

# STUDI KONEKTIVITAS *Lutjanus gibbus* PADA DAERAH KONSERVASI DAN DAERAH PENANGKAPAN DI WILAYAH PENGELOLAAN PERIKANAN NEGARA REPUBLIK INDONESIA (WPP-NRI) 714 DENGAN MENGGUNAKAN DNA BARCODING

*(Connectivity Study of *Lutjanus gibbus* in Conservation Areas and Fishing Areas in the Fisheries Management Area of the Republic of Indonesia (FMA-RI 714) Using DNA Barcoding)*

Gino V. Limmon<sup>1</sup>, Johannes M. S. Tetelepta<sup>2</sup>, Jesaja A. Pattikawa<sup>2</sup>, Juliana Natan<sup>2</sup>,  
Bruri M. Laimeheriwa<sup>3</sup> dan Brigitha M. Leatemia<sup>4\*</sup>

<sup>1</sup> Jurusan Ilmu Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Pattimura

<sup>2</sup> Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Pattimura

<sup>3</sup> Jurusan Budidaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Pattimura

<sup>4</sup> Mahasiswa Program Studi Magister Ilmu Kelautan, Program Pascasarjana, Universitas Pattimura

Corresponding author: [leatemiagitha@gmail.com](mailto:leatemiagitha@gmail.com)\*

Received: 11 Desember 2023, Revised: 20 April 2024, Accepted: 30 April 2024

**ABSTRAK:** Akibat tingginya permintaan maka tingkat pemanfaatan ikan karang menjadi *over exploited* di WPP-NRI 714. *Lutjanus gibbus* merupakan salah satu jenis ikan karang target yang umumnya ditangkap karena memiliki nilai komersial yang tinggi. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisa keragaman genetik, struktur populasi serta konektivitas populasi *L.gibbus* pada daerah konservasi dan daerah penangkapan di Ambalau, Banda dan Kei pada WPP-NRI 714 dengan menggunakan DNA *barcoding*. Hasil penelitian melalui rekonstruksi pohon filogenetik dari tiga populasi *L. gibbus* menunjukkan adanya kedekatan genetik yang didukung dengan perolehan jarak genetik yang kecil dengan kisaran nilai antara 0.000-0.0164. Nilai keragaman haplotipe (Hd) berkisar antara 0.9-1.0 dan keragaman nukleotida ( $\pi$ ) berkisar antara 0.00325-0.00921, menunjukkan bahwa populasi Ambalau, Banda dan Kei memiliki keragaman genetik yang tinggi. Hasil analisis *Fixation index* (*Fst*) berkisar antara -0.20370 hingga -0.06965, nilai negatif tersebut mengindikasikan bahwa antar ketiga populasi tidak mengalami diferensiasi genetik karena adanya aliran gen. Hal ini menyebabkan kekerabatan antar populasi dekat sehingga variasi gen antar populasi rendah dan terjadinya percampuran antar populasi. Konektivitas *L.gibbus* pada seluruh populasi menunjukkan bahwa adanya aliran genetik pada ketiga populasi.

**Kata Kunci:** *Lutjanus gibbus*, konektivitas populasi, analisa filogenetik, WPP-NRI 714, DNA *barcoding*

**ABSTRACT:** Reef fish utilisation due to high demand has increased to over exploited in the Republic of Indonesia's Fisheries Management Area (FMA-RI) 714. *Lutjanus gibbus* is one of the target reef fish species that is commonly fished because it's high commercial value. This study aimed to analyse the diversity of genetic, variation of population characters and connectivity of *L.gibbus* in the conservation areas and fishing areas in Ambalau, Banda dan Kei in FMA-RI 714 using DNA *barcoding*. The reconstruction of phylogenetic trees from three



populations of *L. gibbus* has shown the close genetic supported by the acquisition of small genetic distances with a range from 0.000 to 0.0164. The highest genetic diversity (Hd) ranges from 0.9 to 1.0 and the nucleotide diversity ranges from ( $\pi$ ) 0.00325-0.00921, indicate the population of Ambalau Island, Banda and Kei has a high genetic diversity. Analysis of *Fixation index* (Fst) ranges from -0.20370 to -0.06965, the negative value indicates that the three population did not experience genetic differentiation due to gene flow. This causes close relationships between populations, so that due gene variation between population becomes low and mixing occurs population. *L.gibbus* connectivity shows the presence of gene flow in all three of these population.

**Keywords:** *Lutjanus gibbus*, connectivity population, phylogenetic analysis, FMA-RI 714, DNA barcoding

## PENDAHULUAN

Sebagai salah satu sumberdaya laut dan juga komoditas andalan pada sektor perikanan yaitu ikan karang yang umumnya ditangkap untuk dikonsumsi oleh manusia. Ikan karang mengandung sumber protein hewani yang tinggi (Robinson et al., 2023) sehingga menyebabkan permintaan pasar terhadap sumberdaya ini terus meningkat. Ikan kakap (Famili Lutjanidae) dikategorikan sebagai spesies ikan karang target karena memiliki nilai komersial yang tinggi, sehingga diperdagangkan untuk dijadikan baik sebagai ikan hias maupun dikonsumsi. Salah satu spesies yang termasuk famili Lutjanidae yakni *Lutjanus gibbus* yang umumnya dikenal dengan nama ikan kakap merah bungkuk (*The humpback red snapper*). Ciri morfologi dari *L. gibbus* umumnya memiliki panjang 350 mm, tetapi dapat mencapai panjang 500 mm. Habitat spesies *L. gibbus* umumnya berada di perairan berbatu, terumbu karang, berlumpur hingga pada kedalaman 60 m (Badrudin et al., 2003).

Tersedianya potensi sumberdaya perikanan yang begitu besar pada wilayah perairan Indonesia salah satunya perairan Laut Banda, menjadikan perairan tersebut sebagai bagian dari Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia (WPP-NRI) yakni WPP 714. Sebagai wilayah perairan yang terletak dalam kawasan segitiga karang dunia (*Coral Triangle*), Laut Banda memiliki tingkat biodiversitas yang tinggi (Limmon et al., 2023). Perairan Laut Banda juga merupakan tempat mencari makan, daerah memijah dan asuhan serta rumah dari berbagai macam spesies ikan termasuk ikan

karang. Berdasarkan KEPMENKP No. 19 Tahun 2022 bahwa potensi sumberdaya ikan karang di WPP 714 sebesar 121.326 ton dengan total jumlah tangkapan yang diperbolehkan (JTB) yaitu sebesar 97.061 ton. Akan tetapi potensi sumberdaya tersebut telah dimanfaatkan secara berlebihan. Hal ini terlihat pada status pemanfaatan ikan karang di WPP 714 yang telah mengalami peningkatan status dari *fully exploited* (KKP, 2017) menjadi *over exploited* (KKP, 2022), yang mengindikasikan bahwa eksploitasi terhadap sumberdaya ikan karang sudah melebihi JTB sehingga upaya penangkapan harus dikurangi. Oleh sebab itu, perlu adanya pengelolaan perikanan secara keberlanjutan terhadap sumberdaya tersebut. Strategi efektif yang dapat dilakukan untuk memelihara keberadaan serta keberlanjutan dari sumberdaya ikan dan keanekaragaman hayati laut yakni dengan adanya kawasan konservasi perairan (KKP). Keberadaan suatu kawasan konservasi ini tentunya akan sangat membantu dalam rangka mewujudkan pengelolaan sumberdaya perikanan yang berkelanjutan, yakni dengan cara melindungi habitat penting dari berbagai sumberdaya hayati laut.

Adanya penyebaran larva, pergerakan juvenil dan migrasi ikan dewasa yang aktif bergerak dapat mengakibatkan suatu spesies atau populasi pada wilayah yang berbeda memiliki keterkaitan atau konektivitas secara genetik (Laffoley et al., 2008). Informasi terkait konektivitas antara kawasan konservasi dan sumberdaya perikanan dapat menjadi acuan dalam menentukan kebijakan terkait pengelolaan suatu kawasan konservasi perairan (MPA).

Konektivitas ekologis dapat dijelaskan secara ilmiah melalui pendekatan molekuler yakni DNA *barcoding*. DNA *barcoding* merupakan metode identifikasi organisme dengan menggunakan pendekatan molekuler, yang berdasarkan pada urutan atau sekuens DNA pendek dan sangat spesifik yang biasanya terdapat pada gen mitokondria (Hebert et al., 2003). *Deoxyribonucleic acid* mitokondria (mtDNA) merupakan salah satu marka untuk mengetahui keterkaitan suatu populasi. Marka DNA mitokondria digunakan untuk melihat keragaman molekuler pada hewan, karena mudah menjelaskan dan menghasilkan konektivitas populasi pada waktu singkat (Galtier et al., 2009). Konektivitas populasi juga mempengaruhi adaptasi suatu spesies. Informasi terkait konektivitas populasi dapat dijadikan sebagai acuan dalam melakukan upaya konservasi dan pemulihan suatu populasi, karena berdampak secara langsung maupun tidak terhadap suatu populasi untuk beradaptasi pada lingkungannya (Hughes et al., 2008).

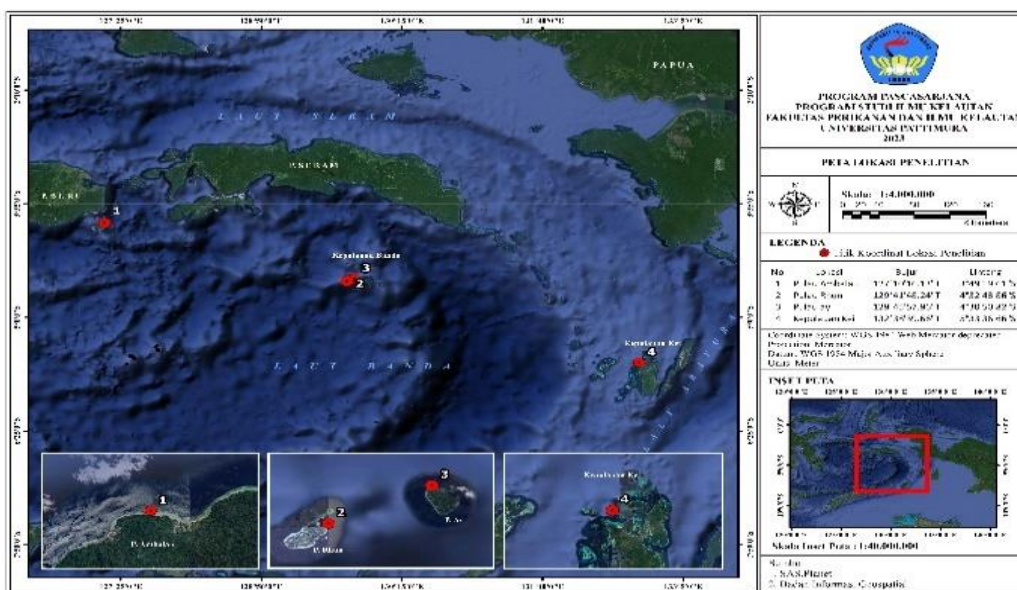
Data struktur populasi, keragaman genetik dan konektivitas antar populasi *L. gibbus* sangat penting dalam mendukung upaya konservasi di WPP 714, namun informasi tersebut masih sangat terbatas. Berdasarkan latar belakang tersebut maka penelitian ini dilakukan dengan

tujuan untuk menganalisis keragaman genetik, struktur populasi serta konektivitas antar populasi *L. gibbus* pada daerah konservasi dan daerah penangkapan di WPP-NRI 714 dengan menggunakan DNA *barcoding*. Penelitian ini dianggap perlu untuk dilakukan agar dapat dijadikan sebagai informasi dalam rangka menunjang kegiatan pengelolaan, penetapan kawasan konservasi serta strategi berkelanjutan dalam rangka menjaga dan melestarikan sumberdaya hayati laut di Indonesia.

## METODE PENELITIAN

### Pengambilan Data

Penelitian dilakukan pada bulan April-Mei 2022 yang diawali dengan mengoleksi sampel *L. gibbus* pada tiga lokasi berbeda yaitu perairan Pulau Ambalau, Kepulauan Kei dan Kepulauan Banda (Gambar 1) yang dianggap dapat mewakili daerah penangkapan dan daerah konservasi di WPP 714 secara keseluruhan. Kawasan MPA direpresentasikan oleh sampel dari Pulau Kei dan Pulau Banda, sedangkan untuk *fishing ground* diwakili oleh Pulau Ambalau. Proses penelitian terbagi menjadi beberapa tahapan yakni pengambilan sampel, analisis molekuler dan analisa data.



Gambar 1. Peta lokasi penelitian

Metode survey digunakan dalam proses pengambilan dan pengumpulan sampel. Sampel ikan *L. gibbus* dikoleksi dengan cara menyelam (*diving*) kemudian ditangkap dengan menggunakan panah dan pancing yang dibeli dari nelayan dan juga pasar tradisional. Daging atau jaringan tubuh ikan kemudian dipotong dan dimasukkan ke dalam *microtube screw cup* 1.5 yang sudah diisi sebelumnya dengan alkohol 96% dan diberikan nomor ID sampel. Kemudian sampel disimpan dan diawetkan di dalam lemari pendingin untuk proses analisis lanjutan di laboratorium.

Analisis molekuler dilakukan di Laboratorium Biomolekuler Fakultas Kedokteran, Universitas Pattimura. Adapun tahapan analisis DNA *barcoding* diawali dengan proses ekstraksi DNA, amplifikasi DNA dengan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR), pemisahan fragmen DNA dengan metode elektroforesis dan DNA *sequencing*. Proses ekstraksi atau isolasi DNA bertujuan untuk mengambil jaringan dari sampel, pemecahan/penghancuran jaringan dan sel (lisis) untuk menghasilkan produk akhir berupa ekstraksi murni dari DNA sampel. Proses ekstraksi DNA yang digunakan mengikuti panduan *Spin-Column Protocol* dari *Qiagen Dneasy Blood & Tissue Kit*. Metode ekstraksi ini sangat sederhana tetapi efisien untuk mengekstraksi DNA.

Proses amplifikasi DNA dengan metode PCR bertujuan untuk melipatgandakan suatu sekuens nukleotida tertentu dalam jumlah yang banyak menggunakan primer oligonukleotida. Penelitian ini menggunakan sepasang primer untuk amplifikasi fragmen DNA dari gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) universal yaitu LCO1490 (5'-GGT CAA CAA ATC ATA AAG ATA TTG G-3') dan HCO2198 (5'-TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA-3') (Folmer et al., 1994). Proses amplifikasi PCR menggunakan mesin PCR/alat *thermocycler*. Salah satu hal penting yang harus dilakukan sebelum proses ini berlangsung yaitu melakukan optimasi PCR agar mendapatkan kondisi PCR yang sesuai, sehingga memperoleh hasil PCR yang optimal (Innis & Gelfand, 1990).

Kondisi PCR dilakukan dalam beberapa tahapan dengan variasi suhu dan waktu berdasarkan proses optimasi PCR. Tahapan pada proses amplifikasi PCR yaitu (i) denaturasi (*hot start*); (ii) tahap amplifikasi sebanyak 35 siklus/ulangan yang terdiri atas 3 tahap yakni *denaturasi*, *annealing* dan *extension*; dan tahap (iii) ekstensi akhir (*final extension*). Selanjutnya dilakukan proses pemisahan fragmen DNA dengan metode elektroforesis untuk memisahkan senyawa kimia berdasarkan nilai pergerakan molekul pada aliran listrik (Madduppa et al., 2016). Setelah itu dilakukan pengurutan basa nukleotida pada molekul DNA, atau yang dikenal dengan DNA *Sequencing*. Pada tahap ini, hasil DNA *sequencing* dikerjakan oleh perusahaan 1<sup>st</sup> Base di Malaysia.

### Analisis Data

Hasil *sequence* yang diperoleh akan digunakan untuk mengidentifikasi spesies dengan bantuan *software Molecular Evolutionary Genetic Analysis XI* (MEGA 11). *Software* MEGA digunakan untuk mengkaji evolusi pada materi genetik suatu organisme, dengan hasil berupa pohon filogenetik dan matrik jarak evolusi (Tamura et al., 2021). Proses analisis data ini bertujuan untuk mengolah data hasil *sequence* agar diketahui spesies dari kode genetiknya. Data sekuens tersebut kemudian disejajarkan dengan menggunakan *tools alignment* dan metode DNA Weight Matrix Clustal W yang terprogram pada MEGA 11. Data hasil penyejajaran/ *alignment* ini selanjutnya dilakukan penyesuaian haplotype yang bertujuan untuk mengetahui kemiripan spesies berdasarkan pada tingkat kemiripan urutan basa nukleotidanya (*similarity*) serta untuk memvalidasi hasil *sequencing*. Penyesuaian haplotype spesies dilakukan dengan menggunakan program BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*), dimana urutan basa nukleotida dari penelitian ini dibandingkan dengan data base referensi yang tersedia pada GenBank yang dapat diakses melalui website NCBI. Hasil BLAST pada GenBank nantinya digunakan untuk melihat gen sejenis pada beberapa spesimen yang ditemukan berdasarkan data sampel.

Setelah proses penyejajaran hasil sekuens (*alignment*) dilakukan pembuatan pohon filogeni untuk menganalisis seberapa dekat dan jauh hubungan kekerabatan antar spesies. Jarak genetik antar spesies dihitung menggunakan model *Maximum Composite Likelihood*. Metode analisis *Neighbor-Joining Tree* (NJ) model Kimura-2 parameter dengan 1.000 *bootstrap* digunakan untuk membuat konstruksi pohon filogeni. Kemudian analisis tingkat keragaman genetik diuji menggunakan *software* DnaSP versi 6 (Akbar & Labenua, 2020; Rozas et al., 2017), sedangkan struktur populasi dianalisis berdasarkan nilai *Fixation Index* ( $F_{st}$ ) yang dihasilkan pada program Arlequinn. Selanjutnya, pembuatan diagram *haplotype network* untuk analisis konektivitas antar populasi dilakukan menggunakan *software* PopArt dengan metode jaringan haplotip *Minimum Spanning Networks* (MSN) (Paradis, 2018).

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil analisis *BLAST* pada urutan basa nukleotida dari gen *COI* (Tabel 1). menunjukkan bahwa semua hasil *DNA sequencing* dari penelitian ini berhasil diidentifikasi sebagai spesies *L. gibbus* dengan tingkat kemiripan atau nilai *identified* yang tinggi yaitu 98.22-99.84%. Hal ini menunjukkan bahwa sebesar 98.22-99.84% dari urutan basa nukleotida hasil *DNA sequencing* pada penelitian ini memiliki kesejajaran/kesamaan dengan urutan basa nukleotida yang terdapat pada GenBank. Semakin tinggi nilai *identified* yang diperoleh pada analisis *BLAST* maka semakin tinggi *similarity* antara sekuens pada penelitian ini dengan sekuens referensi yang terdapat pada Genbank. Persentase *Query cover* pada semua sekuens memiliki nilai 97%, artinya sebesar 97% dari total panjang fragmen *DNA Sequencing* yang terpakai untuk dianalisa dan disejajarkan dengan *DNA Sequencing* pada GenBank. Panjang fragmen DNA *L. gibbus* pada penelitian ini berkisar antara 623-654 bp.

### Pohon Filogenetik

Rekonstruksi pohon filogenetik dihasilkan dari 13 sekuens DNA *L. gibbus* dari ketiga

populasi dan spesies *L. ruseilli* sebagai *outgroup*. Hasil analisis menunjukkan bahwa pohon filogenetik *L. gibbus* pada WPP 714 tersusun secara monofiletik karena bercabang dari satu sumber percabangan, yang berarti bahwa spesimen *L. gibbus* pada ketiga lokasi penelitian ini berasal dari satu garis keturunan nenek moyang asal yang sama (Gambar 2). Analisis filogenetik memperlihatkan bahwa terdapat beberapa spesimen pada clade yang pertama yakni Banda\_3, Banda\_4, Banda\_2, Banda\_1, Kei\_3, Kei\_2, Kei\_1, Amb\_5 dan Banda\_5 dengan dukungan nilai *bootstrap* 49%. Clade kedua terdapat spesies Amb\_3 dan Kei\_3 dengan nilai *bootstrap* 36%. Pada clade ketiga terdiri atas spesimen Amb-1 dengan nilai *bootstrap* 38% dan clade keempat terdapat spesimen Amb\_2 dengan nilai *bootstrap* pada percabangan awal yaitu 46%.

Hubungan kekerabatan antar spesies yang dikonstruksikan pada pohon filogeni berkorelasi dengan hasil jarak genetik spesies (Lucic et al., 2011). Hubungan kekerabatan yang dekat antara spesimen pada ketiga populasi ditunjukkan dengan hasil analisis jarak genetik yang kecil. Hubungan yang dilakukan dengan analisis filogenetik mampu mengidentifikasi dan menunjukkan hubungan yang erat antara spesies (Madduppa et al., 2016).

### Jarak Genetik

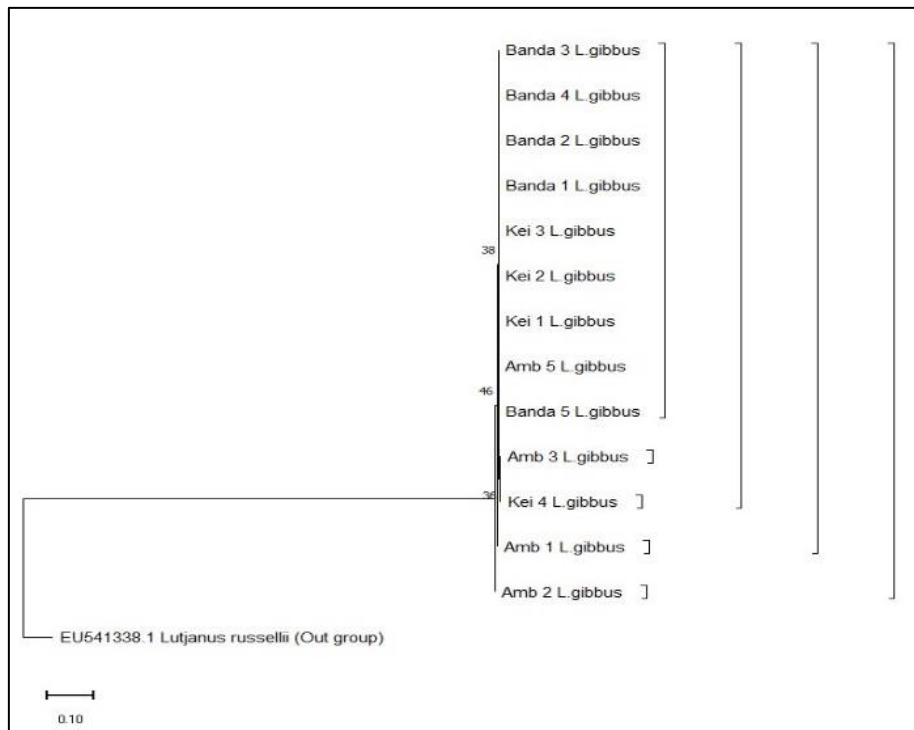
Analisis jarak genetik antar spesies dihasilkan dengan menggunakan model Kimura-2 Parameter yang terdapat dalam *software* MEGA 11. Hubungan kedekatan genetik antar spesies atau populasi dapat diketahui melalui analisis jarak genetik, sehingga dapat memberikan informasi dalam rangka konservasi populasi dan manajemen perikanan berkelanjutan (Madduppa et al., 2016). Hasil analisis jarak genetik antar spesies *L. gibbus* pada WPP 714 berkisar antara nilai 0.000-0.0165 (Tabel 2). Jarak genetik antar spesimen pada ketiga populasi masih tergolong rendah atau dekat satu dengan lainnya, dimana jarak genetik yang didapatkan berkisar antara nilai 0.000-0.0165. Hal ini mengindikasikan bahwa spesies *L. gibbus* pada Pulau Ambalau, Banda dan Kei memiliki kedekatan genetik dan hubungan kekerabatan yang dekat. Jarak genetik terbesar ditemukan antara spesimen Kei-4

dengan Kei-2 dan Banda-2 dengan Kei-4 yakni sebesar 0.0165 (1.65%). Sedangkan jarak genetik terkecil yakni 0.000 (0%) ditemukan antara

spesimen Banda-1 dengan Kei-3, Banda-4 dengan Kei-1, Banda-5 dengan Kei-1 dan Banda-5 dengan Banda 4.

Tabel 1. Spesies *Lutjanus gibbus* pada WPP 714 yang teridentifikasi di NCBI

No.	ID Sequence	Spesies	Hasil BLAST dengan GenBank (NCBI)			
			Query Cover (%)	Identified (%)	Identities	Panjang Fragmen (bp)
1.	Amb_1	<i>L.gibbus</i>	97	98.85	603/610	623
2.	Amb_2	<i>L.gibbus</i>	97	99.18	604/609	624
3.	Amb_3	<i>L.gibbus</i>	97	99.19	609/614	627
4.	Amb_5	<i>L.gibbus</i>	97	99.69	638/640	654
5.	Kei_1	<i>L.gibbus</i>	97	99.52	617/620	633
6.	Kei_2	<i>L.gibbus</i>	97	99.84	628/629	644
7.	Kei_3	<i>L.gibbus</i>	97	99.20	618/623	637
8.	Kei_4	<i>L.gibbus</i>	97	98.22	608/619	636
9.	Banda_1	<i>L.gibbus</i>	97	99.35	614/618	634
10.	Banda_2	<i>L.gibbus</i>	97	99.52	625/628	643
11.	Banda_3	<i>L.gibbus</i>	97	99.68	631/633	647
12.	Banda_4	<i>L.gibbus</i>	97	99.52	617/620	636
13.	Banda_5	<i>L.gibbus</i>	97	99.35	613/617	632



Gambar 2. Rekonstruksi pohon filogenetik *Lutjanus gibbus* WPP 714

Tabel 2. Jarak genetik *Lutjanus gibbus* WPP 714

No.	Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	Amb_1													
2	Amb_2	0.0081												
3	Amb_3	0.0910	0.0081											
4	Amb_5	0.0098	0.0048	0.0065										
5	Kei_1	0.0081	0.0032	0.0048	0.0016									
6	Kei_2	0.0792	0.0065	0.0081	0.0016	0.0032								
7	Kei_3	0.0081	0.0032	0.0048	0.0048	0.0032	0.0065							
8	Kei_4	0.0081	0.0910	0.1021	0.1021	0.0910	0.0165*	0.0910						
9	Banda_1	0.0081	0.0032	0.0048	0.0048	0.0032	0.0065	0.0000*	0.0910					
10	Banda_2	0.0792	0.0065	0.0081	0.0016	0.0032	0.0032	0.0065	0.0165**	0.0065				
11	Banda_3	0.0098	0.0048	0.0065	0.0032	0.0016	0.0016	0.0048	0.1021	0.0048	0.0048			
12	Banda_4	0.0081	0.0032	0.0048	0.0016	0.0000*	0.0032	0.0032	0.0910	0.0032	0.0032	0.0016		
13	Banda_5	0.0081	0.0032	0.0048	0.0016	0.0000*	0.0032	0.0032	0.0910	0.0032	0.0032	0.0016	0.0000*	

Keterangan : Nilai jarak genetik terendah (\*) dan jarak genetik terbesar (\*\*)

Jarak genetik berada pada kisaran nilai 0.010-0.099 masih dikategorikan rendah (Nei, 1972). Perolehan nilai jarak genetik dapat membentuk pohon filogenetik, sehingga hubungan kekerabatan antar spesies maupun subspecies dapat tergambar dengan jelas. Semakin kecil jarak genetik antara dua organisme, maka semakin dekat pula hubungan kekerabatannya (Tallei & Kolondam, 2015). Nilai jarak genetik yang kecil yakni 0.00 mengindikasikan bahwa terdapat kemiripan/kesamaan sekuens basa nukleotida antar spesimen. Kemiripan sekuens basa nukleotida yang tinggi antar individu atau populasi disebabkan karena berasal dari garis keturunan atau nenek moyang yang sama (Butet et al., 2019). Adanya kemiripan sekuens DNA antar beberapa spesimen pada populasi Banda dan Kei, mengindikasikan bahwa spesimen tersebut berasal dari satu garis keturunan atau dengan kata lain nenek moyang yang sama dan bermigrasi dengan pola migrasi pada lokasi yang sama sehingga mengakibatkan adanya kemiripan genetik antar spesimen pada kedua populasi ini. Menurut (Akbar et al., 2014), kemiripan genetik suatu spesies pada beberapa populasi, mengindikasikan bahwa bahwa spesies tersebut memiliki tingkat migrasi yang tinggi. Nilai jarak genetik antar spesimen Banda-4 dan Banda-5

yaitu 0.000, dan nilai jarak genetik antara dua spesimen tersebut dengan Kei-1 adalah 0.000, sehingga diindikasikan bahwa spesimen *L.gibbus* Banda-4 dan Banda-5 memiliki kedekatan secara genetik yang dekat dengan spesimen Kei-1. Kedekatan jarak genetik ini diduga karena adanya migrasi yang menyebabkan terjadinya *sharring* genetik sehingga spesimen-spesimen tersebut masih termasuk dalam satu kumpulan gen/*gene pool* yang sama. Adanya aliran gen yang terjadi antar ketiga populasi ini akan mengakibatkan terbentuknya konektivitas populasi *L.gibbus* antar perairan tersebut. Konektivitas dapat terjadi karena adanya distribusi individu suatu spesies ke populasi lain sehingga menyebabkan keterkaitan antar populasi (Madduppa et al., 2016). *Gen flow* disebabkan karena adanya pergerakan spesies yang melakukan migrasi dari satu wilayah ke wilayah perairan lainnya, serta penyebaran (*dispersal*) larva karena adanya transport arus laut (Saleky & Dailami, 2021).

### Keragaman Genetik

Keragaman genetik pada umumnya didasarkan pada nilai keragaman haplotipe (Hd) (Nei, 1972). Berdasarkan pada nilai keragaman haplotipe (Hd) yang berkisar antar nilai 0.9-1.0, maka keragaman genetik pada setiap populasi

termasuk dalam kategori tinggi. Secara keseluruhan keragaman genetik populasi *L.gibbus* pada ketiga lokasi relatif tinggi yakni sebesar 0.94 (Tabel 3). Faktor penyebab tingginya nilai keragaman genetik pada suatu populasi yaitu adanya perkawinan acak, mutasi gen, ukuran populasi, migrasi spesies dalam rangka mencari makan dan bereproduksi dan terjadinya seleksi alam (Adams et al., 2019; Chiu et al., 2013). Diduga perolehan nilai keragaman gen yang tinggi ini disebabkan karena ukuran populasi yang besar, kemampuan migrasi spesies, perkawinan acak. Semakin besar ukuran suatu populasi maka semakin tinggi pula tingkat keragaman genetiknya. Migrasi spesies akan menyebabkan terjadinya perkawinan acak antar populasi dan terjadi aliran gen (*gen flow*) antar populasi yang berbeda tersebut.

Hasil penelitian menunjukkan populasi *L.gibbus* pada ketiga lokasi memiliki masing-masing 4 haplotipe dari total 13 sekuens DNA (Tabel 3). Variasi haplotipe sangat menentukan keragaman genetik suatu populasi, dimana tingkat keragaman genetik yang tinggi ditunjukkan dari jumlah haplotipe yang beragam. Semakin beragam atau meningkatnya jumlah haplotipe maka tingkat keragaman genetik akan menjadi tinggi (Hughes et al., 2008). Kondisi atau karakteristik lingkungan perairan yang mendukung serta jumlah individu dalam populasi yang tinggi menjadi faktor penyebab haplotipe *L.gibbus* pada ketiga populasi ini bervariasi. Suatu populasi dikatakan dalam kondisi stabil dan baik apabila memiliki keragaman genetik yang tinggi (Akbar & Labenua, 2020). Hal ini dikarenakan variasi genetik dapat mempengaruhi kemampuan individu untuk beradaptasi dan bertahan hidup pada lingkungannya. Dengan

demikian, maka dapat diindikasikan bahwa ketiga populasi *L.gibbus* ini masih dalam kondisi baik. Variasi gen dari individu didalam suatu populasi berpengaruh terhadap kemampuan populasi tersebut dalam merespon adanya perubahan lingkungan yang terjadi (Akbar et al., 2014). Nilai analisis keragaman nukleotida ( $\pi$ ) berkisar antara 0.00325-0.00921 dan secara keseluruhan keragaman nukleotida yaitu sebesar 0.00613. Keragaman nukleotida penting untuk dipertahankan agar kelestarian spesies tetap terjaga. Semakin besar nilai keragaman nukleotida maka semakin tinggi tingkat keragaman genetik suatu populasi (Muliani et al., 2020).

### Struktur Populasi

Struktur populasi *L.gibbus* pada ketiga lokasi diukur dengan menggunakan *Fixation Index* ( $F_{st}$ ). Nilai  $F_{st}$  umumnya digunakan untuk menganalisis perbedaan genetik (diferensiasi genetik) dan aliran gen antara dua atau lebih populasi. Nilai  $F_{st}$  antar ketiga lokasi berkisar antar nilai -0.20370 hingga -0.06965 (Tabel 4).

Nilai  $F_{st}$  yang bernilai negatif menunjukkan antara populasi Ambalau, Banda dan Kei tidak mengalami diferensiasi genetik, sehingga diindikasikan bahwa telah terjadi percampuran genetik antar ketiga populasi. Tidak terjadi diferensiasi genetik, disebabkan karena adanya perkawinan acak antar populasi sehingga menghasilkan aliran gen. Adanya aliran gen (*gene flow*) mengakibatkan tingkat keragaman genetik antar populasi rendah dan populasi menjadi saling terhubung secara genetik (*genetic connectivity*) (Satriani et al., 2002). Aliran genetik yang terjadi antar ketiga populasi menyebabkan keragaman genetik antar populasi menjadi rendah.

Tabel 3. Hasil analisis keragaman genetik pada tiga populasi *Lutjanus gibbus* di WPP 714

Lokasi	n	$H_n$	$H_d$	$\Pi$
Ambalau	4	4	1	0.00840
Kei	4	4	1	0.00921
Banda	5	4	0,9	0.00325
Semua populasi	13	12	0,9487	0.00613

Keterangan : jumlah individu (n), jumlah haplotipe ( $H_n$ ), keragaman haplotipe ( $H_d$ ), dan keragaman nukleotida ( $\pi$ )



Tabel 4. Hasil analisis struktur populasi ( $F_{st}$ ) pada tiga populasi *Lutjanus gibbus* di WPP 714

Lokasi	Ambalau	Kei	Banda
Ambalau	-	-	-
Kei	-0,20370	-	-
Banda	-0,06965	-0,09524	-

Keragaman genetik yang rendah menandakan bahwa terdapat kesamaan genetik antar populasi tersebut, yang diduga disebabkan karena adanya kesamaan kondisi habitat pada tiap populasi. Rendahnya tingkat diferensiasi genetik suatu populasi dikarenakan terdapat banyaknya kesamaan genetik antar populasi-populasi tersebut (Mulyasari et al., 2010). Hal ini dominan terjadi pada biota yang memiliki kemampuan bergerak yang menyebabkan potensi aliran gen pada beberapa populasi lebih besar terjadi (Palumbi, 2003).

### Konektivitas Populasi

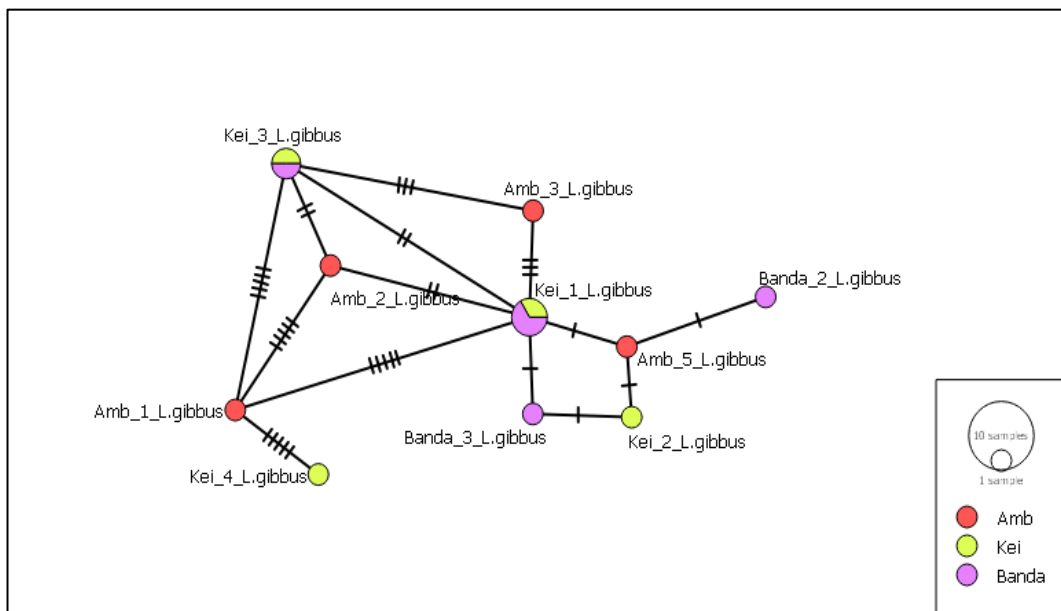
Konektivitas genetik dipelajari untuk mengetahui jejak genetik yang ditinggalkan suatu organisme pada saat proses migrasi dari satu lokasi ke lokasi lain (Hellberg et al., 2002). Rekonstruksi *haplotype network* dibentuk untuk menunjukkan konektivitas atau keterhubungan genetik (*genetic connectivity*) antar populasi. Diameter atau ukuran haplotipe menginterpretasikan frekuensi haplotipe atau banyaknya individu dalam suatu kumpulan, dimana ukuran haplotype akan bertambah besar jika jumlah individu yang memiliki kemiripan semakin banyak. Garis putus-putus yang terdapat pada jaringan mengindikasikan adanya mutasi yang terjadi pada urutan sekuens DNA. Hasil analisis *haplotype network* antar spesimen *L.gibbus* pada ketiga populasi dengan menggunakan metode *Minimum Spanning Network* menghasilkan 10 haplotipe, dimana 8 haplotipe bersifat spesifik yang hanya terdiri atas 1 spesimen dan 2 haplotipe bersifat campuran yang terdiri atas beberapa spesimen sehingga membentuk *haplogroup* (Tabel 5).

Haplotipe yang bersifat spesifik terdapat yakni pada spesimen Amb\_1, Amb\_2, Amb\_3, Amb\_5, Banda\_2, Banda\_3, Kei\_2 dan Kei\_4. Delapan spesimen tersebut tidak menunjukkan adanya *cluster* pengelompokan sehingga membentuk haplotipe sendiri, dikarenakan memiliki urutan basa nukleotida yang sangat spesifik. Pada *haplogroup* pertama terdiri dari spesimen Kei\_1, Banda\_4 dan Banda\_5, sedangkan *haplogroup* kedua terdiri atas spesimen Kei\_3 dan Banda\_1. Terbentuknya kedua *haplogroup* ini menunjukkan bahwa telah terjadi percampuran haplotipe antar spesimen. Spesimen yang memiliki kemiripan gen akan membentuk suatu haplotipe. Pembentukan haplotipe terjadi karena adanya kemiripan basa nukleotida dari induknya. Konstruksi *haplotype network* yang dihasilkan menunjukkan adanya konektivitas antar spesimen pada ketiga populasi (Gambar 3).

Adanya konektivitas genetik antar spesimen pada ketiga populasi mengindikasikan bahwa telah terjadi percampuran genetik antar populasi. Beberapa faktor seperti *sharring* genetik (Leatemia et al., 2018), adanya kesamaan karakteristik lingkungan/kondisi habitat, adanya migrasi dan keterkaitan antar wilayah perairan dapat menyebabkan populasi dari perairan yang berbeda memiliki kemiripan dan saling terhubung secara genetik (Díaz-Ferguson et al., 2010; Saleky & Dailami, 2021), Migrasi ikan memberikan peluang terjadinya perkawinan acak antar populasi, sehingga kemungkinan *inbreeding* antar spesies dalam suatu populasi itu kecil. Kemiripan nilai keragaman genetik diduga karena ikan mampu bermigrasi dan memiliki distribusinya yang luas di laut, sehingga berpeluang besar untuk bertemu dengan populasi lain dari berbagai lokasi (Akbar & Labenua, 2020).

Tabel 5. Distribusi Haplotipe *L.gibbus* pada WPP 714

Haplotipe	Distribusi Haplotipe
Hap_1:1	Amb_1
Hap_2:1	Amb_2
Hap_3:1	Amb_3
Hap_4:1	Amb_5
Hap_5:3	Kei_1, Banda_4, Banda_5
Hap_6:1	Kei_2
Hap_7:2	Kei_3, Banda_1
Hap_8:1	Kei_4
Hap_9:1	Banda_2
Hap_10:1	Banda_3



Gambar 3. Minimum spanning network (MSN) *Lutjanus gibbus* di WPP 714

## KESIMPULAN DAN SARAN

Hasil penelitian menggambarkan bahwa ketiga populasi *L.gibbus* yang mewakili daerah konservasi dan daerah penangkapan di WPP 714 menunjukkan adanya percampuran populasi (*mixing population*), sehingga adanya aliran gen antar populasi. Adanya aliran gen menyebabkan variasi genetik antar populasi menjadi rendah dan populasi menjadi saling terhubung. Keragaman genetik pada ketiga populasi tergolong tinggi, hal ini terlihat pada nilai keragaman haplotipe (Hd) dan variasi haplotipe yang tinggi. Tingginya tingkat keragaman genetik suatu populasi mengindikasikan bahwa

populasi tersebut dalam keadaan baik dan stabil. Disarankan agar kedepannya dapat melakukan penambahan jumlah sampel dan juga lokasi penelitian sehingga dapat menggambarkan dengan lebih jelas keragaman genetik dan konektivitas populasi *L.gibbus* pada WPP-NRI 714.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan banyak terima kasih kepada Yayasan Konservasi Indonesia (YKI) yang telah membiayai penelitian ini sehingga dapat terlaksana dan selesai dengan baik.

Ungkapan terima kasih juga disampaikan kepada Ir. F.ederik Rijoly, M.Si yang membantu mengidentifikasi spesimen ikan, serta Cilun Djakiman, S.Pi, M.Sc dan Janet Rande, S.Pi yang telah membantu dalam mengolah data penelitian.

## DAFTAR PUSTAKA

- Adams, C. I. M., Knapp, M., Gemmell, N. J., Jeunen, G. J., Bunce, M., Lamare, M. D., & Taylor, H. R. (2019). Beyond biodiversity: Can environmental DNA (eDNA) cut it as a population genetics tool? *Genes*, *10*(3). <https://doi.org/10.3390/genes10030192>
- Akbar, N., & Labenua, R. (2020). Struktur Genetik Populasi Ikan Cakalang, *Katsuwonus pelamis* (Linnaeus, 1758) di Perairan Laut Maluku Utara, Indonesia. *J. Ilmu Dan Teknologi Kelautan Tropis*, *12*(2), 407–419. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(13\)61836-X](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(13)61836-X).
- Akbar, N., Zamani, N., & Madduppa, H. (2014). Keragaman genetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) dari dua populasi di Laut Maluku, Indonesia. *Depik*, *3*(1), 65–73. <https://doi.org/10.13170/depik.3.1.1304>
- Badrudin, Sumiono, B., & Rahmat, E. (2003). *Kakap Merah: Jenis-jenis dan Kunci Identifikasi Genera*. Penebar Swadaya.
- Butet, N. A., Dewi, I. A. B. P., Zairion, & Hakim, A. H. (2019). Validasi Spesies Undur-Undur Laut Berdasarkan Penanda Molekuler 16s rRNA dari Perairan Bantul dan Purworejo. *Jurnal Pengelolaan Perikanan Tropis*, *3*(2), 28–35.
- Chiu, Y. W., Bor, H., Tan, M. S., Lin, H. Du, & Jean, C. T. (2013). Phylogeography and genetic differentiation among populations of the moon turban snail *Lunella granulata* Gmelin, 1791 (Gastropoda: Turbinidae). *International Journal of Molecular Sciences*, *14*(5), 9062–9079. <https://doi.org/10.3390/ijms14059062>
- Díaz-Ferguson, E., Haney, R., Wares, J., & Silliman, B. (2010). Population genetics of a trochid gastropod broadens picture of caribbean sea connectivity. *PLoS ONE*, *5*(9), 1–8. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0012675>
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., & Vrijenhoek, 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.
- Galtier, N., Nabholz, B., Glémin, S., & Hurst, G. D. D. (2009). Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: A reappraisal. *Molecular Ecology*, *18*(22), 4541–4550. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2009.04380.x>
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, *270*(1512), 313–321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Hellberg, M. E., Burton, R. S., Neigel, J. E., & Palumbi, S. R. (2002). genetic Assessment of Connectivity Among Marine Populations. *Bulletin of Marine Science*, *70*(1), 273–290.
- Hughes, A., Inouye, B., Johnson, M., Underwood, N., & Vellend, M. (2008). Ecological Consequences of Genetic Diversity. *Ecology Letters*, *11*, 609–623.
- Innis, M., & Gelfand, D. (1990). Optimization of PCRs. In *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications* (pp. 3–12). Academic Press, London.
- KKP. (2017). *Keputusan Menteri Kelautan dan Perikanan Republik Indonesia Nomor 50/Kepmen-Kp/2017 Estimasi Potensi, Jumlah Tangkapan yang Diperbolehkan, dan Tingkat Pemanfaatan Sumber Daya Ikan di Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia*.
- KKP. (2022). *Peraturan Menteri Kelautan dan Perikanan Republik Indonesia No 19 Tahun 2022 tentang Statuta Politeknik Kelautan dan Perikanan Jemberana*.
- Laffoley, D., White, a, Kilarski, S., Gleason, M., Smith, S., Llewellyn, G., Day, J., Hillary, a, Wedell, V., & Pee, D. (2008). Establishing Resilient Marine Protected Area Networks — Making It Happen. In *Governance An International Journal Of Policy And Administration*.
- 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 Nasional Mipa Unipa Ke 3 Tahun 2018, March*, 103–114.
- Limmon, G. V., Masdar, H., Muenzel, D., Shalders, T. C., Djakiman, C., Beger, M., Jompa, J., & De Brauwert, M. (2023). A cause for hope: largely intact coral-reef communities with high reef-fish biomass in a remote Indonesian island

- group. *Marine and Freshwater Research*, 74(6), 479–490.  
<https://doi.org/10.1071/MF22075>
- Lucic, A., Isajev, V., Rakonjac, L., Mataruga, M., Babic, V., Ristic, D., & Drinic, S. (2011). Application of Various Statistical Methods to Analyze Genetic Diversity of Austrian (*Pinus nigra* Arn.) and Scots Pine (*Pinus sylvestris* L) Based on Protein Markers. *Genetika*, 43(3), 477–486.  
<https://doi.org/10.2298/GENSR1103477L>
- Madduppa, H., Ayuningtyas, R. U., Subhan, B., Arafat, D., & . P. (2016). Exploited but Unevaluated: DNA Barcoding Reveals Skates and Stingrays (Chordata, Chondrichthyes) Species Landed in the Indonesian Fish Market. *ILMU KELAUTAN: Indonesian Journal of Marine Sciences*, 21(2), 77.  
<https://doi.org/10.14710/ik.ijms.21.2.77-84>
- Muliani, D. R., Yulianda, F., & Butet, N. A. (2020). Karakteristik gen Cytochrome Oxidase Subunit I (COI) tiram daging dari genus *Crassostrea* sebagai identitas jenis di Delta Cimanuk, Jawa Barat. *Jurnal Moluska Indonesia*, 4(1), 8–16.
- Mulyasari, Soelistyowati, D., Kristanto, A., & Kusmini, I. (2010). Karakteristik Genetik Enam Populasi Ikan Nilem (*Osteochilus hasselti*) di Jawa Barat. *J. Riset Akuakultur*, 5(2), 175–182.
- Nei, M. (1972). Chapter 9: Genetic Distance Between Populations. *The American Naturalist*, 106(949), 283–292.  
<https://doi.org/10.7312/nei-92038-010>
- Palumbi, S. R. (2003). Population genetics, demographic connectivity, and the design of marine reserves. *Ecological Applications*, 13(1 SUPPL.), 146–158.  
[https://doi.org/10.1890/1051-0761\(2003\)013\[0146:pgdcat\]2.0.co;2](https://doi.org/10.1890/1051-0761(2003)013[0146:pgdcat]2.0.co;2)
- Paradis, E. (2018). Analysis of haplotype networks: The randomized minimum spanning tree method. *Methods in Ecology and Evolution*, 9(5), 1308–1317.  
<https://doi.org/10.1111/2041-210X.12969>
- Robinson, J. P. W., Darling, E. S., Maire, E., Hamilton, M., Hicks, C. C., Jupiter, S. D., Aaron Macneil, M., Mangubhai, S., McClanahan, T., Nand, Y., & Graham, N. A. J. (2023). Trophic distribution of nutrient production in coral reef fisheries. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 290(2008).  
<https://doi.org/10.1098/rspb.2023.1601>
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sanchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., & Sanchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution*, 34(12), 3299–3302.  
<https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>
- Saleky, D., & Dailami, M. (2021). Konservasi Genetik Ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) Melalui Pendekatan DNA Barcoding dan Analisis Filogenetik di Sungai Kumbe Merauke Papua. *Jurnal Kelautan Tropis*, 24(2), 141–150.  
<https://doi.org/10.14710/jkt.v24i2.10760>
- Satriani, N., Farajallah, A., & Muladno. (2002). Keragaman Genetik Sappi Peternakan Ongole (PO) Berdasarkan Uji DNA Mikrosatelit. *Media Peternakan*, 25(3), 84–91.
- Tallei, T., & Kolondam, B. (2015). DNA Barcoding of Sangahe Nutmeg (*Myristica fragrans*) using matK Gene. *HAYATI Journal of Biosciences*, 22(1), 41–47.  
<https://doi.org/10.4308/hjb.22.1.41>
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3027.  
<https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>