



Keragaman Genetik Hiu Barong (*Rhina ancylostoma*) dan Potensi Kepunahannya di Indonesia : Review berdasarkan gen COI

Ardiansyah Kurniawan, Universitas Bangka Belitung, Bangka, Indonesia

Ira Triswiyana, Penyuluh Perikanan Kabupaten Bangka Barat, Kementerian Kelautan dan Perikanan, Indonesia

*Corresponding author E-mail: ardian_turen@yahoo.co.id

Abstract

Rhina ancylostoma (Bowmouth Guitarfish), known locally as Barong Shark, Pari Barong, and Pari Kupu-Kupu in Indonesia is listed as an endangered species on the IUCN and protected in appendix II of CITES. This fish has a wide distribution from Africa to Australia, including Indonesia. The relationship between populations of these species that are separated in different fisheries management areas (WPP) potential made genetic variation. This study analyzes genetic similarity based on COI gene sequences. *R. ancylostoma* sequences from Bangka, Java, Bali Islands, and out group from India and Papua New Guinea were obtained from secondary data in publications, NCBI, and the BOLDSystem. *R. ancylostoma* from Indonesia have low haplotype diversity in the same haplotype and has a genetic distance of 1.24% with India and 0.16% with Papua New Guinea. The similarity of haplotypes is possible due to the wide migratory power of fish, resulting in gene flow between populations in different water areas. The low genetic diversity of *R. ancylostoma* has the potential for fish extinction. so it is necessary to regulate its protection in Indonesia as assessed by CITES and IUCN.

Keywords: Shark, Bowmouth Guitarfish, haplotype, protected

Abstrak

Rhina ancylostoma (Bowmouth Guitarfish) yang dikenal dengan nama lokal Hiu Barong, Pari Barong, dan Pari Kupu-Kupu di Indonesia ini dinilai sebagai spesies yang terancam punah pada IUCN dan dilindungi pada appendix II CITES. Ikan ini memiliki sebaran yang luas dari Afrika hingga Australia, termasuk Indonesia. Hubungan antar populasi spesies ini yang terpisah pada wilayah pengelolaan perikanan (WPP) berbeda berpotensi memunculkan variasi genetik. Kajian ini melakukan analisa kekerabatan genetik berdasarkan sekuen gen COI. Sekuen *R. ancylostoma* dari Pulau Bangka, Jawa, Bali, dan pembandingan dari India dan Papua New Guinea diperoleh dari data sekunder pada publikasi, NCBI, dan BOLDSystem. *R. ancylostoma* dari Indonesia memiliki keragaman haplotipe rendah pada satu haplotipe yang sama dan memiliki jarak genetik 1,24% dengan India dan 0,16% dengan Papua New Guinea. Kesamaan haplotipe dimungkinkan akibat daya migrasi ikan yang luas sehingga terjadi aliran gen antar populasi di wilayah perairan yang berbeda. Keragaman genetik *R. ancylostoma* yang rendah berpotensi untuk kepunahan ikan, sehingga perlu diatur perlindungannya di Indonesia sebagaimana penilaian CITES dan IUCN.

Kata Kunci: Hiu, Bowmouth Guitarfish, haplotipe, dilindungi

PENDAHULUAN

Ikan Hiu Barong (*Rhina ancylostoma*) juga dikenal sebagai Pari Barong atau Pari Kupu-Kupu.. Sebagai bagian dari Rhinobatidae, ikan ini tidak terlalu mirip dengan Hiu karena tubuhnya yang cenderung tidak tebal. Pangkal sirip dada berada di depan lubang hidung dengan ujung belakang bebasnya berada di belakang pangkal sirip perut (Hartoko *et al.*, 2020). Kunci identifikasi spesies ini menurut White *et al.* (2006) adalah awal pangkal sirip dorsal pertama berada di depan pangkal sirip perut, bentuk sirip ekor seperti sabit, moncong tebal, tidak terdapat selaput atau tonjolan kulit pada tepi belakang spirakel, dan pada lingkaran mata, bagian tengah tubuh dan pundak memiliki guratan-guratan yang terdiri dari duri-duri atau gerigi yang kuat (*thorns*).

Ikan predator dengan makanan utama crustacea dan molusca ini merupakan salah satu komoditas perikanan laut yang teridentifikasi pendaratannya di Indonesia. Teluk Tomini, Laut Jawa, perairan Pulau Bangka, perairan di Sorong, Kalimantan Barat, Selat Karimata, dan Selat Makasar menjadi lokasi teridentifikasinya spesies ini di Indonesia (Kurniawan *et al.*, 2014; Hidayat *et al.*, 2019; Yuwandana *et al.*, 2020; Aisyah dan Farhaby, 2021; Ilham dan Marasabessy, 2021; Kurniawan *et al.*, 2021). Spesies ini juga teridentifikasi di pesisir timur Benua Afrika, India, Thailand, Jepang dan

Australia, dengan temuan terbanyak di perairan antara Pulau Papua dan Benua Australia (GBIF, 2021).

IUCN menyatakan spesies ini termasuk kategori *Critically Endangered* yang dapat diartikan populasinya terancam punah (Kyne *et al.*, 2019) dan *Convention on international trade of endangered species* (CITES) tahun 2019 telah memasukkan jenis ikan pari dari family Rhinidae (Wedgefishes) ke dalam daftar appendiks II CITES (www.cites.org), ikan ini belum termasuk dalam daftar ikan dilindungi di Indonesia. Kondisi tersebut menyebabkan penangkapan dan perdagangan ikan ini masih dilakukan.

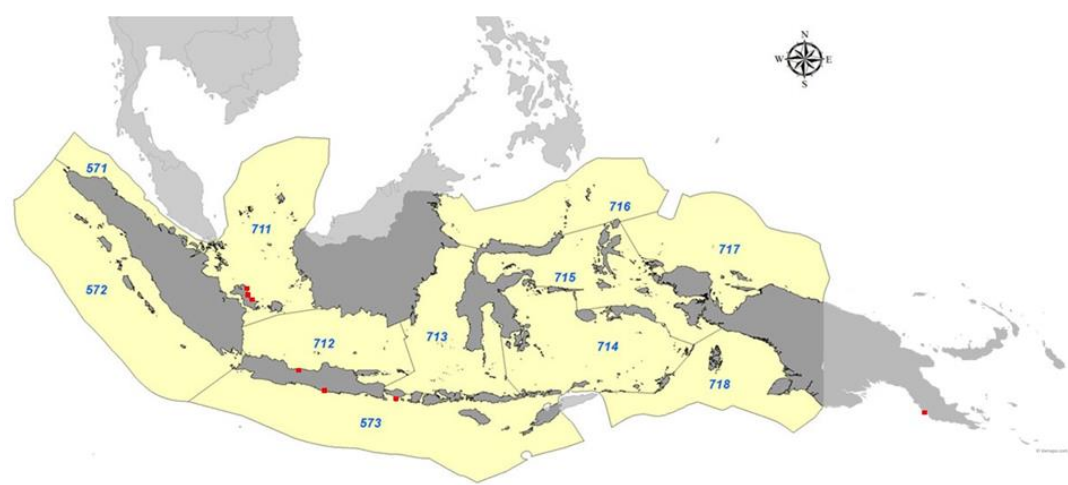
Luasnya wilayah penemuan spesies ikan air laut ini, dimana ikan teridentifikasi di wilayah barat Indonesia di Kalimantan Barat dan Kepulauan Bangka Belitung hingga wilayah timur Indonesia yaitu di Papua Barat, memunculkan pertanyaan tentang hubungan antar populasinya yang terpisah pada wilayah pengelolaan perikanan yang berbeda. Beberapa publikasi dan data base genBank telah menunjukkan adanya urutan nukleotida berdasarkan gen sitokrom oksidase I (COI) *Rhina ancylostoma* dari beberapa wilayah di Indonesia. Perlu dikaji kekerabatan antar populasi *Rhina ancylostoma* pada wilayah yang berbeda dan menganalisa penghalang geografis

yang menyebabkan pola kekerabatannya di Indonesia.

METODE

Penelitian ini menggunakan data sekunder sekuen dari spesies *Rhina ancylostoma* yang didaratkan di wilayah Indonesia. Data diperoleh dari publikasi jurnal dan database *National Center for*

Biotechnology Information (NCBI) dan *Barcode of Life Data System* (BOLD). Terdapat sembilan sekuen *Rhina ancylostoma* gen COI yang diperoleh dari sumber-sumber tersebut yang berasal dari Pulau Bangka, Jawa, dan Bali (Gambar 1). Nukleotida spesies yang sama dari India dan Papua New Guinea digunakan sebagai pembanding dan outgrup (Tabel 1).



Gambar 1. Lokasi asal sekuen *Rhina ancylostoma* dari Bangka, Pangkalpinang, Bangka Tengah (Kepulauan Bangka Belitung), Tegal (Jawa Tengah), Pacitan (Jawa Timur), Jimbaran (Bali), dan Papua New Guinea.

Tabel 1. Daftar nukleotida *Rhina ancylostoma*

No	Kode Akses	Sumber	Asal Ikan	Negara	Gen	¹
1	LC505462	NCBI	Jawa Tengah ¹	Indonesia	COI	Har tok o et al., 202 0; ²
2	EU398991	NCBI	Jimbaran - Bali	Indonesia	COI	
3	EU398992	NCBI	Jimbaran - Bali	Indonesia	COI	
4	S2	Jurnal JFMR	Bangka ²	Indonesia	COI	
5	P2	Jurnal JFMR	Pangkalpinang ²	Indonesia	COI	
6	K2	Jurnal JFMR	Bangka Tengah ²	Indonesia	COI	
7	GU673463	NCBI	Pacitan – Jawa Timur	Indonesia	COI	
8	SOPNG095-18	BOLDSsystem	Papua New Guinea	Papua New Guinea	COI	
9	KF899659	NCBI	India	India	COI	

Penyejajaran nukleotida menggunakan program Mesquite versi 3.6. Konstruksi filogenetik pada metode Maximum Likelihood pengulangan 1000 replikasi bootstrap dengan model Kimura 2 Parameter menggunakan program Mega X. Editing pohon filogenetik menggunakan Figtree dan visualisasinya menggunakan Inkscape. Jumlah haplotipe (Hn), keragaman haplotipe (h), dan keragaman nukleotida (π) pada analisis penilaian keragaman genetik menggunakan DNASp versi 6 (Rozas *et al.* 2017).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Analisis genetik pada sepuluh sekuen gen COI dengan panjang fragmen 655 bp dari Pulau Bangka, Jawa, Bali dan Papua memunculkan polimorfisme di 9 posisi lokus (Tabel 2). Tidak terdapat variasi antar sekuen dari Indonesia. Variasi nukleotida ditemui pada perbandingan antara sekuen Indonesia dan India yaitu pada 8 posisi lokus, sedangkan perbandingan dengan sekuen Papua New Guinea memunculkan variasi pada satu posisi lokus.

Tabel 2. Posisi 9 lokus polimorfik dari 9 sekuen *Rhina ancylostoma*

Kode akses	67	106	163	172	268	287	315	400	508
Jawa Tengah	A	A	G	A	T	T	T	A	G
Bangka	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Bangka	.	.	.	.	.	.	.	.	.

tengah

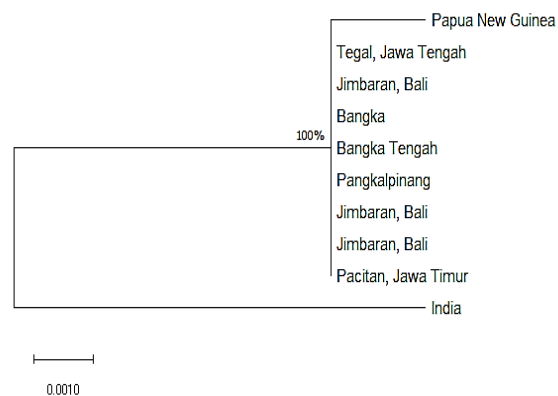
Pangkalpinang	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Bali	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Bali	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Pacitan	.	.	.	.	.	.	.	.	.
India	G	G	A	G	C	C	C	G	.
Papua New Guinea	.	.	.	.	.	.	.	.	A

Keragaman haplotipe (Hd) *Rhina ancylostoma* dalam kajian ini teridentifikasi sebesar 0.417 dengan keragaman nukleotida (π) sebesar 0.00326 dan terbagi dalam 3 haplotipe (h). Ketiga haplotipe adalah haplotipe dari India, Indonesia, dan Papua New Guinea, sehingga seluruh sekuen dari Indonesia berada pada haplotipe yang sama atau tidak terdapat keragaman haplotipe (Hd = 0). Kesamaan haplotipe menunjukkan bahwa spesies ini memiliki kemampuan migrasi yang luas. Perairan di selatan dan utara Pulau Jawa, serta sekitar Kepulauan Bangka Belitung merupakan wilayah pengelolaan perikanan yang berbeda. Adaptasinya terhadap karakter perairan tidak berpengaruh terhadap genetiknya. Hal ini dimungkinkan dengan terhubungnya ketiga wilayah perairan sehingga terdapat pertukaran gen antar populasi pada wilayah perairan laut yang berbeda.

Kondisi serupa ditemui pada *Carcharhinus sealei* yang dilaporkan memiliki haplotipe dengan sebaran meliputi area

penangkapan di Brunei, India, Jakarta, Makasar, Singkawang, Sabah, Pahang, dan Taiwan (Azri *et al.*, 2020). Populasi Hiu Paus (*Rhincodon typus*) di Teluk Cendrawasih, Papua juga menunjukkan 2 haplotipe dengan polimorfisme pada satu posisi lokus saja (Toha *et al.*, 2020). Minimnya jumlah sekuen yang dianalisa dalam kajian ini juga dapat menurunkan kemungkinan adanya variasi haplotipe yang muncul.

Kesamaan genetik dalam mono-haplotipe juga terlihat pada konstruksi filogenetiknya. Seluruh sekuen dari Indonesia memiliki kesamaan genetik satu sama lain pada nilai kekerabatan dan nilai bootstrap maksimal yaitu 100%. Perbedaan terlihat pada sekuen dari Papua New Guinea yang memiliki lengan cabang lebih panjang. Sekuen dari India memiliki kekerabatan yang lebih jauh dan berperan sebagai out grup dalam pohon filogenetik ini (Gambar 2). Sekuen India memiliki jarak genetik 1,24% dengan sekuen Indonesia, sementara ikan dari Papua New Guinea menunjukkan jarak genetik 0,16%. Hubungan antar sekuen tersebut berada pada jarak genetik yang rendah dan dinilai memiliki hubungan intra spesifik karena jarak genetik diantaranya masih dibawah 3% (Aminan *et al.*, 2020; Kurniawan *et al.*, 2021).



Gambar 2. Konstruksi pohon filogenetik *Rhina ancylostoma* yang dikonstruksikan pada metode Maximum Likelihood dan 1000 kali bootstrap

Rendahnya nilai keragaman genetik pada populasi *R. ancylostoma* ini perlu menjadi perhatian karena potensi hilangnya keragaman genetik lebih tinggi (Hadi *et al.*, 2020). Kebiasaan hidup *R. ancylostoma* di dasar perairan pantai dan karang menyebabkan ikan ini sering tertangkap jaring dasar, pukat harimau (*trawl*) dan pancing rawai (White *et al.*, 2006). Hiu Martil (*Sphyrna lewini*) yang telah diatur larangan penangkapannya melalui Peraturan Menteri KKP No. 5/PERMEN-KP/2018 masih menunjukkan nilai keragaman genetik yang tinggi yaitu H_d sebesar 0,717 dan π sebesar 0,013. Nilai keragaman genetik yang tinggi berkaitan dengan besarnya ukuran populasi, tingkat substitusi nukleotida yang tinggi dan adanya aliran gen antarpopulasi (Hadi *et al.*, 2020). Namun sebaliknya *R. ancylostoma* yang belum dilarang penangkapannya secara khusus di Indonesia ini,

memiliki keragaman genetik yang rendah, terutama untuk populasi di wilayah perairan Indonesia. Hal ini memungkinkan kepunahan spesies ini lebih berpotensi nyata terjadi dibandingkan dengan spesies Hiu yang dilindungi lainnya. Untuk itu pemerintah perlu segera merancang pelarangan penangkapan spesies *R. ancylostoma* dan memperhatikan kelestarian habitatnya untuk mencegah kepunahannya dimasa mendatang.

KESIMPULAN

R. ancylostoma dari Pulau Bangka, Jawa, dan Bali berada pada satu halotipe yang sama dan berbeda haplotipe dengan ikan dari India dan Papua New Guinea dengan jarak genetik 1,24% dan 0,16%. Kesamaan haplotipe dimungkinkan terjadi akibat daya migrasi ikan yang luas dan terdapatnya aliran gen antar populasi di wilayah perairan yang berbeda. Rendahnya keragaman genetik berpotensi untuk kepunahan ikan lebih besar, sehingga perlu diatur perlindungannya di Indonesia sebagaimana penilaian CITES dan IUCN.

PERSANTUNAN

Ucapan terimakasih disampaikan kepada Universitas Bangka Belitung yang mendukung publikasi artikel ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Aisyah, S., dan 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.
- Aminan, A.W., Kit, L.L.W., Hui, C.H., and Sulaiman, B. 2020. Morphometric Analysis and Genetic Relationship of *Rasbora* spp. in Sarawak, Malaysia. *Tropical life sciences research*, 31(2), 33-49.
- Azri, A., Taha, H., and Arai, T. 2020. Molecular And Morphological Evidence For The Identity Of The Blackspot Shark, *Carcharhinus Sealei*, And The Indonesian Whaler Shark, *C. tjutjot*, With Notes On Their Population Structures. *Environmental Biology Of Fishes*, 103(11), 1453-1461.
- CITES. 2021. Appendices I, II and III. <https://cites.org/eng/app/appendices.php> [14 Juli 2021].
- GBIF Secretariat. 2021. *Rhina ancylostoma* Bloch & Schneider, 1801. GBIF Backbone Taxonomy. Checklist dataset <https://doi.org/10.15468/39omei> [14 Juli 2021].
- Hadi, S., Andayani, N., Muttaqin, E., Simeon, B. M., Ichsan, M., Subhan, B., and Madduppa, H. 2020. Genetic connectivity of the scalloped hammerhead shark *Sphyrna lewini* across Indonesia and the Western Indian Ocean. *PloS one*, 15(10), e0230763.
- Hartoko, A., Pringgenies, D., Anggelina, A. C., and Matsuishi, T. (2020). Morphology and Molecular Biology of Benthic Java Sea Shark Ray *Rhina ancylostoma* Bloch and Scheider 1801 (Elasmobranchia: Rhinidae). *Annual Research & Review in Biology*, 19-31.
- Hidayat, E. H., Alkadrie, S. I. T., Getreda, G., dan Sabri, M. 2019. Keragaman Jenis Ikan Hiu Dan Pari Di Perairan

- Kalimantan Barat. Prosiding Pusat Riset Perikanan, 1(1), 89-95.
- Ilham, I., dan Marasabessy, I. 2021. Identifikasi Jenis dan Status Konservasi Ikan Pari yang Diperdagangkan Keluar Kota Sorong pada Loka Pengelolaan Sumberdaya Pesisir dan Laut Sorong. Jurnal Riset Perikanan dan Kelautan, 3(1), 290-302.
- Kurniawan, A., Fajar, M., Apriliazmi, I., dan Nugraha, A. 2014. Identifikasi Status Konservasi Hiu Tangkapan Samping di Pelabuhan Perikanan Nusantara Pulau Bangka dan Belitung. Prosiding Simposium Pengelolaan Perikanan Tuna Berkelanjutan.
- Kurniawan, A., Hariati, A. M., Kurniawan, A., dan Wiadnya, D. G. R. 2021. First genetic record and the phylogenetic relationship of *Osteochilus spilurus* (Cyprinidae: Labeoninae) originating from Bangka and Belitung Islands, Indonesia. Biodiversitas Journal of Biological Diversity, 22(2).
- Kurniawan, W., Oktaviyani, S., Simeon, B. M., Ula, S., Yuwandana, D. P., Yuneni, R. R., and Chodrijah, U. 2021. Population Status of Two Wedgefish Species in Western Indonesian Inner Waters, Inferred from Demographic Models with Limited Data. Journal of Ichthyology, 61(3), 433-451.
- Kyne, P.M., Rigby, C.L., Dharmadi, and Jabado, R.W. 2019. *Rhina ancylostoma*. The IUCN Red List of Threatened Species 2019: e.T41848A124421912. [14 Juli 2021].
- Rozas J, Ferrer-Mata A, Sánchez-DelBarrio JC, Guirao-Rico S, Librado P, Ramos-Onsins SE, Sánchez-Gracia A. 2017. DnaSP v6: DNA sequence polymorphism analysis of large datasets. Mol Biol Evol. 34:3299-3302.
- Toha, A.H.A., Dailami, M., Anwar, S., Setiawan, J.B., Jentewo, Y., Lapadi, I., and Madduppa, H. 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 Journal of Biological Diversity, 21(5).
- White WT, Last PR, Stevens JD, Yearsley GK, Fahmi, and Dharmadi. 2006. Economically important sharks and rays of Indonesia. Australian Centre for International Agricultural Research
- Yuwandana, D. P., Agustina, S., Haqqi, M. B., and 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), 1-6.