

RESEARCH ARTICLE

DOI: 10.13170/depik.9.1.10585

Studi pendahuluan genetika populasi ikan tuna sirip kuning (*thunnus albacares*) dari dua populasi di laut Kepulauan Maluku, Indonesia***A pilot study on the population genetics of yellowfin tuna (*thunnus albacares*) from two populations in the Moluccas Islands, Indonesia*****Nebuchadnezzar Akbar^{1*}, Dian Pertiwi³, Neviaty P Zamani², Beginer Subhan², Hawis H Madduppa²**¹ Ilmu Kelautan, FPIK. Universitas Khairun, Ternate; ²Departemen Ilmu dan Teknologi Kelautan, FPIK-IPB, Bogor; ³Biodiversitas Indonesia, Bali; * Email korespondensi: nezzarnebuchad@yahoo.co.id

Received: 03 February 2020

Accepted: 23 March 2020

Abstract. *Yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) is a large pelagic fish that have high economic value and inhabits the Moluccas Sea, Indonesia. Tuna catches in the Moluccas sea was very high and might decrease the yellowfin tuna population in this region. The research on population genetic of yellowfin tuna is fundamental to answer the problem. This information can be used as baseline data for future management, utilization, and basis of genetic conservation. The objective of this research was to infer the genetic population structure of two populations (North Maluku and Ambon) in the Moluccas Sea, Indonesia. In total, 41 tissue samples from pectoral fins of yellowfin tuna were collected in this study (North Maluku 33 samples and Ambon 8 samples). The results showed that genetic distances were low between the two populations. Additionally, the comparison of genetic distance between the Moluccas population and Indian Ocean waters also showed no significant differences. The F_{st} analysis showed the high gene flow between these two populations. Furthermore, haplotype network analysis showed that these two populations were the panmixia population. The overall result showed that no refraction genetic in the yellowfin tuna population from two populations in the Moluccas Sea.*

Keywords: *Haplotype, genetic distance, Moluccas Sea, index fixation analysis, yellowfin tuna, population genetic structure.*

Abstrak. Tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) merupakan jenis pelagis besar bernilai ekonomis tinggi yang hidup di perairan Laut Maluku, Indonesia. Tangkapan ikan tuna di Laut Maluku berstatus tinggi, sehingga dapat menurunkan jumlah populasi. Penelitian tentang genetika populasi ikan tuna sirip kuning penting dilakukan untuk menjawab permasalahan ini. Informasi ini dapat menjadi sumber data untuk pengelolaan, pemanfaatan dan pelestarian untuk konservasi genetik. Tujuan penelitian untuk mengetahui struktur populasi genetik pada dua populasi di Laut Maluku (Maluku Utara dan Ambon). Secara total, 41 sampel jaringan dari sirip pectoral Tuna sirip kuning dikumpulkan dalam penelitian ini (Maluku Utara 33 sampel dan Ambon 8 sampel). Hasil penelitian menemukan jarak genetik yang dekat antar kedua populasi. Perbandingan jarak genetik pada populasi Perairan Maluku dan Samudera Hindia tidak menunjukkan perbedaan signifikan. Analisis fiksasi indeks (F_{st}) memperlihatkan aliran genetik kuat antar populasi. Analisis jaringan haplotipe menunjukkan kedua populasi merupakan populasi panmixia. Penelitian ini secara umum menunjukkan belum terjadi perubahan struktur genetik populasi ikan tuna sirip kuning pada dua populasi di Laut Maluku.

Kata kunci: Haplotipe, jarak genetik, Laut Maluku, analisis fiksasi indeks, tuna sirip kuning, struktur populasi genetik.



Pendahuluan

Spesies tuna yang masuk dan beruaya di perairan Indonesia salah satu nya adalah tuna sirip kuning (Baskoro *et al.*, 2004; Bailey *et al.*, 2012; Akbar dan Aris, 2018). Jenis ikan ini merupakan target tangkapan di perairan tropis dan iklim sedang (Sibert *et al.*, 2006). Penangkapan ikan tuna terjadi secara signifikan di wilayah perairan Samudera Pasifik, Hindia dan Atlantik setiap tahun. Nilai ekonomi menunjukan bahwa tahun 1950 hingga 2000 hasil penangkapan ikan tuna mencapai 50 juta ton/tahun yang bernilai 5 milyar US\$ (Sibert *et al.*, 2006; Williams dan Terawasi, 2009). ISSF (2019) melaporkan tangkapan jenis tuna ini pada tahun 2017 di Samudera Pasifik sebanyak 648.100 ton, tangkapan di daerah Samudera Hindia 409.000 ton dan Samudera Atlantik sebesar 139.300 ton. Potensi penangkapan ikan pelagis besar khususnya tuna di Indonesia sangat besar. Produksi perikanan tangkap ikan tuna mencapai 24.5 juta ton/tahun (KKP, 2018). Daerah potensial tuna di Perairan Indonesia, juga ditemukan pada perairan Maluku (Akbar *et al.*, 2014). Produksi nasional tangkapan tuna di laut Maluku Utara sebesar 254.856 ton dan laut Ambon berjumlah 583.639 ton (KKP, 2018). Kelimpahan ikan tuna di laut ini, mendapatkan pengaruh oseanografis dan geografis dikarenakan berbatasan dengan beberapa perairan laut penting yang merukan jalur utama arus lintas indonesia seperti Samudera Pasifik, Laut Seram, Laut Maluku, Laut Halmahera dan Laut Banda (Akbar *et al.*, 2014).

Data penangkapan menunjukan bahwa kegiatan tangkapan tuna di di Perairan Maluku Utara dan Ambon tergolong tinggi. Tekanan yang tinggi akibat aktivitas penangkapan berdampak kepada populasi, yang mana dapat mengakibatkan kelebihan tangkap sehingga menurunkan jumlah populasi (Akbar *et al.*, 2014, Madduppa *et al.*, 2014). Strategi perlindungan yang perlu diterapkan untuk menjaga populasi ikan tuna sirip kuning dapat melalui konservasi genetik (Kusuma *et al.*, 2016; Jefri *et al.*, 2015). Informasi tentang populasi begitu penting guna menjalankan strategi pengelolaan, keseimbangan pemanfaatan, pelestarian dan keberlanjutan sumberdaya hayati yang semakin terancam (Syahailatua, 1993; Achmad *et al.*, 2019). Suatu populasi dapat ditentukan status tereksplotasinya akibat tangkap lebih melalui pengukuran ukuran populasi (Pope *et al.*, 2010). Suatu populasi ikan dapat dilihat melalui morfologi dan meristik dengan memperhatikan kesamaan dan perbedaan fenotip setiap tubuh ikan serta menjadi data dan informasi tambahan pada populasi ikan (Slamet *et al.*, 2011; Akbar *et al.*, 2019). Kajian bentuk luar organis (morfologi) dapat dijadikan sebagai kunci identifikasi struktur populasi, namun tidak memberikan informasi genetik. Oleh karena itu, aspek genetik penting untuk dijadikan sebagai kunci klarifikasi organisme (Turan *et al.*, 2004; Marquez *et al.*, 2011). Keterbatasan informasi genetik dalam penelitian morfologi, menjadikan alasan perlu dilakukannya penelitian genetik pada level populasi. Informasi tentang populasi genetik penting untuk peningkatan pemahaman yang bertujuan dalam melaksanakan keberlanjutan dan efektifitas manajemen sumberdaya (Nishida *et al.*, 1998; Chiang *et al.*, 2006; Chiang *et al.*, 2008).

Penelitian DNA ikan dilaporkan Scoles dan Graves (1993) di Samudera Pasifik, Wu *et al.* (2010) di (Samudera Pasifik dan Hindia), Wijana *et al.* (2010) di Spanyol dan Philipina, Kunal *et al.* (2013) di perairan Hindia, Kunal *et al.* (2014) di sepanjang pesisir India, Nugroho (2009) di Benoa Bali tentang ikan tuna mata besar, Permana *et al.* (2007) tentang tuna sirip kuning (*Thunnus albacore*s) dari daerah Bali, Maluku Utara dan Sulawesi Utara, Moria *et al.* (2009) di Bali berdasarkan mikrosatelit berdasarkan sampel larva ikan tuna sirip kuning, Suman *et al.* (2013) di Samudera Hindia bagian Sumatera Barat, Selatan Jawa dan Nusa Tenggara pada ikan tuna mata besar, Akbar *et al.* (2014) tentang keragaman genetik ikan tuna sirip kuning di dua lokasi perairan Maluku, Pertiwi *et al.* (2017) tentang populasi genetik *bigeye* tuna di Indonesia, Akbar *et al.* (2018) tentang populasi genetik



ikan tuna mata besar di perairan Maluku Utara dan Achmad *et al.* (2019) tentang ikan julung-julung di Perairan Maluku Utara.

Penilaian struktur populasi genetik dilakukan dengan menggunakan metode DNA. Metode ini umumnya dipakai untuk mendapatkan kode genetik berdasarkan urutan basa gen (Sanger *et al.*, 1977). Freeland (2005) menyebutkan bahwa metode sekuensing DNA digunakan untuk mendapatkan urutan pasang basa yang spesifik diantara individu yang berbeda, sehingga dapat menyimpulkan hubungan filogenetik dan menceritakan proses evolusi. Penelitian tentang struktur populasi genetik penting dilakukan untuk memberikan informasi yang bertujuan untuk penetapan strategi konservasi sumberdaya ikan.

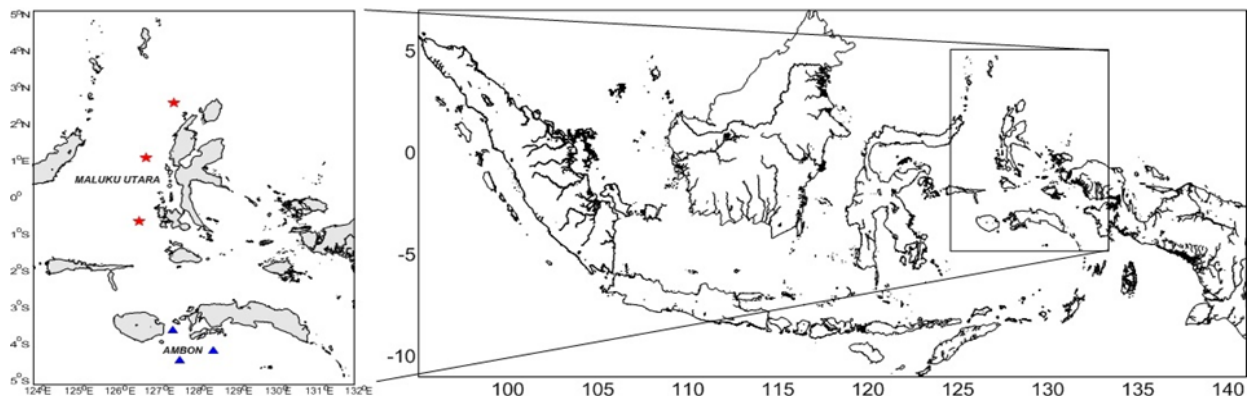
Bahan dan Metode

Lokasi penelitian

Penelitian ini dilakukan di Maluku Utara dan Ambon, dimana koleksi sampel dilakukan pada tempat pangkalan pendaratan ikan (PPI) dan pelabuhan perikanan nusantara (PPN), berdasarkan hasil tangkapan nelayan di sekitar kedua perairan (Gambar 1).

Koleksi sampel

Jumlah sampel yang dikumpulkan terdiri dari Maluku Utara (33 sampel) dan Ambon (8 sampel). Sample kemudian diambil foto, pengambilan sirip pektoral 3 cm dan seterusnya di masukan kedalam tube berisi ethanol 96%. Ekstraksi, amplifikasi, elektroforesis dan sekuensing dilakukan pada laboratorium.

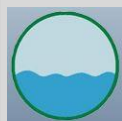


Gambar 1. Lokasi sampling (Bintang merah = Maluku Utara, segitiga biru = Ambon (Akbar *et al.*, 2014).

Pengerjaan sampel DNA

Mitokondria DNA diperoleh menggunakan larutan chelex (Walsh *et al.*, 1991). Ekstraksi DNA dilakukan pada bagian pektoral yang telah diambil dan dimasukan kedalam tube, kemudian di vortex dan sentrifuge selama ± 20 detik. Proses selanjutnya tube di masukan kedalam heat block bersuhu 95°C selama ± 45 menit. Sampel di ekstraksi pada bagian sirip ikan yang telah dimasukan pada tube, kemudian di vortex dan disentrifuge ± 20 detik, serta diletakan dalam heat blok bersuhu 95°C selama ± 45 menit. Tahapan selanjutnya di ambil kemudian di vortex dan sentrifuge kembali selama 20 detik.

Mitokondria DNA *control region* di amplifikasi menggunakan primer forward CRK 5'-AGCTC AGCGC CAGAG CGCCG GTCIT' GTAAA-3' dan primer reverse CRE 5'-CCTGA AGTAG



GAACC AGATG-3' (Lee *et al.*, 1995). Tahap Amplifikasi DNA dilakukan melalui denaturasi awal pada suhu 94°C selama 15 detik, selanjutnya denaturasi sebanyak 38 siklus dengan suhu 94°C selama 30 detik, kemudian proses *annealing* dilakukan pada 50°C selama 30 detik dan extension pada 72°C selama 45 detik, selama 72°C untuk 5 menit. Hasil PCR dilanjutkan pada tahapan elektroforesis untuk melihat keberhasilan. Gel agarosa sebanyak 1 gram dituangkan kedalam erlenmeyer, setelah itu ditambahkan 75 mL TAE 1x setelah itu dipanaskan dalam *microwave* dengan campuran 4 uL EtBr. Elektroforesis dilakukan dengan cara gel agarosa yang telah dibuat kemudian disalin pada media cetakan yang telah dipasangkan sisir, setelah itu dibiarkan 30 menit. Hasil PCR dikirim ke *Berkeley Sequencing Facility* dengan berdasarkan *Sanger method* (Sanger *et al.*, 1977).

Analisis data

Sekuens DNA kemudian dilakukan verifikasi dengan dengan aplikasi *Blast* (*Basic Local Alignment Tools*). Sekuens kemudian dialign dengan tujuan memperoleh data kemiripan antara spesies menggunakan dengan DNA Weight Matrix ClustalW (1.6) dan Translation Weight (0.5) pada *software* MEGA 5. Genetik populasi di analisis dengan *software* Arlequin 3.5 (Excoffier dan Lischer, 2009) dengan melihat aliran genetik atau *fixation index* (*Fst*) antar populasi (Excoffier *et al.*, 1992). Kedekatan genetik (Jarak genetik) dianalisis menggunakan standar yang telah ditetapkan (Nei, 1972) dan (Nei, 1978) dengan aplikasi MEGA 7 (Kumar *et al.*, 2016). Pola distribusi haplotipe dibuat dengan menggunakan *software* Network 4.6. Data sekunder di unduh dari *GenBank* untuk lokasi Samudera Hindia (20 sampel) dengan *accession number*.

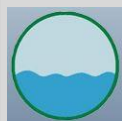
Hasil

Karakteristik molekuler

Amplifikasi DNA pada daerah MtDNA *control region* diperoleh 517 bp (*base pairs*) pada 41 sampel. Hasil amplifikasi memperlihatkan bahwa panjang basa DNA yang ditemukan memiliki ukuran yang lebih panjang dan pendek dari beberapa penelitian genetik ikan yang di laporkan (Tabel 1). Proses identifikasi ikan dengan menggunakan *Basic Local Alignment Search Tools* program (BLAST) diperoleh 33 individu (Maluku Utara) dan 8 individu (Ambon) (Tabel 2).

Tabel 1. Perbandingan karakteristik molekuler

Jumlah sampel	Panjang basa (bp)	Lokasi	Primer	Sumber
41	517	Maluku Utara dan Ambon	CRK-CRE	Hasil Penelitian
370	500	Pesisir India	Enzyme Rsa I	Kunal <i>et al.</i> , 2014
148	333	Barat Laut Atlantik, S.Pasifik, S.Hindia dan Pesisir Ivory	CB3 dan GLUDG L15998-PRO dan	Ely <i>et al.</i> , 2005
124	366	Barat S.Pasifik dan Hindia	CSBDH	Wu <i>et al.</i> , 2010
285	540	Perairan Sri Langka	ATPase 6	Dammanggoda S, 2007
1242	447	Indonesia Islands	CRK-CRE	Pertiwi <i>et al.</i> , 2017
10	660	Malaysia	CO1	Aaron <i>et al.</i> , 2018

Tabel 2. Spesies, nama umum, lokasi, tahun, singkatan dan jumlah sampel ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) yang ditemukan.

Spesies	Nama umum	Lokasi dan tahun	Singkatan	Jumlah sampel
<i>Thunnus albacares</i>	Yellowfin	Maluku Utara, 2013	YFT	33
		Ambon, 2013		8
Total				41

Struktur populasi genetik

Analisis struktur populasi genetik menunjukkan adanya kedekatan dan aliran genetik yang kuat diantara kedua populasi ikan tuna sirip kuning (Tabel 3 dan 4). Hasil analisis jarak genetik interspesifik pada lokasi Maluku Utara adalah 0.022, dan pada populasi Ambon sebesar 0.019, diperoleh juga nilai jarak genetik interspesifik dalam dua populasi yaitu 0.021. Analisis jarak genetik intraspesifik populasi Maluku Utara dengan Ambon adalah 0.021. Komparasi jarak genetik antar populasi ikan tuna sirip kuning di perairan Maluku dan Samudera Hindia yakni 0.121.

Tabel 3. Jarak genetik dalam dan diantara populasi tuna sirip kuning.

Jarak Genetik	Lokasi	Maluku Utara	Ambon	Semua populasi
Dalam Populasi	Maluku Utara	0.022	-	-
	Ambon	-	0.019	-
	Semua populasi	-	-	0.021
Antar populasi	Maluku Utara	-	0.021	-
	Ambon	-	-	-

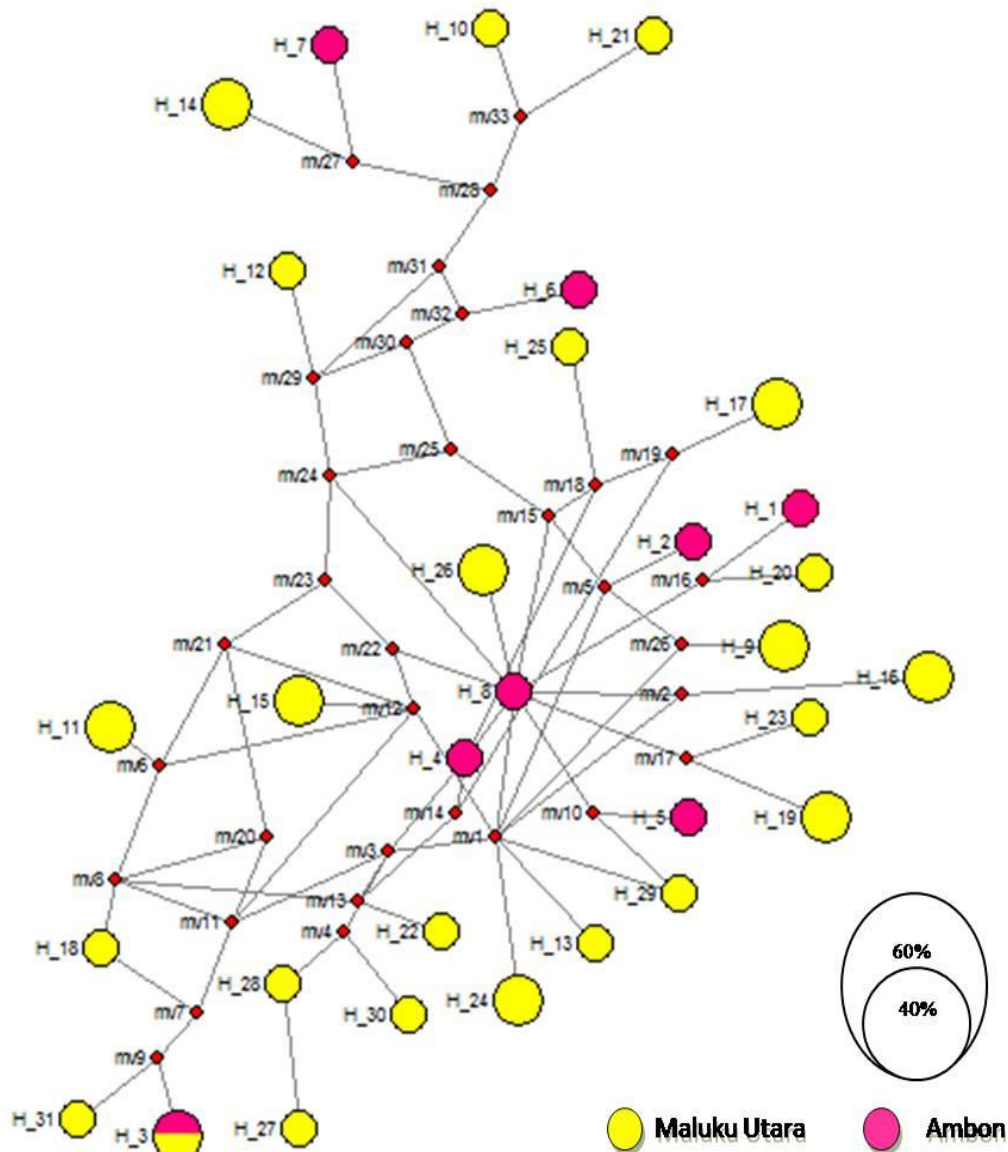
Tabel 4. Jarak genetik dalam dan antar populasi perairan Maluku dengan Samudera Hindia.

Jarak genetik	Lokasi	Perairan Maluku	Samudera Hindia
Dalam populasi	Perairan Maluku	0.021	-
	Samudera Hindia	-	0.282
Antara populasi	Perairan Maluku	-	0.121
	Samudera Hindia	-	-

Aliran genetik (F_{st}) ditemukan tinggi pada kedua populasi (Maluku Utara dan Ambon), demikian juga aliran genetik pada populasi (Maluku dengan Samudera Hindia). Nilai (F_{st}) populasi tuna sirip kuning Maluku Utara dengan Ambon adalah 0.562, populasi Ambon dengan Samudera Hindia sebesar 0.906 dan Maluku Utara dengan Samudera Hindia adalah 0.931 (Tabel 5).

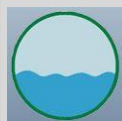
Tabel 5. Analisis jarak berpasangan (F_{st}) pada tiga populasi tuna sirip kuning

F_{ST}	Lokasi	S.Hindia	Ambon	Maluku Utara
Tuna sirip kuning	Samudera Hindia	-	-	-
	Ambon	0.906	-	-
	Maluku Utara	0.931	0.562	-



Gambar 2. Jaringan distribusi haplotipe ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) dari dua populasi di Laut Maluku, Indonesia. (Perairan Maluku Utara = bulat kuning, Ambon = bulat merah mudah).

Pola distribusi haplotipe berdasarkan hasil analisis menunjukkan terdapat hubungan atau keterkaitan diantara haplotipe pada ikan tuna sirip kuning (Gambar 2). Mitokondria DNA dominan terdistribusikan ke seluruh sampel ikan tuna sirip kuning, sehingga gagal untuk menunjukkan pengelompokan (*Clade*) antara lokasi geografis yang berbeda. Hasil analisis yang menemukan bahwa kedekatan jarak genetik, aliran genetik yang kuat dan distribusi haplotipe yang bervariasi menjelaskan bahwa struktur genetik pada populasi ikan tuna sirip kuning dari dua populasi di Laut Maluku belum mengalami perubahan.



Pembahasan

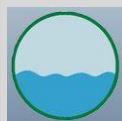
Panjang basa (bp) mtDNA *control region* pada ikan berkisar antara 200-1500 bp (Liu *et al.*, 1999; Ali *et al.*, 2004). Hasil amplifikasi DNA yang ditemukan menunjukkan bahwa ukuran panjang basa DNA masih dalam kategori normal. Perbedaan jumlah sampel, kualitas DNA, primer yang digunakan, panjang primer, komposisi basa primer, lingkungan biota menetap, makanan dan keturunan yang berkaitan dengan reproduksi merupakan faktor yang mempengaruhi panjang basa DNA (Williams *et al.*, 1990; Shizuka dan Lyon, 2008; Akbar *et al.*, 2014; Jefri *et al.*, 2015; Akbar *et al.*, 2018).

Hasil analisis memperlihatkan bahwa terdapat kekerabatan genetik yang kuat antar populasi. Kekerabatan yang tinggi menunjukkan bahwa homoplasi populasi sangat tinggi (Asmussyarofah *et al.*, 2020). Hasil yang ditemukan mirip dengan Dammannagoda (2007) di perairan (Sri Lanka dan Samudera Hindia), Scoles dan Graves (1993) di Samudera Pasifik dimana differensiasi genetik yang rendah antara tuna sirip kuning antara lokasi yang berbeda. Kerabatan genetik yang kuat memberikan indikasi bahwa populasi ikan di kedua perairan keturunan yang sama (Iskandariah *et al.*, 2010; Indaryanto *et al.*, 2015). Kedekatan genetik pada kedua populasi tuna sirip kuning, memberikan dugaan bahwa kedua populasi tersebut berasal dari kelompok keturunan yang sama. Mobilitas migrasi tinggi mengakibatkan terjadinya aliran gen (*gene flow*), diakibatkan peluang pertemuan antar populasi lebih besar. Populasi dengan hubungan kekerabatan yang dekat memiliki persamaan secara genetik dan morfologi, kemungkinan diakibatkan karena keadaan lingkungan (Mayor, 1970; Saleky *et al.*, 2016; Aaron *et al.*, 2018).

Nilai (*F_{st}*) tinggi diantara populasi menjelaskan bahwa distribusi DNA terhadap kedua populasi sangat besar. Kedekatan dan besarnya aliran genetik menunjukkan bahwa mereka semua relatif terkait erat dan tidak ada daerah sampel yang secara genetik terisolasi yang lain (Toha *et al.*, 2016). Populasi ketiga lokasi dimungkinkan saling memberikan pengaruh yang dimungkinkan diakibatkan pertemuan antar populasi, sehingga aliran genetik menjadi besar. Differensiasi genetik yang rendah pada populasi tuna baik didalam dan diantara populasi di Samudera Pasifik dan Hindia, karena terjadi pertemuan terus menerus (*circumtropical*) dan berbagai tempat pemijahan yang cocok (Bremer *et al.*, 1998; Grewe and Hampton, 1998; Chow *et al.*, 2000; Appleyard *et al.*, 2002; Durand *et al.*, 2005; Chiang *et al.*, 2008; Wu *et al.*, 2010; Suman *et al.*, 2013).

Distribusi haplotipe didukung hasil analisis fiksasi indeks (*F_{st}*) dan jarak genetik. Semua ini menunjukkan bahwa tuna sirip kuning Maluku Utara dan Ambon merupakan populasi panmiktis (populasi yang melakukan perkawinan secara acak). Heterogenitas genetik yang dilakukan pada kedua populasi sama dengan beberapa spesies tuna lain yang di ambil pada wilayah perairan berbeda (Chiang *et al.*, 2006; Santos *et al.*, 2010; Suman *et al.*, 2013). Ikan tuna umumnya dapat bermigrasi pada jarak yang sangat jauh karena ikan ini mampu beradaptasi terhadap perubahan-perubahan lingkungan perairan laut (Wijana dan Mahardika, 2010). Ikan pelagis seperti cakalang, albacore, tuna mata besar dan sirip kuning memiliki ruang pemisah yang kecil baik di dalam dan antara cekungan laut karena terjadinya pertemuan secara intensif, dengan demikian hubungan phylogeografi ikan sangat tinggi (Graves 1996; DeBoer *et al.*, 2014). Ward (1995) menjelaskan bahwa untuk menunjukkan perbedaan populasi rendah, migrasi yang melibatkan beberapa individu per generasi dapat merupakan kunci untuk menghasilkan homogenitas genetik yang jauh.

Secara geografis lokasi perairan Maluku Utara dan Abon yang relatif jauh dengan pola oseanografi, topografi serta iklim yang bervariasi tidak memberikan pengaruh migrasi. Musim dingin ikan tuna melakukan migrasi dari perairan iklim dingin/sedang ke perairan tropis (Wijana dan Mahardina, 2010). Faktor lain adalah kemampuan migrasi yang dimiliki, faktor oseanografi



hususnya arus turut membantu ikan tuna saat bermigrasi, hal ini disebabkan karena spesies ini cenderung bermigrasi mengikuti arus. Kondisi lingkungan yang demikian mendukung memberikan peluang ikan tuna bertemu di perairan dengan jumlah populasi yang besar meskipun berbeda lokasi. Gordon (2005) mengemukakan arus lintas Indonesia (Arlindo) merupakan arus yang melintasi perairan Indonesia yang mengalir dari Samudera Pasifik ke Samudera Hindia.

Pengaruh oseanografi sangat penting dalam mendistribusikan organisme laut, genetik dan memiliki peran dalam pertukaran gen antar populasi berbeda lokasi. Distribusi populasi dan genetik ikan dipengaruhi pertukaran arus terutama arus permukaan antar Indo-pasifik melewati perairan Indonesia lewat Arus Lintas Indonesia (Arlindo) (Gordon dan Fine, 1996; Gaylord dan Gaines, 2000; Huyghe dan Kochzius, 2018). Pergerakan arus ini membantu proses pertukaran gen terjadi antar populasi pada daerah tropis di perairan Indo-Pasifik menyebabkan terjadi kedekatan genetik antar populasi. Pertemuan populasi ikan tuna dalam jumlah besar membawa pengaruh pada aliran gen (*gene flow*) karena setiap populasi bertemu kemudian melakukan perkawinan antar populasi (interpopulasi). Lokasi yang berbeda tempat yang jauh dapat terhubung oleh arus yang kuat karena adanya pengaruh oseanografi dalam penyebaran spesies antar lokasi dan mengubah suatu pola genetik dalam populasi maupun spesies (Mitarai *et al.*, 2009; White *et al.*, 2010).

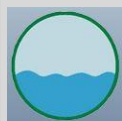
Strategi dan upaya untuk melindungi keanekaragaman hayati diperlukan melalui konservasi genetik dengan penegakan regulasi dan upaya pengendalian tangkapan ikan, hal ini dikarenakan keragaman hayati mencakup segala aspek yang meliputi keragaman habitat, komunitas, populasi dan jenis. Perbedaan genetik ini dianggap penting dibanding jenis dan ekosistem, hal ini disebabkan karena sumber daya genetik merupakan kunci penting bagi suatu jenis untuk bertahan hidup sampai generasi berikutnya. Spesies dengan kemampuan beradaptasi yang baik akan menghasilkan variasi fenotip dan genotip guna merespon perubahan lingkungan yang diakibatkan isolasi atau kondisi ekstrim dengan ketersediaan makanan yang terbatas, sehingga individu dapat bertahan hidup dan berkembang baik (Taylor dan Aarsen, 1988; Akbar *et al.*, 2019).

Kesimpulan

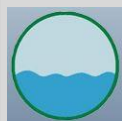
Hasil penelitian memperlihatkan kedekatan genetik ikan tuna sirip kuning dari dua populasi di Laut Maluku, Indonesia. Jaringan haplotipe yang terdistribusi antar populasi dan adanya aliran genetik yang kuat antar populasi Maluku Utara-Ambon. Secara umum menjelaskan bahwa struktur populasi dari dua populasi di Laut Maluku belum terganggu, meskipun intensitas penangkapan terus dilakukan namun diduga bahwa eksplorasi dan eksploitasi ikan belum begitu tinggi di Laut Maluku.

Daftar Pustaka

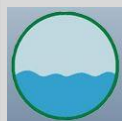
- Aaron C.C.Y., A.H.A. Aziz, S.K.S.T Meriam. 2018. Morphological and molecular identification of Mullet species (*Mugilidae*) from Setiu Wetland, Terengganu, Malaysia. *AACL Bioflux*, 11(2): 429-438.
- Achmad M.J., M. Djamhur, M. A. Fabanyo, N. Akbar. 2019. Aplikasi *DNA barcoding* ikan julung-julung (*Hemirhamphus* sp.) di Perairan Laut Maluku Utara. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 19(3): 463-473.
- Akbar, N., N.P. Zamani, H.H. Madduppa. 2014. Keragaman genetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) dari dua populasi di Laut Maluku, Indonesia. *Jurnal Depik*, 3(1): 65-73.
- Akbar, N., M. Aris, M. Irfan, I. Tahir, A. Baksir, Surahman, H.M. Madduppa, R. Kotta. 2018. Filogenetik ikan tuna (*Thunnus* spp.) di Perairan Maluku Utara, Indonesia. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 18(1): 1-11.



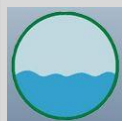
- Akbar N, M. Aris. 2018. Genetic population structure of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) as based data of fish conservation in North Mallucas sea. *Omni Akuatika*, 14(3): 75-85.
- Akbar N., I Tahir, A. Baksir, R.E. Paembonan., F. Ismail. 2019. Deskripsi morfologis spesies endemik hiu berjalan (*Hemiscyllium balmahera*, *Allen & Erdmann, 2013*) di perairan Laut Maluku Utara. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 19(2): 297-314.
- Ali, B.A., T.H. Huang, D.N. Qin, and X.M. Wang. 2004. A review of random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers in fish Research. *Fish Biology and Fisheries*, 14: 443-453.
- Appleyard, S.M., P.M. Grewe, B.H. Innes, and R.D. Ward. 2001. Population structure of yellowfin tuna (*Thunnus albacores*) in the western Pasific Ocean, inferred from microsatellite loci. *Marine Biology*, 139: 383-393.
- Bailey, M., J. Flores, S. Pokajam, and U.R Sumaila. 2012. Towards better management of Coral Triangle tuna. *Ocean & Coastal Management Journal*, 63: 30-42.
- Baskoro, M.S., R.I Wahyu, dan A. Effendy. 2004. Migrasi dan distribusi ikan. Institut Pertanian Bogor. Bogor. 101 hal.
- Bremer, J.R.A., B. Stequert, N.W. Robertson, and B. Ely. 1998. Genetic evidence for inter-oceanic subdivision of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) populations. *Marine Biology*, 132: 547-557.
- Chiang, H.C., C.C. Hsu, G.C.C. Wu, S.K. Chang, and H.Y. Yang. 2008. Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the Indian Ocean inferred from mitochondrial DNA. *Fisheries Research*, 90(1-3): 305-312.
- Chiang, H.C., C.C. Hsu, H.D. Lin, G.C. Ma, T.Y. Chiang, and 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(1-2): 219-225.
- Chow, S., H. Okamoto, N. Miyabe, K. Hiramatsu, and N. Barut. 2000. Genetic divergence between Atlantic and Indo-Pacific stocks of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) and admixture around South Africa. *Molecular Ecology*, 9(2): 221-227.
- 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.
- Durand, J.D., A. Collet, Chow, B. Guinand, and P. Borsa. 2005. Nuclear and mitochondrial DNA markers indicate unidirectional gene flow of Indo-Pacific to Atlantic bigeye tuna (*Thunnus obesus*) populations, and their admixture off southern Africa. *Marine Biology*, 147: 313-322.
- Ely, B., J. Vinas, J.R.A. Bremer, D. Black, L. Lucas, K. Covello, A.V Labrie, and 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.
- Excoffier, L., P.E.Smouse, and J.M.Quattro. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distance among DNA haplotypes; application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2) : 479-491.
- Excoffier, L., and H. Lischer. 2009. Arlequin ver 3.5 user manual ; An integrated software package for population genetics data analysis. Swiss Institute of Bioinformatics. 174 p.
- Freeland, J.R. 2005. Molecular ecology. British library cataloguing in publication data. Minion-regular by Thomson press (India) limited. New Delhi, India. 388 p.
- Gaylord, B., S.D. Gaines. 2000. Temperature or transport? Range limits in marine species mediated solely by flow. *American Naturalist*, 155(6): 769-789.



- Gordon, A.L. 2005. The Indonesian seas oceanography of and their throughflow. *Oceanography*, 18(4): 14-27.
- Gordon, A.L., and R.A. Fine. 1996. Pathways of water between the Pacific and Indian oceans in the Indonesian seas. *Nature*, 379: 146-149.
- Graves, J.E. 1996. Conservation genetics of fishes in the pelagic marine realm. In: *Conservation Genetics: Case Histories from Nature*. Avise, J.C., J.L. Hamrick. eds. London, UK: Chapman and Hall. 335-367 p.
- Grewe, P., and J. Hampton. 1998. An assessment of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) population structure in the Pasific Ocean, based on mitochondrial DNA and DNA microsatellite analysis. Marine Research. Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation, Australia.
- Huyghe F., M. Kochzius. 2018. Sea surface current and geographic isolation shape the genetic population structure of a coral reef fish in Indian Ocean. *Plose ONE*, 13(3): e0193825.
- International Seafood Sustainability Foundation (ISSF). 2019. ISSF stock status ratings-2019; status of the world fisheries for tuna. Technical Report 202019-04, United States of America.
- Indaryanto F.R., H. Imai, Y. Wardiatno. 2015. Genetic variation of short body mackerel, *Rastrelliger brachysoma* of Jawa Island, Indonesia based on mtDNA control region sequences. *AACL Bioflux*, 8(5) : 648-655
- Iskandariah, O.Z. Arifin, dan R. Gustiano. 2010. Analisis keragaman genetik lima populasi nila hitam (*oreochromis* sp.) dengan analisis sidik ragam Random Amplified Polymorphism Dna (RAPD). Prosiding forum inovasi teknologi akuakultur 2010. Hal.: 523-528.
- 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
- Kementerian Kelautan dan Perikanan (KKP). 2018. Kelautan dan perikanan dalam angka 2011. Pusat Data Statistik dan Informasi, Jakarta. 120 hal.
- Kumar, S., G. Stecher G, K. Tamura . 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology Evolution*, 33(7):1870-1874
- Kunal, S.P. and G. Kumar. 2013. Cytochrome oxidase I (COI) sequence conservation and variation patterns in the yellowfin and longtail tunas. *International Journal Bioinformation Research*, 9(3): 301-309.
- Kunal, S.P., G. Kumar, and M.R. Menezes. 2014. Genetic variation in yellowfin tuna (*thunnus albacares*) (Bonnaterre, 1788) along Indian Coast using PCR-RFLP analysis of mitochondrial Dna D-Loop Region. *International Journal of Scientific Research*, 3(1): 25-30.
- 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.
- Liu, Z.J., P. Li, B.J. Argue, and R.A. Dunham. 1999. Random amplified polymorphic DNA markers: usefulness for gene mapping and analysis of genetic variation of catfish. *Aquaculture*, 174:59-68.
- Madduppa H.H., J. Timm , M. Kochzius. 2014. Interspecific, spatial and temporal variability of self-recruitment in Anemone fishes. *PLoS ONE* 9(6): e90648.
- Mitarai, S., D.A. Siegel, J.R. Watson, C. Dong, and J.C. McWilliams. 2009. Quantifying connectivity in the coastal ocean with application to the Southern California Bight. *Journal of Geophysical Research*, 114(c10): 1-21.



- Moria, B.S., G.N. Permana, dan J.H. Hutapea. 2009. Karakteristik tiga lokus mikrosatelit pada telur dan larva ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*). *Jurnal Ilmu Perikanan*, 10(2): 144-149.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between population. *American Nature*, 106: 283-292.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89(3): 583-590
- Nishida, T., S. Chow, and P. Grewe. 1998. Review and research plan on the stock structure of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) and bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the Indian Ocean, dalam *Prosiding Indian Ocean Tuna Commission*, Victoria, Seychelles, 9-14 November 1998.
- Nugraha, B. 2009. Studi tentang genetika populasi ikan tuna mata besar (*Thunnus obesus*) hasil tangkapan tuna longline yang didaratkan di Benoa. Tesis. Pascasarjana Institut Pertanian Bogor, Bogor
- Permana, G.N., J.H. Hutapea, Haryanti, dan S.B.M. Sembiring. 2007. Variasi genetic ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albaceras*) dengan analisis elektroforesis allozyme dan mtDNA. *Jurnal Riset Akuakultur*, 2(1): 41-50.
- Pertiwi N.P.D., B. Nugraha, R.K. Sulistyaningsih., I. Jatmiko., A. Sembiring., A. Mahardini., N.K.D. Cahyani, A.W Anggoro., H.H. Madduppa, A. Sutikno., P.H. Barber., G.N. Mahardika. 2017. Short Communication: Lack of differentiation within the bigeye tuna population of Indonesia. *Biodiversitas*, 18(4) : 1406-1413
- Pope, K.L., S.E. Lochmann, and M.K. Young. 2010. Methods for assessing fish populations. *Inland fisheries management in North America*, 3rd edition. American Fisheries Society, Bethesda, Maryland. America. 325-351 p.
- 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.
- Sanger, F., S. Nicklen, and A.R. Coulson. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors, in *Proceeding National Academical Science, United Stated of America*, 74 (12): 5463-5467.
- Santos, M.D., G.V. Lopez, and N.C. Barut. 2010. A pilot study on the genetic variation of eastern little tuna (*Euthynnus affinis*) in Southeast Asia. *Philippine Journal of Science*, 139(1): 43-50.
- Scoles, D.R., and J.E. Graves. 1993. Genetic analysis of the population structure of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) from the Pacific Ocean. *Fishery Bulletin*, 91(4): 690-698.
- Shizuka, D., and B.E. Lyon. 2008. Improving the reliability of molecular sexing using a W-specific marker. *Molecular Ecology Resources*, 8(6): 1249-1253.
- Sibert, J., J. Hampton, P. Kleiber, and M. Maunder. 2006. Biomass, size, and trophic status of top predators in the Pacific Ocean. *Science*, 314: 1773-1776.
- Suman, A., H.E. Irianto, K. Amri, and B. Nugraha. 2013. Population structure and reproduction of bigeye tuna (*Thunnus Obesus*) in Indian Ocean at Western part of Sumatera and Southern part of Java and Nusa Tenggara, dalam *Prosiding Indian Ocean Tuna Commission*, 8 Oktober, 2013.
- Syahailatua, A. 1993. Identifikasi stok ikan, prinsip dan kegunaannya. *Oseana*, 18 (2): 55-63.
- Taylor, D.R., L.W. Aarssen. 1988. An interpretation of phenotypic plasticity in agropyron repens (*Gramminae*). *American Journal of Botany*, 75 (3): 401-413.
- Toha, A.H., N. Widodo., B. Subhan., M.R. Himawan, C. Tania., B.A. Noor, B.S. Stewart, H.H. Madduppa. 2016. Close genetic relatedness of whale sharks, *Rhincodon typus* in the Indo-Pacific region. *AACL Bioflux*, 9 (3): 458-465



- Turan, C.D., F. Ergüden, Turan, and M Gurlek. 2004. Genetic and morphologic structure of *Liza abu* (Heckel, 1843) populations from the Rivers Orontes, Euphrates and Tigris. Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences, 28(4):729-734.
- Walsh, P.S., D.A. Metzger, and R. Higuchi. 1991. Chelex-100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR based typing from forensic Material. Biotechniques, 10(4): 506-513.
- Ward, R.D. 1995. Population genetics of tunas. Journal Fisheries Biology, 47: 259-280.
- White, C., S.A. Kimberly, J.S.A. Watson, Z.C. David, T.J. Danielle, and Robert. 2010. Ocean currents help explains population genetic structure. Proceedings of the Royal Society, 277: 1685-1694.
- Williams, P., and P. Terawasi. 2009. Overview of tuna fisheries in the western and central Pacific Ocean, including economic conditions-2008. Technical Report. Western and Central Pacific Fisheries Commission, in Scientific Committee Fifth Regular Session, 10–21 Agustus 2009, Port Vila, Vanuatu.
- Williams, J.G.K., A.R. Kubelik, K.J. Livak, J.A. Rafalski, and S.V. Tingey. 1990. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Research, 18(22): 6531-6535.
- Wijana, I.M.S., I.G.N. Mahardika. 2010. Struktur genetika dan filogeni yellowfin tuna (*Thunnus albacores*) berdasarkan sekuen DNA mitokondria control region sitokrom oksidase I pada diversitas zone biogeografi. Jurnal Bumi Lestari, 10(2): 270-274.
- Wu, G.C.C., H.C. Chiang, Y.W. Chou, W.R. Wong, C.C. Chen, and H.Y. Yang. 2010. Phylogeography of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) in the Western Pacific and the Western Indian Oceans inferred from mitochondrial DNA. Fisheries Research, 105(3): 248-253.

How to cite this paper:

- Akbar, N., D. Pertiwi, N.P. Zamani, B. Subhan, H.H. Madduppa. 2020. Studi pendahuluan genetika populasi ikan tuna sirip kuning (*thunnus albacares*) dari dua populasi di laut Kepulauan Maluku, Indonesia. Depik Jurnal Ilmu-Ilmu Perairan, Pesisir dan Perikanan, 9(1): 95-106.