

# Identifikasi dan Keragaman Genetik *Longtail Tuna* (*Thunnus tonggol*) Yang Didaratkan di PPI Kedonganan dan PPP Muncar Menggunakan Marka D-loop Mitokondria

Enex Yuniarti Ningsih <sup>a\*</sup>, Elok Faiqoh <sup>a</sup>, Ida Ayu Astarini <sup>b</sup>, Putu Dian Pertiwi <sup>c</sup>,  
Andrianus Sembiring <sup>c</sup>, Ni Luh Astria Yusmalinda <sup>c</sup>, Muhammad Danie Al Malik <sup>c</sup>

<sup>a</sup> Program Studi Ilmu Kelautan, Fakultas Kelautan dan Perikanan, Universitas Udayana, Badung, Bali – Indonesia

<sup>b</sup> Program Studi Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Udayana, Badung, Bali – Indonesia

<sup>c</sup> Biodiversitas Indonesia (Bionesia), Denpasar, Bali – Indonesia

\* Penulis koresponden. Tel.: +62-818-060-01419

Alamat e-mail: yuniartiningih3@gmail.com

Diterima (received) 12 Juli 2019; disetujui (accepted) 2 November 2021; tersedia secara online (available online) 2 November 2021

---

## Abstract

Longtail tuna (*Thunnus tonggol*) is one of the oceanodromus neritic species and the migration pattern follows the water currents. Currently, this species has not been widely studied in Indonesian waters, so it is necessary to study the identification of morphology and genetic diversity. The molecular approach employed in this study is DNA barcoding using mitochondrial D – loop locus. This study can explain the importance of species genetic information in stability and resilience. This study aims to determine the identification of morphology, phylogenetic and genetic diversity of longtail tuna at two locations in PPI Kedonganan, Bali dan PPP Muncar, Banyuwangi. The molecular analysis was done in several stages, i.e DNA extraction, Polymerase Chain Reaction, electrophoresis and sequencing. Based on the result of sequencing and analysis, 33 samples of longtail tuna was found. The result of phylogenetic tree reconstruction from two locations showed one clade with genetic distance value among longtail tuna species ranging from 0.000 – 0.042 for all close kinship samples. The haplotype diversity ( $Hd$ ) value of longtail tuna was 0.9905 and nucleotide diversity ( $\pi$ ) was 0.020. The high value of genetic diversity indicated that two longtail tuna populations have a high survival ability to adapt on environmental changes. Index fixation analysis ( $F_{st}$ ) has a value of 0.0299,  $p$  - value > 0.05. The index fixation value indicated no significant population difference. The result of this study can be used as basic data in planning genetic conservation strategies with sustainable fisheries management efforts.

**Keywords:** longtail tuna; genetic marker; mtDNA; sequencing

## Abstrak

*Longtail Tuna* (*Thunnus tonggol*) merupakan salah satu spesies tuna neritik yang bersifat oseanodromus dan pola migrasi mengikuti arus perairan. Hingga saat ini, penelitian spesies ini belum banyak dilakukan di Perairan Indonesia sehingga perlu adanya pengkajian identifikasi morfologi dan keragaman genetik. Pendekatan molekuler yang digunakan dalam penelitian ini adalah DNA barcoding menggunakan lokus D – loop mitokondria. Pemahaman hal tersebut dapat menjelaskan arti penting dari pengetahuan informasi genetik suatu spesies dalam stabilitas dan ketahanan populasi. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui identifikasi morfologi, filogenetik dan keragaman genetik pada *longtail tuna* di dua lokasi berbeda yaitu PPI Kedonganan, Bali dan PPP Muncar, Banyuwangi. Analisis molekuler yang dilakukan yaitu tahapan ekstraksi DNA, *Polymerase Chain Reaction*, elektroforesis dan sekuensing. Berdasarkan hasil sekuensing dan analisis didapatkan 33 sampel *longtail tuna*. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik dari dua lokasi pengambilan sampel memperlihatkan satu clade dengan nilai jarak genetik antar spesies *longtail tuna* berkisar 0.000 – 0.042 yang semua sampel memiliki hubungan kekerabatan dekat. Nilai keragaman haplotipe ( $Hd$ ) *longtail tuna* sebesar 0.9905 dan keragaman nukleotida ( $\pi$ ) sebesar 0.020. Nilai keragaman genetik yang tinggi menunjukkan bahwa kedua populasi *longtail tuna* memiliki kemampuan bertahan hidup yang tinggi untuk beradaptasi dengan perubahan lingkungan. Analisis indeks fiksasi ( $F_{st}$ ) memiliki nilai sebesar 0.0299,  $p$  - value > 0.05. Nilai indeks fiksasi menunjukkan bahwa tidak ada perbedaan populasi yang

signifikan. Hasil analisis ini dapat digunakan sebagai data dasar dalam perencanaan strategi konservasi genetik dengan upaya pengelolaan perikanan berkelanjutan.

**Kata Kunci:** *tongkol abu – abu; penanda genetik; mtDNA; sekuensing*

## 1. Pendahuluan

Ikan Tuna merupakan salah satu komoditas perikanan terbesar ketiga di Indonesia (Firdaus, 2018). Menurut FAO (2016), dari hasil penangkapan ikan tuna secara global mencapai 7.7 juta ton/tahun dengan total hasil tangkapan Indonesia mencapai 16% dari total produksi global. Ikan Tuna dengan genus *Thunnus*, menguasai lebih dari 80% komoditas di pasar internasional. *Longtail Tuna (Thunnus tonggol)* merupakan salah satu spesies tuna neritik yang bersifat oseanodromus dan pola migrasi mengikuti arus perairan (Wagiyo dan Febrianti, 2015; Hidayat dan Noegroho, 2018).

Perairan Selat Bali adalah salah satu daerah penangkapan ikan (*fishing ground*) yang memiliki potensi sumberdaya hayati laut yang tinggi dalam bidang perikanan. Hasil tangkapan di Perairan Selat Bali didaratkan di beberapa wilayah, seperti PPI Kedonganan dan PPP Muncar. Kedua tempat ini adalah tempat pendaratan utama bagi kapal – kapal yang beroperasi di sekitar perairan tersebut.

Restiangsih dan Hidayat (2018) melaporkan terjadi penurunan produksi tangkapan *longtail tuna* di Indonesia, dimana pada tahun 2005 produksi sebesar 121.792 ton/tahun meningkat pada tahun 2007 sebesar 145.587 ton/tahun dan mengalami penurunan hingga tahun 2014 sebesar 55. 589 ton/tahun. Dilihat dari intensitas produksi *longtail tuna* mengalami penurunan yang cukup signifikan, kondisi ini dikhawatirkan akan menyebabkan terjadinya penurunan variasi genetik *longtail tuna* dan adanya kesalahan dalam identifikasi estimasi hasil tangkapan. Upaya yang dapat dilakukan untuk mengantisipasi hal tersebut adalah melalui pendekatan genetik. Pendekatan genetik dapat dilakukan dengan menggunakan identifikasi molekuler dalam menentukan identitas spesies dan status hidup suatu populasi.

Penelitian spesies ini belum banyak dilakukan di Perairan Indonesia, sehingga perlu dilakukan pengkajian mengenai identifikasi morfologi dan keragaman genetik. Pemahaman tersebut dapat menjelaskan arti penting dari pengetahuan informasi genetik suatu spesies dalam stabilitas

dan ketahanan populasi. Informasi genetik didapatkan dari pengkajian identifikasi molekuler menggunakan teknik DNA barcoding. DNA barcoding merupakan salah satu metode yang dapat digunakan dalam identifikasi suatu organisme yang sulit untuk dibedakan secara morfologi dengan cepat dan akurat (Galimberti et al., 2013). Teknik ini menggunakan salah satu penanda genetik yaitu D – loop mitokondria. D – loop atau yang dikenal dengan *control region* adalah salah satu segmen DNA yang memiliki proses replikasi dan transkripsi mtDNA dengan tingkat mutasi dan laju polimorfisme yang tinggi, sehingga menyebabkan urutan nukleotida yang sangat bervariasi antar individu (Pedrosa-Gerasmio et al., 2012). Penanda genetik ini telah terbukti sangat sensitif dalam mendeteksi struktur genetik populasi migrasi ikan (Pertiwi dkk., 2015). Penggunaan penanda genetik D – loop telah banyak digunakan dalam beberapa penelitian sebelumnya, seperti *Thunnus obesus* (Nugraha, 2009), *Thunnus albacares* (Wu et al., 2010), *Thunnus tonggol* (Willette et al., 2016).

Berdasarkan uraian, penelitian ini dilakukan untuk mengetahui identifikasi morfologi, filogenetik dan keragaman genetik *longtail tuna (Thunnus tonggol)* yang didaratkan di PPI Kedonganan dan PPP Muncar menggunakan marka D – loop Mitokondria.

## 2. Metode Penelitian

### 2.1 Waktu dan Tempat

Penelitian ini dilakukan pada bulan Desember 2018 sampai Maret 2019. Pengambilan sampel *longtail tuna (Thunnus tonggol)* sebanyak  $\pm$  20 ekor/lokasi (Cohen et al., 2007) di PPI Kedonganan, Bali dan PPP Muncar, Banyuwangi (Gambar 1). Analisis molekuler dilakukan di Biodiversitas Indonesia (Bionesia), Bali.

### 2.2 Alat dan Bahan

Peralatan yang digunakan dalam penelitian ini, antara lain *glove, plate numeric, tray, tube, microtube,*

*strips tube* PCR, api bunsen, mikro pipet, tips, gelas beker, pinset, *vortex*, *heating block*, *transiluminator*, *centrifuge*, *thermal cycler*, neraca analitik, mesin elektroforesis, *microwave* dan kamera. Bahan yang digunakan etanol 95%, larutan *Chelex* 10%, ddH<sub>2</sub>O, 10x PCR *buffer*, MgCl<sub>2</sub>, primer CRK, primer CRE, PE *Amplitaq*, dNTPs bubuk agarosa, *low mass ladder*, *loading dye*, dan *biotium*.

### 2.3 Pengambilan Sampel

Pengambilan sampel *longtail tuna* (Gambar 2) dilakukan dengan mengambil bagian sirip dada (*pectoral fin*) atau sirip ekor (*caudal fin*). Sampel di simpan dalam *tube* yang berisi larutan etanol 95%. Kemudian masing – masing *tube* sampel diberikan label.



**Gambar 2.** *Thunnus tonggol* (Sumber : Bionesia)

## 2.4 Analisis Molekuler

### 2.4.1. Ekstraksi

Ekstraksi dilakukan dengan menggunakan larutan *Chelex* 10% (Walsh et al., 1991). Jaringan sampel

diambil ± 2 mm dan dimasukkan kedalam *tube* yang berisikan larutan *Chelex* 10%, kemudian di *vortex* selama ± 15 detik dan *centrifuge* selama ± 1 menit. Setelah itu, diinkubasi di dalam *heating block* dengan suhu 95°C selama 1 jam.

### 2.4.2. PCR (*Polymerase Chain Reaction*)

Proses amplifikasi DNA menggunakan enzim *taq Polymerase* dan primer forward CRK 5'-AGC TCA GCG CCA GAG CGC CGG TCT TGT AAA-3' , primer reverse CRE 5'-CCT GAA GTA GGA ACC AGA TG-3' (Lee et al., 1995). Pengaturan tahapan PCR meliputi denaturasi awal pada suhu 80°C selama 10 detik, denaturasi pada suhu 94°C selama 30 detik, *annealing* pada suhu 50°C selama 30 detik, *extention* pada suhu 72°C selama 45 detik (Barber et al., 2006). Tahapan PCR ini dilakukan pengulangan sebanyak 38 siklus.

### 2.4.3. Elektroforesis

Pengecekan kualitas produk DNA dengan menggunakan media gel agarosa. Bahan pembuatan gel agarosa adalah 0.75 gram bubuk agarosa dan 75 ml *buffer* dimasukkan ke dalam gelas beker kemudian dipanaskan di dalam *microwave* selama 4 menit. Gel agarosa dituangkan kedalam cetakan yang telah dipasangkan sisir untuk pembuat sumur dan diamkan selama 60 menit. Setelah mengeras, gel dimasukkan ke dalam mesin



**Gambar 2.** Peta Lokasi Penelitian

elektroforesis, kemudian tambahan 2 $\mu$ l biotium, 1 $\mu$ l *loading dye* ke masing – masing sampel. Nyalakan mesin elektroforesis selama 30 menit dengan tegangan 100V dan kecepatan arus 200A. Hasil produk PCR dikirim ke DNA *Sequencing Facility*.

### 2.5 Analisis Data

Identifikasi secara morfologi menggunakan buku identifikasi *Market Fishes of Indonesia* (White et al., 2013). Untuk analisis molekuler pada hasil sekuen mtDNA *control region* menggunakan *software* MEGA 7. Pada *software* ini dilakukan proses penjajaran sekuen untuk melihat kemiripan antar sekuen dengan menggunakan *Clustal W* serta identifikasi molekuler menggunakan *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) pada *GenBank* (<http://www.ncbi.nih.gov>).

Analisis filogenetik menggunakan *software* MEGA 7, dengan metode *Maximun Likelihood* model evolusi kimura 2 – parameter dan *bootstrap* 1000 kali pengulangan. Analisis keragaman genetik pada data sekuen menggunakan *software* DnaSP 5.10 (Librado and Rozas, 2009). Berdasarkan Nei (1987), deskripsi hasil analisis keragaman genetik terbagi menjadi 2 yaitu keragaman haplotipe (*Hd*) dan keragaman nukleotida ( $\pi$ ). Analisis populasi menggunakan *software* Arlequin ver. 3.5 (Excoffier and Lischer, 2010).

## 3. Hasil dan Pembahasan

### 3.1 Identifikasi Morfologi dan Analisis Molekuler

Hasil pendugaan menggunakan metode identifikasi morfologi, total sampel yang ditemukan dari dua lokasi pengambilan sampel adalah 45 sampel *longtail tuna* yang kemudian di analisis secara molekuler. Hasil analisis molekuler menunjukkan bahwa 42 sampel dari total sampel *longtail tuna* berhasil dianalisis, sementara 3 sampel tidak dapat dianalisis. Hal ini, disebabkan oleh beberapa faktor antara lain kegagalan proses amplifikasi DNA, dimana primer yang digunakan tidak menempel pada DNA target secara spesifik, rusaknya DNA pada jaringan sampel, DNA hasil ekstraksi kurang bagus, dan percampuran reagen PCR yang tidak sempurna. Sampel yang berhasil dianalisis molekuler dapat dilihat pada Tabel 1.

Tabel 1

Total sampel dari PPI Kedonganan dan PPP Muncar.

Lokasi	Identifikasi Morfologi	Identifikasi Genetik			Tidak dapat dianalisis
		<i>T. tonggol</i>	<i>T. albacares</i>	<i>E. Affinis</i>	
Muncar	21	15	3	-	3
Kedonganan	24	18	1	5	-
<b>Total Sampel</b>	45	33	4	5	3

Sampel yang berhasil dianalisis molekuler memiliki panjang fragmen DNA berkisar antara 473 – 499 bp dengan nilai identity berkisar 95% – 99%. Menurut Leray et al. (2013), persentase identity minimal untuk menyatakan suatu spesies adalah 97%. Nilai identity juga dipengaruhi oleh panjang fragmen DNA sampel yang dimiliki.

Menurut nelayan dan penjual ikan di PPI Kedonganan dan PPP Muncar, hasil identifikasi morfologi pada sampel BIO06.048.003 – BIO06.048.018, BIO06.011.002 – BIO06.011.018, BIO06.014.001, BIO06.013.001, BIO06.001 – BIO06.016.005 adalah Ikan Nyareng sebutan masyarakat lokal. Hal ini didukung oleh hasil analisis molekuler adalah *Thunnus tonggol* yang mempunyai nama nasional tongkol abu – abu atau *longtail tuna*. Hasil identifikasi morfologi pada sampel BIO06.048.019 – BIO06.048.021, BIO06.011.013, BIO06.005 – BIO06.011.006, BIO06.014 – BIO06.011.016 diduga terjadi ketidakcocokan deskripsi awal yang disebabkan oleh penggunaan sampel berupa potongan tubuh ikan. Setelah di analisis molekuler menunjukkan bahwa sampel yang awalnya diduga *longtail tuna* (*Thunnus tonggol*) adalah *Thunnus albacares* dan *Euthynnus affinis* yang mempunyai nama nasional tuna sirip kuning dan tongkol (Tabel 2).

### 3.2 Analisis Filogenetik Longtail Tuna

Hasil rekonstruksi pohon filogenetik *longtail tuna* dengan menggunakan penanda genetik D – loop mitokondria pada kedua lokasi (Gambar 3), dinyatakan dalam satu clade yang sama yaitu *clade* 1 (*T. tonggol*). Berdasarkan hasil perbandingan dengan database menunjukkan nilai kisaran 97% - 99% (Tabel 2). Hasil analisis jarak genetik antar sampel *longtail tuna* dalam satu *clade* adalah 0.000 – 0.042, yang memperlihatkan kekerabatan yang

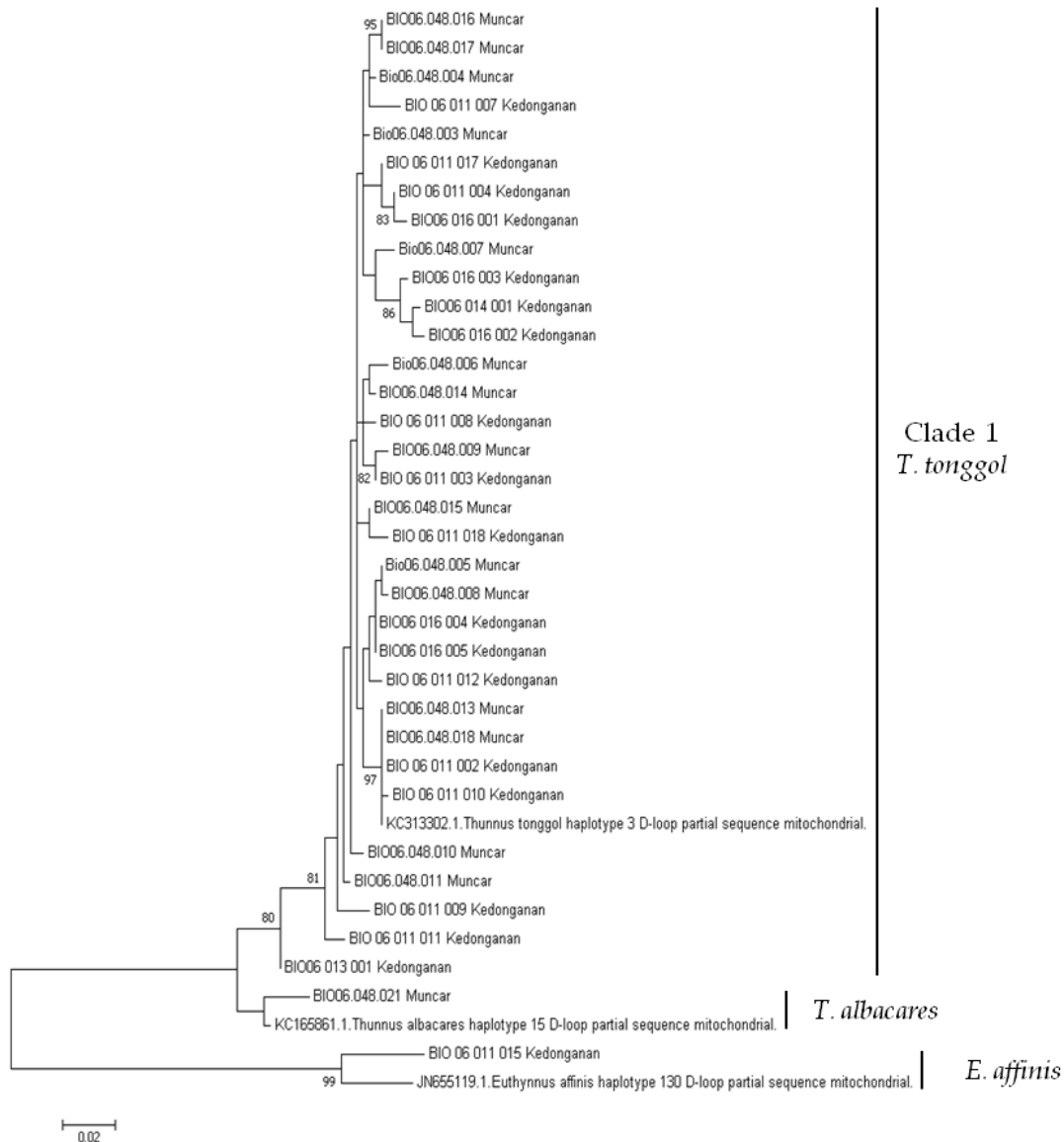
Tabel 2

Hasil identifikasi spesies tuna berdasarkan *database GenBank* menggunakan *Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)* sampel tuna

No.	Lokasi	Kode Sampel	Hasil BLAST	Panjang Sekuen	Query cover (%)	Ident (%)
1	Muncar, Banyuwangi	BIO06_048_003	<i>Thunnus tonggol</i>	484	98	99.12
2		BIO06_048_004	<i>Thunnus tonggol</i>	473	100	98.68
3		BIO06_048_005	<i>Thunnus tonggol</i>	491	96	98.9
4		BIO06_048_006	<i>Thunnus tonggol</i>	484	98	98.68
5		BIO06_048_007	<i>Thunnus tonggol</i>	485	98	98.91
6		BIO06_048_008	<i>Thunnus tonggol</i>	472	100	98.67
7		BIO06_048_009	<i>Thunnus tonggol</i>	483	97	98.23
8		BIO06_048_010	<i>Thunnus tonggol</i>	473	100	98.9
9		BIO06_048_011	<i>Thunnus tonggol</i>	472	99	99.11
10		BIO06_048_013	<i>Thunnus tonggol</i>	476	99	99.56
11		BIO06_048_014	<i>Thunnus tonggol</i>	473	100	98.68
12		BIO06_048_015	<i>Thunnus tonggol</i>	484	97	98.9
13		BIO06_048_016	<i>Thunnus tonggol</i>	483	98	98.91
14		BIO06_048_017	<i>Thunnus tonggol</i>	468	99	99.33
15		BIO06_048_018	<i>Thunnus tonggol</i>	473	99	99.56
16		BIO06_048_019	<i>Thunnus albacores</i>	473	100	99.12
17		BIO06_048_020	<i>Thunnus albacores</i>	472	100	99.11
18		BIO06_048_021	<i>Thunnus albacores</i>	485	98	98.46
19	Kedonganan, Bali	BIO_06_011_002	<i>Thunnus tonggol</i>	472	99	99.56
20		BIO_06_011_003	<i>Thunnus tonggol</i>	484	97	98.9
21		BIO_06_011_004	<i>Thunnus tonggol</i>	473	99	98.23
22		BIO_06_011_005	<i>Euthynnus affinis</i>	473	100	99.54
23		BIO_06_011_006	<i>Euthynnus affinis</i>	471	100	99.54
24		BIO_06_011_007	<i>Thunnus tonggol</i>	473	100	98.23
25		BIO_06_011_008	<i>Thunnus tonggol</i>	470	100	98.44
26		BIO_06_011_009	<i>Thunnus tonggol</i>	472	99	98.44
27		BIO_06_011_010	<i>Thunnus tonggol</i>	469	99	99.55
28		BIO_06_011_011	<i>Thunnus tonggol</i>	471	99	98
29		BIO_06_011_012	<i>Thunnus tonggol</i>	469	99	98.43
30		BIO_06_011_013	<i>Thunnus albacores</i>	444	100	98.59
31		BIO_06_011_014	<i>Euthynnus affinis</i>	499	94	96.58
32		BIO_06_011_015	<i>Euthynnus affinis</i>	474	100	95.24
33		BIO_06_011_016	<i>Euthynnus affinis</i>	474	99	99.54
34		BIO_06_011_017	<i>Thunnus tonggol</i>	473	100	98.68
35		BIO_06_011_018	<i>Thunnus tonggol</i>	470	100	97.58
36		BIO06_014_001	<i>Thunnus tonggol</i>	471	100	97.78
37		BIO06_013_001	<i>Thunnus tonggol</i>	473	100	97.35
38		BIO06_016_001	<i>Thunnus tonggol</i>	487	97	97.59
39		BIO06_016_002	<i>Thunnus tonggol</i>	475	99	98.01
40		BIO06_016_003	<i>Thunnus tonggol</i>	474	99	98.23
41		BIO06_016_004	<i>Thunnus tonggol</i>	474	99	98.90
42		BIO06_016_005	<i>Thunnus tonggol</i>	467	99	99.10

dekat antar sampel yang berasal dari PPI Kedonganan dan PPP Muncar. Semakin kecil jarak genetik suatu spesies maka semakin dekat hubungan kekerabatan dan begitu pula sebaliknya.

Hal ini didukung dengan nilai *bootstrap* sebesar 80 pada percabangannya, dimana jika nilai *bootstrap* antara 70 – 100 menunjukkan peluang terjadi perubahan susunan pada *clade* rendah. Sebaliknya,



**Gambar 3.** Rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan metode maximum likelihood dengan kimura – 2 parameter dari 2 lokasi yaitu PPI Kedonganan, Bali dan PPP Muncar, Banyuwangi.

jika nilai *bootstrap*  $\leq 70$  maka peluang perubahan susunan *clade* tinggi (Prehadi et al., 2015).

Setiap *clade* yang terbentuk menunjukkan perbedaan spesies. Pada *clade* besar, masih terdapat *clade* kecil yang menunjukkan adanya perbedaan basa nukleotida antar individu. Menurut Verawati (2015), hal ini dapat terjadi akibat dari kondisi lingkungan yang mempengaruhi materi genetik suatu individu. Disertai dengan penambahan data sekuen *GenBank* dengan no *accession* KC313302.1 (*Thunnus tonggol*), KC165861.1 (*Thunnus albacares*), dan JN655119.1 (*Euthynnus affinis*) yang dijadikan pembanding dalam penentuan spesies.

Distribusi sampel *longtail tuna* dalam satu *clade* ini diduga karena adanya pengaruh dari faktor geografis yang sama. Mengindikasikan kedua lokasi pengambilan sampel *longtail tuna* ini adalah satu keturunan dan kemungkinan besar perairan tersebut adalah jalur migrasi *longtail tuna*, yang mengakibatkan kedua lokasi menjadi mirip secara genetik. Hasil ini serupa dengan penelitian yang dilakukan oleh Willette et al. (2016), yang tidak menemukan adanya perbedaan genetik di Perairan Laut Cina Selatan berdasarkan pohon filogenetik *longtail tuna*. Beberapa penelitian pada spesies tuna lainnya seperti Wijana dan Mahardika (2010), pada spesies tuna sirip kuning di Philipina dan Spanyol

dan Kunal et al. (2013), pada spesies tuna sirip kuning di Perairan India.

### 3.3 Keragaman Genetik Longtail Tuna

Jumlah haplotipe *longtail tuna* berbeda dari dua lokasi penelitian, dimana sampel *longtail tuna* dari PPI Kedonganan dengan jumlah 18 sampel mempunyai 17 haplotipe dan PPP Muncar dengan jumlah 15 sampel mempunyai 13 haplotipe. Hasil tersebut menunjukkan terdapat beberapa sampel mempunyai sekuen identik didukung oleh nilai keragaman genetik yang tinggi sebesar 0.9905. Nilai keragaman nukleotida ( $\pi$ ) yang rendah sebesar 0.020, berarti hampir setiap sampel merupakan haplotipe berbeda dengan perbedaan nukleotida antar sampel sangat kecil. Hasil analisis keragaman genetik *longtail tuna* ini disajikan pada Tabel 3. Analisis populasi menunjukkan hasil *Fst* yang tidak signifikan ( $Fst = 0.0299$ ,  $p - \text{value} > 0.05$ ). Hal ini, menunjukkan adanya indikasi bahwa tidak ada perbedaan populasi *longtail tuna*.

Tingginya nilai keragaman genetik *longtail tuna* di kedua lokasi penelitian serupa dengan penelitian yang telah dilakukan Willette et al. (2016) di Perairan Laut Cina Selatan. Hasil penelitian ini juga serupa dengan penelitian ikan pelagis lainnya yang memiliki nilai keragaman genetik tinggi seperti nilai keragaman genetik tuna mata besar di Perairan Samudera Hindia sebesar 0.8136 (Nugraha, 2009), tuna sirip kuning di Perairan India sebesar 0.998 (Kunal et al., 2013), tuna sirip kuning di Perairan Maluku Utara dan Ambon sebesar 0.990 (Akbar dkk., 2014) dan tuna mata besar di Perairan Indonesia bagian barat (0.999), tengah (0.998) dan timur (0.997) (Pertiwi et al., 2017).

Tabel 3

Jumlah sampel (n), jumlah haplotipe (*Hn*), keragaman haplotipe (*Hd*), keragaman nukleotida ( $\pi$ ) *longtail tuna* (*Thunnus tonggol*) di PPI Kedonganan dan PPP Muncar.

Populasi	n	<i>Hn</i>	<i>Hd</i>	$\pi$
Muncar	15	13	0.9809	0.017
Kedonganan	18	17	0.9934	0.022
Dua populasi	33	29	0.9905	0.020

Tingginya keragaman genetik *longtail tuna* di perairan ini diduga disebabkan oleh beberapa faktor antara lain; ukuran populasi besar, kemampuan migrasi dan adaptasi terhadap

kondisi lingkungan. (1) faktor pertama, populasi *longtail tuna* yang berukuran besar memungkinkan adanya perkawinan acak (*interbreeding*) antar individu dengan individu lain, baik dengan genotip yang sama maupun berbeda. Dengan adanya perkawinan acak ini, dapat membantu meningkatkan frekuensi alel pada keturunan berikutnya dan melindungi tidak terjadinya penurunan populasi. Pendugaan persebaran *longtail tuna* pada perairan tertentu dapat mengakibatkan penangkapan sub – populasi dalam jumlah kecil. Beberapa penelitian menemukan adanya penangkapan pada sub – populasi dari jenis – jenis tuna lainnya seperti Nugraha (2009), menjelaskan bahwa dengan pengkajian 190 sampel tuna mata besar ditemukan 5 sub – populasi yang diduga berasal dari dua populasi yaitu populasi Samudera Hindia dan Samudera Pasifik. (2) Faktor kedua adalah kemampuan migrasi, dimana keragaman genetik suatu populasi akan meningkat jika mendapatkan pengaruh aliran gen dari populasi lain. (3) Faktor ketiga, kemampuan adaptasi setiap individu dipengaruhi oleh perubahan kondisi lingkungan, dimana sebagian besar keberadaan ikan tuna di pengaruhi oleh suhu permukaan laut dan klorofil – a. Pola persebaran suhu permukaan laut dan klorofil – a mengindikasikan terjadinya *upwelling*. *Upwelling* menggambarkan kelimpahan dan distribusi fitoplankton di suatu perairan (Barata dkk., 2014). Fitoplankton menentukan tinggi rendahnya produktifitas perairan dan keberadaan ikan kecil yang menjadi makanan dari ikan tuna (Padmaningrat dkk., 2017). Hal tersebut, dapat mempengaruhi sifat tampak (fenotip) suatu individu disamping ditentukan oleh sifat dalam (genotip). Hal ini, didukung oleh penelitian Hartoko (2010), yang menemukan aktivitas migrasi pada beberapa spesies tuna dipengaruhi oleh kondisi oseanografi seperti suhu, kedalaman, klorofil – a, salinitas dan pola arus.

Tingginya keragaman genetik *longtail tuna* menghasilkan keturunan dengan berbagai karakteristik yang dapat menunjukkan kemampuan dalam beradaptasi terhadap perubahan lingkungan dan mengurangi kemungkinan kerusakan gen (seperti penyakit) dalam populasi. Keragaman genetik tinggi patut dipertahankan agar tetap terjaga kelestariannya, sehingga tidak terjadi kepunahan. Meskipun diketahui beberapa spesies tuna merupakan salah satu sumberdaya komersil yang tinggi dan menjadi ikan target dalam penangkapan.

Penangkapan yang dilakukan secara terus menerus pada beberapa spesies tuna tertentu, dapat menimbulkan dampak buruk pada struktur populasi dan penurunan keragaman genetik suatu spesies tuna. Hal ini, memberikan pandangan bahwa perlu adanya strategi untuk menjaga kelestarian keanekaragaman hayati melalui pendekatan genetik. Upaya yang dapat dilakukan dalam menjaga kelestarian keanekaragaman hayati antara lain; (1) pengendalian batasan ukuran minimal tangkapan pada setiap penangkapan, (2) batasan waktu penangkapan, dimana penangkapan dilakukan pada saat puncak musim tuna, sehingga dapat menghindari terjadinya *overfishing*. Sumberdaya genetik merupakan kunci penting bagi suatu spesies untuk dapat bertahan hidup demi keberlanjutan sumberdaya alam di masa yang akan datang. Sesuai dengan pernyataan Santoso (2016), keragaman genetik mempunyai dampak potensial secara langsung maupun tidak pada individu spesies, populasi, komunitas dan ekosistem.

#### 4. Simpulan

Hasil analisis menunjukkan bahwa kedua populasi *longtail tuna* memiliki tipe haplotipe beragam sebanyak 29 haplotipe dan nilai keragaman genetik tinggi sebesar 0.9905, sehingga memberikan peluang pada *longtail tuna* untuk mampu beradaptasi terhadap perubahan lingkungan. Rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan pencampuran populasi dengan nilai  $F_{st}$  yang tidak menunjukkan perbedaan yang signifikan pada kedua lokasi tersebut.

#### Ucapan terimakasih

Penulis mengucapkan terimakasih kepada *United States Agency for International Development* (USAID) melalui *Enhanced Engagement in Research* (PEER) Science Program (AID – OAA – A – A – 11 – 00012) yang telah mendanai penelitian ini, serta Biodiversitas Indonesia (Bionesia) atas segala fasilitas dan laboratorium dalam penelitian ini.

#### Daftar Pustaka

Akbar, N., Zamani, N. P., & Madduppa, H. H. (2014). Keragaman genetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) dari dua populasi di Laut Maluku, Indonesia. *Depik Jurnal Ilmu-ilmu Perairan, Pesisir dan Perikanan*, *3*(1), 65–73.

- Barata, R. B. Y., Setyono, H., & Harsono, G. (2014). Dinamika upwelling dan downwelling berdasarkan variabilitas suhu permukaan laut dan klorofil-a di Perairan Selatan Jawa. *Jurnal Oseanografi*, *3*(1), 57–66.
- Barber, P. H., Erdmann, M. V., & Palumbi, S. R. (2006). Comparative phylogeography of three codistributed stomatopods: origins and timing of regional lineage diversification in the Coral Triangle. *Evolution*, *60*(9), 1825–1839.
- Cohen, L., Manion, L., & Morrison, K. (2007). *Research methods in education*. (6<sup>th</sup> ed.). New York, USA: Routledge.
- Excoffier, L., & Lischer, H. E. L. (2010). Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, *10*(3), 564–567.
- FAO. (2016). *The states of world fisheries and aquaculture*. Rome, Italy: Food and Agriculture Organization.
- Firdaus, M. (2018). Profil perikanan tuna dan cakalang di Indonesia. *Buletin Ilmiah Marina Sosial Ekonomi Kelautan dan Perikanan*, *4*(1), 23–32.
- Galimberti, A., Mattia, F. D., Losa, A., Bruni, I., Federici, S., Casiraghi, M., Martellos, S., & Labra, M. (2013). DNA barcoding as a new tool for food traceability. *Food Research International*, *50*(1), 55–63.
- Hartoko, A. (2010). Spatial distribution of *Thunnus.sp*, vertical and horizontal sub-surface multilayer temperature profiles of in-situ agro float data in Indian Ocean. *Journal of Coastal Development*, *14*(1), 61–74.
- Hidayat, T., & Noegroho, T. (2018). Biologi reproduksi ikan tongkol abu-abu (*Thunnus tonggol*) di Perairan Laut Cina Selatan. *BAWAL Widya Riset Perikanan Tangkap*, *10*(1), 17–28.
- Kunal, S. P., Kumar, G., Menezes, M. R., & Meena, R. M. (2013). Mitochondrial DNA analysis reveals three stocks of yellowfin tuna *Thunnus albacares* (Bonaterre, 1788) in Indian waters. *Conservation Genetics*, *14*(1), 205–213.
- Lee, W. J., Conroy, J., Howell, W. H., & Kocher, T. D. (1995). Structure and evolution of teleost mitochondrial control regions. *Journal of Molecular Evolution*, *41*(1), 54–66.
- Leray, M., Yang, J. Y., Meyer, C. P., Mills, S. C., Agudelo, N., Ranwez, V., Boehm, J. T., & Machida, R. J. (2013). A new versatile primer set targeting a short fragment of the mitochondrial COI region for metabarcoding metazoan diversity: application for characterizing coral reef fish gut contents. *Frontiers in Zoology*, *10*(1), 34.
- Librado, P., & Rozas, J. (2009). DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, *25*(11), 1451–1452.
- Nei, M. (1987). *Molecular Evolutionary Genetics*. New York, USA: Columbia University Press.



- Nugraha, B. (2009). *Studi tentang genetika populasi ikan tuna mata besar (Thunnus obesus) hasil tangkapan tuna longline yang didaratkan di Benoa*. Tesis. Bogor, Indonesia: Program Studi Magister Sains, Program Pascasarjana Institut Pertanian Bogor.
- Padmaningrat, K. B., Karang, I. W. G. A., & As-syakur, A. R. (2017). Aplikasi sistem informasi geografis (SIG) dan penginderaan jauh untuk pemetaan daerah tangkapan ikan tuna mata besar di Selatan Jawa dan Bali. *Journal of Marine and Aquatic Sciences*, **3**(1), 70–83.
- Pedrosa-Gerasmio, I. R., Babaran, R. P., & Santos, M. D. (2012). Discrimination of juvenile yellowfin (*Thunnus albacares*) and bigeye (*T. obesus*) tunas using mitochondrial DNA control region and liver morphology. *PLoS One*, **7**(4), 1–7.
- Pertiwi, N. P. D., Nugraha, B., Sulistyansih, R. K., Jatmiko, I., Sembiring, A., Mahardini, A., Cahyani, N. K. D., Anggoro, A. W., Madduppa, H. H., Sutikno, A., Barber, P. H., & Mahardika, G. N. (2017). Short communication: Lack of differentiation within the bigeye tuna population of Indonesia. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, **18**(4), 1406–1413.
- Pertiwi, N. P. D., Mahardika, I. G. N. K., & Watiniasih, N. L. (2015). Optimasi amplifikasi DNA menggunakan metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*) pada ikan karang famili *Pseudocromidae* (Dottyback) untuk identifikasi spesies secara molekuler. *Jurnal Biologi Udayana*, **19**(2): 1–5.
- Prehadi, P., Sembiring, A., Kurniasih, E. M., Rahmad, R., Arafat, D., Subhan, B., & Madduppa, H. H. (2015). DNA barcoding and phylogenetic reconstruction of shark species landed in Muncar fisheries landing site in comparison with Southern Java fishing port. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, **16**(1), 55–61.
- Restiangsih, Y. H., & Hidayat, T. (2018). Analisis pertumbuhan dan laju eksploitasi ikan tongkol abu-abu, *Thunnus tonggol* (Bleeker, 1851) Di Perairan Lautan Jawa. *BAWAL Widya Riset Perikanan Tangkap*, **10**(2), 111–120.
- Santoso, W. Y. (2016). Signifikansi preventive expenditures valuation dalam bioprospeksi sumberdaya genetik di Indonesia. *Jurnal Pengelolaan Sumberdaya Alam dan Lingkungan*, **6**(1), 86–96.
- Verawati, I. (2015). *Identifikasi molekuler, keragaman genetik dan karakteristik habitat siput laut (Nudibranchia) dari beberapa populasi di Indonesia*. Skripsi. Bogor, Indonesia: Program Studi Ilmu Kelautan, Departemen Ilmu dan Teknologi Kelautan Institut Pertanian Bogor.
- Wagiyo, K., & Febrianti, E. (2015). Aspek biologi dan parameter populasi ikan tongkol abu-abu (*Thunnus tonggol*) di Perairan Langsa dan sekitarnya. *BAWAL Widya Riset Perikanan Tangkap*, **7**(2), 59–66.
- Walsh, P. S., Metzger, D. A., & Higuchi, R. (1991). Chelex 100 as a Medium for Simple Extraction of DNA for PCR-Based Typing from Forensic Material. *Biotechniques*, **10**(4), 506–513.
- White, W. T., Last, P. R., Dharmadi, Faizah, R., Chodrijah, U., Prisantoso, B. I., Pogonoski, J. J., Puckridge, M., & Blaber, S. J. M. (2013). *Market fishes of Indonesia (jenis-jenis ikan di Indonesia)*. Canberra, Australian: Australian Centre for International Agricultural Research.
- Wijana, I. M. S., & Mahardika, I. G. N. (2010). Struktur genetik dan filogeni yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) berdasarkan sekuen DNA mitokondria control region sitokrom oksidase I pada diversitas zone biogeografi. *Jurnal Bumi Lestari*, **10**(2), 270–274.
- Willette, D. A., Santos, M. D., & Leadbitter, D. (2016). Longtail tuna *Thunnus tonggol* (Bleeker, 1851) shows genetic partitioning across, but not within, basins of the Indo-Pacific based on mitochondrial DNA. *Journal of Applied Ichthyology*, **32**(2), 318–323.
- Wu, G. C. C., Chiang, H. C., Chou, Y. W., Wong, Z. R., Hsu, C. C., Chen, C. Y., & Yang, H. Y. (2010). Phylogeography of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) in the Western Pacific and the Western Indian Oceans inferred from mitochondrial DNA. *Fisheries Research*, **105**(3), 248–253.