

## **ANALISIS STRUKTUR POPULASI TIGA SPECIES LAYANG (*Decapterus spp.*) DI LAUT JAWA DAN SEKITAR SULAWESI: Saran Pengelolaan Berkelanjutan Ikan Pelagis Kecil dan Evaluasi WPP**

### **POPULATION STRUCTURE ANALYSES OF THREE SPECIES OF LAYANG (*Decapterus spp.*) IN THE JAVA SEA AND MAKASSAR STRAIT: Sustainable Management Options Of Small Pelagic Fishes And Evaluation Of Fma**

**Suwarso dan Achmad Zamroni**

Peneliti pada Balai Penelitian Perikanan Laut, Muara Baru, Jakarta

Teregistrasi I tanggal: 10 Juli 2014; Diterima setelah perbaikan tanggal: 05 September 2014;

Disetujui terbit tanggal: 11 September 2014

#### **ABSTRAK**

Dua species ikan layang (*Decapterus russelli* dan *D. macrosoma*) merupakan komponen utama dalam perikanan pelagis di Laut Jawa dan Selat Makasar, ikan layang biru/malalugis (*D. macarellus*) adalah jenis dominan di perairan laut dalam sekitar Sulawesi dan Indonesia timur. Analisis struktur populasi tiga spesies layang tersebut dilaksanakan berdasarkan data struktur populasi (mtDNA) untuk memberikan saran pengelolaan berkelanjutan dan evaluasi WPP (Wilayah Pengelolaan Perikanan).

Hasil menunjukkan dari masing-masing dua unit stok tiap species yang terdeteksi setiap unit stok/unit biologi yang juga merupakan unit manajemen memiliki sebaran 'spatial' yang tidak selalu terbatas di suatu WPP, tetapi sangat dimungkinkan menyebar 'lintas' WPP (dua atau lebih WPP) yang umumnya memiliki karakteristik habitat sama; sedangkan keragaman habitat seringkali terlihat dalam satu WPP. Untuk tujuan pengelolaan secara berkelanjutan, pengelolaan sumber daya ikan pelagis kecil disarankan berbasis pada unit manajemen serta meliputi daerah sebaran dari unit manajemen tersebut. Daerah sebaran tersebut mungkin terdapat dalam satu WPP, tetapi seringkali akan meliputi dua atau lebih WPP (lintas WPP). Stok layang (*Decapterus russelli* dan *D. macrosoma*) Laut Jawa dan Selat Makasar (dua WPP) disarankan dikelola sebagai satu unit manajemen; sedangkan, stok malalugis yang memiliki ciri genetic sama yang tersebar lintas WPP Selat Makasar (bagian selatan), Teluk Bone, Teluk Tolo, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tomini dan Laut Maluku, disarankan dikelola sebagai satu unit manajemen; unit stok Laut Sulawesi dikelola secara terpisah sebagai unit manajemen yang berbeda. Dalam konteks perikanan layang di Laut Jawa fakta struktur populasinya (kasus *D. macrosoma*) tidak menunjukkan indikasi migrasi layang dari arah timur (Laut Banda atau Laut Flores) ke arah Laut Jawa seperti dihipotesakan oleh Hardenberg (1938).

**KATA KUNCI: Struktur populasi, *Decapterus spp.*, Laut Jawa, Selat Makasar, pengelolaan**

#### **ABSTRACT**

Two species of scads (*Decapterus russelli* and *D. macrosoma*) is a major component in the pelagic fisheries in the Java Sea and Makassar Strait, the mackerel-scads / malalugis (*D. macarellus*) is the dominant species around Sulawesi and the eastern waters of Indonesia. Population structure analyses of those three species of layang was implemented to give a sustainable management options and FMA evaluation, based on the population structure data (mtDNA).

Results show from each two stock units by species detected each stock unit / units of biology is a management unit which is have a spatially distribute not only in one WPP/FMA, but it is possible to spread 'cross' of FMA (two or more FMA ) which is generally has the same habitat; whereas, the diversity of habitats are often exist. For the purpose of sustainable management, a management of small pelagic fish is recommended based on management units that covers an area of distribution of its management unit. This distribution area may be contained in one FMA, but often will include two or more FMA. Stock of scads (*Decapterus russelli* and *D. macrosoma*) in the Java Sea and Makassar Strait (two WPP) suggested to manage as a unit of management; whereas, stock malalugis with the same genetic characters that are spread across in the FMA of Makassar Strait (south), Bone Bay, Tolo Bay, Flores Sea, Banda Sea, Tomini and Maluku Sea, it is suggested to managed as a single unit of management; however, the stock of Celebes Sea are managed separately as different management units. In the context of Java Sea fisheries the fact of the population structure (in case

of *D. macrosoma*) did not shows an indication of west ward migration (Banda Sea-Flores Sea) to the Java Sea like a Hardenberg (1938) hypohese.

**KEYWORDS: Population structure, Decapterus spp., Java Sea, Makassar Strait, management**

## PENDAHULUAN

Ikan layang (*Decapterus spp.*) merupakan sumberdaya ikan pelagis yang mempunyai nilai ekonomis penting dan memberi kontribusi utama pada produksi perikanan. Ikan layang bersifat sebagai ikan peruuaya (migrasi) dan daerah penyebarannya luas. Sumber daya ini umumnya telah dieksploitasi secara intensif di berbagai perairan di Indonesia, bahkan di beberapa wilayah telah mengalami lebih tangkap. Tercatat beberapa jenis/species ikan layang di Indonesia, diantaranya layang biasa/russel's scads (*Decapterus russelli*), layang deles/round scads (*D. macrosoma*), layang biru/malalugis/mackerel scads (*D. macarellus*), layang anggur/ekor merah/red-tailed scads (*D. kurroides*). Dua jenis layang *D. russelli* dan *D. macrosoma*, umum ditemukan di perairan paparan Sunda (Laut Cina Selatan, Laut Jawa) dan paparan Arafura (Laut Arafura), serta di perairan pantai dari perairan laut dalam. Meskipun bersifat oseanik *D. macrosoma* biasanya ditemukan di habitat laut dalam dari perairan paparan; sedangkan jenis malalugis (*D. macarellus*) umum tersebar di perairan laut dalam di Samudera Hindia barat Sumatra, utara Aceh, Samudra Hindia selatan Jawa, sekitar Sulawesi, Laut Banda dan wilayah Indonesia timur lainnya.

Laut Jawa dan sekitarnya boleh dikatakan merupakan sentra produksi layang di Indonesia, namun telah mengalami kejenuhan akibat tekanan penangkapan berlebih (Hariati & Atmaja, 2005), diantaranya berupa *stock depletion* dibarengi penurunan hasil tangkapan. Di wilayah timur Indonesia jenis malalugis juga merupakan komponen utama pada perikanan pelagis kecil (purse seine) dan telah mengalami intensitas penangkapan semakin tinggi.

Untuk wilayah-wilayah padat tangkap demikian tindakan 'pengelolaan' secara berkelanjutan adalah keperluan mendesak untuk tercapainya visi jangka panjang pengelolaan sehingga dapat menjamin hasil tangkapan yang optimal secara berkelanjutan (*sustainable yield*). Konsep pengelolaan berbasis 'stok' dipercaya merupakan konsep pengelolaan yang logis sekaligus mengarah pada konservasi sumber daya berdasarkan pada karakter biologi sumberdaya (stok) (Ferris & Berg, 1987). Konsep ini akan terlaksana efektif apabila tersedia data dan informasi tentang 'unit stok' secara jelas.

Paper ini membahas tentang pola penstrukturan populasi tiga species layang (*Decapterus russelli*, *D. macrosoma* dan *D. macarellus*) di Laut Jawa dan sekitar Sulawesi sebagai dasar penentuan opsi pengelolaan sumber daya ikan pelagis kecil sekaligus sebagai evaluasi terhadap pengelolaan berbasis konsep WPP (Wilayah Pengelolaan Perikanan (WPP)).

## BAHASAN

### 1.1. Keragaman genetik dan struktur populasi Ikan layang (*D. russelli*) dan deles (*D. macrosoma*)

#### Layang (*D. russelli*)

Dari 8 jenis enzim restriksi yang digunakan (Afa I, Hae II, Mbo I/Nde II, Alu I, Hind III, Hin6 I dan Taq I) untuk memotong sekuen/genom mtDNA ikan layang hanya 4 enzim yang dapat memotong atau memperlihatkan adanya situs restriksi (Afa I, Alu I, Msp I dan Taq I). Daerah control region mtDNA D-loop ikan layang memiliki fragmen *single band* DNA dengan ukuran 1000 bp (*base pairs*), sedang hasil digesti enzim restriksi berukuran antara 700 - 975 bp. Sifat polimorfisme ditunjukkan oleh tiga jenis enzim restriksi.

Teridentifikasi 2 jenis *allele* (*composite haplotype*), yaitu AA dan AB yang frekuensinya bervariasi pada tiap populasi contoh. Berdasarkan frekuensi kemunculan dua jenis *allele* tersebut ikan layang memiliki keragaman genetik ('diversitas haplotype', *h*) antara 0 - 0,1528 (rata-rata 0,0585). Keragaman genetik lebih rendah (*h*=0) ditemukan pada populasi Balikpapan (Selat Makassar), sedang keragaman lebih tinggi terlihat pada populasi Rembang, Kendari dan Maumere. Secara umum *allele* AB lebih umum ditemukan di seluruh populasi, sedang *allele* AA hanya teramati pada populasi Kendari, Rembang dan Maumere.

Jarak genetik (*D*) rata-rata antar populasi diperkirakan sekitar 0,0018. Jarak genetik yang lebih pendek (*D* = 0 - 0,0002) ditunjukkan antara populasi Rembang-Maumere, Rembang-Kendari dan Kendari-Maumere, sedang jarak genetik lebih jauh ditemukan antara populasi Balikpapan-Kendari (*D* = 0,0041) dan

Balikpapan-Rembang ( $D = 0,0029$ ) (Tabel 1). Didasarkan atas parameter jarak genetik tersebut dapat disusun *dendrogram filogenetik* dari ke tujuh populasi layang (*D. russelli*) seperti terlihat pada Gambar 1. Pada Gambar 1 terlihat bahwa ke tujuh populasi contoh dapat dipisahkan menjadi dua 'group populasi' (sub populasi) yang berasal dari dua garis keturunan mtDNA (2 *clade* mtDNA), yaitu: group pertama (*clade 1*) terdiri dari populasi Kendari, Maumere dan Rembang; sedang group kedua (*clade 2*) terdiri dari populasi Balikpapan.

**Layang deles (*D. macrosoma*)**

Pada layang deles digesti genom mtDNA dengan 8 jenis enzim restriksi menunjukkan ada 6 enzim restriksi dapat memotong sekuen DNA, yaitu Alu I, Taq I, Hin6 I, Afa I, Hind III dan Msp I. Sekuen mtDNA D-loop layang deles memiliki ukuran panjang sekitar 1000 bp (*base pairs*). Secara umum allele AAAAAA lebih umum dan dominan, kecuali pada populasi

Kendari; sedang allele BBABAA dan BCABAA hanya ditemukan pada populasi Kendari.

*D. macrosoma* memiliki tingkat keragaman genetik (*diversitas haplotype, h*) antara 0 – 0,1975 (rata-rata 0,0658). Indek keragaman terkecil ditemukan pada populasi Maumere, Tarakan, Donggala, Aceh Timur, sedang keragaman lebih tinggi ditemukan pada populasi Rembang dan Kendari. Jarak genetik rata-rata antar populasi sekitar 0,3354. Jarak terpendek (0) ditunjukkan oleh populasi Maumere, Donggala dan Tarakan; sedang populasi Kendari menunjukkan jarak paling jauh. Didasarkan pada nilai jarak genetik dan dendrogram filogenetik (*hubungan kekerabatan*) dari ke enam populasi deles (Gambar 2) terlihat bahwa 6 populasi contoh terpisah kedalam 2 grup populasi (*sub populasi*): grup pertama terdiri dari populasi Rembang, Maumere, Donggala dan Tarakan; sedang populasi Kendari memisah sebagai grup kedua.

Tabel 1. Dugaan jarak genetik Nei (*D*) dari populasi contoh ikan layang (*D. russelli*) hasil restriksi oleh enzim *Afa I* dan *Taq I*

Table 1. *Nei's genetic distance of D. russelli from restriction analyses*

Populasi/ Population	Rembang	Balikpapan	Kendari	Maumere	Fakfak	Aceh Timur	Labuhan
Rembang	XXXXX	0.0029	0.0002	0.0002	0.0029	0,0029	0,0029
Balikpapan		XXXXX	0.0041	0.0025	0	0	0
Kendari			XXXXX	<b>0.0002</b>	0.0041	0,0041	0,0041
Maumere				XXXXX	0.0025	0,0025	0,0025
Fakfak					XXXXX	0	0
Aceh Timur						XXXXX	0
Labuhan							XXXXX



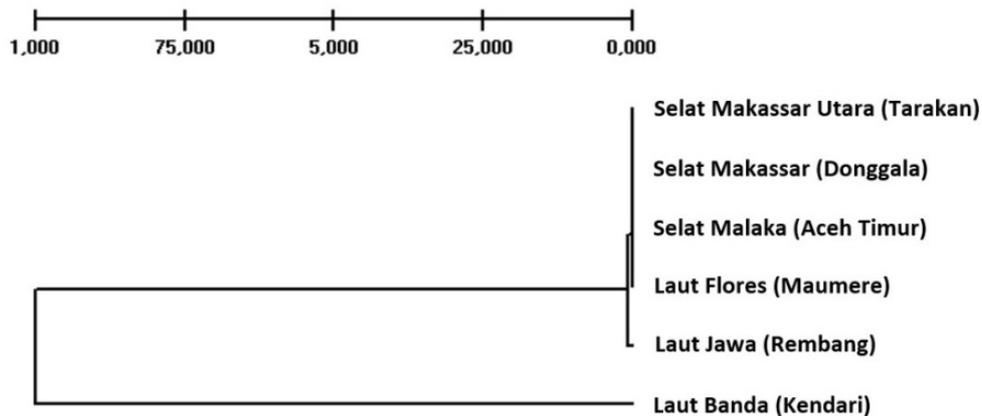
Gambar 1. Dendrogram filogenetik ikan layang (*D. russelli*) hasil analisis RFLP mtDNA di sekitar Laut Jawa. *Figure 1. Phylogenetic dendrogram of D. russelli around Java Sea from DNA restriction analyses.*

Keterangan: Populasi 1 – Rembang; 2 – Balikpapan; 3 – Kendari; 4 – Maumere; 5 – Fakfak; 6 – Aceh Timur; 7 – Labuhan.

Tabel 2. Jarak genetik Nei enam populasi layang deles (*D. macrosoma*) berdasarkan frekuensi haplotype berbasis pada 6 enzim restriksi (AluI, TaqI, Hinc6I, Afal, Hind III dan Msp I) pada daerah Mt DNA D-loop

Table 2. Nei's genetic distance of six populations of *D. macrosoma* based on the haplotype frequency of the restriction analyses

	<b>Maumere</b>	<b>Aceh</b>	<b>Tarakan</b>	<b>Rembang</b>	<b>Kendari</b>	<b>Donggala</b>
Maumere	XXXXXX	0,0	0,0	0,0078	1,0	0,0
Aceh Timur		XXXXXX	0,0	0,0078	1,0	0,0
Tarakan			XXXXXX	0,0078	1,0	0,0
Rembang				XXXXXX	1,0	0,0078
Kendari					XXXXXX	1,0
Donggala						XXXXXX



Gambar 2. Dendrogram filogenetik layang deles (*D. macrosoma*) dari hasil analisis RFLP mtDNA di sekitar Laut Jawa.

Figure 2. Phylogenetic dendrogram of *D. macrosoma* based on the analyses of the DNA around Java Sea. Keterangan: Populasi 1 - Maumere, 2 - Aceh Timur, 3 - Tarakan, 4 - Rembang; 5 - Kendari, 6 - Donggala.

Dua species ikan 'layang' (*D. russelli* dan *D. macrosoma*) merupakan komponen utama dari sumberdaya ikan pelagis kecil yang dimanfaatkan oleh perikanan purse seine yang berbasis di pantai utara Jawa. Dalam periode 'normal' hasil tangkapan kedua species jumlahnya paling tidak mencapai 50% dari total hasil tangkapan dan berlimpah di setiap fishing ground (Potier & Sadhotomo, 1995). Fishing ground utama tersebar di Laut Jawa dan meluas ke Selat Makassar (laut dangkal di timur Kalimantan); sejalan dengan perluasan fishing ground tersebut hasil tangkapan kedua species menunjukkan trend berbeda; semakin ke arah timur (Selat Makassar) jumlah *D. russelli* makin berkurang, sebaliknya *D. macrosoma* %-asenya semakin meningkat (Suwarso *et al.*, 1987; Potier & Sadhotomo, 1995; Sadhotomo, 1998).

Keragaman genetik dapat dipakai sebagai indikator sifat migrasi dan ukuran populasi; keragaman genetik yang rendah mencirikan populasi yang biasanya memiliki tingkat migrasi cukup tinggi. Keragaman genetik yang relatif rendah pada kedua species ikan

layang ini mencirikan sifat tersebut sehingga memberi peluang lebih besar untuk terjadinya kawin silang dalam populasi.

Kajian genetika populasi ikan layang menunjukkan secara umum tingkat keragaman genetik (*haplotype diversity*) kedua species relatif rendah. Tingkat keragaman genetik *D. russelli* di Selat Makassar (Balikpapan) lebih rendah dibanding di Laut Jawa (Rembang), Laut Flores (Maumere) dan Laut Banda (Kendari). Hal ini mengindikasikan ukuran populasi (*population size*) di Selat Makassar lebih kecil dibanding ukuran populasi Laut Jawa. Hal tersebut juga memberi tanda bahwa kondisi stok layang di Selat Makassar (Balikpapan) lebih rentan. Demikian halnya pada *D. macrosoma*, secara umum memperlihatkan keragaman genetik rendah. Nilai keragaman genetik mengindikasikan ukuran populasi layang deles di Laut Flores (Maumere) dan Donggala lebih kecil dibanding populasi Laut Jawa dan Laut Banda (Kendari). Secara keseluruhan, rendahnya keragaman genetik pada populasi layang dan deles menunjukkan indikasi bahwa kondisi sumberdaya

telah mengalami perubahan genetik yang radikal yang diduga akibat tekanan penangkapan.

Keragaman genetik (*haplotype diversity*) *D. macarellus* secara umum juga rendah berkisar antara 0 sampai 0,3698 (rata-rata 0,0595). Keragaman rendah (0) ditemukan pada populasi Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo dan Laut Maluku, jumlah allele masing-masing hanya satu (AAAAAA), populasi Selat Makasar dan Teluk Tomini cenderung berbeda, sedang populasi Laut Sulawesi (Tumumpa) memiliki keragaman genetik lebih tinggi.

Dari dugaan struktur populasi tersebut dapat diduga penstrukturan populasi yang terjadi akibat keragaman genetik (mtDNA) tersebut dapat menggambarkan pola sebaran geografinya. Pada *D. russelli*, dapat teridentifikasi dua 'group populasi' (sub populasi, unit stok), group 1 (clade 1) adalah unit stok yang menyebar di Laut Jawa, Laut Flores dan Laut Banda (Kendari), sedang clade 2 sebagai unit stok yang tersebar di timur Kalimantan (Balikpapan). Pada *D. macrosoma* juga dapat dipisahkan adanya 2 group populasi (sub populasi, unit stok), unit stok 1 tersebar di Laut Jawa, L. Flores (bagian selatan), Selat Makasar (Donggala dan Tarakan); sedang populasi Laut Banda (Kendari) secara signifikan memisah sebagai group kedua (clade 2, unit stok 2).

Dari hal tersebut dapat diduga terdapat hubungan kekerabatan yang lebih dekat antara stok layang *D. russelli* di Laut Jawa dengan stok Laut Flores dan Laut Banda, sedang stok *D. russelli* di timur Balikpapan diduga merupakan bagian dari stok layang di timur Kalimantan bagian utara. Dalam hal jenis *D. macrosoma*, stok Laut Jawa dengan stok Selat Makasar dan Laut Flores merupakan unit stok sama, namun unit stok Laut Banda secara signifikan berbeda dengan unit stok tersebut.

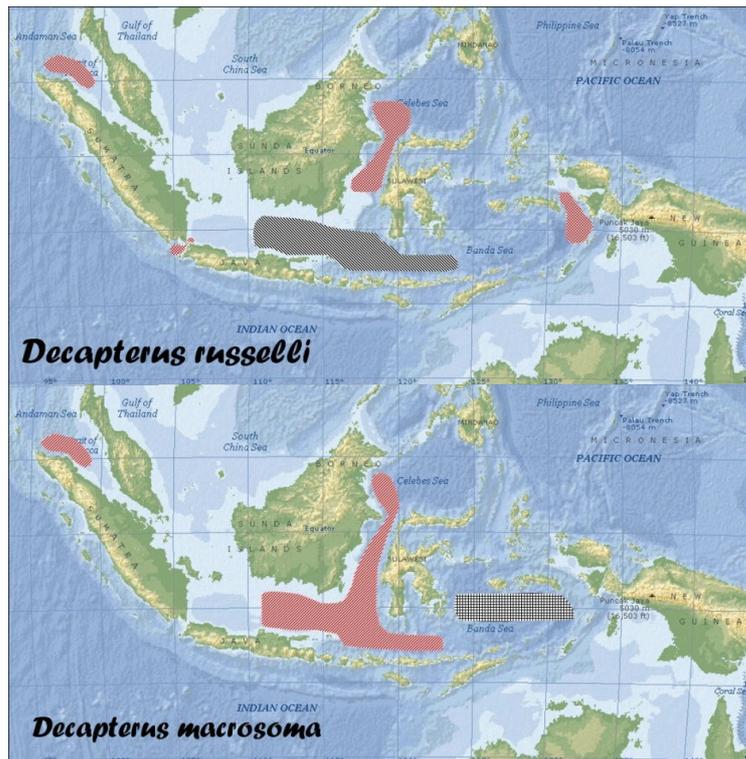
Berdasarkan analisis korespondensi Potier & Sadhotomo (1996) menyimpulkan bahwa jenis *D. russelli* termasuk kelompok species coastal pelagic yang hidup di habitat paparan seperti Laut Jawa dan Laut Cina Selatan, species ini mendominasi hasil tangkapan purse seine di perairan tersebut; sedang jenis *D. macrosoma* termasuk species oseanik yang habitat utamanya berupa perairan laut dalam. Dalam konteks perikanan purse seine, jenis *D. russelli* lebih dominan di Laut Jawa dan Laut Cina Selatan, sedang jenis *D. macrosoma* lebih dominan di Laut Jawa bagian timur, Selat Makasar laut dangkal dan Kep. Kangean. Tapi pada kenyataannya, kelimpahan dua jenis tersebut di Laut Flores rendah dan hanya

kadang-kadang tertangkap sedang jenis utama dalam hasil tangkapan perikanan (purse seine mini) di lokasi ini adalah ikan malalugis (*D. macarellus*)

Berdasarkan fakta tersebut diatas dapat dianggap bahwa kelimpahan unit stok 1 ikan layang (*D. russelli*) di paparan Sunda bagian selatan ini terkonsentrasi di perairan Laut Jawa, populasi yang lebih kecil tersebar di Laut Flores utara Maumere; unit stok yang berbeda (unit stok 2) teridentifikasi di Selat Makasar laut dangkal bagian utara (timur Balikpapan) (Gambar 4). Dalam konteks yang sama, unit stok 1 layang deles (*D. macrosoma*) tersebar lebih luas dari Laut Jawa ke arah timur pantai utara Maumere/Laut Flores (juga hanya kadang-kadang tertangkap) dan ke arah utara Selat Makasar (Donggala), konsentrasi populasi melimpah di Laut Jawa bagian timur; sedang unit stok 2 yang berbeda secara genetik teridentifikasi di Laut Banda (Kendari).

Dalam konteks perikanan pelagis kecil di Laut Jawa – Selat Makasar untuk *D. russelli* unit stok Laut Jawa diperkirakan terputus di Laut Jawa bagian timur dan dalam populasi yang kecil unit stok yang sama berada di perairan pantai Laut Flores. Meskipun populasi Laut Banda (Kendari) teridentifikasi berkerabat dekat dengan populasi Laut Jawa (Rembang) (unit stok 1) tetapi cenderung memisah; selain itu, terestriksi secara geografis oleh barrier laut dalam dari Laut Flores selatan Sulawesi. Status populasi yang tersebar di daerah penangkapan utama sekitar pulau-pulau karang di Selat Makasar laut dangkal (pulau Sambergelap, Balag-balagan, Larilarian, Lumu-lumu) belum diketahui secara pasti karena belum ada contoh genetiknya; unit stok 2 yang tersebar di Selat Makasar bagian utara (Balikpapan) berbeda secara genetik, diduga merupakan bagian dari unit stok di timur Kalimantan bagian utara.

Terputusnya stok *D. macrosoma* secara signifikan dari unit stok 1 dan teridentifikasi sebagai unit stok 2 di Laut Banda memberi indikasi terdapatnya barrier geografi antara Laut Banda dan Laut Jawa; dari hal tersebut diduga tidak terjadi perpindahan (migrasi) antara Laut Banda dan Laut Jawa atau sebaliknya, tetapi pola migrasi yang lebih logis berlangsung dari Laut Jawa ke Selat Makasar atau sebaliknya, bukan ke arah Laut Banda melalui Laut Flores seperti telah di-hypotesa-kan oleh Hardenberg (1938). Eksistensi garis Wallace (Wallace line) di kedua habitat mempertegas keberadaan barrier geografi yang memutuskan pola migrasi ikan layang. Pola migrasi ikan pelagis kecil dipengaruhi oleh pola perubahan musim.



Gambar 3. Dugaan sebaran unit stok ikan layang (*D. russelli*) dan layang deles (*D. macrosoma*) di L. Jawa, Sel. Makassar dan sekitarnya.

Figure 3. Unit stock distribution of *D. russelli* and *D. macrosoma* in Java Sea and Makassar Strait.

### 1.2. Keragaman genetik dan struktur populasi ikan layang biru/malalugis (*D. macarellus*)

Ukuran sekuens DNA-mitochondria dari hasil amplifikasi (PCR) pada ikan malalugis dengan menggunakan pasangan primer HN20 dan LN20 diperoleh sekitar 1000 bp (*base pairs*). Dari enam jenis enzim restriksi yang digunakan untuk memotong sekuens mtDNA (Alu I, Hind III, Mbo I, Rsa I, Taq I dan Xba I) semuanya dapat memberikan situs restriksi/pemotongan. Tipe-tipe haplotype yang merupakan *composite haplotype* atau *allele* yang teridentifikasi ada 6 jenis allele, yaitu AAAAAA, AAAABA, AAAAAB, BAABAC, BABCAC dan BAABCC. Jumlah allele paling sedikit ditemukan pada populasi Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo dan Laut Maluku, yaitu satu tipe allele (AAAAAA); namun, allele ini (AAAAAA) lebih umum ditemukan di seluruh populasi. Jumlah allele terbanyak (4 tipe allele) ditemukan pada populasi Laut Sulawesi; sedang pada populasi Selat Makasar dan Teluk Tomini masing-masing dua allele.

Keragaman haplotype (*haplotype diversity*) ikan malalugis berkisar antara 0 sampai 0,3698; keragaman rendah (0) karena hanya satu tipe allele ditunjukkan oleh populasi Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo dan Laut Maluku; sedang

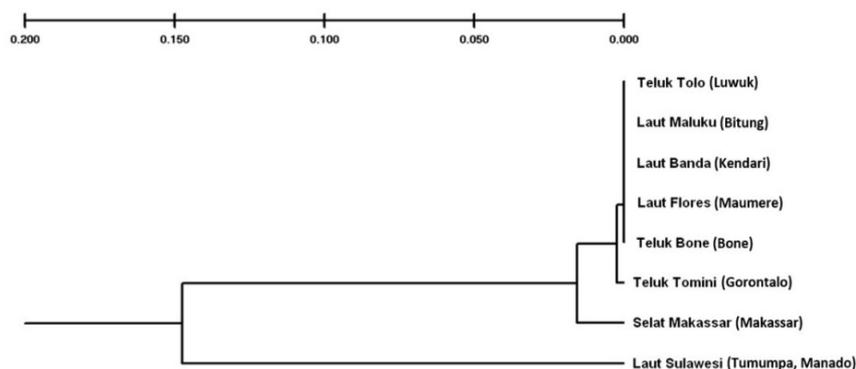
populasi Laut Sulawesi memiliki keragaman genetik paling tinggi. Berdasarkan analisis statistik berpasangan *Fst* (menggunakan AMOVA, *Analysis of Molecular Variances*, dari perangkat lunak TFGPA) menunjukkan terdapat perbedaan genetik yang cukup signifikan antara populasi Laut Sulawesi dengan ke tujuh populasi lainnya.

Antar populasi Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo dan Laut Maluku seolah-olah tanpa jarak genetik (0,0000); jarak genetik rendah ditemukan antara populasi Selat Makasar dengan populasi Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo dan Laut Maluku; serta antara populasi Teluk Tomini dengan populasi Selat Makasar, Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo dan Laut Maluku. Jarak terjauh ditunjukkan oleh populasi Laut Sulawesi dengan ketujuh populasi lainnya (0,1405 – 0,1733). Berdasarkan nilai-nilai tersebut dapat dibuat dendrogram hubungan kekerabatan dari 8 populasi contoh yang diuji seperti terlihat pada Gambar 4.

Berdasarkan dendrogram hubungan kekerabatan dari ke delapan populasi contoh ikan malalugis (Gambar 4), populasi malalugis secara umum dapat dipisahkan ke dalam dua group sub populasi yang diduga berasal dari dua garis keturunan mtDNA. Kedua group populasi tersebut adalah group pertama

Tabel 3. Jarak genetika Nei antar populasi ikan malalugis (*D. macarellus*) di sekitar Sulawesi  
 Table 3. Nei's genetic distance of *D. macarellus* around Sulawesi

Populasi/ Population	Laut Sulawesi	Selat Makassar	Teluk Bone	Laut Flores	Laut Banda	Teluk Tolo	Laut Maluku	Teluk Tomini
Laut Sulawesi	-							
Selat Makassar	0,1733	-						
Teluk Bone	0,1438	0,0150	-					
Laut Flores	0,1438	0,0150	0,0000	-				
Laut Banda	0,1438	0,0150	0,0000	0,0000	-			
Teluk Tolo	0,1438	0,0150	0,0000	0,0000	0,0000	-		
Laut Maluku	0,1438	0,0150	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	-	
Teluk Tomini	0,1405	0,0186	0,0025	0,0025	0,0025	0,0025	0,0025	-



Gambar 4. Dendrogram hubungan kekerabatan (filogeni) dari 8 populasi ikan malalugis (*D. macarellus*) di sekitar Sulawesi.

Figure 4. Phylogenetic dendrogram of 8 populations of *D. macarellus* around Sulawesi.

(clade 1) terdiri dari populasi Teluk Tolo, Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Laut Maluku serta Teluk Tomini dan Selat Makassar; sedangkan group ke-dua (clade 2) terdiri dari populasi Laut Sulawesi. Group pertama kemungkinan dapat dipisahkan menjadi sub populasi Teluk Bone-Laut Flores-Teluk Tolo-Laut Banda-Laut Maluku-Teluk Tomini dan sub populasi Selat Makassar. Sub populasi dari Selat Makassar secara statistik ( $F_{st}$ , analisis berpasangan) dan jarak genetika termasuk dalam populasi group pertama, tetapi terdapat perbedaan dalam sub populasi Selat Makassar. Populasi Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo, Laut Maluku dan Teluk Tomini diduga berasal dari satu unit stok (unit stok sama); namun demikian walaupun berasal dari unit stok yang sama, populasi Teluk Tomini sedikit berbeda dengan lima populasi lainnya (Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo dan Laut Maluku) tapi masih mempunyai kekerabatan yang dekat.

Spesies malalugis (*Decapterus macarellus*) adalah jenis ikan pelagis oseanik yang tersebar luas di perairan Indonesia timur (Suwarso, *et al.*, 2000), Samudera Hindia (lepas Sumatra Utara, perairan Mentawai dan selatan Jawa) (Hariati, 2005).

Seluruh enam enzim restriksi yang digunakan untuk memotong sekuen mtDNA malalugis ternyata

dapat memberikan situs restriksi/pemotongan. Dapat teridentifikasi 6 jenis allele (*composite haplotype*), yaitu AAAAAA, AAAABA, AAAAAB, BAABAC, BABCAC dan BAABCC (Tabel 3); jumlah allele terbanyak ditemukan di Laut Sulawesi (Tumumpa, 4 allele), di Selat Makassar (Donggala) dan Teluk Tomini masing-masing 2 allele, sedang di lokasi lain (Teluk Tolo, Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Laut Maluku) masing-masing hanya satu jenis allele (AAAAAA) yang juga merupakan allele umum ditemukan di semua populasi, diduga allele AAAAAA bersifat lebih adaptif dengan lingkungan di sekitar Sulawesi dan lebih tahan terhadap tekanan lingkungan maupun eksploitasi.

Tingkat keragaman genetic/haplotype (*haplotype diversity*) malalugis berkisar antara 0 sampai 0,3698 (rata-rata 0,0595), cukup rendah jika dibandingkan dengan keragaman genetik ikan laut pada umumnya. Menurut Nugroho *et al.* (2001) berkisar antara 0,60 sampai 0,90; menurut Avise *et al.* (1989) dalam Tabata *et al.* (1997) berkisar antara 0,473 – 0,998). Keragaman genetik populasi malalugis di Teluk Tomini dan Selat Makassar lebih tinggi masing-masing 0,0365 dan 0,07; sedang populasi Laut Sulawesi memiliki keragaman genetik paling tinggi ( $h = 0,3698$ ). Keragaman genetik yang rendah pada malalugis mengindikasikan telah terjadi perubahan struktur

genetika pada sumberdaya ini. Ikan malalugis bersifat oseanik dan sebagai ikan peruuaya dengan jalur migrasi cukup luas sehingga memungkinkan terjadinya silang dan percampuran genetika antar populasi yang seiring berjalannya waktu mengakibatkan variasi genetiknya menjadi berkurang. Faktor tekanan penangkapan intensif diduga berpengaruh pada penyempitan habitat dan berdampak pada penurunan keragaman genetika. Wilson & Clarke (1996) menyatakan peningkatan eksploitasi dan tekanan lingkungan menyebabkan terjadinya penurunan kelimpahan stok dan rata-rata ukuran ikan; seleksi genetika merugikan terhadap fekunditas; penurunan rata-rata ukuran reproduktif (memijah), perubahan rasio kelamin, keseimbangan inter-spesifik serta hilangnya diversitas genetika. Terutama pada unit-unit populasi yang memiliki keragaman genetika rendah,  $h = 0$ , (populasi Laut Flores, Laut Banda, Laut Maluku, Teluk Tolo, Teluk Bone) sangat rentan terhadap perubahan (penangkapan, alam). Zein (2007) menyatakan bahwa eksploitasi dapat menyebabkan peningkatan laju *genetic drift*, pada populasi yang kecil cenderung akan terjadi kawin silang (*inbreeding*) sehingga menyebabkan penurunan keragaman genetika dalam populasi (keragaman haplotype dan keragaman nukleotida); selanjutnya penurunan variabilitas genetika akan berdampak buruk terhadap kelangsungan hidup dari populasi dan dapat mengurangi kemampuan individu dalam menghadapi seleksi alam akibat perubahan lingkungan (Hedrick, 2000). Keragaman haplotype yang tinggi pada populasi Laut Sulawesi (Tumumpa) mengindikasikan sifat *plasticity* (kelenturan) dalam beradaptasi lebih tinggi yang diduga karena pengaruh populasi Samudera Pasifik. Suatu spesies yang mampu beradaptasi secara *plastis* akan menghasilkan variasi fenotip maupun genotip sebagai respon terhadap kondisi lingkungan tertentu sehingga dapat meningkatkan kemampuan individu untuk tetap bertahan dan berkembang biak (Sultan, 1987; Taylor & Aarsen, 1989).

Dari analisis berpasangan *Fst* (statistika khusus AMOVA, *Analysis of Molecular Variance* dalam perangkat TFGA) diperoleh terdapat perbedaan genetika cukup signifikan antara populasi Laut Sulawesi dengan ketujuh populasi lainnya (Tabel 4). Perbedaan ini menunjukkan bahwa struktur populasi malalugis di Laut Sulawesi berasal dari sub populasi berbeda, diduga berasal dari populasi Samudera Pasifik. Williams *et al.* (2002) menyatakan bahwa secara umum terdapat perbedaan genetika antara spesies Samudera Pasifik dengan Samudera Hindia.

Menurut 'Nei & Tajima' (1981) jarak genetika yang dihitung berdasarkan situs pemotongan enzim restriksi

memperlihatkan kedekatan hubungan kekerabatan antar populasi, semakin kecil jarak genetik maka semakin dekat pula hubungan kekerabatan antara kedua populasi tersebut, dan sebaliknya. Jarak genetika paling rendah (0) terlihat diantara populasi Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo dan Laut Maluku, karena ke lima populasi ini dimungkinkan berasal dari unit stok (sub populasi) yang sama. Sebaran unit stok ini diduga juga berada di Selat Makassar bagian selatan. Secara geografis perairan Laut Maluku, Teluk Tolo, Teluk Bone saling berhubungan dengan Laut Flores dan Laut Banda sehingga memungkinkan terjadinya *gene flow* (aliran gen). Hal ini dipertegas oleh Arnaud *et al.* (1999) yang menyebutkan bahwa terjadi *gene flow* antara populasi malalugis di Laut Banda dan Laut Maluku.

Populasi Teluk Tomini dan Selat Makassar yang mempunyai jarak genetik lebih besar dengan populasi lain menunjukkan kecenderungan kekerabatan yang dekat dengan ke lima populasi tersebut tetapi diperkirakan merupakan refleksi dari pencirian genetik khusus akibat karakteristik habitat yang berbeda. Jarak genetik terjauh ditunjukkan oleh populasi Laut Sulawesi dengan populasi lainnya (0,1405 – 0,1733) memperkuat dugaan bahwa populasi Laut Sulawesi berbeda dengan populasi lainnya.

Hasil dendrogram 'filogeni' (hubungan kekerabatan) dari delapan populasi malalugis memperlihatkan bahwa secara umum dapat dipisahkan menjadi dua group populasi malalugis, yaitu group pertama (*clade 1*) terdiri dari populasi Laut Maluku, Teluk Tolo, Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tomini dan Selat Makassar; sedangkan group ke dua (*clade 2*) sebagai unit stok 2 adalah populasi Laut Sulawesi (Gambar 3). Secara geografis perairan Laut Maluku, Teluk Tolo, Teluk Bone saling berhubungan dengan Laut Flores dan Laut Banda sehingga memungkinkan terjadinya *gene flow* (aliran gen). Hal ini dipertegas oleh Arnaud *et al.* (1999) yang menyebutkan bahwa terjadi *gene flow* antara populasi malalugis di Laut Banda dan Laut Maluku.

Pada populasi group I dapat dipisahkan menjadi dua sub populasi, yaitu sub populasi (unit stok) Selat Makassar dan sub populasi (unit stok) Laut Maluku-Teluk Tolo-Teluk Bone-Laut Flores-Laut Banda-Teluk Tomini. Sub populasi Selat Makassar dapat dianggap termasuk dalam populasi group pertama, tetapi secara statistik (analisis berpasangan) serta dari nilai jarak genetik cenderung berbeda. Perbedaan tersebut secara genetik akibat keberadaan haplotype 'baru' AAAABA pada populasi Selat Makassar (Donggala) yang tidak ditemukan pada populasi lain. Jika diasumsikan bahwa dengan kesamaan habitat pelagis

Selat Makasar laut dalam bagian selatan dengan Laut Flores dan Teluk Bone sehingga diduga populasi Selat Makasar bagian selatan adalah sama dengan populasi Teluk Bone, maka dapat diduga bahwa populasi Selat Makasar bagian utara (Donggala) berbeda secara genetic dengan populasi Selat Makasar bagian selatan tersebut, populasi Selat Makasar bagian utara (Donggala) dimungkinkan terkait dengan populasi Laut Sulawesi bagian barat. Hal tersebut mengindikasikan terdapat pola ruaya (migrasi) malalugis dari utara ke arah selatan tetapi terputus di perairan sekitar Donggala, sedang pola ruaya (migrasi) unit stok 1 meliputi perairan-perairan Laut Maluku, Teluk Tolo, Teluk Bone, Laut Flores serta kemungkinan Selat Makasar bagian selatan. Menurut Gaylord & Gaines (2000) haplotype baru dapat terbentuk akibat pengaruh arus laut dan perbedaan karakteristik habitat (perairan) yang mempengaruhi distribusi populasi dan fisiologi organism. Hal yang hampir sama terlihat kecenderungan perbedaan genetic dari populasi Teluk Tomini dengan unit stok 1 yaitu dengan hadirnya allele AAAAAB yang tidak ditemukan pada populasi lain, diduga populasi Teluk Tomini cenderung bersifat local yang terkait dengan karakteristik local dari perairan Teluk Tomini.

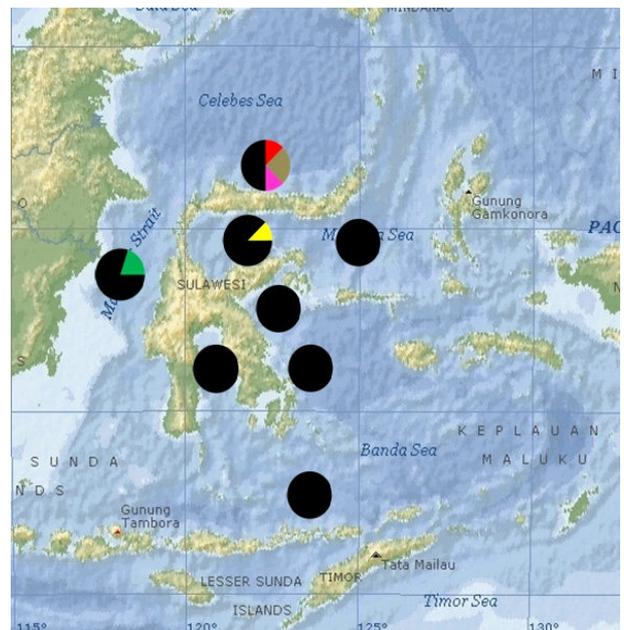
Dalam sejarah geologi Pulau Sulawesi di masa lampau (zaman Pleistosen) tidak pernah bersatu dengan daratan manapun (Hall, 2001), Pulau Sulawesi merupakan pulau yang berdiri sendiri dan bukan merupakan pecahan dari pulau lain, seperti pulau Kalimantan dan Sumatera. Keekerabatan yang dekat antara populasi Teluk Tomini dengan populasi dari Laut Maluku, Teluk Tolo, Laut Banda dan Laut Flores dikarenakan stok dari populasi 4 perairan tersebut sebagian masuk ke dalam Teluk Tomini sehingga populasinya mengalami percampuran dengan populasi lokal ikan malalugis di Teluk Tomini.

Haplotype/allele AAAAAA merupakan allele umum yang tersebar luas dan ditemukan di semua lokasi penelitian. Selain itu allele tersebut juga merupakan ciri dari unit stok 1 yang tersebar di perairan timur Sulawesi (Laut Maluku, Teluk Tolo, Teluk Bone, Laut Flores) dan diduga sampai ke Selat Makasar laut dalam bagian selatan. Dari hal tersebut dapat diduga merupakan indikasi pola ruaya/migrasi malalugis unit stok 1.

Migrasi ikan dipengaruhi oleh dua factor, yaitu internal dan eksternal. Faktor internal berupa keseimbangan metabolic yang ditunjukkan oleh pola migrasi untuk mencari makan (feeding migration);

sedang faktor eksternal dapat berupa arus laut (terutama arus permukaan laut) karena arus laut diketahui berperan penting dalam penyebaran larva ikan (Fahmi, 2010).

Migrasi malalugis terjadi sekitar musim barat dan peralihan I. Di perairan Selat Makassar pada musim barat dan peralihan I diketahui lebih subur dibanding perairan timur Sulawesi (Laut Maluku, Laut Banda, Laut Flores) (Realino *et al.*, 2006). Seperti pada keterangan sebelumnya, masuknya populasi ikan Laut Sulawesi ke Selat Makassar diduga karena arus. Sub populasi Teluk Tomini juga didominasi ikan malalugis berhaplotipe AAAAAA (populasi group pertama), hal ini karena masuknya sub populasi ikan Laut Maluku melalui perantaraan arus yang mengalir menuju Teluk Tomini pada musim timur (Burhanuddin *et al.*, 2004), selain itu pada daerah sekitar mulut teluk mempunyai kandungan klorofil yang tinggi pada musim timur (BRPL 2005).



Gambar 5. Struktur genetika populasi ikan malalugis di perairan sekitar Pulau Sulawesi.

Figure 5. Population genetic structures of mackerel scads around Sulawesi.

Keterangan:

- = ikan malalugis haplotipe AAAAAA
- = ikan malalugis haplotipe BAABAC
- = ikan malalugis haplotipe BABCAC
- = ikan malalugis haplotipe BAABCC
- = ikan malalugis haplotipe AAAABA
- = ikan malalugis haplotipe AAAAAB
- = Hasil penelitian Arnaud *et al.* (1999)

## KESIMPULAN DAN REKOMENDASI

### KESIMPULAN

1. Struktur populasi menunjukkan indikasi separasi (pemisahan) stok menjadi dua atau lebih unit stok berbeda. Dari tiga species uji (*D. russelli*, *D. macrosoma*, *D. macarellus*) masing-masing memiliki dua kelompok utama pada struktur genetika populasi dimana masing-masing berperan sebagai unit stok atau unit manajemen yang tersebar lintas WPP (lebih dari satu WPP).
2. Dua unit stok yang berbeda dari *D. russelli* teridentifikasi tersebar di Laut Jawa dan Selat Makasar bagian utara (Tarakan); unit stok yang sama dari *D. macrosoma* tersebar di Laut Jawa dan berlanjut hingga Selat Makasar laut dangkal, unit stok lain tersebar di Laut Banda. Untuk malalugis (*D. macarellus*) unit stok utama diduga menyebar di beberapa perairan (WPP) meliputi Selat Makasar bagian selatan, Teluk Bone, Teluk Tolo, Teluk Tomini, Laut Maluku, Laut Flores dan Laut Banda; stok di Laut Sulawesi merupakan unit stok lain.
3. Sebaran unit stok diperkirakan mengindikasikan pola sebaran spatial dan pergerakan stok (migrasi) ikan: Pola migrasi *D. russelli* dan *D. macrosoma* diperkirakan antara Laut Jawa dan Selat Makasar laut dangkal (diduga tidak ada migrasi ikan dari Laut Flores dan Laut Banda menuju ke Laut Jawa); Stok malalugis menyebar dan bermigrasi di Selat Makasar laut dalam (bagian selatan), selatan Sulawesi dan timur Sulawesi, unit stok lain di Laut Sulawesi.

### REKOMENDASI

1. Pengelolaan sumber daya ikan pelagis kecil disarankan mengacu pada sebaran unit stok yang berperan sebagai unit biologi dan disarankan dikelola sebagai satu unit manajemen walaupun tersebar tidak hanya di satu WPP tetapi lintas WPP.
2. Dalam konteks perikanan Laut Jawa, stok dua species ikan layang (*D. russelli* dan *D. macrosoma*) disarankan dikelola bersama dengan stok yang terdapat di perairan Selat Makasar laut dangkal (timur Kalimantan) sebagai satu unit manajemen. Sedang dalam konteks perikanan malalugis sekitar Sulawesi, stok malalugis di perairan sekitar Sulawesi bagian selatan dan timur yang meliputi beberapa WPP (Selat Makassar

bagian selatan, Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo, Laut Maluku dan Teluk Tomini) disarankan dikelola sebagai satu unit manajemen, stok Laut Sulawesi sebagai unit manajemen lainnya.

### PERSANTUNAN

Kegiatan dari hasil penelitian Potensi, Distribusi, Kelimpahan dan Biologi Ikan Pelagis Kecil di WPP 712, 713, 714 dan 716 tahun 2009-2011 di Balai Penelitian Perikanan Laut, Jakarta.

### DAFTAR PUSTAKA

- Arnaud S, Bonhomme F, Borsa P. 1999. Mitochondrial DNA analysis of the genetic relationships among population of scad mackerel (*Decapterus macarellus*, *D. macrosoma*, and *D. russelli*) in South-East Asia. *Marine Biology* 135: 699 – 707.
- Avisé JC, Bowen BW, Lamb T. 1989. DNA fingerprints from hypervariable mitochondrial genotypes. *Molecular Biology Evolution* 6:258-269.
- Balai Riset Perikanan Laut, Departemen Kelautan dan Perikanan. 2005. Teluk Tomini: Ekologi, Potensi Sumberdaya, Profil Perikanan dan Biologi Beberapa Jenis Ikan Ekonomis Penting. Jakarta: BRPL DKP.
- Burhanuddin, Supangat A, Sulistiyo B, Rameyo T, Kepel CR. 2004. *Profil sumberdaya kelautan dan perikanan Teluk Tomini*. Jakarta. BRKP-DKP.
- Fahmi MR. 2010. Phenotypic plasticity kunci sukses adaptasi ikan migrasi: studi kasus ikan sidat. *Prosiding Forum Inovasi Teknologi Akuakultur*, Bandar Lampung Indonesia 20 – 23 April 2010.
- Gaylord B, Gaines SD. 2000. Temperature or transport? Range limits in marine species mediated solely by flow. *American Naturalist* 155: 769 - 789.
- Gordon AL, Fine RA. 1996. Pathways of water between the Pacific and Indian oceans in the Indonesian seas. *Nature* 379: 146–149.

- Hall R. 2001. Cenozoic reconstructions of SE Asia and the SW Pacific: changing patterns of land and sea. In *Faunal and Floral Migrations and Evolution in SE Asia-Australia*, Metcalf I, Smith J, Morwood M, Davidson I. (eds) pp:35-56. Lisse: Swets and Zeitlinger Publishers.
- Hardenberg, J.D.F. 1938. Preliminary report on a migration of fish in the Java Sea. *Treubia*, Deel 16, Afl. 2, 295-300 p.
- Hariati T. 2005. Ikan layang biru (*Decapterus macarellus*), salah satu spesies ikan pelagis kecil di laut dalam Indonesia. *Warta Penelitian Perikanan. Edisi Sumberdaya dan Penangkapan*. Vol.11 No.5 2005. Hal. 15 – 18.
- Hedrick PW. 2000. *Genetics of populations*. 2<sup>nd</sup> ed. Jones and Bartlett Publishers. Sudbury.
- Miller MP. 1997. Tools for Population Genetic Analysis (TFPGA). Version 1.3. Department of Biological Sciences, Northern Arizona University, Flagstaff.
- Nei M, Tajima F. 1981. DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases. *Genetics*. 97: 145 – 163.
- Nesbo CL, Rueness EK, Iversen SA, Skagen DW, Jakobsen KS. 2000. Phylogeography and population history of Atlantic mackerel (*Scomber scombrus* L.): a genealogical approach reveals genetic structuring among the eastern Atlantic stocks. *Proceedings of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences* 267: 281-292.
- Nugroho E, Ferrel DJ, Smith P, Taniguchi N. 2001. Genetic divergence of Kingfish from Japan, Australia and New Zealand Inferred by microsatellite DNA and mitochondrial DNA control region markers. *Journal Fisheries Science* 67:843-850.
- Realino B, Wibawa TA, Zahrudin DA, Napitu AM. 2006. Pola Spasial dan Temporal Kesuburan Perairan Permukaan Laut di Indonesia. Balai Riset dan Observasi Kelautan. Departemen Kelautan dan Perikanan. Jembrana. Bali.
- Shekelle M, Leksono SM. 2004. Strategi Konservasi di Pulau Sulawesi dengan Menggunakan *Tarsius* sebagai Flagship Spesies. *Biota* Vol. IX (1): 1-10.
- Sultan SE. 1987. Evolutionary implication of phenotypic plasticity in plants. *Evol. Bio.* 20: 127-178.
- Suwarso, Dharmadi, Widodo J. 2000. Biology and fishery of Malalugis biru, Mackerel Scad, *Decapterus macarellus*, in North Sulawesi waters of Indonesia. In *The. JSPS-DGHE International Symposium on Fisheries Science in Tropical Area*. Vol 10. P.552 – 557.
- Suwarso, Hariati T, Zamroni A, Fauzi M. 2009. Studi Hubungan Filogenetik Ikan Layang (*Decapterus* spp., Fam. Carangidae) di Indonesia. Balai Riset Perikanan Laut. Jakarta.
- Tabata KH, Kishioka M, Takagi A, Mizuta N, Taniguchi. 1997. Genetic diversity of five strains of red sea bream *Pagrus major* by RFLP analysis of the mtDNA D-Loop region. *Journal Fisheries Science*, 63(3):344-348.
- Taylor DR, Aarssen LW. 1989. *An Interpretation of Phenotypic Plasticity in Agropyron repens (Gramminae)*. *Amer. J. Bot.* 75(3): 401-413.
- Utter F, Aebersold P, Winas G. 1987. Interpreting genetic variation detected by electrophoresis. In: N.R.F. Utter (ed.) *Population genetics and Fishery management*, University of Washinton press, Seattle.
- Williams ST, Jara J, Gomez E, Knowlton N. 2002. The Marine Indo-West Pacific Break: Contrasting the Resolving Power of Mitochondrial and Nuclear Genes. *Integr. Comp. Biol.* 42: 941 – 952.

- Wilson DS, Clarke AB. 1996. The shy and the bold. *Natural History* 9/96: 26–28.
- Zein MSA. 2007. Keragaman Daerah Kontrol DNA Mitokondria Rusa Timor (*Cervus timorensis timorensis*) di Pulau Timor, Alor dan Pantar. *Biota* Vol. 12(3): 138-144.