seluruh spesies ular yang hidup di bumi (Zug *et al.* 2001). Selain berperan menjaga keseimbangan rantai makanan di ekosistem, ular trawang bagi beberapa masyarakat Indonesia dapat bernilai ekonomi dengan memanfaatkan kulit

serta dagingnya sebagai komoditas ekspor. Pernah tercatat ratusan ekor ular ini setiap bulannya ditangkap untuk diekspor, baik dijadikan sebagai hewan peliharaan dan pakan maupun dijadikan bahan industri kulit dan makanan (Dephut 2007; 2008; 2009; Wahyuhadi 2000).

Dalam dua puluh tahun terakhir, takson dari ular trawang telah mengalami banyak perubahan. Secara keseluruhan dari tahun 1827 hingga 2007 tercatat terdapat 28 kali perubahan takson dari ular trawang (Uetz, 2009). Perubahan terbaru taksa ular trawang dipublikasikan oleh Ziegler *et al.* (2007)

dengan dimasukkan kembali ular trawang kedalam genus *Coleognathus* berdasarkan morfologi, anatomi, osteologi, perilaku, dan biokimia. Hal tersebut didukung dari publikasi Utiger *et al.* (2002; 2005) yang memperlihatkan hubungan kekerabatan antar ular anggota *Elaphe* auct. secara molekuler dimana ular trawang tergolong kedalam *Oriental Coleognathus Genus*.

Selama ini, identifikasi ular trawang dilakukan dengan mengacu pada deskripsi morfologi dan morfometri. Kelemahan metode ini adalah tidak dapat membandingkan ular trawang yang memiliki hubungan kekerabatan dekat secara taksonomi morfologis dan hubungan evolusi diantaranya. Oleh karena itu, identifikasi ular trawang perlu dilakukan tidak hanya secara morfologi, namun juga secara sitologi dengan melihat karakter kromosomnya. Kromosom sebagai unit dasar kehidupan memiliki peran penting dalam mengontrol aktifitas hidup suatu spesies. Penelitian membuktikan bentuk, ukuran dan jumlah kromosom setiap spesies pada dasarnya selalu tetap, sehingga sangat bernilai untuk tujuan taksonomi, mengetahui keanekaragaman, hubungan kekerabatan dan evolusi, meskipun dalam keadaan tertentu dapat pula terjadi variasi (Dupraw 1970). Jumlah dan ukuran panjang absolut kromosom dapat berbeda-beda antar genus dalam satu famili, meskipun jumlah dasarnya sama. Ukuran ini bervariasi antara 1 hingga 20 kali. Perbedaan ukuran kromosom menunjukkan perbedaan kandungan gen, sedangkan semakin besar perbedaan jumlah kromosom maka semakin jauh

hubungan kekerabatan (Darnaedi 1991). Berdasarkan bentuk, jumlah dan ukuran kromosom dapat dibuat peta standar kromosom suatu spesies yang disebut kariotipe .

Penelitian kariotipe ular-ular yang masih satu genus dengan ular trawang yaitu *Elaphe* antara lain pernah dilakukan oleh Itoh *et al.* (1970) dan Baker *et al.* (1971). Pada tahun 1970, Itoh *et.al* (1970) meneliti mengenai kromosom *Elaphe climacophola* $2n = 36$ dan *Elaphe quadrivirgata* $2n = 36$. Pada tahun 1971, Baker *et.al.* meneliti mengenai kromosom *Elaphe subocularis* $2n = 40$ dan *Elaphe guttata* $2n = 36$. Pada tahun 1980, Mengden dan Stock juga pernah meneliti mengenai kromosom *Elaphe subocularis* $2n = 40$ dan *Elaphe obsolata* $2n = 36$. Penelitian mengenai analisis dan karakterisasi kariotipe ular trawang ternyata masih sangat minim, kariotipe ular trawang dari India pernah dipublikasikan oleh Singh *et al.* (1980) dengan jumlah kromosom $2n = 30$. Sedangkan kariotipe ular trawang dari Indonesia belum pernah dilakukan. Karakterisasi kromosom spesies ular trawang akan sangat berguna sebagai ciri khas karakter spesies tersebut, sehingga nantinya dapat dimanfaatkan dalam bidang taksonomi, sistematik dan konservasi.

BAHAN DAN CARA KERJA

Spesimen ular trawang jantan diperoleh dari sampling di tiga desa yaitu Panggungharjo koordinat S 07°50'03.5" dan E 110°22'14.3" 211 mdpl, Timbulharjo pada koordinat S 07°52'26.7" dan E

110°22'23.1" 205 mpl dan Pendowoharjo pada koordinat S 07°50'58.9" dan E 110°22'27.8" 211 mpl

Selanjutnya untuk protokol kultur darah ular dan teknik preparasi kromosom menggunakan metode Hartley & Horne (1985) dan Amemiya *et al.* (1984).

Pengukuran kromosom menggunakan *AutoCad Map 2000i*. Indeks sentromer (IS) (Levan *et al.*, 1964) yaitu perbandingan rasio lengan panjang dan pendek (RLK) (Brown, 1972) dan indeks asimetri dihitung dengan rumus sebagai berikut :

$$IS = \frac{\text{Panjang lengan pendek kromosom (p)}}{\text{Panjang lengan absolut kromosom (p+q)}} \times 100\%$$

$$ASi = \frac{\text{Panjang lengan panjang kromosom (p)}}{\text{Panjang lengan absolut kromosom (p+q)}} \times 100\%$$

$$RLK = \frac{\text{Panjang lengan panjang kromosom (q)}}{\text{Panjang lengan pendek kromosom (p)}}$$

Nilai Indeks sentromer (IS) dan nilai RLK digunakan sebagai penentu bentuk kromosom dengan menggunakan pedoman bentuk kromosom menurut Levan *et al.* (1964) yang ditunjukkan pada Tabel 1.

HASIL

Hasil pengukuran kromosom dari delapan sel prometafase yang terbaik yang meliputi panjang lengan pendek,

panjang lengan panjang dan panjang absolut kromosom didapatkan pada masing-masing individu diketahui memiliki ukuran kromosom yang berbeda. Variasi ukuran panjang lengan kromosom tersebut lalu dirata-rata untuk diperoleh karakteristik kromosom ular trawang populasi Sewon, Bantul yang akurat seperti yang disajikan pada Tabel 2.

Selanjutnya data karakter kromosom dianalisis secara deskriptif dan disajikan dalam bentuk kariotipe dan idiogram. Kariotipe dibuat dengan mengurutkan panjang lengan terpanjang sampai terpendek kromosom, kemudian setiap kromosom dipasangkan dengan kromosom homolognya. Pembuatan kariotipe kromosom ular trawang digunakan hasil gambar prometafase yang terbaik (Gambar 1).

Analisis kariotipe dapat digunakan dalam studi perbandingan antar genus dan spesies. Beberapa penelitian menunjukkan bahwa analisis kariotipe dapat membantu dalam menentukan kedudukan suatu takson (Primack 1987). Variasi dari kariotipe dalam satu spesies yang sama seringkali ditemukan pada individu jantan dan betina, sel somatik dan sel gamet, dan populasi dengan letak geografis yang berbeda. Penyiapan bahan medium kultur

Tabel 1. Bentuk kromosom berdasarkan IS dan RLK.

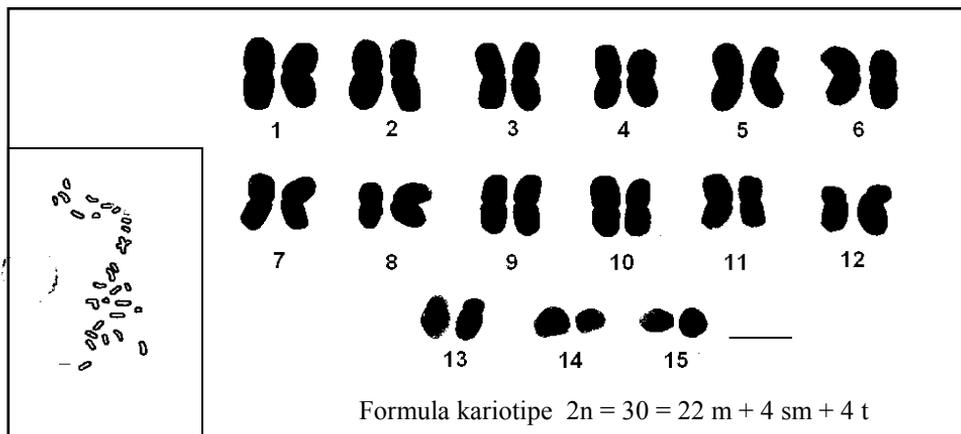
IS	RLK	Bentuk Kromosom
37,50-50,0	1,00-1,68	Metasentris
25,00-37,49	1,68-3,00	Submetasentris
12,50-24,99	3,01-7,00	Akrosentris/ Subtelosentris
0,0-12,49	>7,00	Telosentris

Tabel 1. Bentuk kromosom berdasarkan IS dan RLK

Qurniawan dkk.

Tabel 2. Karakter kromosom ular trawang (*Coleognathus radiatus*) populasi Sewon, Bantul, Provinsi Daerah Istimewa Yogyakarta

Karakter kromosom	Ukuran
Formula kariotipe	$2n = 2x = 30 = 22 m + 4 sm + 4 t$
Panjang absolut kromosom (μm)	Terpendek : 0.268 ± 0.00109 Terpanjang : 1.412 ± 0.453
Panjang lengan panjang (μm)	Terpendek : 0.268 ± 0.00109 Terpanjang : 0.746 ± 0.00594
Panjang lengan pendek (μm)	Terpendek : $0 \pm 0,000$ Terpanjang : 0.666 ± 0.504

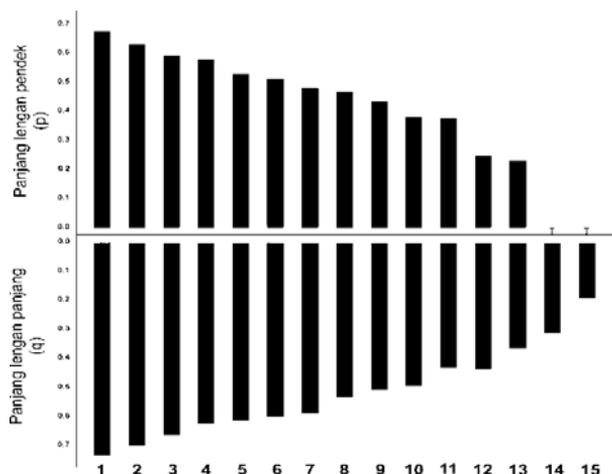


Gambar 1. Kariotipe ular trawang, Sewon. Bar = 1 μm .

PEMBAHASAN

Hasil pengamatan dan penghitungan menunjukkan bahwa masing-masing jumlah kromosom diploid ular trawang dari sampel spesimen yang diteliti adalah $2n = 30$. Pengamatan jumlah kromosom ular trawang jantan populasi Sewon tersebut tidak berbeda dengan hasil penelitian oleh Singh (1980) yang

menyatakan bahwa ular trawang *Elaphe radiata* (*C. radiatus*) betina dari India memiliki kromosom diploid $2n = 30$. Hal tersebut menandakan untuk spesies ular trawang jumlah kromosomnya $2n = 30$. Berbeda dengan spesies anggota genus *Elaphe* secara umum anggotanya memiliki kromosom diploid $2n = 36$, sehingga dari sisi sitologi mendukung Utiger *et al.* (2002; 2005) bahwa ular



Gambar 2. Idiogram ular trawang, Sewon.

trawang direvisi kedalam *Oriental Coleognathus Genus*.

Darnaedi (1991) mengatakan bahwa semakin besar perbedaan jumlah kromosom maka semakin jauh hubungan kekerabatannya. Hasil penelitian ini dapat membuktikan bahwa kemungkinan besar ular trawang memiliki hubungan kekerabatan yang jauh dari genus *Elaphe* dan mendukung revisi taksonomi ular trawang yang dikeluarkan dari genus *Elaphe* dan dimasukkan ke dalam genus tersendiri yaitu Genus *Coleognathus*. Namun, hal ini perlu diselidiki lebih dalam lagi mengingat total dari lima anggota genus *Coleognathus*, tiga diantaranya yang ada di Indonesia (*Coleognathus flavolineata*, *Coleognathus erythrura* dan *Coleognathus subradiata*) masih belum diteliti jumlah kromosomnya. Sehingga saat ini, baru dua spesies saja dari total lima anggota genus *Coleognathus* yang telah diteliti jumlah kromosomnya.

Menurut Levan *et al.* (1964), bentuk suatu kromosom dapat ditentukan dari nilai indeks sentromernya. Berdasarkan Tabel 2, dapat diketahui bahwa ular trawang populasi Sewon memiliki 11 pasang kromosom berbentuk metasentris, 2 pasang kromosom berbentuk submetasentris dan 2 pasang kromosom berbentuk telosentris. Selanjutnya berdasarkan kariotipe yang disusun tampak bahwa formula kariotipe ular trawang jantan populasi Sewon adalah $2n = 2x = 30 = 22 m + 4 sm + 4 t$ (Gambar 1). Formula kariotipe kromosom yang dihasilkan dalam penelitian ini berbeda dengan penelitian yang dilakukan oleh Singh (1980) pada ular trawang populasi India.

Kariotipe kromosom ular trawang pada publikasi Singh (1980) setelah peneliti analisis karakter kromosomnya, penelitian tersebut menunjukkan bahwa ular trawang populasi India memiliki formula kariotipe $2n = 2x = 30 = 14 m +$

6 sm + 10 t. *Cytotype* yang berbeda antara kedua populasi ular trawang tersebut mengarah pada variasi genetik. Perbedaan *cytotype* ini besar kemungkinan disebabkan perbedaan habitat dan lingkungan pada masing-masing populasi yang berhubungan erat dengan proses adaptasi ke arah spesiasi dan evolusi. Menurut Olmo (2005), tingginya kejadian spesiasi dan variasi *cytotype* di taksa ular dikarenakan umumnya ular memiliki karakteristik kromosom berukuran kecil dengan *compartmentalization* yang tinggi sehingga akan meningkatkan frekuensi rekombinasi dan kemampuan *evolutionary strategy* dalam taksa tersebut. Berdasarkan penjelasan di atas dan berdasarkan hasil penelitian setidaknya mendukung pembuktian (Burbrink & Lawson 2006) bahwa proses spesiasi dan evolusi kariotipe ular trawang antara Indonesia dengan India telah terjadi selama 182 tahun terakhir dimana kemungkinan besar kariotipe *holotype* ular trawang dengan kariotipe ular trawang saat ini akan berbeda dalam hal formula kariotipenya seperti perbedaan yang terjadi antara populasi India dengan Sewon. Namun untuk dapat menjelaskan dan membuktikan spesiasi dan evolusi yang terjadi tersebut perlu dilakukan penelitian lebih mendalam lagi dengan menggunakan sampel lebih banyak lagi dengan beragam populasi-populasi di Asia.

Menurut Singh (1999), derajat asimetri kariotipe dapat dijadikan acuan untuk menentukan maju atau primitifnya suatu takson dalam evolusi. Evolusi kariotipe simetris dianggap lebih primitif

dibandingkan kariotipe asimetris. Variasi formula kariotipe menunjukkan ular trawang populasi Sewon dengan indeks asimetri sebesar 56,45% dan ular trawang populasi India dengan indeks asimetri sebesar 64,45% termasuk dalam kariotipe simetris. Hal ini menandakan bahwa ular trawang baik populasi dari India ataupun dari Sewon termasuk ke dalam anggota grup ular kelompok *Old World Ratsnake*.

Menurut Burbrink dan Lawson (2007), ular kelompok *Old World Ratsnake* (Genus *Elaphe*, *Zamenis*, *Rhinechis*, *Oocatochus*, *Orthriophis*, *Euprepiophi*, *Oreocryptophis*, *Coelognathus* dan *Gonyosoma*) awalnya berasal dari Asia tropis. *Old World Ratsnake* muncul pertamakali pada Eosen akhir dan sebagian populasinya mulai menyebar menuju ke barat melalui Beringia pada permulaan Oligosen. Selanjutnya pada Oligosen akhir diperkirakan awal munculnya *New World Ratsnake* (Genus *Arizona*, *Bogertophis*, *Cemophora*, *Lampropeltis*, *Pantherophis*, *Pituophis*, *Pseudelaphe*, *Rhinocheilus*, *Senticolis* dan *Stilosoma*).

KESIMPULAN

Jumlah kromosom diploid ($2n$) ular trawang (*Coleognathus radiatus*) populasi Sewon, Bantul, Provinsi Daerah Istimewa Yogyakarta adalah 30 dengan formula kariotipe $2n = 2x = 30 = 22 m + 4 sm + 4 t$. Karakter kromosom ukuran panjang lengan pendek yang terpendek kromosom ular trawang populasi Sewon adalah $0.00 \pm 0.00 \mu m$, sedangkan

panjang lengan pendek yang terpanjang adalah $0.665 \pm 0.0504 \mu\text{m}$. Adapun panjang lengan panjang yang terpendek adalah $0.268 \pm 0.0011 \mu\text{m}$ dan panjang lengan panjang yang terpanjang adalah $0.746 \pm 0.0059 \mu\text{m}$. Selanjutnya panjang absolut terpendek kromosom ular trawang populasi Sewon mencapai $0.27 \pm 0.001 \mu\text{m}$ dan panjang absolut terpanjang mencapai $1.41 \pm 0.045 \mu\text{m}$.

UCAPAN TERIMA KASIH

Perhargaan yang tinggi dengan ucapan terima kasih disampaikan kepada Dr. Budi Setiadi Daryono, M.Agr.Sc., Drs. Trijoko M.Si., Rury Eprilurahman S.Si dan Kelompok Studi Herpetologi Biologi UGM.

DAFTAR PUSTAKA

- Amemiya, C.T., J.W. Bickham, & J.R. Gold. 1984. A Cell Culture Technique For Chromosome Preparation in Cyprinid Fishes. *Copeia* 1: 232-235.
- Baker, R.J., J.J. Bell, & G.A. Mengdex. 1971. Chromosome of *Elaphe subocularis* (Reptilia: Serpentes), with the description of an in vivo Technique for Preparation of Snake Chromosomes. *Experientia* 27: 1228-1229.
- Brown, W.V. 1972. *Text Book of Cytogenetics*. C.V. Mosby Company, London.
- Bubrink, F.T. & R. Lawson. 2007. How and when did Old World ratsnakes disperse into the New World? *Molecular Phylogenetics and Evolution* 43 173-189
- Darnaedi, D. 1991. *Kromosom dalam Taksonomi*. Herbarium Bogoriense, Puslitbang Biologi-LIPI, Bogor.
- Departemen Kehutanan. 2007. *Realisasi Ekspor Tumbuhan dan Satwa Liar per 30 Mei 2007*. www.dephut.go.id/files/reptil_300507.pdf (diakses 26 April 2008)
- _____. 2008. *Realisasi Ekspor Tumbuhan dan Satwa Liar per 30 Mei 2008*. www.dephut.go.id/files/reptil_311208.pdf (diakses 4 Juli 2009)
- _____. 2009. *Realisasi Ekspor Tumbuhan dan Satwa Liar per 31 Maret 2009*. www.dephut.go.id/files/reptil_31mar09.pdf (diakses 4 Juli 2009)
- Dupraw, E.J. 1970. *DNA and Chromosomes*. New York: Holt, Reinhalt and Winston.
- Hartley, S.E., & M.T. Horne. 1985. Cytogenetic techniques in fish genetics. *J.Fish Biol.* 26 : 575-582.
- Itoh, M., M. Sasaki & S. Makino. 1970. The Chromosomes of some Japanese Snakes, with special regard to Sexual Dimorphism. *Japan Journal Genetics* 45 (2): 121-128.
- Levan, A., K. Fredga, & A.A. Sandberg. 1964. Nomenclature for Centromeric Position on Chromosome. *Hereditas* 52:201-220.
- Olmo, E. 2005. Rate of chromosome changes and speciation in reptiles. *Genetica* 125 : 185-203
- Primack, K. 1987. *Genetic*. The Mac Millan Company. New York.

- Satriyo, S, 1996. *Keanekaragaman Jenis Ular Terrestrial di DIY dan Sekitarnya*. [Skripsi]. Fakultas Biologi UGM. Tidak dipublikasikan.
- Singh, L. 1980. Sex Chromosome Associated Satellite DNA: Evolution and Conservation. *Chromosoma* 79: 137-157.
- Uetz, P. 2009. *Higher Taxa in Extant Reptiles*. TIGR Reptile Database. <http://www.reptile-database.org/db-info/taxa.html>. [online] 20 Juni 2009. (Diakses 1 Juli 2009).
- Utiger, U., B. Schatti & Helfenberger, N. 2005. The Oriental Colubrine Genus *Coelognathus* Fitzinger, 1843 and Classification of Old and New World Racers and Ratsnakes (Reptilia, Squamata, Colubridae, Colubrinae). *Russian J. Herpet.* 12 (1): 39-60.
- Utiger, U., N. Helfenberger, S. Beat, S. Catherine, R. Markus & Z. Vincent. 2002. Molecular Systematics and Phylogeny of Old World and New World Ratsnakes, *Elaphe Auct.*, and Related Genera (Reptilia, Squamata, Colubridae). *Russian J. Herpet.* 9 (2): 105-124.
- Wahyuhadi, SS. 2000. *Perdagangan dan Pemanfaatan Ular Di Daerah Istimewa Yogyakarta dan Sekitarnya*. Naskah Seminar. Fakultas Biologi UGM. Tidak dipublikasikan
- Ziegler, T., R. Hendrix, VN. Thanh, M. Vogt, B. Forster & D. Ngoc Kien 2007. The Diversity of A Snake Community in A Karst Forest Ecosystem in The Central Truong Son, Vietnam, with An Identification Key. *Zootaxa* 1493: 1-40.
- Zug, GR.,LJ.Viit & PC. Janalee 2001. *Herpetology; An Introduction Biology of Amphibian and Reptiles*. 2nd edition. Academy press, London.

Memasukkan: Desember 2011
Diterima: Mei 2012