Jurnal Biologi Tropis

Original Research Paper

Genetic Variation and Mutation of *Octopus cyanea* from Kaur, Bengkulu Based on Mitochondrial *Cyt-b* Gene

Dewi Ayu Yuliyatun Sugiono[1], Jarulis[1*], Sipriyadi[1], Risky Hadi Wibowo[1], Ali Muqsit[2]
[1]Magister Biologi, Fakultas Matematika Dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Bengkulu, Bengkulu, Indonesia;
[2]Ilmu Kelautan, Fakultas Pertanian, Universitas Bengkulu, Bengkulu, Indonesia;

Article History
Received : June 11th, 2026
Revised : September 16th, 2026
Accepted : October 17th, 2026

*Corresponding Author:
Jarulis, Magister Biologi, Fakultas Matematika Dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Bengkulu, Bengkulu, Indonesia;
Email: Jarulis@unib.ac.id

Abstract: Kaur Regency, Bengkulu Province, is an important octopus-producing region in Indonesia, but its local stocks face pressure from intensive fishing and coastal habitat degradation. This study aimed to characterize the genetic polymorphism, nucleotide diversity, genetic distance, mutation patterns, and phylogenetic relationships of *Octopus cyanea* from Kaur waters using the mitochondrial cytochrome *b* (Cyt-*b*) gene. Five tentacle tissue samples were collected from Linau coastal waters for DNA extraction, PCR amplification, and bidirectional Sanger sequencing. The 723-bp sequences contained 708 conserved sites (97.93%) and 15 polymorphic sites (2.07%). Genetic analysis revealed five unique haplotypes, with haplotype diversity (Hd) of 1.000 and nucleotide diversity (π) of 0.00963. Kimura 2-Parameter distances indicated low intraspecific divergence (0.15–1.50%; mean 0.97%), compared with congeneric *Octopus* species (mean 10.14%) and the outgroup *Amphioctopus fangsiao* (mean 16.02%). Phylogenetic analysis placed all specimens in a monophyletic *O. cyanea* clade with 100% bootstrap support. These findings provide preliminary genetic baseline data that may inform stock assessment and conservation planning for *O. cyanea* in Kaur, Bengkulu.

Keywords: *Cyt-b* gene; Genetic distance; Genetic variation; Mitochondrial DNA; Kaur Bengkulu; *Octopus cyane*.

Pendahuluan

Gurita (*Octopus* spp.) merupakan predator tingkat trofik menengah sekaligus mangsa bagi megafauna pelagis di ekosistem laut, serta menjadi komoditas perikanan bernilai ekonomi tinggi di pasar global (Sauer *et al.*, 2019; Storero *et al.*, 2020). Karakteristik biologis taksa ini meliputi siklus hidup singkat sekitar 1–3 tahun, laju pertumbuhan cepat, pola reproduksi semelparous, dan plastisitas adaptasi fisiologis terhadap dinamika lingkungan laut (Villanueva *et al.*, 2017; Zullo *et al.*, 2019; O'Brien *et al.*, 2021). Sebaran habitat sefalopoda bentik menjangkau zona intertidal dangkal hingga perairan laut dalam (Collins *et al.*, 2001). Peningkatan permintaan pasar ekspor mendorong intensifikasi penangkapan dengan berbagai alat tangkap tradisional seperti tombak dan bubu (Sobrino *et al.*, 2011; Benbow *et al.*, 2014). Eksploitasi berlebih tanpa pengelolaan berbasis data ilmiah berisiko menurunkan kelimpahan stok alami dan mengikis keragaman genetik populasi di perairan pesisir (Ovenden *et al.*, 2015; Van Nieuwenhove *et al.*, 2019).

Di Indonesia, perairan Provinsi Bengkulu merupakan salah satu sentra penghasil gurita yang menopang perekonomian masyarakat pesisir (Badan Pusat Statistik, 2023; Sidauruk *et al.*, 2024). Aktivitas penangkapan berlangsung intensif di perairan Desa Linau, Kabupaten Kaur, dengan gurita karang *Octopus cyanea* sebagai target tangkapan utama nelayan lokal (Pariansyah *et al.*, 2025). Spesies ini juga dieksploitasi secara luas di berbagai wilayah perairan Indonesia lainnya, seperti Selat Makassar, Teluk Bone, dan Lombok Timur (Omar *et al.*, 2020; Mulyani *et al.*, 2024). Praktik penangkapan secara terus-menerus di zona litoral dangkal dan hamparan terumbu karang berpotensi memicu degradasi habitat serta penurunan ukuran populasi efektif. Penyusunan kebijakan pengelolaan perikanan berkelanjutan di Kabupaten Kaur hingga kini masih terkendala oleh terbatasnya data mengenai variasi genetik dan struktur stok lokal *O. cyanea*.

This article is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License.

© 2026 The Author(s). This article is open access

Identifikasi spesies dan evaluasi variasi genetik *O. cyanea* memerlukan pendekatan molekuler untuk mengatasi keterbatasan identifikasi morfologi akibat tingginya plastisitas fenotipik, kemiripan karakter interspesies, dan perubahan warna pascakematian (Hebert *et al.*, 2003; Amor *et al.*, 2017; Xu *et al.*, 2022). DNA mitokondria (mtDNA) merupakan penanda molekuler yang informatif dalam studi sistematika dan genetika populasi hewan laut karena memiliki struktur genom melingkar yang kompak, jumlah salinan tinggi per sel, laju substitusi yang cepat, dan pewarisan maternal tanpa rekombinasi (Boore, 1999; Schmitz *et al.*, 2002; Hajibabaei *et al.*, 2006; Galtier *et al.*, 2009). Salah satu lokus pengkode protein pada mtDNA yang luas digunakan dalam analisis filogenetik dan keragaman genetik adalah gen *Cytochrome b* (*Cyt-b*) (Farias *et al.*, 2001; Tobe *et al.*, 2010; Pakpahan *et al.*, 2016).

Gen *Cyt-b* menyandi subunit protein sitokrom b pada kompleks III rantai transpor elektron mitokondria dan memiliki keseimbangan antara daerah lestari (*conserved regions*) serta situs variabel pada posisi kodon sinonim (Söller *et al.*, 2000; Strugnell *et al.*, 2005). Karakteristik tersebut menjadikan lokus *Cyt-b* efektif untuk membedakan batas spesies (*species boundary*), melacak dinamika mutasi nukleotida, serta merekonstruksi hubungan filogenetik pada kelompok Octopodidae (Tang *et al.*, 2020; Whitelaw *et al.*, 2023; Fee *et al.*, 2024; Treleven *et al.*, 2024). Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk menganalisis polimorfisme nukleotida, diversitas genetik, jarak genetik, pola mutasi, dan hubungan filogenetik *O. cyanea* asal perairan Kabupaten Kaur, Bengkulu berdasarkan penanda gen *Cyt-b* mtDNA. Data dasar genetik ini diperlukan untuk mendukung perumusan strategi pengelolaan dan konservasi sumber daya gurita berbasis stok lokal di pesisir barat Sumatera.

Bahan dan Metode

Lokasi dan Waktu Penelitian

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan November 2025 hingga Mei 2026. Pengambilan sampel dilakukan di Perairan Desa Linau, Kabupaten Kaur, Provinsi Bengkulu. Isolasi DNA genom, amplifikasi PCR, elektroforesis, dan analisis bioinformatika dilaksanakan di Laboratorium Bioteknologi dan Genetika, Jurusan Biologi, Gedung *Basic Science*, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Bengkulu.

Pengambilan dan Preservasi Sampel

Spesimen gurita (*Octopus cyanea*) diperoleh dari hasil tangkapan nelayan tradisional di Perairan Desa Linau, Kabupaten Kaur sebanyak 5 individu (kode sampel GCyt-b 1, GCyt-b 3, GCyt-b 5, GCyt-b 8, dan GCyt-b 10). Jaringan otot bagian dalam lengan (tentakel) dipotong secara aseptik sepanjang 1–2 cm (sekitar 25 mg), dimasukkan ke dalam tabung mikro yang berisi etanol absolut (96%), dan disimpan pada suhu −20 °C hingga tahapan ekstraksi DNA dilakukan (Pariansyah *et al.*, 2025).

Isolasi DNA Genom

Isolasi DNA genom total dari jaringan tentakel dilakukan menggunakan DNeasy® Blood and Tissue Kit (Qiagen, Cat. No. 69504) sesuai protokol *Spin-Column*. Tahapan ekstraksi meliputi lisis jaringan menggunakan 180 µL *Buffer* ATL dan 20 µL Proteinase K yang diinkubasi pada suhu 56 °C selama 2 jam dengan pengocokan berkala menggunakan *vortex* setiap 30 menit. Pengikatan DNA dilakukan dengan penambahan 200 µL *Buffer* AL dan 200 µL etanol absolut, diikuti pencucian bertahap pada kolom silika menggunakan 500 µL *Buffer* AW1 (8.000 rpm, 1 menit) dan 500 µL *Buffer* AW2 (13.000 rpm, 3 menit). DNA murni dielusi menggunakan 50 µL *Buffer* AE (8.000 rpm, 1 menit) dan disimpan pada suhu −20 °C.

Amplifikasi Gen *Cytochrome b* dan Sekuensing

Amplifikasi fragmen gen *Cyt-b* mtDNA dengan target panjang 723 bp dilakukan menggunakan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan pasangan primer spesifik GCYTBF (*Forward*: 5'–AATTATGGGTGGGTATTGCGTT–3') dan GCYTBR (*Reverse*: 3'–ACCCATACACCCTCTAACATGT–5'). Campuran reaksi PCR disiapkan terdiri atas GoTaq® Green Master Mix, primer *forward*, primer *reverse*, DNA cetakan (*template*), dan ddH_2O steril. Siklus termal PCR diatur meliputi pra-denaturasi pada suhu 95 °C selama 2 menit, diikuti 30 siklus yang terdiri atas denaturasi pada 94 °C selama 1 menit, penempelan primer (*annealing*) pada 57 °C selama 45 detik, dan pemanjangan (*extension*) pada 72 °C selama 1 menit, serta diakhiri pasca-pemanjangan pada 72 °C selama 5 menit. Produk amplifikasi PCR divisualisasikan pada gel agarosa 1,2% dalam larutan penyangga TAE menggunakan

elektroforesis dan diamati di bawah *UV Transilluminator* (λ = 302 nm). Amplikon yang menghasilkan pita DNA tunggal dan tajam dikirim ke PT Genetika Science Indonesia untuk proses sekuensing dua arah (*bidirectional sequencing*) dengan metode Sanger.

Analisis Data Molekuler

Kromatogram hasil sekuensing suntingan *forward* dan *reverse* diperiksa dan dirakit menggunakan perangkat lunak BioEdit, kemudian disejajarkan (*multiple sequence alignment*) menggunakan algoritma ClustalW pada perangkat lunak MEGA (Tamura *et al.*, 2013; Caspermeyer, 2018; Tamura *et al.*, 2021). Verifikasi homologi spesies dilakukan melalui pencocokan sekuens pada basis data GenBank NCBI menggunakan fitur BLASTn. Analisis polimorfisme nukleotida, jumlah haplotipe (*h*), keragaman haplotipe (*haplotype diversity*, *Hd*), dan keragaman nukleotida (*nucleotide diversity*, π) dihitung menggunakan perangkat lunak DnaSP v6.12.03 (Rozas *et al.*, 2017) serta dievaluasi keterhubungannya melalui algoritma *Median-Joining* (Bandelt *et al.*, 1999).

Jarak genetik antarspesimen (*pairwise genetic distance*) diestimasi menggunakan model substitusi Kimura 2-Parameter (K2P) (Kimura, 1980). Pola mutasi dievaluasi berdasarkan frekuensi substitusi transisi (*si*), transversi (*sv*), dan rasio transisi terhadap transversi (*R* = *si*/*sv*) pada setiap posisi kodon. Rekonstruksi pohon filogenetik dilakukan dengan metode *Neighbor-Joining* (NJ) dan *Maximum Likelihood* (ML) menggunakan pengujian *bootstrap* 1.000 replikasi dengan melibatkan sekuens pembanding dari GenBank, yaitu *Octopus cyanea* (NC_039847; Ma *et al.*, 2014), *Octopus vulgaris* (PQ163737), *Octopus maya* (FJ360556 dan MG999672), *Octopus mimus* (PQ043220 dan PQ043217), serta kelompok luar (*outgroup*) *Amphioctopus fangsiao etchuanus* (NC_060722) dan *Amphioctopus fangsiao* (MT180322).

Hasil dan Pembahasan

Polimorfisme dan Diversitas Genetik Gen *Cyt-b*

Amplifikasi PCR dan sekuensing gen *Cyt-b* mtDNA pada kelima spesimen *Octopus cyanea* asal Perairan Desa Linau, Kabupaten Kaur menghasilkan fragmen urutan basa nukleotida sepanjang 723 bp. Hasil penyejajaran sekuens (*multiple sequence alignment*) terhadap sekuens referensi *O. cyanea* asal Tiongkok (GenBank NC_039847) mengidentifikasi 708 situs konservatif (97,93%) dan 15 situs polimorfik atau *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) (2,07%). Sebaran ke-15 situs polimorfik tersebut terletak pada posisi basa nukleotida ke-3, 4, 5, 7, 8, 11, 12, 13, 14, 23, 248, 489, 560, 663, dan 675 (Tabel 1).

Tabel 1. Variasi situs nukleotida polimorfik gen *Cyt-b* mtDNA (723 bp) pada *Octopus cyanea* asal Kabupaten Kaur dibandingkan dengan sekuens referensi GenBank (NC_039847)

Nama Spesimen	Posisi Urutan Nukleotida (bp)														
	3	**4**	**5**	**7**	**8**	**11**	**12**	**13**	**14**	**23**	**248**	**489**	**560**	**663**	**675**
Octopus cyanea (NC_039847 China)	A	A	T	A	T	T	T	G	G	C	C	T	C	T	A
Octopus cyanea (Gcyt-b 1)	.	**T**	.	T	**G**	**G**	**G**	.	**T**	T	.	**C**	.	.	T
Octopus cyanea (Gcyt-b 3)	T	**T**	.	G	**G**	**G**	**G**	T	.	T	.	.	.	.	.
Octopus cyanea (Gcyt-b 5)	.	.	.	.	.	**G**	.	.	.	T	T	.	T	**G**	.
Octopus cyanea (Gcyt-b 8)	T	**T**	.	G	**G**	**G**	**G**	T	.	T	T	.	T	.	T
Octopus cyanea (Gcyt-b 10)	T	**T**	**A**	G	**G**	**G**	**G**	T	.	T	.	.	.	.	.

Keterangan: A = adenin; T = timin; G = guanin; C = sitosin; tanda titik (.) menunjukkan basa nukleotida yang identik dengan sekuens referensi NC_039847; huruf berwarna merah menunjukkan variasi interpopulasi; huruf berwarna biru menunjukkan variasi spesifik intrapopulasi. Total panjang sekuens = 723 bp; situs konservatif = 708 bp; situs polimorfik = 15 bp; jumlah haplotipe (*h*) = 5; keragaman haplotipe (*Hd*) = 1,000; keragaman nukleotida (π) = 0,00963.

Berdasarkan sebaran situs polimorfik pada Tabel 1, variasi nukleotida terbagi menjadi variasi interpopulasi (perbedaan basa antara populasi Kaur dan sekuens referensi NC_039847 yang tersebar konsisten pada beberapa individu, ditandai warna merah pada posisi ke-4, 8, 11, dan 12) serta variasi spesifik intrapopulasi (substitusi unik pada individu tertentu di dalam populasi

Kaur, ditandai warna biru pada posisi ke-5, 14, 489, dan 663). Spesimen Gcyt-b 5 memiliki jumlah perbedaan basa paling sedikit terhadap sekuens referensi NC_039847 (5 situs substitusi pada posisi ke-11, 23, 248, 560, dan 663), sedangkan spesimen Gcyt-b 1 (9 situs), Gcyt-b 3 (8 situs), Gcyt-b 8 (11 situs), dan Gcyt-b 10 (9 situs) memperlihatkan variasi basa yang lebih tinggi. Analisis diversitas genetik menggunakan DnaSP v6 menunjukkan bahwa kelima individu *O. cyanea* asal Kabupaten Kaur membentuk 5 haplotipe unik (h = 5) dengan nilai keragaman haplotipe maksimal (Hd = 1,000) dan keragaman nukleotida (π) sebesar 0,00963.

Jarak Genetik

Analisis jarak genetik (*genetic distance*) berdasarkan model substitusi Kimura 2-Parameter (K2P) dilakukan untuk mengukur persentase divergensi urutan nukleotida gen *Cyt-b* pada tingkat intraspesifik, interspesifik dalam genus *Octopus*, serta terhadap kelompok luar (*outgroup*). Ringkasan nilai jarak genetik minimum, maksimum, dan rata-rata disajikan pada Tabel 2.

Tabel 2. Jarak genetik *Octopus cyanea* berdasarkan sekuens gen *Cyt-b* mtDNA menggunakan model Kimura 2-Parameter (K2P)

Kelompok Pembanding	Min (%)	Maks (%)	Rata-rata (%)
Intraspesifik (*O. cyanea*)	0,15%	1,50%	0,97%
Interspesifik (*Octopus* spp.)	0,75%	13,87%	10,14%
Outgroup (*A. fangsiao*)	14,78%	16,73%	16,02%

Berdasarkan hasil analisis pada Tabel 2, jarak genetik intraspesifik antarindividu *O. cyanea* asal Kabupaten Kaur tergolong sangat rendah, yaitu berkisar antara 0,15% hingga 1,50% dengan nilai rata-rata 0,97%. Berdasarkan matriks jarak genetik berpasangan (*pairwise distance*), jarak genetik terendah tercatat antara spesimen GCyt-b 3 dan GCyt-b 10 sebesar 0,001 (0,15%), diikuti oleh pasangan GCyt-b 3 dan GCyt-b 8 sebesar 0,004 (0,40%), serta pasangan GCyt-b 8 dan GCyt-b 10 sebesar 0,006 (0,60%). Jarak genetik intrapopulasi tertinggi di Perairan Linau ditemukan antara spesimen GCyt-b 1 dan GCyt-b 5 serta antara GCyt-b 5 dan GCyt-b 10 sebesar 0,015 (1,50%). Apabila dibandingkan terhadap sekuens referensi *O. cyanea* asal Tiongkok (NC_039847), spesimen GCyt-b 5 memperlihatkan jarak genetik terdekat sebesar 0,007 (0,75%), sedangkan spesimen GCyt-b 3 (1,20%), GCyt-b 1 (1,30%), GCyt-b 10 (1,30%), dan GCyt-b 8 (1,70%) tetap berada pada rentang divergensi intraspesifik yang sempit.

Sebaliknya, nilai jarak genetik interspesifik antara populasi *O. cyanea* Kabupaten Kaur dan spesies anggota genus *Octopus* lainnya mengalami peningkatan mencolok dengan rentang 0,75% hingga 13,87% dan rata-rata sebesar 10,14% (Tabel 2). Secara berpasangan, divergensi genetik *O. cyanea* asal Kaur terhadap *Octopus maya* (FJ360556 dan MG999672) berkisar antara 10,10% hingga 10,50%, terhadap *Octopus mimus* (PQ043220 dan PQ043217) berkisar antara 11,60% hingga 13,10%, dan terhadap *Octopus vulgaris* (PQ163737) mencapai 12,60% hingga 13,87%. Jarak genetik tertinggi terekam pada perbandingan terhadap kelompok luar (*outgroup*) *Amphioctopus fangsiao etchuanus* (NC_060722) dan *A. fangsiao* (MT180322), yakni berada pada rentang 14,78% hingga 16,73% dengan nilai rata-rata sebesar 16,02%.

Tingkat Mutasi Genetik pada Gen *Cyt-b*

Evaluasi tingkat mutasi genetik dilakukan untuk mengidentifikasi proporsi pasangan nukleotida identik (*identical pairs*), frekuensi substitusi transisi (*si*) dan transversi (*sv*), serta rasio transisi terhadap transversi (*R*) pada setiap posisi kodon gen *Cyt-b O. cyanea* (n = 5). Hasil analisis pola substitusi berdasarkan posisi kodon ditampilkan pada Tabel 3.

Tabel 3. Pola mutasi nukleotida berdasarkan posisi kodon pada gen *Cyt-b* mtDNA *Octopus cyanea* asal Kabupaten Kaur

Posisi Kodon	*n*	Pasangan Identik	*si*	*sv*	*R*
Kodon pertama	5	223	0	1	0,20
Kodon kedua	5	222	1	1	1,00
Kodon ketiga	5	223	0	2	0,20
Rata-rata / Total	5	668	1	1,3	0,46

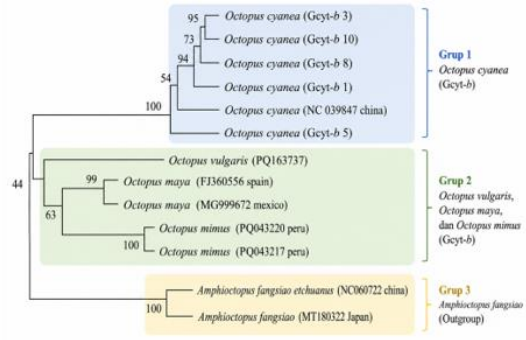
Keterangan: n = jumlah sampel; *si* = frekuensi mutasi transisi; *sv* = frekuensi mutasi transversi; R = rasio transisi terhadap transversi (*si*/*sv*).

Data pada Tabel 3 menunjukkan bahwa rata-rata pasangan nukleotida identik antarindividu berjumlah 668 pasangan basa, yang terdistribusi merata pada kodon pertama (223

pasangan), kodon kedua (222 pasangan), dan kodon ketiga (223 pasangan). Pada tingkat perbandingan rata-rata berpasangan per kodon, mutasi transisi (*si*) tercatat pada kodon kedua (*si* = 1; *R* = 1,00), sedangkan mutasi transversi (*sv*) terdeteksi pada kodon pertama (*sv* = 1; *R* = 0,20), kodon kedua (*sv* = 1), dan mencapai frekuensi tertinggi pada kodon ketiga (*sv* = 2; *R* = 0,20). Secara keseluruhan, nilai rata-rata mutasi transversi (*sv* = 1,3) melampaui mutasi transisi (*si* = 1,0) sehingga menghasilkan rasio transisi terhadap transversi (*R*) sebesar 0,46. Selaras dengan hasil penjajaran sekuens pada ke-15 situs polimorfik (Tabel 1), perubahan basa secara kumulatif mencakup 11 kejadian substitusi transversi (A↔T, A↔C, G↔T, atau C↔G) dan 5 kejadian substitusi transisi (A↔G atau C↔T).

Pohon Filogenetik *Octopus cyanea* Berdasarkan Gen *Cyt-b*

Rekonstruksi pohon filogenetik berdasarkan sekuens gen *Cyt-b* menghasilkan topologi percabangan yang memisahkan taksa uji ke dalam tiga grup evolusioner utama (Gambar 1). Grup 1 merupakan klad monofiletik *Octopus cyanea* yang didukung oleh nilai *bootstrap* 100% dan menghimpun seluruh spesimen asal Kabupaten Kaur (GCyt-b 1, GCyt-b 3, GCyt-b 5, GCyt-b 8, dan GCyt-b 10) bersama sekuens referensi *O. cyanea* asal Tiongkok (NC_039847). Di dalam Grup 1, spesimen GCyt-b 5 menempati posisi percabangan basal, sedangkan empat spesimen lainnya mengelompok dalam subklad internal dengan dukungan *bootstrap* bertingkat sebesar 54%, 94% (GCyt-b 1), 73% (GCyt-b 8), dan 95% (pasangan kerabat terdekat GCyt-b 3 dan GCyt-b 10).



Gambar 1. Pohon filogenetik *Octopus cyanea* asal Kabupaten Kaur beserta taksa pembanding berdasarkan sekuens gen *Cyt-b* mtDNA (723 bp) dengan 1.000 replikasi *bootstrap*

Grup 2 mencakup klad spesies pembanding intragenerik dalam genus *Octopus*, yaitu *Octopus vulgaris* (PQ163737), subklad *Octopus maya* asal Spanyol (FJ360556) dan Meksiko (MG999672) dengan nilai *bootstrap* 99%, serta subklad *Octopus mimus* asal Peru (PQ043220 dan PQ043217) dengan nilai *bootstrap* 100%. Sementara itu, Grup 3 menempati posisi percabangan luar (*outgroup*) yang memisahkan *Amphioctopus fangsiao etchuanus* (NC_060722) dan *A. fangsiao* (MT180322) dengan dukungan *bootstrap* 100%.

Pembahasan

Polimorfisme dan Diversitas Genetik Gen *Cyt-b* pada Gurita Kabupaten Kaur

Dominasi situs konservatif sebesar 97,93% (708 dari 723 bp) pada sekuens gen *Cyt-b* menunjukkan bahwa lokus penyandi protein ini berada di bawah tekanan seleksi pemurnian (*purifying selection*) untuk mempertahankan stabilitas fungsional kompleks sitokrom b dalam rantai respirasi mitokondria (Farias *et al.*, 2001; Tobe *et al.*, 2010). Meskipun bersifat konservatif, deteksi 15 situs polimorfik yang membentuk 5 haplotipe unik (*Hd* = 1,000; π = 0,00963) mengonfirmasi adanya variasi genetik intraspesifik pada populasi *O. cyanea* di Perairan Desa Linau, Kabupaten Kaur. Menurut Tang *et al.* (2020) dan Galtier *et al.* (2009), keberadaan situs polimorfik pada mtDNA mencerminkan akumulasi mutasi titik yang diwariskan secara maternal dan menjadi indikator kapasitas adaptif populasi terhadap perubahan lingkungan.

Kombinasi nilai keragaman haplotipe yang tinggi (*Hd* = 1,000) dengan keragaman nukleotida yang tergolong rendah hingga moderat (π = 0,00963) pada *O. cyanea* asal Kabupaten Kaur menunjukkan pola demografi populasi yang telah mengalami fase ekspansi pasca-penyempitan populasi historis (*bottleneck*), di mana haplotipe-haplotipe baru terbentuk melalui mutasi titik tunggal namun belum terakumulasi menjadi divergensi nukleotida yang besar (Bandelt *et al.*, 1999; Söller *et al.*, 2000). Temuan ini sejalan dengan laporan Whitelaw *et al.* (2023) dan Treleven *et al.* (2024) yang menyatakan bahwa populasi gurita terumbu di kawasan Indo-Pasifik dan Samudra Hindia mampu mempertahankan variasi haplotipe melalui konektivitas aliran gen lintas perairan.

Jarak Genetik Gen *Cyt-b* pada Populasi Gurita Kabupaten Kaur

Perhitungan jarak genetik menggunakan model Kimura 2-Parameter (K2P) dipilih karena model ini mengoreksi perbedaan laju substitusi

transisi dan transversi secara independen pada sekuens mtDNA (Kimura, 1980). Rendahnya jarak genetik intraspesifik antarindividu *O. cyanea* di Perairan Linau (0,15%–1,50%; rata-rata 0,97%) serta terhadap sekuens referensi *O. cyanea* asal Tiongkok NC_039847 (0,75%–1,70%) menegaskan bahwa seluruh spesimen berasal dari satu kesatuan spesies tanpa indikasi spesiasi kriptik (*cryptic speciation*). Mengacu pada konsep *DNA barcoding gap* yang dikemukakan oleh Hebert *et al.* (2003), batas divergensi intraspesifik pada hewan umumnya berada di bawah 2%–3% dan terpisah secara tegas dari rentang divergensi interspesifik.

Rentang jarak genetik interspesifik yang mencapai rata-rata 10,14% terhadap spesies sekerabat (*O. maya*, *O. mimus*, dan *O. vulgaris*) serta 16,02% terhadap *outgroup A. fangsiao* membuktikan efektivitas gen *Cyt-b* dalam memisahkan batas taksonomi anggota famili Octopodidae (Strugnell *et al.*, 2005; Xu *et al.*, 2022). Rendahnya divergensi genetik antara sampel *O. cyanea* Kabupaten Kaur dan populasi Indo-Pasifik lainnya berkaitan erat dengan fase larva planktonik (*paralarva*) yang melayang di kolom air selama beberapa minggu, sehingga memfasilitasi dispersi pasif jarak jauh mengikuti arus oseanografi Samudra Hindia dan mencegah isolasi genetik lokal (Riginos *et al.*, 2016; Amor *et al.*, 2017; Villanueva *et al.*, 2017; Van Nieuwenhove *et al.*, 2019; Treleven *et al.*, 2024).

Tingkat Mutasi Gen *Cyt-b* pada Gurita Kabupaten Kaur

Analisis pola substitusi nukleotida pada gen *Cyt-b O. cyanea* asal Kabupaten Kaur menunjukkan bahwa frekuensi mutasi transversi (*sv* = 1,3; 11 situs substitusi) lebih tinggi dibandingkan mutasi transisi (*si* = 1,0; 5 situs substitusi), dengan nilai rasio *R* sebesar 0,46 (Tabel 3). Secara mekanis, substitusi transisi antar-purin (A↔G) atau antar-pirimidin (C↔T) umumnya memiliki frekuensi awal yang lebih tinggi dibandingkan transversi karena kemiripan struktur cincin kimiawi basa nukleotida (Schmitz *et al.*, 2002; Fee *et al.*, 2024). Namun, penurunan rasio transisi terhadap transversi hingga bernilai kurang dari satu ($R < 1$) merupakan indikasi terjadinya gejala kejenuhan mutasional (*mutational saturation*) akibat substitusi berulang (*multiple hits*) pada situs kodon yang berevolusi cepat, terutama pada posisi kodon ketiga (*sv* = 2; *R* = 0,20) yang sebagian besar bersifat sinonim (Farias *et al.*, 2001; Ma *et al.*, 2014). Karakteristik kejenuhan substitusi pada daerah pengkode mtDNA lazim ditemukan pada kelompok Cephalopoda yang memiliki laju metabolisme mitokondria tinggi serta bias komposisi basa A+T (Boore, 1999; Strugnell *et al.*, 2005; Fee *et al.*, 2024).

Hubungan Filogenetik Gurita Berdasarkan Gen *Cyt-b*

Topologi pohon filogenetik pada Gambar 1 membuktikan bahwa kelima spesimen gurita asal Kabupaten Kaur berada dalam satu klad monofiletik *O. cyanea* (Grup 1) bersama sekuens referensi NC_039847 dengan dukungan *bootstrap* 100%, serta terpisah secara tegas dari klad *O. vulgaris*, *O. maya*, dan *O. mimus* (Grup 2) maupun *outgroup A. fangsiao* (Grup 3). Nilai *bootstrap* sebesar 100% pada titik percabangan utama menunjukkan tingkat kestabilan topologi klad yang kuat dan mengonfirmasi identitas taksonomi sampel penelitian sebagai *O. cyanea* (Tamura *et al.*, 2021; Pariansyah *et al.*, 2025).

Panjang cabang internal yang pendek di antara sampel GCyt-b 1, GCyt-b 3, GCyt-b 5, GCyt-b 8, dan GCyt-b 10 selaras dengan rendahnya jarak genetik intraspesifik (rata-rata 0,97%), yang menandakan bahwa populasi *O. cyanea* di Perairan Linau, Kabupaten Kaur berasal dari satu unit stok genetik yang saling terhubung. Informasi awal (*baseline data*) ini menjadi pijakan ilmiah bagi pengaturan intensitas penangkapan dan perlindungan habitat terumbu karang di pesisir Kabupaten Kaur, sekaligus membuka ruang bagi penelitian lanjutan dengan ukuran sampel dan cakupan geografis yang lebih luas (Ovenden *et al.*, 2015; Sauer *et al.*, 2019).

Kesimpulan

Berdasarkan analisis sekuens gen *Cytochrome b* (*Cyt-b*) mtDNA sepanjang 723 bp pada *Octopus cyanea* asal Perairan Desa Linau, Kabupaten Kaur ($n = 5$), disimpulkan bahwa populasi lokal memiliki 708 situs konservatif (97,93%) dan 15 situs polimorfik (2,07%) yang membentuk 5 haplotipe unik (*Hd* = 1,000) dengan nilai keragaman nukleotida (π) sebesar 0,00963. Jarak genetik Kimura 2-Parameter pada tingkat intraspesifik tergolong sangat rendah (0,15%–1,50%; rata-rata 0,97%) dan terpisah tegas dari jarak interspesifik anggota genus *Octopus* lainnya (rata-rata 10,14%) maupun *outgroup Amphioctopus fangsiao* (rata-rata 16,02%). Pola mutasi nukleotida mencakup 11 substitusi transversi dan 5 substitusi transisi dengan rasio transisi terhadap transversi rata-rata (*R*) sebesar

0,46 yang mengindikasikan kejenuhan substitusi pada posisi kodon sinonim. Rekonstruksi pohon filogenetik menempatkan seluruh sampel Kabupaten Kaur ke dalam satu klad monofiletik *O. cyanea* dengan dukungan *bootstrap* 100%, sehingga mengonfirmasi kesatuan unit stok genetik untuk mendukung pengelolaan perikanan gurita berkelanjutan di Kabupaten Kaur.

Ucapan Terima Kasih

Penulis menyampaikan terima kasih kepada Program Studi Magister Biologi dan Laboratorium Bioteknologi dan Genetika, Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Bengkulu atas penyediaan fasilitas laboratorium selama penelitian berlangsung. Ucapan terima kasih juga disampaikan kepada masyarakat dan nelayan Desa Linau, Kabupaten Kaur yang telah membantu pengoleksian spesimen di lapangan, serta kepada tim pembimbing dan penguji atas arahan ilmiah dalam penyusunan naskah ini.

Referensi

Amor, M. D., Norman, M. D., Roura, Á., Leite, T. S., Gleadall, I. G., Reid, A., Perales-Raya, C., Lu, C. C., Silvey, C. J., Vidal, E. A. G., Hochberg, F. G., Zheng, X., Strugnell, J. M., & Allcock, A. L. (2017). Morphological assessment of the *Octopus vulgaris* species complex evaluated in light of molecular-based phylogenetic inferences. *Zoologica Scripta*, 46(3), 275–288. https://doi.org/10.1111/zsc.12207

Badan Pusat Statistik. (2023). *Statistik perikanan tangkap Indonesia 2023*. Badan Pusat Statistik Republik Indonesia. https://www.bps.go.id/

Bandelt, H. J., Forster, P., & Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1), 37–48. https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036

Benbow, S., Humber, F., Oliver, T. A., Oleson, K. L. L., Raberinary, D., Nadon, M., Ratsimbazafy, H., & Harris, A. (2014). Lessons learnt from experimental temporary octopus fishing closures in south-west Madagascar: Benefits of concurrent closures. *African Journal of Marine Science*, 36(1), 31–37. https://doi.org/10.2989/1814232X.2014.893256

Boore, J. L. (1999). Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 27(8), 1767–1780. https://doi.org/10.1093/nar/27.8.1767

Caspermeyer, J. (2018). MEGA software celebrates silver anniversary. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1558–1560. https://doi.org/10.1093/molbev/msy098

Collins, M. A., Yau, C., Allcock, L., & Thurston, M. H. (2001). Distribution of deep-water benthic and bentho-pelagic cephalopods from the north-east Atlantic. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 81(1), 105–117. https://doi.org/10.1017/S0025315401003459

Farias, I. P., Ortí, G., Sampaio, I., Schneider, H., & Meyer, A. (2001). The cytochrome b gene as a phylogenetic marker: The limits of resolution for analyzing relationships among cichlid fishes. *Journal of Molecular Evolution*, 53(2), 89–103. https://doi.org/10.1007/s002390010197

Fee, G. N., Roura, Á., Emami-Khoyi, A., & Teske, P. R. (2024). The complete mitochondrial genome of *Octopus vulgaris*. *Molecular Biology Reports*, 51(1), 212. https://doi.org/10.1007/s11033-023-08984-3

Galtier, N., Nabholz, B., Glémin, S., & Hurst, G. D. D. (2009). Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: A reappraisal. *Molecular Ecology*, 18(22), 4541–4550. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2009.04380.x

Hajibabaei, M., Smith, M. A., Janzen, D. H., Rodriguez, J. J., Whitfield, J. B., & Hebert, P. D. N. (2006). A minimalist barcode can identify a specimen whose DNA is degraded. *Molecular Ecology Notes*, 6(4), 959–964. https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2006.01470.x

Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(1512), 313–321. https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218

Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base

substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16(2), 111–120. https://doi.org/10.1007/BF01731581

Ma, Y., Zheng, X., Cheng, R., & Li, Q. (2014). The complete mitochondrial genome of *Octopus conispadiceus* (Cephalopoda: Octopodidae). *Mitochondrial DNA*, 27(2), 1058–1059. https://doi.org/10.3109/19401736.2014.928866

Mulyani, L. F., Cokrowati, N., Asri, Y., & Sumsanto, M. (2024). Morphology and morphometric identification of octopuses (Family: Octopodidae) caught at Tanjung Menangis Beach, East Lombok. *Jurnal Airaha*, 13(1), 70–77. https://www.airaha.polikpsorong.ac.id/index.php?journal=airaha&page=article&op=view&path%5B%5D=596

O'Brien, D. A., Taylor, M. L., Masonjones, H. D., Boersch-Supan, P. H., & O'Shea, O. R. (2021). An experimental assessment of social tolerance and den ecology in a high-density octopus population. *Marine Biology*, 168(5), 61. https://doi.org/10.1007/s00227-021-03865-4

Omar, S. B. A., Wahyuddin, N., Apriani, A. Y., Junedi, E. A., Tresnati, J., Parawansa, B. S., & Inaku, D. F. (2020). Biologi reproduksi gurita, *Octopus cyanea* Gray, 1849 di Perairan Selat Makassar dan Teluk Bone. *Prosiding Simposium Nasional Kelautan dan Perikanan*, 7(1), 1–14. https://www.researchgate.net/publication/370051029

Ovenden, J. R., Berry, O., Welch, D. J., Buckworth, R. C., & Dichmont, C. M. (2015). Ocean's eleven: A critical evaluation of the role of population, evolutionary and molecular genetics in the management of wild fisheries. *Fish and Fisheries*, 16(1), 125–159. https://doi.org/10.1111/faf.12052

Pakpahan, S., Artama, W. T., Widayanti, R., & Suparta, I. G. (2016). Genetic characteristics and relationship in different goat populations of Indonesia based on *Cytochrome B* gene sequences. *Asian Journal of Animal Sciences*, 10(1), 29–38. https://doi.org/10.3923/ajas.2016.29.38

Pariansyah, A., Adharini, R. I., Sari, D. W. K., & Hardianto, E. (2025). Morphological, morphometric, and molecular identification of *Octopus cyanea* in the waters of Kaur District, Bengkulu Province, Indonesia. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 26(6), 2640–2652. https://doi.org/10.13057/biodiv/d260609

Riginos, C., Crandall, E. D., Liggins, L., Bongaerts, P., & Treml, E. A. (2016). Navigating the currents of seascape genomics: How spatial analyses can augment population genomic studies. *Current Zoology*, 62(6), 581–601. https://doi.org/10.1093/cz/zow067

Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., & Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution*, 34(12), 3299–3302. https://doi.org/10.1093/molbev/msx248

Sauer, W. H. H., Gleadall, I. G., Downey-Breedt, N., Doubleday, Z., Gillespie, G., Haimovici, M., Ibáñez, C. M., Katugin, O. N., Leporati, S. C., Lipiński, M. R., Markaida, U., Ramos, J. E., Rosa, R., Villanueva, R., & Arguelles, J. (2019). World octopus fisheries. *Reviews in Fisheries Science & Aquaculture*, 27(3), 279–429. https://doi.org/10.1080/23308249.2019.1680603

Schmitz, J., Ohme, M., & Zischler, H. (2002). The complete mitochondrial sequence of *Tarsius bancanus*: Evidence for an extensive nucleotide compositional plasticity of primate mitochondrial DNA. *Molecular Biology and Evolution*, 19(4), 544–553. https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a004110

Sidauruk, E. T., Jarulis, & Bakhtiar, D. (2024). Kajian jenis gurita (*Octopus* sp.) dan makanan olahan berbasis gurita di Kota Bengkulu dan Kabupaten Kaur. *Jurnal Penelitian Ilmiah Multidisiplin*, 8(12), 1–10. https://oaj.jurnalhst.com/index.php/jpim/article/view/7628

Sobrino, I., Juárez, A., Rey, J., Romero, Z., & Baro, J. (2011). Description of the clay pot fishery in the Gulf of Cadiz (SW Spain) for *Octopus vulgaris*: Selectivity and exploitation pattern. *Fisheries Research*, 108(2–3), 283–290.

https://doi.org/10.1016/j.fishres.2010.12.022

Söller, R., Warnke, K., Saint-Paul, U., & Blohm, D. (2000). Sequence divergence of mitochondrial DNA indicates cryptic biodiversity in *Octopus vulgaris* and supports the taxonomic status of *Octopus mimus* (Cephalopoda: Octopodidae). *Marine Biology*, 135(1), 27–34. https://doi.org/10.1007/s002270050004

Storero, L. P., Ocampo Reinaldo, M., Narvarte, M. A., & Iribarne, O. O. (2020). Predation and interaction strength of octopuses and sea stars on different functional groups of the rocky intertidal shores of the Patagonian coast. *Aquatic Ecology*, 54(1), 193–203. https://doi.org/10.1007/s10452-019-09736-x

Strugnell, J., Norman, M., Jackson, J., Drummond, A. J., & Cooper, A. (2005). Molecular phylogeny of coleoid cephalopods (Mollusca: Cephalopoda) using a multigene approach; the effect of data partitioning on resolving phylogenies in a Bayesian framework. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 37(2), 426–441. https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.03.020

Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., & Kumar, S. (2013). MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30(12), 2725–2729. https://doi.org/10.1093/molbev/mst197

Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3027. https://doi.org/10.1093/molbev/msab120

Tang, Y., Zheng, X., Liu, H., & Sunxie, F. (2020). Population genetics and comparative mitogenomic analyses reveal cryptic diversity of *Amphioctopus neglectus* (Cephalopoda: Octopodidae). *Genomics*, 112(6), 3893–3902. https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2020.06.036

Tobe, S. S., Kitchener, A. C., & Linacre, A. M. T. (2010). Reconstructing mammalian phylogenies: A detailed comparison of the cytochrome b and cytochrome oxidase subunit I mitochondrial genes. *PLoS ONE*, 5(11), e14156. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0014156

Treleven, C. R., Kishe, M. A., Silas, M. O., Ngatunga, B. P., Kuboja, B. N., Mgeleka, S. S., Taylor, A. L., Elsmore, M. A. M., Healey, A. J. E., Sauer, W. H. H., Shaw, P. W., & McKeown, N. J. (2024). Genetic analysis of *Octopus cyanea* reveals high gene flow in the South-West Indian Ocean. *Ecology and Evolution*, 14(4), e11205. https://doi.org/10.1002/ece3.11205

Van Nieuwenhove, A. H. M., Ratsimbazafy, H. A., & Kochzius, M. (2019). Cryptic diversity and limited connectivity in octopuses: Recommendations for fisheries management. *PLoS ONE*, 14(5), e0214748. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0214748

Villanueva, R., Perricone, V., & Fiorito, G. (2017). Cephalopods as predators: A short journey among behavioral flexibilities, adaptions, and feeding habits. *Frontiers in Physiology*, 8, 598. https://doi.org/10.3389/fphys.2017.00598

Whitelaw, B. L., Finn, J. K., Zenger, K. R., Cooke, I. R., Morse, P., & Strugnell, J. M. (2023). SNP data reveals the complex and diverse evolutionary history of the blue-ringed octopus genus (Octopodidae: *Hapalochlaena*) in the Asia-Pacific. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 186, 107827. https://doi.org/10.1016/j.ympev.2023.107827

Xu, R., Lü, Y., Tang, Y., Chen, Z., Xu, C., Zhang, X., & Zheng, X. (2022). DNA barcoding reveals high hidden species diversity of Chinese waters in the Cephalopoda. *Frontiers in Marine Science*, 9, 830381. https://doi.org/10.3389/fmars.2022.830381

Zullo, L., Sumbre, G., Agnisola, C., Flash, T., & Hochner, B. (2019). The eye of the common octopus (*Octopus vulgaris*). *Frontiers in Physiology*, 10, 1637