

BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Gastropoda mencakup hampir 80.000 spesies di seluruh dunia yang tersebar di ekosistem darat maupun laut, termasuk padang lamun (Bieler, 1992). Ekosistem padang lamun sendiri memiliki dua fungsi utama: sebagai daerah asuhan (*nursery ground*) yang menyediakan perlindungan dan sumber makanan bagi berbagai jenis ikan dan invertebrata (Carreras-Colom et al., 2024; Heng et al., 2025), serta berperan vital dalam mitigasi perubahan iklim melalui penyerapan dan penyimpanan "karbon biru" pada biomassa dan sedimennya (Heng et al., 2025; Quevedo et al., 2023). Di habitat ini, gastropoda memegang peranan ekologis yang krusial. Sebagai herbivora dan detritivora, mereka membantu mengendalikan pertumbuhan epifit pada daun lamun (Heck & Valentine, 2006). Pengendalian ini sangat penting karena pertumbuhan epifit berlebih dapat menghalangi proses fotosintesis lamun yang pada akhirnya mengancam kesehatan ekosistem secara keseluruhan (Boyd et al., 2022).

Namun, saat ini ekosistem lamun menghadapi berbagai tekanan, mulai dari polusi, pembangunan wilayah pesisir, hingga perubahan iklim (Mahjabin et al., 2023; Tang & Hadibarata, 2022). Selain itu, aktivitas masyarakat pesisir seperti *gleaning* (pengumpulan biota laut di daerah pasang surut) turut menjadi ancaman tambahan (Stiepani et al., 2023). *Gleaning* merupakan kegiatan pemungutan kerang, krustasea, dan invertebrata lain—biasanya dengan tangan kosong atau alat sederhana—yang sering menjadi sumber penting perikanan skala kecil untuk ketahanan pangan komunitas pesisir. Meskipun memiliki nilai ekonomi dan budaya yang kuat (Stiepani et al., 2023; Wallner-Hahn et al., 2022), intensitas *gleaning* yang tinggi dapat mengancam keanekaragaman hayati padang lamun, terutama di area padat penduduk. Kondisi ini dipicu oleh gangguan fisik pada habitat lamun akibat pemijakan berulang (Nadiarti et al., 2021) serta pemilihan pada gastropoda yang tidak tepat yang dapat menyebabkan penurunan populasi gastropoda (Fanoro et al., 2023).

Pemahaman mendalam mengenai kondisi dan keanekaragaman populasi gastropoda menjadi sangat krusial untuk mempertahankan fungsi ekologis ekosistem padang lamun. Hal ini didasarkan pada fakta bahwa ketersediaan data spesies yang akurat merupakan prasyarat utama dalam merumuskan kebijakan pengelolaan sumber daya yang berkelanjutan (Costello



tetapi, upaya identifikasi spesies yang hanya mengandalkan seringkali menemui kendala. Masalah tersebut lazim dijumpai muska yang dikenal memiliki plastisitas fenotipik tinggi serta beradaan spesies kriptik, yakni spesies yang secara genetik sangat sulit dibedakan secara fisik (Puillandre et al., 2014; Sturm

Sebagai solusi, pendekatan DNA *barcoding* hadir untuk merevolusi bidang taksonomi maupun ekologi. Metode ini memanfaatkan fragmen gen standar yang berfungsi sebagai penanda genetik yang efektif untuk identifikasi spesies. Salah satu penanda yang paling umum digunakan adalah gen mitokondria *cytochrome c oxidase subunit I* (COI), karena sifatnya yang cenderung konservatif di dalam satu spesies namun memiliki variasi yang cukup tinggi antarspesies (Salis et al., 2024). Pendekatan DNA *barcoding* ini telah terbukti sangat bermanfaat di ekosistem perairan, di antaranya untuk mendeteksi spesies invasif, memantau populasi laut guna mendukung manajemen perikanan, serta mengungkap keanekaragaman hayati yang tersembunyi di lingkungan akuatik (Heng et al., 2025; Salis et al., 2024), khususnya pada takson moluska (Mai et al., 2025; Remigio & Hebert, 2003).

Praktik pengumpulan moluska dan invertebrata pesisir merupakan aktivitas yang umum dijumpai di kawasan segitiga terumbu karang (*Coral Triangle*), termasuk pada ekosistem padang lamun di perairan Sulawesi (Allen & McKenna, 2001; Ambo-Rappe, 2020). Dari sudut pandang konservasi dan pengelolaan sumber daya, pendataan taksonomi yang akurat terhadap gastropoda target tangkapan menjadi sangat krusial. Namun, meskipun wilayah ini dilaporkan memiliki tingkat keanekaragaman moluska yang tinggi (Allen & McKenna, 2001), ketersediaan data taksonomi gastropoda hasil tangkapan masyarakat masih sangat terbatas, terutama yang dieksplorasi menggunakan pendekatan genetika molekuler.

Berangkat dari kesenjangan informasi tersebut, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi spesies gastropoda yang dikumpulkan oleh masyarakat pesisir di area padang lamun Desa Labuange, Kecamatan Mallusetasi, Kabupaten Barru, Sulawesi Selatan. Proses identifikasi dilakukan melalui pendekatan integratif yang memadukan DNA *barcoding* berbasis gen COI dengan analisis karakter morfologi cangkang. Hasil dari studi ini diharapkan mampu menyediakan pangkalan data DNA *barcoding* yang terverifikasi beserta informasi komposisi taksonomi gastropoda yang bernilai ekonomi. Rangkaian data tersebut nantinya dapat dimanfaatkan sebagai landasan ilmiah yang kuat dalam merumuskan strategi pengelolaan ekosistem padang lamun secara berkelanjutan di Sulawesi Selatan.

1.2 Rumusan masalah

Rumusan masalah pada penelitian yang dilakukan yaitu :

1. Bagaimana keragaman gastropoda yang dikumpulkan oleh masyarakat pesisir di padang lamun Dusun Labuange, Kabupaten Barru, Sulawesi Selatan? ; *gleaning* di padang lamun Dusun Labuange, Kabupaten Barru, Sulawesi Selatan? ; identifikasi morfologi spesies gastropoda hasil *gleaning* dan analisis genetik menggunakan metode DNA *barcoding* (gen



1.4 Tujuan

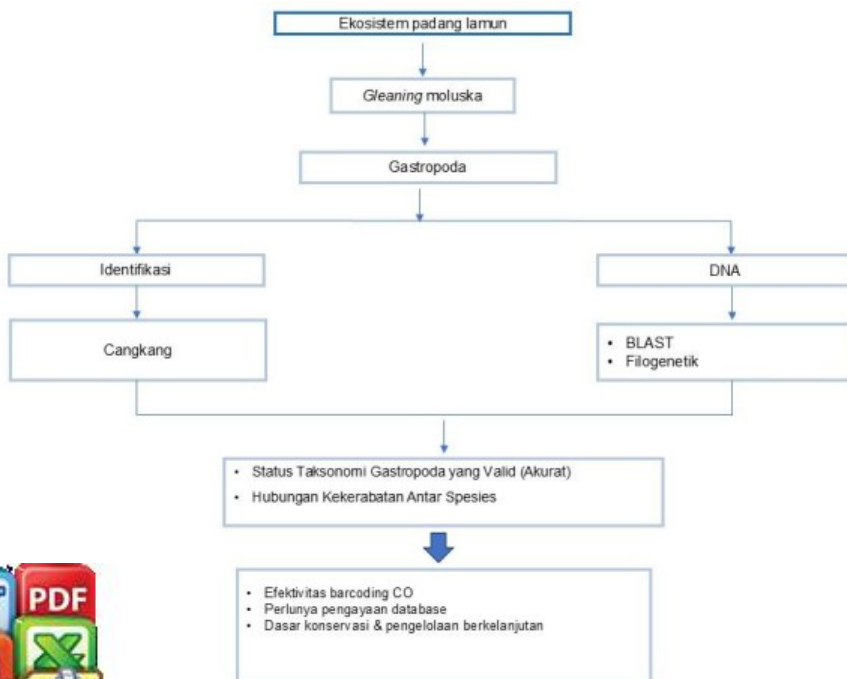
Tujuan dari penelitian ini adalah:

1. Menganalisis keragaman gastropoda yang dikumpulkan oleh masyarakat melalui aktivitas *gleaning* di padang lamun Dusun Labuange, Kabupaten Barru, Sulawesi Selatan
2. Menganalisis keragaman genetik (DNA *barcoding*) gastropoda yang dikumpulkan oleh masyarakat melalui aktivitas *gleaning* di padang lamun Dusun Labuange, Kabupaten Barru, Sulawesi Selatan

1.5 Kegunaan Penelitian

Penelitian ini berguna untuk memperkaya informasi tentang keanekaragaman moluska di padang lamun serta membantu identifikasi spesies secara akurat. Hasilnya dapat digunakan dalam pengelolaan sumberdaya laut yang berkelanjutan dan mendukung upaya pelestarian ekosistem pesisir.

Kerangka Pikir

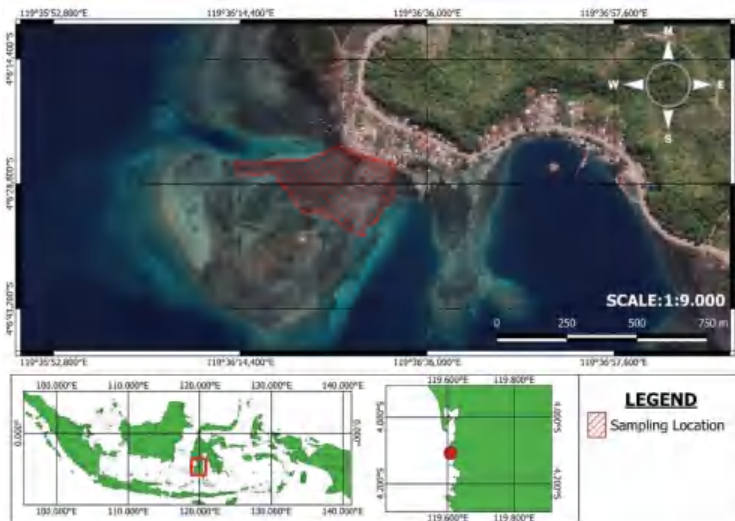


Gambar 1. Kerangka pikir penelitian

BAB II METODOLOGI PENELITIAN

2.1 Waktu dan Tempat

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Juli–Agustus 2025. Pengambilan sampel dilakukan di wilayah padang lamun di sekitar Pulau Batu Kalasi, yang terletak di Desa Labuange, Kecamatan Mallusetasi-Barru, Sulawesi Selatan (Gambar 2). Pengumpulan sampel dilakukan dan saat air surut.



Gambar 2. Lokasi penelitian

2.2 Alat dan Bahan

Alat yang digunakan pada penelitian ini yaitu *cool box* untuk menyimpan sampel, plastik sampel untuk menyimpan spesimen, gunting bedah untuk memotong jaringan otot gastropoda, pinset untuk mengambil jaringan gastropoda, sarung tangan (*gloves*), tissue, kamera HP untuk dokumentasi, palu untuk memecahkan cangkang spesimen, botol tube 1,5 mL untuk menyimpan jaringan otot spesimen, kertas label untuk memberikan ID pada tube, dan alat tulis. Alat untuk proses molekuler yaitu *heating block* untuk inkubasi, mesin PCR (*thermocycler*), misahkan cairan dan alat elektroforesis.



Bahan yang digunakan dalam penelitian ini meliputi spesimen jaringan yang didapatkan masyarakat sekitar Pulau Batu Kalasi. Kemudian ethanol 96% untuk pengawetan jaringan, gel visualisasi hasil PCR, serta primer forward LCO1490 dan 2198.

2.3 Metode Penelitian

2.3.1 Pengumpulan Sampel dan Analisis Morfologi

Spesimen gastropoda diperoleh dari invertebrata yang dikumpulkan oleh pemungut lokal. Sampel gastropoda individu dipilih secara sengaja untuk mewakili takson (morfortipe) yang terdapat dalam hasil pemungutan. Sampel-sampel ini dikelompokkan berdasarkan morfologi dan difoto. Dua hingga tiga spesimen dipilih dari setiap kelompok morfologi untuk analisis DNA. Jaringan otot setiap spesimen diekstraksi menggunakan pinset steril dan segera disimpan dalam tabung mikro 1,5 mL yang diisi dengan etanol 96%. Sampel-sampel ini dikirim ke Laboratorium Keanekaragaman Hayati Indonesia (BIONESIA), Ujung Kaja, Denpasar, Bali, Indonesia untuk analisis molekuler. (Lampiran 1)

Untuk analisis morfologi, pengamatan difokuskan pada karakter eksternal yang umum digunakan dalam identifikasi moluska, seperti bentuk, ukuran, warna, pola permukaan, dan struktur cangkang. Karakteristik yang diamati tersebut kemudian dicocokkan dengan ilustrasi serta deskripsi yang terdapat pada literatur rujukan dan basis data daring (*online database*). Literatur utama yang dijadikan rujukan mencakup kajian mengenai famili Strombidae (Diamante et al., 2024; Maxwell et al., 2020, 2023) maupun takson moluska lainnya (Arbi et al., 2022; Maynawang et al., 2023; Passamonti, 2015). Sementara itu, basis data daring yang diakses sebagai pembanding meliputi SeaLifeBase (Palomares & Pauly, 2026), MolluscaBase (MolluscaBase eds., 2026), Global Biodiversity Information Facility (GBIF, 2026), World Register of Marine Species (WoRMS Editorial Board, 2025), dan Hardy's Internet Guide to Marine Gastropods (Hardy, 2026)

2.3.2 Ekstraksi DNA, Amplifikasi PCR, dan Sekuensing Gen COI

Proses ekstraksi DNA dan amplifikasi PCR dilakukan di Laboratorium BIONESIA, Denpasar, Bali. DNA genomik diekstraksi dari setiap sampel gastropoda menggunakan kit ekstraksi DNA Zymo dan Qiagen sesuai dengan protokol standar dari pabrik. Fragmen target berupa gen mitokondria *cytochrome c oxidase subunit I* (COI) diamplifikasi melalui metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) menggunakan primer *forward* LCO1490 (5'-GGTCAACAAATCATAAGATATTGG-3') dan primer *reverse* HCO2198 (5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3') (Folmer et al., 1994).

Amplifikasi dilakukan dengan total volume reaksi PCR sebesar 26 μ L, yang terdiri atas 2 μ L templat DNA, 1,25 μ L untuk masing-masing primer (10 mM), *ter mix*, dan 9 μ L ddH₂O. Profil suhu PCR diatur dengan i awal pada suhu 94 °C selama 3 menit, dilanjutkan dengan i atas tahap denaturasi pada 94°C selama 30 detik, *annealing* i 50°C selama 30 detik, dan ekstensi pada 72°C selama 60 khiri dengan tahap ekstensi akhir pada 72°C selama 2 menit. duk PCR kemudian divisualisasikan melalui metode



elektroforesis menggunakan gel agarosa 1% yang diwarnai dengan pewarna GelRed®.

Sampel yang menunjukkan pita (*band*) DNA yang jelas dan terang selanjutnya dikirim ke PT Genetika Science, Jakarta, untuk proses sekuensing Sanger (*Sanger sequencing*). Sekuen nukleotida yang diperoleh kemudian diperiksa kualitasnya dan diedit menggunakan perangkat lunak MEGA 11 (Tamura et al., 2021). Pada tahap ini, sekuen *forward* dan *reverse* dibersihkan, digabungkan menjadi satu (*contig*), dan dipotong (*trimming*) untuk menghasilkan sekuen DNA *barcode* yang bersih dan berkualitas tinggi bagi setiap sampel. Selanjutnya, sekuen DNA hasil penelitian ini dicocokkan dengan sekuen referensi yang tersedia di database NCBI GenBank menggunakan perangkat Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). Hasil identifikasi dievaluasi berdasarkan persentase tingkat kemiripan sekuen (*% Identity*). Seluruh sekuen yang berhasil dikarakterisasi dalam studi ini telah didepositkan ke repositori NCBI GenBank dengan nomor aksesori PX696984-PX696999. (Lampiran 2)

2.3.3 Identifikasi Spesies Integratif

Pencarian sekuen homolog dilakukan menggunakan Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) (Altschul et al., 1990) pada basis data GenBank di National Center for Biotechnology Information (NCBI). Proses pencarian ini dijalankan menggunakan parameter algoritma standar untuk sekuen yang sangat mirip (*megablast*) dengan batasan maksimum 100 sekuen target. Hasil BLAST yang menunjukkan persentase kemiripan tertinggi (*%ID*) dan cakupan sekuen (*query cover*) yang tinggi (>90%) digunakan sebagai rujukan awal untuk menentukan identitas setiap spesimen. Untuk setiap kandidat spesies, sekuen homolog dari hasil BLAST dengan *%ID* dan *query cover* >90% tersebut diunduh dalam format FASTA untuk keperluan analisis filogenetik.

Apabila sekuen homolog dengan nilai *%ID* yang berada dalam rentang wajar intraspesies yakni sekitar 98–100% (Ward 2009) tidak ditemukan di NCBI GenBank, maka pencarian lanjutan dilakukan melalui Barcode of Life Data System (BOLD) (Ratnasingham & Hebert, 2007). Sekuen homolog yang relevan dari *database* tersebut juga diunduh dalam format FASTA. Selanjutnya, konstruksi pohon filogenetik dilakukan menggunakan metode *Maximum Likelihood* dengan 1.000 ulangan *bootstrap* pada perangkat lunak MEGA 11 (Tamura et al., 2021).

Pohon filogenetik yang dihasilkan kemudian diekspor ke dalam format Newick untuk divisualisasikan dan diedit menggunakan *Interactive Tree Of Life* (iTOL), dimana *Clithon* sp. dan *Cerithidea obtusa* digunakan sebagai *outgroup* (kelompok luar). Hasil akhir dari proses identifikasi molekuler ini kemudian dengan data analisis morfologi guna memvalidasi taksonomi akson terendah yang memungkinkan (spesies atau genus). taksonomi (nomenklatur) diverifikasi kesesuaiannya dengan standar *World Register of Marine Species* (WoRMS Editorial

