

Keragaman genetik ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) di Perairan Laut Maluku Utara

*Genetic diversity of skipjack (*Katsuwonus pelamis*) in North Maluku Sea*

Nebuchadnezzar Akbar^{1*}, Rusmawati Labenua²

Program Studi Ilmu Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Khairun;

²Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Khairun.

*Email korespondensi: nezzarnebuchad@yahoo.co.id

Abstract. *Skipjack tuna is a migratory species that migrate globally throughout the ocean. The North Maluku Sea has a big potency on skipjack, this resource has been exploited intensively and gave the negative impact on skipjack population. The genetic data is one of the important information to strategy a better sustainable fisheries management. Hence, the aims of the study were to analyze the genetic diversity data in North Maluku Sea. The samples were collected from three locations, namely Morotai Island, South Halamera and Bacan. A total of 10 samples were collected from every location. The samples were extracted with Chelex 10%, and processing for PCR and sequencing. The results showed that molecular characteristics in skipjack are 546 (bp). The genetic diversity was ranged from 0.800-1.000 with the total of 28 haplotypes of 30 samples. The genetic diversity is included in high/ undisturbed criteria and showed the population still in stable condition.*

Keywords : *Genetic diversity, management, North Maluku, skipjack*

Abstrak. Ikan Cakalang merupakan migratori spesies yang bermigrasi secara global di seluruh samudera. Potensi ikan cakalang sangat tinggi di perairan laut Maluku Utara. Pemanfaatan sumberdaya ikan cakalang sudah dilakukan lama dan terus menerus sehingga berdampak pada penurunan, oleh karena itu perlu segera dilakukan pengelolaan secara berkelanjutan. Data genetik merupakan salah satu informasi penting untuk menyusun rencana pengelolannya di perairan laut Maluku Utara. Oleh karena itu penelitian ini bertujuan untuk melakukan analisis keragaman genetik ikan cakalang di perairan Maluku Utara. Sampel ikan diperoleh dari tiga lokasi, yaitu Pulau Morotai, Halamera Selatan dan Bacan, masing-masing lokasi dengan 10 sampel. Hasil penelitian diperoleh karakteristik molekuler pada ikan cakalang 546 (bp). Keragaman genetik ditemukan berkisar 0.800-1.000 dengan jumlah 28 jaringan haplotipe dari 30 sampel. Nilai keragaman genetik masuk dalam kriteria tinggi/baik, sehingga bisa dikatakan bahwa populasi ikan masih dalam kondisi stabil.

Kata kunci : Ikan Cakalang, Maluku Utara, keragaman genetik, pengelolaan

Pendahuluan

Ikan cakalang merupakan salah satu species target dalam usaha perikanan tangkap di Indonesia dan merupakan sumberdaya penting sektor perikanan di perairan Maluku Utara. Total produksi ikan cakalang di perairan Maluku Utara adalah 57.126,3 ton per tahun (KKP, 2015). Hasil tangkap yang cenderung meningkat dan dilakukan secara terus menerus memberikan dampak terhadap kelestarian sumberdaya ikan. Studi kasus bahaya terhadap keberlangsungan ikan cakalang di perairan laut Flores telah dilaporkan oleh Mallawa *et al.* (2014), dimana penangkapan ikan ini dengan menggunakan alat bantu rumpon memberikan dampak terhadap kelestarian sumberdaya ikan. Selanjutnya Mallawa *et al.* (2012) melaporkan ikan cakalang yang tertangkap di perairan Teluk Bone memperlihatkan perbedaan kisaran panjang, panjang dominan dan panjang rata-rata ikan menurut teknologi penangkapan.

Eksplorasi yang tinggi harus diikuti dengan suatu pendekatan konservatif, hal ini membutuhkan strategi dalam upaya pencegahan hilangnya sumberdaya ikan khususnya ikan cakalang. Akbar *et al.* (2014a) mengatakan salah satu strategi yang dapat diterapkan adalah melalui



program konservasi genetik untuk melindungi kestabilan populasi ikan, untuk mendukung program tersebut diperlukan kajian tentang keragaman genetik populasi ikan sebagai dasar bagi penetapan kebijakan pengelolaan dan konservasi genetik di kawasan ini. Beberapa penelitian genetik ikan sudah dilakukan seperti Graves *et al.* (1984) di perairan samudera Pasifik dan Atlantik, pada ikan cakalang. Menezes *et al.* (2006) pada ikan cakalang diperairan India dan Jepang, Dammannagoda *et al.* (2011) pada ikan cakalang di bagian utara Samudera Hindia Akbar *et al.* (2014a) ikan tuna sirip kuning di perairan Maluku Utara, Jackson *et al.* (2014) pada ikan tuna dan mackerel di beberapa perairan kepulauan Indonesia. Lebih lanjut Fakhri *et al.* (2015) telah melakukan penelitian keragaman genetik pada ikan cakalang di perairan Bali, sedangkan Aris *et al.* (2017) pada ikan tuna sirip kuning di perairan Maluku Utara.

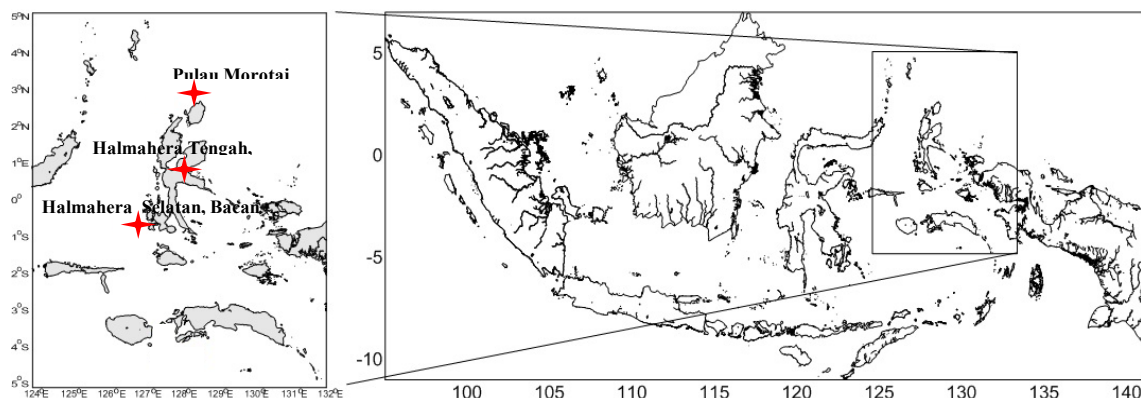
Penelitian genetik ikan penting untuk dapat menjelaskan status populasi saat ini. Kusuma *et al.* (2016b) mengatakan keragaman genetik merupakan suatu variasi di dalam populasi yang terjadi akibat adanya keragaman di antara individu yang menjadi anggota populasi. Lebih lanjut Fakhri *et al.* (2015) mengatakan variasi genetik dari suatu populasi merupakan gambaran adanya perbedaan intraspesies. Pengetahuan aspek genetik suatu spesies penting untuk dijadikan sebagai kunci konservasi, perubahan di alam dan monitoring keanekaragaman (Schwartz *et al.*, 2006; Kusuma *et al.*, 2016b; Muchlisin *et al.*, 2012). Informasi tentang struktur dapat digunakan sebagai upaya konservasi dan pengelolaan perikanan untuk spesies pelagis bernilai komersil di Indonesia (Jackson *et al.*, 2014).

Selain kajian mengenai genetika, beberapa aspek aspek biologi, struktur dan dinamika populasi ikan cakalang juga telah laporkan oleh beberapa peneliti (Jamal *et al.*, 2011; Tilohe *et al.*, 2014 Toatubun *et al.*, 2015). Namun penelitian pada aspek genetik ikan cakalang di perairan laut Maluku Utara hingga sekarang belum dilakukan. Oleh karena itu penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik ikan cakalang yang tertangkap di perairan laut Maluku Utara yang dapat dijadikan sebagai dasar penyusunan rencana pengelolaannya di masa depan.

Bahan dan Metode Penelitian

Waktu, lokasi penelitian dan koleksi sampel

Pengambilan sampel dilakukan pada bulan Maret-Mei 2018 pada 3 lokasi yaitu Kabupaten Pulau Morotai (n=10), Kabupaten Halamahera Selatan, Bacan (n=10), Kabupaten Halmahera Tengah, Weda (n=10) (Gambar 1). Sampel ikan untuk analisis genetik diambil pada bagian sirip *pectoral*. Sampel yang diperoleh kemudian difoto, diukur morfologi dan diambil bagian sirip dada sepanjang 3 cm, setelah itu disimpan dalam tabung yang telah terisi larutan etanol 90% untuk pengawetan (Akbar *et al.*, 2018). Sampel kemudian dibawa ke laboratorium untuk proses analisis DNA.



Gambar 1. Lokasi pengambilan sampel ikan cakalang



Ekstraksi, *Polymerase Chain Reaction* (PCR), Elektroforesis dan sekuensing DNA

Ekstraksi DNA menggunakan larutan Chelex 10% (Walsh *et al.*, 1991). Ekstraksi DNA dimulai dengan pengambilan sampel jaringan (Akbar *et al.*, 2018). Profil ekstraksi meliputi setitik sampel yang dimasukkan dalam *tube* lalu divortex dan disentrifuge selama 20 detik, kemudian dipanaskan dalam *heat blok* dengan suhu 95°C selama 45 menit. Setelah dipanaskan, *tube* kembali divortex dan disentrifuge selama lebih kurang 20 detik (Akbar *et al.*, 2014). Analisis genetik pada fragmen DNA menggunakan metode DNA *sequencing* dengan primer CRK-CRE (Lee *et al.*, 1995). Profil PCR meliputi denaturasi awal pada suhu 94 °C selama 15 detik, denaturasi pada 94 °C selama 30 detik, annealing pada 50 °C selama 30 detik, dan extension pada 72 °C selama 45 detik, selama 72 °C untuk 5 menit dan proses ini terjadi pengulangan sebanyak 38 siklus.

Pengecekan kualitas produk DNA dilakukan dengan elektroporesis (Akbar *et al.*, 2018) dengan gel agarose 1% dengan cara 1 gram agarosa dimasukkan erlenmeyer kemudian ditambahkan 100 mL TAE 1X. Kemudian dipanaskan dengan mikrowave, jika sudah larut merata ditambahkan 4 uL EtBr. Gel agarosa dituangkan dalam cetakan yang sudah dipasang sisir pembuat sumur dan didiamkan selama 30 menit. Hasil elektroforesis kemudian di visualisasi menggunakan mesin ultraviolet dengan voltase 200 V dan arus 400 mA selama 15 menit. Hasil PCR yang telah berhasil dilakukan analisis sekuensing dengan metode Sanger *et al.* (1977) untuk mendapatkan urutan pasang basah sekuen.

Analisis data genetik

Sekuen control region mtDNA dianalisis menggunakan empat aplikasi yaitu MEGA5 (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*) (Tamura *et al.*, 2011) untuk penjeran sekuen DNA, DnaSP 4.0 (Rozas *et al.*, 2003) digunakan untuk mengetahui keanekaragaman haplotype (*Hd*) (Nei, 1987) dan keanekaragaman nukleotida (π) (Lynch dan Crease, 1990) dan Network 4.6 digunakan untuk rekonstruksi sebaran haplotype yang ditemukan.

Hasil

Panjang fragmen DNA hasil analisis yang ditemukan 546 (bp) pada 30 sampel ikan dan mirip serta berbeda dengan penelitian organisme laut lainnya (Tabel 1 dan 2). Analisis keragaman genetik pada 30 sampel yang diambil pada 3 lokasi, dengan keterwakilan 10 sampel pada setiap lokasi. Hasil analisis menunjukan nilai keragaman genetik tiap lokasi masih tinggi (Tabel 6 dan 10). Nilai keragaman genetik berdasarkan lokasi, ditemukan Morotai sebesar 0.972, keragaman nukleotida 0.016 dan terdapat 8 haplotipe. Keragaman genetik di lokasi Bacan memperoleh nilai 0.800, keragaman nukleotida 0.035 dan ditemukan 10 haplotipe yang tersebar. Variasi genetik di lokasi Halmahera Tengah diperoleh nilai 0,995, keragaman nukleotida 0.005 dan ditemukan 10 haplotipe.

Secara keseluruhan keragaman di Maluku Utara sebesar 1.000, dengan jumlah haplotipe 28 dan keragaman nukleotida yakni 0.013 (Tabel 3). Jika dibandingkan dengan hasil penelitian genetik ikan cakalang di lokasi lain, maka dapat dikatakan bahwa keragaman genetik di perairan Maluku Utara masih kriteria tinggi/baik, sehingga bisa dikatakan bahwa populasi ikan masih dalam kondisi stabil. (Tabel 4 dan 10). Keragaman genetik ikan cakalang yang ditemukan, memiliki kisaran nilai yang relatif sama jika dibandingkan dengan jenis organisme laut lain (Tabel 5).



Tabel 1. Jumlah sampel, *base pairs*, spesies dan sumber

No	Jumlah Sampel	<i>Base pairs</i> (bp)	Spesies	Sumber
1	30	546	Cakalang	Hasil Penelitian, (2018)
2	800	625	Udang Sentadu	Barber <i>et al.</i> (2006)
3	280	860	Bigeye Tuna	Chiang <i>et al.</i> (2008)
4	581	350	Tuna Albacore	Davies <i>et al.</i> (2011)
5	18	792	Walking Shark	Allen <i>et al.</i> (2013)
6	41	517	Yellowfin Tuna	Akbar <i>et al.</i> (2014a)
7	582	654	Shark	Sembiring <i>et al.</i> (2014)
8	59	600	Shark	Prehadi <i>et al.</i> (2015)
9	39	526	Epinephelus spp	Jefri <i>et al.</i> (2015)
10	39	750	Sarcophyton trocheliophorum	Kusuma <i>et al.</i> (2016)
11	179	656	Turbinidae	Saleky <i>et al.</i> (2016)
12	72	512	Yellowfin Tuna	Aris <i>et al.</i> (2017)

Tabel 2. Sampel, jumlah sampel, panjang basa (bp), lokasi dan sumber

Sampel	Jumlah sampel	<i>Base pairs</i> (bp)	Lokasi	Sumber
	30	546	Perairan Maluku Utara	Hasil Penelitian, 2018
	4	400	Timur Samudera Hindia	Chow dan Kishino, (1995)
	115	394	Atlantik dan Pasifik	Ely <i>et al.</i> (2005)
	324	488	Barat Laut Samudera India	Dammanggoda <i>et al.</i> (2011)
Cakalang	315	508	Pantai India	Menezes <i>et al.</i> (2012)
	177	400	Kepulauan Indonesia	Jackson <i>et al.</i> (2014)
	35	500	Pesisir Pantai Tanzania	Johnson <i>et al.</i> (2015)
	60	532	Bali	Fakhri <i>et al.</i> (2015)
	1	517	Perairan Maluku Utara	Akbar <i>et al.</i> (2018)

Tabel 3. Nilai keragaman genetik ikan pada setiap lokasi.

Lokasi	<i>n</i>	<i>H_n</i>	<i>H_d</i>	<i>II</i>	<i>Base Pairs</i>
Morotai	10	8	0,972	0,016	546
Bacan	10	10	0,800	0,035	
Halmahera Tengah	10	10	0,995	0,005	
Maluku Utara	30	28	1,000	0,013	

Ket : Jumlah sampel (*n*), jumlah haplotipe (*H_n*), keragaman genetik (*H_d*), keragaman nukleotida (*II*) dan panjang basa (*bp*)



Tabel 4. Perbandingan sampel, jumlah haplotipe, keragaman genetik dan nukleotida, panjang basa dan sumber antar lokasi penelitian

Lokasi	n	H_n	H_d	Π	Base Pairs (bp)	Sumber
Maluku Utara					546	Hasil Penelitian,2018
Morotai	10	8	0,972	0,016		
Bacan	10	10	0,800	0,035		
Halmahera Tengah	10	10	0,995	0,005		
Bali					508-532	Fakhri <i>et al.</i> , 2015
Jembarana	29	28	0,998	0,046		
Karangasem	15	15	1,000	0,049		
Keseluruhan	44	41	0,997	0,046		
Kepulauan Indonesia					400	Jackson <i>et al.</i> , 2014
Aceh	22	20	1,000	0,063		
Medah	15	15	1,000	0,064		
Makassar	12	12	1,000	0,067		
Jayapura	16	15	1,000	0,055		
Pantai India					508	Menezes <i>et al.</i> , 2012
Veraval	37	-	1,000	0,114		
Kochi	46	-	1,000	0,115		
Minicoy	50	-	1,000	0,101		
Pondicherry	48	-	1,000	0,105		
Port Blair	59	-	1,000	0,131		
Vizag	75	-	1,000	0,113		

Ket : Jumlah sampel (*n*), jumlah haplotipe (*H_n*), keragaman genetik (*H_d*), keragaman nukleotida (*Π*) dan panjang basa (*bp*)

Tabel 5. Perbandingan keragaman genetik dengan organisme laut lainnya

Spesies	Keragaman Genetik	Sumber
Ikan Cakalang	0,800 – 0,995	Hasil Penelitian, (2018)
Tuna mata besar (<i>Thunnus obesus</i>)	0.998-1.000	Chiang <i>et al.</i> (2006)
Ikan karang (Family Pomacanthidae dan Chaetodontida)	0.197- 0.467	Affonso dan Galetti, (2007)
Kerapu bebek (<i>Cromileptes altivelis</i>)	0.774-0.794	Sembiring <i>et al.</i> (2013)
<i>T. Crocea</i> , <i>T. Maxima</i> dan <i>T. Squamosa</i>	0,480-1.000	De Boer <i>et al.</i> (2014)
Tuna sirip kuning (<i>Thunnus albacares</i>)	0.984- 1.000	Akbar <i>et al.</i> (2014b)
Bulu Babi (<i>Tripneustes gratilla</i>)	0.900	Toha <i>et al.</i> (2014)
<i>Sarcophyton trocheliophorum</i>	0.600-0.972	Kusuma <i>et al.</i> (2016)
<i>Turbinidae</i>	0.657-0.816	Saleky <i>et al.</i> (2016)
Tuna sirip kuning (<i>Thunnus albacares</i>)	0.977-1.000	Aris <i>et al.</i> (2017)

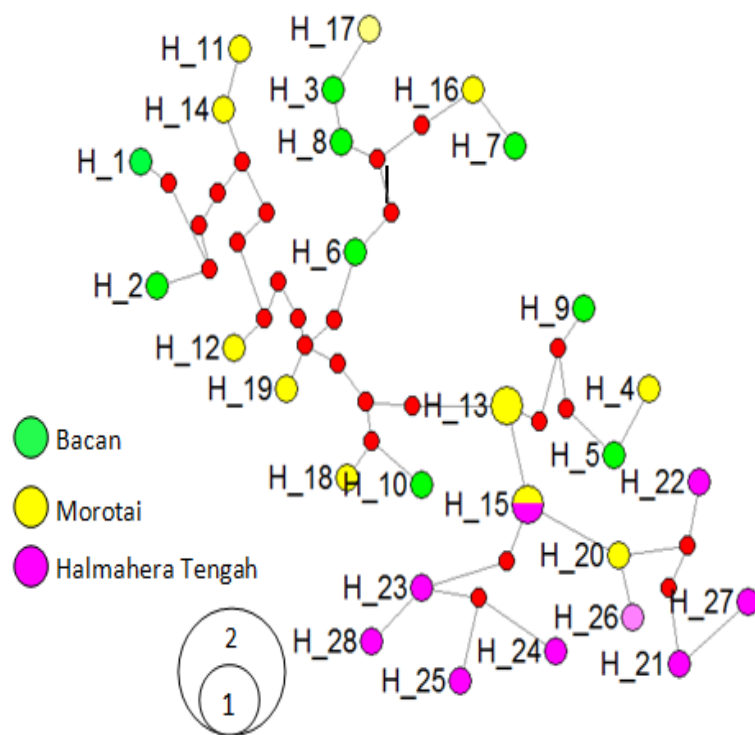


Tabel 6. Kriteria nilai keragaman genetik, struktur populasi dan jarak genetik

Kategori				
Analisis	Rendah	Sedang	Tinggi	Sumber
Keragaman Genetik (H_d)	0.1-0.4	0.5-0.7	0.8-1.00	Nei, 1987
Struktur Populasi (F_{ST})	0.1-0.3	0.4-0.7	0.8-1.00	Excoffier <i>et al.</i> (1992)
Jarak Genetik (D)	0.010-0.099	0.1-0.99	1.00-2.00	Nei (1972)

Tabel 7. Perbandingan keragaman genetik ikan cakalang dengan organisme laut lain dengan keragaman genetik yang rendah.

Spesies	Keragaman Genetik	Sumber
Ikan Cakalang	0,800 – 0,995	Hasil Penelitian, (2018)
Layang (<i>Cypselurus opisthopus</i>)	0.189	Fahri, (2001)
Kakap merah sebae (<i>Lutjanus</i> sp.)	0.099	Permana <i>et al.</i> (2003)
Anggoli (<i>Pristipomoides multidens</i>)	0.007-0.417	Wigati <i>et al.</i> (2003)
Abalon	0,13-0,16	Fahrudin <i>et al.</i> (2010)
Hiu Paus (<i>whale sharks</i>)	0.187	Toha <i>et al.</i> (2016)
Ikan Endemik Butini (<i>Glossogobius matanensis</i>)	0.0491 - 0,1861	Mamangkey <i>et al.</i> (2007)
Malalugis (<i>Decapterus macarellus</i>)	0.369	Zamroni, (2012)



Gambar 2. Jaringan distribusi haplotipe untuk ikan cakalang di Perairan Maluku Utara. (Bacan = bulat hijau, Morotai = kuning dan Halmahera Tengah = bulat merah muda).



Keragaman genetik menemukan 28 jaringan haplotipe dari jumlah 30 sampel (Tabel 3). Secara lengkap jaringan haplotipe menunjukkan bahwa terdapat 28 haplotipe spesifik, 1 haplotipe bercampur antar lokasi dan 1 haplotipe yang sama (Gambar 2 dan Tabel 8). Populasi ikan cakalang yang besar, distribusi secara global dan kemampuan migrasi tinggi memberikan peluang pencampuran dan aliran genetik signifikan antar populasi, sehingga memberikan peningkatan terhadap polimorfisme di dalam dan antar populasi. Hasil analisis genetik populasi ikan cakalang menunjukkan bahwa keragaman genetik masuk kategori tinggi (Tabel 6). Namun demikian aktivitas penangkapan yang tinggi setiap tahun memberikan kekhawatiran akan keberlanjutan sumberdaya.

Tabel 8. Jumlah keragaman haplotipe (H_d) ikan cakalang di perairan Maluku Utara

No.	Haplotipe (H_d)	No	Haplotipe (H_d)
1.	Hap_1: 1 [Katsuwonus_pelamis Bacan _1]	15.	Hap_15:2 [Katsuwonus_pelamis Morotai_16 Katsuwonus_pelamis Halmahera Tengah_25]
2.	Hap_2: 1 [Katsuwonus_pelamis Bacan _2]	16.	Hap_16: 1 [Katsuwonus_pelamis Morotai _17]
3.	Hap_3: 1 [Katsuwonus_pelamis Bacan _3]	17.	Hap_17: 1 [Katsuwonus_pelamis Morotai _18]
4.	Hap_4: 1 [Katsuwonus_pelamis Bacan _4]	18.	Hap_18: 1 [Katsuwonus_pelamis Morotai _19]
5.	Hap_5: 1 [Katsuwonus_pelamis Bacan _5]	19.	Hap_19: 1 [Katsuwonus_pelamis Morotai _20]
6.	Hap_6: 1 [Katsuwonus_pelamis Bacan _6]	20.	Hap_20: 1 [Katsuwonus_pelamis Morotai _21]
7.	Hap_7: 1 [Katsuwonus_pelamis Bacan _7]	21.	Hap_21: 1 [Katsuwonus_pelamis Halmahera Tengah _22]
8.	Hap_8: 1 [Katsuwonus_pelamis Bacan _8]	22.	Hap_22: 1 [Katsuwonus_pelamis Halmahera Tengah _23]
9.	Hap_9: 1 [Katsuwonus_pelamis Bacan _9]	23.	Hap_23: 1 [Katsuwonus_pelamis Halmahera Tengah _24]
10.	Hap_10: 1 [Katsuwonus_pelamis Bacan _10]	24.	Hap_24: 1 [Katsuwonus_pelamis Halmahera Tengah _26]
11.	Hap_11: 1 [Katsuwonus_pelamis Morotai _11]	25.	Hap_25: 1 [Katsuwonus_pelamis Halmahera Tengah _27]
12.	Hap_12: 1 [Katsuwonus_pelamis Morotai _12]	26.	Hap_26: 1 [Katsuwonus_pelamis Halmahera Tengah _28]
13.	Hap_13:2 [Katsuwonus_pelamis Morotai _13 Katsuwonus_pelamis Morotai _14]	27.	Hap_27: 1 [Katsuwonus_pelamis Halmahera Tengah _29]
14.	Hap_14: 1 [Katsuwonus_pelamis Morotai _15]	28.	Hap_28: 1 [Katsuwonus_pelamis Halmahera Tengah _30]



Gambar 3. Komoditas Utama Ekspor Perikanan Indonesia



Pembahasan

Panjang basa (bp) yang ditemukan adalah ukuran normal yang diperoleh pada sampel ikan, dimana ukuran panjang basa pada ikan berkisar 200-1500 bp (Liu *et al.*, 1999; Ali *et al.*, 2004). Secara umum panjang basa (bp) yang ditemukan adalah ukuran normal yang diperoleh pada sampel ikan, dimana ukuran panjang basa pada ikan berkisar 300-1500 bp (Liu *et al.*, 1999; Ali *et al.*, 2004; Filonzi *et al.*, 2010). Perbedaan panjang primer diakibatkan oleh penggunaan jumlah sampel, kualitas DNA yang ditemukan, spesifik primer, ukuran panjang primer, komposisi basa primer, lingkungan, makanan dan keturunan, namun tidak menunjukkan pengaruh dari hasil sekuens (Williams *et al.*, 1990; Shizuka dan Lyon, 2008 ; Akbar *et al.*, 2014a; Jefri *et al.*, 2015 Akbar *et al.*, 2018). Perbedaan panjang basa juga bisa diakibatkan akibat adanya mutasi dalam gen setiap spesies. Hampir semua nukleotida yang diamati ditemukan substitusi antara individu (Akbar *et al.*, 2018).

Secara keseluruhan jika hasil penelitian digabungkan dengan berbagai sumber penelitian lainnya maka diperoleh kisaran nilai keragaman genetik ikan cakalang berada diantara 0.800 -1,000. Kemiripan dan perbedaan nilai keragaman genetik disebabkan oleh jumlah sampel yang digunakan pada saat penelitian berbeda-beda (Akbar *et al.*, 2014a). Nei (1981) mengatakan bahwa nilai keragaman genetik satu spesies tergantung pada ukuran sampel yang di temukan. Avise *et al.* (1989) menyebutkan bahwa keragaman haplotipe keseluruhan mtDNA untuk beberapa ikan berada dalam kisaran 0.473-0.998. Kemiripan nilai keragaman genetik ini mungkin diakibatkan oleh sifat migrasi dan penyebaran ikan laut yang tinggi, sehingga memberikan peluang bertemu dengan kelompok lain di berbagai perairan. Laporan Zardoya *et al.* (2004) yang mengatakan bahwa keragaman haplotipe yang tinggi pada sebagian besar spesies tuna merupakan tipe pola genetik ikan famili scombridae. Selain itu beberapa organisme laut sesil menunjukkan keragaman yang tinggi, seperti bulu babi, *T. Crocea*, *T. Maxima* dan *T. Squamosa* dan *Turbinidae*. Hal ini memungkinkan karena aliran genetik yang tinggi diantara populasi melalui arus perairan laut. Hampir keseluruhan spesies berada pada fase planktonik yang memungkinkan terjadinya penghanyutan genetik populasi antar spesies (Palumbi dan Wilson, 1990; Lessios *et al.*, 2001). Besarnya keragaman genetik ini diduga karena sifat migrasi tinggi, ukuran populasi yang besar, reproduksi yang cepat dan mutasi sel somatik (Akbar *et al.*, 2014a; Kusuma *et al.*, 2016a ; Saleky *et al.*, 2016; Aris *et al.*, 2017). Tingginya keragaman genetik spesifik yang beragam menggambarkan bahwa belum terjadi perubahan struktur genetik pada populasi karena masih mempunyai variasi gen yang beragam (Aris *et al.*, 2017). Variasi genetik populasi merupakan gambaran perbedaan intraspesies (Fakhri *et al.*, 2015).

Keragaman genetik ikan cakalang lebih tinggi jika dibandingkan organisme laut lain, seperti ikan layang, kakap merah sebae, anggoli kakap, abalon, hiu paus, ikan endemik butini dan malalugis (Tabel 7). Hal ini kemungkinan disebabkan karena populasi organisme laut ini hidupnya masih dalam relung dan ruang yang terbatas. Toha *et al.* (2016) mengatakan bahwa keragaman genetik yang rendah diakibatkan kelompok yang bersifat regional. Kemungkinan lain yang terjadi adalah kemampuan migrasi yang sangat rendah, maka menutup kemungkinan peluang terjadinya perkawinan antar populasi. Secara umum pemeliharaan keragaman genetik yang tinggi didalam populasi, termasuk ukuran populasi, keragaman lingkungan dan sejarah kehidupan telah mendukung peningkatan populasi (Nei, 1987). Ukuran populasi yang besar bertanggung jawab atas tingginya level genetik untuk ikan laut (Avise, 1998). Penelitian Berdasarkan hasil studi yang telah dilakukan secara meristik, morfometrik dan elektroforesis karakter dari ikan cakalang yang berada di Samudera Pasifik, bahwa variasi genetik ikan cakalang sangat kecil dan menunjukkan sedikit perbedaan antarindividu dari kedalaman laut yang ber beda (Fakhri *et al.*, 2015).

Menurut Akbar *et al.* (2014a) bahwa tingginya nilai keragaman haplotipe diduga disebabkan oleh dua hal. Pertama, meski adanya tekanan penangkapan secara berkala terhadap namun ukuran populasi dalam jumlah yang besar masih tersedia di perairan antar samudera atau perairan lokal



pada suatu negara. Kedua ialah faktor kemampuan migrasi yang tinggi dimana migrasi akan menyebabkan terjadinya perkawinan silang dan percampuran gen antar populasi. Akbar *et al.* (2014a) dan Sakai *et al.* (2001) mengatakan bahwa populasi dengan keragaman genetik yang tinggi memiliki peluang hidup yang lebih baik karena setiap gen memiliki respon yang berbeda-beda terhadap kondisi lingkungan. Selain itu Kehadiran berbagai macam gen dari individu di dalam populasi menambah kemampuan populasi dalam merespon perubahan lingkungan (Akbar *et al.*, 2014a). Tingginya nilai keragaman genetik menyimpulkan bahwa populasi ikan cakalang masih dalam kondisi baik, tingginya peluang bertahan hidup dan mampu beradaptasi terhadap gangguan kualitas lingkungan. Taylor dan Aarsen, (1988) menjelaskan bahwa spesies dengan variasi fenotip dan genotip yang baik dapat meningkatkan kemampuan individu untuk tetap bertahan hidup dan berkembang biak. Jamal *et al.* (2011) melaporkan bahwa pengaruh faktor-faktor biologis dan ekologis dari masing-masing perairan di mana ikan itu hidup, turut menentukan daya tahan dan kemampuan ikan untuk bertahan.

Analisis distribusi jaringan haplotipe memperlihatkan adanya hubungan diantara jaringan haplotipe dan tidak menunjukkan pengelompokan. Hasil analisis yang menemukan tingginya keragaman genetik dan keberagaman haplotipe spesifik, memberikan gambaran struktur genetik populasi ikan cakalang relatif stabil. Hal ini dikarenakan ditemukan variasi gen yang beragam, sehingga gagal untuk menunjukkan pengelompokan (*Clade*) antara lokasi geografis yang berbeda (Akbar *et al.*, 2014b). Laporan tentang jaringan haplotipe Ely *et al.* (2005) di NW Atlantik, Brazil, Timur Pasifik dan Kepulauan Solomon dimana ditemukan 111 jaringan haplotipe yang terdistribusi dari jumlah 115 sampel genetik. Dammanagoda *et al.* (2011) di Barat Laut Samudera India, ditemukan 49 jaringan haplotipe yang unik dan 29 haplotipe tunggal dari 324 individu sampel. Penelitian Jackson *et al.* (2014) menemukan 162 jaringan haplotip polimorfik menghasilkan 172 haplotipe unik dari 177 sampel ikan cakalang di Kepulauan Indonesia. Polimorfisme yang tinggi memberikan ketahanan populasi terhadap ancaman lingkungan. Beragaman tipe komposit haplotipe meningkatkan keragaman genetik dan kemampuan beradaptasi terhadap perubahan lingkungan, iklim serta penyakit (Smith dan Chesser, 1981; Akbar *et al.*, 2014a; Kusuma *et al.*, 2016b).

Intensitas penangkapan yang tinggi dapat menurunkan populasi. Aktivitas tangkap yang berlebih memberikan peluang penurunan populasi ikan. KKP (2017) melaporkan bahwa salah satu komoditas perikanan penyumbang utama nilai ekspor perikanan Indonesia adalah tuna, tongkol dan cakalang (Gambar 3). Jamal *et al.* (2014) mengatakan bahwa tingkat pemanfaatan ikan Cakalang dengan alat tangkap *pole and line* di Kabupaten Luwu telah melampaui nilai MSY. Hasil analisis genetik yang diperoleh memberikan gambaran untuk segera dilakukan upaya penegakan ; pertama adalah regulasi tangkap dimana proses penangkapan hanya dapat dilakukan dalam waktu tertentu, dengan batas maksimum tangkapan harian dan menggunakan alat tangkap ramah lingkungan. Kedua adalah pengembangbiakan genetik dimana proses penelitian pada aspek genetik ditingkatkan dengan cara melakukan perkawinan genetik antar populasi ikan. Ketiga adalah pelestarian genetik dimana bisa digunakan dengan metode pembudidayaan ikan yang ditangkap masih hidup, ikan kemudian dibudidayakan secara alamiah didalam suatu kawasan perairan dan diberikan injeksi hormon dari populasi ikan yang sama tapi ditangkap atau diambil di perairan lainnya. Managemant dan aksi konservasi harus segera dilakukan, untuk meminimalisir terjadinya penurunan kualitas genetik ikan. Menezes *et al.* (2012) mengatakan dasar untuk pengelolaan dari pentingnya komersialisasi stok ikan cakalang di perairan maka diperlukan identifikasi jumlah, distribusi peningkatan reproduksi pada setiap sub populasi

Laporan Aris *et al.* (2017) mengatakan kegiatan yang harus dilakukan untuk menjaga populasi sumberdaya ; 1). Pengetahuan akan informasi genetik secara berkelanjutan yang mencakup keseluruhan daerah penyebaran, hal ini penting untuk dijadikan sebagai basis data penentuan status



populasi. 2). Pengukuran populasi berdasarkan informasi ukuran morfologi secara temporal. 3). Peningkatan stok ikan tuna melalui kegiatan restocking. Proses ini didahului dengan pengambilan benih ikan tuna melalui proses penangkapan dan kemudian di budidayakan. Sedangkan Kusuma *et al.* (2016b) mengatakan untuk melindungi sumberdaya genetik maka diperlukan suatu tindakan yakni mendirikan daerah perlindungan laut (*Marine Protected Area*) dan daerah konservasi perairan (*Conservation Area*) berdasarkan regional. Berdasarkan fakta penelitian tentang struktur populasi genetik, membantu meningkatkan pengelolaan, konservasi dan kebijakan perikanan di perairan Indonesia. Jakson *et al.* (2014) mengatakan pengetahuan populasi struktur dan filogeografie dapat digunakan untuk informasi manajemen perikanan dan upaya konservasi.

Kesimpulan

Panjang fragment ditemukan pada 546 panjang basa (bp) di daerah lokus *control region* mitochondrial DNA. Keseluruhan analisis keragaman genetik menunjukan bahwa populasi ikan cakalang di perairan Maluku Utara dalam kategori tinggi. Meskipun eksploitasi ikan cukup tinggi, namun kemampuan ikan secara genetik masih sangat baik..

Ucapan Terimakasih

Penulis mengucapkan terimakasih kepada Kemenristekdikti yang telah memberikan bantuan penelitian melalui hibah Penelitian Dosen Pemula (PDP) tahun 2018. Ucapan terimakasih juga diberikan kepada seluruh instansi pemerintah yang turut membantu memberikan informasi. Secara khusus peneliti mengucapkan terimakasih kepada Sukarmin Idrus S.Pi., M.Si, Rudi Mansur, Muhajirin Ahmad, S.Pi yang telah membantu dalam penelitian.

Daftar Pustaka

- Affonso, P., J.P. Galetti. 2007. Genetic diversity of three ornamental reef fishes (*Families Pomacanthidae* and *Chaetodontidae*) from the Brazilian coast. *Brazilian Journal Biology*, 67(4): 925-933
- Akbar, N., N.P. Zamani, H.H. Madduppa. 2014a. Keragaman genetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) dari dua populasi di Laut Maluku, Indonesia. *Depik*, 3(1): 65-73.
- Akbar, N., N.P. Zamani, H.H. Madduppa. 2014b. Keragaman genetik, struktur populasi dan filogenetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) di Perairan Maluku Utara dan Ambon, Indonesia. Thesis, Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- Akbar, N., M. Aris., M. Irfan, I.Tahir, A.Baksir, Surahman, H.H. Madduppa, R. Kotta. 2018. Filogenetik ikan tuna (*Thunnus* spp.) di Perairan Maluku Utara, Indonesia. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 18(1): 1-11.
- Ali, B.A, T.H. Huang, D.N. Qin, X.M. Wang. 2004. A review of random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers in fish Research. *Fish Biology and Fisheries*, 14: 443-453.
- Aris, M., N. Akbar, R. Labenua. 2017. Genetic and phylogenetic variations of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) as a basis for sustainable fishery resources management in North Moluccas. *International Journal of Pharmacy and Biological Sciences*, 8(4): (B) 419-426.
- Avise, J.C., B.W. Bowen, T. Lamp. 1989. DNA fingerprint from hypervariable mitochondrial genotypes. *Molecular Biology Evolution*, 6: 258-269.
- Kusuma, AB., D.G. Bengen, H.H. Madduppa, B. Subhan, D. Arafat. 2016b. Keanekaragaman genetik karang lunak *Sarcophyton trocheliophorum* pada populasi Laut Jawa. Nusa Tenggara dan Sulawesi. *Jurnal Enggano*, 1(1): 89-96.
- Chiang, H.C., C.C. Hsu, H.D. Lin, G.C. Ma, T.Y. Chiang, H.Y. Yang. 2006. Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the South China Sea, Philippine Sea and Western Pacific Ocean inferred from mitochondrial DNA. *Fisheries Research*, 79: 219-225.



- Chow, S., H. Kishino. 1995. Phylogenetic relationships between tuna species of the genus *Thunnus* (Scombridae: Teleostei): inconsistent implications from morphology, nuclear and mitochondrial genomes. *Journal of Molecular Evolution*, 41:741-748.
- Dammannagoda, S.T., D.A. Hurwood., P.B. Mather. 2011. Genetic analysis reveals two stocks of skipjack tuna (*Katsuwonus pelamis*) in the northwestern Indian Ocean. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 68: 210–223.
- DeBoer, T.S., M.R.A. Naguit., M.V. Erdmann, M.C.A. Lagman, Ambariyanto, K.E. Carpenter, A.H.A. Toha, P.H. Barber. 2014. Concordance between phylogeographic and biogeographic boundaries in the Coral Triangle: conservation implications based on comparative analyses of multiple giant clam species. *Bulletin of Marine Science*, 90(1): 277–300.
- Ely, B., J. Vinas, J.R.A. Bremer, D. Black, L. Lucas, K. Covello, A.V. Labrie, E. Thelen. 2005. Consequences of the historical demography on the global population structure of two highly migratory cosmopolitan marine fishes: the yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) and the skipjack tuna (*Katsuwonus pelamis*). *BMC Evolutionary Biology*, 5(19): 1-9.
- Exoffier, L., P.E. Smouse, J.M. Quattro. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distance among DNA haplotypes; application to human mitochondrial DNA restriction data. *Journal of Genetics*, (131) : 479-491.
- Fahri, S. 2001. Keragaman genetik ikan terbang, *Cypselurus opisthopus* diperaikan Teluk Manado dan Teluk Tomini, Sulawesi. Tesis, Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- Fahrudin, G.N. Permana, Haryanti. 2010. Evaluasi keragaman genetik induk Abalon (*Haliotis squamata*) dan benih. *Prosiding Forum Inovasi Teknologi Akuakultur*. 485-491 hal.
- Fakhri, F., I. Narayani, I.G.N.K. Mahardika. 2015. Keragaman genetik ikan cakalang (*Katsuwonus Pelamis*) dari Kabupaten Jembrana dan Karangasem, Bali. *Jurnal Biologi*, 19(1) : 11-14.
- Filonzi, L., S. Chiesa, M. Vaghi, F.N. Marzano. 2010. Molecular barcoding reveals mislabelling of commercial fish products in Italy. *Food Research International*, 43: 1383-1388.
- Graves, J.E., S.D. Ferris, A.E. Dizon. 1984. Close genetic similarity of Atlantic and Pacific skipjack tuna (*Katsuwonus pelamis*) demonstrated with restriction endonuclease analysis of mitochondrial DNA. *Marine Biology*, 79 : 315-319
- Jackson, A.M., Ambariyanto, M.V. Erdmann, A.H.A. Toha, L.A. Stevens, P.H. Barber. 2014. Phylogeography of commercial tuna and mackerel in the Indonesian Archipelago. *Bulletin of Marine Science*, 90(1): 471–492.
- Jamal, M., M.F.A. Sondita, J. Haluan, B. Wiryawan. 2011. Pemanfaatan data biologi ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) dalam rangka pengelolaan perikanan bertanggung jawab di Perairan Teluk Bone. *Jurnal Natur Indonesia*, 14(1) : 107-113.
- Jamal, M., Hasrun, Ernarningsih. 2014. Tingkat pemanfaatan dan estimasi potensi ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) di kawasan Teluk Bone. *Torani Jurnal Ilmu Kelautan dan Perikanan*, 24(2): 20-28.
- Jefri, E., N.P. Zamani, B. Subhan., H.H. Madduppa. 2015. Molecular phylogeny inferred from mitochondrial DNA of the Grouper *Epinephelus* spp. in Indonesia collected from local fish market. *Biodiversitas*, 16 (2): 254-263
- Johnson, M.G., Y.D. Mgaya, S.W. Shaghude. 2015. Mitochondrial DNA analysis reveals a single stocks of Frigate tuna *Auxis thazard* (Lacepède, 1800) in the northern coastal waters of Tanzania. *IOTC-2015-WPNT05-16*.
- Kementerian Kelautan dan Perikanan (KKP). 2015. Kelautan dan Perikanan Dalam Angka 2015. Pusat Data Statistik dan Informasi, Jakarta
- Kusuma, D., G. Bengen, H.H. Madduppa, B. Subhan, D. Arafat, B.F.S.P. Negara. 2016b. Close genetic connectivity of soft coral Sarcophyton trocheliophorum in Indonesia and its implication for marine protected area. *Aceh Journal of Animal Science*, 1(2): 50-57



- Lee, W.J., J. Conroy, W.H. Howell, T.D. Kocher. 1995. Structure and evolution of teleost mitochondrial control regions. *Molecular Evolution*, 41(1): 54-66.
- Lessios, H.A., B.D. Kessing, J.S. Pearse. 2001. Population structure and speciation in tropical seas: global phylogeography of the sea urchin *Diadema*. *Evolution*, 55(5): 955-975.
- Liu, Z.J., P. Li, B.J. Argue, R.A. Dunham. 1999. Random amplified polymorphic DNA markers: usefulness for gene mapping and analysis of genetic variation of catfish. *Aquaculture*, 174:59-68.
- Lynch, M., T.J. Crease. 1990. The analysis of population survey data on DNA sequence variation. *Molecular Biology Evolution*, 7: 337-394.
- Mallawa, A., Musbir, F. Amir, A.A. Marimba. 2012. Analisis struktur ukuran ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) menurut musim, daerah dan teknologi penangkapan ikan di perairan Luwu Teluk Bone, Sulawesi Selatan. *Jurnal Sains dan Teknologi Balik Diwa*, 3 (2): 29- 38.
- Mallawa, A., F. Amir, M. Zainuddin. 2014. Keragaan biologi populasi ikan cakalang (*Katsuwonus Pelamis*) yang tertangkap dengan purse seine pada musim timur di perairan Laut Flores. *Jurnal IPTEKS PSP*, 1(2): 129-145
- Mamangkey, J.J., Sulistiono, D.S. Sjafei, D. Soedharma, S. Sukimin, E. Nugroho. 2007. Keragaman genetik ikan endemik butini (*Glossogobius Matanensis*) berdasarkan penanda random amplified polymorphism DNA (RAPD) di Danau Towuti Sulawesi Selatan. *Jurnal Riset Akuakultur*, 2(3): 385-393.
- Menezes, M.R., M. Ikeda, N. Taniguchi. 2006. Genetic variation in skipjack tuna *Katsuwonus pelamis* (L.) using PCR-RFLP analysis of the mitochondrial DNA D-loop region. *Journal of Fish Biology*, 68 : 156 -161.
- Menezes, M.R., G. Kumar, S.P. Kunal. 2012. Population genetic structure of skipjack tuna *Katsuwonus pelamis* from the Indian coast using sequence analysis of the mitochondrial DNA D-loop region. *Journal of Fish Biology*, 80: 2198 - 2212.
- Muchlisin, Z.A., N. Fadli, M.N. Siti-Azizah. 2012. Genetic variation and taxonomy of Rasbora group (Cyprinidae) from Lake Laut Tawar, Indonesia. *Journal of Ichthyology*, 52(4), 284-290.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between population. *American Nature*, 106: 283-292.
- Nei, M. 1987. *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University Press, New York.
- Palumbi, W. 1990. Mitochondrial DNA diversity in the sea urchins *Strongylocentrotus Purpuratus* and *S. droebachiensi*. *Evolution*, 44(2) : 403-415.
- Permana, G.N., S.B. Moria, Haryanti, H. Sugama. 2003. Genetic identification and variation of red snapper (*Lutjanus* sp.) through allozyme electrophoretic analysis. *Indonesia Fisheries Research Journal*, 9(1): 33-40.
- Rozas, J., J.C. Sanchez-DeI Barrio, Messeguer., X.R. Rozas. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19: 2496-2497.
- Sanger, F., S. Nicklen, A.R. Coulson. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *National Academical Science, United Stated of America*, 74(12): 5463-5467.
- Sakai, A.K., F.W. Allendorf., J.S. Holt, D.M. Lodge., J. Molofsky, K.A. With, S. Baughman, R.J. Cabin, J.E. Cohen, N.C. Ellstrand. D.E. McCauley, P. O'Neil, I.M. Parker, J.N. Thompson, S.G. Weller. 2001 The population biology of invasive species. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 32 : 305-332
- Saleky, D., I. Setyobudiandi, H.A. Toha, M. Takdir, H.H. Madduppa. 2016. Length-weight relationship and population genetic of two marine gastropods species (Turbinidae: *Turbo sparverius* and *Turbo bruneus*) in the Bird Seascape Papua, Indonesia. *Biodiversitas*, 17(1): 208-217.



- Schwartz, M.K., G. Luikart, R.S. Waples. 2006. Genetic monitoring as a promising tools for conservation and management. *Trend in Ecology and Evolution*, 22: 1.
- Sembiring, A., N.P.D. Pertiwi, A. Mahardini, R. Wulandari, E.M. Kurniasih, A.W. Kuncoro, N.K.D. Cahyani, A.W. Anggoro, M. Ulfa, H.H. Madduppa, K.E. Carpenter, P.H. Barber, G.N. Mahardik. 2015. DNA barcoding reveals targeted fisheries for endangered sharks in Indonesia. *Fisheries Research*, 164: 130-134.
- Shizuka, D., B.E. Lyon. 2008. Improving the reliability of molecular sexing using a W-specific marker. *Molecular Ecology Resources*, (8): 1249-1253.
- Smith, M.H., R.K. Chesser. 1981. Rationali for conserving genetic variation of fish gen poll. *Ecology Bulletin Journal*, (23): 119-130.
- Tamura K., D. Peterson, N. Peterson, G. Stecher, M. Nei, S. Kumar. 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance and maximum parsimony method. *Molecular Biology Evolution*, 28(10): 2731-2739.
- Taylor, D.R., L.W. Aarssen. 1988. An interpretation of phenotypic plasticity in agropyron repens (Gramminae). *American Journal of Botany*, 75 (3): 401-413.
- Tilohe, O., S. Nursinar, A. Salam. 2014. Analisis parameter dinamika populasi ikan cakalang yang didaratkan di pangkalan pendaratan ikan kelurahan Tenda Kota Gorontalo. *Jurnal Ilmiah Perikanan dan Kelautan*, 2(4): 140-145.
- Toatubun, N., J. Wenno, I.L. Labaro. 2015. Struktur populasi ikan cakalang hasil tangkapan pukat cincin yang didaratkan di Pelabuhan Perikanan Pantai Tumumpa Kota Manado. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Perikanan Tangkap*, 2(2): 73-77.
- Toha, A.H.A., R. Binur, Suhaemi, Lutfi, L. Hakim. N. Widodo, S.B. Sumitro. 2014. Genetic aspects of the commercially used sea urchin *Tripneustes gratilla*. A Review. *Journal of Biological Research*, 20: 12-17.
- Toha, A.H., N.Widodo, B. Subhan, M.R. Himawan, C. Tania, B.N. Noor, B.S. Stewart, H.H. Madduppa. 2016. Close genetic relatedness of whale sharks, *hincodon typus* in the Indo-Pacific region. *AACL Bioflux*, 9(3): 458-465
- Walsh, P.S., D.A. Metzger, R. Higuchi. 1991. Chelex-100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR based typing from forensic material. *Biotechniques*, 10: 506-513.
- Williams, J.G.K., A.R. Kubelik, K.J. Livak, J.A. Rafalski. S.V. Tingey. 1990. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, 18: 6531-6535.
- Zamroni, A. 2012. Struktur malalugis genetika populasi ikan (*Decapterus macarellus*) di perairan sekitar Pulau Sulawesi berdasarkan mtDNA marker. Tesis, Pascasarjana Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- Zardoya, R., R.Castilho, C. Grande, L. Favre-Krey, S. Caetano, S. Marcato, G. Krey, T.Patarnello. 2004. Differential population structuring of two closely related fish species, the mackerel (*Scomber scombrus*) and the chub mackerel (*Scomber japonicus*), in the Mediterranean Sea. *Molecular Ecology*, 13: 1785-1798.

Received: 2 July 2018

Accepted: 28 August 2018

How to cite this paper:

Akbar, N., R. Labenua. 2018. Keragaman genetik ikan cakalang (*Katsunvonus pelamis*) di Perairan Laut Maluku Utara. *Depik*, 7(2): 164 - 176.