

TULISAN PENDEK

Kelemahan Gen 12S rRNA Untuk Mempelajari Struktur Populasi Genus *Aethalops* (Chiroptera: Pteropodidae) di Indonesia: Tanggapan Tulisan Maharadatunkamsi & M. Syamsul Arifin Zein pada Jurnal Biologi Indonesia 4 (2): 75-86.

Hari Sutrisno

Museum Zoologicum Bogorienses, Puslit Biologi-LIPI
Jl. Raya Bogor Km 46 Cibinong

Email: hari.sutrisno@lipi.go.id

Tulisan ini bertujuan untuk memberikan tanggapan terhadap tulisan artikel tersebut diatas mengenai penggunaan gen 12S rRNA untuk mempelajari struktur populasi kelelawar genus *Aethalops* yang mana sampel DNA-nya terdiri dari 2 jenis (*A. alecto* dan *A. aequalis*) dengan populasi dari berbagai tempat di Indonesia.

Memilih jenis gen untuk mempelajari tingkat kekerabatan

Memilih suatu gen untuk mempelajari tingkat kekerabatan sebuah populasi atau taxa adalah merupakan titik awal yang sangat menentukan tingkat keberhasilan dalam menjawab hipotesis yang kita ajukan dalam penelitian kita. Hal ini didasarkan kenyataan bahwa setiap individu gen mempunyai laju evolusi yang sangat spesifik sehingga akan sangat menentukan pada tingkat yang mana analisis kekerabatan itu akan dilakukan.

Tidak dapat dibantah lagi bahwa analisis kekerabatan pada tingkat tinggi berbeda dengan analisis kekerabatan pada tingkat rendah. Untuk yang pertama, secara umum gen mitokondria memberikan hasil yang baik. Sedangkan pada kasus yang kedua gen inti tentunya akan memberikan resolusi pada percabangan yang lebih dalam. Namun demikian setiap individu gen baik anggota gen inti maupun gen mitokondria mempunyai laju evolusi yang berbeda. Bahkan ada beberapa kasus yang menunjukkan laju evolusi sebuah gen inti hampir sama dengan laju evolusi sebuah gen mitokondria. Sebagai contoh gen inti *Wingless* pada Genus *Glyphodes* (Lepidoptera) mempunyai laju evolusi yang hampir sama dengan gen mitokondria *COI* (Sutrisno, H. 2006. Evolution of a *Wingless* gen and its utility for inferring the relationship within *Glyphodes* moths. *Hayati* 13(4): 145-150).

Di dalam gen mitokondria sendiri terutama pada serangga dan vertebrata, gen ribosomal RNA (rRNA) mempunyai laju evolusi yang lambat atau lebih konservatif bila dibandingkan gen penyandi protein seperti COI, COII, ND2, ND4 dan lain sebagainya. Sehingga gen ribosoma rRNA baik 12S rRNA maupun 16S rRNA tidak dapat digunakan untuk mempelajari struktur populasi dari kedua kelompok tersebut di atas (Wolstenholme, DR. 1992. Animal mitokondrial DNA: structure and evolution, pp. 173-216. In K. W. Jeon & D. R. Wolstenhome [eds.], Mitokondrial genom. *Int. Rev. Cytol.* 141: 173-216).

Gen 12 S rRNA

Secara umum gen mitokondria pada hampir semua taxa binatang terdiri dari 2 Ribosomal RNA (rRNA), 22 transfer RNA (tRNA) dan 13 gen penyandi protein. Ketiga jenis gen ini berevolusi secara unik sesuai dengan fungsinya.

Gen Ribosomal RNA (rRNA) sudah banyak dipelajari karena peran pentingnya dalam proses sintesa protein. Sehingga karena sifat keberadaannya yang universal, struktur sekuennya yang konservatif dan terdapat dalam jumlah banyak, gen ini telah banyak digunakan untuk mempelajari kekerabatan taxa dari berbagai tingkat kekerabatan termasuk kekerabatan pada tingkat yang paling rendah (*the tree of life*) (Mindell, DP. & RL. Honeycutt 1990. Ribosomal RNA in vertebrata: Evolution and phylogenetic applications. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 21: 541-566).

Perbedaan laju evolusi di dalam rRNA telah banyak dipelajari juga yaitu

dengan cara membandingkan 6 species *Drosophila*, 6 species tonggeret (*Magicialada*) dan 5 jenis Primata. Penelitian menunjukkan bahwa Cicada mempunyai pola evolusi yang kurang lebih sama dengan Primata dibandingkan dengan *Drosophila*, setiap posisi dalam sekuen mempunyai laju evolusi yang sama. Sedangkan pada *Drosophila*, sebagian awal sekuen mempunyai laju yang lebih rendah dibandingkan setengah bagian akhir. Mereka juga menunjukkan bahwa setelah terjadi pemisahan 30-60 juta tahun, rata-rata jarak genetik antara taxa adalah sangat rendah (<4%). Hal ini menunjukkan bahwa rendahnya laju evolusi ini disebabkan oleh struktur atau fungsi dari gen ini (hanya sedikit sisi yang mempunyai variasi) bukan oleh tekanan laju mutasi (Simon, C., F. Frati, A. Beckenbach, B. Crespi, H. Liu & P. Flook. Evolution Weighting and Phylogenetic utility of Mitokondrial gene sekuenes and a compilation of conserved Polymerase Chain Reaction Primers. *Annals of the Entomological Society of America* 87(6): 651)

Hasil penelitian lain yang dilakukan oleh Ballard, JW. O (1994. Sekuence data resolves a morphological conundrum in *Austrosimulium* (Diptera: Simuliidae). *J. Aust. Entomol. Soc.*) juga menunjukkan bahwa urutan basa 12S rRNA (310 bp) dari 2 species Blackflies dari Australia (5 dan 17 individu) mempunyai jumlah variasi yang sangat sedikit sehingga tidak bisa digunakan untuk melihat kekerabatannya. Demikian juga penelitian yang dilakukan oleh Thomas, W. K & A. T. Beckenbach (1989. Variation in salmonid mitokondrial DNA:

Evolutionary constraints and mechanisms of substitution. *J. Mol. Evol.* 29: 233-245) terhadap genus *Stronglyocentrotus* (urchin laut) dengan menggunakan 500 bp gen 12 S hanya menemukan 48 variasi yang mana hanya 6 sisi informatif yang dapat digunakan untuk menganalisis kekerabatan dalam genus ini.

Struktur populasi *Aethalops* berdasarkan gen 12 S rRNA

Berdasarkan karakteristik gen 12 S rRNA yang telah penulis ungkapkan di atas jelas sekali bahwa penggunaan gen ini untuk melihat struktur populasi genus *Aethalops* adalah kurang tepat. Hal ini dapat dilihat dari hasil sekuen yang tampak dengan jelas bahwa jumlah variasi pada sekuen dalam populasi species *A. alecto* jumlahnya sangat sedikit. Sehingga mereka membuat kesimpulan yang kurang tepat dan menganggap bahwa populasi Jawa, Sumatra, Bali dan Lombok adalah sebuah populasi yang mempunyai sebaran yang luas. Hal ini tentunya bertentangan dengan konsep pembagian subspecies yang dilakukan oleh Buadi & JE. Hill (1986. A new subspecies of *Aethalops alecto* (Chiroptera: Pteropodidae) from Java. *Mammalia* 50: 263-266) & Kitchener, DJ., S. Hishesh, L. H. Schmitt & I. Maryanto (1993. Morphological and genetic variation in *Aethalops alecto* (Chiroptera, Pteropodidae) from Java, Bali, Lombok Is, Indonesia. *Mammalia* 57: 255-272) yang memisahkan populasi Sumatra berbeda dengan populasi Jawa, Bali dan Lombok.

Namun demikian gen 12 S rRNA memberikan dukungan yang sangat kuat

bahwa populasi species *A. alecto* adalah benar-benar terpisah dengan populasi species *A. aequalis* dalam kurun waktu yang sudah lama, ditunjukkan oleh jarak genetik yang panjang. Sehingga dapat disimpulkan bahwa kemungkinan gen ini dapat digunakan untuk menggambarkan kekerabatan antar species juga jika proses spesiasinya sudah berlangsung lama.

Yang paling menarik adalah terdapat dua kelompok yang sangat jelas terpisah pada 5 individu pada populasi *A. aequalis*. Penemuan ini adalah sangat menarik karena berdasarkan beberapa pustaka misalnya penelitian pada populasi *Miniopterus schreibersii oceanensis* oleh Appleton, BR & M. Sidhu pada tahun 2007 (unpublished) yang mana data sekuennya sudah disubmit di genbank dengan nomor EU 121395-EU 121409 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) menunjukkan gen mitokondria penyandi protein ND 2-lah yang digunakan melihat kekerabatan antar populasi didalam kelelawar. Sehingga dari hasil yang mereka kemukakan ada dua kemungkinan. Yang pertama adalah bahwa *A. aequalis* terdiri dari 2 subspecies, kemungkinan ke-2 adalah hasil sekuen yang diperoleh tidak akurat dikarenakan kemungkinan terjadinya kontaminasi sampel.

Untuk mendapatkan hasil yang lebih sempurna sebaiknya analisis dilakukan dengan menggunakan gen mitokondria penyandi protein yang mempunyai laju evolusi cepat. Sampel yang digunakan sangat sedikit untuk memberikan gambaran struktur populasi terutama populasi Sumatra yang hanya diwakili

Hari Sutrisno

oleh 1 individu, sehingga penulis sarankan untuk menambah jumlah individu sampel.

Ucapan terimakasih

Dalam kesempatan ini penulis mengucapkan banyak terimakasih kepada Widarteti dan Maharadatunkamsi (Bidang Zoologi, Puslit Biologi-LIPI) yang telah meluangkan waktunya untuk berdiskusi.