

Keragaman genetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) dari dua populasi di Laut Maluku, Indonesia

Genetic diversity of yellowfin tuna (Thunnus albacares) from two populations in the Moluccas Sea, Indonesia

Nebuchadnezzar Akbar¹, Neviaty P Zamani², Hawis H Madduppa^{2*}

¹Sekolah Pascasarjana Program Studi Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor, Indonesia

²Departemen Ilmu dan Teknologi Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor, Indonesia. *Corresponding author. Phone: +62-812-94926007, E-mail: hawis@ipb.ac.id

Abstract. Yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) is a large, pelagic, and migratory species of tuna that inhabits Moluccas Sea in Indonesia, and most sea environment worldwide. However, high fishing activities tend to happen in the Indonesia region and catch product appear to be decreasing. A better understanding of yellowfin tuna genetic diversity is required to plan better conservation strategy of tuna. The study was conducted to infer the genetic diversity of yellowfin tuna (*T. albacares*) in the Moluccas Sea. A total of 41 tissue samples of yellowfin tuna were collected from two regions in the Moluccas Sea (North Moluccas and Ambon) during an expedition in February 2013. The results showed that genetic diversity and nucleotide diversity of yellowfin tuna from North Moluccas population was 0.984 and 0.021, respectively; while in Ambon population, the genetic and nucleotide diversities were 1.00 and 0.018, respectively. The high genetic diversity (0.990) and nucleotide diversity (0.020) between two populations were observed. Based on phylogenetic analysis, no genetic differentiation between the two populations in Moluccas Sea was revealed.

Keywords : Population genetics; Haplotype diversity; Coral Triangle; Phylogenetics; Polymerase Chain Reactions (PCRs)

Abstrak. Tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) adalah ikan komersial penting dan ditemukan di Laut Maluku, Indonesia. Tetapi, aktivitas penangkapan ikan tuna sirip kuning dapat menurunkan kualitas dan kuantitas stok ikan, sehingga perlu adanya pengkajian keragaman genetik ikan tuna sirip kuning. Pemahaman yang baik tentang keragaman genetika dibutuhkan untuk merencanakan strategi konservasi tuna yang lebih baik. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik ikan tuna sirip kuning dari dua populasi di Laut Maluku. Sebanyak 41 sampel jaringan dari tuna sirip kuning dikumpulkan dari dua populasi di Laut Maluku (Maluku Utara dan Ambon) selama ekspedisi pada bulan Februari 2013. Hasil penelitian menunjukkan bahwa keragaman genetik populasi tuna sirip kuning pada perairan Maluku Utara dan Ambon masing-masing sebesar 0,984 dan 1,00 sedangkan nilai keragaman nukleotida masing-masing bernilai 0,021 dan 0,018. Nilai keragaman genetik dan keragaman nukleotida yang tinggi didapatkan antar kedua populasi masing-masing sebesar 0,990 dan 0,020. Berdasarkan analisis filogenetik, dua populasi di Laut Maluku ini memiliki kedekatan secara genetik.

Kata kunci : Genetika populasi; Keragaman haplotipe; Segitiga Terumbu Karang; Filogenetika; Polymerase Chain Reaction (PCR)

Pendahuluan

Tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) adalah ikan komersial penting dan ikan ini hidup di perairan tropis dan subtropis (Wu *et al.*, 2010; Collette and Nauen, 1983). Sibert *et al* (2006) dan Williams dan Terawasi (2009) melaporkan sejak 1950-210 telah terjadi peningkatan penangkapan ikan tuna sirip kuning di Samudera Pasifik setiap tahunnya dengan nilai penjualan ikan tuna hingga tahun 2008 diperkirakan mencapai 5 milyar US\$. Namun dilaporkan bahwa telah terjadi penurunan hasil tangkapan sebesar 8% pada tahun 2010 berbanding tahun 2009 (ISSFT, 2012) melaporkan.

Perairan Maluku Utara merupakan salah satu daerah potensial ikan pelagis besar khususnya ikan tuna (KKP, 2011). Potensi sumberdaya ikan tuna di perairan ini didukung oleh letak geografis yang berbatasan langsung dengan Samudera Pasifik, Laut Seram, Laut Maluku, Laut Halmahera dan Laut Banda yang merupakan jalur masuknya Arus Lintas Indonesia. Total produksi penangkapan ikan tuna Maluku Utara pada Tahun 2011 sebesar 106,5 ton (KKP, 2011). Selain itu Perairan Maluku Utara masuk dalam kawasan segitiga terumbu karang yang mempunyai biodiversitas spesies laut yang tinggi (Allen, 2000).

Intensitas penangkapan ikan tuna di Perairan Maluku Utara tergolong tinggi Kondisi ini dikhawatirkan akan menyebabkan terjadi kelebihan tangkap sehingga akan menyebabkan penurunan populasi ikan tuna sirip kuning di perairan Maluku Utara. Untuk mengantisipasi hal tersebut diperlukan suatu program konservasi, untuk melindungi ikan tuna sirip kuning tersebut dari kelangkaan. Salah satu upaya yang dapat dilakukan adalah melalui konservasi genetik, untuk tujuan tersebut perlu adanya kajian tentang keragaman genetik populasi ikan tuna sirip kuning, sehingga dapat dijadikan dasar bagi penetapan kebijakan pengelolaan dan konservasi genetik ikan tuna sirip kuning di kawasan ini. Penelitian terdahulu tentang keragaman genetik ikan tuna sirip kuning telah dilakukan oleh Scoles dan Graves (1993) di Samudera Pasifik; Permana *et al.* (2007), Moria *et al.* (2009) dan Wu *et al.* (2010) di Samudera Pasifik dan Hindia; Kunal dan Kumar (2013) di perairan Hindia dan Kunal *et al.* (2014) di sepanjang pesisir India.

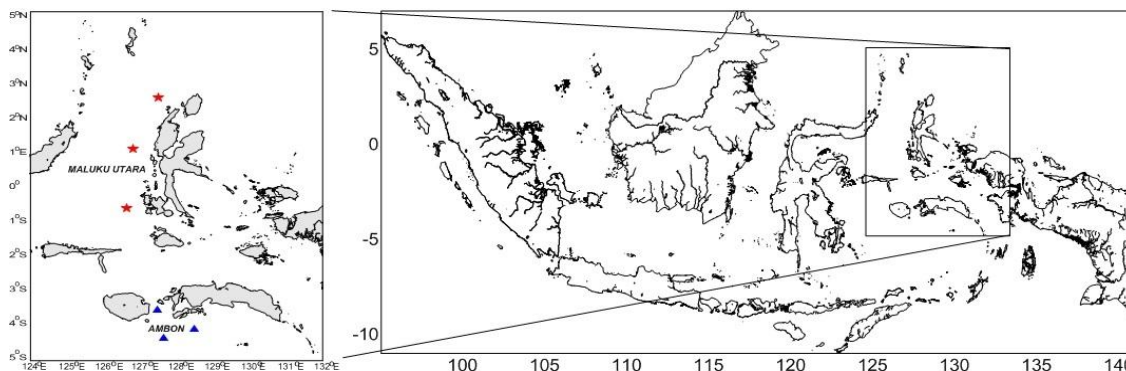
Kajian keragaman genetik bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik dengan melihat apakah terjadi perpindahan genetik diantara populasi sehingga bisa menentukan status hidup populasi (Santos *et al.*, 2010). Keragaman genetik mempunyai arti penting dalam stabilitas dan ketahanan populasi (Ferguson *et al.*, 1995). Menurut Frakham (1999) kehilangan keragaman genetik akan mengurangi kemampuan spesies tersebut untuk beradaptasi terhadap perubahan lingkungan. Keragaman genetik juga mempunyai dampak secara langsung maupun tidak terhadap populasi, komunitas, dan ekosistem (Hughes *et al.*, 2008). Selain itu pemahaman tentang struktur populasi juga bertujuan untuk keberlanjutan dan efektifitas manajemen sumberdaya (Nishida *et al.*, 1998; Chiang *et al.*, 2006; Chiang *et al.*, 2008). Informasi genetik pada ikan dengan migrasi yang tinggi seperti tuna sangat penting diketahui untuk pemanfaatan yang bersifat lestari (Santos *et al.*, 2010). Nilai komersial dan ekonomi yang tinggi ikan tuna sirip kuning menjadi alasan pentingnya pemahaman guna efektifitas pengelolaan sumberdaya perikanan yang berkelanjutan (Wu *et al.*, 2010).

Metode yang digunakan untuk mengetahui informasi keragaman genetik adalah teknik DNA sequencing. Metode PCR-sequencing dapat digunakan untuk memperoleh urutan basa nukleotida pada molekul DNA (Sanger *et al.*, 1977). Selain itu teknik ini sangat mudah, cepat, efisien (Graham dan Hill, 2001; Ubadillah dan Sutrisno, 2009). Metode ini melibatkan proses reaksi, pemisahan, deteksi dan data untuk mendapatkan sekuens dari DNA (Nunnally, 2005). Sampai saat ini penelitian tentang keragaman genetik ikan tuna sirip kuning yang tertangkap di Perairan Maluku belum pernah dilakukan Oleh karena itu disini dilaporkan tentang keragaman genetik ikan tuna sirip kuning dari dua populasi di Laut Maluku.

Bahan dan Metode

Koleksi sampel

Pengambilan sampel ikan tuna dilakukan pada bulan Februari 2013 di lokasi Pangkalan Pendaratan Ikan (PPI) dan Pelabuhan Perikanan Nusantara (PPN) di Maluku Utara (33 sampel), serta di Ambon (8 sampel) (Gambar 1). Analisis sampel dilakukan di *Indonesian Biodiversity Research Center* (IBRC) Bali dan Laboratorium Biodiversitas dan Biosistematika Kelautan IPB. Setiap sampel di foto, diukur panjangnya dan diambil bagian sirip pektoral sepanjang 3 cm, kemudian di simpan dalam *tube* berisi etanol 96% untuk pengawetan.



Gambar 1. Lokasi sampling tuna sirip kuning (*Thunnus albacores*) di Perairan Laut Maluku, Indonesia (bintang merah = Maluku Utara, segitiga biru = di Ambon)

Ekstraksi, *polymerase chain reaction*, elektroforesis dan *sekuensing* DNA

Isolasi DNA mitokondria dilakukan dengan larutan Chelex 10% (Walsh *et al.*, 1991). Profil ekstraksi meliputi setitik sampel yang dimasukkan kedalam *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.

Amplifikasi *Polymerase Chain Reaction* dilakukan pada lokus MtDNA control region menggunakan primer forward CRK 5'-AGCTC AGCGC CAGAG CGCCG GTCTT GTAAA-3' dan primer reverse CRE 5'-CCTGA AGTAG GAACC AGATG-3' (Lee *et al.*, 1995). Profil PCR meliputi denaturasi awal pada suhu 94°C selama 15 detik, 38 siklus yang meliputi 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. Pengecekan kualitas produk DNA dilakukan dengan elektroporesis. Pembuatan gel agarosa 1 gram dan dimasukkan kedalam erlenmeyer, ditambahkan 75 mL TAE 1x dan dipanaskan di dalam mikrowave kemudian ditambahkan 4 μ L EtBr. Gel agarosa dituangkan di cetakan yang sudah dipasang sisir pembuat sumur dan didiamkan selama 30 menit. Hasil PCR dikirim ke *Berkeley Sequencing Facility* dengan metode *Sanger* (Sanger *et al.*, 1977).

Analisis data

Analisis daerah sekuens mtDNA control region menggunakan *software* MEGA5 (Tamura *et al.*, 2011). Pada *software* ini dilakukan proses penjajaran sekuens agar dapat melihat kemiripan yang nyata antar sekuens dengan metode DNA Weight Matrix ClustalW (1.6) dan Translation Weight (0.5) serta identifikasi spesies melalui aplikasi *Blast* (*Basic Local Alignment Tools*). Tingkat keragaman genetik pada data sekuens mtDNA control region menggunakan aplikasi DnaSP 4.0 (Rozas *et al.*, 2003). Deskripsi analisis statistik yaitu pengukuran keragaman haplotipe (H_d) dan keragaman nukleotida (π) berdasarkan Nei (1987). Analisis filogenetik dilakukan dengan melibatkan seluruh sampel ikan tuna sirip kuning yang ditemukan menggunakan metode neighbor joining, model evolusi Kimura 2-parameter dan replikasi bootstraps 1000 dengan aplikasi MEGA5.

Hasil dan Pembahasan

Karakteristik molekuler

Panjang fragmen hasil amplifikasi PCR dengan menggunakan MtDNA *control region* dan primer CRK-CRE ditemukan 517 bp (*base pairs*) dari total 41 sampel. Panjang fragmen hasil penelitian ini sama dengan panjang basa (bp) untuk spesies tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) yang ditemukan oleh Kunal *et al.* (2014) yaitu sepanjang 500 bp, namun lebih panjang dari yang ditemukan oleh Ely *et al.* (2005) sepanjang 333 bp, Scoles dan Graves (1993) sepanjang 304 bp dan Wu *et al.* (2010) sepanjang 366 bp, Chiang *et al.* (2006) sepanjang 380 bp dari spesies tuna mata besar (*Thunnus obesus*), dan Martinez dan Zardoya (2005) yang menemukan panjang fragmen 409 dari spesies tuna mata besar (*Thunnus obesus*). Namun, sedikit berbeda dengan Niwa *et al.* (2003) yang memperoleh total ukuran panjang basa 1900 bp. Perbedaan panjang primer diakibatkan oleh penggunaan jumlah sampel yang berbeda, namun tidak menunjukkan adanya pengaruh terhadap hasil analisis sekuens pada tiap sampel.

Keragaman genetik

Secara keseluruhan deskripsi statistik keragaman genetik disajikan pada (Tabel 1). Nilai keragaman haplotipe (H_d) populasi tuna sirip kuning pada perairan Maluku Utara sebesar 0,984 dan keragaman nukleotida (π) bernilai 0,021, sedangkan keragaman genetik di perairan Ambon 1,00 dan nukleotida 0,018. Nilai keragaman genetik antar kedua populasi adalah 0,990 dan keragaman nukleotida 0,020. Tingginya nilai keragaman genetik populasi ikan tuna sirip kuning yang ditemukan sama seperti yang dilaporkan oleh Scoles dan Graves (1993) di Samudera Pasifik (0,840). Keragaman genetik yang tinggi juga telah dilaporkan oleh beberapa penelitian lainnya diantaranya Moria *et al.* (2009) yang memperoleh keragaman genetik ikan sirip kuning berdasarkan sampel larva sebesar 0,878, Wu *et al.* (2010) keragaman genetik ikan tuna sirip kuning sebesar 0,992 di Barat Samudera Pasifik dan 0,999 di Barat Samudera Hindia, serta Kunal dan Kumar (2013) memperoleh keragaman genetik tuna sirip kuning sebesar 0,998. Hasil penelitian ini, mirip dengan laporan hasil penelitian ikan *migratory* pelagis lainnya seperti tuna albacore (*Thunnus alalunga*), tuna mata besar (*Thunnus obesus*) dan ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) (Carlsson *et al.*, 2004; Chiang *et al.*, 2006, 2008; Martinez dan Zardoya, 2005; Martinez *et al.*, 2006; Nugraha, 2009; Dammannaggoda, 2007; Suman *et al.*, 2013). Kemiripan tingkat keragaman genetik tuna merupakan ciri dari ikan dengan tingkat migrasi yang ditinggi, dimana tuna merupakan ikan bermigrasi jauh. Zona migrasi yang luas pada ikan tuna

memberikan peluang adanya pertemuan antar populasi dan menuntup kemungkinan terjadinya inbreeding didalam populasi, sehingga dengan demikian pola genetik ikan tuna akan beragam dan menyebabkan tingginya keragaman genetik. Zardoya *et al.* (2004) mengatakan keragaman genetik yang tinggi pada tuna merupakan tipe pola genetik ikan famili Scrombridae.

Hasil analisis keragaman genetik dari 41 individu ikan tuna sirip kuning pada kedua perairan terdapat 33 haplotipe yang berbeda dan 7 haplotipe yang sama dan 1 haplotipe berada pada dua individu yang berbeda lokasi. Distribusi haplotipe pada dua individu yang sama terdapat pada populasi ikan tuna sirip kuning Maluku Utara yakni haplotipe 9 pada individu 1 dan 27, haplotipe 11 pada individu 3 dan 29, haplotipe 14 pada individu 7 dan 31, haplotipe 15 pada individu 8 dan 9, haplotipe 16 pada individu 10 dan 33, haplotipe 19 pada individu 13 dan 28, haplotipe 24 pada individu 18 dan 19 sedangkan 1 haplotipe yang tersebar pada dua individu yang berbeda lokasi adalah haplotipe 3 pada individu 3 di Ambon dan individu 4 pada Maluku Utara.

Tabel 1. Jumlah haplotipe (Hn), keragaman haplotipe (Hd), keragaman nukleotida (π) dan jumlah sampel (n) ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) pada populasi Maluku Utara dan Ambon di perairan Laut Maluku, Indonesia.

Populasi	Hn	Hd	π	n
Maluku Utara	25	0,984	0,021	33
Ambon	8	1	0,018	8
Semua Populasi	33	0,990	0,020	41

Hasil penelitian yang menunjukkan adanya distribusi haplotipe didukung oleh penelitian Wu *et al.* (2010) yang menemukan 111 total haplotipe yang berbeda dari total 124 sampel yang di ambil. Niwa *et al.* (2003) juga menemukan distribusi haplotipe pada setiap individu yang berbeda dimana dari total 28 yang di analisis, terdapat 18 haplotipe spesifik pada setiap individu, 8 haplotipe terdapat pada dua individu dan 1 haplotipe menyebar di empat individu. Banyaknya haplotipe yang berbeda menunjukkan bahwa variasi haplotipe pada ikan tuna sirip kuning sangat tinggi. Jumlah haplotipe dengan tipe yang beragam memberikan pengaruh pada keragaman genetik dalam suatu populasi. Semakin beragam tipe komposit haplotipe tingkat keragaman genetik populasi genetik pada satu populasi akan semakin tinggi dan begitu juga sebaliknya (Smith dan Chesser, 1981).

Tingginya nilai keragaman haplotipe diduga disebabkan oleh dua hal; Pertama, meski adanya tekanan penangkapan secara berkala terhadap ikan tuna sirip kuning namun ukuran populasi dalam jumlah yang besar masih tersedia di perairan antar samudera atau perairan lokal pada suatu negara. Populasi yang menyebar secara luas mengakibatkan penangkapan ikan tuna mata besar hanya pada sub yang berjumlah kecil pada suatu perairan. Hal ini sesuai dengan hasil penelitian Ely *et al.* (2005) terdapat sub populasi pada populasi ikan tuna sirip kuning di Samudera Atlantik. Hal yang sama juga dilaporkan Grewe dan Hampton (1998) yang menemukan terdapat sub populasi ikan tuna mata besar di perairan Samudera Pasifik. Tingginya keanekaragaman genetik spesies ikan laut seperti tuna kuning mungkin juga dijelaskan oleh karakteristik mereka dari ukuran populasi yang besar dan distribusi yang luas di seluruh dunia (Avisé, 1998; Chiang *et al.*, 2006); Kedua, faktor kemampuan migrasi yang tinggi dimana migrasi akan menyebabkan terjadinya perkawinan silang dan percampuran gen antar populasi. Pernyataan ini didukung oleh Wild (1994) dan Grant (1985) yang melaporkan bahwa kemampuan migrasi ikan tuna yang tinggi berbanding dengan spesies ikan laut lainya memberikan peluang untuk bertemu dan mengakibatkan terjadi persilangan genetik yang tinggi. Ely *et al.* (2005) mengatakan bahwa ikan tuna sirip kuning adalah spesies yang bersifat pelagis dan *migratory* yang tersebar di daerah tropik dan sub tropic secara luas. Palumbi (1994) mengatakan ikan tuna memiliki kemampuan untuk dapat bermigrasi secara jauh, berdistribusi secara kosmopolitan dan memiliki ukuran populasi yang besar.

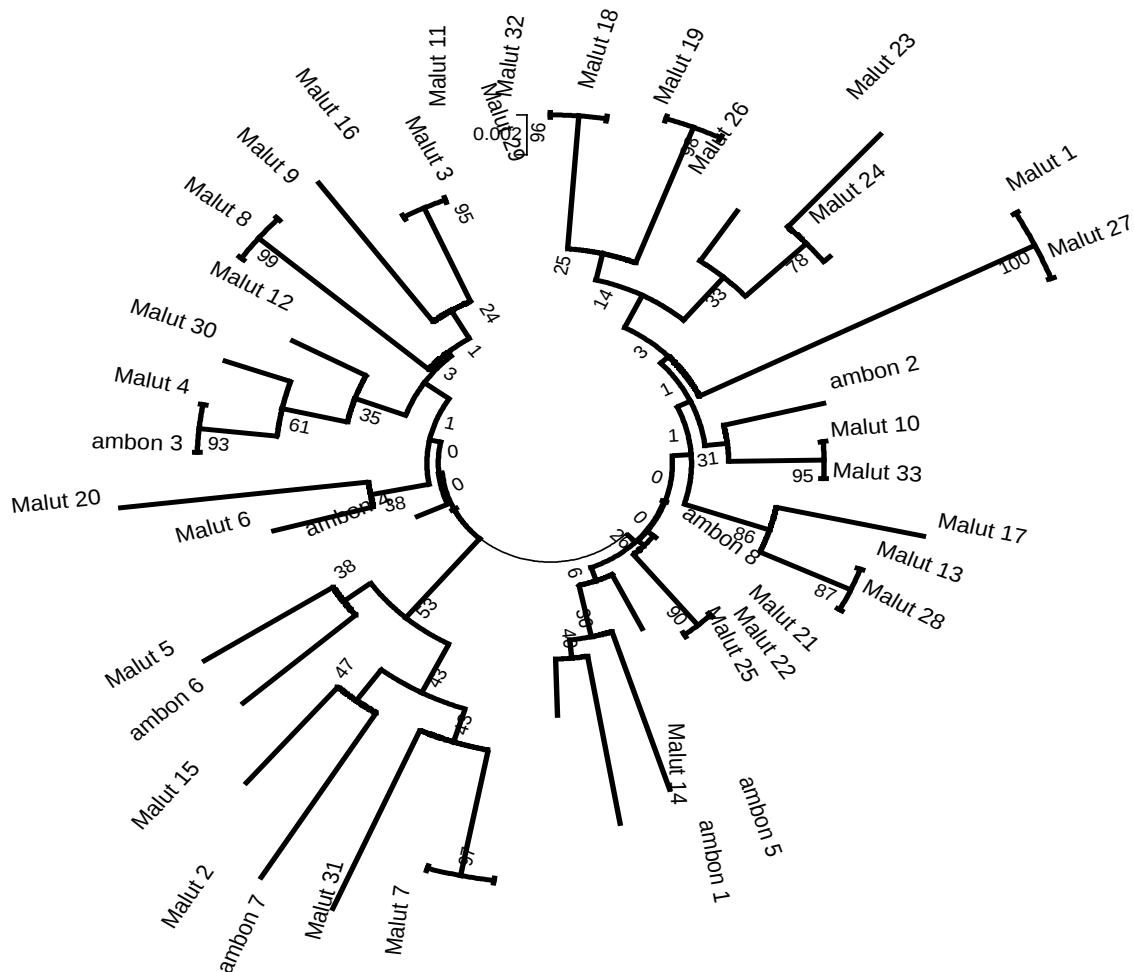
Populasi dengan keragaman genetik yang tinggi memiliki peluang hidup yang lebih baik karena setiap gen memiliki respon yang berbeda-beda terhadap kondisi lingkungan. Kehadiran berbagai macam gen dari individu-individu di dalam populasi menambah kemampuan populasi dalam merespon perubahan lingkungan. Perpindahan materi genetik antar populasi yang berbeda lokasi mempengaruhi keragaman genetik (Soelistyawati, 1996). Keragaman genetik yang tinggi di dalam populasi ikan dapat melindungi dari gangguan lingkungan (Hartl dan Jones, 1998).

Nilai keragaman genetik ikan tuna sirip kuning yang tinggi menunjukkan bahwa tuna memiliki tingkat keragaman genetik yang lebih tinggi jika dibandingkan dengan ikan laut lainnya seperti ikan kakap merah yang memiliki kisaran nilai keragaman genetik 0.099 (Permana *et al.*, 2003), ikan kerapu bebek yakni 0,7749-0,7940 (Sembiring *et al.*, 2013), ikan karang (famili Pomacanthidae dan Chaetodontidae) dari pantai Brazil dengan nilai keragaman genetik berada diantara 0,197- 0,467 (Affonso dan Galetti, 2007), ikan malalugis yang diperoleh berkisar 0,3698 (Zamroni, 2012), dan pada ikan anggoli (*Pristipomoides multidens*) berkisar antara 0,007-0,417 (Wigati *et al.*, 2003). Perbedaan tingginya keragaman genetik ini mungkin diakibatkan oleh sifat migrasi dan penyebaran tuna yang tinggi dan bergerombol sehingga memberikan peluang bertemu dengan kelompok lain di berbagai perairan, dibandingkan ikan kerapu, kakap, malalugis, ikan karang dan ikan anggoli yang relatif hidup dalam kelompok dan hanya berada di wilayah tertentu serta kemampuan migrasi yang rendah.

Keragaman haplotipe yang tinggi dari hasil penelitian ini memberi kesimpulan bahwa kedua kelompok ikan tuna sirip kuning ini masih memiliki kemampuan beradaptasi yang baik terhadap perubahan lingkungan yang terjadi. Taylor dan Aarsen (1988) menjelaskan bahwa spesies dengan kemampuan beradaptasi yang baik akan menghasilkan variasi fenotip dan genotip yang baik sebagai respon terhadap kondisi lingkungan tertentu sehingga dapat meningkatkan kemampuan individu untuk tetap bertahan hidup dan berkembang biak. Keanekaragaman penting untuk keberlanjutan sumberdaya alam pada masa depan termasuk pada sektor sumber daya ikan tuna sirip kuning dan perikanan komersil. Menurut Frankham (1996) kehilangan keragaman genetik akan mengurangi kemampuan spesies tersebut untuk beradaptasi terhadap perubahan lingkungan. Keragaman genetik mempunyai dampak potensial secara langsung maupun tidak terhadap populasi, komunitas dan ekosistem (Hughes *et al.*, 2008).

Filogenetik

Hasil analisis filogenetik untuk melihat kekerabatan diantara dua populasi di perairan Maluku menggunakan metode neighbor-joining dengan Kimura 2-parameter model diperoleh dua clade yang bercampur (mixing) antar kedua populasi tuna sirip kuning (Gambar 2). Clade 1 terdapat perncampuran individu ikan tuna sirip kuning Maluku Utara yakni individu 11, 32, 18, 19, 26, 23, 24, 1, 27, 10, 33, 17, 13, 28, 21, 22, 25, 14 dan Ambon pada individu 2, 8, 5 dan 1. Clade 2 terdapat 15 individu asal Maluku Utara yakni individu 7, 31, 2, 15, 5, 6, 20, 4, 30, 12, 8, 9, 16, 3, 29 dan terdapat 4 individu Ambon yaitu individu 7, 6, 5, dan 3. Hasil yang diperoleh mengindikasikan bahwa kedua populasi ikan ini adalah satu keturunan dan bermigrasi dengan pola migrasi pada lokasi yang sama sehingga mengakibatkan kedua populasi ini menjadi mirip secara genetik. Hasil ini serupa dengan penelitian Kunal dan Kumar (2013) yang tidak menunjukkan adanya perbedaan secara genetik di perairan India berdasarkan pohon filogenetik. Wijana dan Mahardika (2010) juga menemukan pohon filogenetik ikan tuna sirip kuning bercampur antara dua populasi yang berbeda yakni populasi sirip kuning Philipina dan Spanyol. Hal ini menjelaskan bahwa meskipun setiap kelompok populasi terpisah antara satu dengan yang lain akan tetapi dua populasi ini memiliki kedekatan secara genetik dan satu nenek moyang asal yang sama.



Gambar 2. Pohon filogenetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) menggunakan metode neighbor-joining dengan Kimura 2-parameter dari dua populasi di perairan Maluku, Indonesia (Maluku Utara = Malut, dan Ambon = ambon)

Beberapa penelitian lain di beberapa lokasi memperlihatkan hasil yang sama seperti di perairan Samudera Pasifik (Grewe dan Hampton, 1998), perairan Samudera Atlantik (Martinez dan Zardoya, 2005; Martinez *et al.*, 2006), Laut Cina, Philipina dan Samudera Pasifik bagian barat (Chiang *et al.*, 2006) dan diperairan Samudera Hindia (Chiang *et al.*, 2008) pada spesies ikan tuna mata besar (*Thunnus obesus*). Secara umum hasil yang diperoleh didukung oleh Chow dan Kishino (1995) melakukan penelitian hubungan filogenetik diantara spesies tuna dan menemukan bahwa terdapat tiga *clade* yang berbeda namun setiap *clade* terdapat dua spesies yang bercampur dari setiap lokasi yang berbeda.

Kesimpulan

Hasil analisis menunjukan bahwa ikan tuna sirip memiliki tipe haplotipe yang beragam dan nilai keragaman yang tinggi, sehingga memberikan peluang ikan tuna sirip kuning untuk mampu beradaptasi terhadap perubahan lingkungan yang terjadi. Rekonstruksi pohon filogenetik menunjukan pencampuran populasi pada dua populasi di Laut Maluku.

Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan banyak terimakasih kepada Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi (DIKTI) untuk beasiswa pendidikan kepada NA, dan *Indonesia Biodiversity Research Center* (IBRC) untuk beasiswa penelitian. Ucapan terima kasih atas arahan dan bimbingan selama penelitian untuk staf IBRC (Bapak Ngurah Mahardika, Aji Wahyu Anggoro, Andrianus Sembiring, Dita Cahyani, Dian Pertiwi, Rizki Wulandari, Angka Mahardini dan Astria Yusmalinda).

Daftar Pustaka

- Affonso, P.R.A.M., P.M. Galetti. 2007. Genetic diversity of three ornamental reef fishes (Families *Pomacanthidae* and *Chaetodontidae*) from the Brazilian coast. *Brazilian Journal Biology*, 67(4): 925-933.
- Allen, G.R. 2000. Indo-Pacific coral-reef fishes as indicators of conservation hotspots, dalam Prosiding of the 9th International Coral Reef Symposium, Bali, Indonesia 23-27 October 2000.
- Avise, J. 1998. *Phylogeography*. Harvard University Press, Cambridge. MA.
- Chiang, H.C., C.C. Hsu, G.C.C. Wu, S.K. Chang, H.Y. Yang. 2008. Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the Indian Ocean inferred from mitochondrial DNA. *Fisheries Research*, 90: 305-312.
- 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. *Molecular Evolution*, 41: 741-748.
- Collette, B., C. Nauen. 1983. *Scombrids of the world-an annotated and illustrated catalogue of tunas, mackerels, bonitos and related species known to date*. FAO Species. Catalogue. 2 (125):137. Rome, Italy.
- Dammannagoda, S.T. 2007. Genetic stock structure and inferred migratory pattern of skipjack tuna (*Katsuwonus pelamis*) and yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) in Sri Lankan waters. Dissertation. School of Natural Resource Science. Queensland University of Technology Gardens Point Campus Brisbane, Australia.
- 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.
- Ferguson, A.J.B., P.A. Taggart, O. Prodohl, C. Mc Meel, C. Thompson, Mc. Stone, R.A. Ginnity, Hynes. 1995. The Application markers to the study & conservation of fish population with special referens to Salmon. *Fish Biology*, 47: 103-126.
- Frankham, R. 1996. Relationship of genetic variation to population size in wildlife. *Conservation Biology*, 10(6): 1500-1508.
- Graham, C.A., A.J.M. Hill. 2001. *DNA sequencing protocols* second edition. Humana Press, Totowa, New Jersey.
- Grant, W.S. 1985. Biochemical genetic stock culture of the southern African anchovy. *Engraulis capensis* Gilchrist. *Fish Biology*, 27: 23-29.
- Grewe, P., J. Hampton. 1998. An assessment of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) population structure in the Pacific Ocean, based on mitochondrial DNA and DNA microsatellite analysis. Marine Research. Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation, Australia.
- Hartl, D.L., E.W. Jones. 1998. *Genetics: principles and analysis*. fourth edition. Jones and Bartlett Publishers. Inc, United States of America.
- Hughes, A.R., B.D. Inouye, M.T.J. Johnson, N. Underwood, M. Vellend. 2008. Ecological consequences of genetic diversity. *Ecology Letters*, 11: 609-623.
- International Seafood Sustainability Foundation (ISSF). 2012. ISSF stock status ratings-2012; status of the world fisheries for tuna. Technical Report 2012-04, United States of America.
- Kementerian Kelautan dan Perikanan (KKP). 2011. Kelautan dan perikanan dalam angka 2011. Pusat Data Statistik dan Informasi, Jakarta.
- Kunal, S.P., 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, 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.
- Lee, W.J., J. Conroy, W.H. Howell, T.D. Kocher. 1995. Structure and evolution of teleost mitochondrial control regions. *Molecular Evolution*, 41: 54-66.
- Martinez, P., G.E. Gonzales, R. Castilho, R. Zardoya. 2006. Genetic diversity and historical demography of Atlantic bigeye tuna (*Thunnus obesus*). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 39: 404-416.

- Martinez, P., R. Zardoya. 2005. Genetic structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the Atlantic Ocean. *Collective Volume of Scientific Papers*, 57(1): 195-205.
- Moria, B.S., G.N. Permana, 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. 1987. *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University Press, New York.
- Nishida, T., S. Chow, 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.
- Niwa, Y., A. Nakazawa, D. Margulies, V.P. Scholey, J.B. Wexler, S. Chow. 2003. Genetic monitoring for spawning ecology of captive yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) using mitochondrial DNA variation. *Aquaculture*, 218: 387-395.
- 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.
- Nunnally, B.K. 2005. *Analytical techniques in DNA sequencing*. Taylor and Francis Group LLC., United States of America.
- Palumbi, S.R. 1994. Genetic divergence, reproductive isolation, and marine speciation. *Ecology System*, 25: 547-72.
- Permana, G.N., J.H. Hutapea, Haryanti, 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.
- Permana, G.N., S.B. Moria, H. Haryanti, Sugama. 2003. Genetic identification and variation of red Snapper (*Lutjanus sp*) through allozyme electrophoretic analysis. *Indonesian Fisheries Research*, 9(1): 33-40.
- Rozas, J., J.C. Sanchez-DeI Barrio, Messeguer, R.X. Rozas. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19(18): 2496-2497.
- Sanger, F., S. Nicklen, A.R. Coulson. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors, dalam *Proceeding National Academical Science*, United Stated of America, 74 (12): 5463-5467.
- Santos, M.D., G.V. Lopez, 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., J.E. Graves. 1993. Genetic analysis of the population structure of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) from the Pacific Ocean. *Fishery Bulletin*, 91: 690-698.
- Sembiring, S.B.M., Tridjoko, Haryanti. 2013. Keragaman genetik ikan kerapu bebek (*Cromileptes altivelis*) generasi F1 dan F3. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*, 5(1): 103-111.
- Sibert, J., J. Hampton, P. Kleiber, M. Maunder. 2006. Biomass, size, and trophic status of top predators in the Pacific Ocean. *Science*, 314: 1773-1775.
- Smith, M.H., R.K. Chesser. 1981. Rationale for conserving genetic variation of fish gen poll. *Ecology Bulletin of Stockholm*, 23: 119-130.
- Soelistyawati, D.T. 1996. *Genetika populasi*. Bogor. Jurusan Budidaya Perairan. Fakultas Perikanan Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- Suman, A., H.E. Irianto, K. Amri, 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.
- 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* (Gramineae). *American Journal of Botany*, 75(3): 401-413.
- Ubadillah, R., H. Sutrisno. 2009. *Pengantar biosistematik: teori dan praktek*. Museum Zoologicum Bogoriense, Pusat Penelitian Biologi, Bogor.
- 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(4): 506-513.
- Wigati, E., Sutarno, Haryanti. 2003. Variasi genetik ikan anggoli (*Pristipomoides multidens*) berdasarkan pola pita allozyme. *Biodiversitas*, 4(2): 73-79.

- 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.
- Wild, A. 1994. A review of the biology and fisheries for yellowfin tuna, *Thunnus albacares*, In the Eastern Pasific Ocean, dalam Prosiding of the First FAO Expert Consultation On interactions of Pacific Tuna Fisheries, Noumea, New Caledonia, 3-11 December 1991.
- Williams, P., 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, dalam Scientific Committee Fifth Regular Session, 10–21 Agustus 2009, Port Vila, Vanuatu.
- Wu, G.C.C., H.C. Chiang, Y.W. Chou, W.R. Wong, C.C. Chen, 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: 248-253.
- Zamroni, A. 2012. Struktur malalugis genetika populasi ikan (*decapterus macarellus*) di perairan sekitar pulau Sulawesi berdasarkan mt-dna marker. Thesis. Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- Zardoya, R., R. Castilho, C. Grande, L. Favre-Krey, S. Caetano, G. Marcato, T. Krey, 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. Moleculer Ecology, 13: 1785-1798.