

Tersedia online di: <http://ejournal-balitbang.kkp.go.id/index.php/bawal>

e-mail: bawal.puslitbangkan@gmail.com

BAWAL WIDYA RISET PERIKANAN TANGKAP

Volume 14 Nomor 3 Desember 2022

p-ISSN: 1907-8226

e-ISSN: 2502-6410

Nomor Akreditasi Kementerian RISTEK-BRIN: 148/M/KPT/2020



ANALISIS POPULASI IKAN BAWAL HITAM (*Parastromateus niger* Bloch, 1795) BERDASARKAN KERAGAMAN DAN JARAK GENETIK DI WPPNRI 718

POPULATION ANALYSIS OF BLACK POMFRET FISH (*Parastromateus niger* Bloch, 1795) BASED ON DIVERSITY AND GENETIC DISTANCE IN WPPNRI 718

Nurnaningsih¹, Wayan Kantun^{2*} dan Sri Wulandari³

¹Pemanfaatan Sumber Daya Perairan, Institut Teknologi dan Bisnis Maritim Balik Diwa, Jalan Perintis Kemerdekaan VIII No.8 Makassar, 90245

²Sumber Daya Akuatik, Institut Teknologi dan Bisnis Maritim Balik Diwa, Jalan Perintis Kemerdekaan VIII No.8 Makassar, 90245

³Pemanfaatan Sumber Daya Perairan, Institut Teknologi dan Bisnis Maritim Balik Diwa, Jalan Perintis Kemerdekaan VIII No.8 Makassar, 90245

Teregistrasi I tanggal: 29 Juni 2022; Diterima setelah perbaikan tanggal: 1 Februari 2023;

Disetujui terbit tanggal: 6 Februari 2023

ABSTRAK

Ikan bawal hitam (*Parastromateus niger*) merupakan ikan demersal yang memiliki nilai ekonomis tinggi. Permintaan pasar ikan bawal hitam sebagai ikan konsumsi yang terjadi secara kontinyu menyebabkan peningkatan intensitas penangkapan di alam. Kondisi ini menyebabkan jumlah dan ukuran ikan bawal hitam di alam mengalami penurunan. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui struktur populasi, mencakup keragaman dan jarak genetic dan dugaan pohon filogeni ikan bawal hitam (*Parastromateus niger*) di Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia (WPPNRI) 718. Penelitian dilakukan pada bulan Maret sampai Mei 2022. Sampel ikan bawal hitam berasal dari ikan tangkapan di Laut Aru, Laut Arafuru, dan Laut Timor. Penelitian ini dilakukan melalui metode *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) untuk menganalisis keragaman dan jarak genetic ikan bawal hitam dengan menggunakan tiga primer yaitu OPA-8, OPA-9, dan OPA-10. Data di analisis menggunakan *software DARwin* 6.0. Hasil menunjukkan ada variasi genetic antar populasi; analisis dendrogram memperlihatkan diperoleh dua sub populasi ikan bawal hitam baik berdasarkan ukuran maupun lokasi. Dapat dibedakan kelompok ukuran ikan bawal berukuran kecil yang terpisah dari kelompok berukuran sedang dan besar; sedang berdasarkan lokasi pengambilan sampel terlihat sub populasi Laut Aru terpisah dengan subpopulasi Laut Arafuru dan Laut Timor yang mengelompok. Berdasarkan dendrogram bahwa sub populasi dengan karakteristik yang sama dikelola dengan model yang sama dan yang memiliki karakteristik berbeda dikelola secara terpisah.

Kata Kunci: Ikan bawal hitam; Jarak genetic; keragaman genetic; filogeni; sub populasi; WPPRI 718

ABSTRACT

Black pomfret fish (Parastromateus niger) is a demersal fish that has high economic value. The market demand for black pomfret fish as a consumption fish that occurs continuously causes an increase in the intensity of fishing in nature. This condition causes the number and size of black pomfret fish in nature to decrease. This study aims to determine the genetic diversity and distance of the black pomfret fish (Parastromateus niger) population in the State Fisheries Management Area of the Republic of Indonesia (WPPNRI) 718. The time of the study was carried out from March to May 2022. The black pomfret fish sample came from the Aru Sea population, the Sea Arafuru, and the East Timor Sea which landed at the Nizam Zachman Ocean Fishing Port, North Jakarta. This study used the Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) method to analyze the genetic diversity and distance of black pomfret fish using three primers, namely OPA-8, OPA-9, and OPA-10. The data were analyzed using DARwin 6.0 software and the results showed genetic variation between populations. The results of the dendrogram analysis showed that there were two sub-populations of black pomfret fish based on size, namely the small pomfret sub-population and the medium and large-sized sub-population. Likewise, two sub-populations were obtained based on the sampling location, namely the Aru Sea sub-population with the Arafuru Sea and the Timor Sea sub-population. Based on the dendrogram, sub-populations with the same characteristics are managed using the same model and those with different characteristics are managed separately.

Keywords: Black pomfret; genetic distance; genetic diversity; sub population; WPPRI 718

Korespondensi penulis:
aryakantun@gmail.com

PENDAHULUAN

Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia (WPPNRI) 718 meliputi Laut Aru, Laut Arafuru, dan Laut Timor bagian Timur (Gambar 2). WPPNRI 718 merupakan salah satu wilayah perikanan yang penting di Indonesia dengan potensi sumber daya ikan mencapai 2.637.564 ton/tahun, dimana sekitar 33% nya atau 876.722 ton/tahun merupakan ikan demersal (Kepmen KPRI Nomor 19, 2022).

Beberapa jenis ikan demersal yang banyak ditangkap di WPPRI 718 dan bernilai ekonomis adalah kakap merah, gulamah, manyung, kuro, beloso dan biji nangka. Ikan demersal lainnya yang juga menjadi sumberdaya bernilai ekonomis penting adalah bawal putih (*Pampus argenteus*) (KKP, 2016), ikan bawal hitam (*Parastromateus niger*) (Froese & Daniel, 2022). Ikan ini merupakan ikan laut yang memiliki nilai ekonomis (Sharifi *et al.*, 2015) dengan kandungan protein yang tinggi (Prasetya *et al.*, 2020). Kondisi ini menyebabkan terjadinya permintaan yang tinggi dari konsumen sehingga menstimulasi meningkatnya intensitas penangkapan. Penangkapan yang intensif dapat mempercepat menurunnya potensi di alam, menurunnya jumlah produksi dan bahkan dapat berdampak pada menurunnya ukuran ikan. Upaya untuk mengantisipasi menurunnya potensi, jumlah dan ukuran ikan, maka perlu usaha menyediakan informasi dasar sebagai acuan dalam menentukan status pengelolaan populasi ikan bawal hitam. Untuk hal tersebut perlu data dan informasi dasar tentang status populasi ikan bawal hitam, dan analisis genetik diyakini memiliki akurasi tinggi untuk memperoleh data struktur genetik populasi ikan.

Ikan bawal hitam hidup dengan cara berasosiasi di sekitar terumbu karang pada kedalaman 15-105 m, dengan wilayah distribusi meliputi wilayah Indo-Pasifik Barat, Afrika Timur sampai Jepang bagian Selatan. Ikan ini dapat mencapai ukuran panjang berkisar 30- 75 cm (Froese *et al.*, 2013). Hoese *et al.* (2006) mengungkapkan bahwa ikan bawal memiliki persebaran yang sangat luas dan hidup di perairan tropis wilayah Indo-Pasifik Barat. Persebarannya mulai dari air laut, payau hingga ke air tawar. Meskipun di sekitar muara sungai yang tingkat garamnya (salinitas) sedang pun ikan ini dapat mencari makan dengan baik. FAO (2021), ikan bawal hitam dapat ditemukan di lepas pantai Afrika Selatan, Mozambik, Kenya, Laut Arab, Teluk Benggala, Teluk Arab, Indonesia, Philipina, China, Jepang Selatan, dan Australia. Ikan ini sering ditemukan pada kedalaman 15-40 meter dan juga dapat ditemukan di kedalaman hingga 105 meter. Pada siang hari umumnya dapat ditemukan di dasar laut dan pada malam hari ditemukan di permukaan perairan

Food Agriculture Organization (2021), mendeskripsikan ikan bawal hitam memiliki satu baris gigi

berbentuk kerucut dengan bukaan insang tidak terbatas baik lateral maupun perut. Sirip punggung memiliki 4 sampai 5 duri pendek yang tidak terlihat pada ikan bawal dewasa, serta dua duri sirip dubur yang tidak terlihat pada bawal dewasa. Sirip punggung dan sirip dubur memiliki ciri yang hampir sama dan memiliki lobus anterior membalut dengan lebar. Ikan dewasa berwarna abu-abu sampai coklat kebiruan. Ikan bawal hitam berukuran dewasa memiliki warna coklat kebiruan pada bagian atas tubuh dan berwarna abu-abu kepekaan pada bagian bawah tubuh ikan. Pada anterior sirip punggung dan sirip dubur berwarna abu-abu kebiruan, terdapat bercak hitam di tepi belakang penutup insang, dan tidak terdapat sirip pada bagian perut. Pada ikan remaja memiliki tubuh gelap dan sirip perut hitam. Ikan ini berkembang dengan baik dan sering bergerombol dengan ubur-ubur di perairan (Dianne, 2022). Hoese *et al.* (2006) melaporkan bahwa ikan bawal hitam remaja dan dewasa memiliki struktur pada bagian kepala, tubuh dan sirip ekor memiliki pita, sedangkan pada ikan dewasa tidak memiliki pita tetapi berwarna abu-abu sampai coklat kebiruan di seluruh tubuhnya. Froese *et al.* (2013) mengklasifikasikan ikan bawal hitam ke dalam filum: Chordata; Kelas: Actinopterygii; Ordo: Perciformes; Famili: Carangidae; Genus: *Parastromateus*; Spesies: *Parastromateus niger*.

Beberapa penelitian tentang bawal hitam yang telah dilaporkan, diantaranya Pati (1983) meneliti perubahan pertumbuhan ikan bawal perak hubungannya dengan kebiasaan makan di Teluk Bengal; Tao *et al.* (2012) mengamati perubahan umur dan pertumbuhan ikan bawal hitam di Selat Taiwan; Tan (2009) pengamatan ikan bawal hitam. Namun, penelitian tentang genetik populasi ikan bawal hitam masih sangat kurang dan terbatas, terutama yang meliputi satu wilayah pengelolaan perikanan. Beberapa penelitian genetik ikan bawal hitam yang telah dilaporkan diantaranya Zhao *et al.* (2011) meneliti keragaman genetik ikan bawal perak di Laut Kuning bagian Selatan dan Timur Laut Cina, Sharifi *et al.* (2012; 2015) tentang keragaman genetik bawal hitam dan aplikasi AFLP untuk analisis genetik di pantai Iran Teluk Persia; Shamsudheen *et al.* (2019) meneliti dalam kaitannya “*genetic identification*” melalui cara DNA *barcoding* pada bawal hitam untuk konfirmasi “*species*”. Penelitian genetik jenis ikan demersal lainnya diantaranya pada ikan kerapu sunu oleh Budi *et al.*, (2015); ikan baronang oleh Lante *et al.*, (2012); dan ikan kakap putih oleh Irmawati *et al.*, (2021).

Penelitian ini dilaksanakan melalui metode *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) menggunakan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR), dengan variabel penelitian berupa strata ukuran ikan dan lokasi sampling. Ukuran ikan sampel dibedakan dalam ikan berukuran kecil, sedang, dan besar; sedangkan lokasi sampling dipilih tiga populasi di Laut Aru, Laut Arafuru, dan Laut Timor.

Penanda molekuler RAPD yang digunakan merupakan sekuen DNA polimorfik yang dipisahkan oleh gel elektroforesis PCR menggunakan satu primer oligonukleotida pendek secara acak. Teknik RAPD merupakan teknik analisis DNA yang cepat dan murah dalam mendapatkan data molekuler genetik. Keunggulan lainnya RAPD memiliki kriteria sebagai sistem marka yang ideal karena polimorfiknya tinggi, mudah dan cepat serta ekonomis (Simatupang, 2012). Analisis RAPD dapat mengidentifikasi sejumlah besar polimorfisme DNA yang digunakan sebagai penanda genetik untuk membedakan populasi dan hubungan kekerabatan. RAPD berperan dalam masalah taksonomi dan biologi populasi seperti pendeteksian polimorfisme, pola pewarisan, asal populasi, penentuan jumlah spesies disuatu populasi dan keanekaragaman genetik (Anggreini, 2008).

Penelitian ini ditujukan untuk mengkaji hubungan kekerabatan dan jarak genetik ikan bawal hitam

(*Parastromateus niger*) dalam upaya memperoleh informasi status populasi ikan yang diharapkan dapat bermanfaat bagi pengelolaannya.

BAHAPANMETODE **Sampel Ikan Bawal Hitam**

Sampel ikan bawal hitam (*Parastromateus niger*) diperoleh dari ikan yang didaratkan di Pelabuhan Perikanan Samudera Nizam Zachman Jakarta Utara, yang berasal dari Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia (WPPNRI) 718 meliputi Laut Aru, Laut Arafuru, dan Laut Timor bagian Timur (Gambar 2). Sampel yang berasal dari daerah penelitian tersebut diberi label dan kode khusus dengan mengikatkan tanda pada bagian ekor baik yang berasal dari Laut Aru, Laut Arafuru, maupun Laut Timor bagian Timur (Gambar 1).



Gambar 1. Contoh sampel ikan bawal hitam berukuran sedang dari laut Aru (S1), Laut Arafura (S2) dan Laut Timor (S3).

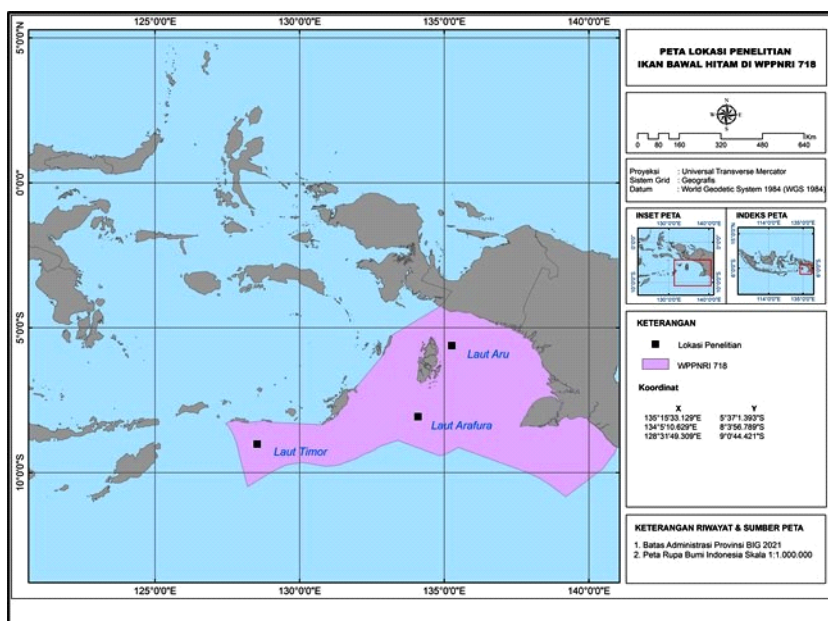
Figure 1. Examples of medium-sized black pomfret samples from the Aru Sea (S1), Arafura Sea (S2) and Timor Sea (S3).

Sampel yang dipergunakan dalam penelitian ini berjumlah 27 ekor dengan klasifikasi ukuran kecil berbobot berkisar 500-600 g (n= 9 ekor) dengan ukuran panjang cagak berkisar 23,5-32,5 cm, ukuran sedang berbobot berkisar 600-700 g (n= 9 ekor) dengan ukuran panjang cagak berkisar 25,3 – 34,9 cm, dan ukuran besar berbobot di atas 700 g (n= 9 ekor) dengan ukuran panjang cagak berkisar 27,8 – 37,6 cm (Tabel 1). Ukuran yang dipakai ini berdasarkan standar ukuran bobot untuk bahan baku ekspor dengan ukuran panjang cagak berkisar 23,5 sampai

37,6 cm. Sampel diambil setiap sebulan sekali dalam waktu tiga bulan berturut-turut.

Waktu dan Lokasi Penelitian

Penelitian ini telah dilaksanakan pada bulan Maret sampai Mei 2022 dengan asal sampel dari Laut Aru, Laut Arafuru dan laut Timor. Sedangkan analisis sampel DNA dilakukan di Laboratorium Pusat Riset Perikanan Badan Riset dan Inovasi Nasional (Pusrisikan BRIN).



Gambar 2. Wilayah Pengelolaan Perikanan (WPP) 718 Laut Arafuru, Indonesia.
 Figure 2. Indonesia's 718 Fisheries Management Area.

Tabel 1. Panjang Standar, panjang total dan berat badan ikan bawal hitam yang dari populasi Laut Aru, Laut Arafuru, dan Laut Timor yang dijadikan sampel

Table 1. Standard length, total length and body weight of the black pomfret from the Aru Sea, Arafuru Sea and Timor Sea populations sampled

Populasi Aru	Individu	Panjang Standar (cm)	Panjang Total (cm)	Berat Badan (gram)
Ukuran Kecil	1	24,7	32,1	580
	2	24,0	31,8	576
	3	24,8	32,2	582
Ukuran Sedang	1	26,2	34,0	660
	2	26,5	34,7	671
	3	26,3	34,4	669
Ukuran Besar	1	28,6	37,2	755
	2	28,8	37,6	781
	3	28,7	37,5	780
Populasi Arafuru	Individu	Panjang Standar (cm)	Panjang Total (cm)	Berat Badan (gram)
Ukuran Kecil	1	24,7	31,5	560
	2	23,8	31,3	577
	3	24,5	32,0	581
Ukuran Sedang	1	26,5	34,2	670
	2	25,8	33,8	649
	3	26,5	34,9	690
Ukuran Besar	1	27,8	36,7	720
	2	28,6	37,4	771
	3	28,3	37,0	745
Populasi Timor	Individu	Panjang Standar (cm)	Panjang Total (cm)	Berat Badan (gram)
Ukuran Kecil	1	23,7	30,0	540
	2	24,9	32,5	590
	3	23,5	29,8	530
Ukuran Sedang	1	25,7	33,8	678
	2	25,3	33,5	620
	3	26,8	34,9	690
Ukuran Besar	1	28,0	37,0	724
	2	28,5	37,1	750
	3	28,7	37,4	772

Tabel 1. Deskripsi sekuen primer RAPD dan suhu penempelan (*annealing*) yang digunakan
 Table 1. Description of the RAPD primer sequence and the annealing temperature used

Primer	Urutan Basa (5'-3')	Suhu
OPA-8	GTGACGTAGG	35 °C
OPA-9	GGGTAACGCC	37 °C
OPA-10	GTGATCGCAG	37 °C

Alat dan Bahan Penelitian

Alat yang digunakan dalam penelitian ini adalah mesin PCR *applied biosystems veriti™ thermal cycler*, *Minicentrifuge*, *incubator*, *vortex*, tabung *ependorf*, *microtube*, *bluelight transilluminator*, *electroforesis horizontal*, *micropipet*, UV *transilluminator*, rak *tube*, timbangan digital, pinset, gunting, dan spidol permanen. Sedangkan bahan yang digunakan dalam penelitian ini adalah: sample jaringan ikan bawal hitam, μL *buffer*, *ethanol*, *tissue*, *proteinase K*, primer, saring tangan, *loading dye*, *agarose*, *parafilm*, *maternix*, dan *aquadest*. Sample jaringan diambil di bagian sisi atas perut sebelah kiri.

Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA (*Deoxiribo Nucleid Acid*) masing-masing sampel jaringan menggunakan *DNeasy Blood and Tissue Kit* dari Qiagen. Metode yang digunakan adalah *spincolumn*. Sampel jaringan ikan yang diambil seberat 50 mg dan dimasukkan ke dalam tabung *ependorf* 1,5 mL dilisis dengan menambahkan 180 μL *Aqueous Tissue Lysis buffer*, *proteinase K* sebanyak 20 μL , 200 μL *Aqueous Lysis buffer* selanjutnya diinkubasi pada suhu 56°C selama 1-3 jam. Tambahkan 200 μL *ethanol* absolut, sentrifugasi dengan kecepatan 800 rpm selama 1 menit. Tambahkan 500 *buffer* AwI, 50 *buffer* AE inkubasi 5 RT 5 menit. Sentrifugasi 800 rpm selama 1 menit. Kemudian simpan ekstrak DNA pada suhu -20 °C.

Amplifikasi DNA

Primer yang digunakan dalam amplifikasi acak polimorfisme DNA (*Random Amplified Polymorphism DNA*, RAPD) (Lante *et al.*, 2012; Asphama, 2014; Irmawati *et al.*, 2021) adalah OPA-8, OPA-9, dan OPA-10 dengan urutan basa panjang nukleotida masing-masing 10-nm dan suhu tertera pada Tabel 1. Penggunaan primer tersebut dengan pertimbangan memperlihatkan hasil amplifikasi DNA yang bersih dan yang tersedia di laboratorium. Proses amplifikasi DNA dilakukan dengan menggunakan mesin *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dari *PCR Applied Biosystems Veriti™ Thermal Cycler*.

Amplifikasi dilakukan dengan menambahkan H₂O sebanyak 14,5 μL . *mastermix* PCR sebanyak 21 μL . Siklus amplifikasi berupa *denaturasi* pada suhu 95 °C selama 1-2 menit, kemudian *annealing* pada suhu 35 °C selama 1-2

menit, sehingga oligonukleotida primer menempel pada DNA yang komplementer dengan sekuen primer. Setelah dilakukan penempelan, suhu dinaikkan menjadi 72°C selama 1,5 menit. Pada suhu tersebut, enzim DNA melakukan proses *polymerase* (Zamroni *et al.*, 2017). Tahap selanjutnya DNA dapat dilihat secara langsung dan dapat ditentukan ukurannya berdasarkan migrasinya pada gel agarosa maupun gel poliakrilamid. Migrasi DNA dalam gel tersebut dikenal sebagai elektroforesis. Untuk dapat divisualisasikan, DNA diberi gel pewarna, kemudian dilihat di atas sinar ultra violet. Pewarna yang biasa digunakan adalah *ethidium bromida* (EB). EB dapat menangkap sinar ultraviolet sehingga pancaran sinar UV dapat terlihat. Penggunaan elektroforesis pada kegiatan biologi molekuler merupakan cara untuk memvisualisasikan keberadaan DNA, plasmid, dan produk PCR. DNA dapat dilihat secara langsung dan dapat ditentukan ukurannya berdasarkan migrasinya pada gel agarosa maupun gel poliakrilamida (Artati, 2013).

DNA divisualisasi dengan melakukan elektroforesis dengan gel agarosa 0.8% dalam *buffer* TAE (Tris acetate-EDTA) dengan pewarna *ethidium bromide* (0.5 $\mu\text{g mL}^{-1}$). Elektroforesis DNA dilakukan pada 100 V selama 45 menit dan DNA diamati dengan UV *transilluminator*. Konsentrasi DNA ditentukan dengan cara membandingkan tingkat perpendaran band DNA hasil ekstraksi dengan lambda DNA yang sudah ditentukan konsentrasinya (Pharmawati, 2009). Sundari dan Bambang, (2019) memvisualisasi pita DNA hasil elektroforesis dilakukan dengan cara *geldoc*

Data Genetik dan Analisis Data

DNA hasil amplifikasi dari 3 (tiga) populasi menggunakan 3 (tiga) primer diterjemahkan menjadi data biner dengan ketentuan nilai 1 menunjukkan adanya pita dan nilai 2 menunjukkan tidak adanya pita. Data biner hasil skoring digunakan untuk menghitung jarak genetik, indeks similaritas, dan menyusun diagram dendrogram melalui analisis kelompok (Lante *et al.*, 2012). Keragaman didefinisikan sebagai suatu hal yang dapat diwariskan dan dapat dideteksi pada suatu lokus. Sedangkan polimorfisme merupakan perbedaan yang diwariskan yang ditemukan di antara individu dalam suatu populasi. Keragaman genetik ikan bawal dianalisis menggunakan *software Dissimilarity Analysis and Representation for Windows* (DARwin 6.0) untuk melakukan analisis *Unweighted Pair Group Method* dan *Arithmetic Mean* (UPGMA). Visualisasi hasil ekstraksi dan produk PCR dilakukan

melalui elektroforesis. Berdasarkan Nei & Tajima (1981), keragaman genetik dihitung berdasarkan persamaan:

$$h = \frac{n}{n-1} \left(1 - \sum_{i=1}^n X_i^2 \right) \dots\dots\dots(1)$$

Dimana:

h = Keragaman haplo tipe

n = Jumlah sampel

X_i = Frekuensi haplo tipe sampel ke-i

Jarak genetik (*genetic distance*) merupakan ukuran perbedaan genetik antar populasi yang dihitung berdasarkan frekuensi alel. Uji jarak genetik dihitung berdasarkan Nei (1981) dengan persamaan:

$$D = \ln \left[\frac{J_{ab}}{\{(J_a X J_b)^{0,5}\}} \right] \dots\dots\dots(2)$$

Dimana:

D = Jarak Genetik

J_{ab} = Frekuensi haplo tipe pada lokus populasi sama

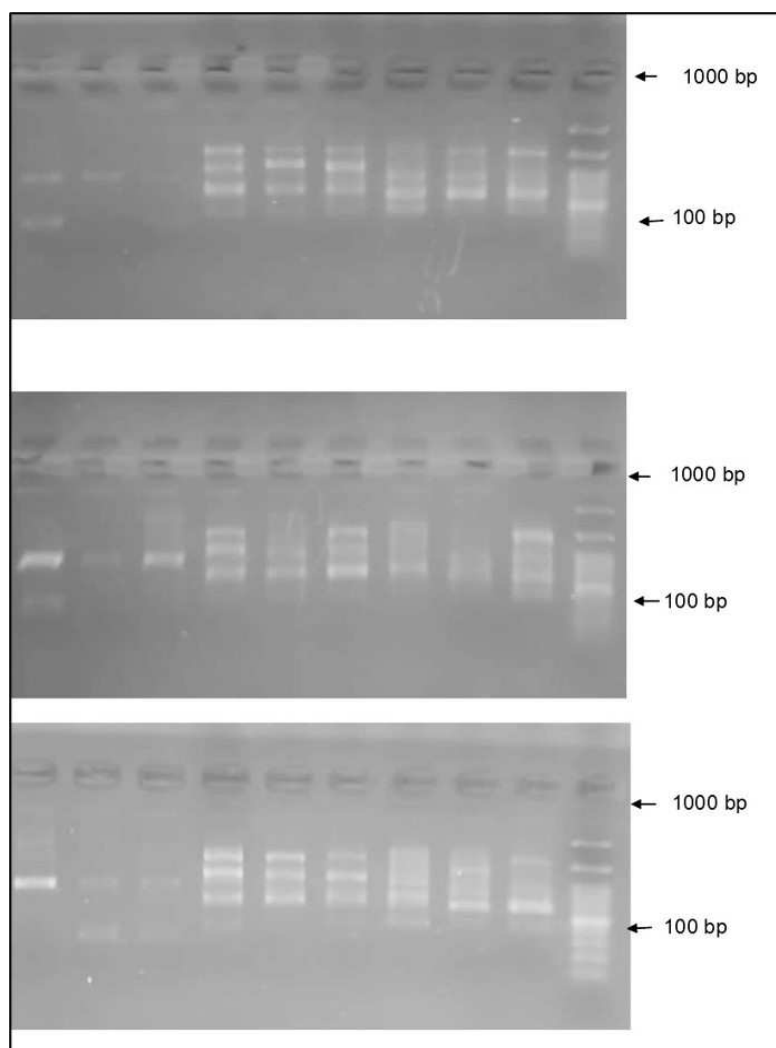
J_a & J_b = Frekuensi haplo tipe pada populasi A dan B

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil

Analisis RAPD

Hasil amplifikasi DNA ikan bawal hitam setiap primer disajikan pada Tabel 2. Primer OPA-8 menghasilkan 15 pita dengan panjang pita 100-1,000 bp, jumlah pita OPA-8 lebih sedikit dibandingkan dengan jumlah pita primer OPA-9 dan primer OPA-10. Primer OPA-9 sebanyak 29 pita dengan panjang pita 100-1,000 sedangkan OPA-10 memiliki jumlah pita terbanyak dibandingkan dengan primer OPA-8 dan OPA-9, yaitu sebanyak 35 dengan panjang pita 100-1,000 (Gambar 3).



Gambar 3. Elektroforesis hasil amplifikasi PCR ikan bawal hitam populasi Laut Aru, Laut Arafura dan Laut Timor bagian Timur (M= Marker; 1-3 = OPA-8; 4-6 = OPA-9; 7-9 = OPA-10).

Figure 3. Electrophoresis of PCR amplification of black pomfret fish population in the Aru Sea, Arafura Sea and East Timor Sea (M= Marker; 1-3 = OPA-8; 4-6 = OPA-9; 7-9 = OPA-10).

Ketiga populasi ikan bawal hitam memiliki panjang pita yang sama, namun memiliki jumlah pita yang berbeda, seperti terlihat pada Tabel 2.

Keragaman Genetik Ikan Bawal Hitam

Keragaman genetik ikan bawal hitam dengan menggunakan analisis UPGMA (*Unweighted Pair Group Method dan Arithmetic*) menunjukkan bahwa secara umum

variasi genetik ikan bawal hitam baik berdasarkan kelompok ukuran ikan (kecil, sedang dan besar) berkisar 0,00005 sampai 0,01677. Sedangkan keragaman genetik ikan bawal hitam berdasarkan asal sampel (laut Aru, Arafura dan laut Timor) berkisar 0,00056 sampai 0,01633, seperti terlihat pada Tabel 3. Keragaman genetik yang diperoleh pada penelitian ini lebih tinggi pada ukuran kecil. Hal ini diduga berhubungan dengan variasi jumlah individu di WPPNRI yang didominasi pada ukuran kecil.

Tabel 2. Jenis primer, jumlah dan panjang pita hasil amplifikasi DNA ikan bawal hitam

Table 2. Types of primers, number and length of bands from DNA amplification of black pomfret fish

Primer	Jumlah pita	Panjang pita (bp)
OPA-8	15	100-1,000
OPA-9	29	100-1,000
OPA-10	35	100-1,000

Tabel 3. Keragaman genetik ikan bawal hitam berdasarkan ukuran dan asal sampel

Table 3. The genetic diversity of black pomfret based on the size and origin of the sample

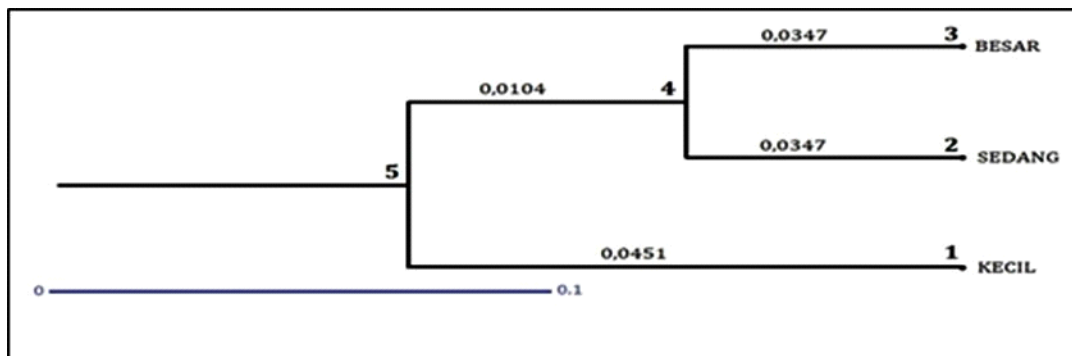
Ukuran Ikan			Asal Sampel		
Ukuran	Keragaman	(%)	Asal sampel	Keragaman	(%)
Kecil	0,01677	1,677	Laut Aru	0,01633	1,633
Sedang	0,00087	0,087	Laut Arafuru	0,00132	0,132
Besar	0,00005	0,005	Laut Timor	0,00056	0,056

Jarak Genetik dan Hubungan Filogenetik Populasi Bawal Hitam

Hasil analisis jarak genetik ikan bawal hitam berdasarkan ukuran ikan (kecil, sedang dan besar) berkisar 0,0347 sampai 0,0451 (Gambar 4) dan jarak genetik berdasarkan asal sampel (Laut Aru, Laut Arafuru, dan

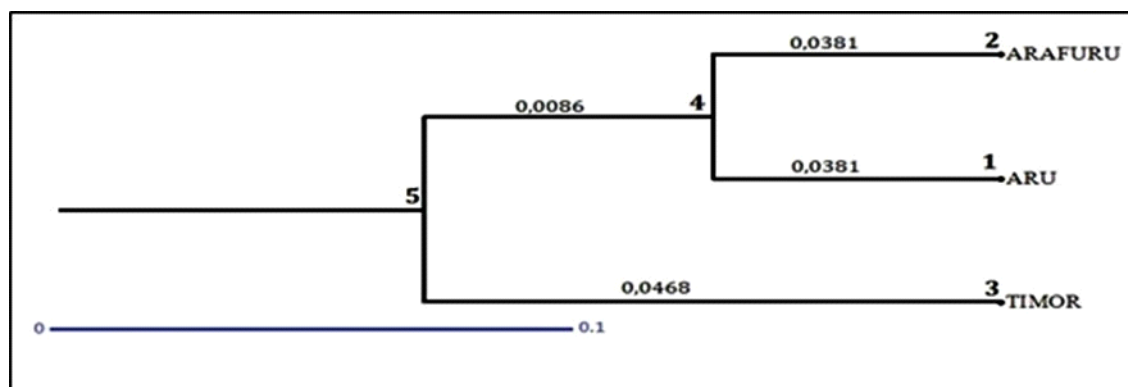
Laut Timor bagian Timur) berkisar 0,0381 sampai 0,0468 (Gambar 5).

Jarak genetik ikan bawal hitam di Wilayah Pengolahan Perikanan Negara Republik Indonesia (WPPN RI) 718 tertinggi pada populasi Laut Arafuru dan Laut Timur sebesar 0,0468, sedangkan jarak terendah pada populasi Laut Aru dengan Laut Arafuru sebesar 0,0381.



Gambar 4. Dendrogram jarak genetik ikan bawal hitam berdasarkan ukuran.

Figure 4. Dendrogram of genetic distance of black pomfret fish by size.



Gambar 5. Dendrogram jarak genetik ikan bawal hitam berdasarkan lokasi asal sampel.

Figure 5. Dendrogram of genetic distance of black pomfret fish based on the location of origin of the sample.

Bahasan

Ikan bawal hitam memiliki jumlah pita beragam dengan polimorfisme yang tinggi sehingga memiliki peluang hidup yang semakin tinggi karena kemampuannya untuk beradaptasi dengan perubahan lingkungannya. Peneliti terdahulu berpendapat bahwa semakin besar polimorfisme populasi akan memberikan keuntungan dan semakin baik bagi populasi tersebut (Triana *et al.*, 2014). Tinggi rendahnya nilai keragaman genetik bergantung pada variasi setiap spesies ikan yang berhasil di tangkap (Wahyuni *et al.*, 2018). Berdasarkan pernyataan tersebut, bahwa hasil penelitian ini menunjukkan keragaman genetik ikan bawal hitam berukuran kecil memiliki variasi yang lebih besar dan banyak dibandingkan dengan ikan bawal hitam berukuran sedang dan besar. Peneliti lain memperoleh keragaman genetik yang bervariasi pada ikan bawal. Keragaman genetik yang diperoleh sebesar 82,4% dari total nilai molekularnya di Kuwait, Teluk Sonmiani, Ormara, Pasni, Xiamen, dan Taiwan (Li *et al.*, 2017). Jika hasil penelitian ini dibandingkan dengan penelitian terdahulu pada lokasi yang berbeda menunjukkan adanya perbedaan yang sangat signifikan. Perbedaan yang cukup signifikan diduga berhubungan dengan wilayah pengelolaan yang berbeda, lingkungan dan kondisi internal spesies yang diteliti.

Faktor yang meningkatkan keragaman genetik suatu populasi adalah faktor mutasi dan migrasi, sedangkan faktor yang menurunkan keragaman genetik suatu populasi antara lain seleksi alam dan penghanyutan genetik (Asphama, 2014). Sementara faktor lingkungan yang berperan dalam pemindahan larva populasi ikan di laut adalah arus laut. Arus laut memungkinkan terjadinya persebaran populasi sehingga diduga dapat menjadi salah satu indikator dalam meningkatkan keragaman genetik atau hubungan kekerabatan tinggi antar populasi yang berbeda pada suatu perairan (Liu *et al.*, 2007). Ikan bawal hitam tergolong memiliki perilaku bermigrasi dengan ukuran populasi yang besar sehingga berpotensi melakukan penyebaran selama tahap kehidupan awal. Perilaku ikan bawal hitam ini dapat menyebabkan terjadinya aliran gen

diantara populasi berbeda. Selain karena perilaku dari ikan itu sendiri, perpindahan atau pergerakan dapat juga disebabkan oleh faktor internal seperti kondisi lingkungan.

Hasil penelitian ini memperlihatkan bahwa diperoleh keragaman genetik yang tinggi di Laut Aru dibandingkan dengan Laut Arafuru dan Laut Timor bagian Timur. Hal ini diduga bahwa ikan bawal hitam di Laut Aru memiliki kondisi perairan yang lebih bagus, dibandingkan dengan Laut Arafuru dan Laut Timor bagian Timur sehingga mendukung dan menjamin populasi ikan bawal hitam untuk bertahan dan menyesuaikan diri dengan lingkungan dalam menjaga keberlangsungan hidupnya. Selain itu, keragaman genetik yang tinggi diduga berkaitan dengan terjadinya perkawinan acak (*interbreeding*) antar individu. Hobbs *et al.* (2013), *inbreeding* dapat terjadi karena adanya penghalang secara geografis (*barrier geografis*) dalam reproduksi, sehingga menyebabkan individu-individu cenderung bereproduksi dengan individu dari posisi geografis yang sama. Hal serupa diduga terjadi pada populasi laut Arafuru dan laut Timor. Jika itu yang terjadi, maka kondisi populasi ikan bawal yang ada dalam perairan tersebut dalam jangka panjang akan terjadi perubahan stabilitas. Namun demikian, perkawinan acak dapat menjamin kestabilan frekuensi alel dari satu generasi ke generasi berikutnya (Ardiana *et al.*, 2021) dan populasi dengan keragaman genetik yang tinggi memiliki peluang hidup lebih tinggi sehingga mampu beradaptasi lebih baik dengan lingkungannya (Lante *et al.*, 2012).

Keragaman genetik merupakan perbedaan ukuran genetik antar populasi yang disebabkan karena mutasi, seleksi alam, persilangan acak, dan penghanyutan gen yang dapat mengubah tampilan genetik dari suatu populasi dan migrasi sehingga menyebabkan terjadinya evolusi (Kantun *et al.*, 2018). Beberapa kemungkinan yang menyebabkan spesies ikan dari lokasi yang berbeda memiliki kemiripan secara genetik karena adanya *sharing genetic* (Leatemala *et al.*, 2018), kesamaan habitat yang cenderung melalui proses migrasi dan arus laut sebagai media transfer (Saleky *et al.*, 2016; 2021).

Jarak genetik ikan bawal hitam berdasarkan ukuran diperoleh informasi bahwa ditemukan dua kelompok yakni kelompok ikan bawal hitam ukuran kecil dengan kelompok ikan bawal hitam berukuran sedang dan besar (Gambar 6). Kelompok ukuran sedang dan besar dengan nilai jarak genetik relatif dekat atau sempit diduga kedua kelompok tersebut tidak memiliki batasan antara satu dengan yang lainnya. Pada kelompok ukuran sedang dan besar kemungkinan telah terjadi perkawinan antar kelompok, namun karena kedua kelompok ukuran berasal dari wilayah sama dengan gen yang mirip sehingga walaupun terjadi perkawinan tidak akan menghasilkan variasi gen yang jauh berbeda. Sedangkan pada kelompok ikan ukuran kecil memiliki nilai jarak genetik yang lebih luas dibanding kelompok ukuran sedang dan besar. Hal ini diduga berhubungan dengan tingkah laku migrasi yang ketika berukuran kecil ikan-ikan akan memisahkan diri dari yang ukuran besar sehingga secara geografis akan terisolasi. Keterisolasian ini diduga dapat menyebabkan ikan berukuran kecil tidak dapat melakukan migrasi sehingga tidak memungkinkan terjadinya perkawinan diluar wilayah tersebut, yang berdampak pada tidak terjadinya penambahan gen baru yang dapat memperkaya keragaman genetik.

Semakin kecil nilai jarak genetik yang diperoleh, maka semakin dekat pula kedua kelompok populasi tersebut. Semakin besar nilai jarak genetik yang diperoleh, maka semakin jauh pula kedua kelompok populasi tersebut. Berdasarkan hasil analisis dendrogram jarak genetik terhadap ukuran ikan bawal hitam, menunjukkan bahwa ikan bawal hitam berukuran kecil dalam status populasinya harus dikelola secara terpisah dengan ikan bawal hitam berukuran sedang dan besar (Nugraha *et al.*, 2011).

Jarak genetik ikan bawal hitam berdasarkan lokasi asal sampel memperlihatkan ada dua kelompok populasi yakni populasi ikan bawal hitam dari laut Timor dengan populasi dari laut Aru dan Arafuru (Gambar 7). Kelompok populasi dari laut Arafuru dan laut Aru dengan nilai jarak genetik rendah. Kedekatan jarak genetik ini diduga pada populasi tersebut terjadi perkawinan internal populasi (*inbreeding*). Kelompok populasi dari laut Timor diduga terjadi pertukaran gen antar kelompok populasi (*crossbreeding*). Berdasarkan hasil analisis dendrogram jarak genetik terhadap asal populasi ikan bawal hitam tersebut, maka sub populasi ikan yang berasal dari laut Timor dalam status populasinya yang perlu dikelola secara terpisah dengan subpopulasi ikan bawal hitam yang berasal dari laut Aru dan Arafuru.

KESIMPULAN

Keragaman genetik ikan bawal hitam di Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia 718

berdasarkan ukuran berkisar 0,00005 - 0,01677 dan berdasarkan asal sampel 0,00056 - 0,01633. Berdasarkan analisis jarak genetik diperoleh dua subpopulasi baik berdasarkan ukuran yakni subpopulasi berukuran kecil dan subpopulasi ikan bawal hitam berukuran sedang dan besar. Demikian halnya dengan jarak genetik berdasarkan asal sampel diperoleh dua subpopulasi yakni subpopulasi asal Laut Timor dan subpopulasi laut Arafuru dan Aru. Untuk memperoleh informasi yang lengkap terkait dengan keragaman dan jarak genetik ikan bawal hitam yang ditangkap di alam, maka sebaiknya pada penelitian lanjutan perlu menggunakan ikan bawal hitam ukuran kecil yang bukan juvenil sebagai sampel.

UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis mengucapkan terimakasih kepada CV. Indo Pacific yang telah memfasilitasi dan membantu dalam memperoleh sampel berdasarkan daerah asal dan terima kasih juga kepada Kepala Laboratorium Pusat Riset Perikanan Badan Riset dan Inovasi Nasional (Pusrisikan BRIN) yang telah memfasilitasi dan mengarahkan dalam analisis laboratorium.

DAFTAR PUSTAKA

- Anggreni E. 2008. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) dalam Menjelaskan Berbagai Fenomena Biologi. *Biospecies*. 1(2): 73-76.
- Ardiana, S.A., Astrini, I.A., Putra, I.N.G., Pertiwi, P.D., Sembiring, A., Yusmalinda, A., & Malik, D.A. (2021). Keragaman genetik dan Filogenetik Longtail Tuna (*Thunnus tonggol*) yang Didaratkan di Pasar Ikan Pabean Surabaya. *Jurnal Faculty of Agriculture*. 3(2): 107-115.
- Artati D. 2013. Sensitivitas Gel Red Sebagai Pewarna DNA pada Gel Elektroforesis. *Buletin Teknik Litkayasa Akuakultur*. 11: 11-14.
- Asphama, A.I. (2014). Analisis Keragaman Genetik Spesies Kompleks *Portunus pelagicus* (Linnaeus, 1758) di Perairan Barru Berdasarkan Karakter Morfologi dan DNA. [Tesis]. Makassar: Universitas Hasanuddin Makassar.
- Budi, S.M.S., Harianti, J.H., & Haryanti. (2015). Variasi Genetik Ikan Kerapu Sunu *Plectropomus leopardus* F-0 Hingga F-3 berdasarkan Marka Mikrosatelit. *Jurnal Riset Aquaculture*. 10 (3): 305-311.
- Dianne, J.B. (2022). *Parastromateus niger* in Fishes of Australia. <https://fishesofaustralia.net.au/home/species/4279> diakses 03 april 2022.

- Food Agriculture Organization. (2021). Aquatic species. <http://www.fao.org/fishery/species/3127/en>
- Froese R. & Daniel, P. (2013). Fishbase. World Wide Web Electronic Publication. http://www.fishbase.org/CountrySpeciesSummary.php?c_code=356&id=1947
- Froese, R. & Daniel, P. (2022). FishBase. *Parastromateus niger* (Bloch, 1795). Accessed through: World Register of Marine Species at: <https://www.marinespecies.org/aphia.php?p=taxdetails&id=218431> on 2022-11-03
- Hobbs, J.P., Lynne, V.H., Dean, R.J., Geoffrey, P.J., & Philip. (2013). High Genetic Diversity in Geographically Remote Populations of Endemic and Widespread Coral Reef Angelfish Diversity. 5: 39-50.
- Hoese, D.F., Bray, D.J., Paxton, J.R., Allen, G.R. (2006). Zoological Catalogue of Australia. 35 (3): 1-2178.
- Irmawati, Siang, B.P., Citra, A.M., Baharuddin, M., & Halimah, S.L. (2021). Keragaman Genetik Ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer* Bloch, 1790) Tipe Liar dan Domestikasi menggunakan Metode Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). Journal of fisheries and Marine Research. 5 (1): 99-105.
- Kantun, W., & Mallawa A. (2018). Biologi Tuna Madidihang: *Thunnus albacares* (p.226) Gadjah Mada University Press: Yogyakarta.
- Keputusan Menteri Kelautan dan Perikanan Nomor 19 Tahun (2022). Estimasi potensi sumber daya ikan, jumlah tangkapan ikan yang diperbolehkan, dan tingkat pemanfaatan sumber daya ikan di Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia. 7 hal.
- Kementerian Kelautan dan Perikanan, (2016). Potensi Sumber Daya Kelautan dan Perikanan WPPNRI 718. Badan Penelitian dan Pengembangan Kelautan dan Perikanan. 182 Hal.
- Lante, S., Tenriulo, A., & Palinggi, N.N. (2012). Variasi Genetik Ikan Baronang (*Siganus gutatus*) Asal Perairan Barru, Lampung, dan Sorong Menggunakan Penanda RAPD (Randomly Amplified Polymorfism DNA). Jurnal Riset Akuakultur. 7 (2): 195-204.
- Leatemia, S.O.P., Manumpil, A.W., Saleky, D., & Dailami, M. (2018). DNA Barcode dan Molekuler Filogeni Turbo sp di Perairan. Prosiding Seminar Nasional MIPA UNIPA ke 03. 3:103-114.
- Liu, J., Gao, T., Wu, S., & Zhang, Y. (2007). Pleistocene Isolation in the Northwestern Pacific Marginal Seas and Limited Dispersal in a Marine Fish, *Chelon Haematocheilus* (Temminck & Schlegel, 1845). Molecular Ecology Journal. 16: 275-288.
- Li, Y., Zhang, Y., Lin, L., Gao, T., & Liu, L. (2017). New Genetic Persectiver of the Ambiguous Pomfret as Revealed by CR Sequences. Launched to Accelerate Biodiversitas Research. 718: 59-73.
- Nei, M., & Tajima, F. 1981. DNA Polymorphism Detectable by Restriction Endonucleases. Genetic. 97: 145-163.
- Nugraha, B., Novianto, D., & Barata, A. (2011). Keragaman Genetik Tuna Mata Besar (*Thunnus obesus*) di Samudera Hindia. Journal Lit. Perikanan. 17(4): 227-284.
- Pati, S., (1983). Growth changes in relation of food habits of silver pomfret, *Pampus argenteus*. The Indian journal of Animal Sciences, 53, 53-56.
- Pharmawati, M. (2009). Optimalisasi Ekstraksi DNA dan PCR-RAPD pada *Grevillea* spp. (Proteaceae). Jurnal Biologi. 13(1): 12 -16.
- OPTIMIZATION OF DNA EXTRACTION AND PCR-RAPD CONDITION OF *Grevillea* spp. (PROTEACEAE)
- Prasetyo, G.W., Mochammad, R., & Ronny, I.W. (2020). Distribusi ukuran dan hubungan panjang-berat ikan bawal (*Pomfret Fish*) yang tertangkap pada drift gillnet di perairan paloh, Kalimantan Barat. Jurnal Enggano. 5 (3): 334-349.
- Rachma, H., Abdul, G. & Suradi, W.S. (2015). Studi Beberapa Aspek biologi ikan Bawal Hitam (*Parastromateus niger*) yang tertangkap payang di Kabupaten Kendal. Diponegoro Journal of Maquares. 4 (4): 1-9.
- Saleky, D., & Dailami, M. (2021). Konservasi Genetik Ikan Kakap Putih (*Lates calcarief*, Bloch 1790) melalui Pendekatan DNA Barcoding dan Analisis Filogenetik di Sungai Kumbe Merauke Papua. Jurnal Kelautan Tropis. 24(2): 141-150.
- Saleky, D., Setyobudiandi, I., Toha, A.H.A., Takdir, M., & Madduppa, H. (2016). Length-weight relationship and population genetic of two marine gastropods species (Turbinidae: Turbo sparverius and Turbo bruneus) in the Bird Seascape Papua, Indonesia. Biodiversitas, Journal of Biological Diversity. 17(1):208–217.
- Shamsudheen, S., Ramachandran, A., Deepak, J., & Harikrishnan, M. (2019). DNA Bercoding Confirms Species Substitution of *Parastromateus niger* (Black Pomfret) Using Exotic Species *Piaractus brachypomus*

- (Red Bellied Pacu). International Journal of Fisheries and Aquatic Studies. 7 (4):314-320.
- Sharifi, M., Sourinejad, I., Hoseyni, S.J., Qasemi, S.A., & Faghieh, A. (2012). Genetic diversity of Black Pomfret (*Parastromateus niger*) in Iranian coasts of Persian Gulf using AFLP molecular marker. Journal of Aquatic Ecology. 2(2):81-68.
- Sharifi, M., Sourinejad, I., Hosseini, S.J., & Qasemi, S.A. (2015). Application of AFLP molecular marker for genetic analysis of black pomfret *Parastromateus niger* from the Persian Gulf. Iranian Journal of Fisheries Sciences. 14 (4): 857-875.
- Simatupang, N.F. (2012). Karakterisasi Ragam Genetik Ikan Sepat (*Trichogaster pectoralis*) Berdasarkan Analisis RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) dan Morfometrik". Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Institut Pertanian Bogor.
- Sriwidodo, D.W.E., Budiharjo, A., & Sugiyarto. (2013). Keanekaragaman jenis ikan di kawasan inlet dan outlet Waduk Gajah Mungkur Wonogiri. Bioteknologi. 10 (2): 43-50.
- Sundari, S & Bambang, P. (2019). Teknik Isolasi Dan Elektroforesis DNA Ikan Tapah. Buletin Teknik Litkayasa Akuakultur, 17 (2): 87-90.
- Tao, Y., Mingru, C., Jianguo, D., Zhenbin, L., & Shengyun, Y. (2012). Age and growth changes and population dynamics of the black pomfret (*Parastromateus niger*) and the frigate tuna (*Auxis thazard thazard*), in the Taiwan Strait. Latin American Journal of Aquatic Research. 40(3):649-656.
- Tan, H.H. (2009). Observation the Black Pomfret, *Parastromateus niger* (Teleostei: Perciformes: Carangidae). Nature in Singapore. 2:167-169.
- Triana, H.S., Mahir, S., Gani, & Malina, A.C. (2014). Analisis Keragaman Genetik pada Ikan Kerapu Macan (*Epinephelus fuscoguttatus*) yang Tahan Terhadap Penyakit yang Disebabkan oleh Bakteri *Vibrio alginolyticus*. Jurnal Kelautan dan Perikanan. 24(2): 37-47.
- Wahyuni, T.T., & Zakaria, A. (2018). Keanekaragaman Ikan di Sungai Luk Ulo Kabupaten Kebumen. Biosfera 35(1): 23 – 28.
- Zamroni, A., Suwarso, Kuswoyo, A. (2017). Variasi Genetik Ikan Banyar, *Rastrelliger kanagurta* (Cuvier, 1817) di Perairan Indonesia Timur. 9 (2): 123-131.
- Zhao, F., Dong, Y., Zhuang, P., Zhang, T., Zhang, L. a & Shi, Z. (2011). Genetic diversity of silver pomfret (*Pampus argenteus*) in the Southern Yellow and East China Seas. Biochemical Systematics and Ecology, 39, 145-150.