

KARAKTERISTIK GENETIK LOBSTER MUTIARA (*Panulirus ornatus* FABRICIUS, 1798) BERDASARKAN MARKA CYTOCHROME OXYDASE SUBUNIT I (COI)

GENETIK CHARACTERISTIC OF ORNATE SPINNY LOBSTER (*Panulirus ornatus* FABRICIUS, 1798) BASED ON CYTOCHROME OXYDASE SUBUNIT I (COI) MARKER

Indriatmoko¹, Arip Rahman¹, Sari Budi Moria Sembiring², Danu Wijaya¹

¹Balai Riset Pemulihan Sumber Daya Ikan
Jl. Cilalawi No. 01 Jatiluhur, Purwakarta, Jawa Barat, Indonesia

²Balai Besar Riset Budidaya Laut dan Penyuluhan Perikanan
Jl. Br. Gondol, Gerokgak, Buleleng, Bali, Indonesia

E-mail: indriatmoko.bp2ksi@outlook.com

(diterima April 2018, direvisi Mei 2018, disetujui Juni 2018)

ABSTRAK

Upaya pemulihan lobster mutiara (*Panulirus ornatus* Fabricius, 1798) melalui *restocking* dibutuhkan untuk meningkatkan populasinya di alam. Keragaman genetik populasi asli lobster mutiara penting untuk dikaji lebih dahulu sebelum tindakan *restocking* untuk menghindari introduksi lobster mutiara yang memiliki variasi genetik lebih rendah dibandingkan lobster mutiara yang sudah ada di alam. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui karakteristik genetik lobster pada beberapa lokasi penangkapan lobster mutiara, yaitu Ujung Kulon (n = 10), Pangandaran (n = 13), Tulungagung (n = 14), Banyuwangi (n = 16), dan Lombok Tengah (n = 15). Sampel lobster mutiara dikoleksi pada periode Februari – Oktober 2015. Setiap individu lobster diambil sampel jaringan untuk kemudian dianalisa menggunakan marka COI (*Cytochrome Oxidase subunit I*). Amplicon sepanjang 700 bp yang diperoleh kemudian dikarakterisasi menggunakan enzim restriksi *HinfI*, *NlaIII*, dan *TaqI*. Berdasarkan hasil restriksi diperoleh keragaman genetik lobster mutiara tertinggi di Pangandaran ($H_o/H_e = 0,8882$). Analisa jarak genetik menunjukkan populasi lobster mutiara dari Lombok memiliki jarak genetik terjauh dibanding kan dengan populasi lobster mutiara dari tulungagung-banyuwangi dan ujung kulon-pangandaran ($D 0,083 - 0,162$).

Kata kunci: COI, genetik, lobster mutiara, PCR-RFLP.

ABSTRACT

An effort to enhance ornate spiny lobster (*Panulirus ornatus* Fabricius, 1798) population in wild through *restocking* is needed. Information regarding the genetic variation of original lobster population need to be observed prior to the *restocking* activity. This information was essential to avoid less-genetical varried organism being introduced to the existed population. This investigation was aimed to provide the genetic characteristic of Ornate Spiny Lobster from several capture location, i.e., Ujung Kulon (n = 10), Pangandaran (n = 13), Tulungagung (n = 14), Banyuwangi (n = 16), and Lombok Tengah (n = 15). All lobster sample was collected during February – October 2015. Each collected lobster tissue was analyzed using COI (*Cytochrome Oxidase subunit I*). a 700 bp amplicon was characterized using restriction enzyme, i.e. *HinfI*, *NlaIII*, and *TaqI*. Based on restriction analysis, the result showed ornate spiny lobster's highest genetic variation observed from Pangandaran ($H_o/H_e = 0,8882$). Genetic distance analysis showed that ornate spiny lobster from Lombok furthest apart from ornate spiny lobster population of tulungagung-banyuwangi and ujung kulon-pangandaran ($D 0,083 - 0,162$).

Keywords: COI, genetic, Ornate Spiny Lobster, PCR-RFLP.

PENDAHULUAN

Lobster mutiara (*Panulirus ornatus* Fabricius, 1798) merupakan salah satu biota laut yang banyak dimanfaatkan sebagai komoditi konsumsi, baik untuk pasar dalam negeri maupun untuk kebutuhan ekspor (Hilal & Fachri 2016). Permintaan pasar yang tinggi berpotensi berimbas terhadap penurunan stok di alam akibat penangkapan berlebih

(Djasmani *et al.* 2012; Kadafi *et al.* 2006).

Salah satu upaya yang dapat dilakukan untuk membantu peningkatan stok atau pemulihan populasi di alam adalah melalui *restocking*. Namun demikian, berbagai pertimbangan yang diperlukan dalam upaya *restocking* lobster perlu dikaji terlebih dahulu (Kartamihardja & Satria, 2016). Salah satu informasi yang diperlukan adalah keragaman genetik pada

populasi asli. Karakteristik genetik organisme perairan pada suatu lokasi telah banyak dibuktikan memiliki kekhasan tersendiri, seperti misalnya ikan tuna sirip kuning (Permana dkk. 2007), ikan malalugis biru (Zamroni dkk. 2014), ikan putak (Wibowo dkk. 2017), dan berbagai organisme laut lain.

Karakteristik genetik lobster mutiara menggunakan marka hipervariabel (mikrosatelit dan *control region*) menunjukkan bahwa karakteristik genetik lobster mutiara pada beberapa lokasi di kawasan Asia Tenggara (Indonesia, Vietnam, Papua New Guinea, dan Australia) hampir sama, sehingga direkomendasikan bahwa pengelolaan lobster mutiara pada kawasan tersebut sebagai satu stok populasi yang sama (Dao *et al.* 2015). Namun demikian, kajian lebih lanjut menggunakan gen yang lebih konservatif (COI) pada lobster mutiara masih terbatas (Jeena *et al.* 2015; Senevirathna & Munasinghe 2013).

COI merupakan gen DNA mitokondria yang lebih konservatif dibandingkan gen yang lain dan memiliki tingkat mutasi yang rendah dibanding gen Cyt b, 12S, dan 16S (Hebert *et al.* 2003). Lebih dari standarisasi taksonomi, DNA *barcoding* hingga saat ini dikembangkan untuk berbagai aplikasi seperti deteksi spesies kriptik (Hebert *et al.* 2004), identifikasi spesies secara molekuler (Hubert *et al.* 2008), dan populasi genetik (Hajibabaei *et al.* 2007). Berbeda dengan lobster pasir (*Panulirus homarus*), hingga saat ini, informasi sekuen DNA lobster mutiara dalam *GenBank* (<http://ncbi.nlm.nih>) pada area sitokrom oksidasi subunit I (COI) masih sangat terbatas (36 sekuen) (NCBI, 2018). Hal ini merupakan tantangan yang perlu dijawab dalam meningkatkan ketersediaan informasi genetik spesies lobster mutiara di lokasi penangkapan

khususnya di Indonesia.

Sebagai komoditas perikanan yang bernilai ekonomis tinggi, beberapa isu strategis memosisikan lobster mutiara sebagai objek kajian. Salah satunya adalah *unregulated fishing* yang berpotensi memicu penurunan stok di alam. Dimulai pada tahun 2015, Kementerian Kelautan dan Perikanan menerbitkan Permen KP. No. 1 tahun 2015 tentang penangkapan Lobster (*Panulirus* spp.), Kepiting (*Scylla* spp.), dan Rajungan (*Portunus pelagicus*) yang kemudian direvisi pada Permen KP. No. 56 tahun 2016. Hal tersebut menandai bahwa aktivitas perikanan lobster sudah harus mengikuti asas perikanan teregulasi. Peraturan tersebut hingga kini secara efektif masih belum diterapkan oleh masyarakat dan *stakeholder* terkait. Salah satu bukti terkini terkait hal tersebut diketahui dari data tahun 2016 oleh Khikmawati dkk. (2017) yang menunjukkan bahwa hasil tangkapan lobster mutiara, khususnya di Pelabuhan Ratu dan Banten, masih dibawah standar layak tangkap sesuai peraturan tersebut (CL > 8cm atau berat >200 gr). Dari fakta tersebut, deplesi stok di alam akibat penangkapan yang tidak memperhatikan aspek kelestarian sumber daya masih menjadi ancaman.

Salah satu upaya yang dapat dilakukan untuk mencegah deplesi stok alam adalah melalui *restocking* untuk mempertahankan populasi dan meningkatkan hasil tangkapan lobster yang ada di alam. Berbagai pertimbangan sebelum dilakukannya aktivitas *restocking* tentu dibutuhkan, mulai dari aspek ekologi maupun sosial masyarakat sekitar. Kartamihardja & Satria (2016) menjelaskan bahwa karakteristik genetik lobster, baik yang akan ditebar maupun yang sudah ada di alam, harus diketahui terlebih dahulu. Hal tersebut

diperlukan untuk menghindari penurunan keragaman genetik akibat introduksi individu baru yang memiliki keragaman genetik lebih rendah maupun bersifat homozigot.

Penelitian ini ditujukan untuk memberikan gambaran karakteristik genetik lobster mutiara pada beberapa lokasi penangkapan di Indonesia. Informasi yang diperoleh akan memberikan gambaran awal terkait keragaman dan kekerabatan genetik lobster mutiara yang dapat digunakan sebagai bahan pertimbangan pengelolaan, baik untuk tujuan konservasi, *restocking*, maupun pemanfaatan sumber daya lobster mutiara dilokasi terkait oleh pemangku kebijakan.

METODE PENELITIAN

Pengambilan Sampel

Pengambilan sampel secara representatif dilakukan di beberapa lokasi penangkapan lobster di Indonesia pada Februari – Oktober 2015. Lokasi pengambilan sampel yang dipilih yaitu Ujung Kulon (n=10), Pangandaran (n=13), Tulungagung (n=14), Banyuwangi (n=16), dan Lombok Tengah (n=15) (Gambar 1). Jumlah sampel yang digunakan pada masing-masing lokasi minimal 10 ekor sesuai rekomendasi Trask *et al.* (2011). Sampel lobster segar diperoleh dari nelayan

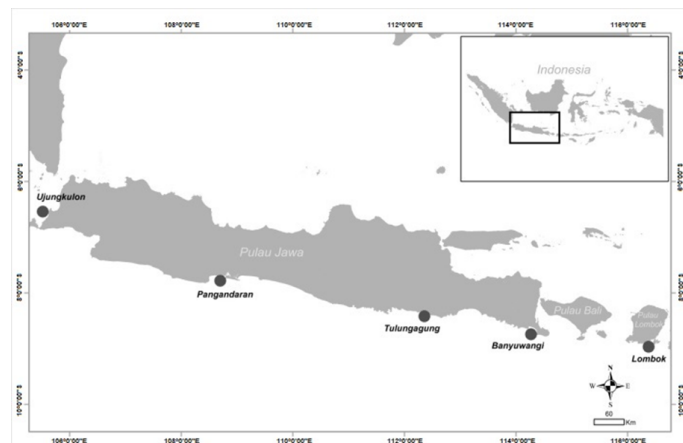
penangkap lobster. Pada masing-masing sampel lobster dilakukan pencuplikan jaringan daging sebagai sampel untuk analisa lebih lanjut di laboratorium. Sampel jaringan daging yang telah diambil diawetkan dalam 97% ethanol.

Ekstraksi dan Amplifikasi

Ekstraksi DNA dilakukan dengan menggunakan 25 mg jaringan daging masing-masing dari 68 sampel yang diperoleh untuk kemudian diekstraksi menggunakan chelex 10% dalam TE buffer (pH 8,0) (Permana dkk. 2007). gDNA kemudian di amplifikasi menggunakan marka COI yaitu LHCOpH 5'- ACT TCT GGG TTG TCG AGG ACT C -3' dan L-LCOpH 5'- TCG GAG CAT GAG CTG GGA TAG T -3' (Lavery *et al.* 2014). Siklus thermal yang digunakan: denaturasi awal 94°C selama 4 menit, 35× siklus berulang yang terdiri dari 10 detik denaturasi pada suhu 94°C, 20 detik penempelan (*annealing*) pada suhu 62°C, dan 30 detik ekstensi pada suhu 72°C. Siklus kemudian diakhiri pada suhu 72°C selama 5 menit.

RFLP

Produk PCR yang diperoleh dari proses PCR berhasil diamplifikasi dari seluruh



Gambar 1. Peta lokasi pengambilan sampel lobster Mutiara.

sampel yang dianalisa ($n = 68$). Masing-masing produk PCR kemudian direaksikan menggunakan beberapa enzim restriksi yaitu *HinfI*, *NlaIII*, dan *TaqI*. Sebanyak 4 μL produk PCR yang diperoleh ditambahkan 2 μL *digestion mix* (0,6 μL ddH_2O ; 1,2 μL 10 \times enzim buffer; 0,2 μL enzim). Reaksi dilakukan pada suhu 37 $^\circ\text{C}$ untuk *HinfI* dan *NlaIII*, dan 65 $^\circ\text{C}$ untuk *TaqI*, masing-masing selama 1 jam. Teknik reaksi yang digunakan dalam proses restriksi mengikuti petunjuk manufaktur (*New England Biolabs*). Hasil restriksi yang diperoleh dilanjutkan pada elektroforesis menggunakan 2% agarose gel pada 1 \times TBE buffer dalam 2 \times loading dye. Hasil elektroforesis kemudian divisualisasikan pada *geldoc*.

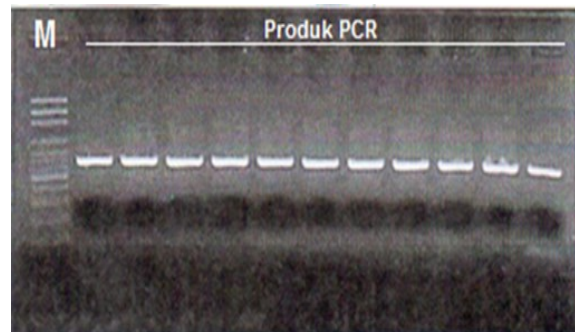
Analisis

Gambar elektroferogram yang menunjukkan pola perpotongan masing-masing sampel oleh enzim restriksi digunakan sebagai data awal untuk melakukan skoring berdasarkan tipe-tipe perpotongan. Masing-masing tipe perpotongan menunjukkan tipe haplotipe masing-masing sampel. Pada penelitian ini digunakan pendekatan heterozigositas untuk mengetahui keragaman genetik (Ho/He) populasi lobster mutiara. Pendekatan ini direkomendasikan oleh Sugama & Prijono (1998) sebagai metode terbaik untuk melihat keragaman genetik. Untuk memudahkan dalam skoring tipe haplotype digunakan RFLPtools (Flessa *et al.* 2010) pada R *statistic*. Jarak genetik dihitung berdasarkan Nei (1972) yang dilanjutkan dengan *Fisher's Exact Test* (Upton 1992) untuk menentukan signifikansi perbedaan allele yang diamati. Kekerbatan genetik ditampilkan menggunakan metode UPGMA.

Analisa data dilakukan menggunakan bantuan perangkat lunak TFPGA (Miller 1997).

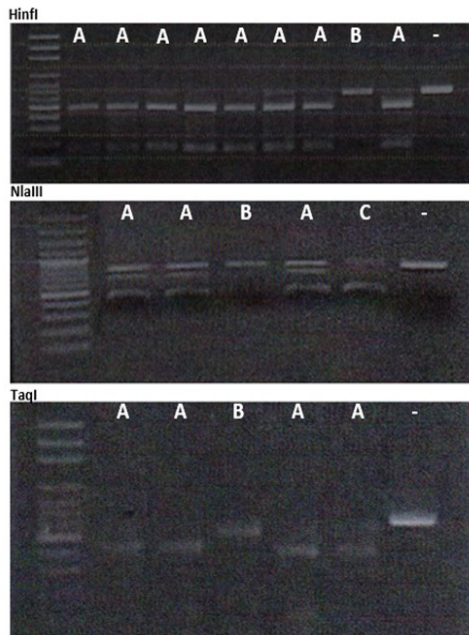
HASIL DAN PEMBAHASAN

Amplifikasi yang dilakukan menggunakan metode PCR dengan pasangan primer LHCOpH dan L-LCOpH dalam penelitian ini telah berhasil memperoleh produk PCR/amplikon secara konsisten pada kisaran 700 bp. Amplifikasi berhasil dilakukan pada semua sampel yang digunakan ($n = 68$). Hal ini menunjukkan keberhasilan primer yang digunakan untuk mengamplifikasi gen yang ditargetkan (Gambar 2).



Gambar 2. Elektroferogram produk PCR menunjukkan hasil amplifikasi pada 700 bp (M: marka molekuler).

Produk PCR sebanyak 68 amplikon yang diperoleh pada masing-masing sampel kemudian digunakan dalam proses digesti menggunakan enzim restriksi *HinfI*, *NlaIII*, dan *TaqI* (Gambar 3). Digesti menggunakan enzim restriksi berhasil memproduksi perpotongan pada seluruh amplikon lobster mutiara yang dianalisa. Pola perpotongan menggunakan enzim restriksi *HinfI* menghasilkan dua tipe perpotongan yaitu A (480, 160) dan B (680). Enzim restriksi *NlaIII* menghasilkan tiga tipe perpotongan yaitu A (680, 600, 490), B (680), dan C (680, 490), sedangkan enzim restriksi *Taq I* menghasilkan dua tipe perpotongan yaitu A (470) dan B



Gambar 3. Elektroferogram produk restriksi menggunakan enzim HinfI, NlaIII, dan TaqI (- : *U uncut*/ produk PCR).

(550). Komposit haplotipe yang teridentifikasi antara lain adalah AAA, AAB, ACA, BAA, dan ABA. Secara umum komposit haplotipe yang ditemukan mendominasi pada sampel dari seluruh lokasi adalah AAA. Hal tersebut menunjukkan bahwa komposit haplotipe AAA merupakan karakteristik genetik utama pada lobster mutiara yang ada pada sepanjang pesisir selatan Pulau Jawa sampai dengan Pulau Lombok. Menurut Zamroni dkk. (2016) dominansi ditemukannya haplotipe tertentu pada suatu populasi juga menunjukkan bahwa tipe haplotipe tersebut bersifat lebih adaptif terhadap tekanan lingkungan berupa perubahan lingkungan dan penyakit. Beberapa komposit haplotype yang berbeda diantaranya ACA (n = 1) dan BAA (n = 1) pada sampel dari Ujung Kulon, BAA (n = 1) dan ABA (n = 2) pada sampel dari Pangandaran, AAB (n = 1) dan ACA (n = 1) pada sampel dari Tulungagung, AAB (n = 2) pada sampel dari Banyuwangi, serta ABA (n = 3) pada sampel dari Lombok.

Tabel 1. Nilai heterozigositas masing-masing populasi lobster mutiara.

No	Lokasi	N	Ho	He	Ho/He
1	Ujung Kulon	10	0,1200	0,1263	0,9501
2	Pangandaran	13	0,0437	0,0492	0,8882
3	Tulungagung	14	0,1102	0,1154	0,9549
4	Banyuwangi	16	0,0781	0,0806	0,9689
5	Lombok	15	0,1067	0,1103	0,9674

*keterangan: n= jumlah sampel; Ho= Heterozigositas teramati; He= Heterozigositas harapan; Ho/He= keragaman genetik)

Keragaman genetik, menurut Permana dkk. (2001) dapat diketahui melalui beberapa pendekatan seperti karakteristik polimorfik, keragaman alel pada lokus yang diamati, dan heterozigositas. Informasi mengenai keragaman genetik pada satu atau beberapa populasi organisme tertentu sangat penting untuk memberikan gambaran kualitas genetik pada populasi yang diamati. Keragaman genetik yang rendah dapat memicu rendahnya kecakapan (*fitness*) individu pada suatu populasi dalam proses adaptasi akibat tekanan lingkungan (Fischer *et al.* 2003).

Tabel 1 menunjukkan nilai keragaman genetik pada lima lokasi pengambilan sampel yang dipilih. Hasil analisa pada penelitian ini menunjukkan bahwa keragaman genetik tertinggi dijumpai pada populasi lobster mutiara di Pangandaran (Ho/ He 0,8882) yang diikuti berturut-turut oleh populasi di Ujung Kulon (Ho/He 0,9501), Tulungagung (Ho/He 0,9549), Lombok Tengah (Ho/He 0,9674), dan Banyuwangi (Ho/He 0,9689). Keragaman genetik tersebut dinilai sebagai kondisi dengan keragaman genetik yang rendah (Sembiring dkk. 2015). Rendahnya keragaman genetik diduga dikarenakan gen COI yang digunakan dalam penelitian ini merupakan gen DNA

mitokondria yang konservatif. Kecenderungan variasi genetik yang rendah ini mendukung hasil riset Hebert *et al.* (2004) yang menyatakan bahwa gen COI untuk hewan pada umumnya hanya menunjukkan kisaran divergensi genetik antara 0,25% – 7,93% (Hebert *et al.* 2004). Tinggi rendahnya variasi genetik suatu populasi sangat dipengaruhi oleh kondisi lingkungan sekitarnya. Pada lingkungan yang lebih stabil cenderung memproduksi variasi alel yang rendah dikarenakan rendahnya laju mutasi dan seleksi (Moria dkk. 2006). Selain itu beberapa faktor lain yang juga berpotensi mempengaruhi tingkat variasi genetik diantaranya, migrasi (Cortázar-Chinarro *et al.* 2017), introduksi (Valiquette *et al.* 2014), dan karakteristik geografi (Planes & Fauvelot 2002). Meskipun demikian, ditinjau secara genetik, populasi lobster yang ada di Pangandaran dapat dipertimbangkan sebagai sumber lobster yang dapat digunakan untuk me-restocking populasi lobster di lokasi lain yang memiliki variasi genetik yang lebih rendah. Organisme yang akan digunakan untuk aktivitas restocking diharapkan memiliki variasi genetik yang lebih tinggi dibanding populasi yang sudah ada sebelumnya untuk meminimalisir perkawinan yang memicu penurunan variasi genetik (Fischer *et al.* 2003; Grant *et al.* 2017; Kartamihardja & Satria 2016).

Studi mengenai keragaman genetik pada umumnya dilakukan menggunakan berbagai marka yang menargetkan gen DNA mitokondria dengan tingkat polimorfik yang tinggi seperti D-loop (Nugroho dkk. 2002), 16SRNA (Wibowo dkk. 2017), dan juga mikrosatelit (Sembiring dkk. 2015). Studi karakteristik genetik lobster dengan cakupan lokasi pengambilan yang cukup luas telah

disajikan oleh Dao *et al.* (2015) menggunakan marka mikrosatelit dan *Control region* (D loop). Hasil penelitian Dao *et al.* (2015), dengan menggunakan marka molekuler dengan tingkat polimorfik tinggi, diketahui bahwa keragaman genetik lobster mutiara dari Indonesia, Vietnam, dan Australia tidak memiliki perbedaan yang signifikan. Sehingga disimpulkan bahwa lobster mutiara dari lokasi tersebut merupakan stok lobster dari populasi yang sama. Dao *et al.* (2015) menyatakan bahwa populasi lobster mutiara di kawasan tersebut diperkirakan masih berhubungan dikarenakan ada potensi luasnya jangkauan persebaran puerulus antar lokasi sehingga harus dikelola dengan kebijakan lintas Negara yang tercakup didalamnya.

Meninjau kembali hasil riset yang dilakukan oleh Dao *et al.* (2015), menggunakan marka yang lebih konservatif (COI), penelitian ini memperoleh informasi dugaan adanya perbedaan genetik antar lokasi pengambilan sampel. Perhitungan jarak

Tabel 2. Jarak genetik (Nei's 1972) antar populasi lobster mutiara.

Lokasi	UK	PD	TA	BW	LB
UK					
PD	0,0031				
TA	0,0069	0,0076			
BW	0,0077	0,0048	0,0025		
LM	0,0151	0,0162	0,0144	0,0083	

Keterangan: UK: Ujung Kulon; PD: Pangandaran; TA: Tulungagung; BW: Banyuwangi; LB: Lombok Tengah

genetik (Nei 1972) dilakukan menggunakan pola perpotongan masing-masing enzim restriksi yang digunakan. Perolehan nilai jarak genetik yang semakin kecil, merepresentasikan kedekatan jarak genetik yang tinggi antar populasi lobster mutiara di lokasi studi. Pada Tabel 2 diketahui bahwa jarak genetik lobster

mutiara pada masing masing lokasi berbeda satu sama lain (0,0025 – 0,0151). Jarak genetik terjauh ditemukan antara populasi lobster mutiara di Ujung Kulon dengan populasi lobster mutiara di Lombok Tengah (0,0151). Hal ini diperkirakan terjadi karena letak geografis yang cukup jauh sehingga meminimalisir terjadinya perkawinan acak antara populasi lobster mutiara dari Ujung Kulon dan dari Lombok Tengah. Dugaan ini diperkuat dengan jarak genetik yang dekat antar lokasi yang memiliki letak geografis berdekatan seperti antara Ujung Kulon – Pangandaran (0,0031) dan Tulungagung – Banyuwangi (0,0025). Korelasi positif antara jarak genetik dengan jarak lokasi populasi ini dilaporkan juga terdapat pada lobster pasir (*Panulirus homarus*) (Lavery *et al.* 2014), *Panulirus penicillatus* (Chow *et al.* 2011), dan *Panulirus japonicus* (Inoue *et al.* 2007).

Berdasarkan perhitungan jarak genetik yang diperoleh diketahui adanya perbedaan antar populasi pengambilan sampel. Analisa *Fisher's exact test* dalam penelitian ini menggunakan nilai frekuensi allel berdasarkan fragmen produk restriksi. Hasil yang diperoleh menunjukkan tidak adanya perbedaan jarak genetik antar stasiun yang signifikan ($P > 0,05$) (Tabel 3). Beberapa hasil penelitian sebelumnya menunjukkan bahwa penggunaan marka polimorfik (non-COI) pada beberapa penelitian berhasil mengklasifikasi perbedaan jarak genetik yang nyata pada spesies ikan (Zamroni dkk. 2014; Zamroni dkk. 2016). Namun demikian, riset karakterisasi filogeografi lobster mutiara yang dilakukan oleh Dao *et al.* (2015) menggunakan marka polimorfik belum berhasil menyajikan signifikansi jarak genetik antar populasi yang

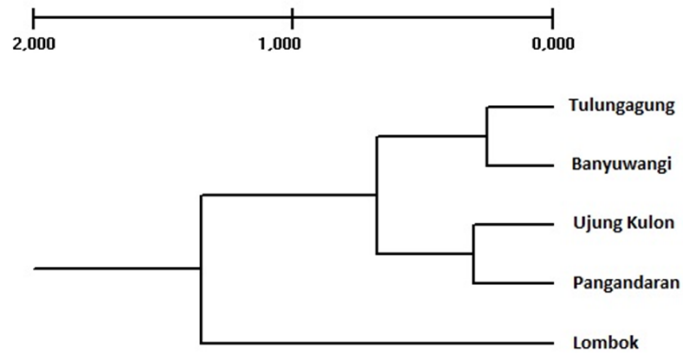
diamati. Hal ini diduga dikarenakan persebaran peuruli yang cukup luas sehingga memungkinkan terjadinya percampuran antar populasi yang diamati. Selain itu, beberapa laporan menjelaskan bahwa spesies lobster memiliki jangkauan migrasi yang cukup jauh (Booth 1997; Groeneveld & Branch 2002; Moore & MacFarlane 1984). Moore & MacFarlane (1984) telah melakukan pengamatan berbasis *tag and recapture* menggunakan lobster mutiara dan menemukan bahwa lobster mutiara mampu bermigrasi sejauh ± 400 km. Meskipun belum ada penelitian khusus tentang pola migrasi lobster mutiara di sepanjang pesisir selatan pulau jawa, potensi terjadinya migrasi lobster antar lokasi pengamatan masih mungkin terjadi dan menyebabkan percampuran genetik. Penggunaan COI pada beberapa laporan secara khusus ditujukan untuk karakterisasi genetik antar populasi intra-spesies dan mengidentifikasi sub spesies atau spesies kriptik (Hebert *et al.* 2004; Inoue *et al.* 2007; Lavery *et al.* 2014).

Tabel 3. Signifikansi perbedaan frekuensi allel antar populasi lobster mutiara (*Fisher's exact test*).

Lokasi	UK	PD	TA	BW	LB
UK					
PD	0,7534				
TA	0,6157	0,2571			
BW	0,1580	0,4170	0,6810		
LM	0,0547	0,1054	0,0571	0,5056	

Keterangan: UK: Ujung Kulon; PD: Pangandaran; TA: Tulungagung; BW: Banyuwangi; LB: Lombok Tengah

Karakteristik haplotipe lobster mutiara yang ditemukan pada masing-masing lokasi pengambilan sample dapat menunjukkan tingkat kekerabatan antar populasi tersebut (Gambar 4). Analisis UPGMA menunjukkan



Gambar 4. Kluster dendrogram kekerabatan genetik antar populasi lobster mutiara.

bahwa karakteristik haplotipe membentuk 2 *clade* pada populasi di sepanjang pesisir selatan Jawa, yaitu Tulungagung – Banyuwangi dan Ujung Kulon – Pangandaran. Terbentuknya 2 *clade* ini menunjukkan masih adanya percampuran genetik, baik melalui perkawinan ataupun dugaan transport benih antar populasi dalam satu *clade* tersebut. Berdasarkan marka COI pada penelitian ini, populasi lobster mutiara di Lombok Tengah memiliki kekerabatan yang paling jauh. Informasi mengenai karakteristik genetik lobster mutiara merupakan salah satu informasi penting yang perlu diketahui sebagai pertimbangan untuk tujuan konservasi, pemacuan stok, maupun budidaya (Grant *et al.* 2017). Pemetaan karakteristik genetik lobster mutiara, dan spesies lainnya dalam cakupan antar populasi, disarankan untuk terus dapat dikaji untuk membentuk sebuah database yang dapat dimanfaatkan dalam pengelolaan sumber daya hayati kedepan.

KESIMPULAN

Populasi lobster mutiara di pesisir selatan P. Jawa sampai dengan P. Lombok secara genetik dapat dikategorikan sebagai tiga kluster berdasarkan kekerabatannya meliputi Ujungkulon – Pangandaran, Tulungagung – Banyuwangi, dan Lombok Tengah. Meskipun

demikian, ditinjau dari rendahnya signifikansi perbedaan jarak genetik antar lokasi tersebut diperkirakan populasi lobster pada kelima lokasi pengamatan merupakan stok populasi lobster yang sama. Dengan variasi genetik yang lebih tinggi, populasi lobster mutiara di Pangandaran berpotensi sebagai sumber lobster mutiara yang baik untuk digunakan dalam *restocking* dalam pemulihan populasi lobster mutiara di empat lokasi lain dengan tingkat variasi genetik yang lebih rendah.

UCAPAN TERIMA KASIH

Tulisan ini merupakan kontribusi dari kegiatan penelitian “*Ecological Assesment* untuk Restocking Benih Lobster di Kawasan Konservasi Perairan Indonesia”, Tahun Anggaran 2015 di Balai Penelitian Pemulihan dan Konservasi Sumber Daya Ikan. Terima kasih disampaikan kepada Prof. Dr. Haryanti atas dukungan dan masukan teknis selama proses riset.

DAFTAR PUSTAKA

- Booth, J. D. (1997). Long-distance movements in *Jasus* spp. and their role in larval recruitment. *Bulletin of Marine Science*, 61(1), 111-128.
- Chow, Seinen, Andrew Jeffs, Yoichi Miyake,

- Kooichi Konishi, Makoto Okazaki, Nobuaki Suzuki, Muhamad F Abdullah, Hideyuki Imai, Toshie Wakabayasi, and Mitsuo Sakai. (2011). Genetic isolation between the western and eastern Pacific populations of pronghorn spiny lobster *Panulirus penicillatus*. *PloS one* 6 (12):1-9.
- Cortázar-Chinarro, M., Lattenkamp, E. Z., Meyer-Lucht, Y., Luquet, E., Laurila, A., & Höglund, J. (2017). Drift, selection, or migration? Processes affecting genetic differentiation and variation along a latitudinal gradient in an amphibian. *BMC evolutionary biology*, 17(1), 189.
- Dao, Hoc Tan, Carolyn Smith-Keune, Eric Wolanski, Clive M Jones, and Dean R Jerry. (2015). Oceanographic currents and local ecological knowledge indicate, and genetics does not refute, a contemporary pattern of larval dispersal for the ornate spiny lobster, *Panulirus ornatus* in the south-east Asian archipelago. *PloS one* 10 (5):1-19.
- Djasmani, S. S., Djumanto, D., & Sukardi, S. (2012). Pemanfaatan dan laju tangkap udang lobster di pantai selatan daerah istimewa Yogyakarta. *Jurnal Perikanan (Journal of Fisheries Sciences)* 14(1):20-26.
- Fischer, Markus, Michael Hock, and Melanie Paschke. (2003). Low genetic variation reduces cross-compatibility and offspring fitness in populations of a narrow endemic plant with a self - incompatibility system. *Conservation genetics* 4 (3):325-336.
- Flessa, Fabienne, Alexandra Kehl, and M Kohl. (2010). RFLPtools: Tools to analyse RFLP data. *R package version* 1.
- Grant, W. S., Jasper, J., Bekkevoeld, D., & Adkison, M. (2017). Responsible genetic approach to stock restoration, sea ranching and stock enhancement of marine fishes and invertebrates. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 27(3), 615-649.
- Groeneveld, J. C., & Branch, G. M. (2002). Long-distance migration of South African deep-water rock lobster *Palinurus gilchristi*. *Marine Ecology Progress Series*, 232, 225-238.
- Hajibabaei, Mehrdad, Gregory AC Singer, Paul DN Hebert, and Donal A Hickey. (2007). DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. *TRENDS in Genetics* 23 (4):167-172.
- Hilal, K., & Fachri, Y. (2016). Kepentingan Indonesia melarang ekspor benih lobster ke Vietnam Tahun 2015. *Jurnal Online Mahasiswa (JOM) Bidang Ilmu Sosial dan Ilmu Politik* 3(2):1-15.
- Hebert, Paul DN, Alina Cywinska, and Shelley L Ball. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences* 270 (1512):313-321.
- Hebert, Paul DN, Erin H Penton, John M Burns, Daniel H Janzen, and Winnie Hallwachs. (2004). Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 101 (41):14812-14817.

- Hubert, Nicolas, Robert Hanner, Erling Holm, Nicholas E Mandrak, Eric Taylor, Mary Burridge, Douglas Watkinson, Pierre Dumont, Allen Curry, and Paul Bentzen. (2008). Identifying Canadian freshwater fishes through DNA barcodes. *PloS one* 3 (6):e2490.
- Inoue, Nariaki, Hiromi Watanabe, Shigeaki Kojima, and Hideo Sekiguchi. (2007). Population structure of Japanese spiny lobster *Panulirus japonicus* inferred by nucleotide sequence analysis of mitochondrial COI gene. *Fisheries Science* 73 (3):550-556.
- Jeena, N. S., Gopalakrishnan, A., Radhakrishnan, E. V., Kizhakudan, J. K., Basheer, V. S., Asokan, P. K., & Jena, J. K. (2016). Molecular phylogeny of commercially important lobster species from Indian coast inferred from mitochondrial and nuclear DNA sequences. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(4), 2700-2709. Kadafi, M., Widaningroem, R., & Soeparno, S. (2006). Aspek Biologi dan Potensi Lestari Sumberdaya Lobster (*Panulirus spp.*) di Perairan Pantai Kecamatan Ayah Kabupaten Kebumen. *Jurnal Perikanan (Journal of Fisheries Sciences)* 8(1):108-117.
- Kartamihardja, ES, and F Satria, (2016). *Petunjuk teknis pengkayaan stok dan rehabilitasi habitat lobster, Edisi 1*: Balai Pemulihan dan Konservasi Sumber Daya Ikan.
- Khikmawati, LT, S Martasuganda, and MFA Sondita. (2017). Keragaan lobster hasil tangkapan di Pelabuhan Ratu dibandingkan regulasi yang berlaku. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis* 9 (2):507-520.
- Lavery, Shane D, Ahmad Farhadi, Hamid Farahmand, Tin-Yam Chan, Ashkan Azhdehakoshpour, Vibhavari Thakur, and Andrew G Jeffs. (2014). Evolutionary divergence of geographic subspecies within the scalloped spiny lobster *Panulirus homarus* (Linnaeus 1758). *PloS one* 9 (6):1-13.
- Miller, Mark P. (1997). Tools for Population Genetic Analysis (TFPGA) 1.3: a Windows Program for the Analysis of Elysium and Molecular Population Genetic Data. <http://www.marksgeneticsoftware.net/>.
- Moria, Sari Budi, Haryanti, Gusti Ngurah Permana, and Bejo Slamet. (2006). Karakter genetik dan struktur populasi ikan napoleon, *Cheilinus undulatus* di perairan Indonesia. *Jurnal Riset Akuakultur* 1 (3):315-323.
- Moore, R., & MacFarlane, J. W. (1984). Migration of the ornate rock lobster, *Panulirus ornatus* (Fabricius), in Papua New Guinea. *Marine and Freshwater Research*, 35(2), 197-212.
- NCBI. (2018). *Panulirus ornatus* cytochrome oxidase subunit I sequence database. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/?term=panulirus+ornatus+COI> diakses tanggal 20 Februari 2018)
- Nei, Masatoshi. (1972). Genetic distance between populations. *The American Naturalist* 106 (949):283-292.
- Nugroho, Estu, Ani Widiyati, Imron Imron, and Tutik Kadarini. (2002). Keragaan genetik ikan nila GIFT berdasarkan polimorfisme mitokondria DNA d-loop. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia* 8 (3):1-6.

- Permana, Gusti Ngurah, Jhon Harianto Hutapea, Haryanti, and Sari Budi Moria Sembiring. (2007). Variasi genetik ikan tuna sirip kuning, *Thunnus albacares* dengan analisis elektroforesis allozyme dan mtDNA. *Jurnal Riset Akuakultur* 2 (1):41-50.
- Permana, IGN, SB Moria, Haryanti, and K Sugama. (2001). Pengaruh domestikasi terhadap variasi genetik ikan kerapu bebek (*Cromileptes altivelis*) yang dideteksi dengan allozyme electrophoresis. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia* 7 (1):25-30.
- Planes, S., & Fauvelot, C. (2002). Isolation by distance and vicariance drive genetic structure of a coral reef fish in the Pacific Ocean. *Evolution*, 56(2), 378-399.
- Sembiring, Sari Budi Moria, Jhon Harianto Hutapea, and Haryanti. (2015). Variasi genetik ikan kerapu sunu *Plectropomus leopardus* F-0 hingga F-3 berdasarkan marka mikrosatelit. *Jurnal Riset Akuakultur* 10 (3):305-311.
- Senevirathna, J. D. M., & Munasinghe, D. H. N. (2013). Identification of taxonomic status of spiny lobster species in Sri Lanka Using DNA barcoding and its implications on fisheries and conservation programs. *Tropical Agricultural Research*, 25(1):96-108.
- Sugama, Ketut, and Agus Prijono. (1998). Biochemical genetic differentiation among wild populations of milkfish (*Chanos chanos*) in Indonesia. *Indonesian Fisheries Research Journal* 4 (1):11-18.
- Trask, J. A. S., Malhi, R. S., Kanthaswamy, S., Johnson, J., Garnica, W. T., Malladi, V. S., and Smith, D. G. (2011). The effect of SNP discovery method and sample size on estimation of population genetic data for Chinese and Indian rhesus macaques (*Macaca mulatta*). *Primates* 52(2):129-138.
- Upton, Graham JG. (1992). Fisher's exact test. *Journal of the Royal Statistical Society. Series A (Statistics in Society)*:395-402.
- Valiquette, E., Perrier, C., Thibault, I., & Bernatchez, L. (2014). Loss of genetic integrity in wild lake trout populations following stocking: insights from an exhaustive study of 72 lakes from Québec, Canada. *Evolutionary Applications*, 7(6), 625-644.
- Wibowo, Arif, Mas Tri Djoko Sunarno, Subagdja Subagdja, and Taufiq Hidayah. (2017). Karakterisasi populasi ikan putak (*Notopterus notopterus*) menggunakan analisis keragaman fenotipik dan daerah 16SRNA DNA Mitokondria. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia* 15 (1):1-12.
- Zamroni, Achmad, Suwarso Suwarso, and Estu Nugroho. (2014). Struktur genetika populasi ikan malalugis biru (*Decapterus macarellus* Cuvier, 1833) Di Sekitar Sulawesi Berdasarkan Mt-DNA Marker. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia* 20 (1):31-41.
- Zamroni, Achmad, Suwarso, and S Mardlijah. (2016). Genetika populasi ikan banyar (*Rastrelliger kanagurta* Cuvier, 1817) Di Perairan Barat Sumatera, Selat Malaka Dan Laut Cina Selatan. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia* 22 (1):1-8.