

KONEKTIVITAS GENETIK *Cephalopholis sexmaculata* ANTARA DAERAH PENANGKAPAN DAN DAERAH KONSERVASI DI WILAYAH PENGELOLAAN PERIKANAN 714

(*Genetic Connectivity of Cephalopholis sexmaculata between Fishing Areas and Conservation Areas in the Fisheries Management Area 714*)

Gino V. Limmon¹, Johannes M. S. Tetelepta², Jesaya A. Pattikawa²,
Yuliana Natan² dan Chimberly Silooy^{3*}

¹ Jurusan Ilmu Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Pattimura

² Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Pattimura

³ Program Studi Magister Ilmu Kelautan, Program Pascasarjana, Universitas Pattimura

Corresponding author: chmsilooy26@gmail.com*

ABSTRAK: Wilayah Pengelolaan Perikanan (WPP 714) memiliki potensi ikan karang yang besar dengan keragaman yang tinggi. Walaupun demikian, eksploitasi ikan karang terutama ikan kerapu di WPP 714 juga cukup tinggi untuk memenuhi permintaan pasar nasional dan internasional. Salah satu jenis ikan kerapu adalah *Cephalopholis sexmaculata* dari famili Serranidae. Penelitian ini dilakukan dengan tujuan untuk mengetahui jarak genetik dan hubungan filogenetik serta keragaman genetik, struktur populasi dan konektivitas genetik dari spesies *C. sexmaculata* antara daerah konservasi dan daerah penangkapan di WPP 714 dengan menggunakan DNA barcoding. Sampel ikan *C. sexmaculata* diperoleh menggunakan metode survei dengan analisis yang dilakukan meliputi analisis molekuler, hubungan kekerabatan atau filogenetik serta keragaman dan konektivitas genetik. Hasil penelitian menunjukkan bahwa populasi *C. sexmaculata* di WPP 714 memiliki hubungan yang sangat dekat dengan jarak genetik yang diperoleh berkisar antara 0-10,9%. Nilai keragaman genetik yang diperoleh juga menunjukkan angka 1 yang terkategori tinggi pada setiap populasi. Konektivitas yang terbentuk dari struktur populasi pada spesies ini menunjukkan pendugaan terhadap adanya pertukaran genetik antara populasi *C. sexmaculata* di daerah konservasi dengan daerah penangkapan di WPP 714.

Kata Kunci: WPP 714, *Cephalopholis sexmaculata*, penanda DNA, konektivitas, filogenetik

ABSTRACT: The Fisheries Management Area (FMA 714) has great potential for reef fish with high diversity. However, exploitation of reef fish, especially grouper in FMA 714 is also high to meet national and international market demand. One of the species of grouper is *Cephalopholis sexmaculata* from the Serranidae family. This research was conducted with the aim to determine genetic distance and phylogenetic relationships as well as genetic diversity, population structure and genetic connectivity of the *C. sexmaculata* in conservation areas and fishing areas in FMA 714 using DNA barcoding. Samples of *C. sexmaculata* were collected using a survey method with analyzes carried out including molecular analysis, phylogenetic relationships as well as genetic diversity and connectivity. The results of the research show that the *C. sexmaculata* population in FMA 714 has a very close relationship with the the values of genetic distance ranging from 0-10.9%. The genetic diversity obtained also shows the value of 1 which is categorized as high in each population. The connectivity formed from



the population structure of this species indicates the existence of genetic exchange between the *C. sexmaculata* population in the conservation area and the fishing area in FMA 714.

Keywords: FMA 714, *Cephalopholis sexmaculata*, DNA Barcoding, connectivity, phylogenetic

PENDAHULUAN

Pemerintah Indonesia menetapkan Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia (WPPNRI) dalam rangka optimalisasi pengelolaan perikanan (KKP, 2014). WPPNRI 714 merupakan wilayah penangkapan yang terdiri atas Teluk Tolo dan Laut Banda dengan luasan sekitar 66 juta Ha. Sebagai wilayah penangkapan, WPPNRI 714 tentu memiliki kekayaan atas keanekaragaman hayati pada biotanya. Hal ini didukung oleh keberadaan ARLINDO dan fenomena *upwelling* yang sering terjadi akibat faktor oseanografi di WPP ini khususnya di Laut Banda. Selain itu, perairan timur Indonesia (termasuk WPPNRI 714) juga diketahui merupakan bagian daripada pusat segitiga terumbu karang dunia (*Coral Triangle Centre*) (BALITBANG KP, 2016). Dengan demikian wilayah ini sangat produktif untuk mendukung pertumbuhan spesies ikan, khususnya yang berhabitat di wilayah terumbu karang seperti ikan kerapu.

Spesies ikan kerapu adalah komoditas penting yang tingkat peminatannya tinggi dan Indonesia merupakan salah satu negara pengekspor ikan kerapu tertinggi di dunia (Amorim et al., 2020). Dengan demikian, untuk memenuhi permintaan tersebut, maka tingkat pemanfaatan terhadap ikan kerapu dapat dilakukan secara berkala, namun tanpa adanya pengawasan yang optimal, maka tindakan ini akan berakibat pada *over exploitation*. Sekalipun potensi ikan kerapu tinggi di perairan Indonesia, belum termasuk dalam apendik CITES dan belum tergolong jenis ikan yang dilindungi, akan tetapi pemanfaatan yang secara berkala, mampu menurunkan keanekaragaman genetik dari populasi ikan kerapu umumnya dan *Cephalopholis sexmaculata* khususnya (Kusuma et al., 2021; Suharsono, 2014).

Cephalopholis sexmaculata (Rüppell 1830) adalah kelompok ikan demersal dan

termasuk golongan spesies ikan kerapu yang berasal dari famili Serranidae. Spesies ini merupakan spesies ikan konsumsi yang dimanfaatkan secara lokal dalam skala kecil untuk diperdagangkan (Bray, 2022). Family Serranidae memiliki ritual khusus sebagai suatu pola tingkah laku yang unik untuk bereproduksi. Kelompok ini akan berdatangan pada suatu lokasi dan waktu tertentu untuk melangsungkan perkawinan secara masal. Apabila ritual ini terjadi dan membentuk siklus waktu yang tetap, maka sangat memungkinkan untuk memprediksi lokasi dan waktu reproduksi kelompok ikan ini. Oleh karena itu, kondisi tersebut dapat mengancam dan mampu memberikan tekanan terhadap populasi ikan ini akibat aktivitas eksploitasi, sehingga diperlukan upaya konservasi dan regulasi yang jelas untuk melindungi daerah pemijahan famili Serranidae khususnya spesies *C. sexmaculata* (Suharsono, 2014). Terkait hal tersebut, maka mempelajari pola daur hidup ikan sangatlah penting. Retraubun et al., (2023) menyatakan bahwa spesifikasi siklus hidup daripada setiap jenis ikan karang masih sangatlah kurang. Oleh sebab itu solusi tepat untuk mengatasi permasalahan tersebut adalah melalui kajian konektivitas, karena kajian ini telah diketahui kemampuannya dalam menentukan ketersediaan unit stok yang output-nya sangat dibutuhkan dalam studi ekologi dan konservasi.

Konektivitas merupakan suatu aspek biologi dan proses ekologis pada ekosistem di laut, yang mempelajari tentang sebaran individu secara spasial. Konektivitas dapat terjadi dan terbentuk karena adanya distribusi atau migrasi oleh spesies yang lebih dewasa saat proses pemijahan. Pemahaman tentang studi konektivitas sangat penting, karena mampu mendorong pemulihan stok organisme di laut melalui pengetahuan akan sebaran organisme secara genetika atau spesies, yang kemudian

akan berimplikasi dalam skala dengan cakupan yang lebih luas, yakni pada tingkatan populasi, komunitas maupun ekosistem (Balbar & Metaxas, 2019).

Studi konektivitas dapat ditinjau secara molekular melalui pendekatan genetic dengan *Deoxyribo Nucleic Acid* (DNA) yang memainkan peran utama dalam kajian ini. Penanda genetic dipakai untuk membedakan suatu spesies dan hubungan kekerabatan (filogenetik) yang berperan dalam proses penyebaran pada suatu individu (Selkoe et al., 2016). Sebagai spesies yang bernilai ekonomis dan tergolong ikan komersial yang penelitiannya sangatlah minim, serta rendahnya optimalisasi daripada implementasi kajian konektivitas genetic pada ikan kerapu umumnya dan khususnya pada *C. sexmaculata* di daerah WPP 714, menjadi alasan utama pentingnya penelitian ini dilakukan. Dengan demikian, penelitian ini bertujuan untuk menganalisis jarak genetic dan hubungan filogenetik (kekerabatan) serta keragaman genetic, struktur populasi dan konektivitas genetic dari spesies *C. sexmaculata* antara daerah konservasi dan daerah penangkapan di WPP 714.

METODE PENELITIAN

Pengambilan Data

Penelitian dilaksanakan pada April-Mei 2022 di beberapa wilayah timur WPP 714 yakni Ambalau dan Skaru Pakelo yang tergolong wilayah penangkapan, sedangkan Hatta dan Kei tergolong wilayah konservasi (Gambar 1). Prosedur pengambilan sampel dilakukan dengan menerapkan metode survei. Sampel yang dikoleksi adalah sampel ikan dewasa. Sampel ikan dewasa yang terkoleksi dimasukkan ke dalam ember dan diambil jaringan otot dorsalnya (*tissue*) satu per satu sebagai sumber analisis genetic (Ariyanti et al., 2015). *Tissue* yang telah diambil disimpan ke dalam *sample tube* yang telah dilabeli sebelumnya yang berisikan alkohol 96% agar tetap awet (Marwayana, 2015).

Analisis Genetika

Prosedur analisis genetika dilakukan dengan menerapkan teknik DNA *barcoding* yang

meliputi beberapa tahapan, yakni ekstraksi atau isolasi DNA, amplifikasi *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dan tahap elektroforesis. Prosedur ekstraksi atau isolasi DNA dilakukan dengan menerapkan penggunaan sebuah kit dari QIAGEN Jerman yakni DNeasy® Blood&Tissue Kit. DNA hasil ekstraksi kemudian diamplifikasi atau digandakan dalam jumlahan copy melalui teknik PCR dengan marka gen CO1 (*Cytochrome oxidase subunit I*) sebagai target dalam proses amplifikasi ini. Penggunaan primer *barcoding* khusus untuk menargetkan gen CO1 didasari pada primer yang dirancang oleh (Folmer et al., 1994), yakni LC-1490 sebagai **primer forward** dengan susunan oligonukleotidanya (5'-GGTCAACAATCATAAAGATATTGG-3') dan HCO-2198 sebagai **primer reverse** dengan susunan oligonukleotida (5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3'). Reaksi PCR dilakukan dengan total volume PCR 50 µl dengan siklus PCR sebanyak 35 pada tahap denaturasi-*extention*. Kondisi PCR pada penelitian ialah sebagai berikut:

- Pre-denaturasi 95 °C selama 5 menit
- Denaturasi pada suhu 94 °C selama 30 detik
- Annealing pada suhu 42 °C selama 30 detik
- *Extention* pada suhu 72°C selama 1 menit
- *Final extention* pada suhu 72 °C selama 7 menit

Visualisasi terhadap panjang fragmen DNA dilakukan pada produk PCR (DNA yang teramplifikasi). Produk PCR kemudian dikirimkan ke 1st base di Malaysia untuk disekuensing dengan jumlah total 10 sampel.

Analisis Jarak Genetik dan Filogenetik

Data sekuens DNA yang telah diperoleh kemudian dikoreksi, diedit dan disejajarkan dengan menggunakan model ClustalW (1.6) pada software MEGA 11.0.13 (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*) (Tamura et al., 2018). Hasil fragmen DNA yang telah dikoreksi kemudian disimpan dalam format FASTA dan dicocokkan dengan data yang telah tersedia pada data *genbank* di *website* NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) dengan menggunakan metode BLAST (*Basic Local*

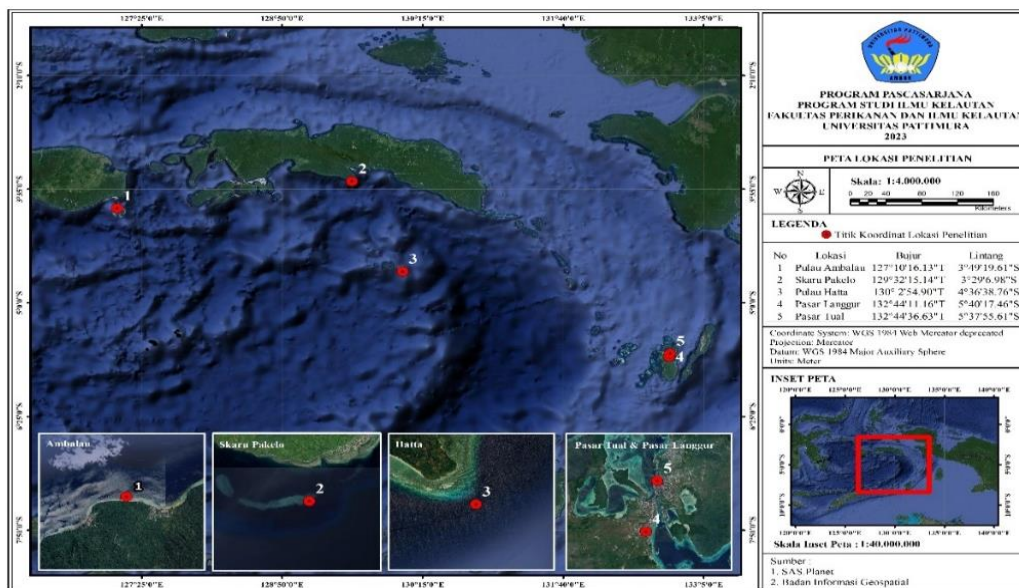
Alignment Search Tool). Tujuannya yaitu untuk mengetahui tingkat kecocokan data sekuens DNA penelitian ini dengan standar identifikasi (*query cover*, *identified*, dan *identities*) yang tersedia pada *genbank* (Bramasta et al., 2021; Rahayu et al., 2019). Analisis filogenetik kemudian dilakukan pada data yang telah diblast dengan menggunakan metode *Neighbor-Joining* (NJ), model Kimura 2-parameter (*K2P model*) dan *bootstrap* sebanyak 1000x replikasi (pengulangan) (Kimura, 1980; Saitou & Nei, 1987). Pada penelitian ini digunakan satu data aksesori pembanding untuk *out group* yang diperoleh dari *genbank* NCBI yakni *Cephalopholis argus* dengan kode akses KU366470.1. Jarak genetik antar spesies dihitung dengan menggunakan *software* dan model yang sama dan dideskripsikan berdasarkan kategori (Nei, 1972) (Tabel 1).

Analisis Keragaman Genetik, Struktur Populasi dan Konektivitas Genetik

Analisis keragaman genetik dan struktur populasi pada data sekuens DNA *C.sexmaculata* menggunakan *software* DnaSP v.6.12 (Rozas et al., 2003). Perolehan nilai statistik berupa nilai keragaman haplotipe (Hd) dan keragaman nukleotida (π) untuk analisis keragaman genetik serta *Fixation index* (Fst) untuk analisis struktur populasi dideskripsikan dengan mengacu pada kategori nilai menurut Excoffier et al. (1992) dan Nei (1987) (Tabel 1). Jaringan haplotipe *C. sexmaculata* di WPP 714 kemudian diplotkan berdasarkan analisis *median joining network* menggunakan *software* PopArt (Bandelt et al., 1999).

Tabel 1. Kriteria nilai jarak genetik, keragaman genetik dan struktur populasi

Analisis	Kategori			Referensi
	Rendah	Sedang	Tinggi	
Jarak Genetik	0.010-0.099	0.1-0.99	1.00-2.00	(Nei, 1972)
Keragaman Genetik (Hd)	0.1-0.4	0.5-0.7	0.8-1.00	(Nei, 1987)
Struktur Populasi (Fst)	0.1-0.3	0.4-0.7	0.8-1.00	(Excoffier et al., 1992)



Gambar 1. Peta lokasi penelitian

HASIL DAN PEMBAHASAN

Identifikasi Sekuens DNA Menggunakan Blast

Berdasarkan analisis diperoleh panjang fragmen DNA dari produk PCR pada marka gen COI berkisar antara 649-665 bp (Tabel 2), terkecuali pada sampel dengan ID KE3 karena memiliki panjang fragmen yang lebih sedikit yakni 409 bp. Merujuk pada Tabel 2, persentase *query cover* pada penelitian ini berkisar antara 71-98%, menunjukkan bahwa sebesar itulah nilai persentase dari panjang fragmen penelitian ini yang terpakai untuk dianalisis dan disejajarkan dengan data *genbank* di NCBI. Nilai tersebut merupakan representasi dari total panjang fragmen DNA (409-665 bp) pada penelitian ini.

Persentase nilai *identified* dari 10 sampel yang berkisar antara 89,11-100%, artinya bahwa sebanyak itulah nilai persentase dari hasil sekuensing DNA yang berhasil disejajarkan dengan yang tersedia di *genbank*. Sebaliknya, sekitar 0-10,89% panjang fragmen DNA pada penelitian ini tidak sama dan tidak tersejajarkan dengan data yang ada di *genbank* NCBI. Nilai *identities* menunjukkan adanya selisih dari sejumlah basa nukleotida di setiap data sekuens DNA pada penelitian ini dengan basa nukleotida yang terdapat pada sekuens DNA yang tersedia di *genbank*. Nilai selisih terbesar terdapat pada ID AMB2 (573/643) dengan total 70 bp, sehingga merepresentasikan persentase kesejajaran antara sekuens DNA pada penelitian

dengan *genbank* (*Identified*) yang juga lebih rendah dibandingkan yang lainnya yakni sebesar 89,11%.

Jarak Genetik dan Hubungan Filogenetik

Nilai jarak genetik (*genetic distance*) dan hubungan filogenetik ditentukan berdasarkan karakteristik sekuens DNA yang ada di dalam setiap spesimen atau taksa (Syah, 2022). Jarak genetik didefinisikan sebagai perbedaan gen atau genom antar spesies maupun populasi satu dengan lainnya yang terukur dengan menggunakan metode numerik (Dogan & Dogan, 2016). Nilai yang diperoleh dari jarak genetik menyatakan hubungan kedekatan antara 2 spesimen yang dibentuk berdasarkan tingkat kesamaannya pada sekuens DNA (Leatemia et al., 2018). Dengan menggunakan model Kimura 2-Parameter (*K2P Model*), jarak genetik pada spesimen atau individu atau taksa *C. sexmaculata* yang tertabulasi pada Tabel 3 berkisar antara 0,000-0,109 (0-10,9%). Nilai tersebut menunjukkan kemiripan sekuens DNA yang dibandingkan antara kedua spesimen. Semakin kecil nilainya, maka semakin dekat hubungan kedua spesimen dan sebaliknya semakin besar nilainya, maka jarak kedua spesimen tersebut semakin jauh. Secara keseluruhan nilai jarak genetik yang diperoleh hampir mendekati angka 0, sedangkan spesimen dengan jarak genetik 0,1 diperoleh antara spesimen Ambalau 2 dengan spesimen lainnya (Tabel 3).

Tabel 2. Hasil identifikasi sekuens DNA *C. sexmaculata* menggunakan blast

ID	Spesies	Query Cover (%)	Identified (%)	Identities	Panjang Fragmen	
					Penelitian	Genbank
AMB1	<i>C. sexmaculata</i>	98	99,23	643/648	656	658
AMB2	<i>C. sexmaculata</i>	97	89,11	573/643	662	636
BND1	<i>C. sexmaculata</i>	95	100	623/623	651	654
BND2	<i>C. sexmaculata</i>	97	99,69	634/636	653	636
HJ1	<i>C. sexmaculata</i>	95	100	619/619	649	654
KE1	<i>C. sexmaculata</i>	97	99,68	630/632	649	636
KE2	<i>C. sexmaculata</i>	98	99,24	652/657	665	658
KE3	<i>C. sexmaculata</i>	71	93,23	273/292	409	621
KE4	<i>C. sexmaculata</i>	97	99,53	630/633	651	636
KE5	<i>C. sexmaculata</i>	97	99,68	630/632	649	636

Tabel 3. Hasil identifikasi sekuens DNA *C. sexmaculata* menggunakan blast

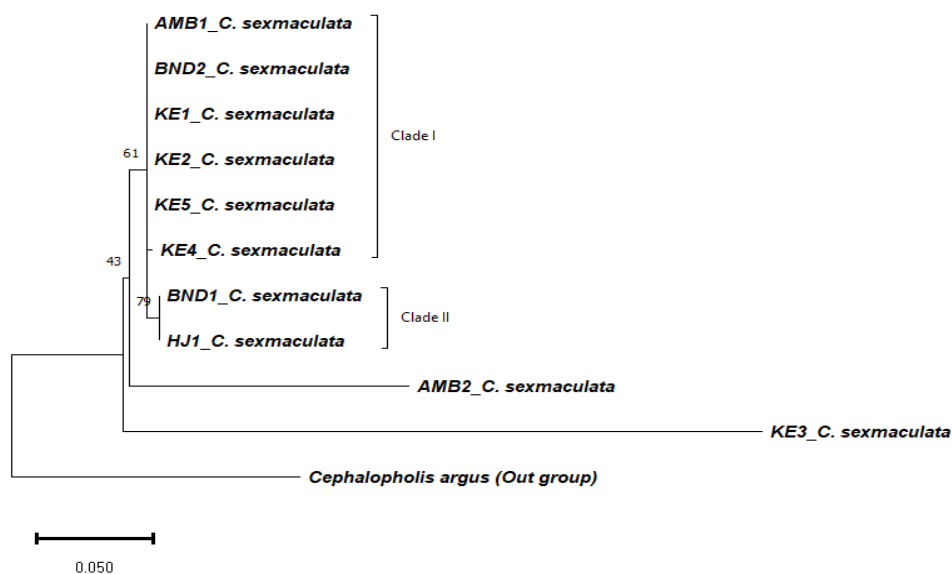
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
AMB1_C._sex									
AMB2_C._sex	0.10213								
BND1_C._sex	0.00472	0.10932							
BND2_C._sex	0.00000	0.10213	0.00630						
HJ1_C._sex	0.00472	0.10932*	0.00000	0.00630					
KE1_C._sex	0.00000	0.10392	0.00472	0.00157	0.00472				
KE2_C._sex	0.00000	0.10196	0.00630	0.00000	0.00630	0.00157			
KE4_C._sex	0.00157	0.10571	0.00630	0.00314	0.00630	0.00157	0.00314		
KE5_C._sex	0.00000	0.10213	0.00630	0.00000	0.00630	0.00157	0.00000	0.00314	

Keterangan: * = nilai jarak genetik tertinggi

Berdasarkan kategori menurut Nei (1972) maka dapat disimpulkan bahwa secara keseluruhan jarak genetik *C. sexmaculata* di WPP 714 terkategori rendah dan hubungan kekerabatannya sangat dekat antara spesimen satu dengan lainnya karena berada pada kisaran 0,01 – 0,099, sedangkan hubungan kekerabatan antara spesimen Ambalau 2 dengan spesimen lainnya terkategori sedang.

Filogenetik didefinisikan sebagai hubungan evolusi antar sekelompok organisme yang dalam sejarah sebelumnya didasari pada perbandingan morfologi antar fosil (Fietri et al., 2020). Pada zaman modern ini analisis tersebut

berkembang dan dikenal dengan analisis filogenetik molekuler dengan mengacu pada data molekuler yakni DNA atau protein (Horiike, 2016). Pohon filogenetik menggambarkan ilustrasi mengenai hubungan suatu spesies dengan nenek moyang terakhirnya yang paling dekat dengan spesies tersebut. Hal ini bertujuan untuk melihat sejauh mana hubungan antar spesies (Hikam et al., 2021). Rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan metode *Neighbour-Joining* (NJ) dengan model Kimura 2-parameter (*K2P model*) dan nilai bootstrap sebanyak 1000x replikasi (pengulangan) terilustrasi dalam Gambar 2.



Gambar 2. Rekonstruksi pohon filogenetik *C. sexmaculata* menggunakan metode *Neighbour-Joining* (NJ), model Kimura 2-parameter (*K2P model*) dan *bootstrap* 1000x replikasi

Berdasarkan hasil analisis, terlihat bahwa adanya 2 kelompok (*Cluster*) yang terbentuk dari 10 sekuens DNA *C. sexmaculata*, dengan 2 klad (*Clade*) yang berasal dari 1 percabangan yang sama dan 2 klad lainnya terdiri atas masing-masing satu spesimen. Asal percabangan yang sama mengindikasikan bahwa setiap taksa dalam penelitian ini bersumber dari satu nenek moyang (*ancestor*) yang sama dan kemudian tergolong dalam kelompok monofiletik. Cabang dari pohon filogenetik NJ menunjukkan bahwa klad I yang terdiri atas taksa KE1, 2, 4, 5 serta BND2 dan AMB1 ini berasal dari satu nenek moyang sama dengan taksa dari BND1 dan HJ1 yang tergolong dalam klad II. Hal tersebut didukung dengan jarak genetika pada klad I yang sangat rendah dengan rentang nilai 0,000-0,004 (0,00%) (Tabel 3). Ukuran panjang pendeknya percabangan yang terilustrasi pada pohon filogenetik menyatakan jarak evolusi, selain itu perkiraan daripada waktu atau periode laju evolusi seperti spesiasi dan duplikasi gen juga dapat diperkirakan berdasarkan informasi panjang cabang pada pohon filogenetik (Horiike, 2016).

Keragaman Genetik, Struktur Populasi dan Jaringan Haplotype *C. sexmaculata*

Nilai keragaman genetik atau haplotipe (Hd) dan nukleotida (π) yang diperoleh dengan menggunakan *software* DnaSP v.6.12 menunjukkan bahwa jumlah 8 sampel yang terinput memperoleh 6 haplotipe (Tabel 4). Setiap populasi memiliki keragaman nukleotida yang berbeda yakni Ambalau 0,09561, Banda 0,00627 dan Kei 0,00340, sedangkan secara

keseluruhan ialah 0,02799. Akan tetapi nilai keragaman genetik yang diperoleh ialah 1 dari ketiga populasi dan nilai keragaman haplotipe dari semua populasi yakni 0,92857. Nilai 1 dari perolehan keragaman genetik menunjukkan keragaman genetik pada populasi *C. sexmaculata* meliputi wilayah Ambalau, Banda dan Kei sangat beragam dan terkategori tinggi menurut Nei (1987). Tingginya nilai keragaman genetik pada suatu populasi menyatakan bahwa populasi tersebut sangat mungkin untuk bertahan hidup dengan jauh lebih baik, sebab terdapat berbagai macam gen penyusun sifat yang mampu memberi respon berbeda terhadap setiap perubahan pada kondisi lingkungan di suatu wilayah (Akbar & Labenua, 2018).

Nilai statistik struktur populasi (Fst) antara Ambalau-Banda adalah 0,05797, Ambalau-Kei adalah 0,03562 dan Banda-Kei adalah -0,12121 (Tabel 5). Mengacu pada kategori struktur populasi menurut (Excoffier et al., 1992), maka struktur populasi *C. sexmaculata* di WPP 714 tergolong rendah (0,1-0,3) antara Ambalau-Kei hingga sedang (0,4-0,7) antara Ambalau-Banda. Nilai Fst yang rendah diantara populasi Ambalau-Kei diduga karena populasi *C. sexmaculata* cenderung terdistribusi ke perairan Kei dibandingkan Banda, sehingga tidak terjadi pertukaran gen yang begitu besar dan menyebabkan penurunan diferensiasi genetik antara kedua wilayah tersebut. Sedangkan rendahnya diferensiasi genetik antara Banda-Kei diduga karena letak geografis yang sangat dekat, sehingga terjadi *sharing genetic* interpopulasi.

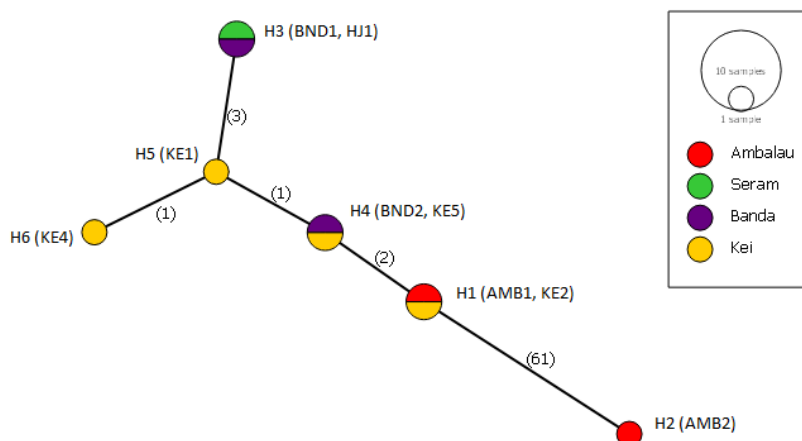
Tabel 4. Nilai statistik keragaman genetik *C. sexmaulata* di WPP 714

Lokasi	n	Hn	Hd	π
Ambalau	2	2	1	0,09561
Banda	2	2	1	0,00627
Kei	4	4	1	0,00340
Semua Populasi	8	6	0,92857	0,02799

Keterangan: n = jumlah sampel, Hn = jumlah haplotipe, Hd = keragaman haplotipe, π = keragaman nukleotida

Tabel 5. Nilai statistik struktur populasi (Fst) genetik *C. sexmaculata* di WPP 714

Populasi	Ambalau	Banda	Kei
Ambalau	-	-	-
Banda	0,05797	-	-
Kei	0,03562	-0,12121	-



Gambar 3. Konektivitas genetik *C. sexmaculata* di WPP 714 yang tergambarkan oleh jaringan haplotipe dengan menggunakan metode *Minimum-Spanning Network*

Nilai F_{st} yang tergolong rendah antara Ambalau-Kei dan Banda-Kei menunjukkan telah terjadi pertukaran gen antara populasi spesies *C. sexmaculata* dari daerah konservasi (Kei) ke daerah penangkapan (Ambalau), ataupun ke daerah konservasi lainnya (Banda) karena letak geografis yang berdekatan. Semakin dekat suatu populasi secara spasial maka besar kemungkinan adanya genetik yang sama, sehingga diferensiasi genetik menjadi lebih rendah (Gardner et al., 2010). Hal ini terjadi karena dengan wilayah yang berdekatan maka akan sangat mudah terjadi pertukaran larva atau gen yang kemudian dikenal dengan istilah *free-exchange* (pertukaran gen secara bebas).

Analisis keragaman genetik memperlihatkan adanya hubungan antara setiap haplotipe sekaligus menjadi dasar rekonstruksi jaringan haplotipe (*haplotype network*) untuk mengungkapkan keterhubungan atau konektivitas genetik pada ikan *C. sexmaculata* pada WPP 714. Berdasarkan ilustrasi pada Gambar 3, *haplotype network* terbentuk oleh 6 haplotipe (h) yang mana H1 terdiri atas AMB1 dan KE2, H2 yaitu AMB2, H3 yaitu BND1 dan HJ1, H4 yaitu BND2 dan KE5, serta H5 dan H6 yaitu KE1 dan KE4. Hasil juga menunjukkan adanya mutasi yang ditandai dengan angka yang tertulis diantara garis penghubung kedua haplotipe. Keberadaan beberapa lokasi pada haplotipe yang sama menunjukkan adanya

sharing genetic antara lokasi tersebut (Leatemia et al., 2018) yang mana dalam penelitian ini ditandai pada H1, H3 dan H4.

KESIMPULAN DAN SARAN

Populasi *C. sexmaculata* yang diperoleh pada WPP 714 secara keseluruhan berkerabat sangat dekat dengan jarak genetik yang tergolong rendah karena berkisar antara 0-10%. Tingkat keragaman genetik *C. sexmaculata* di WPP 714 sangat tinggi dengan nilai 1 pada setiap populasi dan terdapat adanya pertukaran bebas (*free exchange*) antara spesimen pada daerah konservasi ke daerah penangkapan maupun ke daerah konservasi lainnya. Pendugaan populasi tertua dari spesies *C. sexmaculata* pada WPP 714 berasal dari daerah konservasi baik wilayah perairan Kei maupun Banda.

Berdasarkan penelitian ini juga disarankan untuk menambahkan parameter oseanografi berupa kecepatan dan pola pergerakan arus serta angin pada WPP 714. Parameter tersebut sebagai sebuah media yang mampu memodelkan transport genetik antara lokasi satu dengan yang lainnya. Dilakukan kajian lebih banyak terhadap ikan karang lainnya, mengingat potensi WPP 714 yang adalah bagian terbesar daripada pusat segitiga terumbu karang dunia (*Coral triangle center*).

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiayai oleh Yayasan Konservasi Indonesia melalui Proyek Blue Halo S Survei Wilayah Pengelolaan Perikanan (WPP) 714 dan 715. Penulis mengucapkan terima kasih kepada Janet G. P. Rande, S.Pi dan Cilun Djakiman, S.Pi, M.Sc yang telah membantu dalam pengolahan data, serta Ir. F. Rijoly, M.Si yang membantu mengidentifikasi spesimen ikan.

DAFTAR PUSTAKA

- Akbar, N. N., & Labenua, R. (2018). Keragaman Genetik Ikan Cakalang (*Katsuwonus pelamis*) di Perairan Laut Maluku Utara. *Depik*, 7(2), 164–176.
<https://doi.org/10.13170/depik.7.2.11156>
- Amorim, P., Sousa, P., Jardim, E., Azevedo, M., & Menezes, G. M. (2020). Length-Frequency Data Approaches to Evaluate Snapper and Grouper Fisheries in The Java Sea, Indonesia. *Fisheries Research*, 229, 105576.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.fishres.2020.105576>
- Ariyanti, Y., Farajallah, A., & Arlyza, I. S. (2015). Phylogenetic Analysis of the Darkfin Hind, *Cephalopholis urodeta* (Serranidae) Using Partial Mitochondrial CO1 Gene Sequences (Analisis Filogenetik *Cephalopholis urodeta* (Serranidae) Menggunakan Runutan Gen CO1 Mitokondria Parsial). *ILMU KELAUTAN: Indonesian Journal of Marine Sciences*, 20(1), 38-44.
<https://doi.org/10.14710/ik.ijms.20.1.38-44>
- Balbar, A. C., & Metaxas, A. (2019). The Current Application of Ecological Connectivity in The Design of Marine Protected Areas. *Global Ecology and Conservation*, 17, 1–20.
<https://doi.org/10.1016/j.gecco.2019.e00569>
- BALITBANG KP. (2016). *Potensi Sumber Daya Kelautan Dan Perikanan WPPNRI 714*. AMAFRaD PRESS.
- Bandelt, H. J., Forster, P., & Röhl, A. (1999). Median-joining Networks for Inferring Intraspecific Phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1), 37–48.
<https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>
- Bramasta, R. C., Faiqoh, E., Hendrawan, I. G., Sembiring, A., & Yusmalinda, N. L. A. (2021). Identifikasi Hiu yang Diperdagangkan di Bali Menggunakan Metode DNA Barcoding dan Analisis Filogenetik. *Journal of Marine and Aquatic Sciences*, 7(1), 84-93.
<https://doi.org/10.24843/jmas.2021.v07.i01.p12>
- Bray, D. (2022). *Cephalopholis sexmaculata*. Fishes of Australia.
- Dogan, I., & Dogan, N. (2016). Genetic Distance Measures: Review. *Turkiye Klinikleri Journal of Biostatistics*, 8(1), 87–93.
<https://doi.org/10.5336/biostatic.2015-49517>
- Excoffier, L., Smouse, P. E., & Quattro, J. M. (1992). Analysis of Molecular Variance Inferred From Metric Distances Among DNA Haplotypes: Application to Human Mitochondrial DNA Restriction Data. *Genetics Society of America*.
<https://doi.org/10.3354/meps198283>
- Fietri, W. A., Razak, A., & Ahda, Y. (2020). Analisis Filogenetik Ikan Tuna (*Thunnus spp*) di Perairan Maluku Utara Menggunakan COI (Cytocrome Oxydase I). *BIOMA : Jurnal Biologi Makasar*, 5(1), 47–59.
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., & Lutz, R. (1994). DNA Primers For Amplification Of Mitochondrial Cytochrome C Oxidase Subunit I From Diverse Metazoan Invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3(5), 294–299.
<https://doi.org/10.1071/ZO9660275>
- Gardner, J., Bell, J., Constable, H., Ritchie, P., & Zuccarello, G. (2010). Multi-species Coastal Marine Connectivity: A Literature Review with Recommendations for Further Research. In *New Zealand Aquatic Environment and Biodiversity Report* (Issue 58).
- Hikam, A. M., Mubarakati, N. J., Dailami, M., & Toha, A. H. A. (2021). DNA Barcoding Pada Invertebrata Laut. *Jurnal Biologi Udayana*, 25(1), 46–56.
<https://doi.org/10.24843/jbiounud.2021.v25.i01.p06>
- Horiike, T. (2016). An Introduction to Molecular Phylogenetic Analysis. *Review in Agricultural Science*, 4, 36–45.
<https://doi.org/10.7831/ras.4>
- Kimura, M. (1980). A Simple Method for Estimating Evolutionary Rates of Base Substitutions Through Comparative Studies of Nucleotide Sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16(2), 111–120.
<https://doi.org/10.1007/BF01731581>
- KKP. (2014). *Peraturan Menteri Nomor 18 Tahun 2014 tentang Wilayah Pengelolaan Perikanan*

- Negara Republik Indonesia. Jakarta. Indonesia
- Kusuma, A. B., Tapilatu, R. F., & Tururaja, T. S. (2021). Identifikasi Morfologi Ikan Kerapu (Serranidae: Epinephelinae) Yang Didaratkan Di Waisai Raja Ampat. *Jurnal Enggano*, 6(1), 37–46.
- Leatemia, S. P. O., Manumpil, A. W., Saleky, D., & Dailami, M. (2018). DNA Barcode dan Molekuler Filogeni *Turbo* sp. di Perairan Manokwari Papua Barat DNA. *Prosiding Seminar Nasionall MIPA UNIPA KE-3 Tahun 2018*.
- Marwayana, O. N. (2015). Ekstraksi Asam Deoksiribonukleat (DNA) Dari Sampel Jaringan Otot. *Oseana*, 15(2), 1–9.
- Nei, M. (1972). Chapter 9: Genetic Distance Between Populations. *The American Naturalist*, 106(949), 283–292. <https://doi.org/10.7312/nei-92038-010>
- Nei, M. (1987). *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press. <https://doi.org/doi:10.7312/nei-92038>
- Rahayu, D. A., Deni Nugroho, E., & Listyorini, D. (2019). DNA Barcoding Ikan Introduksi Khas Telaga Sari, Kabupaten Pasuruan. *Biotropika: Journal of Tropical Biology*, 7(2), 51-62.
- Retraubun, A. S. W., Tupan, C. I., Selanno, D. A. J., Rijoly, F., Pello, F. S., Ayal, F. W., Limmon, G. V., Abrahamsz, J., Pietersz, J. H., Pattikawa, J. A., Tetelepta, J. M. S., Mamesah, J. A. B., Tomasouw, J. L., Siahainenia, L., Hulopi, M., Sangaji, M., Tuapattinaja, M. A., Wawo, M., Huliselan, N. V., ... Natan, Y. (2023). *Modul Blue Halo S 101* (V. P. H. Nikijuluw, E. Wibisono, & J. L. Tomasouw (eds.)). Yayasan Konservasi Cakrawala Indonesia.
- Rozas, J., Sánchez-DelBarrio, J. C., Messeguer, X., & Rozas, R. (2003). DnaSP, DNA Polymorphism Analyses by The Coalescent and Other Methods. *Bioinformatics*, 19(18), 2496–2497. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg359>
- Saitou, N., & Nei, M. (1987). The Neighbor-joining Method: A New Method For Reconstructing Phylogenetic Trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4(4), 406–425. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>
- Selkoe, K. A., D’Aloia, C. C., Crandall, E. D., Iacchei, M., Liggins, L., Puritz, J. B., Von Der Heyden, S., & Toonen, R. J. (2016). A Decade of Seascape Genetics: Contributions to Basic and Applied Marine Connectivity. *Marine Ecology Progress Series*, 554, 1–19. <https://doi.org/10.3354/meps11792>
- Suharsono. (2014). *Biodiversitas Biota Laut Indonesia (Kekayaan Jenis, Sebaran, Kelimpahan, Manfaat dan Nilai Ekonomis)*. Pusat Penelitian Oseanografi LIPI.
- Syah, M. A. (2022). Isolasi dan Karakterisasi Molekuler Gen 16S rRNA Bakteri Lipolitik Asal Limbah Kulit Biji Jambu Mete. *Jurnal Sumberdaya Hayati*, 8(1), 20–26. <https://doi.org/10.29244/jsdh.8.1.20-26>
- Tamura, K., Kumar, S., Stecher, G., Li, M., & Knyaz, C. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Across Computing Platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>