

Analisis Molekuler dan Status Populasi Hiu yang Didaratkan di Pelabuhan Perikanan Aceh Barat

Samsul Bahri^{*1}, Hafinuddin² & Nur Hikmah¹

¹Program Studi Ilmu Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Teuku Umar, Aceh Barat, Kode Pos 23615, Indonesia

²Program Studi Perikanan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Teuku Umar, Aceh Barat, Kode Pos 23615, Indonesia

Corresponding author: samsulbahri@utu.ac.id

Received: 2023-01-18. Revised: 2023-03-23. Accepted: 2023-04-18

ABSTRAK

Perairan kabupaten Aceh Barat memiliki sumberdaya jenis ikan yang beragam salah satunya adalah jenis perikanan hiu dan pari. Hiu di Aceh Barat masih banyak dieksploitasi karena nilai ekonomi sirip yang masih tinggi. Penelitian ini dilakukan dengan tujuan untuk menganalisis hubungan kekerabatan dan status populasi berbagai jenis hiu yang ditemukan di Pelabuhan Perikanan Aceh Barat. Pengambilan sampel dilakukan di pelabuhan perikanan dan dilanjutkan dengan analisis molekuler terhadap 16 sampel yang ditemukan. Data sekuen kromatogram hasil analisis laboratorium yang diperoleh kemudian disejajarkan menggunakan program Mega X untuk ditranslasikan menjadi data visual basa nukleotida. Hasil identifikasi molekuler pada masing-masing individu memiliki tingkat kemiripan berkisar pada 97%-100%. Hasil analisis rekonstruksi filogenetik membentuk lima kelompok dimana kelompok satu terdiri dari individu yang berasal dari jenis *Carcharhinus brevipinna*, *Carcharhinus falciformis*, *Carcharhinus amboinensis* dan *Carcharhinus sorrah* masing-masing satu individu, kelompok dua terdiri dari individu yang berasal dari jenis *Sphyrna lewini* sebanyak tiga individu, *Sphyrna lewini*, kelompok tiga terdiri dari individu yang berasal dari jenis *Hemigaleus microstoma* sebanyak tiga individu, kelompok empat terdiri dari individu yang berasal dari jenis *Alopias pelagicus* sebanyak dua individu dan kelompok lima terdiri dari individu yang berasal dari jenis *Rhynchobatus australiae* sebanyak dua individu yang berasal dari perairan Aceh Barat dan dua individu berasal dari perairan Aceh Jaya. Status populasi delapan spesies yang ditemukan termasuk dalam kategori near threatened (hampir terancam), vulnerable (rentan), endangered (terancam bahaya), critically endangered (terancam punah), extinct in the wild (punah di alam liar) serta extinct (punah) berdasarkan tingkatan status daftar merah yang terdapat pada regulasi IUCN.

Kata Kunci : Aceh barat, filogenetik hiu, genetika molekuler, terancam punah

ABSTRACT

Aceh Barat has a coastline about 50.55 kilometers with a sea area about 80.88 km². The waters of Aceh Barat district have various types of fish resources, one of which is shark species. This study was conducted with the aim of analyzing the kinship and population status of various types of sharks found in the Aceh Barat Fishing Port. Sampling was carried out at the fishing port and continued with molecular analysis from the 16 samples. The chromatogram sequence data obtained from laboratory analysis were then aligned using the Mega X program to be translated into visual data for nucleotide bases. The results of molecular identification in each individual have a similarity level ranging from 97%-100%. The results of the phylogenetic reconstruction analysis formed five groups where group one consisted of individuals belonging to the *Carcharhinus brevipinna*, *Carcharhinus falciformis*, *Carcharhinus amboinensis* and *Carcharhinus sorrah* species each, group two consisted of three individuals from the *Sphyrna lewini* species, *Sphyrna lewini*, group three consisted of three individuals from *Hemigaleus microstoma*, group four consisted of two individuals from *Alopias pelagicus* and group five consisted of two individuals from *Rhynchobatus australiae* from Aceh Barat waters and two individuals came from the Aceh Jaya waters. The population status of the eight species found were categorized as near threatened, vulnerable, endangered, critically endangered,

extinct in the wild and extinct (extinct) based on level of red list status contained in the IUCN regulations.

Keywords : Aceh barat, shark phylogenetics, molecular genetics, endangered species

PENDAHULUAN

Perairan kabupaten Aceh Barat memiliki sumberdaya jenis ikan yang beragam salah satunya adalah jenis hiu yang juga menjadi salah satu hasil tangkapan utama para nelayan. Hiu termasuk ke dalam kelompok Ikan bertulang rawan (*Elasmobranchii*) yang sangat rentan terhadap penangkapan berlebih, hal ini disebabkan kelompok ikan bertulang rawan ini mempunyai pertumbuhan yang lambat, masa produktif yang lama hingga keterbatasan dalam berkembangbiak (Prehadi *et al.*, 2015). Dewasa ini pemanfaatan terhadap berbagai jenis hiu terus meningkat disebabkan permintaan pasar terhadap sirip yang masih tinggi yang dapat mengancam populasi hiu pada habitatnya (Griffin *et al.*, 2008). Hiu memiliki peran penting sebagai predator puncak dalam sistem rantai makanan yang secara tidak langsung berperan penting dalam keseimbangan sistem rantai makanan dalam suatu ekosistem (Bramasta *et al.*, 2021; Pratiwi, 2016). Jika keberadaan populasi berkurang atau bahkan hilang maka akan berdampak terhadap sistem rantai makanan yang ada dalam suatu ekosistem. Diketahui terdapat 116 spesies jenis hiu dari total 25 famili yang terdapat di perairan Indonesia. Satu jenis hiu masuk kedalam status Kondisi Kritis Punah (*Critically Endangered*), lima spesies masuk kedalam status Terancam Punah (*Endangered*), 23 masuk kedalam status Rentan (*Vulnerable*) dan 35 spesies lainnya masuk kedalam status hampir terancam (*Near Threatened*). Seluruh data tersebut dirangkum berdasarkan data status keberadaan populasi hiu menurut IUCN (*International Union for Conservation of Nature*) (Fahmi, 2021).

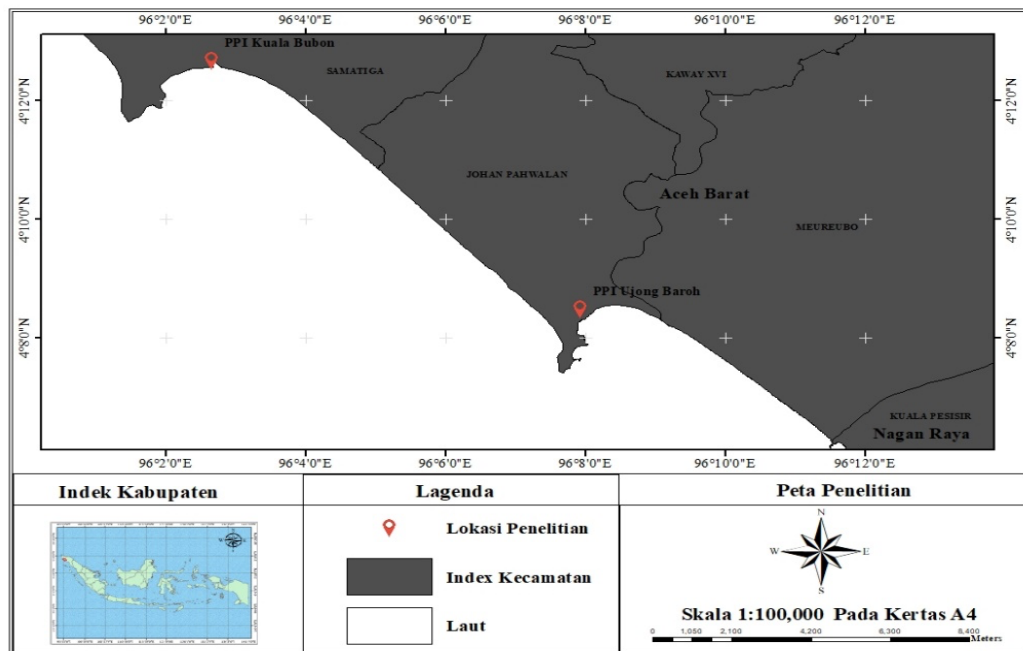
Regulasi tentang pemanfaatan berbagai jenis hiu sejatinya telah diatur secara internasional melalui kesepakatan dalam forum internasional seperti *International Union for Conservation of Nature* dan *Convention on International Trade in Endangered Species*. Selain itu, pemerintah juga telah menetapkan regulasi terkait pemanfaatan jenis-jenis hiu melalui Keputusan Menteri Kelautan dan Perikanan No.18 Tahun 2013 tentang status Hiu Paus yang dilindungi penuh dan Peraturan Menteri Kelautan dan Perikanan No.5 Tahun 2018 tentang larangan ekspor hiu koboi (*Carcharinus longimanus*) dan hiu martil (*Sphyrna lewini*, *Sphyrna mokarran*, *Sphyrna zygaena*) (Mopay *et al.*, 2017). Meskipun demikian, eksploitasi terhadap berbagai jenis hiu terus meningkat di berbagai wilayah di Indonesia yang akan berdampak terhadap penurunan populasi (Mundy-Taylor & Crook, 2013). Berkurangnya populasi hiu juga akan berdampak terhadap berkurangnya materi genetik hiu dari berbagai wilayah. Hal ini akan berdampak terhadap jumlah variasi genetik yang semakin kecil karena sumber genetik hiu yang semakin berkurang. Genetik telah menjadi alat yang cukup efektif dalam mengukur biodiversitas ekologi. Beberapa pertanyaan yang belum dapat dijawab secara ekologi bahkan dapat dijawab melalui pendekatan genetik (Bahri *et al.*, 2017).

Kabupaten Aceh Barat memiliki panjang garis pantai mencapai 50,55 kilometer dan luas perairan laut mencapai 80,88 km². Secara geografis, Aceh Barat terletak dihadapan Samudera Hindia yang kaya akan sumberdaya perairan perikanan dan kelautan (Thahir *et al.*, 2019). Salah satu komoditas perikanan yang terdapat di Aceh Barat adalah perikanan hiu. Hiu umumnya didaratkan dalam bentuk bagian tubuh yang utuh, namun siripnya akan dipotong dan dipisahkan jika daging hiu telah laku terjual. Informasi terkait genetik hiu di perairan Aceh Barat masih sangat sedikit. Informasi mengenai jenis dan hubungan kekerabatan hiu sangat penting dalam upaya melakukan konservasi perikanan hiu berkelanjutan (Shen *et al.*, 2013). Sehingga penelitian identifikasi berbagai jenis hiu, hubungan kekerabatan dan status populasinya penting untuk dilakukan sebagai data awal dalam membentuk kebijakan konservasi perikanan berkelanjutan hiu yang ada di perairan Aceh Barat.

MATERI DAN METODE

Pengambilan sampel dilaksanakan di Pelabuhan Perikanan Ikan (PPI) Ujong Baroh, Kecamatan Johan Pahlawan, Kabupaten Aceh Barat. Sampel yang dikoleksi adalah anggota tubuh dari berbagai jenis hiu dan pari yang didaratkan di PPI dengan jumlah sampel yang dikoleksi sebanyak 15 individu. Bagian anggota tubuh yang diambil pada sampel adalah bagian jaringan otot (daging) yang banyak mengandung DNA mitokondria (Bahri *et al.*, 2017). Sampel yang telah diperoleh kemudian dimasukkan kedalam botol sampel yang sudah terisi larutan ethanol untuk

dilakukan preparasi di Laboratorium Biodiversitas dan Genetika Laut, Jurusan Ilmu Kelautan FPIK UTU agar lebih steril dan terkontrol sebelum dilakukan pengiriman untuk proses analisis molekuler.



Gambar 1. Lokasi pengambilan sampel di Pangkalan Pendaratan Ikan (PPI), Kabupaten Aceh Barat

Alat yang digunakan dalam penelitian ini meliputi penggaris, alat tulis, gunting, botol sampel, pinset, kamera, kotak pendingin sampel dan sarung tangan latex. Sedangkan bahan yang digunakan adalah cairan alkohol 90% yang digunakan sebagai bahan pengawet sampel di lapangan.

Proses isolasi DNA dilakukan dengan menggunakan metode CTAB (*Cetyl Trimethylammonium Bromide*) (Fadli *et al.*, 2021) Untuk mendapatkan gen DNA mitokondria yang menjadi gen target pada penelitian ini. Proses amplifikasi mtDNA ikan menggunakan marker DNA melalui region COI, primer yang digunakan adalah jenis *forward* Fish – F2 dengan urutan basa nukleotida 5"TC AACCAACCACAAAGACATTGGCAC3" dan primer *reverse* Fish – R2 dengan urutan basa nukleotida 5"TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA3" (Camacho-Oliveira *et al.*, 2020). Tahapan amplifikasi mtDNA meliputi tahapan pre-denaturasi 94 °C selama 3 menit, *denaturasi* 94 °C selama 30 detik, *annealing* 51 °C selama 30 detik, *extention* 72 °C selama 1 menit dan *final extention* 72 °C selama 10 menit dengan jumlah siklus sebanyak 35 kali pada durasi waktu 30 hingga 60 detik (Ward *et al.*, 2005). Proses elektroforesis dilakukan dengan menyiapkan produk amplifikasi dan gel agarosa sebagai media pemisah (Harahap, 2018). Elektroforesis merupakan suatu teknik untuk memisahkan molekul bermuatan DNA yang bertujuan untuk mengetahui kualitas DNA dari produk amplifikasi (Bahri *et al.*, 2017). Sampel hasil amplifikasi dimasukkan kedalam cetakan gel agarosa yang telah disiapkan dan dilakukan analisis elektroforesis pada tegangan 100 voltase dan 500 mA selama 30 menit.

Hasil sekuen yang diperoleh kemudian dianalisis menggunakan program Mega (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*) untuk dilakukan proses pensejajaran, identifikasi dan analisis filogenetik (Madduppa *et al.*, 2021) (Ramili *et al.*, 2020). Hasil sekuen lalu diidentifikasi pada layanan GenBank di NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) dengan menggunakan menu BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) (Tamura *et al.*, 2011). Analisis hubungan kekerabatan dilakukan menggunakan program Mega 6.0 melalui metode *Neighbour Joining Tree* (Hidawati *et al.*, 2020). Analisis hubungan kekerabatan atau filogenetik penting dilakukan untuk melihat proses evolusi taksa antar spesies (Mabrouk *et al.*, 2006). Meliputi waktu dan tempat penelitian, bahan dan alat, metode penelitian, metode pengumpulan data dan metode analisis data. Metode bisa juga termasuk desain dan prosedur penelitian. Jika menggunakan peta atau gambar lokasi, harus dicantumkan dengan jelas koordinatnya.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Identifikasi Molekular

Data sekuen kromatogram hasil analisis laboratorium yang diperoleh kemudian disejajarkan menggunakan program Mega X untuk ditranslasikan menjadi data visual basa nukleotida. Data visual masing-masing individu kemudian dikombinasikan menjadi satu data hasil gabungan primer *forward* dan *reverse*. Dari data tersebut kemudian dilakukan identifikasi melalui teknik penyesuaian urutan basa pada layanan *Basic Local Alignment Search Tool* melalui data *Genbank* yang terdapat pada laman *National Center for Biotechnology Information* (Hidawati *et al.*, 2020; Madduppa *et al.*, 2021). Tingkat kemiripan (*ident*) masing-masing sampel berdasarkan hasil analisis identifikasi molekular berkisar pada 97%-100%. Hasil identifikasi molekular dapat dilihat pada tabel 1 dengan data kemiripan sampel berkisar pada 97%-100%.

Tabel 1. Hasil identifikasi jenis-jenis hiu dan pari yang diperoleh dari Pelabuhan Perikanan Aceh Barat menggunakan BLAST

No	Kode Sampel	Nama Spesies	Query Cover	Per. Ident	Accession Number
1.	1111 _Ujong Baroh	<i>Sphyrna lewini</i>	90%	100%	KP719771.1
2.	1121 _Ujong Baroh	<i>Rhynchobatus australiae</i>	89%	100%	KU936207.1
3.	1131 _Ujong Baroh	<i>Alopias pelagicus</i>	77%	97.14%	KP719248.1
4.	1143 _Ujong Baroh	<i>Carcharhinus sorrah</i>	83%	99.84%	HQ171661.1
5.	1153 _Ujong Baroh	<i>Hemigaleus microstoma</i>	92%	99.85%	EF609372.1
6.	1161 _Ujong Baroh	<i>Carcharhinus brevipinna</i>	88%	100%	GU804990.1
7.	1171 _Ujong Baroh	<i>Carcharhinus falciformis</i>	88%	100%	KM396932.1
8.	1191 _Ujong Baroh	<i>Carcharhinus amboinensis</i>	84%	99.83%	KU366634.1

Delapan sampel yang diperoleh dilapangan menunjukkan kesamaan dengan berbagai jenis hiu dan pari yang masuk kedalam daftar merah *International Union for Conservation of Nature* (IUCN) meliputi jenis *Sphyrna lewini*, *Rhynchobatus australiae*, *Alopias pelagicus*, *Carcharhinus sorrah*, *Hemigaleus microstoma*, *Carcharhinus brevipinna*, *Carcharhinus falciformis* dan *Carcharhinus amboinensis*. Kedepalan sampel jenis spesimen yang dikoleksi diperoleh dari toke bangku atau tengkulak yang menjadi penadah hasil tangkapan hiu dan pari. Hiu menjadi hasil tangkapan utama dan sampingan di Kabupaten Aceh Barat karena memiliki nilai ekonomis sirip dan dagingnya yang tinggi.

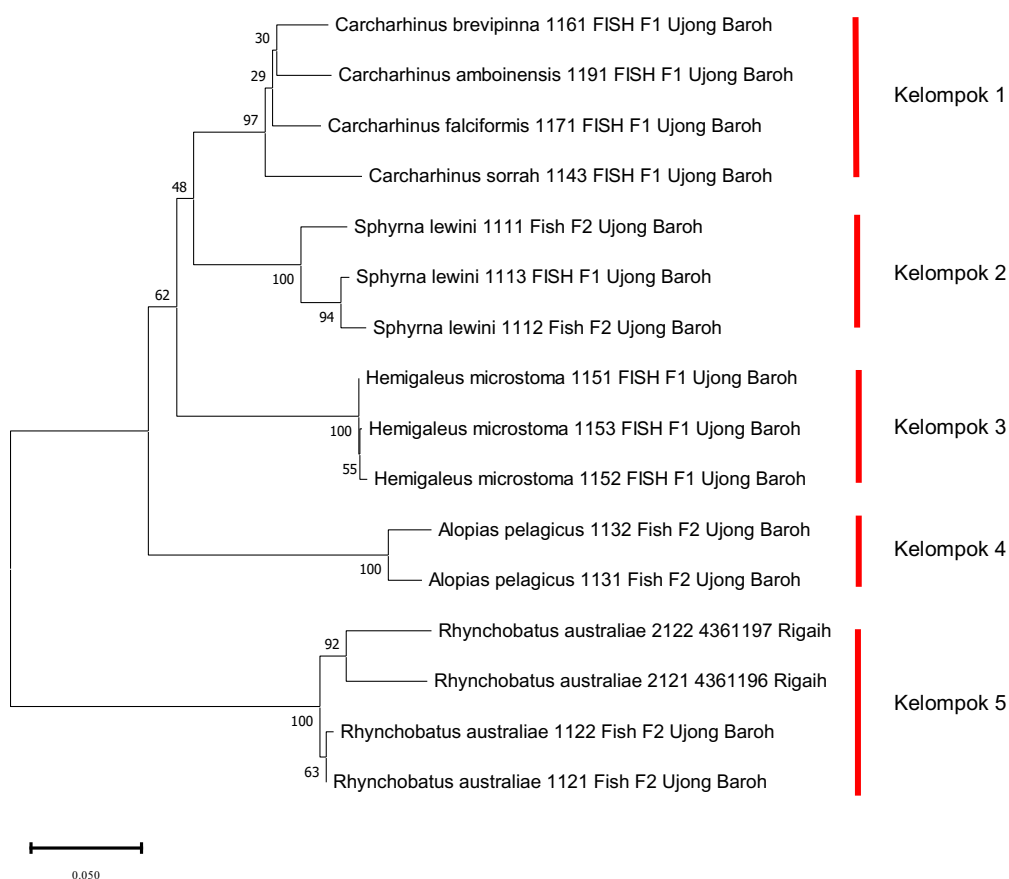
Hubungan Kekerabatan

Hasil analisis rekonstruksi filogenetik membentuk lima kelompok (*clade*) dari total 16 individu yang berasal dari delapan spesies yang ditemukan. Analisis filogenetik menunjukkan tingkat hubungan kekerabatan dari masing-masing individu sampel yang diperoleh. Kondisi ini berkaitan dengan jumlah urutan basa nukleotida yang terdapat pada masing-masing individu, semakin banyak kesamaan nukleotida antar individu maka semakin berkerabat individu-individu tersebut (Hidawati *et al.*, 2020). Dari hasil rekonstruksi menunjukkan bahwa kelompok satu terdiri dari individu yang berasal dari jenis *Carcharhinus brevipinna*, *Carcharhinus falciformis*, *Carcharhinus amboinensis* dan *Carcharhinus sorrah* masing-masing satu individu, kelompok dua terdiri dari individu yang berasal dari jenis *Sphyrna lewini* sebanyak tiga individu, *Sphyrna lewini*, kelompok tiga terdiri dari individu yang berasal dari jenis *Hemigaleus microstoma* sebanyak tiga individu, kelompok empat terdiri dari individu yang berasal dari jenis *Alopias pelagicus* sebanyak dua individu dan kelompok lima terdiri dari individu yang berasal dari jenis *Rhynchobatus australiae* sebanyak dua individu yang berasal

dari perairan Aceh Barat dan dua individu berasal dari perairan Aceh Jaya. Hasil rekontruksi filogenetik terhadap 16 jenis-jenis hiu dapat dilihat pada gambar 1.

Berdasarkan hasil koleksi lapangan, jenis *Carcharhinus* sp ditemukan sebanyak empat spesies meliputi *Carcharhinus brevipinna*, *Carcharhinus falciformis*, *Carcharhinus amboinensis* dan *Carcharhinus sorrah*. Keempat spesies tersebut tergabung kedalam satu kelompok yang sama dikarenakan adanya kemiripan basa nukleotida dari masing-masing spesies tersebut, sehingga pada proses rekontruksi filogenetik, keempat spesies tersebut dianggap memiliki ciri dan karakter nukleotida yang mirip dan membentuk dalam satu kelompok yang sama. Dalam menganalisis proses evolusioner, data molekular pada filogenetik lebih sering digunakan karena memiliki tingkat kestabilan data yang lebih baik dibandingkan dengan data morfologi (Aisyah & Farhaby, 2021). Selain itu, data molekular juga memiliki data karakter yang lebih banyak dibandingkan dengan data karakter morfologi, sehingga dalam proses analisis identifikasi, hubungan kekerabatan dan evolusi data molekular sangat penting dalam memperkuat data morfologi.

Carcharhinus sp merupakan salah satu jenis hiu yang telah menjadi ikan target penangkapan pada beberapa wilayah seperti Perairan Muncar, Banyuwangi Jenis ini tersebar disepanjang perairan utara dan selatan Indonesia serta beberapa wilayah perairan Amerika dan Afrika (Chari & Lestari, 2019). Hasil analisis filogenetik juga menunjukkan perbedaan kelompok yang sangat signifikan pada jenis *Rhynchobatus australiae* atau pari kekeh. Secara klasifikasi, pari kekeh termasuk kedalam kelompok pari yang berasal dari ordo *Rhinopristiformes* besama dengan jenis pari kikir (*Glaucostegidae*). Secara genetik, pari kekeh juga memiliki urutan basa nukleotida yang berbeda dengan jenis hiu lainnya. Hasil penelitian tentang pari kekeh di Pulau Bangka memiliki panjang basa nukleotida 678-685 pasangan basa (Aisyah & Farhaby, 2021). Status populasi pari kekeh pada *Convention on International Trade in Endangered Species* juga telah diperbaharui ke dalam *Appendix II* melalui pertemuan CoP ke 18 di Geneva pada Agustus 2019 (Rahman *et al.*, 2017).



Gambar 2. Ukuran huruf nilai pada sumbu X dan Y sebesar 8 pt. Hasil rekontruksi filogenetik berbagai jenis hiu dan pari yang diperoleh dari Pelabuhan Perikanan Aceh Barat menggunakan Mega X.

Status Populasi

Kondisi status populasi masing-masing jenis hiu yang ditemukan masuk kedalam kategori *International Union for Conservation of Nature's Red List of Threatened Species* (IUCN). IUCN merupakan regulasi global yang mengatur tentang berbagai status populasi spesimen flora dan fauna telah disepakati secara internasional. Tujuan pembentukan lembaga ini adalah untuk memastikan bahwa status populasi spesimen hewan dan tumbuhan selalu dalam kondisi populasi yang stabil dalam suatu ekosistem serta mencegah terjadinya kepunahan terhadap suatu spesies. Salah satu regulasi yang diatur dalam kesepakatan tersebut adalah tentang pemanfaatan berbagai jenis hiu dan pari (Hidawati *et al.*, 2020). Terdapat lima tingkatan status daftar merah yang terdapat pada regulasi IUCN meliputi *near threatened* (hampir terancam), *vulnerable* (rentan), *endangered* (terancam bahaya), *critically endangered* (terancam punah), *extinct in the wild* (punah di alam liar) serta *extinct* (punah). Tingkatan ini dikategorikan kepada jenis-jenis spesimen tertentu berdasarkan kondisi dan keberadaannya di alam liar dari hasil kajian dan penelitian para ahli. Jenis hiu sendiri telah banyak yang masuk dalam kategori merah (*redlist*). Masing-masing status populasi hiu yang ditemukan di perairan Aceh Barat dapat dilihat pada tabel 2.

Tabel 2. Status populasi jenis-jenis hiu dan pari yang diperoleh dari Pelabuhan Perikanan Aceh Barat berdasarkan ketentuan regulasi IUCN Red List

No	Nama Spesies	Nama Umum	Status Populasi	Referensi
1.	<i>Sphyrna lewini</i>	Scalloped Hammerhead	Critically Endangered	DOI: https://www.iucnredlist.org/species/39385/2918526
2.	<i>Rhynchobatus australiae</i>	Bottlenose Wedgefish	Critically Endangered	DOI: https://www.iucnredlist.org/species/41853/68643043
3.	<i>Alopias pelagicus</i>	Pelagic Thresher	Endangered	DOI: https://www.iucnredlist.org/species/161597/68607857
4.	<i>Carcharhinus sorrah</i>	Spottail Shark	Near Threatened	DOI: https://www.iucnredlist.org/species/161376/173434793
5.	<i>Hemigaleus microstoma</i>	Sickelfin Weasel Shark	Vulnerable	DOI: https://www.iucnredlist.org/species/41816/124418711
6.	<i>Carcharhinus brevipinna</i>	Spinner Shark	Vulnerable	DOI: https://www.iucnredlist.org/species/39368/2908817
7.	<i>Carcharhinus falciformis</i>	Silky Shark	Vulnerable	DOI: https://www.iucnredlist.org/species/39370/205782570
8.	<i>Carcharhinus amboinensis</i>	Pigeye Shark	Vulnerable	DOI: https://www.iucnredlist.org/species/39366/173434051

Berdasarkan data hasil koleksi sampel yang diperoleh, terdapat dua jenis hiu yang masuk kedalam kategori sangat mengkhawatirkan, kedua jenis tersebut adalah *Sphyrna lewini* (hiu martil) dan *Rhynchobatus australiae* (pari kekeh) dimana kedua jenis tersebut telah masuk kedalam kategori *Critically Endangered* pada daftar regulasi IUCN Red List. Hasil penelitian hiu di perairan Selatan Jawa hingga Jawa Timur menunjukkan bahwa eksploitasi terhadap populasi hiu martil terus meningkat dan akan terus berdampak terhadap variasi genetik yang semakin berkurang (Prehadi *et al.*, 2015). Pemerintah sendiri telah melarang keras pengeluaran terhadap jenis *Sphyrna* spp dalam bentuk apapun melalui Peraturan Menteri Kelautan Dan Perikanan Republik Indonesia Nomor 5/PERMEN-KP/2018 karena keberadaannya yang sudah mulai terancam di alam liar. Pari kekeh juga termasuk kedalam jenis ikan yang sudah mulai terancam keberadaannya. Hasil penelitian di perairan Utara Jawa Tengah dan perairan Bangka menunjukkan bahwa jenis ikan ini tidak lagi

hanya menjadi tangkapan sampingan (*by catch*), namun juga menjadi ikan target tangkapan karena permintaan pasar yang tinggi terhadap sirip dan dagingnya (Aisyah & Farhaby, 2021; Yuwandana *et al.*, 2020). Meskipun secara nasional regulasi pemanfaatan jenis pari kekeh belum diatur, namun secara internasional status populasi jenis ikan ini masuk kedalam terancam punah. Secara geografis, perairan Indonesia mulai dari semenanjung Malaka hingga Laut Jawa merupakan habitat penting bagi populasi pari kekeh karena kondisi perairan yang cocok untuk jenis ikan tersebut (Simeon *et al.*, 2019).

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian tentang hubungan kekerabatan dan status populasi perikanan hiu dan pari yang dilakukan di Aceh Barat, ditemukan sebanyak tujuh jenis hiu dan satu jenis pari yang didaratkan di Pelabuhan Perikanan Ikan Aceh Barat. Tujuh jenis hiu yang ditemukan meliputi *Sphyrna lewini*, *Alopias pelagicus*, *Carcharhinus sorrah*, *Hemigaleus microstoma*, *Carcharhinus brevipinna*, *Carcharhinus falciformis* dan *Carcharhinus amboinensis*. Sedangkan jenis pari yang ditemukan adalah jenis *Rhynchobatus australiae*. Hasil rekonstruksi filogenetik menggambarkan lima kelompok jenis hiu dan pari yang terbentuk dari total 16 individu yang ditemukan. Kelompok satu hingga empat terdiri dari berbagai jenis hiu, sedangkan kelompok lima terdiri dari jenis pari. Kondisi ini menggambarkan perbedaan secara genetik antara kelompok hiu dan pari. ketujuh jenis hiu yang ditemukan masuk kedalam redlist IUCN meliputi *Near Threatened* (*Carcharhinus sorrah*), *Vulnerable* (*Hemigaleus microstoma*, *Carcharhinus brevipinna*, *Carcharhinus falciformis*, *Carcharhinus amboinensis*), *Endangered* (*Alopias pelagicus*), *Critically Endangered* (*Sphyrna lewini*). Sedangkan satu jenis pari masuk kedalam status *Critically Endangered* (*Rhynchobatus australiae*).

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis menyampaikan ucapan terima kasih kepada Universitas Teuku Umar yang telah mendanai pelaksanaan penelitian ini. Ucapan terimakasih juga penulis ucapkan kepada Tim Kelompok Kerja Hiu Dan Pari Kabupaten Aceh Barat, Provinsi Aceh yang telah membantu dalam proses pengumpulan data sampel selama satu bulan di Pelabuhan Perikanan Ujong Baroh, Kota Meulaboh, Kabupaten Aceh Barat.

DAFTAR PUSTAKA

- Aisyah, S., & Farhaby, A. M. 2021. Identifikasi Molekuler Dan Status Konservasi Ikan Pari Hiu (*Rhinidae*) Yang Didaratkan Di Pulau Bangka. *JFMR (Journal of Fisheries and Marine Research)*, 5(1), 61–69. DOI: <https://doi.org/10.21776/ub.jfmr.2021.005.01.10>
- Bahri, S., Atmadipoera, A. S., & Madduppa, H. H. 2017. Genetic diversity of olive ridley *Lepidochelys olivacea* associated with current pattern in Cendrawasih Bay, Papua. *Jurnal Ilmu Dan Teknologi Kelautan Tropis*, 9(2), 747–760. DOI: <https://doi.org/10.29244/jitkt.v9i2.19307>
- Bramasta, R. C., Faiqoh, E., Hendrawan, I. G., Sembiring, A., & Yusmalinda, N. L. A. 2021. Identifikasi Hiu yang Diperdagangkan di Bali Menggunakan Metode DNA Barcoding dan Analisis Filogenetik. *Journal of Marine and Aquatic Sciences*, 7(1), 84–93. DOI: <https://doi.org/10.24843/jmas.2021.v07.i01.p12>
- Camacho-Oliveira, R. B., Daneluz, C. M., do Prado, F. D., Utsunomia, R., Rodrigues Jr, C. E., Foresti, F., & Porto-Foresti, F. 2020. DNA barcode reveals the illegal trade of rays commercialized in fishmongers in Brazil. *Forensic Science International: Synergy*, 2, 95–97. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsisyn.2020.02.002>
- Chari, N., & Lestari, N. D. 2019. Silky Shark Trust: Strategi Pengelolaan Konservasi Hiu Kejen (*Carcharhinus falciformis*) Di PPP Muncar, Banyuwangi. *Prosiding Pusat Riset Perikanan*, 1(1), 293–300.
- Fadli, N., Muchlisin, Z. A., & Siti-Azizah, M. N. 2021. DNA barcoding of commercially important groupers (*Epinephelidae*) in Aceh, Indonesia. *Fisheries Research*, 234, 105796. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2020.105796>
- Fahmi, F. 2021. Tinjauan Status Hiu Belimbing (*Stegostoma tigrinum*) Di Perairan Indonesia. *OSEANA*, 46(2), 25–36.
- Griffin, E., Miller, K. L., Freitas, B., & Hirshfield, M. 2008. Predators as prey: why healthy oceans need sharks. *Oceana*.
- Harahap, M. R. 2018. Elektroforesis: Analisis elektronika terhadap biokimia genetika. *CIRCUIT*:

- Jurnal Ilmiah Pendidikan Teknik Elektro*, 2(1). DOI: <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2020.101600>
- Hidawati, R., Supratman, O., Syarif, A. F., & Aisyah, S.** 2020. DNA Barcoding Dan Status Konservasi Ikan Hiu (*Hemiscylliidae* Dan *Charcharhinidae*) Yang Didaratkan Di PPN Sungailiat Bangka. *JFMR-Journal of Fisheries and Marine Research*, 4(3). DOI: <https://doi.org/10.21776/ub.jfmr.2020.004.03.1>
- Mabrouk, M. S., Hamdy, M., Mamdouh, M., Aboelfotoh, M., & Kadah, Y. M.** 2006. *BIOINFTool: Bioinformatics and sequence data analysis in molecular biology using Matlab*.
- Madduppa, H., Bahri, S., Ghozali, A. T., Atmadipoera, A. S., Subhan, B., Santoso, P., Natih, I. N. M., & Arafat, D.** 2021. Population genetic structure of Olive ridley (*Lepidochelys olivacea*) across Indonesian archipelago revealed by mitochondrial DNA: Implication for management. *Regional Studies in Marine Science*, 41, 101600. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2020.101600>
- Mopay, M., Wullur, S., & Kaligis, E.** 2017. Identifikasi molekuler sirip ikan hiu yang didapat dari pengumpul sirip di Minahasa. *Jurnal Pesisir Dan Laut Tropis*, 5(2), 1–7. DOI: <https://doi.org/10.35800/jplt.5.2.2017.15044>
- Mundy-Taylor, V., & Crook, V.** 2013. *Into the deep: Implementing CITES measures for commercially-valuable sharks and manta rays (PDF, 1.8 MB)*.
- Pratiwi, T. D.** 2016. Shark finning sebagai isu global penyebab kepunahan hiu di Dunia. *Jisiera: The Journal of Islamic Studies and International Relations*, 1(1), 55–73.
- Prehadi, P., Sembiring, A., Kurniasih, E. K. A. M., Rahmad, R., Arafat, D., Subhan, B., & Madduppa, H. H.** 2015. DNA barcoding and phylogenetic reconstruction of shark species landed in Muncar fisheries landing site in comparison with Southern Java fishing port. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 16(1). DOI: <https://doi.org/10.13057/biodiv/d160107>
- Rahman, A., Haryadi, J., Sentosa, A. A., & Mujiyanto, M.** 2017. Kajian Awal Kemunculan Hiu Paus (*Rhyncodon typus*, Smith 1828) di Teluk Tomini Dihubungkan dengan Faktor Fisik dan Biologi Perairan. *Akuatika Indonesia*, 2(2). DOI: <https://doi.org/10.24198/jaki.v2i2.23425>
- Ramili, Y., Bengen, D. G., Madduppa, H., & Kawaroe, M.** 2020. Genetic diversity information of seagrass *Enhalus acoroides* and *Cymodocea rotundata* for the local genetic conservation at North Maluku. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 584(1), 12021. DOI: <https://doi.org/10.24198/jaki.v2i2.23425>
- Shen, Y.-Y., Chen, X., & Murphy, R. W.** 2013. Assessing DNA barcoding as a tool for species identification and data quality control. *PloS One*, 8(2), e57125. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057125>
- Simeon, B. M., Ichsan, M., Muttaqin, E., Agustina, S., Prasetyo, A. P., & Dharmadi & Yulianto, I.** 2019. Laporan Teknis: Profil Perikanan Wedgefish di Indonesia, Studi Kasus di Nusa Tenggara Barat dan Aceh. In *Bogor: Wildlife Conservation Society Indonesia*.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., & Kumar, S.** 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28(10), 2731–2739. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msr121>
- Thahir, M. A., Baskoro, M. S., & Gazali, M.** 2019. Perbandingan Hasil Tangkapan Pada Rumpon Tali Rafia Dan Rumpon Tradisional di Perairan Aceh Barat. *Jurnal Ilmu Dan Teknologi Kelautan Tropis*, 11(2), 369–376. DOI: <https://doi.org/10.29244/jitkt.v11i2.25031>
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., & Hebert, P. D. N.** 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1847–1857. DOI: <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1716>
- Yuwandana, D. P., Agustina, S., Haqqi, M. B., & Simeon, B. M.** 2020. Studi Awal Perikanan Pari Kekeh (*Rhynchobatus* sp.) dan Pari Kikir (*Glaucostegus* sp.) di Perairan Utara Jawa Tengah. *Akuatika Indonesia*, 5(1). DOI: <https://doi.org/10.24198/jaki.v5i1.25938>