



Struktur Genetik Molekuler Selada Laut (*Ulva lactuca*) di Pantai Ulee Lheue, Indonesia

Molecular Genetic Structure of The Sea Lettuce (*Ulva lactuca*) in Ulee Lheue Coast, Indonesia

Rahmah Hayati*¹, Fawwa Rahly², Muhammad Irzan Majid³

¹Program Studi Agroteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Abulyatama, Aceh Besar, Indonesia

²Program Studi Peternakan, Fakultas Pertanian, Universitas Abulyatama, Aceh Besar, Indonesia

³Program Studi Agroteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Sumatera Utara, Medan, Indonesia

*Penulis Korespondensi

Email: rahmah.hayati_agroteknologi@abulyatama.ac.id

Abstrak. Pantai Ulee Lheue merupakan kawasan pantai di Kota Banda Aceh yang dikembangkan untuk wisata. Spesies rumput laut makro alga tersebar luas di Pantai Ulee Lheue namun belum pernah dimanfaatkan. Satu diantara selada laut hijau (sea lettuce) yang melimpah di Pantai Ulee Lheue yaitu *Ulva lactuca*. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi struktur genetik *Ulva lactuca* yang berasal dari Pantai Ulee Lheue, Aceh, Indonesia secara molekuler. Metode yang digunakan pada penelitian ini yaitu skrining morfologi *Ulva lactuca* yang berpedoman pada literatur jurnal kemudian analisis molekuler ekstraksi DNA genom menggunakan gen primer ITS. Selanjutnya pengujian jarak genetik dengan metode Trichotomy melalui software Treeview X dari analisis statistik GenAlex. Hasil penelitian menunjukkan nilai *Fit* tidak ada perbedaan yang signifikan dengan *Fis*. Nilai total migran (*Nm*) menunjukkan nilai yang berbeda yaitu pada lokus ITS1 0,330 dan ITS 2 yaitu 0,094. Variasi alel lokus ITS dibedakan dengan jelas dari nilai PIC >0,5 artinya memiliki nilai polimorfis yang tinggi. Panjang alel dalam PCR teramplifikasi 300 bp s/d 500 bp. Identifikasi frekuensi statistik gen ITS dari sampel diperoleh pada kedua lokus menunjukkan nilai yang sama (1,000), *Fst* menunjukkan nilai dalam lokus ITS 1 adalah 0,431, dan ITS 2 0,726. Kekekabatan sangat erat diperoleh dari analisis filogenetik terbagi dalam dua (2) kelompok. Sampel UL8 terpisah dengan sampel UL1, UL2, UL3, UL4, UL5, UL6, UL7, UL9, UL10, UL11, UL12, UL13, UL14 dan UL15. Namun sampel UL10 dan UL14 berada dalam 1 klaster sama dengan sampel UL9 dan UL13. Kekekabatan tersebut kemungkinan dikarenakan spesies *Ulva* berasal dari pesisir pantai yang sama.

Kata kunci: Aceh, alga, molekuler, pantai, *Ulva lactuca*

Abstract. Ulee Lheue Beach is a coast area in Banda Aceh City wherein developed for tourism. Macro algae seaweed species are widespread in Ulee Lheue Beach, but that have never been described. One of the green seaweeds (sea lettuce) that was abundant on Ulee Lheue Beach known as *Ulva lactuca*. This research aims to molecularly identify the genetic diversity structure of *Ulva lactuca* originated from the coast of Ulee Lheue Beach, Aceh Indonesia. The method used in this research was *Ulva lactuca* morphology screening based on guided by journal literature, and then molecular analysis of genomic DNA extraction using the ITS primer gene. Furthermore, identify the genetic distance used the Trichotomy method within Treeview X based on the statistic analysis from the GenAlex. The results showed that ITS Locus detected the *Fit* value have been found no

significant difference with *F_{is}* value. The total migrant (*N_m*) showed the different values, namely the *ITS1* locus was found 0,330, and *ITS 2* was found 0,094. The allelic variations in the *ITS* locus could be clearly distinguished from a *PIC* value >0.5, moreover it was a high polymorphic value. The length of the allele in the amplified PCR product was found among 300 bp to 500 bp. The statistical frequency identification based on the *ITS* gene from the samples obtained to both loci showed the same value (1,000) and *F_{st}* showed a significant different values, the *ITS 1* was obtained 0,431, whereas *ITS 2* was found 0,726. Close relationships based on the phylogenetic analysis were divided into two (2) large clusters. The *UL8* samples separated from *UL1*, *UL2*, *UL3*, *UL4*, *UL5*, *UL6*, *UL7*, *UL9*, *UL10*, *UL11*, *UL12*, *UL13*, *UL14* and *UL15* samples. However, the sample of *UL10* and *UL14* were described at the same cluster from *UL9* and *UL13*. The similarity was found due to the species originate from the same marine.

Keywords: Aceh, the algae, molecular, beach, *Ulva lactuca*

1. Pendahuluan

Ulva lactuca yaitu jenis makro alga yang tumbuh di sepanjang pesisir pantai dan berada pada kedalaman garis pasang surut terendah hingga 40 meter. *Ulva lactuca* dikenal dengan *sea lettuce* mengandung banyak klorofil dan dapat bereproduksi dengan cepat. Bagian alga yang dikenal dengan *thallus* yaitu antara akar, batang dan daun sulit dibedakan. *Thallus* berbentuk menyerupai tabung, gepeng, atau pipih dan bulat seperti kantong dan rambut yang tersusun dari uniseluler atau multiseluler. Alga biasanya melekat pada batu karang, kayu, pasir berlumpur, moluska serta epifit pada alga lainnya. Alga kelas *Chlorophyceae* berwarna hijau karena tumbuhan tersebut mengandung klorofil a serta b dominan (Simon *et al.*, 2022). Keberadaan alga dapat mempengaruhi keragaman tumbuhan dan hewan di perairan. Semakin beranekaragam spesies alga, maka semakin tinggi pula keanekaragaman biota laut (Mahendran & Saravanan, 2017).

Ulva lactuca dapat menyediakan habitat biota laut termasuk moluska, ikan dan alga kecil serta *echinodermata*. Namun adanya variasi lingkungan pesisir Pantai Ulee Lheue termasuk cahaya, arus pasang surut, kedalaman air laut, serta ketersediaan nutrisi alga hijau dapat menyebabkan variasi fisiologis dan karakteristik genetik *Ulva lactuca*. *Ulva lactuca* memiliki kandungan protein cukup tinggi yaitu 14,9% dan 50,6% gula tepung. Selain itu juga alga ini mengandung vitamin B1 dan vitamin C. Potensi pengembangan *Ulva lactuca* menjadi produk pangan seperti nori merupakan hal yang sangat dibutuhkan (Ismail & Mohamed, 2017). Di Indonesia nori dibutuhkan di restoran yang menyajikan makanan Jepang. *Ulva lactuca* juga memiliki kandungan lignin yang rendah serta karbohidrat dan air yang tinggi sehingga dapat dimanfaatkan juga untuk biogas. Selain itu telah ditemukan kandungan polisakarida (selulosa dan hemiselulosa) yang tinggi di dalam *Ulva lactuca* dan digunakan untuk sumber bioetanol. *Ulva lactuca* memiliki potensi positif untuk perekonomian masyarakat. Pemanfaatan *Ulva lactuca* sebagai produk pertanian tersebut dapat dicapai dari seleksi populasi karakter genetik dengan metode molekuler sehingga diperoleh individu yang unggul yang dapat dikembangkan (Dominguez & Loret, 2019).

Spesies *Ulva lactuca* tersebar luas di Pantai Ulee Lheue Aceh, Indonesia namun belum pernah dimanfaatkan. Kajian analisis struktur genetik akan memberikan informasi untuk keperluan aplikasi dan pengembangan *Ulva lactuca*. *Ulva lactuca* menghasilkan senyawa *melatonin* dan *phytomelatonin* yang merupakan bagian dari senyawa alkaloid yang berfungsi menghambat aktivitas kanker. Sifat sitotoksik spesifik memperlambat pembelahan (poliferas) sel kanker dan bersifat karsinogen epigenetik yang sangat penting untuk diteliti. Identifikasi spesies *Ulva lactuca* yang sering dilakukan yaitu dengan teknik konvensional dari karakter morfologi, namun teknik tersebut kurang maksimal digunakan. Perkembangan ilmu bioteknologi molekuler akhir-akhir ini dapat menunjukkan ekspresi gen penyandi melalui amplifikasi DNA genom dengan metode *polymerase chain reaction* (PCR) (Sari *et al.*, 2022).

Indeks keanekaragaman secara genetik dari alga *Ulva lactuca* menggunakan metode PCR juga telah dilakukan dengan gen *nifH*, *amoA*, *norB*, dan *nrfA* pada budidaya alga dari komunitas bakteri (Kong *et al.*, 2023). Di Pulau di sub-Antartika, Georgia Selatan juga telah ditemukan keanekaragaman hayati rumput laut jenis *Ulva fenestrata* (Ulvophyceae, Chlorophyta) yang tersebar luas di Kepulauan Falkland melalui taksonomi dengan metode molekuler. Analisis filogenetik penanda primer *rbcL-3P* mengidentifikasi spesies *Ulva fenestrata* (Mrowicki & Brodie, 2023). Selain itu, identifikasi spesies *Ulva* yang berasal dari Denmark, Finlandia, Jerman, Norwegia, dan Swedia telah dianalisis Peneliti lainnya dengan metode barcode DNA gen *tufA* untuk memperoleh rumput laut jenis *Ulva californica*, *Ulva flexuosa*, *Ulva torta*, *Ulva linza*, *Ulva prolifera*, *Ulva fenestrata*, *Ulva australis*, *Ulva usus*, *Ulva kompresa*, *Ulva gigantea* serta *Ulva lacunculata*. Sembilan family *Ulva* sp. menunjukkan bahwa keanekaragaman spesies *Ulva* dengan metode molekuler sangat penting untuk dilakukan (Steinhagen *et al.*, 2023).

Dimasa yang akan datang spesies rumput laut *Ulva lactuca* akan dianggap sebagai makanan yang mengandung sejumlah besar bioaktif utama dan nutrisi lainnya dengan efisiensi peningkatan kesehatan dari keunggulan teknologi yang tinggi. *Ulva lactuca* adalah salah satu sumber senyawa aktif biologis yang termasuk polisakarida tersulfasi, serat makanan, mengandung banyak protein, gula, asam amino, asam lemak tak jenuh ganda, dan fitokimia seperti senyawa fenolik yang akan memberi manfaat kesehatan pada manusia (Mohan *et al.*, 2023). Makroalga *Ulva* juga memiliki senyawa aktif biologis sehingga berpotensi sebagai anti kanker. Analisis bioinformatik dari struktur genetik spesies mampu menunjukkan genom sekuens strain *Ulva lactuca* yaitu EPI24 dengan ukuran ~6,95 Mb, memiliki 6.603 gen penyandi protein (Corredor *et al.*, 2023).

Analisis molekuler alga telah dilakukan beberapa peneliti dengan gen ITS. Struktur genetik *Ulva* yang ditemukan di Negara Vietnam menggunakan penanda genetik yang umum digunakan yaitu wilayah rDNA gen ITS. Spesies lokus tunggal yang dilengkapi dengan informasi morfologi

dan ekologi menghasilkan delimitasi 19 spesies. Empat spesies yang telah diidentifikasi yaitu *Ulva lactuca*, *Ulva reticulata*, *Ulva spinulosa*, dan *Ulva flexuosa*. Klaster genetik dari daerah laut hingga pesisir menunjukkan bahwa spesies *Ulva* di Negara Vietnam berkerabat dekat dengan spesies *Ulva* dari Negara-Negara tetangga, termasuk Jepang, Tiongkok, dan Australia. Hal tersebut menekankan pentingnya data molekuler dalam penilaian keanekaragaman spesies *Ulva* untuk menunjukkan bahwa masih banyak keanekaragaman yang belum ditemukan (Tran *et al.*, 2023). Sumber daya rumput laut dari area pasang surut India juga telah ditemukan keanekaragaman makroalga di 21 pulau berada di bawah Cagar Biosfer Laut Teluk Mannar (GoMMBR), Tamil Nadu. Penemuan sekitar 140 spesies makroalga yang mewakili 53 spesies Chlorophyta, 32 spesies Ochrophyta (Phaeophyta), dan 55 spesies Rhodophyta. Penggunaan teknik molekuler sangat diperlukan untuk memvalidasi ulang dan mengkonfirmasi keragaman genetik sebenarnya yang ada di perairan India untuk pengembangan aspek seperti pemanfaatan biomassa, konservasi terumbu karang, dan aplikasi industri (Ramesh *et al.*, 2023). Akhir-akhir ini telah dilaporkan makroalga di perairan pantai Pulo Breuh, Aceh yaitu 18 spesies dari divisi *Chlorophyta*, *Rhodophyta* dan *Phaeophyta* (Sari, 2016). Selain itu, ditemukan 18 jenis alga di Taman Wisata Alam Batuputih diantaranya *Rhodophyta*, *Phaeophyta* dan *Chlorophyta* (Lenama *et al.*, 2019). Namun belum ditemukan spesies alga *U. lactuca* dari divisi *Chlorophyta* di Pantai Ulee Lheue.

Ekstraksi DNA sering menemukan hasil yang berbeda tergantung jenis alga. Faktor-faktor yang akan mempengaruhi kualitas DNA *Ulva lactuca* yaitu karakter dari dinding sel, kandungan polisakarida, polifenol serta metabolit sekunder. Dinding sel genom alga tersusun dari selulosa dan lignin, dimana bentuknya terdiri dari lembaran, benang dan koloni. Komponen polisakarida kompleks dari spesies alga merupakan bagian dari senyawa bioaktif seperti pigmen, lektin, terpenoid, asam lemak, alkaloid dan senyawa halogen (Arsianti *et al.*, 2016). Sistematika DNA barcoding dari genom tersebut akan mempengaruhi pendekatan dalam filogenetik alga dengan marka amplifikasi PCR. Pengetahuan dari ilmu genetika yang didukung dengan kemajuan teknik molekuler saat ini mampu mendeteksi ekspresi gen dari sel jaringan tumbuhan untuk memecahkan masalah dalam biologi molekuler. Tujuan dari penelitian ini yaitu mengidentifikasi struktur genetik *Ulva lactuca* yang berasal dari pesisir Pantai Ulee Lheue secara molekuler.

2. Bahan dan Metode

2.1. Identifikasi alga

Identifikasi spesies alga yang sering dilakukan saat ini yaitu dengan teknik konvensional berbasis karakter morfologi, namun teknik tersebut kurang maksimal digunakan. Karakteristik morfologi alga *Ulva lactuca* dalam penelitian ini diperoleh berdasarkan jurnal dan publikasi. Alga hijau *U. lactuca* memiliki ciri morfologi yaitu warna hijau dengan *thallus* bertipe membranous

berbentuk lembaran menyerupai daun tipis dan halus dengan lebar 3 cm (Valério *et al.*, 2023). Daun alga *U. lactuca* berumpun menyerupai jaring dan berekspansi radial namun tidak memiliki percabangan (Mohan *et al.*, 2023). Pada bagian pangkal *U. lactuca* dapat menembus cahaya. Tepi lembaran berombak dan lebar lembarannya dapat mencapai 2 – 12 cm. *U. lactuca* hidup menempel di bebatuan, karang, pasir jarang ditemukan hidup menempel pada makroalga lain di daerah perairan dangkal (Malta *et al.*, 1999). Identifikasi molekuler berbasis DNA mampu menunjukkan informasi yang lebih akurat dan memberikan solusi pada keragaman spesies *U. lactuca*. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui struktur genetik *Ulva lactuca* yang ditemukan di sepanjang pesisir Pantai Ulee Lheue, Aceh, Indonesia. Pengambilan data dimulai dari koleksi sampel, ekstraksi DNA, pengujian *Polymerase Chain Reaction* dan analisis data (Hayati *et al.*, 2020). Pengambilan sampel dilakukan berdasarkan *survey eksploratif*. Pengambilan plasma nutfah secara langsung yaitu pada sepanjang pesisir Pantai Ulee Lheue (5°36'N 95°18'E) dari 4 titik lokasi yaitu dilakukan secara *purposive sampling*.

2.2. Analisis Data Molekuler

DNA genom *Ulva lactuca* diekstraksi dengan metode *ctetil trimetil ammonium bromida* (CTAB) (Purba *et al.*, 2020). DNA terdiri dari pasangan basa Adenine (A), Guanina (G), Timin (T) dan Citocina (C). Kuantitas DNA diuji dengan metode nanophotometer dan kualitas DNA diuji dengan gel agarosa (1%) kemudian analisis data *band* DNA menggunakan metode UV-TEX. Selanjutnya, reaksi PCR akan diuji menggunakan primer spesifik ITS1 F (5' TCC GTA GGT GAA CC TGC GG 3') dan R (5' TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC 3'), dengan primer ITS2 F (5' GGA AGT AAA AGT CGT AAC AAG G 3') dan R (5' TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC 3'). Proses denaturasi mengikuti 95°C 3 menit 35 siklus, proses annealing (50°C 40 detik) dan elongasi (72°C 2 menit). Amplifikasi DNA hasil PCR divisualisasi dengan elektroforesis Gel Doc pada UV transiluminator (Hayati *et al.*, 2020). Struktur genetik dianalisis menggunakan metode *Phylogenetic* dan pengelompokan data atau *cluster analysis* dari dendrogram melalui software *Treeview* ver. X (Hayati *et al.*, 2020).

3. Hasil dan Pembahasan

3.1. Nilai F-Statistik

Hasil amplifikasi *Ulva lactuca* berhasil mendapatkan beberapa pita DNA disebut juga alel yaitu ukuran fragmen DNA berbeda pada lokus. Perbedaan ukuran alel karena adanya perbedaan repeat basa. Untuk analisis pita pada visualisasi pada PCR untuk primer ITS pada total 15 sampel UL menghasilkan nilai F statistik (Tabel 1). Kedua lokus mendeteksi alel untuk setiap spesies jumlah yang bervariasi. Spesies yang memiliki satu alel disebut homozigot, sedangkan dua alel atau lebih disebut heterozigot. Analisis Fis menunjukkan nilai yang sama yaitu 1. Lokus ITS

mendeteksi nilai Fit tidak ada perbedaan yang signifikan dengan Fis. Kelompok total migran (Nm) menunjukkan nilai yang berbeda yaitu pada masing-masing lokus ITS1 0,330 dan pada ITS 2 yaitu 0,094. Variasi alel pada lokus ITS dapat dibedakan dengan jelas dengan nilai PIC >0,5 artinya memiliki nilai polimorfis yang tinggi. Penelitian lain di China telah ditemukan alga hijau spesies *Ulva lactuca* dengan polimorfisme 0,5-0,7 (Liu *et al.*, 2020). Struktur genetik alga *Ulva lactuca* penting dipelajari untuk mengetahui pola pewarisan sifat (Thanh *et al.*, 2016).

Tabel 1. Nilai polimorfis (PIC) dari *Ulva lactuca*

Lokus	Fis	Fit	Fst	Nm	PIC
ITS1	1,000	1,000	0,431	0,330	0,5
ITS2	1,000	1,000	0,726*	0,094	0,6
Rataan	1,000	1,000	0,579	0,212	0,55

Keterangan: Fis= Korelasi antara individu, Fit= Korelasi antara frekuensi alel.

Fst= Korelasi antar sub populasi, Nm= Total migran.

PIC= Polymorphism Information Content.

Hasil analisis sampel UL menunjukkan tingkat variasi alel yang paling tinggi yaitu UL2 dengan nilai heterozigositas 0,667 (Tabel 2). Sebanyak 5 spesies *Ulva* yaitu UL1, UL3, UL4 dan UL5 terdeteksi nilai He tidak berbeda (0,333). Sampel UL1, UL3, UL4 dan UL5 mendeteksi nilai N, Na, Ne masing-masing 1,500 berbeda dengan sampel UL2 yaitu 3,000. Ho merupakan proporsi heterozigot dari hasil analisis aktual dalam setiap spesies. Heterozigositas juga merupakan keanekaragaman gen yang diperlukan untuk menghindari spesies menjadi punah (Ramadhan *et al.*, 2023). Nilai He yaitu perkiraan atau prediksi dari individu yang bersifat heterozigot dari alel frekuensi pada beberapa lokus, apabila dibandingkan dengan nilai heterozigositas dengan metode Hardy-Weinberg pada nilai heterozigositas dari lingkungan tempat pengambilan sampel (González *et al.*, 2022). Hasil penelitian ini selaras dengan penelitian Fort *et al.* (2021) yang menyebutkan spesies *Ulva* mendeteksi nilai He > 0,5 dengan nilai PIC > 0,55. Polimorfisme setiap individu atau nilai PIC digunakan untuk mengukur angka diversitas dari setiap lokus agar diketahui sifat polimorfisme terhadap sampel UL.

Tabel 2. Nilai heterozigositas (He) dari *Ulva lactuca*

Sampel	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
UL1	1,500	1,500	1,500	0,549	0,000	0,333	0,400	1,000
UL2	3,000	3,000	3,000	1,099	0,000	0,667	0,800	1,000
UL3	1,500	1,500	1,500	0,549	0,000	0,333	0,400	1,000
UL4	1,500	1,500	1,500	0,549	0,000	0,333	0,400	1,000
UL5	1,500	1,500	1,500	0,549	0,000	0,333	0,400	1,000
Rataan	1,800	1,800	1,800	0,659	0,000	0,400	0,480	1,000

Kelompok indeks shannon I tertinggi juga ditunjukkan pada sampel UL2 yaitu 1,099, sedangkan sampel UL1, UL3, UL4 dan UL5 yaitu masing-masing 0,549. Semua sampel tidak terdeteksi dari nilai Ho (0) dan nilai F tersebut menunjukkan nilai 1. Kemudian pada nilai uHe

mendeteksi nilai antara 0,444 - 0,800. Identifikasi hubungan frekuensi statistik berdasarkan gen ITS dari sampel yang diperoleh berasal dari Pantai Ulee Lheue dengan spesies *Ulva lactuca* menunjukkan pada kedua lokus dengan nilai yang sama (1,000) dan nilai F_{st} menunjukkan nilai yang berbeda yaitu pada ITS 1 0,431 sedangkan pada ITS 2 adalah 0,726 (Tabel 3). Nilai polimerase mampu memperpanjang dari fragmen primer ITS agar menyempurnakan area target. Urutan nukleotida penanda tersebut adalah komplemen basa nukleotida dari DNA target hasil cetakan dalam mesin PCR yang akan menyebabkan primer tidak teramplifikasi. Nilai H_o dan PIC tertinggi disebabkan karena persentase homozigot lebih sedikit dari genotipe heterozigot, namun hasil perhitungan PIC (0,55). Hal ini juga menunjukkan bahwa sampel bersifat polimorfik dan dapat digunakan untuk analisis UV-*Tex*. Suatu lokus dikatakan polimorfik jika nilai polimorfisme yang cukup tinggi $>0,5$ menyatakan bahwa alga *Ulva lactuca* merupakan tanaman yang lebih banyak berkembang dan berproduksi melalui reproduksi aseksual dan seksual.

Tabel 3. Frekuensi lokus dari primer ITS

Nilai	ITS1	ITS2	Rataan	SE
Fis	1,000	1,000	1,000	0,000
Fit	1,000	1,000	1,000	0,000
Fst	0,431	0,726	0,579	0,147
Nm	0,330	0,094	0,212	0,118

Ket: Fis= Korelasi dari frekuensi alel diantara individu dan populasi,
Fit= Korelasi kedua faktor dari frekuensi alel,
Fst= Korelasi dari frekuensi alel antara sub-populasi.

Masing-masing individu *Ulva lactuca* menunjukkan nilai mean square (MS) yang berbeda antara individu dan populasi yaitu 2,667 dan 1,200 (Tabel 4). Estimasi varian tertinggi diperoleh pada sumber antara individu (0,6), sedangkan nilai terendah diperoleh didalam individu (0). Panjang primer yang digunakan pada umumnya sekitar 30 nukleotida. Komposisi basa primer terdiri atas 40-60% GC dan 50% GC, kandungan GC pada masing-masing primer mempengaruhi kerja denaturasi dan annealing pada proses amplifikasi PCR dan akan mempengaruhi nilai diferensiasi (df) serta *mean square* (MS) karena basa GC akan membentuk ikatan hidrogen yang mengikat kuat urutan DNA sepanjang genom.

Tabel 4. Nilai AMOVA dari *Ulva lactuca*

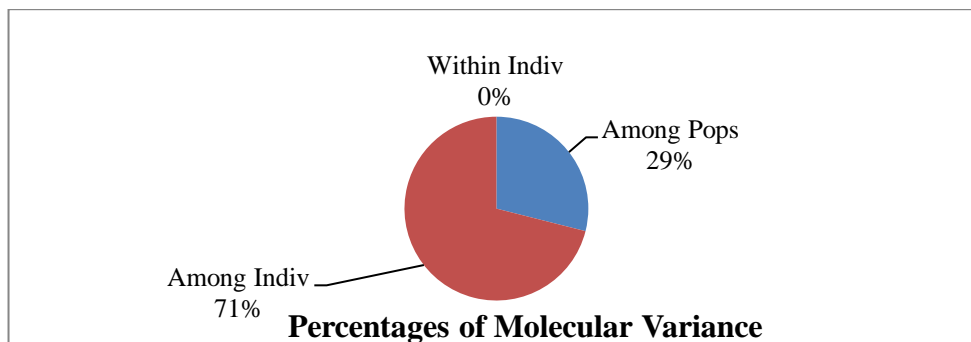
Sumber	df	SS	MS	Est. Var.	%
Antara populasi	4	10,667	2,667	0,244	29%
Antara individu	10	12,000	1,200	0,600	71%
Dalam individu	15	0,000	0,000	0,000	0%
Total	29	22,667		0,844	100%

Berdasarkan hasil PCR, kedua lokus terdeteksi pada semua populasi dan individu. Hal ini serupa dengan penemuan *Ulva lactuca* di Negara Australia yang mendeteksi hasil PCR dari DNA

Genom (Woolcott & King, 1999). Nilai diferensiasi genetika tersebut digunakan dalam mempelajari keragaman genetik dalam subpopulasi maupun antara populasi. Hasil analisis menunjukkan perbedaan genetik dalam individu lebih tinggi dibandingkan antara populasi UL.

3.2. Filogenetik *Ulva lactuca*

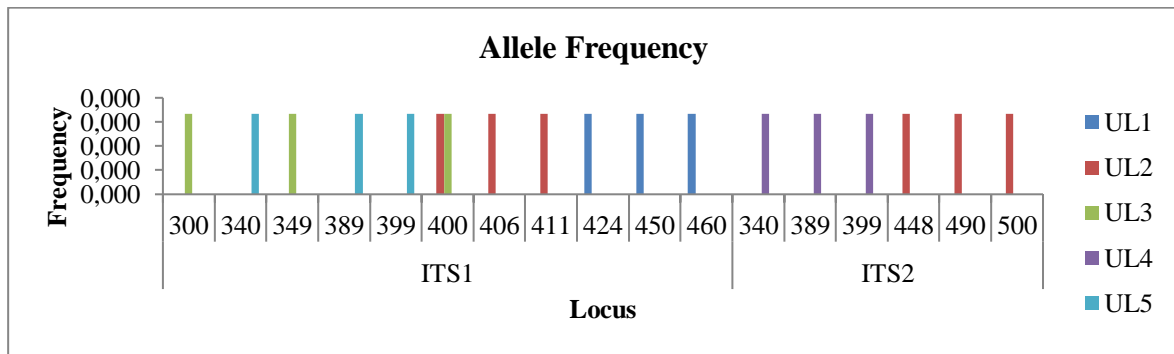
Nilai AMOVA dari kualitas DNA genom pada primer ITS menunjukkan konsentrasi larutan dengan kondisi suhu pada siklus PCR pada suhu annealing. DNA sampel UL tidak membutuhkan kualitas pada kontaminan polisakarida yang bersifat netral karena lokus mengamplifikasi daerah target primer. Hal itu akan berbeda apabila DNA genom mengandung kontaminan polisakarida yang tinggi. Gambar 1 menunjukkan diagram persentase tertinggi diantara individu UL yaitu 71%. Nilai tersebut muncul kemungkinan karena mutasi UL akibat replikasi pada saat amplifikasi (PCR). Dalam hal ini mutasi genetik terjadi karena penambahan dan pengurangan basa pada saat amplifikasi. Pada siklus PCR, *mutation amplification* akan diteruskan di siklus amplifikasi selanjutnya, namun terdeteksi dua macam nilai dengan jarak dekat. Nilai yang tidak akurat dapat terjadi karena kontaminasi permukaan sumur gel akrilamid yang menghambat migrasi nilai DNA. DNA yang bersifat asam atau karagenan dan pektin akan menyebabkan DNA tidak ternilai. Struktur jumlah polisakarida mirip dengan asam nukleat menyebabkan polisakarida mengendap bersama asam nukleat sehingga menghambat kerja enzim Taq polimerase. Selain itu DNA yang pekat juga menyebabkan primer tidak menempel pada daerah target dan akan mempengaruhi nilai varian.



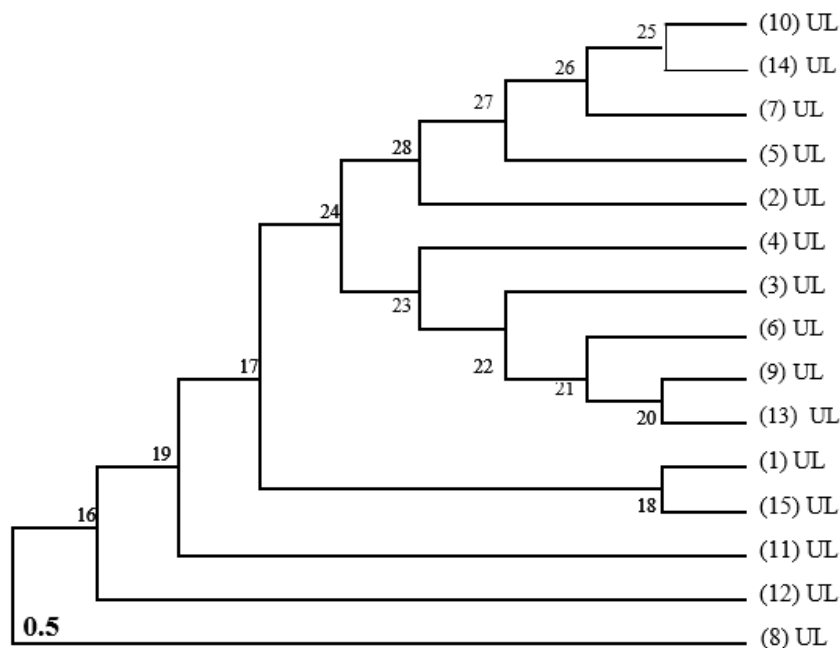
Gambar 1. Persentase analisis molekuler varian

Pemilihan suhu annealing yang tinggi menyebabkan produk DNA yang dihasilkan sedikit, sehingga hasil frekuensi alel akan rendah. Suhu dalam *annealing* yang rendah juga akan menyebabkan penempelan primer tidak spesifik dan menempel pada sembarang sehingga daerah target tidak teramplifikasi nilainya, namun menghasilkan produk PCR spesifik. Suatu alel spesifik yang ditemukan dapat berpotensi sebagai penciri sampel UL apabila berkaitan dengan gen yang penting yang bermanfaat. Bagian plasma nutfah yang belum dimanfaatkan seperti *Ulva lactuca* dari pantai Ulee Lheue Aceh atau belum ditemukan akan diketahui manfaatnya setelah dilakukan

penelitian dalam metode molekuler. Pemilihan primer juga sangat diperlukan dalam mendukung keberhasilan proses amplifikasi dan dapat menghasilkan produk amplifikasi PCR yang diinginkan. Panjang alel dalam produk PCR teramplifikasi dalam penelitian ini ditemukan dari nilai 300 bp hingga 500 bp ([Gambar 2](#)). Dasar pemilihan primer yang baik dapat ditentukan dari panjang primer, komposisi basa, temperatur annealing, serta pemilihan basa pada ujung 3’.



Gambar 2. Frekuensi alel alga *Ulva lactuca*



Gambar 3. Filogenetik *Ulva lactuca* dengan metode *trichotomy*.

Kekerabatan yang sangat erat berdasarkan analisis filogenetik dari lokasi yang berbeda di Pantai Ulee Lheue Banda Aceh, yaitu terbagi dalam dua (2) kelompok besar ([Gambar 3](#)). Sampel UL8 terpisah dengan sampel UL1, UL2, UL3, UL4, UL5, UL6, UL7, UL9, UL10, UL11, UL12, UL13, UL14 dan UL15. Namun sampel UL10 dan UL14 berada dalam 1 kluster sama halnya dengan sampel UL9 dan UL13. Kemiripan kemungkinan dikarenakan spesies tersebut berasal dari pesisir pantai yang sama. Penelitian sebelumnya ([El-Darier et al., 2021](#)) telah menemukan

kekerabatan antara spesies *Ulva* (*green seaweed*) dalam dua klaster berbeda menggunakan 3 lokus. Selain itu, dalam penelitian ini terbatas hanya menggunakan 2 lokus. Analisis menggunakan lebih beragam lokus akan memberikan hasil yang berbeda untuk memastikan kemiripan tersebut dan mendapatkan pengelompokan yang lebih akurat. Dendrogram atau *trychotomy* jarak genetik dapat berubah dan dipengaruhi oleh substitusi nukleotida serta jumlah sampel yang berpengaruh terhadap polimorfisme alel pada suatu populasi alga.

Keanekaragaman genetik menentukan variasi sifat di dalam spesies alga yang mempengaruhi individu dalam beradaptasi pada berbagai kondisi lingkungan. Hal ini dalam struktur genetik akan ditunjukkan dalam jumlah dan frekuensi alel, genotip serta nilai heterozigositas (Hughey & Gabrielson, 2022). Jumlah alel dapat dideteksi berdasarkan analisis filogenetik yang merupakan koleksi sampel *Ulva* dari daerah Pantai Ulee Lheue Banda Aceh pada alga *Ulva lactuca* yang ditemukan bervariasi. Semakin besar jumlah individu yang dianalisis maka kemungkinan semakin besar pula variasi yang ditemukan (Ventura & Castañón, 1998). Selain jumlah individu, jumlah lokus juga akan mempengaruhi analisis filogenetik yang terdeteksi. Struktur genetika sampel UL dapat ditentukan dari frekuensi alel. Frekuensi alel yang tinggi akan bervariasi dalam kumpulan koleksi pohon filogenetik yang dapat terjadi secara spontan karena mutasi genetik yang dipengaruhi oleh interaksi DNA genom dengan mutagen. Mutasi juga merupakan variasi alel atas dasar pembentukan variasi spesies (Bonanno *et al.*, 2020; O'Kelly *et al.*, 2020). Mutasi dapat terjadi dan menghasilkan beberapa perubahan urutan DNA dalam produk gen.

Selain di Indonesia, spesies alga *Ulva* juga telah dilaporkan dari perairan Teluk Persia, teridentifikasi spesies *U. lactuca* melalui metode sekuensing gen *rbcL* dan ITS (Farasat *et al.*, 2022). Hal tersebut didukung dari aspek molekuler, morfologi maupun anatomi. Beberapa perbedaan dari hasil yang diperoleh untuk *U. lactuca* berbeda dengan spesies *U. linza*, *U. prolifera*, *U. lactuca*, dan *U. ohnoi*. Penelitian lain menyebutkan bahwa, penanda ITS mengidentifikasi enam spesies *Ulva* selain *U. lactuca* di pesisir laut Negara Portugal, dimana telah ditemukan juga spesies *U. flexuosa* (Lagourgue *et al.*, 2022). Di laut Okinawa, Jepang, menggunakan metode sekuensing gen ITS2, teridentifikasi 164 spesimen gen *Ulva* dengan 29 fragmen PCR berbeda yang terdiri dari beberapa spesies yang dikenal juga sebagai sekuens gen terbaru. Di Teluk Persia juga telah dilaporkan spesies *U. lactuca* dan *U. flexuosa* yang berbeda pada dua cabang cluster pohon *phylogenetic* (Tran *et al.*, 2022; Steinhagen *et al.*, 2023).

4. Kesimpulan

Berdasarkan hasil penelitian yang diperoleh, dapat disimpulkan bahwa alga *Ulva lactuca* memiliki polimorfisme yaitu 0,55. Hal itu ditunjukkan dari analisis 2 lokus pada 15 sampel UL

ditemukan variasi nilai He dan PIC berturut-turut 0,333-0,7667; 0,50-0,60. Nilai He menunjukkan tingkat keanekaragaman *Ulva lactuca* yang tinggi. Nilai PIC menunjukkan lokus yang digunakan dalam penelitian ini bersifat polimorfis. Struktur genetik juga dianalisis melalui hubungan kekerabatan menghasilkan filogenetik dengan koefisien kemiripan antara 0.5 dalam *Euclidean data log 10 transform* yang membentuk pohon filogenetik. Hasil analisis filogenetik ditemukan kemiripan dua kluster utama yang terpisah. Sampel UL8 terpisah dengan sampel UL1, UL2, UL3, UL4, UL5, UL6, UL7, UL9, UL10, UL11, UL12, UL13, UL14 dan UL15. Hasil penelitian ini dapat dilanjutkan dari aspek *sequencing* untuk analisis BLAST pada NCBI melalui hasil PCR untuk memperoleh kode genetik spesifik dari tumbuhan selada laut *U. lactuca*.

Ucapan Terima Kasih

Penelitian ini didukung oleh program Penelitian Kompetitif Nasional, skema Penelitian Dosen Pemula dari Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi Kementerian Pendidikan dan Kebudayaan Republik Indonesia dengan Nomor Kontrak Utama adalah 189/E5/PG.02.00.PL/2023, dan Nomor Kontrak Turunan yaitu: 031/LL13/AL.04/LT/2023, 05.12.11/LPPM/VI/2023.

Daftar Pustaka

- Arsianti, A., Fadilah, F., Fatmawaty, F., Wibisono, L. K., Kusmardi, K., Azizah, N. N., ..., & Pangestuti, R. (2016). Phytochemical composition and anticancer activity of seaweeds *Ulva lactuca* and *Eucheuma cottonii* against breast MCF-7 and colon HCT-116 cells. *Asian Journal of Pharmaceutical and Clinical Research*, 9(6), 115-119. <https://doi.org/10.22159/ajpcr.2016.v9i6.13798>
- Bonanno, G., Veneziano, V., Raccuia, S. A., & Orlando-Bonaca, M. (2020). Seagrass *Cymodocea nodosa* and seaweed *Ulva lactuca* as tools for trace element biomonitoring. A comparative study. *Marine Pollution Bulletin*, 161, 111743. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2020.111743>
- Corredor, A. N. N., González, N. B. C., Acelas, M., & Castaño, D. M. (2023). Genome of the epiphytic bacterium *Achromobacter denitrificans* strain EPI24, isolated from a macroalga located in the Colombian Caribbean. *Biotechnology Reports*, 37, e00788. <https://doi.org/10.1016/j.btre.2023.e00788>.
- Dominguez, H., & Loret, E. P. (2019). *Ulva lactuca*, a Source of Troubles and Potential Riches. *Marine drugs*, 17(6), 357. <https://doi.org/10.3390/md17060357>
- El-Darier, S. M., Metwally, A. F. K., Nasser, A. W., & Taha, H. M. (2021). Biointerference relationship between the macroalga *Ulva lactuca* and two green microalgae. *The Egyptian Journal of Aquatic Research*, 47(2), 163-169. <https://doi.org/10.1016/j.ejar.2021.03.002>.
- Farasat, N., M., Riahi, H., & Koohdar, F. (2022). Study of morphological, anatomical characteristics and metabolic assay of some *Ulva* species (sea lettuce) in the coastal waters of the Persian Gulf, Iran. *Biologica Reperta*, 9 (3), 222-235. <https://doi.org/10.52547/nbr.9.3.222>
- Fort, A., McHale, M., Cascella, K., Potin, P., Usadel, B., Guiry, M. D., & Sulpice, R. (2020). Foliose *Ulva* species show considerable inter-specific genetic diversity, low intra-specific genetic variation, and the rare occurrence of inter-specific hybrids in the wild. *Journal of phycology*, 57(1), 219-233. <https://doi.org/10.1111/jpy.13079>

- González, A., Osorio, H., Romero, S., Méndez, P., Sepúlveda, M., Laporte, D., & Moenne, A. (2022). Transcriptomic analyses reveal increased expression of dioxygenases, monooxygenases, and other metabolizing enzymes involved in anthracene degradation in the marine alga *Ulva lactuca*. *Frontiers in Plant Science*, *13*, 955601. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.955601>
- Hayati, R., Basyuni, M., & Chalil, D. (2020). Genetic diversity, sequence and bioinformatic analysis of *Ganoderma boninense* isolates. *International Journal of Agriculture & Biology*, *23*(4), 763-770. https://www.researchgate.net/publication/339310608_Genetic_Diversity_Sequence_and_Bioinformatic_Analysis_of_Ganoderma_boninense_Isolates
- Hughey, J. R., & Gabrielson, P. W. (2022). DNA analysis of the lectotype specimen of *Ulva nematoidea* Bory (Ulvaceae, Chlorophyta) determines its synonymy with *Ulva lactuca* L. *Cryptogamie, Algologie*, *43*(7), 117-124. <https://doi.org/10.5252/cryptogamie-algologie2022v43a7>
- Ismail, M. M., & Mohamed, E. S. (2017). Differentiation between some *Ulva* spp. by morphological, genetic and biochemical analyses. *Frontiers*, *21*(3), 360-367. <https://doi.org/10.18699/VJ17.253>
- Kong, S., Chen, Z., Zhao, F., Liu, Q., & Li, J. (2023). *Cultivation of Ulva lactuca changes bacterial community structure and abundances of nitrogen cycling functional genes in an IMTA system*. Retrieved from <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-2801471/v1>.
- Lagourgue, L., Gobin, S., Brisset, M., Vandenberghe, S., Jauffrais, T., & Payri, C. E. (2022). Ten new species of *Ulva* (Ulvophyceae, Chlorophyta) discovered in New Caledonia: Genetic and morphological diversity, and bloom potential. *European J. Phycology*, *57* (4), 458-478. <https://doi.org/10.1080/09670262.2022.2027023>
- Lenama, E., Bullu, N. I., & Kase, A. G. (2019). Struktur komunitas makroalga di perairan pantai Palibo Kecamatan Kabola Kabupaten Alor. *J. Pend. dan Sains Biol.* *2* 73-84. Doi : [10.33323/indigenous.v2i2.32](https://doi.org/10.33323/indigenous.v2i2.32)
- Liu, J., Zhuang, M., Zhao, L., Liu, Y., Wen, Q., Fu, M., & He, P. (2020). Taxonomy and Genetic Diversity of Amphipods Living on *Ulva lactuca* L. from Gouqi Coast, China. *Pacific Science*, *74*(2), 137-146. <https://doi.org/10.2984/74.2.3>
- Mahendran, S., & Saravanan, S. (2017). Molecular taxonomy of green seaweeds *Ulva lactuca* and *Caulerpa taxifolia* through phylogenetic analysis. *Indian Journal of Geo-Marine Sciences (IJMS)*, *46*(02), 414-419. <https://www.researchgate.net/publication/339934580>
- Malta, E. J., Draisma, S. G., & Kamermans, P. (1999). Free-floating *Ulva* in the southwest Netherlands: species or morphotypes? A morphological, molecular and ecological comparison. *European journal of phycology*, *34*(5), 443-454. <https://doi.org/10.1017/S0967026299002474>
- Mohan, E. H., Madhusudan, S., & Baskaran, R. (2023). The sea lettuce *Ulva* sensu lato: Future food with health-promoting bioactives. *Algal Research*, 103069. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2023.103069>
- Mrowicki, R. J., & Brodie, J. (2023). The first record of a non-native seaweed from South Georgia and confirmation of its establishment in the Falkland Islands: *Ulva fenestrata* Postels & Ruprecht. *Polar Biology*, *46*, 489-496. <https://doi.org/10.1007/s00300-023-03136-6>
- O'Kelly, C. J., Kurihara, A., Shipley, T. C., & Sherwood, A. R. (2010). Molecular Assessment of *Ulva* Spp. (Ulvophyceae, Chlorophyta) In The Hawaiian Islands 1. *Journal of phycology*, *46*(4), 728-735. <https://doi.org/10.1111/j.1529-8817.2010.00860.x>
- Purba, A., Hayati, R., Putri, L. A., Chalil, D., Syahputra, I., & Basyuni, M. (2020). Genetic diversity and structure of *Ganoderma boninense* isolates from oil palm and other plantation crops. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, *21*(2), 451-456. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d210204>

- Ramadhan, N., Martinsyah, R. H., Muhsanati, M., Obel, O., & Dwipa, I. (2023). Review Artikel: Keanekaragaman Hanjeli (*Coix lacrimajobi* L.) di Sumatera Barat. *Agroteknika*, 6(1), 57-69. <https://doi.org/10.55043/agroteknika.v6i1.193>
- Ramesh, C. H., Prasastha, V. R., Shunmugaraj, T., Karthick, P., Mohanraju, R., Koushik, S., & Murthy, M. V. R. (2023). Diversity and impacts of macroalgae and cyanobacteria on multi-stressed coral reefs in the Gulf of Mannar Marine Biosphere Reserve. *Marine Environmental Research*, 106161. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2023.106161>
- Sari, M. (2016). *Jenis keanekaragaman makroalgae di perairan pantai Ulee Paya Pulo Breuh sebagai penunjang mata kuliah botani tumbuhan rendah* [Thesis]. 79.
- Sari, V. K., & Restanto, D. P. (2022). Review Artikel: Metode Ekstraksi DNA Genom untuk Tanaman Tinggi Kandungan Polisakarida dan Metabolit Sekunder. *Agroteknika*, 5(2), 118-129. <https://doi.org/10.55043/agroteknika.v5i2.155>
- Simon, C., McHale, M., & Sulpice, R. (2022). Applications of Ulva biomass and strategies to improve its yield and composition: A perspective for Ulva aquaculture. *Biology*, 11(11), 1593. <https://doi.org/10.3390/biology11111593>
- Steinhagen, S., Hoffmann, S., Pavia, H., & Toth, G. B. (2023). Molecular identification of the ubiquitous green algae Ulva reveals high biodiversity, crypticity, and invasive species in the Atlantic-Baltic Sea region. *Algal Research*, 73, 103132. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2023.103132>
- Thanh, T. T. T., Quach, T. M. T., Nguyen, T. N., Luong, D. V., Bui, M. L., & van Tran, T. T. (2016). Structure and cytotoxic activity of ulvan extracted from green seaweed *Ulva lactuca*. *International Journal of Biological Macromolecules*, 93, 695-702. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2016.09.040>
- Tran, L. A. T., Leliaert, F., Vieira, C., Tran, T. V., Nguyen, T. V., Dam, T. D., & De Clerck, O. (2023). Molecular assessment of *Ulva* (Ulvales, Chlorophyta) diversity in Vietnam including the new species *U. vietnamensis*. *Phycological Research*, 71(1), 13-24. <https://doi.org/10.1111/pre.12507>
- Tran, L. A. T., Vieira, C., Steinhagen, S., Maggs, C. A., Hiraoka, M., & Leliaert, F. (2022). An appraisal of *Ulva* (Ulvophyceae, Chlorophyta) taxonomy. *J. Applied Phycol.* 34 5 2689-2703. DOI: 10.1007/s10811-022-02815-x
- Valério, F. A., Santana, L. R., Motta, N. G., Passos, L. F., Wolke, S., Mansilla, A., & Carreno, N. L. V. (2023). Extraction of fatty acids and cellulose from the biomass of algae *Durvillaea antarctica* and *Ulva lactuca*: An alternative for biorefineries. *Algal Research*, 71, 103084. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2023.103084>
- Ventura, M. R., & Castañón, J. I. R. (1998). The nutritive value of seaweed (*Ulva lactuca*) for goats. *Small Ruminant Research*, 29(3), 325-327. [https://doi.org/10.1016/S0921-4488\(97\)00134-X](https://doi.org/10.1016/S0921-4488(97)00134-X)
- Woolcott, G. W., & King, R. J. (1999). *Ulva* and Enteromorpha (Ulvales, Ulvophyceae, Chlorophyta) in eastern Australia: comparison of morphological features and analyses of nuclear rDNA sequence data. *Australian Systematic Botany*, 12(5), 709-725. <https://doi.org/10.1071/SB97034>