

**IDENTIFIKASI MOLEKULER LABI-LABI RAKSASA
(*Pelochelys cantorii*) ASAL PERAIRAN SUNGAI LEMATANG
PROVINSI SUMATERA SELATAN BERDASARKAN GEN 16S
rRNA MITOKONDRIA DAN SUMBANGANNYA PADA
PEMBELAJARAN BIOLOGI**

SKRIPSI

Oleh :

M. Pogy Saputra

NIM: 06091381924050

Program Studi Pendidikan Biologi



FAKULTAS KEGURUAN DAN ILMU PENDIDIKAN

UNIVERSITAS SRIWIJAYA

2023

IDENTIFIKASI MOLEKULER LABI-LABI RAKSASA (*Pelochelys cantorii*) ASAL PERAIRAN SUNGAI LEMATANG PROVINSI SUMATERA SELATAN BERDASARKAN GEN 16S rRNA MITOKONDRIA DAN SUMBANGANNYA PADA PEMBELAJARAN BIOLOGI

SKRIPSI

Oleh :

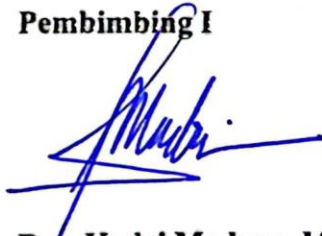
M. POGGY SAPUTRA

NIM: 06091381924050

Program Studi Pendidikan Biologi

Mengesahkan :

Pembimbing I



Drs. Kodri Madang, M.Si., Ph.D.
NIP. 196901281993031003

Pembimbing II



Dr. Ir. Achmad Farajallah, M.Si.
NIP. 196504271990021002

Mengetahui,

Koordinator Program Studi



Dr. Mgs. M. Tibrani, S.Pd., M.Si.
NIP. 197904132003121001



PERNYATAN

Saya yang bertanda tangan di bawah ini :

Nama : M. Poggy Saputra
NIM : 06091381924050
Program Studi : Pendidikan Biologi

Menyatakan dengan sungguh-sungguh bahwa skripsi yang berjudul “Identifikasi Molekuler Labi-labi Raksasa (*Pelochelys cantorii*) Asal Perairan Sungai Lematang Provinsi Sumatera Selatan berdasarkan Gen 16S rRNA Mitokondria dan Sumbangannya pada Pembelajaran Biologi” ini adalah benar karya saya sendiri dan saya tidak melakukan penjiplakan atau pengutipan dengan cara yang tidak sesuai dengan etika keilmuan yang berlaku sesuai peraturan Menteri Pendidikan Nasional Republik Indonesia Nomor 17 Tahun 2010 tentang Pencegahan dan Penanggulangan Plagiat di Perguruan Tinggi. Apabila di kemudian hari, ada pelanggaran yang ditemukan dalam skripsi ini dan/atau ada pengaduan dari pihak lain terhadap keaslian karya ini, saya bersedia menanggung sanksi yang dijatuhkan kepada saya.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sungguh-sungguh tanpa pemaksaan dari pihak manapun.

Palembang, 5 Juli 2023

Yang membuat pernyataan,



M. Poggy Saputra

NIM. 06091381924050

PRAKATA

Skripsi dengan judul “Identifikasi Molekuler Labi-labi Raksasa (*Pelochelys cantorii*) Asal Perairan Sungai Lematang Provinsi Sumatera Selatan berdasarkan Gen 16S rRNA Mitokondria dan Sumbangannya pada Pembelajaran Biologi” disusun untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar Sarjana Pendidikan (S.Pd.) pada Program Studi Pendidikan Biologi, Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan, Universitas Sriwijaya. Penelitian ini merupakan bagian dari program MBKM kerjasama antara Universitas Sriwijaya dan Institut Pertanian Bogor. Dalam mewujudkan skripsi ini, penulis banyak mendapatkan bantuan dari berbagai pihak.

Penelitian ini merupakan bagian dari Penelitian SATEKS PNBK FKIP Unsri Tahun 2023. Penelitian tersebut diketuai oleh Drs. Kodri Madang, M.Si., Ph.D dengan judul Ekplorasi Pengetahuan Lokal Etnozoologi Labi-Labi dan Integrasinya sebagai Materi Ajar Zoologi Vertebrata.

Penulis mengucapkan puji dan syukur kepada Allah SWT yang telah memberikan kesempatan dan kemudahan, sehingga dapat menyelesaikan penelitian serta penulisan skripsi ini dengan baik. Skripsi ini penulis persembahkan kepada kedua orang tua, Bapak (Alm). Marno, S.H. dan Ibu Msy. Tuti. Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada saudara-saudariku M. Rizky Kurniawan dan Indah Putri Lestari yang selalu memberikan dukungan, semangat dan doa yang tak henti untuk kesuksesan penulis.

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Drs. Kodri Madang, M.Si., Ph.D. dan Dr. Ir. Achmad Farajallah, M.Si. sebagai pembimbing atas segala bimbingan yang diberikan dalam penulisan skripsi ini. Penulis juga mengucapkan terimakasih kepada Dr. Hartono, M.A. selaku Dekan FKIP Unsri, Dr. Ketang Wiyono, M.Pd. dan Drs. Kodri Madang, M.Si., Ph.D. sebagai Ketua dan Sekretaris Jurusan Pendidikan MIPA, Dr. Mgs. M. Tibrani, S.Pd., M.Si. sebagai Koordinator Program Studi Pendidikan Biologi sekaligus validator ahli sumbangan pembelajaran, Dra. Lucia Maria Santoso, M.Si. sebagai dosen validator ahli sumbangan pembelajaran,

reviewer dan penguji yang telah memberikan saran-saran perbaikan penulisan skripsi, serta segenap dosen dan staff akademik Pendidikan Biologi yang selalu membantu dan memberikan kemudahan dalam pengurusan administrasi selama penulisan skripsi ini.

Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada ibu Dra. Siti Huzaifah, M.Sc. Ed., Ph. D. dan Dr. Yenny Anwar, M.Pd. selaku pembimbing Akademik yang telah memberikan semangat dan dukungan selama menempuh pendidikan di Program Studi Pendidikan Biologi hingga menyelesaikan penulisan skripsi. Ucapan terima kasih juga dihaturkan kepada Dekan Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan Universitas Sriwijaya dan Kepala Departemen Biologi Institut Pertanian Bogor yang memberikan izin pelaksanaan penelitian ini.

Terima kasih juga kepada teman-teman seperjuangan Maharani Putri Chania, Aidil, dan teman-teman program studi Pendidikan Biologi 2019, kakak dan adik program studi Pendidikan Biologi yang senantiasa membantu, memberikan semangat dan motivasi. Terima kasih juga penulis sampaikan terkhusus kepada Kak Alfyan dan Kak Vina yang telah membimbing penulis saat bekerja di laboratorium IPB. Serta semua pihak yang terlibat dalam penulisan skripsi ini yang tidak dapat dituliskan satu persatu, penulis mengucapkan banyak terima kasih.

Akhir kata, semoga skripsi ini dapat bermanfaat untuk pembelajaran bidang studi Pendidikan Biologi dan pengembangan ilmu pengetahuan, teknologi, dan seni.

Palembang, 5 Juli 2023

Penulis,



M. Poggy Saputra

DAFTAR ISI

HALAMAN MUKA	i
LEMBAR PENGESAHAN	ii
PERNYATAN	iii
PRAKATA	iv
DAFTAR ISI	vi
DAFTAR GAMBAR	viii
DAFTAR TABEL	ix
DAFTAR LAMPIRAN	x
ABSTRAK	xi
ABSTRACT	xii
BAB I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang.....	1
1.2 Rumusan Masalah.....	4
1.3 Batasan Masalah	4
1.4 Tujuan Penelitian	4
1.5 Manfaat Penelitian	4
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	6
2.1 <i>Pelochelys cantorii</i>	6
2.2 Morfologi Labi-labi Raksasa (<i>Pelochelys cantorii</i>)	7
2.3 Persebaran dan Habitat Labi-labi Raksasa (<i>Pelochelys cantorii</i>).....	7
2.4 Kekekabatan labi-labi (<i>Pelochelys sp</i>)	8
2.5 Genom Mitokondria <i>Pelochelys cantorii</i>	9
2.6 Gen 12S dan 16S rRNA sebagai DNA Marker	10
2.7 Ekstraksi DNA	11
2.8 PCR (<i>Polimerase Chain Reaction</i>).....	11
2.8.1 Tahapan PCR	12
2.8.2 Sekuensing DNA	13
2.9 Variasi atau Keragaman Nukleotida.....	13
2.10 <i>E-booklet</i>	14

BAB III METODOLOGI PENELITIAN	15
3.1 Lokasi dan Waktu Penelitian.....	15
3.2 Asal Usul Sampel <i>Pelochelys sp.</i>	15
3.3 Alat dan Bahan	16
3.4 Prosedur Penelitian.....	16
3.4.1 Pengambilan dan Preservasi darah	16
3.4.2 PCR.....	18
3.4.3 Analisis Bioinformatika.....	21
3.5 Sumbangan Materi.....	23
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN.....	26
4.1 Hasil Penelitian.....	26
4.1.1 Karakter Morfologi.....	26
4.1.2 Analisis Amplifikasi Gen	27
4.1.3 Sekuen Gen 16S rRNA, tRNA Leusin, ND1 <i>Pelochelys cantorii</i>	28
4.1.4 Identifikasi dan Analisis Jarak Genetik berdasarkan Gen 16S rRNA .	28
4.1.5 Posisi Filogenetik <i>Pelochelys cantorii</i> terhadap Gen Labi-labi	29
4.2 Pembahasan	30
4.3 Sumbangan Hasil Penelitian E-booklet	30
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN	35
5.1 Kesimpulan.....	35
5.2 Saran.....	35
DAFTAR PUSTAKA	36

DAFTAR GAMBAR

Gambar 1. <i>Pelochelys cantorii</i>	6
Gambar 2. Lokasi penelitian Sungai Lematang bagian ilir.....	15
Gambar 3. Prosedur Penelitian.....	16
Gambar 4. Sketsa pengambilan darah.....	16
Gambar 5. Pengambilan darah.....	17
Gambar 6. Komposisi penyimpanan darah.....	18
Gambar 7. Posisi primer untuk amplifikasi gen 16S rRNA DNA mitokondria.....	19
Gambar 8. Mesin PCR Biometra Thermocycler T Gradient.....	16
Gambar 9. Mesin Elektroforesis Mupid-EX.....	26
Gambar 10. Mesin Visualisasi Gel Doc 2000.....	26
Gambar 11. Aplikasi MEGA Versi 7.0.26.....	27
Gambar 12. Labi-labi <i>Pelochelys cantorii</i>	26
Gambar 13. Kepala Labi-labi.....	26
Gambar 14. Plastron Labi-labi.....	27
Gambar 15. Ekor Labi-labi.....	27
Gambar 16. Amplikon gen 16S rRNA dan ND1 menggunakan primer AF595-596 M : Marker DNA (100 bp), 3 = P1 (Sampel).....	28
Gambar 17. Pohon filogenetik berdasarkan gen 16S rRNA DNA mitokondria menggunakan metode <i>Neighbour Joining</i> dengan model Kimura-2-parameter.....	29

DAFTAR TABEL

Tabel 1 Primer untuk mengamplifikasi gen 16S rRNA	19
Tabel 2 Sumber referensi pembanding ruas gen 16S rRNA labi-labi Trionychidae yang diunduh dari laman (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/).....	22
Tabel 3. Tingkat kriteria penilaian	24
Tabel 4. Variasi persetujuan validitas	25
Tabel 5. Jarak Genetik <i>Pelochelys cantorii</i> (P1) dengan referensi	29
Tabel 6. Analisis CVR dan CVI.....	33

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1. <i>e-booklet</i>	42
Lampiran 2. Dokumentasi Penelitian	78
Lampiran 3. Lampiran Validasi <i>e-booklet</i>	88
Lampiran 4. Surat Usul Judul.....	92
Lampiran 5. SK Pembimbing	93
Lampiran 6. Lembar Persetujuan Seminar Proposal	95
Lampiran 7. Lembar Persetujuan Seminar Hasil.....	96
Lampiran 8. Lampiran Persetujuan Sidang Skripsi.....	97
Lampiran 9. Surat Keterangan Bebas Pustaka UPT Perpustakaan	98
Lampiran 10. Surat Keterangan Bebas Pustaka Ruang Baca FKIP	99
Lampiran 11. Surat Keterangan Bebas Laboratorium.....	100
Lampiran 12. Hasil Cek Plagiasi.....	101

Identifikasi Molekuler Labi-labi Raksasa (*Pelochelys cantorii*) Asal Perairan Sungai Lematang Provinsi Sumatera Selatan Berdasarkan Gen 16S rRNA Mitokondria dan Sumbangannya pada Pembelajaran Biologi

M. Pogy Saputra¹, Kodri Madang², Achmad Farajallah³, Lucia Maria Santoso⁴

¹Mahasiswa Program Studi Pendidikan Biologi FKIP Universitas Sriwijaya

^{2,4}Dosen Program Studi Pendidikan Biologi FKIP Universitas Sriwijaya

³Dosen Departemen Biologi FMIPA Institut Pertanian Bogor

JL. Raya Palembang-Prabumulih KM. 32 Indralaya, OI, Sumatera Selatan 30662

Jl. Raya Dramaga Kampus IPB Dramaga Bogor, Jawa Barat 16680

Email ¹: muhammadpoggysaputra@gmail.com

Email ²: Kodri_Madang@yahoo.co.id

Email ³: Achmad@ipb.ac.id

Email ⁴: Lucia5MS@yahoo.com

ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi Labi-labi Raksasa (*Pelochelys sp*) asal perairan Sungai Lematang Provinsi Sumatera Selatan melalui karakteristik molekuler gen 16S rRNA mitokondria. Metode penelitian adalah deskriptif dengan teknik sampling berdasarkan kejadian dan lokasinya adalah di Perairan Lematang Iir, Desa Modong, Kabupaten Muara Enim. Analisis genetik menggunakan sampel darah putih yang diambil pada bagian aorta dorsalis posterior. Isolasi DNA dan PCR dilaksanakan di dua Labororium Institut Pertanian Bogor. Sekuensing DNA dilaksanakan di Divisi DNA Sekuensing 1st Base Singapura. Analisis posisi filogenetik dilakukan melalui perbandingan anggota Trionychidae yang lain. Hasil penelitian menunjukkan bahwa ruas gen 16S rRNA menghasilkan 1.151 bp. Hasil alignment dengan beberapa jenis dari ordo Triyonichidae menunjukkan jarak genetik *Pelochelys cantorii* (P1) asal Sungai Lematang dengan KT926834, JN016746, JN016747 sebesar 0,0000. Berdasarkan rekontruksi pohon filogenetik melalui metode Neighbour-Joining menempatkan posisi filogenetik *P. cantorii* (P1) asal Sungai Lematang dalam satu klad dengan spesies labi-labi raksasa *Chitra indica*. Implikasi penelitian ini adalah memperkaya pengetahuan dan taksonomi molekuler labi-labi raksasa Indonesia dan menjadi materi pengayaan Zoologi Vertebrata.

Kata-kata kunci : Gen 16S rRNA, *Pelochelys cantorii*

Molecular Identification Of Giant Softshell Turtle (*Pelochelys cantorii*) from Lematang River, South Sumatra Province Based On Mitochondrial 16S rRNA Gene and Its Contribution to Biology Learning

M. Poggy Saputra¹, Kodri Madang², Achmad Farajallah³, Lucia Maria Santoso⁴

¹Mahasiswa Program Studi Pendidikan Biologi FKIP Universitas Sriwijaya

^{2,4}Dosen Program Studi Pendidikan Biologi FKIP Universitas Sriwijaya

³Dosen Departemen Biologi FMIPA Institut Pertanian Bogor

JL. Raya Palembang-Prabumulih KM. 32 Indralaya, OI, Sumatera Selatan 30662

Jl. Raya Dramaga Kampus IPB Dramaga Bogor, Jawa Barat 16680

Email 1: muhammadpoggysaputra@gmail.com

Email 2: Kodri_Madang@yahoo.co.id

Email 3: Achmad@ipb.ac.id

Email 4: Lucia5MS@yahoo.com

ABSTRACT

This study aims to identify Giant Soft-Shell Turtle (*Pelochelys cantorii*) from the waters of the Lematang River, South Sumatra Province, through the molecular characteristics of mitochondrial 16S rRNA genes. The research method is descriptive with sampling techniques based on events and the location is in Lematang Ilir Waters, Modong Village, Muara Enim Regency. Genetic analysis using a white blood cells sample taken in the posterior dorsalis aorta. DNA isolation and PCR were carried out in two laboratories of Bogor Agricultural University. DNA sequencing was performed at Singapore's 1st Base Laboratory. Phylogenetic position analysis was performed through comparison of other Trionychidae members. The results showed that the 16S rRNA gene segment produced 1,151 bp. The results of alignment with several members of the order Trionychidae show the genetic distance of *Pelochelys cantorii* (P1) from the Lematang River with KT926834, JN016746, JN016747 of 0.0000. Based on the reconstruction of phylogenetic trees through the Neighbour-Joining method, the phylogenetic position of *P. cantorii* (P1) from the Lematang River is in one clade with the giant soft-shell turtle species *Chitra indica*. The implication of this research is to enrich the knowledge and molecular taxonomy of Indonesian giant soft-shell turtles and become material for enrichment of Vertebrate Zoology.

Keyword : Gen 16S rRNA, *Pelochelys cantorii*

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Taksonomi hewan merupakan pengelompokan hewan berdasarkan hal yang dapat diukur. Ada dua pendekatan utama yang umum digunakan dalam taksonomi, utamanya dalam identifikasi spesies, pendekatan pertama berdasarkan morfologinya dan pendekatan kedua berdasarkan karakterisasi genetik. Identifikasi berdasarkan karakterisasi gen memberikan informasi tentang kekerabatan genetik serta jenis spesies yang lebih akurat.

Karakter morfologis hewan dapat membedakan karakter taksonomi serta sebagai dasar untuk klasifikasi (Madang, 2021). Selain dengan pendekatan morfologis terdapat pendekatan lain yaitu pendekatan taksonomi secara molekuler. Pendekatan secara molekuler ini penting terutama dalam hal identifikasi spesies karena memungkinkan terjadinya kesamaan nomenklatur di dua spesies berbeda hingga terdapat perbedaan nama pada satu spesies dengan tingkat spesies yang sulit untuk diidentifikasi berdasarkan morfologi serta dipengaruhi oleh objektivitas peneliti (Leksono, 2021). Kondisi ini berlaku juga bagi kelompok hewan Trionychidae yang mencakup beberapa spesies labi-labi.

Kajian molekuler memiliki dampak penting dalam beberapa kajian morfologi mengalami kesulitan dan luasnya karakter yang diteliti (Amin, 2003). Pendekatan molekuler berkontribusi besar dalam mengungkap banyak mekanisme kehidupan sehingga menjadi kajian penting untuk dipelajari, berdasarkan sejarah perkembangan biologi yang bermula dari hal yang bersifat morfologis dikarenakan adanya dukungan perkembangan teknologi untuk kajian ini (Amin, 2015). Penggunaan ilmu molekuler juga digunakan dalam upaya konservasi serta menyusun pohon filogeni (Amin & Lestari, 2015). Berbagai penelitian sejenis berkenaan konsep molekuler juga dikaji oleh (Kasmiruddin, 1998), (Madang, 1999), (Farajallah, 2002) yang menyatakan situasi molekuler di berbagai jenis

organisme.

Labi-labi merupakan anggota Famili Trionychidae, yaitu kura-kura yang hidup di air tawar dan bercangkang lunak. Labi-labi mengalami radiasi spesies sekitar 125 juta tahun yang lalu, mereka menempati habitat air tawar seperti yang tersebar pada 20 ribu tahun yang lalu ketika pulau sumatera terpisah dari daratan Asia, Kalimantan, dan Jawa, sejak saat itu biota yang menempati sungai di pulau-pulau tersebut saling berpisah dan terus mengalami spesiasi (Farajallah, 2002).

Dari sejumlah spesies Labi-labi yang ada, jenis labi-labi raksasa (*Pelochelys cantorii*) merupakan spesies yang telah dilindungi oleh undang-undang. Sampai saat ini taksonomi molekuler labi-labi raksasa khususnya asal Sumatera Selatan belum banyak dilakukan. Selain itu untuk kepentingan konservasi dan koleksi plasma nutfah perlu dilakukan identifikasi dan inventarisasi keragaman genetiknya. Kajian keanekaragaman genetik sebagai kelanjutan kajian morfologi penting bagi perikehidupan labi-labi raksasa di daerah *Endangered* seperti bagian daerah Lematang ilir. Kelompok labi-labi raksasa dilindungi oleh UU Nomor 5 tahun 1990 tentang konservasi sumber daya alam hayati dan ekosistem. Dengan demikian prospek yang akan datang diharapkan keragaman atau profil genetik dan kekerabatan molekuler spesies labi-labi raksasa di Sumatera Selatan dapat ditelusuri kekerabatannya dengan spesies lain.

Keanekaragaman genetik merupakan keragaman struktur hingga fungsi dari kehidupan di tingkat komunitas, ekosistem, populasi, spesies bahkan molekul DNA. Molekul DNA mampu berfungsi sebagai penanda molekular yang sanggup mengidentifikasi perbedaan genetik di taraf DNA sebagai komponen genetik. Karakteristik marka molekular tersebut dapat mengatasi keterbatasan penggunaan marka morfologi karena marka ini tidak terikat dari dampak epistasis, lingkungan serta fenotipe, sehingga mampu menyajikan informasi yang lebih tepat. Identifikasi individu (DNA barcoding), kekerabatan genetik hewan dan hubungan sistematik dalam beberapa hierarki (Lamb, 1995) dapat menggunakan genom mitokondria (mtDNA). Genom DNA mitokondria diwariskan secara maternal dan memiliki laju

mutasi hingga 10 kali lebih cepat dibandingkan DNA inti (Zein., dkk, 1998;Hise., dkk, 1998; Zein & Maharadatunkamsi, 2003).

Genom mitokondria disebagian besar hewan terdiri atas 22 gen yang menyandikan tRNA, 2 gen yang menyandikan rRNA yaitu gen 12S dan gen 16S. Gen 16S ribosomal merupakan gen yang menjadi marka pada identifikasi hewan dan mampu memahami hubungan kekerabatan sekelompok organisme berdasarkan pohon filogenetik dengan tingkat *cryptic* yang tinggi (Aprilia, dkk., 2014). Filogenetika yaitu suatu metode yang umum digunakan dalam sistematika untuk memahami keragaman organisme hidup dengan merekonstruksi hubungan kekerabatan (Twindiko, dkk., 2013). Penelitian DNA sudah dilakukan oleh (Sundari, 2021) dengan spesies labi-labi raksasa yang tertangkap di Bengkulu dan diidentifikasi menggunakan genom mitokondria (mtDNA).

Penelitian ini tidak hanya fokus pada kepentingan konservasi Labi-labi (*Pelochelys cantorii*) akan tetapi dapat menjadi salah satu media pembelajaran kontekstual bagi mahasiswa, khususnya untuk pembelajaran Biologi mata kuliah Zoologi Vertebrata (GBI 321217) materi reptilia. Hal ini diharapkan dapat membantu dosen untuk mengkaitkan materi reptilia yang diajarkannya di tingkat molekuler.

Keadaan saat ini sangat penting dilakukan taksonomi secara molekular, akan tetapi penelitian taksonomi ditingkat molekular di Sumatera Selatan belum banyak dilakukan sehingga hasil dari penelitian yang dilakukan penulis diharapkan dapat memberikan informasi tentang karakteristik tingkat genetik yang ada di spesies labi-labi raksasa (*Pelochelys cantorii*) di Sumatera Selatan dengan dilakukannya analisis gen 16S rRNA sehingga dapat menjadi salah satu sumber dalam kegiatan konservasi di tingkat molekuler.

1.2 Rumusan Masalah

Bagaimana profil karakteristik genetik yang ada pada spesies Labi-labi *Pelochelys sp* asal perairan Sungai Lematang Provinsi Sumatera Selatan berdasarkan gen 16S rRNA.

1.3 Batasan Masalah

Agar terhindar dari perluasan permasalahan, penulis membatasi masalah penelitian yaitu ;

1. Pengambilan sampel dilakukan di kawasan perairan sungai Lematang Provinsi Sumatera Selatan.
2. Variabel yang diamati merupakan runutan nukleotida gen 16S rRNA yang termasuk dalam genom mitokondria (mtDNA) dan dibandingkan kemiripannya dengan spesies Trionychidae berdasarkan data Gen Bank.

1.4 Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk mempelajari profil karakteristik genetik pada urutan nukleotida gen yang termasuk dalam genom mitokondria (mtDNA) labi-labi *Pelochelys sp* asal perairan Sungai Lematang Provinsi Sumatera Selatan dengan menggunakan teknik *Polymerase Chain Reaction* berdasarkan gen 16S rRNA.

1.5 Manfaat Penelitian

Penulis berharap bahwa penulisan penelitian ini dapat memberikan manfaat sebagai berikut :

1. Bagi Mahasiswa

Hasil penelitian ini dapat membantu mahasiswa dalam memfasilitasi bahan ajar di kelas. Mengetahui materi-materi pokok tentang konservasi, dan keanekaragaman genetik tentang labi-labi raksasa *Pelochelys cantorii*.

2. Bagi Pendidik

Hasil dari penelitian ini akan dirancang sebagai media ajar berupa *e-booklet* genetika gen 16S rRNA dalam proses kegiatan pembelajaran mata kuliah Zoologi Vertebrata materi reptilia.

3. Bagi Peneliti

Menambah wawasan dan pengetahuan peneliti tentang profil genetik dan dalam hal konservasi pada tingkat genetik suatu spesies hewan dalam rangka kegiatan pelestarian hewan yang terancam punah.

4. Bagi Masyarakat

Hasil dari penelitian ini diharapkan dapat mengedukasi masyarakat umum tentang pentingnya konservasi terhadap hewan yang dilindungi dalam hal mencegah punahnya suatu spesies hewan langka.

BAB V

KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Labi-labi Raksasa yang ditemukan berasal dari Sungai Lematang, Kabupaten Muara Enim, Sumatera Selatan benar merupakan spesies *Pelochelys cantorii* yang didukung oleh data gen 16S rRNA. Berdasarkan gen 16S rRNA jarak genetik antar individu referensi dengan sampel Sumatera Selatan (P1) lebih dekat dengan referensi *Pelochelys cantorii* (JN016746), (JN016747), (KT962834). *Pelochelys cantorii* (P1) memiliki kekerabatan terdekat dengan spesies *Chitra indica*.

5.2 Saran

1. Penelitian yang akan datang diharapkan dapat menggunakan DNA marker lainnya dari genom mitokondria (mtDNA) seperti gen D-loop dikarenakan pada penelitian ini Gen 16S rRNA yang digunakan sebagai marker tidak dapat membedakan antar individu spesies.
2. Bagi dosen dapat mendorong mahasiswa untuk terlibat dalam penelitian konservasi, baik melalui proyek penelitian mandiri maupun dalam kolaborasi dengan dosen dan peneliti.
3. Bagi mahasiswa dapat lebih mengeksplorasi penelitian atau proyek penelitian konservasi yang sedang berjalan dengan bekerja sama dengan dosen atau peneliti untuk mengumpulkan data, menganalisis hasil, atau mengambil bagian dalam upaya konservasi yang nyata.
4. Bagi pelaku konservasi dapat melakukan kajian molekuler lainnya seperti analisis DNA atau barcode genetik untuk identifikasi secara akurat. Hal ini dapat membantu dalam membedakan spesies yang serupa secara morfologi dan mendukung upaya konservasi spesies yang rentan.

DAFTAR PUSTAKA

- Akihary, C. V., & Kolondam, B. J. (2020). Utilization of the 16S rRNA gene as a bacterial identification device for research in Indonesia. *Pharmacon Journal*. 9(1): 16–22.
- Amin, M. (2003). Characterization and application of molecular markers in the Peking duck and other waterfowl species. *Goettingen Cuviller Verlag Journal*. 49(0):0-5.
- Amin, M. (2016). Biologi sebagai Sumber Belajar untuk Generasi Masa Kini dan Mendatang yang Berintegritas dan Berperadapan Tinggi. *Skripsi*. Kemristekdikti: Universitas Negeri Malang. 1–23.
- Amer, S.A (2009). The complete mitochondrial genome of mitrochondrion *Trionyx triunguis*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AB477345>.
- Aprilia, F. E., Soewondo, A., & Widodo, N. (2014). Amplifikasi Gen COI dan 16s rRNA dari Invertebrata Laut Plakobranchus ocellatus. *Biotropika. Journal of Tropical Biology*. 2(5): 276–278.
- Avise, J. C. (1994). *Molecular markers, natural history and evolution*. Springer Science & Business Media.
- Baek,H.-J., Kim,P., Kim,Y.-C., Kim,A., Kim,S. dan Lee,H. (2021). The complete mitochondrial genome of *Pelodiscus* (maackii). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK377340>.
- Chen,C., Zhu,X. (2020). Complete mitochondrial genome and the phylogenetic position of the Burmese narrow-headed softshell turtle *Chitra vandijki* (Testudines:Trionychidae). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MT683848>.
- Cawthorn, D. M., Steinman, H. A., & Witthuhn, R. C. (2012). Evaluation of the 16S and 12S rRNA genes as universal markers for the identification of commercial fish species in South Africa. *Gene Journal*. 491(1): 40-48.
- Chen, X., Zhou, Z., Peng, X., Huang, X., & Chen, Z. (2013). Complete mitochondrial genome of the endangered Asian giant softshell turtle *Pelochelys cantorii* (Testudinata: Trionychidae). *Mitochondrial DNA Journal*. 24(2): 111-113.
- Chen,H.-Q. & Luo,S.-J. (2016). The complete mitochondrial genome of Yangtze giant softshell turtle yielded by next-generation sequencing. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KU997642>.
- Chen,X., Zhou, Z., Peng,X., Huang,X. dan Chen,Z. (2011). Complete mitochondrial genome of the endangered Asian giant softshell turtle

Pelochelys cantorii (Testudinata: Trionychidae).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/JN016746>.

- Chen,X., Zhou, Z., Peng,X., Huang,X. dan Chen,Z. (2011). Complete mitochondrial genome of the endangered Asian giant softshell turtle *Pelochelys cantorii* (Testudinata: Trionychidae). *Mitochondrial DNA* 24 (2), 111-113.). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/JN016747>.
- Das, I. (2008). *Pelochelys cantorii* Gray 1864 – Asian Giant Softshell Turtle. In *Conservation Biology of Freshwater Turtles and Tortoises* (pp. 011.1-011.6). Chelonian Research Foundation.
- Dayeni, F., Ruyani, A., & Suhartoyo, H. (2020). Development of E-Module Based on Morphometric Studies of the Diversity of Sumatran Turtles for High School Students. *Bencoolen Journal of Science Education and Technology*. 1(2): 61-68.
- Farajallah, A. (2002). *Karakterisasi Genom Mitokondria Labi-Labi, Dogania Subplana* (Trionychidae, Testudines, Reptilia).
- Farajallah A, Suryobroto,B., Setyadji, R., Perwitasari – Farajallah, D. dan Osamu,T. (2010). The complete nucleotide sequence of Malayan soft-shelled turtle (*Dogania suplana*) mitochondrial genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC002780>.
- Hasibuan, E. (2015). Peranan Teknik Polymerase Chain Reaction (PCR) terhadap perkembangan ilmu pengetahuan. Karya Tulis Ilmiah Ini Telah Disetujui Oleh Kepala Laboratorium Terpadu Kultur Sel Dan Jaringan. *Skripsi*. Fakultas Kedokteran: Universitas Sumatera Utara. 1–17.
- Hidayat, T. (2017). DNA Mitokondria (mtDNA) Sebagai Salah Satu Pemeriksaan Alternatif Untuk Identifikasi Bayi Pada Kasus Infantisida. *Jurnal Kesehatan Andalas*. 6(1): 213.
- Hou,X.C. (2022). The complete mitochondrial genome of *Pelodiscus shipian*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/ON463755>.
- Jiang,H. (2021). The complete mitochondrial genome of *Rafetus swinhoei*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK323959>.
- Kasmiruddin. (1998). Morfologi dan Keragaman Genetik Labi-Labi, *Amyda cartilaginea* (Testudines: Trionychidae) dari Bengkulu dan Palembang. *Skripsi*. Program Pascasarjana: Institut Pertanian Bogor.
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Journal of Molecular Biology and Evolution*. 33(7): 1870–1874.
- Kumazawa,Y. & Nishida,M. (1998). Complete mitochondrial DNA sequences of the green turtle and blue-tailed mole skink: statistical evidence

forarchosaurianaaffinityofturtles.<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AB012104>.

- Lamb, T. M. F. O. (1995). *Intraspecific phylogeography of the gopher tortoise, Gopherus polyphemus: RFLP analysis of amplified mtDNA segments*. 1–23.
- Lawshe, C. H. (1975). A quantitative approach to content validity”. *Personnel Psychology. Personnel Psychology Journal*. 28: 563–575.
- Lee, Y.-M., Jung, S.-O., Park, I.-S., Kim, D.S. dan Lee, J.S (2005). The complete mitochondrial genome of the Korean soft-shelled turtle. *Environmental Science, Hanyang University*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AY962573>.
- Leksono, A. S., & Hakim, L. (2021). *Sistematika Hewan Vertebrata*. Universitas Brawijaya Press.
- Luo, H. & Zhang, M. (2020). The complete mitochondrial genome of *Amyda cartilaginea* (Testudines: Trionychidae). *Mitochondrial DNA B Resour* 5 (3), 3670-3672. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MT039230>.
- Luo, H. & Zhang, M. (2020). The complete mitochondrial genome of *Rafetus swinhoei* (Swinhoes soft shelled turtle). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MT039229>.
- Madang, K. (1999). *Morfologi, Habitat dan Keragaman Genetik Kerabat Ikan Belida (Maiacopterygii; Notopteridae) di Perairan Sumatera Selatan*.
- Marwayana, O. N. (2015). Ekstraksi Asam Deoksiribonukleat (DNA) Dari Sampel Jaringan Otot. *Jurnal Oseana*. 15(2): 1–9.
- Nie, L.W. & Liu, J.J. (2011). *Apalone spinifera* mitochondrial DNA complete gene. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/JF966197>.
- Nie, L.W. & Liu, J.J. (2012). The complete mitochondrial genome of *Chitra indica*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/JQ406951>.
- Nie, L.W. & Zhang, Y. (2010). *Rafetus swinhoei* mitochondrial DNA complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/HQ709384>.
- Nie, L.W. & Zhang, Y. (2011). The complete mitochondrial genome of *Pelochelys cantorii* (Cantor's giant softshell turtle). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/JF719809>.
- Oktaviani, D., Andayani, N., Kusrini, M. D., & Nugroho, D. (2017). Identifikasi dan Distribusi Jenis Labi-Labi (Famili: Trionychidae) di Sumatera Selatan. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia*. 14(2): 145.

- Petti, C. A. (2007). Detection and identification of microorganisms by gene amplification and sequencing. *Journal of Clinical Infectious Diseases*. 44(8): 1108–1114.
- Rukmana, H. I. (2018). Kelayakan Media Booklet Submateri Keanekaragaman Hayati Kelas X SMA. *Jurnal Pendidikan Biologi*. 1–13.
- Rhodin, A. G., & Genorupa, V. R. (2000). Conservation status of freshwater turtles in Papua New Guinea. *Journal of Chelonian Research Monographs*. 2: 129-136.
- Saitou, N., & Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Journal of Molecular Biology and Evolution*. 4(4): 406–425.
- Stackebrandt, E., & Goebel, B. M. (1994). What is Specialism, *The Lancet*. 168 (4335): 882–883.
- Sundari, D. (2021). Analisis Kekerabatan Genetik Labi-labi Bengkulu (*Pelochelyls Cantorii*) Berdasarkan Gen 12S rRNA Pada Mitokondria. *Skripsi*. Bogor: IPB.
- Syaifudin, M., Jubaedah, D., Muslim, M., & Daryani, A. (2017). DNA authentication of asian redbtail catfish *hemibagrus nemurus* from musi and penekal river, south sumatra Indonesia. *Genetics of Aquatic Organisms Journal*. 1(2): 43–48.
- Tandon, M., Trivedi, R. & Kashyap, V.K. (2006). The complete mitochondrial genome of *Lissemys punctate*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/EF050073>.
- Twindiko, A. F. S., Wijayanti, D. P., & Ambariyanto. (2013). Genus *Pseudochromis* Dan *Pictichromis*. *Buletin Oseanografi Marini Journal*. 2: 28–36.
- Wan, Q., Yu, P., Zhang, J., Zhou, X., Liu, X. dan Chen, L. (2016). The complete mitochondrial genome of *Palea steindachneri* (wattle-necked softshell turtle). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX882746>.
- Wan, Q., Yu, P., Zhang, J., Zhou, X., Liu, X. dan Chen, L. (2016). The complete mitochondrial genome of *Apalone ferox*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX882744>.
- Webb, R. G. (1995). Redescription and neotype designation of *Pelochelys bibroni* from southern New Guinea (Testudines: Trionychidae). *Journal of Chelonian Conservation and Biology*. 1(4): 301-310.
- Xiaoyou, H., Xiaodan, C., Chen, C., Xiaoli, L., Jian, Z., Quanbo, Q., & Xinping, Z. (2019). Conservation Status of the Asian Giant Softshell Turtle (*Pelochelys cantorii*) in China. *Journal of Chelonian Conservation and Biology*. 18(1): 68–74.

- Yudha, D. S., Sadewa, F. A. T., & Eprilurahman, R. (2020). Characteristics of Shell Bone as an Identification Tool for Turtle Species (Reptiles: Testudines) in Java, Borneo, and Sumatra. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology*. 5(1): 35–43.
- Yu, X.-M., Lin, Y. F., Peng, L. F., Zhang, Y., Lu, S. Q., dan Huang, S. (2019). The complete mitochondrial genome of *Pelodiscus axenaria*. *Mitochondrial DNA B Resour* 4 (2), 2154-2155. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MK867844>.
- Zhang, X.C., Li, W., Zhao, J., Chen, H.G., Shi, Y., Hong, X.Y dan Zhu, X.P. (2015). The Complete Mitochondrial Genome of the Critically Endangered *Pelochelys cantorii* (Testudinata: Trionychidae) isolate Guangyuan and Phylogenetic Analysis of the *Pelochelys* Based on Different Mitochondrial Regions. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KT962834>.
- Zhou, P., Yang, X. L., Wang, X. G., Hu, B., Zhang, L., Zhang, W., & Shi, Z. L. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Journal nature*. 579 (7798): 270-273.