

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

e-mail: jppi.puslitbangkan@gmail.com

JURNAL PENELITIAN PERIKANAN INDONESIA

Volume 24 Nomor 2 Juni 2018

p-ISSN: 0853-5884

e-ISSN: 2502-6542

Nomor Akreditasi: 653/AU3/P2MI-LIPI/07/2015



KERAGAMAN GENETIK TUNA MATA BESAR (*Bigeye tuna, Thunnus obesus*) DI SAMUDRA HINDIA BARAT SUMATERA DAN SELATAN JAWA

GENETICS VARIATION OF BIGEYE TUNA (*Bigeye tuna, Thunnus obesus*) IN INDIAN OCEAN WEST OF SUMATERA AND SOUTH OF JAVA

Raymon Rahmanov Zedta*¹, Irwan Jatmiko¹ dan Abram Barata¹

¹Loka Riset Perikanan Tuna, Jl. Mertasari No. 140 Br Suwung Kangin, Sidakarya, Denpasar, Bali 80224, Indonesia

Teregistrasi | tanggal: 12 Desember 2017; Diterima setelah perbaikan tanggal: 22 Februari 2018;

Disetujui terbit tanggal: 22 Februari 2018

ABSTRAK

Salah satu cara yang digunakan untuk mendapatkan informasi tentang unit stok adalah dengan menggunakan pendekatan genetik. Informasi struktur populasi ini merupakan basis kajian stok dan opsi upaya pengelolaan agar pemanfaatannya dapat dilakukan secara lestari. Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan informasi variasi genetik dan struktur populasi tuna mata besar di Samudra Hindia. Sampel genetik yang berasal dari daging tuna mata besar dianalisis dengan metode *chelex*, PCR dan elektroforesis. Penelitian dilakukan pada bulan Januari sampai Desember 2015 dengan lokasi pengambilan sampel berada di perairan Samudra Hindia barat Sumatera dan Samudra Hindia selatan Jawa, Bali dan Nusa Tenggara. Hasil analisis menunjukkan bahwa keragaman genetik tuna mata besar di Samudra Hindia masih tinggi. Terdapat hubungan kekerabatan yang relatif dekat antar kelompok sampel populasi tuna mata besar di Samudra Hindia barat Sumatera dan selatan Jawa, Bali dan Nusa Tenggara. Variasi genetik diantara populasi tuna mata besar relatif kecil, namun variasi genetik dalam populasi relatif tinggi. Struktur populasi tuna mata besar di perairan Barat Sumatera dan Selatan Jawa-Nusa Tenggara (Samudra Hindia) masih merupakan satu stok populasi.

Kata Kunci: Mikrosatelit; primer; genetika; populasi; stok; Samudera Hindia

ABSTRACT

One other technique that used to obtain information about stock units is to use a genetic approach. This genetic population structure information is the basis of stock assessment and the options for how to manage the utilization can be done sustainably. This study aims to obtain information on genetic variation and population structure of large tuna populations in the Indian Ocean. Genetic samples derived from bigeye's tuna flesh analyzed by using chelex, PCR and electrophoresis methods. This research carried out in the waters of the Indian Ocean west of Sumatra and the southern Indian Ocean of Java, Bali and Nusa Tenggara at January until December 2015. The results of the analysis show that the genetic diversity of bigeye tuna in the Indian Ocean is still high. There is a relatively close relationship between bigeye tuna population groups in the Indian Ocean west of Sumatra and southern Java, Bali and Nusa Tenggara. Genetic variation among bigeye tuna populations is relatively small, but genetic variation within the population is relatively high. The population structure of bigeye tuna in West Sumatra and South of Java-Nusa Tenggara (Indian Ocean) is still in one stock population.

Keywords: Microsatellite; primer; genetic; population; stock; Indian Ocean

Korespondensi penulis:
zedtaraymon@kkp.go.id

PENDAHULUAN

Tuna mata besar merupakan spesies yang bermigrasi jauh (*highly migratory species*) yang distribusinya meliputi perairan tropis hingga perairan subtropis. Spesies ini dapat ditemukan di Samudra Atlantik, Hindia dan Pasifik (Collette & Nauen, 1983). Di Indonesia, daerah penyebaran tuna mata besar meliputi perairan barat dan selatan Sumatera, selatan Jawa, Bali dan Nusa Tenggara, Laut Banda dan sekitarnya, Laut Sulawesi dan perairan barat Papua (Uktolseja *et al.*, 1991). Sifat sebagai ikan peruyaya jauh mengakibatkan adanya kemungkinan terjadinya percampuran stok/populasi ikan (*shared/mixed stock*) yang berasal dari perairan satu dengan perairan lainnya, khususnya bagi wilayah perairan Indonesia yang memiliki karakteristik perairan kepulauan yang berbatasan langsung dengan perairan samudera.

Saat ini, status stok tuna mata besar di Samudra Hindia dalam keadaan baik (*not overfished and not subject to overfishing*) (IOTC, 2017). Meskipun demikian, dalam jangka panjang, sumber daya ini harus dikelola dengan baik agar dapat dimanfaatkan secara berkelanjutan. Strategi pengelolaan sumberdaya perikanan yang baik selayaknya dipertimbangkan atas dasar unit stok.

Salah satu cara yang diyakini lebih akurat untuk mendapatkan informasi tentang unit stok adalah melalui pendekatan genetika populasi. Dari studi ini

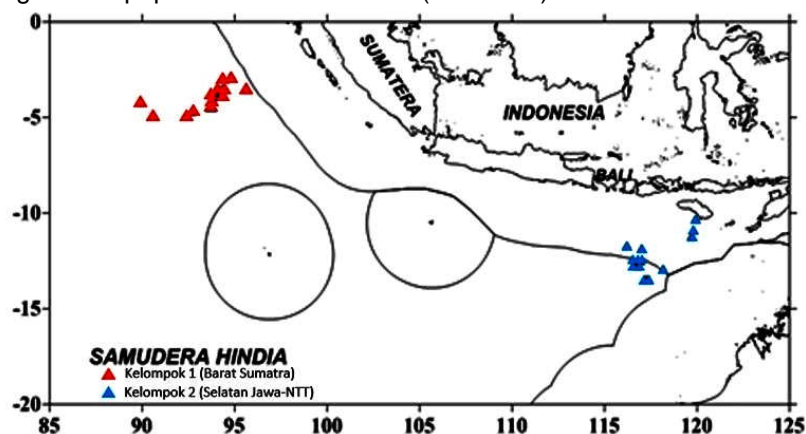
akan dapat diketahui informasi variasi genetik sehingga didapatkan gambaran kekerabatan antar individu dalam suatu populasi. Informasi struktur populasi ini merupakan basis kajian stok dan opsi pengelolaannya agar pemanfaatannya dapat dilakukan secara berkelanjutan.

Tulisan ini akan membahas variasi genetik (keragaman DNA *mitochondria*) serta struktur populasi dan kekerabatan populasi tuna mata besar di Samudra Hindia. Informasi tersebut diharapkan dapat digunakan untuk tujuan pengelolaan sumberdaya tuna mata besar dan dasar bagi pengkajian stok selanjutnya.

BAHAN DAN METODE

Pengumpulan Sampel

Sampel genetik tuna mata besar dikumpulkan secara langsung di daerah penangkapan armada rawai tuna yang berbasis di Pelabuhan Benoa Bali dan PPS Nizam Zachman Jakarta. Penelitian dilakukan pada Januari sampai Desember 2015 dengan lokasi pengambilan sampel di perairan Samudra Hindia barat Sumatera (WPP NRI 572) serta Samudra Hindia selatan Jawa, Bali dan Nusa Tenggara (WPP NRI 573). Sampel genetik tuna mata besar dibagi menjadi 2 (dua) kelompok, yaitu kelompok 1 (satu) berada pada posisi 7,001° – 9,801°LS dan 97,668° – 100,201° BT dan kelompok 2 (dua) berada pada posisi 11,818° – 13,051° LS dan 114,235° – 115,551° BT (Gambar1).



Gambar 1. Lokasi pengambilan sampel genetik tuna mata besar di Samudra Hindia bagian Barat Sumatera dan bagian Selatan Jawa-NTT.

Figure 1. Bigeye tuna sampling locations for genetic analysis in Western Indian Ocean of Sumatera and South Java-NTT.

Analisis Sampel

Genom DNA dari sampel tuna mata besar yang berasal dari Samudra Hindia Barat Sumatera dan Selatan Jawa diekstrak menggunakan metode *chelex* (Walsh *et al.*, 1991). Bahan yang digunakan dalam ekstraksi adalah 10 % larutan Chelex-100 dalam TE

(Tris-EDTA) dengan pH-8,0, *Proteinase Kinase* (PK) 20 mg/1000 µl, ethanol 90% dan aquades. Sebanyak 10 µl produk ekspresi diambil untuk dipurifikasi menggunakan *PrepEase DNA Clean-Up Kit*. Larutan yang tersaring adalah genom DNA murni yang selanjutnya dimasukkan ke mesin *GeneQuant* untuk mengetahui konsentrasi DNA murni tersebut. Hasil

purifikasi kemudian diamplifikasi dengan mesin PCR (*Polymerase chain reaction*) dengan menggunakan *Top Taq Master Mix* dan *Takara Ex Taq™ HotStart Vision*. Komposisi larutan PCR ini terdiri atas H₂O, 10x *buffer*, dNTP, primer *Forward*(F) dan *Reverse*(R), dan genom DNA.

Primer/lokus DNA mikrosatelit digunakan untuk mengamplifikasi sekuen-DNA, terdiri atas lokus *Ttho-4* (F = C C T T C A T C T T C A G T C C C A T C , R = C T G T T C A T C T G T T C G C C C) dan *Ttho-7* (F = T T C T G C T T C T T T C T T C T G G , R = G A A A C A C G G G A T T A T G G). Sekuens atau urutan basa dari lokus ini merupakan hasil kloning dari *Thunnus thynnus orientalis* di Jepang (Takagi *et al.*, 2003).

Tahapan selanjutnya pre-analisis menggunakan metode elektroforesis Elektroforesis dilakukan dengan melihat ukuran melalui gel agarosa, yaitu suatu bahan semi-padat berupa polisakarida yang dilarutkan dalam suatu *buffer* (Yuwono, 2005). Konsentrasi gel agarosa yang digunakan dengan DNA yang akan diukur, yaitu sebesar 1,5% dalam larutan elektroforesis (*Tris Base*, *Boric Acid*, EDTA 0,5M pH 8) *Mupid-2* dengan arus listrik sebesar 100 volt selama 27 menit.

Analisi Data

Produk amplifikasi PCR dengan penanda DNA mikrosatelit dianalisis dengan menggunakan program *GeneMapper 4.0*. Data yang diperoleh selanjutnya digunakan untuk mengukur beberapa parameter genetik populasi meliputi jumlah alel, frekuensi alel, heterozigositas, variabilitas (Ho/He), jarak genetik, variasi molekuler, hubungan kekerabatan dan struktur populasi. Perhitungan data genetik dilakukan dengan menggunakan bantuan perangkat lunak program *GenAlEx* versi 6.5 (Peakall & Smouse, 2012) dan program *Arlequin* versi 3.11 (Excoffier *et al.*, 2006). Kekerabatan antar populasi ditentukan berdasarkan parameter jarak genetik yang dihitung menurut Nei (1978) dengan persamaan:

$$D = -\ln\left[\frac{J_{ab}}{\{(J_a \times J_b)^{0,5}\}}\right] \dots\dots\dots(1)$$

- dimana;
 D = jarak genetik
 J_{ab} = frekuensi alel pada lokus dengan populasi yang sama
 J_a & J_b = frekuensi alel pada populasi A dan B

Derajat perbedaan molekuler haplotipe di antara populasi diduga dengan menggunakan *Analysis of Molecular Varians* (AMOVA) dan uji jarak berpasangan (*F_{st}*) dengan persamaan:

$$F_{st} = 1 - \left(\frac{H_w}{H_b}\right) \dots\dots\dots(2)$$

- dimana;
 F_{st} = indeks diferensiasi
 H_w = rata-rata perbedaan intra populasi
 H_b = rata-rata perbedaan antar populasi

HASIL DAN BAHASAN

Hasil

Amplifikasi Lokus DNA Mikrosatelit

Hasil amplifikasi lokus DNA mikrosatelit pada 30 sampel tuna mata besar dianalisis dengan menggunakan program *GeneMapper 4.0* setelah proses elektroforesis. Angka pada ordinat *X-axis* merupakan ukuran alel dalam pasang basa (*base pairs*) dan angka pada ordinat *Y-axis* merupakan sinyal warna yang menunjukkan ketinggian *peak* berupa intensitas *fluoresen* dan menunjukkan konsentrasi hasil amplifikasi (Gambar 2). Semua lokus/primer mikrosatelit yang dipergunakan (*Ttho-1*, *Ttho-4* dan *Ttho-7*) berhasil teramplifikasi. Distribusi ukuran alel yang diperoleh dari produk PCR sampel tuna mata besar bervariasi dari 180 – 197 bp (*base pairs*) pada lokus *Ttho-1*, 138 – 163 bp pada lokus *Ttho-4* dan 197 – 246 bp pada lokus *Ttho-7*.

Frekuensi Alel dan Keragaman Genetik

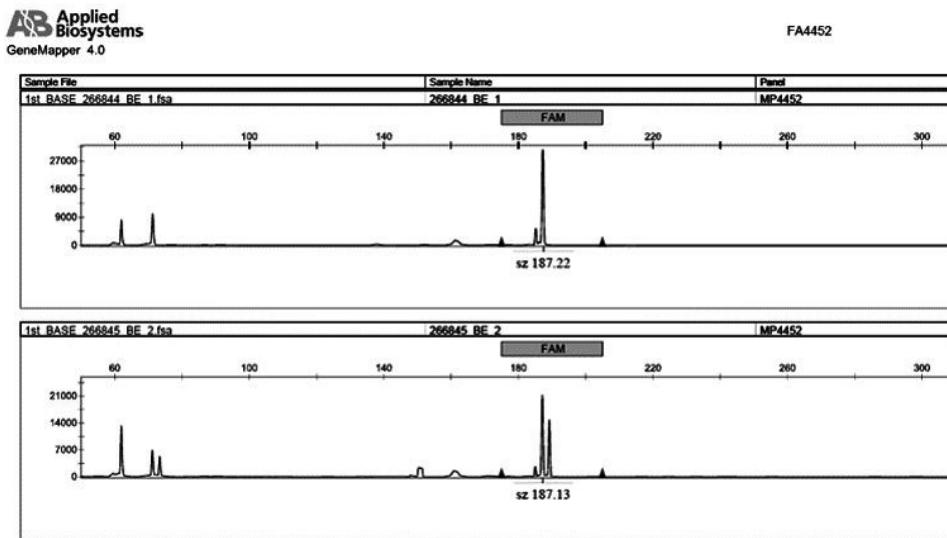
Pengukuran keragaman genetik dilakukan pada 30 sampel tuna mata besar yang tertangkap di Samudra Hindia dan dibagi menjadi 2 (dua) kelompok (per kelompok 15 sampel). Kelompok sampel 1 (satu) tuna mata besar mempunyai kisaran panjang 98 – 114 cmFL dengan panjang rata-rata 104,3 cmFL, sedangkan kelompok sampel 2 (dua) berkisar antara 95 – 106 cmFL dengan panjang rata-rata 101,4 cmFL.

Hasil analisis 3 (tiga) lokus DNA mikrosatelit menunjukkan bahwa kedua kelompok sampel menghasilkan 61 alel, dengan frekuensi alel antara 0,033 – 0,667 dari semua ukuran pita alel yang terdeteksi. Hasil amplifikasi kelompok 1 (satu) menghasilkan 6 alel pada lokus *Ttho-1* dengan alel terpanjang berukuran 197 bp dan alel terpendek 180 bp dengan frekuensi antara 0,033 – 0,667. Pada lokus *Ttho-4* menghasilkan 10 alel dengan alel terpanjang 161 bp dan terpendek 138 bp dengan frekuensi antara 0,033 – 0,400. Pada lokus *Ttho-7* menghasilkan 15 alel dengan alel terpanjang 235 bp dan terpendek 197 bp dengan frekuensi alel antara 0,033 – 0,133.

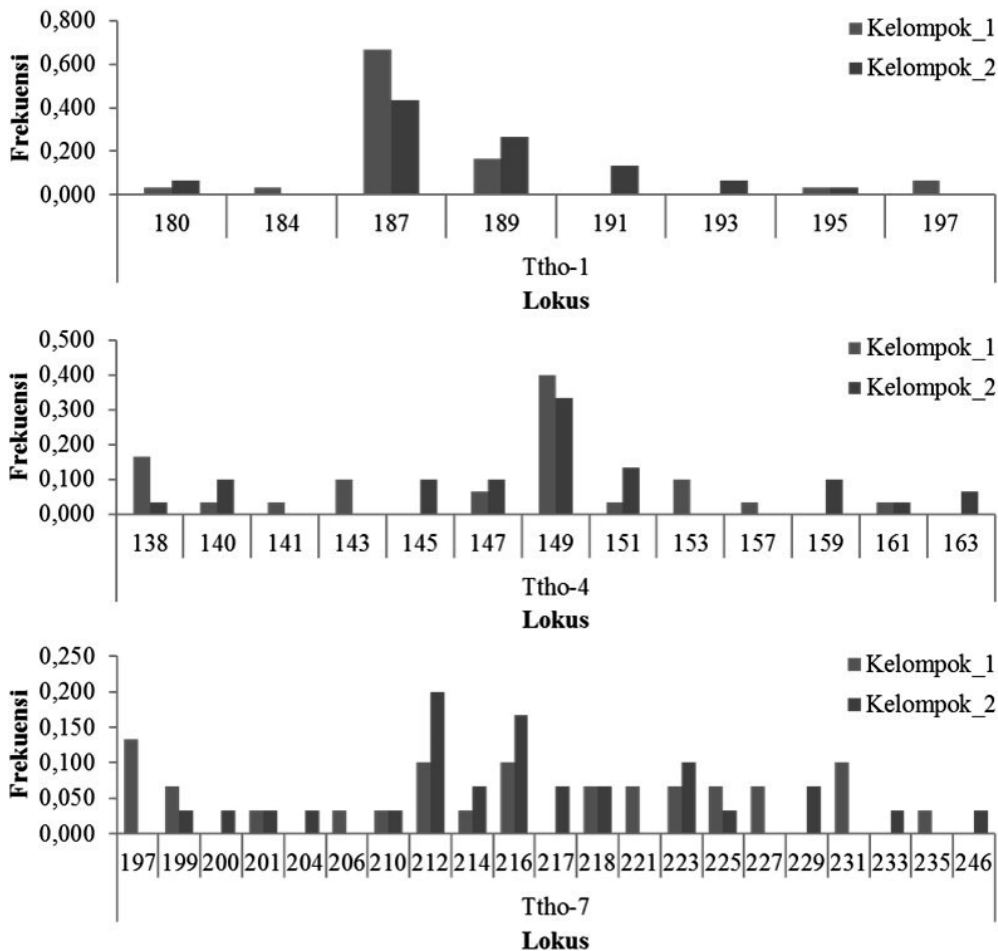
Hasil amplifikasi kelompok 2 (dua) pada lokus *Ttho-1* menghasilkan 6 alel dengan alel terpanjang

berukuran 195 bp dan alel terpendek 180 bp dengan frekuensi antara 0,033 – 0,433. Pada lokus *Ttho-4* menghasilkan 9 alel dengan alel terpanjang 163 bp dan terpendek 138 bp dengan frekuensi antara 0,033

– 0,200. Pada lokus *Ttho-7* menghasilkan 15 alel dengan alel terpanjang 246 bp dan terpendek 199 bp dengan frekuensi berkisar antara 0,033 – 0,200 (Gambar 3.).



Gambar 2. GenMapper amplifikasi PCR pada lokus *Ttho-1*.
Figure 2. GenMapper PCR amplification at locus *Ttho-1*.



Gambar 3. Frekuensi alel sampel tuna mata besar pada lokus DNA mikrosatelit.
Figure 3. Bigeye tuna allele frequency at microsatellite DNA locus.

Distribusi ukuran alel yang diperoleh dari produk PCR sampel tuna mata besar bervariasi dari 180 – 197 bp pada lokus *Ttho-1*, 138 – 161 bp pada lokus *Ttho-4* dan 197 – 235 bp pada lokus *Ttho-7*. Semua lokus DNA mikrosatelit yang digunakan bersifat polimorfik pada semua kelompok sampel tuna mata besar yang diuji dan secara total ditemukan jumlah rata-rata alel adalah 10,17, nilai standar deviasi 4,55 dengan kisaran 6 – 15 alel per lokus. Lokus yang memberikan polimorfisme tertinggi adalah lokus *Ttho-7* sebesar

49,2% dan terendah pada lokus *Ttho-1* sebesar 19,7%. Jumlah alel yang terdeteksi pada lokus *Ttho-7* cukup tinggi yaitu berjumlah 30, lokus *Ttho-4* berjumlah 19 dan lokus *Ttho-1* berjumlah 12 alel (Tabel 1).

Kisaran nilai *He* untuk semua lokus pada sampel tuna mata besar kelompok 1 (satu) adalah 0,537 – 0,951 dengan nilai rata-rata 0,766, sedangkan kelompok 2 (dua) memiliki kisaran *He* 0,737 – 0,926 dengan nilai rata-rata 0,839 (Tabel 2).

Tabel 1. Jumlah alel per lokus pada kelompok sampel tuna mata besar
Table 1. Allel amount by locus at bigeye tuna group sample

Lokus/ Locus	Kelompok 1 (Barat Sumatera)/ Group 1 (West Sumatera)	Kelompok 2 (Selatan Jawa-NTT)/ Group 2 (South Java-NTT)	Rerata/ Mean	St. Deviasi/ Standar deviation
<i>Ttho-1</i>	6	6	6	0,000
<i>Ttho-4</i>	10	9	9,5	0,707
<i>Ttho-7</i>	15	15	15	0,000
Rerata	10,333	10,000	10,167	0,236
St. Deviasi	4,509	4,583	4,546	0,052

Tabel 2. Keragaman lokus mikrosatelit pada kelompok sampel tuna mata besar
Table 2. Diversity of microsatellite locus in a group of bigeye tuna sample

Populasi/ Population	Lokus/ Locus	Jumlah Alel/ Allel amount	Ho/ Ho	He/ He
Kelompok 1 (Barat Sumatera)	<i>Ttho-1</i>	6	0,267	0,537
	<i>Ttho-4</i>	10	0,467	0,809
	<i>Ttho-7</i>	15	0,933	0,951
Kelompok 2 (Selatan Jawa)	<i>Ttho-1</i>	6	0,400	0,737
	<i>Ttho-4</i>	9	0,600	0,852
	<i>Ttho-7</i>	15	0,800	0,926

Jarak dan Variasi Genetik Serta Struktur Populasi dan Kekerabatan

Dari hasil perhitungan diperoleh perbedaan jarak genetik antara kelompok sampel tuna mata besar di Samudra Hindia adalah 0,192 (Tabel 3).

Data keragaman alel pada sampel kelompok 1 dan kelompok 2 dianalisis dengan bantuan program *Arlequin 3.5* dan menggunakan uji perbandingan sampel genetik populasi (*comparisons of population samples*). Nilai *FST* yang diperoleh adalah 0,01801 dan nilai *P* dari *FST* sebesar 0,2489±0,0033 (Tabel 4).

Tabel 3. Jarak genetik antara kelompok sampel tuna mata besar di Samudra Hindia
Table 3. The genetic distance between bigeye tuna samples in the Indian Ocean

Populasi/ Population	Kelompok 1 (Barat Sumatera)/ Group 1 (West Sumatera)	Kelompok 2 (Selatan Jawa-NTT)/ Group 2 (South Java-NTT)
Kelompok 1 (Barat Sumatera)	0,000	-
Kelompok 2 (Selatan Jawa)	0,192	0,000

Tabel 4. Nilai *Fst* (di bawah diagonal) dan *FST P-values* (di atas diagonal) diantara sampel populasi tuna mata besar

Table 4. *Fst values* (below diagonal) and *FST P-values* (above diagonal) among samples of bigeye tuna population

Populasi/ Population	Kelompok 1 (Barat Sumatera)/ Group 1 (West Sumatera)	Kelompok 2 (Selatan Jawa-NTT)/ Group 2 (South Java-NTT)
Kelompok 1 (Barat Sumatera)	-	0,2489
Kelompok 2 (Selatan Jawa)	0,0180	-

Bahasan

Pengungkapan struktur genetik populasi secara molekuler dilakukan dengan menggunakan sampel DNA. DNA lebih memberikan kepastian pencerminan variasi genetik yang sebenarnya. Salah satu marka/penanda molekuler pada tingkat DNA adalah mikrosatelit. Mikrosatelit (runutan nukleotida sederhana, di-, tri- atau tetranukleotida, yang berulang dalam genom) adalah segmen dari materi genetik (DNA), sehingga penggunaannya sebagai marka molekuler akan lebih mencerminkan struktur genetik populasi (Whitton *et al.*, 1997). Tingkat polimorfisme yang tinggi pada mikrosatelit diharapkan dapat memberikan informasi mengenai keragaman genetik yang lebih baik dari pada penggunaan penanda yang lain (Moria *et al.*, 2009).

Distribusi ukuran alel yang diperoleh dari produk PCR sampel tuna mata besar bervariasi dari 180 – 197 bp pada lokus *Ttho-1*, 138 – 161 bp pada lokus *Ttho-4* dan 197 – 235 bp pada lokus *Ttho-7*. Hasil penelitian Grewe (1997) diperoleh bahwa distribusi ukuran alel sampel *Thunnus obesus* yang tertangkap di Samudra Pasifik lokus DNA mikrosatelit mitokondria memiliki kisaran 105– 202 bp. Variasi nilai ukuran alel yang diperoleh dapat disebabkan pada perbedaan penggunaan suhu penempelan penanda pada saat proses PCR. Nilai penanda *Ttho-1*, *-4*, dan *-7* yang bervariasi pada penelitian ini masih berada pada batas maksimal penanda.

Semua lokus DNA mikrosatelit yang digunakan bersifat polimorfik pada semua kelompok sampel tuna mata besar yang diuji dan secara total ditemukan jumlah rata-rata alel adalah 10,17, nilai standar deviasi 4,55 dengan kisaran 6 – 15 alel per lokus. Lokus yang memberikan polimorfisme tertinggi adalah lokus *Ttho-7* sebesar 49,2% dan terendah pada lokus *Ttho-1* sebesar 19,7%. Jumlah alel yang terdeteksi pada lokus *Ttho-7* cukup tinggi yaitu berjumlah 30, lokus *Ttho-4* berjumlah 19 dan lokus *Ttho-1* berjumlah 12 alel (Tabel 1). Tingkat polimorfisme yang tinggi dapat memberikan informasi mengenai keragaman genetik yang lebih baik daripada penggunaan penanda yang lain (Gonzales, *et al.*, 2008). Rata-rata jumlah alel yang ditemukan pada penelitian genetik tuna mata

besar di Laut Celebes yaitu 15,5 pada 4 lokus DNA mikrosatelit yang digunakan (Takagi *et al.*, 1999). Nilai rata-rata alel tersebut lebih tinggi dibandingkan hasil penelitian ini. Perbedaan jumlah lokus/primer DNA dapat diakibatkan karena jumlah sampel genetik yang dianalisis dan digunakan (Grewe, 1997).

Nilai *He* (heterozigositas yang diharapkan) sering diidentikkan dengan keragaman genetik (Nei, 1978). *Ho* (heterozigositas yang diamati) sering dianggap tidak terlalu penting jika dijadikan pembanding dari keragaman karena terpengaruh oleh *inbreeding* dan proses evolusi lainnya (Berg & Hamrick, 1997). Namun demikian *He* dan *Ho* dapat memberikan gambaran mengenai suatu populasi dengan membandingkan dengan populasi lainnya. Kisaran nilai *He* untuk semua lokus pada sampel tuna mata besar kelompok 1 (satu) adalah 0,537 – 0,951 dengan nilai rata-rata 0,766, sedangkan kelompok 2 (dua) memiliki kisaran *He* 0,737 – 0,926 dengan nilai rata-rata 0,839 (Tabel 2).

Nilai rata-rata heterozigositas (*He*) pada kelompok sampel tuna mata besar di Samudra Hindia barat Sumatera yaitu 0,766, sedangkan kelompok populasi tuna mata besar di Samudra Hindia selatan Jawa, Bali dan Nusa Tenggara sebesar 0,839 (Nugraha *et al.*, 2011). Nilai *He* antara 0 sampai <0,5 menunjukkan keragaman genetiknya rendah, sedangkan nilai *He* >0,5 sampai 1,0 menunjukkan keragaman genetiknya tinggi (Nei, 1978; Akbar *et al.*, 2014; Fakhri *et al.*, 2015). Kedua nilai tersebut menunjukkan bahwa tuna mata besar mempunyai tingkat keragaman genetik yang relatif tinggi dengan nilai rata-rata *He* untuk kedua kelompok populasi tersebut adalah 0,802. Nilai keragaman populasi tuna mata besar di Samudra Hindia barat Sumatera lebih kecil sehingga perlu mendapat perhatian agar tidak mengalami penurunan keragaman genetik.

Nilai heterozigositas rata-rata yang diperoleh pada penelitian ini lebih rendah dibandingkan hasil penelitian di Samudra Hindia barat daya dengan keragaman genetik sebesar 0,998 ± 0,003 (Chiang *et al.*, 2008). Nugraha *et al.* (2011) menemukan keragaman genetik populasi tuna mata besar pada lokasi yang sama yaitu 0,801. Hasil penelitian

Gonzalez *et al.* (2008) melaporkan nilai rata-rata He populasi tuna mata besar di Samudra Hindia bagian barat adalah 0,899. Perbedaan nilai keragaman genetik sangat dipengaruhi oleh interaksi antara spesies dengan lingkungannya (Sumantadinata, 1983). Salah satu contoh pengaruhnya adalah migrasi yang mempengaruhi nilai keragaman genetik suatu individu (Gardner *et al.*, 1991)

Semakin banyak lokus atau penanda DNA yang digunakan dan makin variasi kelompok sampel genetik yang dianalisis, maka kisaran nilai keragaman genetik yang diperoleh akan semakin bervariasi. Relatif tingginya keragaman genetik pada tuna mata besar khususnya di Samudra Hindia selatan Jawa, Bali dan Nusa Tenggara, memberikan indikasi bahwa keadaan populasinya belum banyak mengalami gangguan. Hal tersebut selaras dengan pernyataan yang dikeluarkan oleh IOTC (2017) bahwa status stok perikanan tuna mata besar di Samudra Hindia masih berada pada tahapan yang lestari dan tidak ada indikasi mengarah ke kondisi lebih tangkap.

Hasil analisis menggunakan program Arlequin menunjukkan tidak ada perbedaan jarak genetik pada penelitian ini baik antara kedua kelompok populasi tuna mata besar. Nilai jarak genetik yang relatif kecil antara kelompok sampel 1 (satu) dan 2 (dua), menunjukkan kedekatan kelompok sampel tersebut. Selanjutnya analisis variasi genetik menggunakan perhitungan AMOVA (*Analysis of Molecular Varians*) dengan bantuan program Arlequin 3.5. menunjukkan bahwa besarnya variasi genetik diantara populasi tuna mata besar antara kelompok 1 (satu) dan kelompok 2 (dua) sebesar 0,8188 %, sedangkan besarnya variasi diantara individu dalam populasi yaitu 28,4969 % dan variasi dalam individu sebesar 70,6841 % (Tabel 4). Hasil perhitungan *F-Statistics* berupa nilai FIT, FST dan FIS secara berurutan yaitu 0,2873, 0,0081 dan 0,2931.

Nilai FST yang diperoleh adalah 0,01801 dan nilai P dari FST sebesar 0,2489±0,0033 (Tabel 5). Nilai P yang diperoleh menunjukkan kedua kelompok populasi tersebut tidak berbeda nyata (nilai $P > 0,05$) pada tingkat signifikan 95%. Hal ini mengindikasikan bahwa populasi tuna mata besar di Samudra Hindia baik itu yang berasal dari barat Sumatera maupun selatan Jawa, Bali dan Nusa Tenggara masih dalam satu populasi serta berasal dari populasi induk yang sama serta bermigrasi dengan pola yang sama.

Persentase variasi genetik diantara populasi relatif kecil yaitu sebesar 0,81 %. Hal ini menunjukkan bahwa populasi tuna mata besar tersebut memiliki hubungan kekerabatan yang dekat. Kedekatan kekerabatan diperkuat juga dengan adanya kesamaan induk beberapa sampel berdasarkan frekuensi alel

tertinggi. Sebanyak 11 sampel dari kelompok 1 (satu) mempunyai induk yang sama atau satu keturunan yang sama dengan 7 sampel dari kelompok 2 (dua) dan hal ini terindikasi dari frekuensi alel yang tertinggi pada lokus *Ttho-1* terdapat pada ukuran alel yang sama yaitu 187 bp. Begitu juga 5 sampel kelompok 1 (satu) tuna mata besar mempunyai induk yang sama dengan 4 sampel dari kelompok 2 (dua), yang terindikasi dari frekuensi alel yang tertinggi pada lokus *Ttho-4* terdapat pada ukuran alel yang sama yaitu 149 bp.

Dengan demikian populasi tuna mata besar di Samudra Hindia barat Sumatera dan selatan Jawa, Bali dan Nusa Tenggara masih dalam satu populasi dan berasal dari populasi induk yang sama serta bermigrasi dengan pola yang sama. Hasil ini juga didukung dari variasi molekuler (AMOVA) antara populasi tuna mata besar pada kelompok 1 (satu) dan kelompok 2 (dua) relatif kecil yaitu 0,81%, yang menunjukkan bahwa populasi tuna mata besar tersebut memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dan masih dalam satu struktur populasi (belum terpisah menjadi subpopulasi). Hasil penelitian tentang struktur populasi ini berbeda dengan hasil penelitian Nugraha *et al.* (2011) & Suman *et al.* (2015) yang menduga bahwa kelompok populasi tuna mata besar di Samudra Hindia memiliki 2 (dua) kelompok subpopulasi. Chiang *et al.* (2008) melaporkan hasil penelitian struktur populasi tuna mata besar antara di perairan kepulauan Cocos, Samudra Hindia timur laut, Samudra Hindia barat daya dan perairan Seychelles menunjukkan tidak terdapat perbedaan struktur populasi. Perbedaan ini dapat disebabkan karena perbedaan dalam metode perhitungan uji variasi dan nilai jarak yang digunakan. Adanya 1 (satu) stok populasi tuna mata besar di Samudra Hindia membuat pengelolaan perikanan tuna menjadi kompleks dan harus melibatkan negara-negara di seputar Samudera Hindia.

KESIMPULAN

Keragaman genetik tuna mata besar (*T. obesus*) di Samudra Hindia barat Sumatera dan selatan Jawa, Bali dan Nusa Tenggara masih tinggi dan hal ini menunjukkan bahwa tekanan penangkapannya belum mengganggu kelestarian stok. Terdapat hubungan kekerabatan yang relatif dekat antar kelompok sampel populasi tuna mata besar, yang menunjukkan bahwa populasi tuna mata besar di perairan Samudera Hindia barat Sumatera serta Selatan Jawa, Bali dan Nusa Tenggara merupakan satu unit stok. Studi lebih lanjut tentang penandaan (tagging) harus dilakukan untuk mengetahui pola migrasi tuna mata besar di perairan ini. Selain itu, studi aspek reproduksi juga penting dilakukan untuk mengetahui tempat pemijahan tuna mata besar terutama di perairan Selatan Jawa, yang diduga merupakan tempat pemijahan spesies ini.

PERSANTUNAN

Ucapan terimakasih ditujukan kepada para enumerator daerah yang telah bekerja sama dengan Loka Riset Perikanan Tuna (LRPT) tahun 2015 dan Analis Laboratorium Gentika LRPT yang telah mencurahkan waktu selama analisis data.

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*, 3(1), 65–73.
- Berg, E. E., & Hammrick, J. L. (1997). Quantification of Genetic Diversity at Allozyme Loci. *Conservation Journal for Rescue*, 27, 415 – 424.
- Chiang, H. C., Hsu, C. C., Wu, G. C. C., Chang, S. K., & Yang, H. Y. (2008). Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the Indian Ocean inferred from mitochondrial DNA. *Fisheries Research*, 90, 305–312.
- Collette, B. B., & Nauen, C. E. (1983). *FAO species catalogue. Vol. 2. Scombrids of the world. An annotated and illustrated catalogue of tunas, mackerels, bonitos, and related species known to date* (137 pp). FAO Fisheries Synopsis, 125(2), Rome, Italy: FAO Press.
- Excoffier, L., Laval, G., & Schneider, S. (2006). *Arlequin version 3.01: An integrated software package for population genetics data analysis*. Available at: <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3>
- Fakhri, F., Narayani, I., & Mahardika, I. G. N. K. (2015). Keragaman genetik ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) dari kabupaten Jembrana dan Karangasem, Bali. *Jurnal Biologi*, 19 (1), 11 - 14.
- Gardner, M. J., Simmons, M. J., & Snustad, P. D. (1991). *Population and evolutionary Genetics in Principle*. New Jersey: Jhon Wiley and Sons Inc.
- Gonzalez, E. G., Beerli, P., & Zardoya, R. (2008). Genetics structuring and migration patterns of Atlantic bigeye tuna, *Thunnus obesus* (Lowe, 1839). *BMS Evolutionary Biology*, 8:252.
- Grewe, P. M. (1997). An Assessment of Bigeye (*Thunnus obesus*) Population Structure in the Pacific Ocean, based on Mitochondrial DNA and DNA Microsatellite Analysis. Working paper for the 7th Meeting of the Western Pacific Yellowfin Tuna Research Group, Nadi, Fiji, June 18-20.
- [IOTC] Indian Ocean Tuna Commission. (2017). *Report of the 19th Session of the IOTC Working Party on Tropical Tunas*. Seychelles, 17–22 October 2017. 93 pp
- Moria, S. B., Permana, G. N., & Hutapea, J. H. (2009). Karakterisasi tiga lokus mikrosatelit pada telur dan larva tuna sirip kuning, *Thunnus albacares*. *Jurnal Perikanan*, XI(2), 144–149.
- Nei, M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89, 583–590.
- Nugraha, B., Novianto, D., & Barata, A. (2011). Keragaman genetik ikantuna mata besar (*Thunnus obesus*) di Samudra Hindia. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia*, 17(4), 285 – 292.
- Peakall, R., & Smouse P. E. (2012). GenAIEx 6.5: Genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research—An update. *Bioinformatics*, 28, 2537–2539.
- Suman, A., Irianto, H. E., Amri, K., Nugraha, B., & Bintoro, G. (2015). Population Structure and Bioreproduction of Bigeye Tuna (*Thunnus obesus*) in Western Part of Sumatera and Southern Part of Java and Nusa Tenggara, Indian Ocean. *Indonesian Fisheries Research Journal*, 20(2);109-116
- Sumantadinata, K. (1983). Population Genetics analysis of Black Sea Beam Using Biochemical markers. (Thesis). Department of Cultural Fisheries, University of Agriculture Kochi University.
- Takagi, M., Okmura, T., Chow, S., & Taniguchi, N. (1999). PCR primers for microsatellite loci in tuna species of the genus *Thunnus* and its application for population genetics study. *Fisheries Science*, 65, 571 – 576.
- Takagi, M., Chow S., Okamura, T., Scholey, V. P., Nakazawa, A., Margules, D., Wexler, J.B., & Taniguchi, N. (2003). Mendelian inheritance and variation of four microsatellite DNA markers in the yellowfin tuna, *Thunnus albacares*. *Fisheries Science*, 69, 1304–306.
- Uktolseja, J. C. B., Gafa, B., Bahar, S., & Mulyadi, E. (1991). Potensi dan Penyebaran Sumberdaya Ikan Tuna dan Cakalang (29-43 pp). Jakarta: LIPI
- 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, 506–513.
- Whitton, J., Rieseberg, L. H., & Ungerer, M. C. (1997). Microsatellite loci are not conserved across the Asteraceae. *Molecular Biology Evolution*, 14(2), 204–207.
- Yuwono, T. (2005). *Biologi molekuler*. Jakarta: Erlangga.