

## **KERAGAMAN GENETIK IKAN TUNA MATA BESAR (*Thunnus obesus*) DI SAMUDERA HINDIA**

**Budi Nugraha, Dian Novianto dan Abram Barata**

Peneliti pada Loka Penelitian Perikanan Tuna Benoa

Teregistrasi I tanggal: 11 Agustus 2011; Diterima setelah perbaikan tanggal: 6 September 2011;

Disetujui terbit tanggal: 30 September 2011;

### **ABSTRAK**

Informasi kondisi populasi ikan tuna mata besar di perairan Samudera Hindia belum banyak diketahui. Hal ini dapat diprediksi melalui pendekatan dengan menggunakan analisis DNA. Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan informasi keragaman genetik dan struktur populasi ikan tuna mata besar dari perairan Samudera Hindia sebelah selatan Jawa dan Nusa Tenggara, dan barat Sumatera. Pengambilan sampel ikan tuna mata besar dilakukan pada bulan Maret sampai November 2010 berlokasi di perairan Samudera Hindia sebelah selatan Jawa dan Nusa Tenggara, dan barat Sumatera. Pengumpulan sampel jaringan (sirip) ikan tuna mata besar dilakukan oleh observer di atas kapal *tuna longline*. Nilai keragaman haplotipe (genetik) yang diperoleh adalah 0,8267 untuk kelompok sampel 1 dan 0,7766 untuk kelompok sampel 2 dengan nilai rata-rata keragaman genetik adalah 0,8017. Jarak genetik antara kelompok sampel ikan tuna mata besar di Samudera Hindia adalah 0,0038. Dendrogram yang dibentuk berdasarkan jarak genetik menunjukkan bahwa kelompok sampel ikan tuna mata besar yang diamati dapat dibagi menjadi dua kelompok populasi (subpopulasi), yaitu kelompok pertama terdiri dari ikan tuna mata besar yang berasal dari Samudera Hindia selatan Jawa dan Nusa Tenggara, sedangkan kelompok kedua yang berasal dari Samudera Hindia barat Sumatera.

**KATA KUNCI:** keragaman genetik, ikan tuna mata besar, Samudera Hindia

**ABSTRACT:** *Genetic Diversity of Bigeye Tuna (Thunnus obesus) in Indian Ocean.*  
By: Budi Nugraha, Dian Novianto and Abram Barata

*Information of bigeye tuna population condition in Indian Ocean has been not known. This can be predicted through the approach of using DNA analysis. This study aims to obtain information on genetic diversity and population structure of the bigeye tuna from the Indian Ocean south of Java and Nusa Tenggara, and West Sumatra. Sampling bigeye tuna conducted in March until November 2010 is located in the Indian Ocean south of Java and Nusa Tenggara, and West Sumatra. The samples (fin) of bigeye tuna was collected by the observers on board tuna longline. Value of haplotype diversity (genetic) obtained was 0.8267 for the sample group 1 and 0.7766 for sample group 2 with an average was 0.8017. Genetic distance between sample groups of bigeye tuna in the Indian Ocean was 0.0038. Dendrogram established based on genetic distance shows that the group of bigeye tuna observed can be divided into two groups of populations (subpopulations), the first group consisted of bigeye tuna from the Indian Ocean south of Java and Nusa Tenggara, while the second group was from the Indian Ocean west of Sumatra.*

**KEYWORD:** genetic diversity, bigeye tuna, Indian Ocean

### **PENDAHULUAN**

Keragaman hayati mencakup area yang meliputi keragaman habitat, komunitas, populasi sampai dengan spesies. Keragaman genetik merupakan cerminan keragaman di dalam spesies yang secara umum disebut subspecies. Terminologi sumber daya genetik diartikan untuk merefleksikan adanya keragaman genetik di dalam satu spesies sampai pada tingkat DNA (Soewardi, 2007).

Populasi dengan keragaman genetik yang tinggi memiliki peluang hidup yang lebih baik. Hal ini dikarenakan setiap gen memiliki respon yang berbeda-beda terhadap kondisi lingkungan, sehingga dengan dimilikinya berbagai macam gen dari individu-individu di dalam populasi maka berbagai perubahan lingkungan yang ada akan dapat direspons lebih baik. Beberapa studi menunjukkan bahwa karakteristik genetik suatu populasi ikan di alam pada umumnya menunjukkan adanya heterogenitas spasial, bahkan pada jarak yang sangat dekat (Ryman & Utter, 1987).

*Korespondensi penulis:*

Loka Penelitian Perikanan Tuna, Benoa-Bali  
Jln. Pelabuhan Benoa-Bali

Klarifikasi tentang struktur populasi di alam merupakan informasi yang penting untuk pendugaan pengelolaan populasi. Pengumpulan informasi atau data dasar genetik dari suatu spesies merupakan syarat awal yang diperlukan untuk menentukan keragaman (variasi) genetik atau kekerabatan yang dimiliki. Dengan diketahuinya keragaman genetik masing-masing spesies, akan sangat membantu baik untuk membuat suatu kebijakan dalam pengelolaan maupun konservasi dari sumber-sumber genetik di alam, termasuk ikan tuna.

Klarifikasi tentang kondisi populasi ikan tuna mata besar yang ada di perairan Samudera Hindia masih sangat sedikit. Penelitian mengenai kondisi populasi ikan tuna mata besar yang berasal dari perairan Samudera Hindia telah dilakukan oleh Appleyard *et al.* (2002) dan Chiang *et al.* (2008), namun hanya ada satu penelitian mengenai kondisi populasi ikan tuna mata besar yang telah dilakukan oleh Indonesia, khususnya di perairan Samudera Hindia selatan Jawa dan Nusa Tenggara yaitu pada tahun 2009 (Nugraha, 2009). Informasi kondisi populasi ikan tuna mata besar dapat diprediksi melalui pendekatan dengan menggunakan analisis DNA, sehingga akan memberikan informasi yang valid dan membantu pemerintah dalam pengelolaannya.

Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan informasi keragaman genetik dan struktur populasi

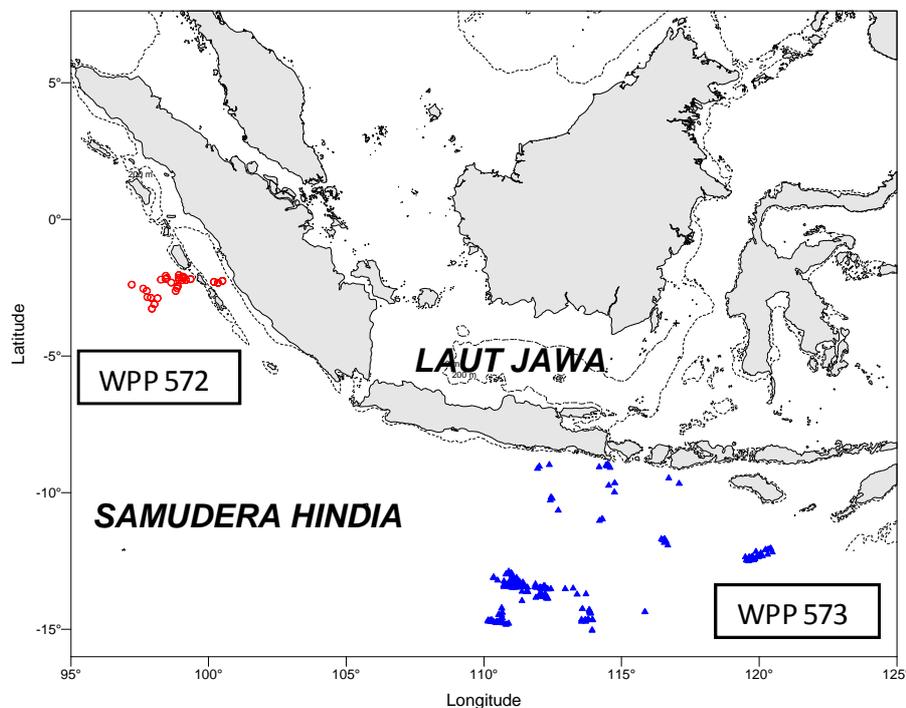
ikan tuna mata besar dari perairan Samudera Hindia sebelah selatan Jawa dan Nusa Tenggara dan Samudera Hindia sebelah barat Sumatera.

## BAHAN DAN METODE

### Waktu dan Lokasi Penelitian

Pengambilan sampel ikan tuna mata besar dilakukan pada bulan Maret sampai November 2010 berlokasi di perairan Samudera Hindia sebelah selatan Jawa dan Nusa Tenggara (WPP 573), dan Samudera Hindia barat Sumatera (WPP 572). Lokasi daerah penangkapan kapal *tuna longline* yang diamati berada di perairan Samudera Hindia sebelah selatan Jawa dan Nusa Tenggara pada posisi geografis 8,962°-15,035° LS – 110,150°-120,475° BT dan Samudera Hindia barat Sumatera pada posisi geografis 2,035°-3,263° LS – 97,209°-100,503° BT (Gambar 1).

Pengumpulan sampel sirip ikan tuna mata besar dilakukan oleh observer di atas kapal *tuna longline*. Sampel ikan tuna mata besar yang diperoleh dipotong bagian ujung sirip ekornya (*caudal fin*) kemudian disimpan ke dalam botol sampel yang telah diisi larutan pengawet (alkohol 96%). Setiap satu botol untuk satu ekor ikan sampel. Adapun sampel yang dianalisis berjumlah 144 sampel.



Gambar 1. Lokasi pengambilan sampel ikan tuna mata besar.  
Figure 1. Sampling sites bigeye tuna.

**Analisis Sampel**

Analisis sampel dilakukan dengan menggunakan metode *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP) DNA mitokondria. Metode RFLP umumnya menggunakan bantuan enzim restriksi (Sianipar, 2003). Ada beberapa tahapan dalam melakukan analisis sampel, yaitu (1) ekstraksi DNA, (2) amplifikasi daerah mtDNA dengan menggunakan primer Pro-5 (CAC GAC GTT GTAAAA CGACCTACC YCY AAC TCC CAAAGC), dan primer 12SAR (GGA TAA CAA TTT CAC ACA GGG CAT AGT GGG GTA TCT AAT CC), (3) restriksi mtDNA dengan menggunakan enzim-enzim *TaqI*, *Hin6 I*, *Mbo I* dan *Rsa I*, dan (4) visualisasi hasil restriksi diamati dengan *UV illuminator* dan dicetak gambarnya dengan polaroid.

**Analisis Data**

Data komposit haplotipe dianalisis untuk mendapatkan parameter genetik, struktur populasi dan hubungan filogenetik antar populasi:

- Tingkat keragaman genetik diukur berdasarkan indek keragaman haplotipe (*h*) dihitung dengan memanfaatkan data distribusi-frekuensi haplotipe (nukleomorf) berdasarkan Nei & Tajima (1981) dengan persamaan:

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

dimana :

- h = keragaman haplotipe
- n = jumlah sampel
- X<sub>i</sub> = frekuensi haplotipe sampel ke-i

- Kekerabatan antar populasi ditentukan berdasarkan parameter Jarak Genetik (Nei, 1972) dan analisis statistik terhadap perbedaan situs restriksi. Jarak Genetik dihitung menurut Nei (1978) dengan persamaan:

$$D = -\ln \left[ \frac{J_{ab}}{\{(J_a \times J_b)^{0.5}\}} \right] \dots\dots\dots(2)$$

dimana :

- D = jarak genetik

- J<sub>ab</sub> = frekuensi haplotipe pada lokus dengan populasi yang sama
- J<sub>a</sub> & J<sub>b</sub> = frekuensi haplotipe pada populasi A dan B

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

$$F_{St} = 1 - \left( \frac{H_w}{H_b} \right) \dots\dots\dots(3)$$

dimana :

- F<sub>st</sub> = indeks diferensiasi
- H<sub>w</sub> = rata-rata perbedaan intra populasi
- H<sub>b</sub> = rata-rata perbedaan antar populasi

- Hubungan filogenetik di antara populasi digambarkan dalam bentuk dendrogram melalui *clustering* nilai jarak genetik menurut metode jarak rata-rata.

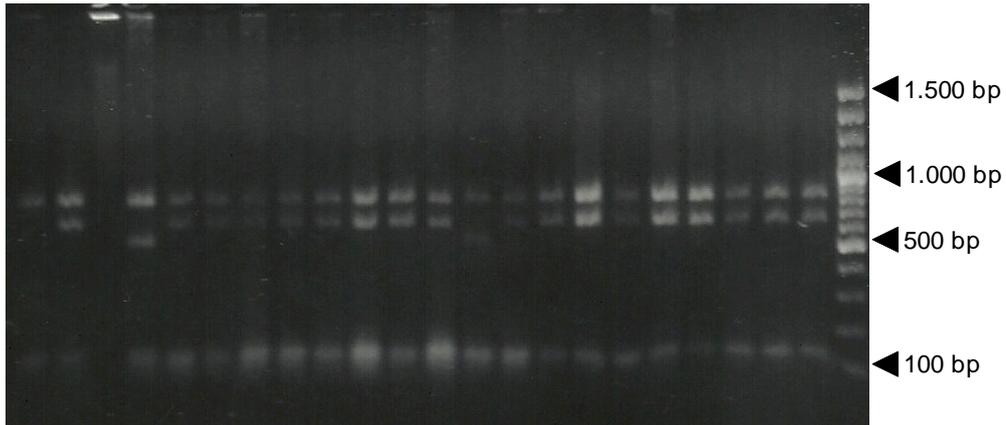
Perhitungan dilakukan dengan bantuan perangkat lunak TFPGA (*Tools for Population Genetics Analysis*) (Miller, 1997).

**HASIL DAN BAHASAN**

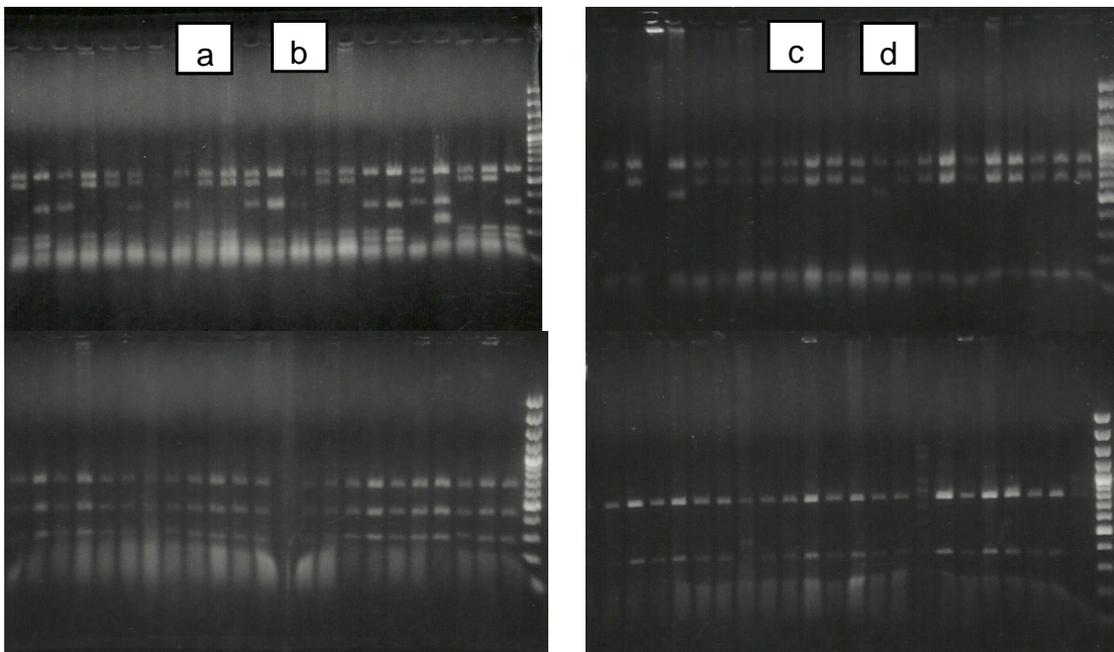
**Amplifikasi dan Pemoangan dengan Enzim Restriksi**

Hasil amplifikasi *D-Loop* mtDNA pada ikan tuna mata besar dengan menggunakan primer Pro-5 (CAC GAC GTT GTA AAA CGA CCT ACC YCY AAC TCC CAA AGC), dan primer 12SAR (GGA TAA CAA TTT CAC ACA GGG CAT AGT GGG GTA TCT AAT CC) menghasilkan fragmen DNA berukuran sekitar 1.500 bp (*base pairs*) pada semua sampel ikan tuna mata besar (Gambar 2).

Keragaman jumlah situs dan ukuran fragmen restriksi (RFLP) yang diperoleh dari hasil restriksi mtDNA dengan empat enzim adalah 12 tipe restriksi yaitu *Taq I* dengan enam tipe restriksi A, B, C, D, E dan F (Gambar 3a), *Hin6 I* dengan satu tipe restriksi A (Gambar 3b), *Mbo I* dengan dua tipe restriksi A, B (Gambar 3c) dan *Rsa I* dengan tiga tipe restriksi A, B, C (Gambar 3d).



Gambar 2. Fragmen tunggal mtDNA hasil amplifikasi PCR ikan tuna mata besar.  
Figure 2. Single fragment of mtDNA results of PCR amplification of bigeye tuna.



Gambar 3. Tipe restriksi dengan enzim *Taq I*: A B C D E F (a), *Hin6 I*: A (b), *Mbo I*: A, B (c) dan *Rsa I*: A, B, C (d).  
Figure 3. Type of restriction with the enzyme *Taq I*: A B C D E F (a), *Hin6 I*: A (b), *Mbo I*: A, B (c) and *Rsa I*: A, B, C (d).

Penggunaan empat enzim restriksi dalam penelitian ini guna mengukur keragaman genetik suatu populasi telah menunjukkan suatu variabilitas yang tinggi, walaupun idealnya lebih banyak enzim lebih baik. Hasil pemotongan yang menunjukkan ukuran panjang fragmen berbeda akan memberikan tipe pemotongan (*haplotipe*) yang berbeda pula. Tipe pemotongan yang berbeda pada setiap individu dalam suatu populasi maupun antara populasi dapat disebabkan oleh terjadinya pergantian, penambahan

atau hilangnya basa tertentu pada urutan pasangan basa, *D-Loop region* mtDNA-nya sehingga enzim tertentu tidak memotong pada situs yang sama. Hal ini mengakibatkan terjadinya pergeseran situs pemotongan. Dengan demikian dapat dikatakan bahwa terdapat perbedaan urutan pasangan basa pada individu yang mempunyai tipe pemotongan basa yang berbeda. Hal ini mengindikasikan adanya keragaman genetik di dalam populasi dan antara populasi. Menurut Sumantadinata, (1982) keragaman genetik

antar populasi merupakan hasil interpretasi dari isolasi secara fisik dan terhalang secara ekologis, terpisah jauh secara geografis atau pengaruh tingkah laku seperti migrasi dan waktu memijah. Secara umum keragaman genetik suatu populasi akan mempengaruhi respon populasi terhadap seleksi alam dan seleksi buatan yang dilakukan oleh manusia untuk memenuhi kebutuhannya. Populasi dengan keragaman genetik yang tinggi memiliki peluang hidup yang lebih baik. Hal ini dikarenakan setiap gen memiliki respon yang berbeda-beda terhadap kondisi lingkungan, sehingga dengan dimilikinya berbagai macam gen dari individu-individu di dalam populasi maka berbagai perubahan lingkungan yang ada akan dapat direspons lebih baik. Beberapa studi menunjukkan bahwa karakteristik genetik suatu populasi ikan di alam pada umumnya menunjukkan adanya heterogenitas spasial, bahkan pada jarak yang sangat dekat (Ryman & Utter, 1987).

### Keragaman Haplotype (*Haplotype Diversity*)

Hasil pemotongan produk PCR dengan menggunakan empat enzim restriksi menghasilkan 12 komposit haplotype mtDNA *D-Loop region* dimana 10 komposit terdapat pada kelompok sampel 1 dan 8 pada kelompok sampel 2. Tipe komposit haplotype yang diperoleh tersaji pada Tabel 1.

Hasil penelitian keragaman genetik ikan tuna mata besar yang dilakukan oleh Bremer *et al.* (1998) di perairan Samudera Atlantik, Samudera Hindia dan Samudera Pasifik menunjukkan bahwa ikan tuna mata besar dari tiga perairan tersebut memiliki 13 komposit haplotype, dimana pada Samudera Hindia memiliki 5 komposit haplotype. Hasil analisis komposit haplotype di perairan Samudera Hindia selatan Jawa dan Nusa Tenggara oleh Nugraha, (2009) menghasilkan 23 komposit haplotype pada seluruh kelompok sampel. Jumlah terendah yang diamati adalah 7 komposit haplotype dan jumlah tertinggi 12 komposit haplotype.

Komposit haplotype AAAA, AAAB, AAAC, AACA, ABAB dan AAAD terdistribusi pada semua kelompok sampel. Keenam komposit haplotype tersebut dapat dikatakan sebagai komposit haplotype utama (*major composite haplotypes*) karena keduanya terdapat pada kedua kelompok sampel tersebut. Komposit haplotype AABA, AACB, AABB dan ABAA hanya terdistribusi pada kelompok sampel 1, sedangkan komposit haplotype AAAE dan AAAF hanya terdistribusi pada kelompok sampel 2. Keenam komposit haplotype tersebut merupakan haplotype umum (*common haplotype*) karena hanya terdapat pada masing-masing kelompok sampel.

Komposit haplotype AAAB merupakan komposit haplotype tertinggi dan ditemukan pada kelompok sampel 2 sebesar 36% dan kelompok sampel 1 sebesar 29%. Komposit haplotype AAAA ditemukan pada kelompok sampel 2 sebesar 29%, sedangkan pada kelompok sampel 1 sebesar 26%.

Tabel 1. Frekuensi haplotype dari mt-DNA *D-loop region* ikan tuna mata besar yang direstriksi dengan menggunakan 4 enzim yaitu *Taq I*, *Hin6 I*, *Mbo I* dan *Rsa I*.

Table 1. *Haplotype frequency of mt-DNA D-loop region of bigeye tuna by using 4 enzymes namely Taq I, Hin6 I, Mbo I and Rsa I.*

No	Tipe komposit haplotype	Frekuensi haplotype (%)	
		Kelompok sampel 1	Kelompok sampel 2
1	AAAA	0,26	0,29
2	AABA	0,08	-
3	AAAB	0,29	0,36
4	AAAC	0,03	0,04
5	AACA	0,03	0,04
6	AACB	0,03	-
7	AABB	0,10	-
8	ABAB	0,05	0,11
9	ABAA	0,05	-
10	AAAD	0,08	0,11
11	AAAE	-	0,04
12	AAAF	-	0,04
Jumlah tipe komposit haplotype		10	8
Keragaman haplotype		0,8267	0,7766

Nilai keragaman haplotype yang diperoleh adalah 0,8267 untuk kelompok sampel 1 dan 0,7766 untuk kelompok sampel 2 (Tabel 1) dengan nilai rata-rata keragaman genetik (haplotype) adalah 0,8017. Tingkat keragaman genetik, yang ditunjukkan dengan jumlah maupun keragaman haplotype, pada ikan tuna mata besar yang diamati setara dengan jumlah haplotype ikan laut lainnya yang berjumlah antara 6-17 dengan nilai keragaman 0,600-0,900 (Nugroho, 2001).

Nilai keragaman genetik rata-rata adalah 0,8017. Nilai ini sedikit lebih rendah dibandingkan nilai keragaman rata-rata ikan tuna sirip kuning yaitu 0,857 (Permana *et al.*, 2007), namun lebih tinggi jika dibandingkan dengan hasil penelitian Nugraha, (2009) dimana keragaman genetik rata-rata yang diperoleh adalah 0,6937.

Relatif tingginya keragaman haplotype pada ikan tuna mata besar ini memberikan indikasi bahwa keadaan populasinya belum banyak terganggu khususnya kelompok sampel 1 (Samudera Hindia selatan Jawa dan Nusa Tenggara). Selain itu, keadaan ini juga menunjukkan bahwa ikan tuna mata besar

mempunyai tingkat migrasi yang lebih tinggi dibandingkan ikan air laut lainnya sehingga peluang untuk adanya persilangan dengan populasi yang lainnya semakin besar pula (Wild, 1994).

Keragaman haplotipe terkecil, yaitu 0,7766 terdapat pada ikan tuna mata besar kelompok sampel 2 (Samudera Hindia barat Sumatera). Fenomena ini mengindikasikan bahwa ikan tuna mata besar dari kelompok sampel 2 mempunyai keragaman genetik yang sedikit rendah dan memiliki ukuran yang lebih kecil dibandingkan kelompok sampel lainnya. Leary *et al.*, (1985), menyatakan bahwa rendahnya keragaman genetik akan mengakibatkan munculnya sifat-sifat negatif, antara lain menurunnya pertumbuhan, keragaman ukuran, kestabilan perkembangan organ, tingkat kelangsungan hidup, serta adaptasi terhadap perubahan lingkungannya.

**Jarak Genetik**

Berdasarkan uji perbandingan nilai *Fst* antar kelompok sampel dengan menggunakan program TFGPA tercatat bahwa terdapat perbedaan yang nyata antara kelompok sampel 1 dengan kelompok sampel 2. Hasil uji keragaman antara dua kelompok sampel ikan tuna mata besar dengan metode jarak berpasangan (*Fst*) disajikan pada Tabel 2.

Tabel 2. Uji berpasangan (*Fst*) antara kelompok sampel ikan tuna mata besar di Samudera Hindia.

Table 2. *Fst* test between sample groups of bigeye tuna in Indian Ocean.

	Kelompok Sampel 1	Kelompok Sampel 2
Kelompok Sampel 1	xxxxxxxxx	0,0212*
Kelompok Sampel 2		xxxxxxxxx

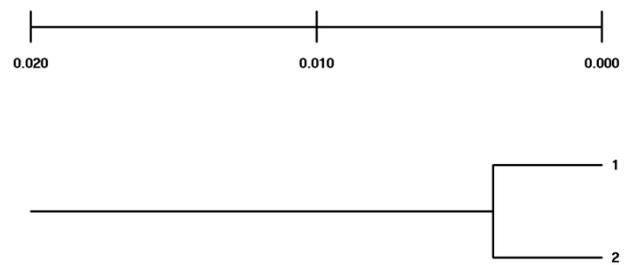
Keterangan : \*= beda nyata pada taraf  $p < 0,05$

Jarak genetik dan dendrogram hubungan kekerabatan antar kelompok sampel (filogeni) pada dua kelompok sampel ikan tuna mata besar menurut metode UPGMA menggunakan program TFGPA disajikan pada Tabel 3 dan Gambar 4. Jarak genetik antara kelompok sampel ikan tuna mata besar di Samudera Hindia adalah 0,0038.

Table 3. Jarak genetik antara ikan tuna mata besar di Samudera Hindia.

Table 3. Genetic distance between bigeye tuna in Indian Ocean.

	Kelompok Sampel 1	Kelompok Sampel 2
Kelompok Sampel 1	xxxxxxxxx	0,0038
Kelompok Sampel 2		xxxxxxxxx



Gambar 4. Dendrogram hubungan kekerabatan (filogeni) dua kelompok sampel ikan tuna mata besar di Samudera Hindia.

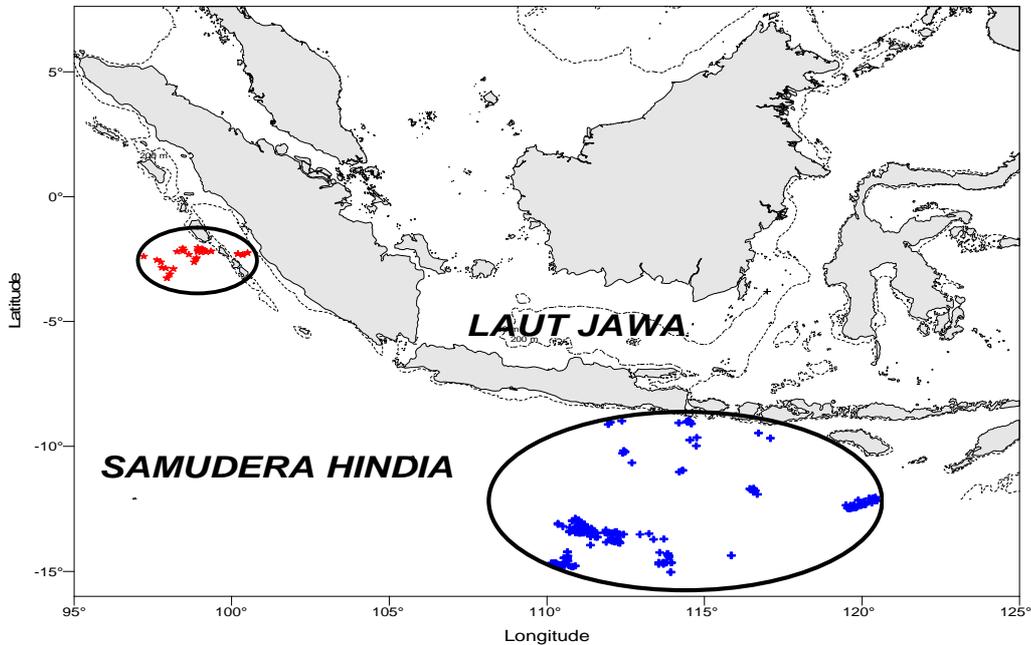
Figure 4. Phylogeny dendrogram of two groups of samples bigeye tuna in Indian Ocean.

Jarak genetik dan dendrogram hubungan kekerabatan antar kelompok sampel (filogeni) pada dua kelompok sampel ikan tuna mata besar menurut metode UPGMA menggunakan program TFGPA disajikan pada Tabel 3 dan Gambar 4. Jarak genetik antara kelompok sampel ikan tuna mata besar di Samudera Hindia adalah 0,0038. Makin kecil nilai jarak genetik yang diperoleh, maka makin dekat pula keragaman kedua kelompok sampel tersebut, demikian juga sebaliknya. Ikan tuna mata besar dari kelompok sampel 1 (Samudera Hindia selatan Jawa dan Nusa Tenggara) memiliki jarak genetik yang sangat rendah dengan kelompok sampel 2 (Samudera Hindia barat Sumatera). Nilai jarak genetik yang rendah antara kelompok sampel 1 dan 2, menunjukkan kedekatan kelompok-kelompok sampel tersebut. Diduga kedua kelompok sampel tersebut secara geografis tidak terbatas antara satu dengan yang lainnya. Keadaan ini menyebabkan proses migrasi dan pertukaran gen antar kelompok sampel terjadi. Nilai jarak genetik pada ikan tuna mata besar ini relatif lebih setara dibandingkan jarak genetik antara ikan dari populasi yang terdiri dari sub-spesies yang sama, seperti pada *king fish* (Nugroho *et al.*, 2001).

### Struktur Populasi

Dendrogram yang dibentuk berdasarkan jarak genetik menunjukkan bahwa kelompok sampel ikan tuna mata besar yang diamati dapat dibagi menjadi dua kelompok populasi (subpopulasi), yaitu kelompok

pertama terdiri dari ikan tuna mata besar yang berasal dari Samudera Hindia selatan Jawa dan Nusa Tenggara, sedangkan kelompok kedua yang berasal dari Samudera Hindia barat Sumatera (Gambar 5). Perbedaan nilai jarak genetik antar kelompok sampel menunjukkan hal tersebut.



Gambar 5. Struktur populasi ikan tuna mata besar di perairan Samudera Hindia berdasarkan jarak genetik.  
Figure 5. Population structure of bigeye tuna in Indian Ocean based on genetic distances.

Nilai jarak genetik kelompok sampel 1 sangat dekat dengan kelompok sampel 2 (Tabel 3). Struktur populasi ikan tuna mata besar di perairan Samudera Hindia ini ditunjukkan oleh nilai-nilai  $F_{st}$  yang diperoleh melalui metode jarak berpasangan. Kelompok sampel 1 berbeda nyata dengan kelompok sampel 2 (Tabel 2).

Terdapatnya dua kelompok populasi (subpopulasi) ikan tuna mata besar di perairan Samudera Hindia diduga karena ikan tuna mata besar yang ada di perairan tersebut berasal dari dua perairan, yaitu Samudera Pasifik dan Samudera Hindia. Subpopulasi yang terdapat di perairan Samudera Hindia barat Sumatera diduga merupakan stok yang berasal dari Samudera Hindia, sedangkan subpopulasi yang terdapat di perairan Samudera Hindia diduga merupakan stok yang berasal dari Samudera Pasifik.

Studi struktur populasi berdasarkan analisis mtDNA pada spesies yang sama di perairan Samudera Atlantik, Samudera Hindia dan Samudera Pasifik menunjukkan bahwa populasi ikan tuna mata besar di perairan-perairan tersebut terbagi menjadi 2 populasi; yaitu populasi 1 berasal dari Samudera

Atlantik, sedangkan populasi 2 berasal dari Samudera Hindia dan Samudera Pasifik (Bremer *et al.* 1998; Chiang *et al.* 2006; 2008). Data yang diperoleh dari penandaan (*tagging*) ikan tuna mata besar menunjukkan beberapa spesies tersebut melakukan perjalanan jauh tetapi tidak menunjukkan perjalanan lintas samudera (Appleyard *et al.* 2002). Perjalanan lintas Samudera Atlantik ikan tuna mata besar telah dicatat oleh Pereira (1995), *diacu dalam* Appleyard *et al.* (2002), namun sejauh ini diketahui bahwa tidak ada bukti ikan-ikan tuna mata besar yang telah diberi penandaan berenang di antara Samudera Atlantik dan Samudera Hindia.

### KESIMPULAN

1. Dua kelompok sampel ikan tuna mata besar di Samudera Hindia berhasil dianalisis menunjukkan bahwa keragaman genetik yang dimiliki relatif tinggi. Hal ini dapat memberikan gambaran bahwa populasi ikan tuna mata besar belum banyak mengalami gangguan.

2. Dendrogram yang dibentuk berdasarkan jarak genetik menunjukkan bahwa kelompok sampel ikan tuna mata besar yang diamati dapat dibagi menjadi dua kelompok populasi (subpopulasi), yaitu kelompok pertama terdiri dari ikan tuna mata besar yang berasal dari kelompok sampel Samudera Hindia selatan Jawa dan Nusa Tenggara, sedangkan kelompok kedua yang berasal dari kelompok sampel Samudera Hindia barat Sumatera. Kedua subpopulasi Samudera Hindia selatan Jawa dan Nusa Tenggara dan barat Sumatera diduga masing-masing merupakan populasi yang berasal dari Samudera Pasifik dan Samudera Hindia.

#### DAFTAR PUSTAKA

- Appleyard SA, RD Ward, & PM Grewe. 2002. Genetic stock structure of bigeye tuna in the Indian Ocean using mitochondrial DNA and microsatellites. *Journal of Fish Biology* 60:767-770.
- Chiang HC, CC Hsu, GCC Wu, SK Chang, & HY Yang. 2006. Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the South China Sea, Philippine Sea and western Pacific Ocean inferred from mitochondrial DNA. *Fisheries Research* 79:219-225.
- Chiang HC, CC Hsu, GCC Wu, SK Chang, HY Yang. 2008. Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the Indian Ocean inferred from mitochondrial DNA. *Fisheries Research* 90:305-312.
- Leary, R. F., F. W. Allendorf & K. L. Knudsen. 1985. Development instability and high meristic counts in interspecific hybrid of salmonid fishes. *Evolution* 39(6):1318-1326.
- Miller, M.P. 1997. *Tools for Population Genetic Analyses (TFPGA) version 1.3*. Department of Biological Sciences-Box 5640. Northern Arizona University.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Nature* 106:283-292.
- Nei, M. 1978. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York: Columbia University Press.
- Nei, M. & F. Tajima. 1981. DNA Polymorphism detectable by restriction endonucleases. *Genetics* 97:145-163.
- Nugraha, B. 2009. Studi tentang genetika populasi ikan tuna mata besar (*Thunnus obesus*) hasil tangkapan tuna longline yang didaratkan di Benoa. *Tesis*. Sekolah Pascasarjana. Institut Pertanian Bogor.
- Nugroho, E., Ferrel D.J., Smith P. & Taniguchi N. 2001. Genetic divergence of Kingfish from Japan, Australia and New Zealand Inferred by microsatellite DNA and mitochondrial DNA control region markers. *Journal Fisheries Science* 67:843-850.
- Permana, G.N., J.H. Hutapea, Haryanti & S.B.M. Sembiring. 2007. Variasi genetik ikan tuna sirip kuning, *Thunnus albacares* dengan analisis elektroforesis Allozyme dan Mt-DNA. *Jurnal Riset Akuakultur* 2(1):41-50.
- Ryman, N. & F. Utter. 1987. *Population Genetics and Fishery Management*. London: Washington Sea Grant Program.
- Sianipar, N. F. 2003. Penggunaan marker RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) dalam pemuliaan tanaman. Makalah Pribadi. *Pengantar ke Falsafah Sains*. Bogor: Program Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor.
- Soewardi, K. 2007. *Pengelolaan Keragaman Genetik Sumber daya Perikanan dan Kelautan*. Departemen Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor.
- Sumantadinata, K. 1982. Population genetics analysis of black sea beam using biochemical markers. *Tesis*. Department of Cultural Fisheries, Faculty of Agriculture Kochi University.
- Suda, A. 1971. Tuna fisheries and their resources in the IPFC area. *IPFC Procs.* 14(2):36-61.
- Wild, A. 1994. A review of the biology and fisheries for yellowfin tuna, *Thunnus albacares*, in the eastern Pacific Ocean. *FAO Fish. Tech. Pop.* 336:52-107.