

DETERMINASI STRUKTUR STOK IKAN KEMBUNG LELAKI MENGUNAKAN METODE PCR-RFLP DI WPP-NRI 711, 572, DAN 573

STOCK STRUCTURE DETERMINATION OF INDIAN MACKEREL USING PCR-RFLP METHOD IN IFMA 711, 572, AND 573

Dinda Febta Meliyana^{1*}, Ali Mashar², Zairion²

¹Program Studi Pengelolaan Sumberdaya Perairan, Departemen Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor, Jalan Agatis, Kampus IPB Dramaga, Bogor 16680, Indonesia

²Departemen Manajemen Sumber Daya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor, Jalan Agatis, Kampus IPB Dramaga, Bogor 16680, Indonesia

*Korespondensi: dinda_fehta@apps.ipb.ac.id

ABSTRACT

The Indian mackerel (*Rastrelliger kanagurta*) has important economic value for fishers. High exploitation pressure affects the existence of stocks and balance of the fish in nature. The effectiveness of fisheries management needs to be done, namely by studying a stock structure. A study on the stock structure with genetic analysis can show the genetic status of the stock and gene flow in each stock in the population. This information can be used for the basis of fisheries resource management. The study aims to analyze diversity and genetic structure, as well as stock structure of Indian mackerel in IFMA 711, 572, and 573 using a molecular approach. DNA isolation and extraction yielded 20 total DNA per site (six locations), and it was amplified by PCR method. There were 109 of 120 samples of PCR result which continued to the RFLP stage. The results of the single band cutting process by restriction enzyme (RFLP) were identified using the Popgene32 program. Enzymes that can show polymorphism are *A_lu*I and *Hae*III. The Indian mackerel stocks from IFMA 711, 572, and 573 are genetically close, indicating that they are a single stock unit. However, genetic distance visualized by dendrogram shows the stock forms two separate clades. It is more effective for statistical purposes to have a separate management unit.

Keywords: COI, genetic, PCR-RFLP, *Rastrelliger kanagurta*

ABSTRAK

Ikan kembung lelaki (*Rastrelliger kanagurta*) memiliki nilai ekonomis penting bagi nelayan. Tekanan eksploitasi yang tinggi memengaruhi keberadaan stok dan keseimbangan ikan tersebut di alam. Efektivitas pengelolaan perikanan perlu dilakukan, diantaranya melalui kajian struktur stok. Kajian struktur stok dengan analisis genetik dapat menunjukkan status genetik stok dan aliran gen pada setiap stok dalam suatu populasi. Informasi ini dapat digunakan sebagai dasar pengelolaan sumberdaya perikanan. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman dan struktur genetik, serta struktur stok ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573 menggunakan pendekatan molekuler. Isolasi dan ekstraksi DNA menghasilkan 20 DNA total per-lokasi (enam lokasi), dan diamplifikasi dengan metode PCR. Terdapat 109 dari 120 sampel hasil PCR yang dilanjutkan ke tahap RFLP. Hasil dari proses pemotongan band tunggal oleh enzim restriksi (RFLP) diidentifikasi menggunakan program Popgene32. Enzim yang mampu menunjukkan polimorfisme yaitu *A_lu*I dan *Hae*III. Stok ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573 memiliki kedekatan secara genetik, sehingga mengindikasikan sebagai unit stok tunggal. Namun, jarak genetik yang visualisasikan dengan dendrogram menunjukkan stok membentuk dua *clade* yang terpisah. Dalam pengelolaannya lebih baik menjadi unit manajemen terpisah untuk kepentingan statistik.

Kata kunci: COI, genetik, PCR-RFLP, *Rastrelliger kanagurta*

PENDAHULUAN

Sumberdaya ikan kembung (*Rastrelliger* spp.) merupakan salah satu sumberdaya perikanan yang penting dan bernilai ekonomis di perairan Indonesia (Arrafi *et al.* 2016). Ikan kembung termasuk ke dalam kelompok ikan pelagis kecil dan merupakan famili Scombridae yang memiliki kemampuan untuk bermigrasi ke daerah yang sesuai dengan kondisi yang dibutuhkan dalam hidupnya (Lubis *et al.* 2019). Menurut Collette dan Nauen (1983), terdapat tiga jenis kembung yang terdistribusi di Indonesia terdiri atas *Rastrelliger kanagurta* (ikan kembung lelaki), *R. brachysoma* (ikan kembung perempuan), dan *R. faughni* (ikan kembung). Ikan kembung lelaki memiliki pola distribusi geografis yang sangat luas meliputi perairan Indo Pasifik dimulai dari Afrika Selatan, Seychelles, dan Laut Merah Timur melalui Indonesia dan Australia Utara menuju Melanesia, Samoa, Mikronesia, Cina, dan Kepulauan Ryukyu, selanjutnya masuk ke Timur Laut Mediterania dan melalui Terusan Suez (Indaryanto *et al.* 2018). Terdapat beberapa wilayah yang menjadi daerah distribusi ikan kembung lelaki, yaitu Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia (WPP-NRI) 711 (meliputi Selat Karimata, Laut Natuna, dan Laut Cina Selatan), WPP-NRI 572 (Barat Sumatera dan Selat Sunda), dan WPP-NRI 573 (Perairan Selatan Jawa).

Hasil pengamatan Yanagawa (1997) dalam Suman *et al.* (2014) diketahui bahwa terdapat 3 kelompok pelagis kecil yang mendominasi hasil tangkapan pukat cincin di perairan Laut Cina Selatan (WPP-NRI 711), antara lain layang (*Decapterus* spp.), ikan kembung lelaki (*R. kanagurta*), dan ikan kembung perempuan (*R. brachysoma*). Dari ketiga jenis ikan kembung, ikan yang dominan tertangkap di perairan Selat Sunda (bagian WPP-NRI 572) menurut Sarasati (2017) adalah ikan kembung lelaki (*Rastrelliger kanagurta* Bleeker, 1851). Sementara itu, hasil tangkapan ikan kembung di perairan selatan Jawa Timur (WPP-NRI 573) pada tahun 2014 meliputi ikan kembung lelaki (*R. Kanagurta*) sebesar 84.321 ton dan kembung perempuan (*R. brachysoma*) sebesar 269.411 ton (Direktorat Jenderal Perikanan Tangkap 2015). Ikan kembung lelaki sebagai bagian dari kelompok ikan pelagis kecil mendominasi hasil tangkapan di beberapa wilayah tersebut.

Ikan kembung lelaki (*R. kanagurta*) memiliki pola distribusi yang mengikuti

pola pergerakan salinitas masa air yang dipengaruhi oleh angin muson (Indaryanto *et al.* 2018). Angin muson merupakan faktor yang menentukan dinamika kondisi oseonografi di perairan sekitar Laut Jawa, pertukaran masa air secara musiman akan menentukan keberadaan ikan dan pola penyebarannya. Pada periode musim timur (Juni-September), masa air yang bersalinitas tinggi dari Laut Flores dan dari Samudera Pasifik melalui Selat Makasar dan masuk ke Laut Jawa selanjutnya keluar melalui Selat Gaspar, Selat Karimata, dan Selat Sunda. Pada musim barat (Desember-Maret) masa air dari Samudera Pasifik melewati Laut Cina Selatan mengisi Laut Jawa dari arah barat dan mendorong masa air ke arah timur sesuai arah pergerakan angin dan arus (Wyrтки 1961). Pergerakan ikan kembung lelaki diduga mengikuti pola arus tersebut karena dipengaruhi faktor lingkungan yang mendukung (Indaryanto *et al.* 2018).

Berdasarkan Keputusan Menteri Kelautan dan Perikanan Republik Indonesia Nomor 19 Tahun 2022 tentang Estimasi Potensi Sumber Daya Ikan di WPPNRI, diketahui bahwa sumberdaya ikan pelagis kecil di WPP-NRI 711 dan 573 termasuk kategori *fully-exploited*, sedangkan di WPP-NRI 572 masuk kategori *moderate*. Pemanfaatan spesies ikan kembung lelaki yang semakin meningkat akan menyebabkan *overfishing* yang berpengaruh terhadap keragaman genetik. Spesies ikan kembung lelaki dikelola berdasarkan 11 Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia (PERMEN KP No. 22 tahun 2021). Pada konsep ini spesies ikan yang berada pada suatu WPP dikatakan sebagai satu unit stok (Wujdi *et al.* 2022). Adanya efektivitas pengelolaan perikanan sangat diperlukan, mengingat ikan kembung memiliki distribusi luas yang cenderung berfluktuasi terhadap ruang dan waktu yang berbeda, sehingga ketidakstabilan dan variabilitasnya tinggi (Retnoningtyas *et al.* 2023). Kajian struktur stok ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573 merupakan informasi penting dalam pendugaan stok dan perumusan strategi pengelolaan yang tepat. Metode yang paling akurat untuk melihat struktur stok adalah analisis genetik, karena dapat menunjukkan adanya pemisahan stok dalam populasi dengan melihat pertukaran genetik pada populasi berbeda yang akan menentukan status populasi (Akbar dan Labenua 2020).

Salah satu metode yang dapat digunakan untuk menentukan struktur

populasi ikan adalah *Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism* (PCR-RFLP) (Chiang *et al.* 2008). Penggunaan RFLP didasarkan pada pembuatan atau penghapusan daerah yang dikenali oleh enzim restriksi endonuklease oleh variasi nukleotida dalam daerah polimorfik yang menghasilkan pola yang berbeda tiap spesies bila divisualisasikan (Sharafi *et al.* 2012). Penanda genetik yang umum digunakan adalah *Cytochrome Oxidase* subunit I (COI). Gen COI berfungsi mengungkap identitas spesies, pola filogenik, dan keragaman genetik spesies akuatik (Setiati *et al.* 2020).

Metode ini telah berhasil digunakan untuk menunjukkan keragaman genetik dalam populasi, seperti perbedaan genetik di antara populasi ikan gurame (Nuryanto *et al.* 2017) dan karakteristik molekuler *Polymesoda erose* dari Segara Anakan (Nuryanto dan Sastranegara 2013). Metode PCR-RFLP berdasarkan marka gen COI diharapkan dapat menjelaskan determinasi struktur stok ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573. Hipotesis yang diajukan pada penelitian ini adalah terdapat kedekatan stok antara ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573 karena pengaruh pola migrasi. Beranjak dari hipotesis di atas maka penelitian bertujuan untuk menganalisis struktur stok berdasarkan keragaman dan struktur genetik ikan kembung lelaki di WPPNRI 711, 572, dan 573 menggunakan metode PCR-RFLP sebagai dasar pengelolaan sumberdaya perikanan.

METODE PENELITIAN

Waktu dan lokasi penelitian

Pengambilan ikan contoh dilakukan pada Juni-September (musim timur) dan Oktober-November (peralihan 2) tahun 2021. Pengambilan contoh dilakukan di beberapa lokasi pendaratan hasil tangkapan, yakni di Pelabuhan Nelayan Pulau Bintan, Pelabuhan Perikanan Nusantara (PPN) Bangka, dan Pelabuhan Nelayan Ketapang (Kalimantan Barat) (WPP-NRI 711); Pelabuhan Perikanan Pantai (PPP) Labuan (Kab. Pandeglang) (WPP-NRI 572), Pelabuhan Perikanan Samudera (PPS) Cilacap (Kab. Cilacap), dan PPP Muncar (Kab. Banyuwangi) (WPP-NRI 573) (Gambar 1). Analisis molekuler

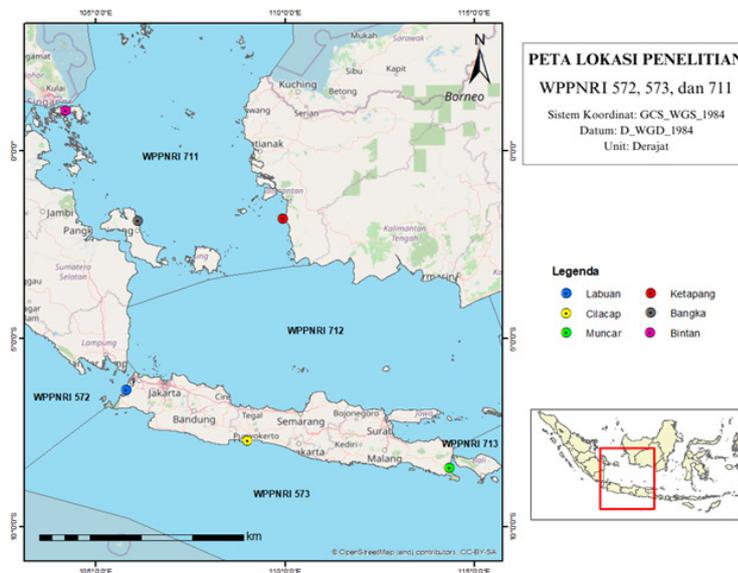
dilaksanakan mulai bulan Januari 2023 hingga Juli 2023 di Laboratorium Biologi Molekuler Akuatik Departemen Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor.

Pengambilan data

Seluruh contoh ikan kembung lelaki diisolasi dan ekstraksi koleksi contoh ikan kembung lelaki dengan mengambil jaringan pada bagian bawah sirip dorsal. Prinsip isolasi terdiri dari mekanik, kimiawi, ekstraksi, dan pemurnian. Contoh DNA diisolasi dan diekstraksi menggunakan kit komersial (*Gene Aid*) berdasarkan prosedur manual pabrik dengan beberapa modifikasi. DNA total hasil ekstraksi dilanjutkan dalam proses amplifikasi fragmen DNA menggunakan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan menggunakan kit komersial *Kapa Extra Hot Start* dan gen COI. PCR memiliki beberapa tahapan yaitu predenaturasi, denaturasi, *annealing*, elongasi, pasca elongasi, dan penyimpanan. Produk PCR selanjutnya diuji kualitas DNA-nya dengan metode elektroforesis pada gel agarose 1,2% yang diwarnai dengan *redsafe* dan larutan *buffer Tris-acetate-EDTA* (TAE) 1X, kemudian divisualisasi di bawah sinar UV (100 volt). Produk PCR yang memiliki kualitas baik kemudian dilanjutkan pada teknik RFLP. *Band* tunggal yang didapatkan dari proses PCR mtDNA akan dipotong menggunakan tiga jenis enzim restriksi yaitu *AluI* (AGCT), *HpaII* (CCGG), dan *HaeIII* (GGCC). Contoh hasil RFLP dielektroforesis pada gel agarose 2%. Kemudian divisualisasi di bawah sinar UV (100 volt) untuk mengetahui keberhasilan pemotongan pita DNA.

Analisis data

Hasil visualisasi produk RFLP yang dielektroforesis menunjukkan pola pemotongan *band* DNA tunggal dari proses pemotongan enzim restriksi. Pola pemotongan tersebut diidentifikasi dengan huruf A, B, dan C. Perhitungan statistik terkait penentuan struktur stok ikan kembung lelaki untuk mendapatkan nilai frekuensi alel, heterozigositas, F-statistik dan aliran gen, serta jarak genetik dilakukan dengan aplikasi popgene32 (Yeh *et al.* 2000). Nilai heterozigositas berkisar antara 0 sampai dengan 1 (Nei 1987).



Gambar 1. Peta lokasi penelitian dan titik pengambilan contoh

Nilai heterozigositas sama dengan 0 (nol) atau mendekati 0 (nol) menunjukkan stok yang diukur memiliki hubungan genetik yang dekat, sedangkan jika nilai 1 (satu) atau mendekati 1 (satu) berarti stok yang diuji tidak memiliki hubungan genetik yang dekat atau sama sekali tidak memiliki hubungan genetik. Nilai F-statistik juga berkisar antara 0 sampai dengan 1 dengan asumsi nilai dengan rentang 0-0,05 suatu populasi memiliki perbedaan genetik rendah, rentang 0,05-0,15 memiliki perbedaan genetik sedang, rentang 0,15-0,25 memiliki perbedaan genetik tinggi, dan >0,25 perbedaan genetiknya sangat tinggi (Balloux dan Lugon-Moulin 2002). Untuk estimasi aliran gen (Nm) menurut (Slatkin 1981), nilai $Nm > 1$ adanya aliran gen yang tinggi, sedangkan nilai $Nm < 1$ menunjukkan aliran gen rendah.

Data tersebut selanjutnya digunakan untuk menentukan struktur stok ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573. Metode yang digunakan adalah *clustering* menggunakan metode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) yang menghasilkan dendrogram yaitu pohon yang menggambarkan semua kelompok hasil proses *clustering* dan menggabungkan kelompok-kelompok yang memiliki tingkat kemiripan yang tinggi. Visualisasi dendrogram digunakan untuk analisis struktur stok yang menunjukkan pemisahan karakter stok ikan kembung lelaki dari setiap wilayah (Hudson *et al.* 1992).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Amplifikasi mtDNA gen *cytochrome oxidase subunit I (COI)*

Amplifikasi mtDNA dengan menggunakan COI menghasilkan fragmen DNA tunggal berukuran ± 650 bp (Gambar 2) yang ditunjukkan pita DNA terang dan jelas, namun tidak semua contoh menunjukkan ketebalan pita yang sama. Tidak semua contoh ikan kembung lelaki (*R. kanagurta*) dari enam lokasi pengambilan contoh berhasil teramplifikasi, hanya terdapat 109 contoh yang berhasil teramplifikasi dari 120 contoh. Contoh dari lokasi Pelabuhan Nelayan Ketapang (Kalimantan Barat) hanya mampu teramplifikasi sebanyak 9 contoh (Gambar 3). Perbedaan DNA dari proses ekstraksi yang digunakan untuk PCR akan memengaruhi perbedaan gen target yang berhasil diamplifikasi (Pertwi *et al.* 2015). Suhu *annealing* yang digunakan yaitu 54°C , suhu tersebut cocok dalam proses penempelan primer. Produk PCR yang berhasil diamplifikasi kemudian akan dilanjutkan pada tahap RFLP untuk dilakukan pemotongan dengan enzim restriksi.

Pola pemotongan enzim restriksi pada ikan kembung lelaki

Pola pemotongan band DNA tunggal oleh setiap enzim restriksi mendapatkan pola pemotongan yang berbeda (Gambar

4). Enzim *AluI* menghasilkan dua tipe pemotongan yang diberi nama alel A (330 bp dan 390 bp) dan alel B (150 bp, 190 bp, dan 380 bp), sedangkan enzim *HpaII* hanya menghasilkan satu tipe pemotongan yaitu alel A (100 bp dan 600 bp) (Gambar 4). Sementara itu, enzim *HaeIII* memotong alel menjadi tiga tipe yakni alel A (240 bp, 213 bp, dan 186 bp), alel B (240 bp, 213 bp, dan 150 bp), dan alel C (213 bp, 186 bp, 178 bp, dan 100 bp) (Gambar 5).

Hasil RFLP menunjukkan semua enzim dapat memotong gen COI dan didapatkan alel-alel pada setiap individu. Enzim yang dapat menunjukkan adanya polimorfisme adalah enzim *AluI* dan enzim *HaeIII* karena dapat memotong fragmen DNA tunggal lokus COI secara variatif pada ikan kembung lelaki. Polimorfisme dalam genom organisme dilihat menggunakan enzim pemotong/restriksi (*restriction enzymes*). Menurut Aryani *et al.* (2009), enzim restriksi memiliki sifat yang spesifik dengan memotong situs tertentu yang dikenali. Enzim bakterial ini akan berikatan dengan daerah spesifik pada DNA, kemudian memotong rantai pada kedua untai. Oleh

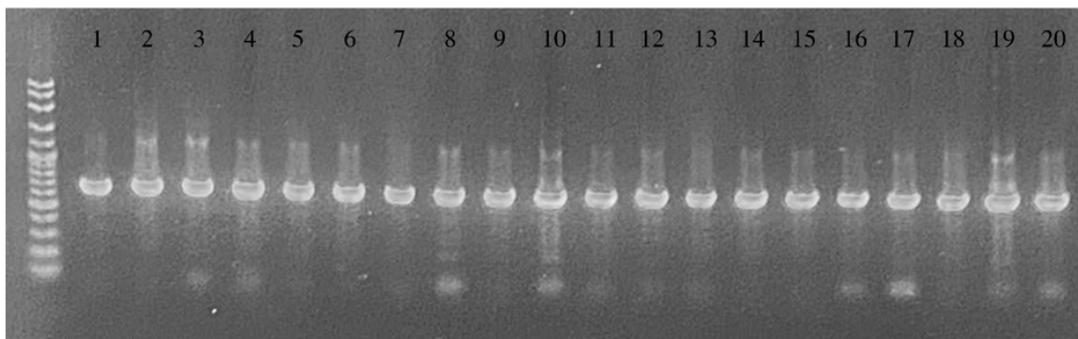
karena itu, setiap spesies memiliki pola daerah pemotongan yang berbeda (Clark dan Pazdernik 2011).

Polimorfisme ini digunakan untuk menghitung keragaman genetik dan melihat struktur stok pada ikan kembung lelaki di ke-enam lokasi. Pola pemotongan yang dihasilkan oleh enzim *HpaII* tidak menunjukkan adanya polimorfisme, karena hanya satu tipe pemotongan, oleh karena itu, enzim *HpaII* belum dapat menunjukkan keragaman genetik dalam stok.

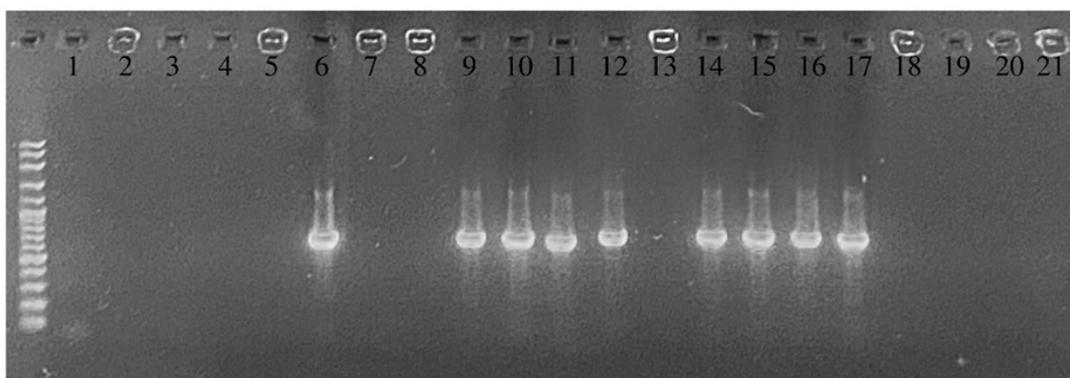
Keragaman dan struktur genetik

Frekuensi alel

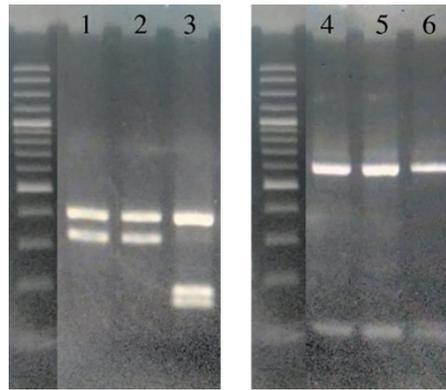
Frekuensi alel yang ditunjukkan oleh enzim *AluI* dan *HaeIII* menghasilkan pemotongan fragmen DNA pada ikan kembung lelaki dengan lebih variatif dibandingkan dengan enzim *HpaII* (Tabel 1). Nilai frekuensi alel pada enzim *AluI* dan *HaeIII* dapat dikatakan tinggi yang menunjukkan bahwa populasi yang diamati sangat beragam dan mengalami polimorfik dengan alelnya kurang dari 99%.



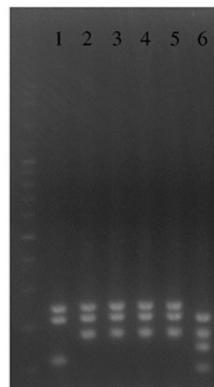
Gambar 2. Hasil amplifikasi mtDNA ikan kembung lelaki populasi Bintang (1-20) dengan marker 100 bp



Gambar 3. Hasil amplifikasi mtDNA ikan kembung lelaki populasi Ketapang Kalimantan Barat (2-21) dan kontrol (1) dengan marker 100 bp



Gambar 4. Pemotongan fragmen DNA oleh enzim restriksi. 1-3 adalah pemotongan oleh enzim *AluI*; 4-6 adalah pemotongan oleh enzim *HpaII*



Gambar 5. Pemotongan fragmen DNA oleh enzim *HaeIII* pada contoh *R. kanagurta* Cilacap. 1 adalah contoh alel B; 2-5 adalah contoh alel A; 6 adalah contoh alel C

Tabel 1. Frekuensi alel stok ikan kembung lelaki masing-masing enzim

Frek. Alel	<i>AluI</i>	<i>HpaII</i>	<i>HaeIII</i>
A	0,5780	1,000	0,9266
B	0,4220		0,0459
C			0,0275

Heterozigositas

Heterozigositas menyatakan suatu tingkat keragaman genetik pada stok. Nilai ini dapat dipengaruhi oleh mutasi, jumlah, pola perkawinan, migrasi dan seleksi. Nilai heterozigositas masing-masing enzim dihitung berdasarkan (Levene 1949) menggunakan aplikasi Popgene32 dengan hasil ditunjukkan pada Tabel 2.

Enzim *AluI* dan *HaeIII* mampu menunjukkan heterozigositas yang terjadi pada lokus COI ikan kembung lelaki. Stok ikan kembung lelaki dari ke-enam lokasi memiliki tingkat variasi genetik dengan nilai rata-rata heterozigositas sebesar 17,73% yang ditunjukkan oleh enzim *AluI* dan *HaeIII*. Dari data yang diperoleh, nilai

tersebut masuk kategori rendah karena memiliki nilai mendekati nol (0) yang mengindikasikan hubungan kekerabatan dekat.

Tabel 2 menunjukkan nilai heterozigositas harapan lebih besar daripada heterozigositas pengamatan. Hal tersebut menunjukkan, data stok ikan kembung lelaki menyimpang dari keseimbangan Hardy-Weinberg (HWE). Keseimbangan HWE menunjukkan adanya frekuensi genotipe yang tetap dari setiap generasi karena adanya perkawinan acak yang tidak disertai dengan pengaruh lain yaitu seleksi, mutasi, migrasi, dan *random drift*. Namun, untuk ikan yang memiliki pola distribusi yang luas seperti ikan kembung lelaki tidak akan terjadi keseimbangan HWE, karena

pengaruh lain akan secara alamiah terjadi di alam (Tambasco *et al.* 2003).

F-statistik dan aliran gen

F-statistik (F_{st}) dapat menyatakan struktur genetik pada stok dan tingkat perbedaan genetik antar stok. Selain itu, juga dapat menjelaskan sejauh mana stok diisolasi secara reproduktif (Beaumont *et al.* 2010). Nilai rata-rata F_{st} ikan kembung lelaki dari enam lokasi yaitu sebesar 0,1430 (Tabel 3). Presentase variasi genetik yang terdistribusi di antara seluruh substok 14,3%. Nilai F_{st} yang didapatkan menandakan perbedaan genetik yang sedang antar stok ikan kembung lelaki yang diuji. Hal tersebut, karena nilai F_{st} berada pada rentang 0,05-0,15 (Balloux dan Lugon-Moulin 2002).

Aliran gen (Nm) yang diestimasi berdasarkan (Slatkin dan Barton 1989) pada aplikasi popgene 32 mendapatkan nilai rata-rata sebesar 1,1242. Aliran gen digunakan untuk mengetahui besaran tingkat gen yang sama pada masing-masing stok dan menggambarkan fraksi migran di setiap sub-populasi yang menggambarkan unit stok. Berdasarkan nilai estimasi aliran gen, menunjukkan stok ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573 memiliki perpindahan gen yang besar antar stoknya karena memiliki nilai $Nm > 1$.

Jarak genetik

Nilai jarak genetik dapat menunjukkan hubungan kekerabatan antar organisme. Menurut Çiftci dan Okumu (2002), dalam suatu stok dapat terjadi pertukaran (gen) karena adanya kedekatan

geografis. Hasil perhitungan jarak genetik pada Tabel 4 dapat diketahui stok ikan kembung dari stok Bintan, Bangka Belitung, dan Ketapang memiliki hubungan kekerabatan yang dekat yaitu berkisar antara 0 hingga 0,01. Disimpulkan bahwa ikan kembung lelaki dari ketiga lokasi tersebut identik karena tempat pengambilan contoh memiliki kedekatan secara geografis di WPP-NRI 711. Sementara itu, stok ikan kembung lelaki dari Cilacap, Banyuwangi, dan Labuan juga memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dan dikatakan identik, karena memiliki nilai jarak genetik berkisar 0,0009 hingga 0,0071.

Ketiga wilayah tersebut terletak di perairan selatan Pulau Jawa, yang memungkinkan adanya pertukaran genetik yang menyebabkan jarak genetik yang dekat. Seperti penelitian Iranawati *et al.* (2016) pada ikan pelagis yaitu mengenai penetapan stok tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) berdasarkan variasi genetik di Laut Jawa Selatan, menunjukkan stok yang berasal dari Jakarta, Cilacap, dan Bali memiliki jarak genetik yang rendah atau menunjukkan kekerabatan yang dekat. Hal tersebut dapat terjadi karena adanya aliran gen yang disebabkan jarak geografis yang dekat. Selain itu, variabilitas lingkungan seperti distribusi suhu permukaan laut dan klorofil-a sangat memengaruhi pola distribusi ikan pelagis di perairan selatan Pulau Jawa. Stok ikan kembung lelaki yang diambil dari WPP-NRI 711 menunjukkan jarak genetik yang jauh dengan stok yang diambil dari perairan selatan Pulau Jawa (WPP-NRI 572 dan 573). Jarak genetik yang jauh dapat disebabkan adanya halangan secara geografis.

Tabel 2. Nilai heterozigositas pada masing-masing enzim restriksi berdasarkan pada (Levene 1949)

Enzim Restriksi	Heterozigot pengamatan	Heterozigot harapan	Nilai rata-rata heterozigositas
<i>AluI</i>	0,0000	0,4901	0,4126
<i>HpaII</i>	0,0000	0,0000	0,0000
<i>HaeIII</i>	0,0000	0,1392	0,1192
Rata-rata	0,0000	0,2098	0,1773

Tabel 3. *F*-statistik stok ikan kembung lelaki berdasarkan kepada Nei (1987)

Lokus	<i>AluI</i>	<i>HpaII</i>	<i>HaeIII</i>	Rata-rata
F_{st}	0,1430	0,0000	0,0582	0,1242
Nm	1,4984	***	4,0472	1,7624

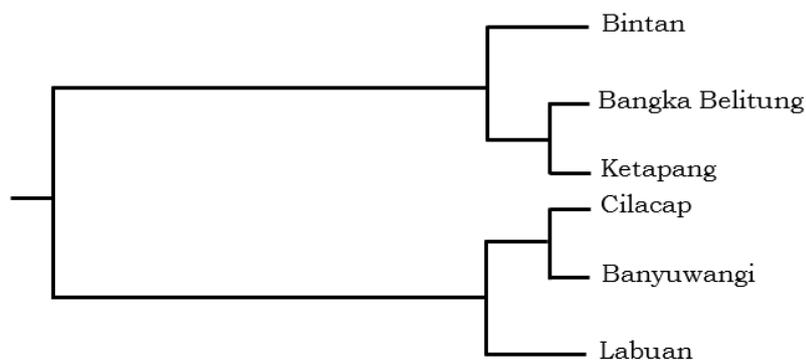
Tabel 4. Jarak genetik stok ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573

Populasi	Bintan	Bangka Belitung	Ketapang	Cilacap	Banyuwangi	Labuan
Bintan	***					
Bangka Belitung	0,0123	***				
Ketapang	0,0072	0,0018	***			
Cilacap	0,0401	0,0873	0,0642	***		
Banyuwangi	0,0330	0,0618	0,0421	0,0071	***	
Labuan	0,0406	0,0830	0,0601	0,0009	0,0035	***

Struktur stok

Struktur stok diketahui dengan pengelompokan masing-masing stok yang didasarkan oleh jarak genetik yang dimiliki. Berdasarkan hasil tersebut, dapat diketahui pemisahan karakter stok ikan kembung lelaki dari setiap wilayah (Hudson *et al.* 1992). Struktur stok ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573 membentuk dua *clade* (Gambar 6). *Clade* pertama yaitu Bintan, Bangka Belitung, dan Ketapang (WPP-NRI 711), serta *clade* kedua adalah Cilacap, Banyuwangi, dan Labuan (WPP-NRI 572 dan 573). Dalam suatu stok dapat terjadi pertukaran (gen) karena adanya kedekatan geografis (Çiftci dan Okumu 2002). Secara geografis, lokasi pengambilan sampel dari Bintan, Bangka Belitung, dan Ketapang memiliki jarak yang dekat karena berada di WPP-NRI 711, sehingga membentuk satu *clade*. Sementara itu, populasi dari Cilacap, Banyuwangi, dan Labuan juga memiliki jarak yang dekat karena berada di perairan selatan Pulau Jawa (masuk ke dalam WPP-NRI 572 dan 573). Secara geografis lokasi pengambilan contoh terletak di WPP-NRI 711 memiliki jarak yang jauh dengan WPP-NRI 572 dan 573.

Ikan kembung lelaki memiliki pola distribusi yang mengikuti pola pergerakan salinitas masa air yang dipengaruhi oleh angin muson (Indaryanto *et al.* 2018). Lokasi pengambilan contoh di Labuan (WPP-NRI 572), Cilacap dan Banyuwangi (WPP-NRI 573) berada di perairan selatan Pulau Jawa. Perairan ini dipengaruhi oleh Arus Kharulistiwa Selatan (AKS) dan Arus Pulau Jawa (APJ) dalam pola migrasi ikan kembung lelaki dibandingkan arus munson (Rizal *et al.* 2009). Pada bulan Juli-Oktober, pola musiman *upwelling* di sepanjang Pantai Selatan Jawa-Bali bergerak dari timur ke barat (Kunarso *et al.* 2011). Adanya *upwelling* membuat massa air dingin bergerak ke permukaan, dengan *Sea Surface Temperature* (SST) yang rendah dan konsentrasi klorofil-a yang tinggi. Air yang kaya nutrisi akan naik ke permukaan sehingga mendukung kelimpahan fitoplankton dan zooplankton (Sartimbul *et al.* 2010). Suhu yang rendah dan konsentrasi klorofil-a meningkat akan membuat *R. kanagurta* melimpah (Nurdin *et al.* 2015). Arus ini sangat penting dalam penyebaran larva ikan kembung lelaki, sehingga memungkinkan stok Labuan, Cilacap, dan Banyuwangi memiliki kesamaan genetik yang dekat.



Gambar 6. Dendrogram struktur stok ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573 dengan metode UPGMA (Nei 1972)

WPP-NRI 711 berbatasan langsung dengan Laut Jawa yang banyak dipengaruhi oleh arus monsun. Contoh yang diambil dari Perairan Bintan, Bangka Belitung, dan Ketapang memiliki jarak genetik yang dekat. Pola migrasi ikan berpengaruh terhadap pertukaran gen antar stok. Menurut hipotesis Hardenberg (1937) dalam Indaryanto *et al.* (2018), pola migrasi populasi *Rastrelliger* di sekitar perairan Laut Jawa mengikuti pola yang sama dengan populasi ikan layang (*Decapterus* spp.), biasanya satu atau dua minggu kemudian yang dipengaruhi oleh angin monsun. Hal tersebut dikarenakan ikan kembung lelaki memiliki keadaan variabilitas lingkungan yang relatif sama dengan ikan layang. Daerah yang disukai ikan kembung lelaki adalah daerah yang bersalinitas tinggi dengan karakteristik daerah penangkapan berada di perairan lepas pantai yang merupakan perairan terbuka dengan kadar garam 33-35‰, dengan arus yang tidak begitu kuat (Soemarto 1985).

Contoh ikan kembung di WPP-NRI 711 diambil pada musim timur. Menurut Simbolon (2011), pada musim timur (Juni-September) massa air yang memiliki salinitas tinggi mengalir dari Laut Flores dan dari Samudera Pasifik melewati Selat Gaspar, Selat Karimata, dan Selat Sunda. Ikan kembung dari Laut Flores dan Samudera Pasifik akan bermigrasi mengikuti arus ke arah barat hingga sampai di Perairan Laut Jawa. Adanya pola migrasi yang mengikuti salinitas, membuat stok ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711 bisa bertemu.

Pola distribusi geografis yang sangat luas pada ikan kembung lelaki akan memberikan peluang antar stok bertemu dan terjadinya perkawinan silang yang menyebabkan pencampuran dan aliran gen antar stok tinggi (Jatmiko *et al.* 2018). Berdasarkan heterozigositas yang rendah, nilai F-statistik tergolong kategori perbedaan genetik yang sedang, dan nilai aliran gen yang besar, menunjukkan stok ikan kembung lelaki dari WPP-NRI 711, 572, dan 573 memiliki kedekatan secara genetik. Nilai keragaman dan struktur genetik yang didapat menunjukkan stok ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573 dikelompokkan sebagai satu stok. Namun, dilihat dari jarak genetiknya stok ini membentuk dua *clade* atau dua bagian. Hal tersebut mengindikasikan adanya pemisahan karakter stok ikan kembung lelaki di antara stok WPP-NRI 711 dengan WPP-NRI 572 dan 573.

Dalam pengelolaannya lebih baik dilakukan dalam unit manajemen terpisah. Karena beberapa wilayah tersebut berada pada wilayah administrasi pemerintahan yang berbeda, sehingga pengelolaan perikanan sesuai kebijakan masing-masing daerah. Pendugaan struktur stok ikan kembung dapat diungkap dari hasil variasi genetik. Pendekatan menggunakan analisis variasi genetik ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573 dapat diimplementasikan sebagai dasar acuan dalam mengelola perikanan. Menurut Carvalho dan Hauser (1994), informasi genetik mengenai unit manajemen akan berguna pada pengambilan keputusan manajemen perikanan.

KESIMPULAN DAN SARAN

Kesimpulan

Stok ikan kembung lelaki yang berasal dari WPP-NRI 711, 572, dan 573 dapat dikelompokkan sebagai satu stok. Namun, berdasarkan nilai jarak genetik terdapat pemisahan karakter stok di antara stok ikan kembung lelaki dari WPP-NRI 711 dengan WPP-NRI 572 dan 573. Dalam pengelolaannya lebih baik dikelola dalam unit stok terpisah untuk kepentingan statistik.

Saran

Perlu penelitian lanjutan untuk menguatkan pola migrasi ikan kembung lelaki di WPP-NRI 711, 572, dan 573 yang dipengaruhi oleh angin monsun secara genetik. Untuk melengkapi penelitian ini, diperlukan contoh ikan kembung lelaki yang diambil pada musim barat, ditambah lokasi pengambilan contoh di Barat Sumatera, dan menggunakan marka gen lainnya seperti *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), *Amplified Fragment Length Polymorphisms* (AFLPs), *microsatellite*, dan lain-lain.

DAFTAR PUSTAKA

- Akbar N, Labenua R. 2020. Struktur Genetik Populasi Ikan Cakalang, *Katsuwonus pelamis* (Linnaeus, 1758) di Perairan Laut Maluku Utara, Indonesia. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*. 12(2): 407-419.
- Arrafi M, Azmi Ambak M, Piah Rumeaida M,

- Muchlisin Z. 2016. Biology of Indian Mackerel, *Rastrelliger kanagurta* (Cuvier, 1817) in the Western Waters of Aceh. *Iranian Journal of Fisheries Science*. 15(3): 957-972.
- Aryani NLT, Suratmi S, Saifuddin. 2009. Teknik *Restriction Fragment Length Polimorphism* (RFLP) pada Ikan Napoleon (*Cheilinus undulatus*). *Buletin Teknik Litkayasa Akuakultur*. 8(2): 181-184.
- Balloux F, Lugon-Moulin N. 2002. The Estimation of Population Differentiation with Microsatellite Markers. *Molecular Ecology*. 11(2): 155-165.
- Beaumont A, Boudry P, Hoare K. 2010. *Biotechnology and Genetics in Fisheries and Aquaculture*. Ames (US): Blackwell Publishing.
- Carvalho GR, Hauser L. 1994. Molecular Genetics and The Stock Concept in Fisheries. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*. 4(3): 326-350.
- Chiang HC, Hsu CC, Wu GCC, Chang SK, Yang HY. 2008. Population Structure of Bigeye Tuna (*Thunnus obesus*) in the Indian Ocean Inferred from Mitochondrial DNA. *Fisheries Research*. 90(1-3): 305-312.
- Çiftçi Y, Okumu B. 2002. Fish Population Genetics and Applications of Molecular Markers to Fisheries and Aquaculture: I-Basic Principles of Fish Population Genetics. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 2: 145-155.
- Clark DP, Pazdernik NJ. 2011. *Biotechnology: Academic Cell*. Massachusetts (US): Academic Cell.
- Collette BB, Nauen CE. 1983. *An Annotated and Illustrated Catalogue of Tunas, Mackerels, Bonitos, and Related Species Known to Date*. Rome (IT): Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Direktorat Jenderal Perikanan Tangkap. 2015. Statistik Perikanan Tangkap di Laut Menurut Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia (WPP-RI), 2005-2015. Jakarta.
- Hardenberg JDF. 1937. Preliminary Report on A Migration of Fish in the Java Sea. *Treubia*. 16(2): 293-300.
- Hudson RR, Slatkin M, Maddison WP. 1992. Estimation of Levels of Gene Flow from DNA Sequence Data. *Genetics*. 132(2): 583-589.
- Indaryanto FR, Tiuria R, Wardiatno Y, Zairion. 2018. *Ikan Kembung (Scombridae: Rastrelliger sp.) Genetik, Biologi, Reproduksi, Habitat, Penyebaran, Pertumbuhan, dan Penyakit*. Bogor (ID): IPB Press.
- Iranawati F, Nazifah L, Harlyan LI, Sari SHJ, Arfiati D. 2016. Determination on Yellow Fin Tuna Stock (*Thunnus albacares*) in South Java Sea Based on Genetic Variation by Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) Method. *Research Journal of Life Science*. 3(1): 6-15.
- Jatmiko I, Rochman F, Agustina M. 2018. Variasi Genetik Madidihang (*Thunnus albacares*; Bonnaterre, 1788) dengan Analisis Mikrosatelit di Perairan Indonesia. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia*. 24(3): 157-164.
- Kunarso, Hadi S, Ningsih NS, Baskoro MS. 2011. Variabilitas Suhu dan Klorofil-a di Daerah *Upwelling* pada Variasi Kejadian ENSO dan IOD di Perairan Selatan Jawa Sampai Timor. *ILMU KELAUTAN: Indonesian Journal of Marine Sciences*. 16(3): 171-180.
- Levene H. 1949. On a Matching Problem Arising in Genetics. *The Annals of Mathematical Statistics*. 20(1): 91-94.
- Lubis ZA, Yonvitner, Fahrudin A. 2019. Indikator Stok Ikan Kembung (*Rastrelliger kanagurta* Cuvier, 1816) dan Suhu Perairan Selat Sunda. *Jurnal Pengelolaan Perikanan Tropis*. 3(1): 38-43.
- Menteri Kelautan dan Perikanan Republik Indonesia. 2022. Keputusan Menteri Kelautan dan Perikanan Republik Indonesia Nomor 19 Tahun 2022 tentang Estimasi Potensi Sumber Daya Ikan, Jumlah Tangkapan Ikan yang Diperbolehkan, dan Tingkat Pemanfaatan Sumber Daya Ikan di Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia. Jakarta.
- Nei M. 1972. Genetic Distance between Populations. *The American Naturalist*. 106(949): 283-292.
- Nei M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York (US): Columbia University Press.
- Nurdin S, Mustapha MA, Lihan T, Ghaffar MA. 2015. Determination of Potential Fishing Grounds of *Rastrelliger kanagurta* Using Satellite Remote Sensing and GIS Technique. *Sains*

- Malaysiana*. 44(2): 225-232.
- Nuryanto A, Qonita NH, Pramono H, Kusbiyanto, Soedibja PHT. 2017. Genetic Variation in Cytochrome B-Hinf1 and -Alu1 Gene Correlated to Body Size in Soang Gourami (*Osphronemus goramy*) from Single Spawning. *Biosaintifika*. 9(2): 185-192.
- Nuryanto A, Sastranegara MH. 2013. Molecular Characterization of *Polymesoda erosa* (Solander, 1786) Inhabit Two Different Habitats. *Bionatura-Jurnal Ilmu-ilmu Hayati dan Fisik*. 15(3): 184-189.
- [PERMEN KP] Peraturan Menteri Kelautan dan Perikanan Republik Indonesia Nomor 22 Tahun 2021 tentang Penyusunan Rencana Pengelolaan Perikanan dan Lembaga Pengelola Perikanan di Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia. Jakarta.
- Pertiwi NPD, Mahardika IGNK, Watiniasih NL. 2015. Optimasi Amplifikasi DNA Menggunakan Metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*) pada Ikan Karang Anggota Famili Pseudochromidae (Dotyback) untuk Identifikasi Spesies Secara Molekular. *Jurnal Biologi Udayana*. 19(2): 1-5.
- Retnoningtyas H, Yulianto I, Wiryawan B, Kleinertz S, Palm HW. 2023. Stock Discrimination of Mackerel Scad *Decapterus macarellus* (Cuvier, 1833) in the Eastern Indonesia Based on Metazoan Fish Parasite Composition. *Regional Studies in Marine Science*. 61: 102840.
- Rizal S, Setiawan I, Muhammad, Iskandar T, Wahid MA. 2009. Simulasi Pola Arus Baroklinik di Perairan Indonesia Timur dengan Model Numerik Tiga-Dimensi. *Jurnal Matematika dan Sains*. 14(4): 113-119.
- Sarasati W. 2017. Dinamika Populasi dan Biologi Reproduksi Multispesies Ikan Kembung (*Rastrelliger faughni*, *R. kanagurta*, *R. brachysoma*) di Perairan Selat Sunda [Tesis]. Bogor (ID): Institut Pertanian Bogor.
- Sartimbul A, Nakata H, Rohadi E, Yusuf B, Kadarisman HP. 2010. Variations in Chlorophyll-a Concentration and The Impact on *Sardinella lemuru* Catches in Bali Strait, Indonesia. *Progress in Oceanography*. 87(1-4): 168-174.
- Setiati N, Partaya, Hidayah N. 2020. The Use of Two Pairs Primer for CO1 Gene Amplification on Traded Stingray at Fish Auction Tasik Agung Rembang. *6th International Conference on Mathematics, Science, and Education (ICMSE 2019)*, 9-10 October 2019, Semarang, Indonesia. Journal of Physics: Conference Series
- Sharafi H, Pouryasir A, Alavian SM, Behnava B, Keshvari M, Mehrnoush L, Salimi S, Kheradvar O. 2012. Development and Validation of a Simple, Rapid and Inexpensive PCR-RFLP Method for Genotyping of Common IL28B Polymorphisms: A Useful Pharmacogenetic Tool for Prediction of Hepatitis C Treatment Response. *Hepat Mon*. 12(3): 190-195.
- Simbolon D. 2011. *Bioekologi dan Dinamika Daerah Penangkapan Ikan*. Bogor (ID): Departemen Pemanfaatan Sumberdaya Perikanan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, IPB.
- Slatkin M. 1981. Estimating Levels of Gene Flow in Natural Populations. *Genetics*. 99(2): 323-335.
- Slatkin M, Barton NH. 1989. A Comparison of Three Indirect Methods for Estimating Average Levels of Gene Flow. *Evolution: International Journal of Organic Evolution*. 43(7): 1349-1368.
- Soemarto. 1985. *Daerah Penangkapan Ikan*. Jakarta (ID): Akademi Usaha Perikanan.
- Suman A, Wudianto, Sumiono B, Irianto HE, Badrudin, Amri K. 2014. *Potensi dan Tingkat Pemanfaatan Sumberdaya Ikan di Wilayah Pengelolaan Perikanan Republik Indonesia (WPP RI)*. Jakarta (ID): Ref Graphika.
- Tambasco DD, Paz CCP, Tambasco-Studart M, Pereira AP, Alencar MM, Freitas AR, Coutinho LL, Packer IU, Regitano LCA. 2003. Candidate Genes for Growth Traits in Beef Cattle Crosses *Bos Taurus* × *Bos Indicus*. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 120(1): 51-56.
- Wujdi A, Kim HJ, Oh CW. 2022. Population Structure of Indian Mackerel (*Rastrelliger kanagurta*) in Java and Bali Island, Indonesia Inferred from Otolith Shape. *Sains Malaysiana*. 51(1): 39-50.
- Wyrtki K. 1961. *Scientific Results of Marine Investigations of the South China Sea and the Gulf of Thailand, 1959-1961*,

Naga Report Vol 2. La Jolla (US):
University of California, Scripps
Institution of Oceanography.

Yeh F, Yang RC, Boyle TBJ, Ye Z, Xiyan JM,
Yang R, Boyle TJ. 2000. *PopGene32*,
Microsoft Windows-Based Freeware
for Population Genetic Analysis
(Version 1.32). Canada (CA):
Molecular Biology and Biotechnology
Centre, University of Alberta
Edmonton.