

Morfologi dan Genetik Ikan Sidat (*Anguilla marmorata*) di Sungai Prafi Kabupaten Manokwari Provinsi Papua Barat

Bayu Pranata¹, Ida Lapadi¹, Fanny F.C. Simatauw¹, Andi Fajeriani Wyrasti³, Fadhilah Iqra Mansyur⁴ & Aradea B. Kusuma^{2*}

¹Jurusan Perikanan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, UNIPA, Manokwari, 98314, Indonesia

²Jurusan Ilmu Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, UNIPA, JManokwari, 98314, Indonesia

³Jurusan Pendidikan Matematika, Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan, UNIPA, Manokwari, 98314, Indonesia

⁴Jurusan Kehutanan, Fakultas Kehutanan, UNIPA, Manokwari, 98314, Indonesia

*Corresponding author: a.kusuma@unipa.ac.id

Received: 2023-09-17. Revised: 2023-10-06. Accepted: 2024-04-30

ABSTRAK

Terdapat tujuh spesies sidat yang ditemukan di perairan Indonesia. *Anguilla marmorata* merupakan salah satu jenis ikan sidat yang bernilai ekonomi tinggi dan menjadi komoditas ekspor. Spesies ini banyak ditemukan di perairan sungai di Indonesia, termasuk di Sungai Prafi, Kabupaten Manokwari, Papua Barat. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi sidat dengan pendekatan morfologi dan genetik serta memahami hubungan genetik spesies *A. marmorata*. Sirip ekor sepanjang ± 1 cm dipotong dan diawetkan dalam tabung berisi etanol 80%. Sebanyak 31 sampel sidat yang ditangkap diamati sebagai *A. marmorata*. Sampel-sampel tersebut mempunyai berat rata-rata 257.48 gr, panjang rata-rata 43.19 cm, dan jumlah ruas anadorsal rata-rata 18. Dua sampel ikan sidat teridentifikasi menggunakan metode BLAST sebagai spesies *A. marmorata* dengan nilai persen similaritas 100% dan query cover 92% dan 99%. *A. marmorata* yang berasal dari Manokwari direkonstruksi dengan beberapa *A. marmorata* yang berasal dari berbagai negara. Hasil penelitian menunjukkan bahwa *A. marmorata* asal Manokwari berada satu group dengan beberapa individu *A. marmorata* asal Tiongkok, Brunei, Indonesia-Bali-Jawa Barat, Vietnam, Malaysia, Jepang, dan Polinesia Perancis. Hal ini didukung oleh rendahnya jarak genetik antar populasi *A. marmorata*, 0%-0,4%. Rekonstruksi pohon filogenetik antar spesies *Anguilla* sp. menunjukkan bahwa *A. marmorata* berada pada clade yang sama dengan *A. Nebulosa*

Kata Kunci: *Anguilla marmorata*, Genetik, Morfologi, Manokwari, Papua

ABSTRACT

There are seven species of eels found in Indonesian waters. *Anguilla marmorata* is a species of eel with high economic value and has become an export commodity. This species found in several river waters in Indonesia, including the Prafi River, Manokwari Regency, West Papua. This research aimed to identify eels using morphological and genetic approaches and understand the genetic relationship between *A. marmorata*. Caudal fin ± 1 cm long was cut and preserved in a tube filled with 80% ethanol. A total of 31 eel samples were observed for their morphometric characteristics. The *A. marmorata* caught had an average weight of 257.48 gr, an average length of 43.19 cm and an average number of anadorsal vertebrae of 18. Two eel samples were identified using the BLAST method as the species *A. marmorata* with a percent similarity of 100% and query cover of 92% and 99%. *A. marmorata* originating from Manokwari was reconstructed with several *A. marmorata* originating from various countries. The results showed that *A. marmorata* from Manokwari were in the same clade with several *A. marmorata* individuals from China, Brunei, Indonesia-Bali-West Java, Vietnam, Malaysia, Japan and French Polynesia. This is supported by the low genetic distance between *A. marmorata* populations, 0% -0.4%. Phylogenetic tree reconstruction between species of *Anguilla* sp. shows that *A. marmorata* is in the same clade as *A. nebulosa*.

Keywords: *Anguilla marmorata*, Genetic, Morphologi, Manokwari, Papua

PENDAHULUAN

Ikan Sidat (*Anguilla* spp.) merupakan ikan yang hidup di perairan tawar seperti sungai dan danau, dan akan beruaya ke laut untuk bertelur. Pada stadia larva, Ikan Sidat bergerak aktif untuk beruaya ke sungai dan bermetamorfosis menjadi benih Ikan Sidat (Sugianti *et al.*, 2020). Di perairan Indonesia ditemukan tujuh spesies, yaitu *A. marmorata*, *A. celebesensis*, *A. borneensis*, *A. bicolor bicolor*, *A. bicolor pacifica*, *A. interioris* dan *A. nebulosa* (Fahmi, 2015; Arai, 2022).

A. marmorata merupakan salah satu spesies ikan Sidat yang ditemukan di perairan timur Indonesia seperti Sulawesi (Pangeran *et al.*, 2018) dan Maluku (Leatemia *et al.*, 2019). Sugeha *et al.* (2008) mengidentifikasi keberadaan *A. marmorata* di muara Sungai Pami Kabupaten Manokwari. Beberapa penelitian sebelumnya telah menggunakan pendekatan morfologi (jumlah ruas tulang ana dorsal) untuk mengidentifikasi spesies *A. marmorata* (Hakim *et al.*, 2015; Fadillah *et al.*, 2022). Selain itu, identifikasi spesies *A. marmorata* juga dapat dilakukan dengan pendekatan DNA *barcoding* (Akbar *et al.*, 2021). Identifikasi spesies hanya berdasarkan pada morfologi, tidak memberikan kepastian penuh jika dibandingkan menggunakan pendekatan molekuler (Zou dan Zhang, 2016). Hal tersebut karena ciri morfologi dapat bervariasi pada organisme yang hidup di lingkungan yang berbeda (Heino, 2014; Shuai *et al.*, 2018). Kombinasi identifikasi dengan kedua pendekatan tersebut memberikan hasil yang optimal. Beberapa peneliti sebelumnya telah menggunakan kedua pendekatan tersebut untuk mengidentifikasi spesies dan memahami hubungan antar spesies dan individu di dalam spesies pada populasi yang berbeda (Pranata *et al.*, 2018; Pranata *et al.*, 2020).

Penanda genetik, identitas spesies dapat ditentukan secara akurat (Sala *et al.*, 2023). Urutan DNA telah banyak digunakan sebagai penanda genetik untuk mengidentifikasi spesies dan penemuan spesies baru (Allen *et al.*, 2013; Iwatsuki *et al.*, 2015). DNA mitokondria (mtDNA) adalah salah satu segmen DNA genom yang sering digunakan dalam studi molekuler (Sala *et al.*, 2023). DNA mitokondria telah digunakan secara luas untuk menjawab pertanyaan mengenai keanekaragaman genetik, evolusi populasi dan struktur seluler (Gupta *et al.*, 2015). Gen *Cytochrome c oksidase subunit I* (COI) adalah salah satu segmen mtDNA yang merupakan "barcode DNA" (Pentinsaari *et al.*, 2016). DNA *barcode* membantu para ahli taksonomi dalam kegiatan identifikasi dan penemuan spesies baru (Imtiaz *et al.*, 2017), maupun untuk memahami hubungan genetik antar spesies. Kami menggunakan COI untuk mengidentifikasi spesies dan memahami hubungan genetik spesies *A. marmorata* di Sungai Prafi Kabupaten Manokwari.

Ikan Sidat belum terlalu familiar dan banyak dikonsumsi oleh masyarakat yang tinggal di Kota Manokwari. Di beberapa tempat, khususnya di daerah transmigrasi seperti Prafi, ikan Sidat biasa ditangkap untuk dikonsumsi. Ikan Sidat ini cukup diminati bukan hanya oleh masyarakat transmigrasi, tetapi juga oleh masyarakat asli Papua yang tinggal di daerah prafr Kabupaten Manokwari. Penelitian tentang karakteristik morfologi dan hubungan genetik *A. marmorata* di Sungai Prafi Kabupaten Manokwari belum pernah dikerjakan. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi ikan Sidat dengan pendekatan morfologi dan genetik serta memahami hubungan genetik.

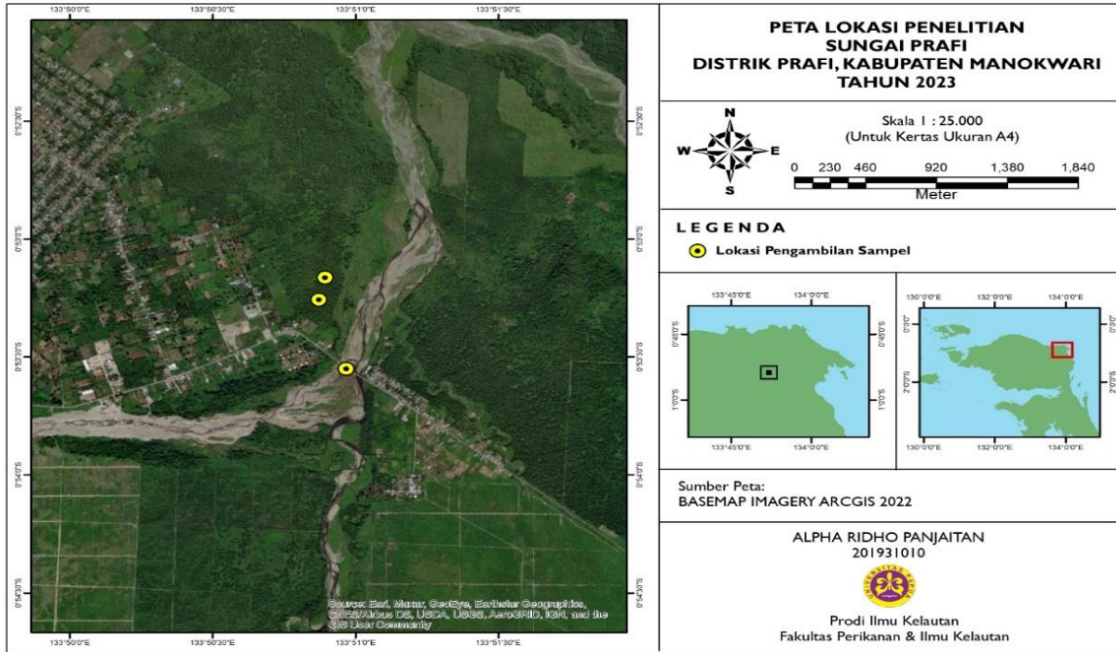
MATERI DAN METODE

Waktu dan Lokasi Penelitian

Penelitian dilaksanakan mulai dari bulan Mei sampai Desember 2022. Lokasi pengambilan sampel penelitian yaitu Sungai Prafi, Kabupaten Manokwari (Gambar 1). Analisis genetik dilaksanakan di Laboratorium Genetik Universitas Bengkulu.

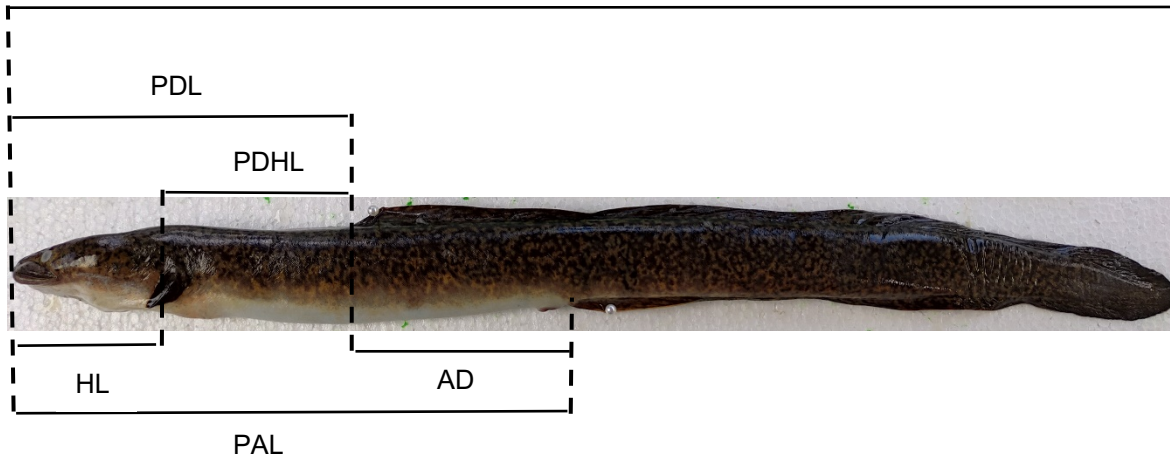
Teknik Pengambilan Data Morfologi Ikan Sidat

Pengambilan sampel dilakukan di tiga lokasi pada sungai Prafi Kabupaten Manokwari (Gambar 1). Pengambilan sampel dilakukan dengan cara membeli hasil tangkapan para nelayan sidat di sungai-sungai tersebut. Pengamatan karakteristik morfologi Ikan Sidat berdasarkan Hakim *et al.* (2015). Pengukuran morfometrik menggunakan meteran rol dan penggaris. Teknik pengambilan jaringan Ikan Sidat yaitu dengan memotong sirip ekor sepanjang ± 1 cm, kemudian jaringan tersebut dimasukkan dalam tube yang telas diisi ethanol 80%. Tube tersebut dibawa ke Laboratorium Molekuler untuk di ekstraksi, amplifikasi, elektroforesis dan sekuensing (Gambar 2).



Gambar 1. Lokasi Penelitian

TL



Gambar 2. Pengukuran Morfometrik Ikan Sidat

Ket: *Total Length (TL), Head Length (HL), Pre-Dorsal Head Length (PDHL), Pre-Anal Length (PAL), Pre-Dorsal Length (PDL), Ana-Dorsal Length (AD).*

Koleksi Jaringan

Satu sentimeter jaringan sirip ekor ikan Sidat diambil dan dimasukkan ke dalam tabung berisi etanol 80%. Jaringan tersebut dibawa ke laboratorium untuk proses ekstraksi, amplifikasi dan sekuensing.

Ekstraksi, amplifikasi dan sekuensing

Ekstraksi DNA ikan Sidat dilakukan berdasarkan petunjuk dari *Geneaid gSYNCTM DNA extraction kit*. Amplifikasi gen COI menggunakan primer yang dikembangkan oleh Ward *et al.* (2005): F1 5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3' dan R1 5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA-3'. PCR mix Go Taq Green Master Mix terdiri dari Go Taq Green 25 μ L, 5 μ L primer, 1.5 μ L DNA *template* dan 19.5 μ L *nuclease free water*. Pengaturan siklus termal yaitu denaturasi awal 95°C selama 4 menit dan diikuti oleh 35 siklus denaturasi pada suhu 95°C selama 30 detik, annealing pada

suhu 54°C selama 45 detik, elongasi pada suhu 72°C selama 1 menit, post PCR pada 72°C selama 7 menit. Hasil amplifikasi selanjutnya dielektroforesis, tujuan elektroforesis yaitu untuk memvisualisasikan keberadaan DNA dalam produk PCR. Hasil PCR murni kemudian dikirim ke 1st BASE Sequencing Service Sdn. Bhd. (Malaysia).

Analisis Data

Data Morfologi

Persamaan yang digunakan untuk membedakan antar spesies ikan Sidat pada semua stadia ikan Sidat (*glass eels*, muda, dan dewasa) yaitu sebagai berikut (Tabeta *et al.*, 1976):

$$\frac{AD}{TL} 100\%$$

AD = *Ano-dorsal length*

TL = *Total length*

Data Genetik

Semua urutan DNA diedit dengan menggabungkan urutan *forward* dan *reverse* menggunakan MEGA versi X. Urutan DNA yang diperoleh diidentifikasi di *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) menggunakan metode BLAST. Metode BLAST digunakan untuk menilai homologi antara sekuens dari sampel penelitian dengan sekuens data genetik yang tersimpan di genbank (Toha *et al.*, 2020). Analisis filogenetik dilakukan berdasarkan metode Neighbor Joining (NJ) (Saitou dan Masatoshi, 1987), model Kimura 2 parameter (K2P) (Kimura, 1980) menggunakan software Mega XI (Tamura *et al.*, 2021). Kami menggunakan beberapa sekuens DNA Ikan Sidat dari berbagai negara yang diperoleh dari NCBI (Tabel 1 dan Tabel 2).

Tabel 1. Data Sekuen DNA Spesies *A. marmorata*

No.	Nama Spesies	Kode Spesimen	Negara
1.	<i>A. marmorata</i>	MN315355.1	Brunei
		MN315356.1	
		HQ141374.1	
		MT884469.1	China
		MT884468.1	
		KU692249.1	Bali-Indonesia
		MK818585.1	Vietnam
		MK818584.1	
		MK818583.1	
		MG324010.1	Sabah-Malaysia
		MG324011.1	
		MG324012.1	
		KU692250.1	Jawa Barat-Indonesia
		KU692251.1	
		KU692252.1	
		MN315357.1	Japang
		MN315358.1	
KC970327.1	Philippines		
KC970326.1			
KC970325.1			
JQ431414.1	French Polynesia		
JQ431413.1			

Sumber : *National Center for Biotechnology Information* (NCBI)

Tabel 2. Sekuen DNA Genus *Anguilla* sp.

No.	Nama Spesies	Kode Spesimen
1	<i>A. bicolor pacific</i>	LC548770.1
		LC548771.1
2	<i>A. bicolor</i>	MW590993.1
		MW590994.1
3	<i>A. obscura</i>	AP007247.1
4	<i>A. nebulosa</i>	KM610419.1
		KM610420.1
		MN961265.1
5	<i>A. interioris</i>	MN961266.1
		MN961267.1
		MT884466.1
6	<i>A. japonica</i>	MT884467.1
7	<i>A. celebesensis</i>	AP007239.1
8	<i>A. megastoma</i>	JQ431415.1
		JQ431416.1
9	<i>A. reinhardtii</i>	HM006952.1
		KJ669388.1
10	<i>A. mossambica</i>	AP007244.1
11	<i>A. anguilla</i>	KU980210.1
		KU980211.1
12	<i>A. rostrata</i>	MT884470.1
		MT884471.1
13	<i>A. dieffenbachii</i>	AP007240.1
14	<i>A. australis</i>	EF609282.1
		KJ669387.1

Sumber : National Center for Biotechnology Information (NCBI)

HASIL DAN PEMBAHASAN

Karakteristik morfologi

Jumlah sampel yaitu sebanyak 31 individu spesies *A. marmorata*. Berat rata-rata *A. marmorata* yang kami temukan yaitu 257.48 gr. Ada 1 individu yang beratnya mencapai 1562 gr. Panjang rata-rata *A. marmorata* yaitu 43.19 cm. Ikan Sidat dengan ukuran tersebut tergolong ikan Sidat muda (*yellow eel*) (Topan & Riawan, 2015; Arai & Kadir, 2017). Kami menemukan beberapa individu yang telah mencapai ukuran 51.5 – 83 cm dengan kisaran berat yaitu 371 – 1563 gr. Hasil penelitian Wakiya *et al.* (2019), kisaran panjang total ikan Sidat pada tiga sungai di Pulau Amami-Oshima yaitu 11.9 – 132 cm dan rata-rata: 38.55 cm. Individu jantan paling panjang yaitu 70 cm, sedangkan individu betina dapat tumbuh melebihi 70 cm.

Kami juga membandingkan *ana-dorsal length* (AD) dengan *total length* (TL) untuk mendapatkan informasi tentang jumlah ruas tulang ana dorsal (Tabeta *et al.*, 1976). Perbandingan kedua karakter morfologi tersebut dapat digunakan untuk membedakan spesies. Hasil penelitian kami menunjukkan bahwa nilai AD/TL untuk *A. marmorata* yaitu rata-rata 18. Hasil penelitian Hakim *et al.* (2015) perbandingan AD/TL untuk *A. marmorata* yaitu 14 – 17. Kottelat *et al.* (1997) yang menyatakan bahwa nilai perbandingan AD/TL spesies *A. marmorata* berkisar antara 14 – 19. Triyanto *et al.* (2019) menyebutkan nilai AD/TL *A. marmorata* di rawa pesisir estuari Sungai Cilandir adalah 15.3-17.3. Sedangkan untuk spesies *A. bicolor* memiliki nilai AD/TL yang lebih kecil yaitu 6.1 (Sugianti *et al.*, 2020) dan 0-3 (Hakim *et al.*, 2015). Ciri morfologi pada seluruh sampel yang ditemukan yaitu memiliki pola warna belang-belang antara hitam dan coklat kekuningan, bentuk kepala segitiga pipih kebawah (*depressed*), perut berwarna putih, bentuk ekor yaitu oval meruncing dan sirip pada bagian punggung lebih panjang bila dibandingkan dengan sirip pada bagian perut (Gambar 3).



Gambar 3. Morfologi *A. marmorata*

Ket: Secara morfologi, pada bagian tubuh *A. marmorata* (Gambar 3A) menunjukkan dominasi corak warna hitam dan pada *A. marmorata* Gambar 3B didominasi oleh warna coklat kekuningan.

Karakteristik molekuler

DNA hasil sekuensing dilakukan penjajaran (*alignment*) dan pengeditan menggunakan software MEGA X. Data sequence selanjutnya dicocokkan dengan *database* yang tersedia di genbank NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) secara online (www.ncbi.nlm.nih.gov) dengan metode BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*). Metode BLAST digunakan untuk menilai homologi antara sekuens dari sampel penelitian dengan sekuens data genetik yang tersimpan di genbank (Toha *et al.*, 2020). Dua sampel Ikan Sidat dari 31 sampel diidentifikasi menggunakan metode BLAST. Hasil identifikasi menunjukkan bahwa kedua sampel penelitian merupakan spesies *A. marmorata* dengan nilai *percent identity* 100% dan *query coverage* 92% dan 99%.

Jarak Genetik

Jarak genetik adalah tingkat perbedaan gen (perbedaan genomik) pada suatu populasi atau spesies yang diukur melalui kuantitas numerik (Nei, 1987). Nilai jarak genetik yang kecil menunjukkan hubungan genetik yang dekat dan sebaliknya, nilai jarak genetik yang besar menunjukkan hubungan genetik yang jauh. Kami membandingkan jarak genetik antar populasi ikan Sidat dari berbagai negara (Tabel 3). Hasil penelitian kami menunjukkan bahwa jarak genetik antar populasi *A. marmorata* dari berbagai negara (Manokwari, Jawa Barat, Bali dengan berbagai negara seperti Brunei, French Polynesia, Philippines, China, Jepang, Vietnam, Malaysia) berkisar antar 0% – 0,4%. Hubungan genetik yang dekat dapat disebabkan oleh distribusi larva Ikan Sidat yang luas, distribusi larva dapat disebabkan oleh arus laut. Distribusi larva yang luas menyebabkan tidak ada struktur genetik antar populasi karena terjadi percampuran melalui perkawinan. Jarak genetik terbesar yaitu antar populasi China dengan Philippines yaitu 0,4%. Rerata nilai jarak genetik bernilai 0%, hal ini menunjukkan tidak ada perbedaan genetik yang besar antar populasi dalam spesies *A. marmorata*. Hasil penelitian Bingpeng *et al.* (2018) dan Ude *et al.* (2020) menunjukkan rerata nilai jarak genetik antar spesies lebih tinggi daripada rata-rata jarak genetik di dalam spesies. Hasil penelitian Halim *et al.* (2022) menunjukkan bahwa nilai jarak genetik di dalam spesies yang rendah yaitu 0,1% - 0,7%.

Tabel 3. Hasil Analisis Jarak Genetik *A. marmorata*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
1 <i>A. marmorata</i> (Indonesia MNKW)																				
2 <i>A. marmorata</i> (Indonesia MNKW)	0.00																			
3 <i>A. marmorata</i> (Indonesia JB)	0.00	0.00																		
4 <i>A. marmorata</i> (Indonesia JB)	0.00	0.00	0.00																	
5 <i>A. marmorata</i> (Indonesia JB)	0.00	0.00	0.00	0.00																
6 <i>A. marmorata</i> (Indonesia Bali)	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00															
7 <i>A. marmorata</i> (Brunei)	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00														
8 <i>A. marmorata</i> (Brunei)	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00													
9 <i>A. marmorata</i> (French Polynesia)	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01												
10 <i>A. marmorata</i> (French Polynesia)	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01											
11 <i>A. marmorata</i> (Philippines)	0.00	0.01	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.01										
12 <i>A. marmorata</i> (Philippines)	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.02	0.01	0.02									
13 <i>A. marmorata</i> (Philippines)	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.01								
14 <i>A. marmorata</i> (China)	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02							
15 <i>A. marmorata</i> (China)	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.04	0.02	0.02	0.00						
16 <i>A. marmorata</i> (Japang)	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.01	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00					
17 <i>A. marmorata</i> (Japang)	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02	0.00	0.00	0.00				
18 <i>A. marmorata</i> (Vietnam)	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00			
19 <i>A. marmorata</i> (Vietnam)	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00		
20 <i>A. marmorata</i> (Malaysia Sabah)	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

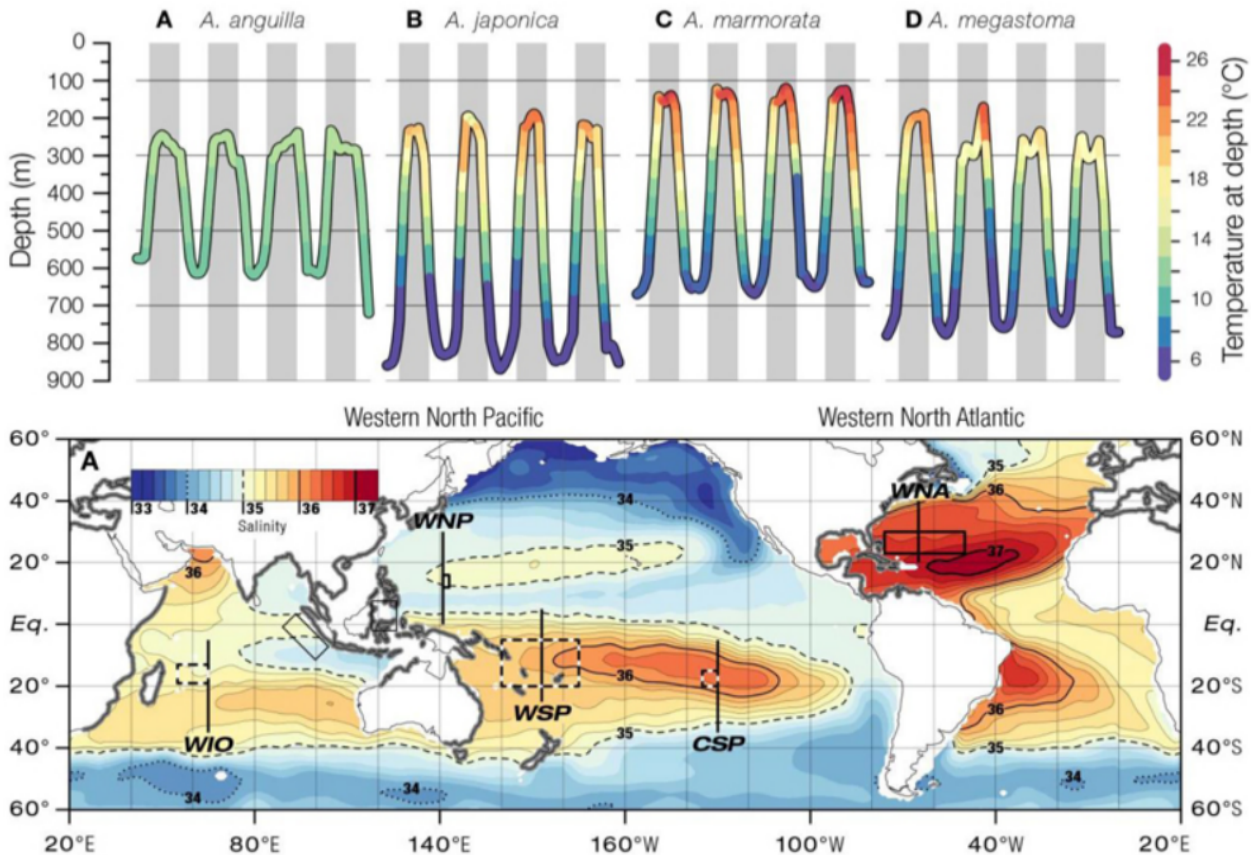
A. marmorata tersebar luas, mulai dari pantai Afrika Tenggara hingga Asia dan Polinesia (Ege, 1939; Marquet, 1992). Ikan Sidat bermigrasi dari habitat air tawar atau muara ke daerah pemijahan laut. Bukti dari studi penandaan satelit menunjukkan bahwa spesies belut tropis dan subtropis menunjukkan migrasi vertikal yang nyata, dari kedalaman antara 150-300 m pada malam hari hingga 600-800 m pada siang hari (Gambar 4). Hasil penelitian Schabetsberger *et al.* (2013, 2015) menjelaskan bahwa *A. marmorata* memijah pada kedalaman 150 – 650 m pada kisaran suhu 20 – 10°C. Belum diketahui bagaimana belut anguillid mengarungi lautan dan menemukan daerah pemijahannya masih belum diketahui.

Berdasarkan informasi bahwa terdapat 6 lokasi pemijahan ikan Sidat, 1 lokasi telah dikonfirmasi dan dianalisis. Sementara 2 lokasi telah dikonfirmasi, tidak dianalisis dan 3 lokasi nya masih berupa hipotesis (Gambar 4). Hal tersebut menjawab hasil analisis nilai jarak genetik yang rendah antar lokasi. Larva ikan Sidat akan mencari perairan tawar seperti muara sungai dan naik ke daerah hilir untuk bertumbuh dan berkembang menjadi dewasa, jika dilihat dari Gambar 4, Indonesia sangat potensial sebagai daerah pertumbuhan ikan Sidat dari berbagai lokasi karena garis pantai dengan distribusi air tawar dan muara sungai yang cukup banyak serta dikelilingi oleh lokasi yang diduga daerah pemijahan ikan Sidat. Disisi lain, arus sangat berperan dalam mendistribusikan larva ikan Sidat dari berbagai lokasi pemijahan di Samudera Pasifik dan Hindia (Arai dan Taha, 2021), salah satunya yaitu arus laut lintas Indonesia (Arlindo). Hal tersebut memungkinkan terjadi aliran gen dan perkawinan antar individu yang berasal dari populasi yang berbeda sehingga tidak ada struktur genetik yang terbentuk antar populasi.

Filogenetik

Analisis filogenetik menggunakan metode *Neighbor Joining Method*, model Kimura-2 parameter. Kami menggabungkan dua sekuen DNA *A. marmorata* dengan beberapa sekuen DNA dari NCBI yang berasal dari berbagai negara. Ada dua pohon filogenetik yang kami buat, yang pertama untuk melihat proses evolusi antar spesies *A. marmorata* dari Indonesia dengan berbagai negara lain dan yang kedua untuk mengetahui proses evolusi yang terjadi antar spesies *Anguilla*.

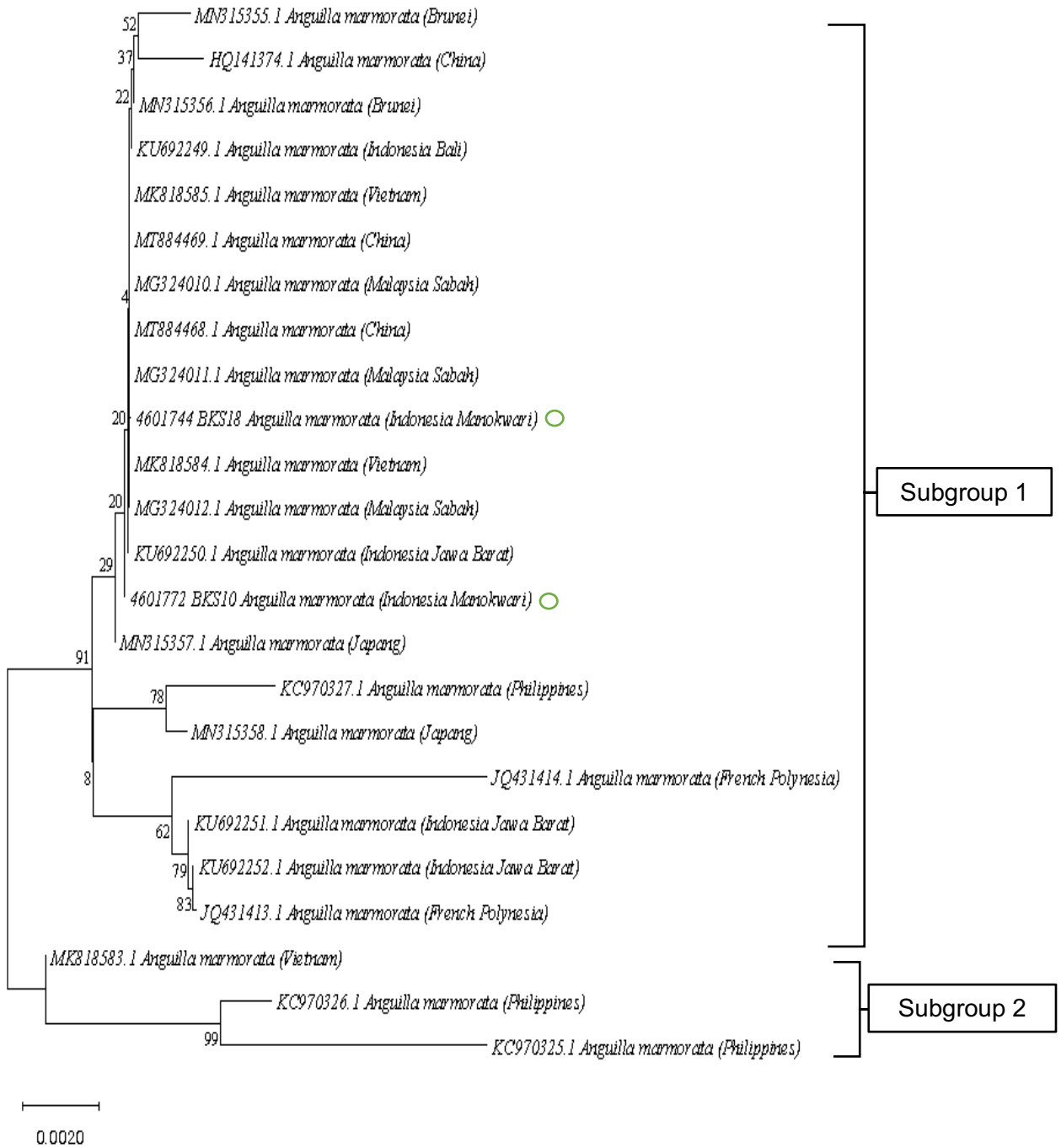
Merekonstruksi pohon filogenetik *A. marmorata* yang berasal dari Manokwari dengan beberapa *A. marmorata* yang berasal dari berbagai negara (Gambar 5). Hasil kami menunjukkan bahwa, *A. marmorata* dari Manokwari berada pada satu klade yang sama dengan beberapa individu *A. marmorata* dari China, Brunei, Indonesia-Bali-Jawa Barat, Vietnam, Malaysia, Japang dan French Polynesia. Klade tersebut terdiri dari dua subgroup. Beberapa individu *A. marmorata* dari Philippines dan Vietnam yang membentuk subgroup salam klade. Individu *A. marmorata* dari French Polynesia (JQ431414) dan Philippines (KC970325) mengalami perubahan basa nitrogen yang tinggi, hal tersebut ditunjukkan oleh panjang cabang yang terbentuk. Menurut Hall. (2001) bahwa semakin besar nilai Panjang cabang maka terdapat lebih banyak perubahan sekuen DNA. Hasil penelitian yang sama ditunjukkan oleh Norarfan *et al.* (2021) dan Falah *et al.* (2022) yaitu *A. bicolor bicolor* yang berasal dari Indonesia, Malaysia, Vietnam, Myanmar dan India berada pada klade yang sama dan membentuk subgroup dalam klade. Hasil penelitian Nuryanto *et al.* (2022) menunjukkan *A. bicolor* dari Cilacap Indonesia berada pada satu klade yang sama dengan *A. bicolor* dari berbagai negara.



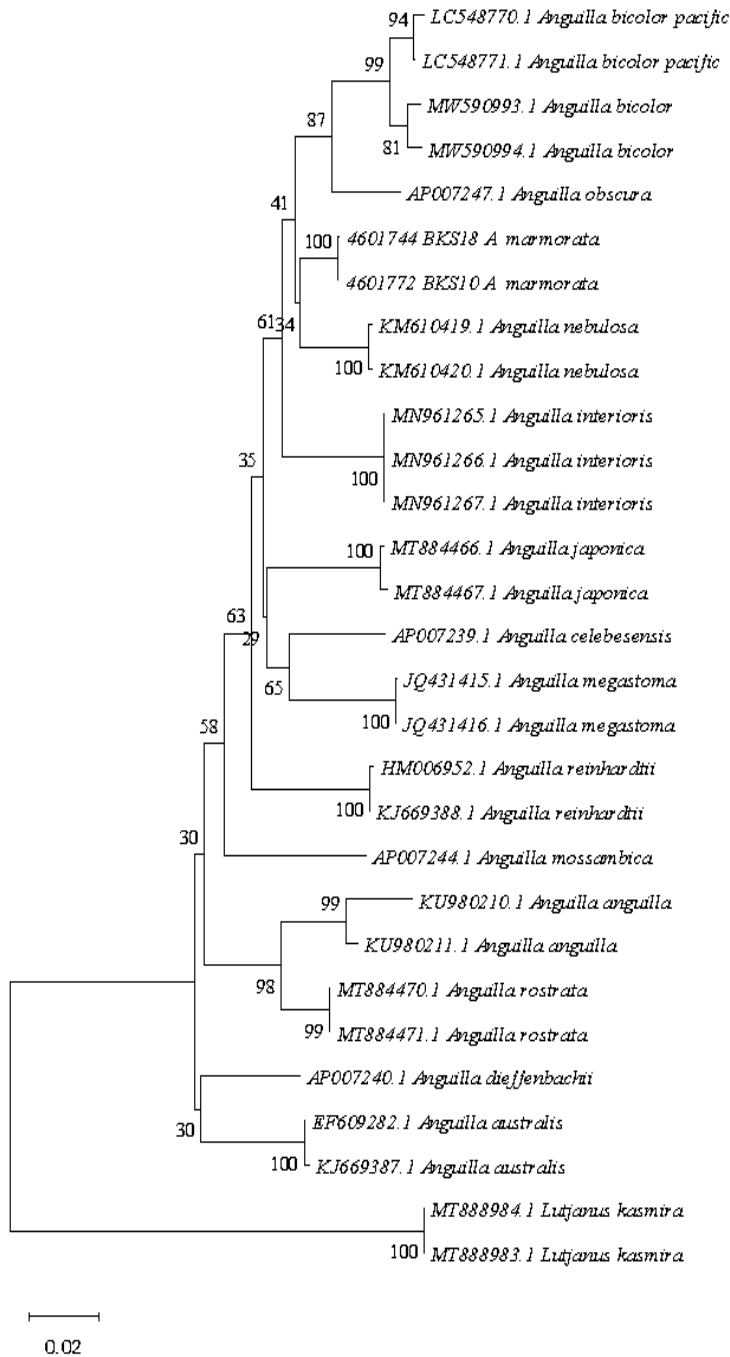
Gambar 4. Peta global salinitas pada kedalaman 150 m dari data pelampung Argo untuk (rata-rata jangka panjang, 2001–2013) menunjukkan peningkatan salinitas *Subtropical Underwater* (STUW) yang tersubduksi di dalam gyres subtropis (Schabetsberger *et al.*, 2016)

Ket: Persegi panjang: perkiraan daerah pemijahan Sidat (garis tebal: dikonfirmasi, dianalisis; garis putus-putus: hipotetis, dianalisis; garis tipis: dikonfirmasi, tidak dianalisis). Garis transek hitam menunjukkan bagian meridional ditunjukkan pada Gambar. 3. Daerah abu-abu di sepanjang garis pantai menunjukkan distribusi air tawar sidat anguillid. WIO: Samudra Hindia bagian barat; WNP: Pasifik Utara bagian barat; WSP: Pasifik Selatan bagian barat; CSP: Pasifik Selatan bagian tengah; WNA: Atlantik Utara bagian barat.

A. marmorata berada klade yang sama dengan *A. nebulosa* (Gambar 6). Hal tersebut didukung oleh nilai jarak genetik yang rendah yaitu 3%. Hasil penelitian Tsukamoto *et al.* (2011) menunjukkan *A. marmorata* berada pada satu klade dengan *A. nebulosa*. Sala *et al.* (2023) menjelaskan bahwa semakin kecil nilai jarak genetik maka semakin tinggi kemiripan morfologi spesies yang diamati dan sebaliknya. Jarak genetik tertinggi yaitu antar *A. mossambica* dan *A. celebesensis* (11,4%).



Gambar 5. Filogenetik *A. marmorata* (○ sampel Penelitian)



Gambar 6. Filogenetik Genus *Anguilla*

KESIMPULAN

Identifikasi 1 spesies Ikan Sidat yaitu *A. marmorata*. *A. marmorata* yang kami temukan yaitu Ikan Sidat Muda dengan ukuran panjang rata-rata ± 40 cm. Nilai jarak genetik yang kecil (0-0,4%) antar populasi *A. marmorata* menunjukkan tingkat perbedaan genetik yang kecil di dalam spesies. Pohon filogenetik menunjukkan bahwa spesies *A. marmorata* berkerabat dekat dengan spesies *A. marmorata* dari berbagai populasi. Spesies *A. marmorata* berkerabat dekat dengan spesies *A. nebulosa* dengan nilai jarak genetik 3% dan berada pada satu kalde yang sama di pohon filogenetik.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih terutama ditujukan kepada pemberi dana penelitian yaitu Universitas Papua dengan nomor kontrak penelitian 164/UN42/PG/2022.

DAFTAR PUSTAKA

- Allen, G.R., T.W. William, & Mark, V.E.** 2013. Two new species of snappers (Pisces: Lutjanidae: *Lutjanus*) from the Indo-West Pacific. *J Ocean Sci Found*, 6: 33-51. DOI: 10.5281/zenodo.1036813
- Arai, T., & S.R.A. Kadir.** 2017. Opportunistic spawning of tropical anguillid eels *Anguilla bicolor bicolor* and *Anguilla bengalensis bengalensis*. *Scientific reports*, 7(1): 1–17. DOI:10.1038/srep41649
- Akbar, N., M.J. Achmad, Supyan, R. Subur, F. Ismail, I. Wahab, T. Arai.** 2021. A pilot study on the genetic diversity of tropical eel (*Anguilla* spp.) in the Pacific region of North Maluku Sea, Indonesia. *AAFL Bioflux*. 14 (1): 309-316. <http://www.bioflux.com.ro/docs/2021.309-316.pdf>
- Arai, T. & H. Taha.** 2021. Contrasting patterns of genetic population structure in tropical freshwater eels of genus *Anguilla* in the Indo-Pacific. *Heliyon*, 7(5): e07097 <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e07097>.
- Arai, T.** 2022. Migration ecology in the freshwater eels of the genus *Anguilla* Schrank, 1798. *Tropical Ecology*, p.1-6. DOI: 10.1007/s42965-021-00217-7
- Bingpeng, X., H. Lin, Z. Zhang, C. Wang, Y. Wang, & J. Wang.** 2018. DNA barcoding for identification of fish species in the Taiwan Strait. *PLoS ONE*, 13 (6): e0198109. DOI: 10.1371/journal.pone.0198109
- Ege, V.** 1939. A revision of the Genus *Anguilla* Shaw. *DanaReport* 16: 8–256
- Fahmi, M.R.** 2015. Short communication: conservation genetic of tropical eel in Indonesian waters based on population genetic study. *Prosiding Seminar Nasional Masyarakat Biodiversitas Indonesia*, 38-43.
- Falah, I.N., R.I. Adharini, & S.E. Ratnawati.** 2022. Molecular Identification of Elvers (*Anguilla* spp.) from River Estuaries in Central Java, Indonesia Using DNA Barcoding Based on mtDNA CO1 Sequences. *Jurnal Ilmiah Perikanan dan Kelautan*, 15(1):121-130 DOI:10.20473/jipk.v15i1.36416
- Fadillaa, L.A., I.W. Arthanaa, N.L.A.G. Astrianib, G.R.A. Kartika.** 2022. Identifikasi Morfologi pada Ikan Sidat (*Anguilla* spp) di Perairan Sungai Bali Selatan. *Jurnal Bumi Lestari*, 22(2):28-33. DOI:10.24843/blje.2022.v22.i02.p04
- Gupta, A., A. Bhardwaj, Supriya, P. Sharma, Y. Pal, Mamta, S. Kumar.** 2015. Mitochondrial DNA- a tool for phylogenetic and biodiversity searchin Equines. *J Biodivers Endanger Species*, S1: S1.006. DOI: 10.4172/2332-2543.S1-006
- Hall, B.G.** 2001. *Phylogenetic Trees Made Easy: A How - To Manual for Molecular Biologists*. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts, USA.
- Heino, M.** 2014. Quantitative traits. In: Cadrin SX, Karr LA, Mariani S (eds). *Stock Identification Methods: Applications in Fishery Science*. Academic Press, London, UK
- Hakim, A.A., M.M. Kamal, N.A. Butet, & R. Affandi.** 2015. Komposisi spesies ikan sidat (*Anguilla* spp.) di delapan sungai yang bermuara ke Teluk Palabuhan Ratu, Sukabumi, Indonesia. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*. 7(2): 573–586.
- Halim, L. J, R. Iradhatullah, M. Shahid, K.A. Al-Ghanim, A. Asmiaty, & Md. N. Darlina.** 2022. Phylogenetic relationships of the commercial red snapper (*Lutjanidae* sp.) from three marine regions. *Journal of King Saud University*, 34 (2): 101756. <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2021.101756>.
- Iwatsuki, Y., T. Fumiya, & R.A. Gerald.** 2015. *Lutjanus xanthopinnis*, a new species of snapper (Pisces: Lutjanidae) from the Indo-west Pacific, with a redescription of *Lutjanus madras* (Valenciennes 1831). *J Ocean Sci Found*, 17: 23-42. DOI: 10.5281/zenodo.1051774.
- Imtiaz, A., S.A.M. Nor, & D. Md. Naim.** 2017. Progress and potential of DNA barcoding for species identification of fish species. *Biodiversitas*, 18(4), 1394–1405. DOI:10.13057/biodiv/d180415
- Kottelat, M., A.J. Whitten, S.N. Kartikasari, & S. Wirjoatmodjo.** 1997. *Ikan Air Tawar Indonesia Bagian Barat dan Sulawesi*. Jakarta (ID): *Periplus Edition*.

- Kimura, M.** 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16 (2): 111-120. doi:10.1007/bf01731581
- Leatemia, J.A., M. J. Pattinama, & M. Luhukay.** 2019 IOP Conf. Ser.: Earth Environ. Sci. 339 012018. DOI 10.1088/1755-1315/339/1/012018
- Marquet, G.** 1992. L'étude du recrutement et de la physiologie des anguilles de Polynésie française permet-elle de cerner leur aire de ponte? *Bull Inst Océanogr Monaco* 10:129-147.
- Nei, M.** 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. *Colombia University Press*, New York.
- Norarfan, A. F., S.T.A. Mokti, H. Taha, M. Amin, M. Ali, & T. Arai.** 2021. DNA barcoding of a tropical anguillid eel, *Anguilla bicolor* (Actino pterygii: Anguilliformes), in Indo-Pacific region and notes on its population structure. *Zoologia*, 38: e59332. <https://doi.org/10.3897/zoologia.38.e59332>
- Nuryanto, A., S. Riani, D. Bhagawati, E.T. Winarni, F.N. Rachmawati.** 2022. Molecular Characterization of *Anguilla* sp. with Special Notes on Its Population Genetic in the Rivers of Cilacap Central Java, Indonesia. *Biosaintifika*, 14 (1) (2022): 103-116. DOI:10.15294/biosaintifika.v14i1.35421
- Pentinsaari, M., H. Salmela, M. Mutanen, & T. Roslin.** 2016. Molecular evolution of a widely-adopted taxonomic marker (COI) across the animal tree of life. *Sci Rep*, 6: 35275. DOI: 10.1038/srep35275
- Pranata, B., M. Fadjar, F. Iranawati, A. H. A.Toha, & Jeni.** 2018. Phylogeny of the spiny lobster *Panulirus versicolor* in Cenderawasih Bay, Papua, Indonesia. *AAFL Bioflux*, 11 (4): 1015-102. <http://www.bioflux.com.ro/docs/2018.1015-1024.pdf>
- Pangerang, U.K., La. Sara, U. Rianse, A.I. Nur.** 2018. Population dynamics of the eel (*Anguilla marmorata*) in Southeast Sulawesi waters, Indonesia. *AAFL Bioflux*, 11(2): 543-553.
- Pranata, B., A.H.A.Toha, & D. Kolibongso.** 2020. Genetic of *Panulirus Versicolor* Lobster in Cendrawasih Bay Papua and Lombok Waters West Nusa Tenggara. *Jurnal Enggano*, 5 (2): 249-257. DOI:10.31186/jenggano.5.2.249-257.
- Saitou, N., & N. Masatoshi.** 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4 (4): 406-425. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454.
- Sugeha, H. Y., S.R. Suharti, S. Wouthuyzen, & K. Sumadhiharga.** 2008. Biodiversity, Distribution, and Abundance of the Tropical Anguillid Eels in the Indonesian Waters. *Marine Research in Indonesia*, 33(2), 129-137. <https://doi.org/10.14203/mri.v33i2.486>
- Schabetsberger, R., F. Økland, K. Aarestrup, U. Sichrowsky, M. Tambets, G. Dall'Olmo, R. Kaiser, & P.I. Miller.** 2013. Oceanic migration behaviour of tropical Pacific eels from Vanuatu. *Mar Ecol Prog Ser.* 475: 177-190. DOI:10.3354/meps10254
- Schabetsberger, R., F. Økland, D. Kalfatak, U. Sichrowsky, M. Tambets, K. Aarestrup, C. Gubili, J. Sarginson, B. Boufana, R. Jehle, G. Dall'Olmo, M.J. Miller, A. Scheck, R. Kaiser, & G. Quartly.** 2015. Genetic and migratory evidence for sympatric spawning of tropical Pacific eels from Vanuatu. *Mar Ecol Prog Ser.* 521: 171-187. <https://doi.org/10.3354/meps11138>
- Schabetsberger, R., M.J. Miller, G. Dall'Olmo, R. Kaiser, F. Økland, S. Watanabe, K. Aarestrup, K. Tsukamoto.** 2016. Hydrographic features of anguillid spawning areas: potential signposts for migrating eels. *Marine Ecology Progress Series*, 554: 141-155 DOI:10.3354/meps11824
- Shuai, F., S. Yu, S. Lek, & X. Li.** 2018. Habitat effects on intra-species variation in functional morphology: Evidence from freshwater fish. *Ecol Evol*, 8:10902-10913. DOI: 10.1002/ece3.4555.
- Sugianti, Y., M.R.A. Putri, & S.E. Purnamaningtyas.** 2020. Spesies Ikan Sidat (*Anguilla* spp.) dan Karakteristik Habitat Ruayanya di Sungai Cikaso, Sukabumi, Jawa Barat. *LIMNOTEK Perairan Darat Tropis di Indonesia*. 27(1): 39-54. DOI:10.14203/limnotek.v27i1.329
- Sala, R., A.B. Kusuma, and B. Pranata.** 2023. Phylogenetic of red snapper (Lutjanidae) in Yapen Island Waters, Papua, Indonesia. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 24 (2): 716-723. DOI:10.13057/biodiv/d240206
- Tabeta, O., T. Takai, & I. Matsui.** 1976. The section counts of vertebrae in the Anguillid eels. *Japanese J. of Ichthyology*, 22(4): 195-200. <https://doi.org/10.11369/jji1950.22.195>
- Tsukamoto, K., J. Aoyama, & M.J. Miller.** 2011. Migration, speciation, and the evolution of diadromy in anguillid eels. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 59(12):1989-1998. DOI:10.1139/f02-165
- Topan, M. & N. Riawan.** 2015. Budi Daya Belut & Sidat Gak Pake Masalah. *AgroMedia*
- Triyanto., R. Affandi, M.M. Kamal, & G.S. Haryani.** 2019. Fungsi Rawa Pesisir sebagai Habitat Sidat Tropis *Anguilla* spp. Di Estuari Sungai Cimandiri, Sukabumi Jawa Barat. *Jurnal Albacore*, 11(2): 475-492. <https://doi.org/10.29244/jitkt.v11i2.25724>

- Toha, A.H.A., M. Dailami, S. Anwar, J.B. Setiawan, Y. Jentewo, I. Lapadi, S. Sutanto, R. Aryasari, Ambariyanto, F. Runtuboi, & H. Madduppa.** 2020. The genetic relationships and Indo-Pacific connectivity of whale sharks (*Rhincodon typus*) with particular reference to mitochondrial COI gene sequences from Cendrawasih Bay, Papua, Indonesia. *Biodiversitas* 21 (5): 2159-2171. DOI: 10.13057/biodiv/d210544
- Tamura, K., S. Glen, & K. Sudhir.** 2021. MEGA 11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Mol Biol Evol*, 38 (7): 3022-3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>.
- Ude, G.N., O.I. David, B. Chrysten, J. Myron, B. Alusine, O.A. Onyinye, C.I. Onyinye, C. Obih, O. Michael, E. Christabel, C. Venatus, U. Mariam, O. Christie, A. George, O. James, & D. Aditi.** 2020. DNA barcoding for identification of fish species from freshwater in Enugu and Anambra States of Nigeria. *Conservation Genet Resour*, 12: 643–658. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12686-020-01155-7>
- Ward, R.D., T.S. Zemlak, H.I. Bronwyn, R.L. Peter, & P.D.N. Hebert.** 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Philos Trans Royal Soc Biol Sci*, 360(1462): 1847-57. DOI: 10.1098/rstb.2005.1716.
- Wakiya, R., H. Itakura & K. Kaifu.** 2019. Age, growth, and sex ratios of the giant mottled eel, *Anguilla marmorata*, in freshwater habitats near its northern geographic limit: a comparison to tropical regions. *Zool Stud*. 58:34. doi:10.6620/ZS.2019.58-34.
- Zou, Z, & J. Zhang.** 2016. Morphological and molecular convergences in mammalian phylogenetics. *NatCommun*7:12758. DOI: 10.1038/ncomms12