

Tersedia online di: <http://ejournal-balitbang.kkp.go.id/index.php/jppi>

e-mail: jppi.puslitbangkan@gmail.com

JURNAL PENELITIAN PERIKANAN INDONESIA

Volume 22 Nomor 1 Maret 2016

p-ISSN: 0853-5884

e-ISSN: 2502-6542

Nomor Akreditasi: 653/AU3/P2MI-LIPI/07/2015



GENETIKA POPULASI IKAN BANYAR (*Rastrelliger kanagurta* Cuvier, 1817) DI PERAIRAN BARAT SUMATERA, SELAT MALAKA DAN LAUT CINA SELATAN

POPULATIONS GENETIC OF INDIAN MACKEREL (*Rastrelliger kanagurta* Cuvier, 1817) IN WEST OF SUMATERA, MALACCA STRAIT AND SOUTH CHINA SEA

Achmad Zamroni*¹, Suwarso¹ dan Siti Mardlijah¹

¹Balai Penelitian Perikanan Laut, Jl. Muara Baru Ujung, Komp. Pelabuhan Nizam Zachman, Jakarta Utara, Indonesia-14430

Teregistrasi I tanggal: 28 Oktober 2015; Diterima setelah perbaikan tanggal: 25 Januari 2016;

Disetujui terbit tanggal: 29 Januari 2016

ABSTRAK

Eksploitasi yang intensif terhadap ikan Banyar (*Rastrelliger kanagurta* Cuvier, 1817) di perairan Barat Sumatera Selat Malaka dan Laut Cina Selatan dapat mengakibatkan penurunan kualitas dan kuantitas dari stok ikan. Untuk itu perlu dilakukan pengkajian struktur populasi yang berbasis pada keragaman genetika. Penelitian ini bertujuan untuk mengkaji struktur genetika populasi ikan Banyar di perairan Barat Sumatera Selat Malaka dan Laut Cina Selatan. Sampel jaringan ikan Banyar dikumpulkan dari 5 lokasi pendaratan yaitu Sibolga, Aceh, Tanjung Balai Asahan, Tanjung Pinang dan Pemangkat. Hasil penelitian menunjukkan bahwa keragaman genetika di masing-masing perairan adalah Sibolga = 0,442, Aceh = 0,423, Tanjung Balai = 0,427, Tanjung Pinang = 0,400 dan Pemangkat = 0,409. Terdapat dua kelompok utama pada struktur genetika populasi ikan Banyar, kelompok pertama berasal dari populasi Sibolga (perairan Samudera Hindia barat Sumatera), dan yang kedua berasal dari populasi Selat Malaka (Aceh dan Tanjung Balai Asahan) dan Laut Cina Selatan (Tanjung Pinang dan Pemangkat).

Kata Kunci: Ikan banyar; genetika populasi; Barat Sumatera; Selat Malaka; Laut Cina Selatan

ABSTRACT

*Intensive exploitation of Indian Mackerel (*Rastrelliger kanagurta* Cuvier, 1817) in the waters of Western of Sumatera Malacca Strait and South China Sea could negatively impact on quality and quantity of fish stocks. It is necessary for assessment of population structure based on genetic diversity. This study aims to assess the genetic structure of Indian Mackerel populations in the waters Western of Sumatera Malacca Strait and the South China Sea. Indian Mackerel tissue samples were collected from 5 landing sites in Sibolga, Aceh, Tanjung Balai Asahan, Tanjung Pinang, and Pemangkat. The results showed that the genetic diversity at the five study sites, Sibolga = 0.442, Aceh = 0.423, Tanjung Balai = 0.427, Tanjung Pinang = 0.400, and Pemangkat = 0.409. There are two distinct populations genetic structure of Indian Mackerel, the first group is Sibolga population origin (the waters of the Indian Ocean west of Sumatra), and the second group is the Malacca Strait (Aceh and Tanjung Balai Asahan) and the South China Sea population origin (Tanjung Pinang and Pemangkat).*

Keywords: Indian mackerel; population genetic; Western of Sumatera; Malacca strai; South China Sea

Korespondensi penulis:

e-mail: ironzammiden@gmail.com

PENDAHULUAN

Perairan Selat Malaka dan Laut Cina Selatan (LCS) merupakan perairan “favorit” bagi para nelayan untuk menangkap ikan, terutama ikan pelagis kecil. Kegiatan penangkapan di kedua perairan ini telah berlangsung lama dan semakin intensif. Menurut Keputusan Menteri Kelautan dan Perikanan RI Nomor KEP. 45/MEN/2011 tentang Estimasi Potensi Sumberdaya Ikan di Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia bahwa nilai estimasi potensi ikan pelagis kecil di LCS sebesar 621.500 ton/tahun dan status tingkat eksploitasi menunjukkan telah *Over-exploited*. Sedangkan estimasi potensi ikan pelagis kecil di Selat Malaka adalah 147.300 ton/tahun dan status tingkat eksploitasi telah *Fully-exploited*. Salah satu spesies ikan pelagis kecil yang mempunyai nilai ekonomis tinggi adalah ikan Banyar atau ikan kembung lelaki (*Rastrelliger kanagurta*). Ikan Banyar merupakan ikan pelagis yang membentuk *schooling* dan dalam siklus hidupnya melakukan kebiasaan bermigrasi. Ikan ini juga mempunyai daerah sebaran yang luas hampir di seluruh perairan Indonesia. Harga yang tinggi dan rasa daging yang enak menyebabkan ikan Banyar menjadi target bagi nelayan-nelayan di Indonesia. Alat tangkap yang sering digunakan untuk menangkap ikan Banyar selain purse seine adalah gill net.

Penangkapan ikan Banyar yang semakin intensif di Selat Malaka dan Laut Cina Selatan akan menyebabkan penurunan populasi ikan Banyar di kedua perairan ini. Menurut Wilson & Clarke (1996) penurunan populasi ini akan berpengaruh terhadap kelimpahan, rata-rata ukuran ikan, ukuran memijah, fekunditas, rasio jenis kelamin dan bahkan menurunkan diversitas genetika. Salah satu antisipasi dari hal tersebut adalah diperlukannya suatu program konservasi melalui konservasi genetika. Untuk itu perlu adanya kajian tentang struktur dan keragaman genetika populasi dari ikan Banyar, sehingga dapat dijadikan dasar bagi penetapan kebijakan pengelolaan dan konservasi genetika ikan Banyar di kawasan ini. Menurut Santos *et al.* (2010), keragaman genetika berfungsi untuk mengetahui apakah terjadi perpindahan genetika diantara populasi sehingga bisa menentukan status hidup populasi. Keragaman genetik mempunyai arti penting dalam stabilitas dan ketahanan populasi (Fergusson *et al.*, 1995). Selain itu pemahaman tentang struktur populasi juga bertujuan untuk keberlanjutan dan efektifitas manajemen sumberdaya (Nishida *et al.*, 1998; Chiang *et al.*, 2006; Chiang *et al.*, 2008). Informasi genetik pada ikan dengan migrasi yang tinggi seperti ikan Banyar sangat penting diketahui untuk pemanfaatan yang bersifat lestari (Santos *et al.*, 2010).

Salah satu metode untuk menentukan keragaman genetika adalah *Random Amplified Polymorphism DNA* (RAPD). Metode RAPD mempunyai kemampuan

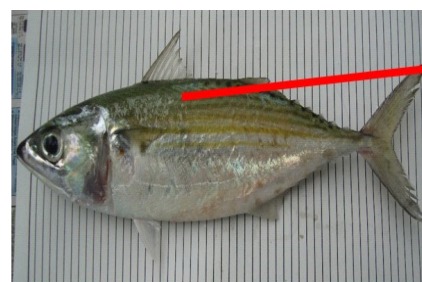
yang cukup tinggi dalam mendeteksi polimorfisme (Dunham, 2004; Liu, 2007). RAPD telah digunakan secara luas untuk analisis variasi genetika pada banyak spesies (Martinez *et al.*, 2006). Penelitian lain yang menggunakan metode RAPD adalah penelitian ikan *Barbus* sp. dari Spanyol (Callejas & Ochando, 2002), ikan mas (*Cyprinus carpio*) (Bartfai *et al.*, 2003), alga merah (*Gelidium sesquipedale*) (Alberto *et al.*, 1999), *Penaeus simiculatus* (Parenrengi *et al.*, 2007), ikan batak (*Torosoro*) (Asih *et al.*, 2008), ikan Kelabau (*Osteochilus kelabau*) (Kusmini *et al.*, 2011), keragaman genetika *Haemophilus somnus* (Eltoum *et al.*, 2003) dan variasi genetika *Coleus* sp. (Govarthanan *et al.*, 2011). Tujuan penelitian ini adalah mengkaji struktur genetika populasi ikan Banyar (*Rastrelliger kanagurta*) di perairan Samudera Hindia barat Sumatera, Selat Malaka dan Laut Cina Selatan sebagai bahan dasar pengelolaannya.

BAHAN DAN METODE

Pengambilan Sampel

Sampel yang dianalisis berupa jaringan daging bagian punggung ikan Banyar (Gambar 1.) dari hasil tangkapan nelayan yang melakukan penangkapan dekat lokasi pendaratan. Sampel diambil secara acak dari empat lokasi perairan, yaitu: perairan barat Sumatera (Sibolga), Selat Malaka (Aceh dan Tanjung Balai Asahan) dan Laut Cina Selatan (Pemangkat dan Tanjung Pinang) (Gambar 2). Jumlah sampel masing-masing lokasi sebanyak 24 sampel (jumlah total 120 sampel) dengan sebaran ukuran ikan pada panjang cagak (*fork length*) antara 15 – 25 cm. Pengambilan sampel dilakukan pada minggu keempat Januari 2014. Sampel jaringan diambil dengan menggunakan gunting dan pinset yang steril, kemudian disimpan dalam tabung (*tube*) berukuran 2 ml yang telah berisi etanol 96%. Selanjutnya sampel disimpan pada suhu ruangan untuk selanjutnya dilakukan analisis DNA di Laboratorium Genetika Balai Penelitian Perikanan Laut, Jakarta.

Analisis Sampel



Bagian jaringan yang diambil

Gambar 1. Jaringan ikan banyar (*Rastrelliger kanagurta*) yang diambil/dianalisis.

Figure 1. The Indian mackerel (*Rastrelliger kanagurta*) and tissues sampling.



Gambar 2. Lokasi pengambilan sampel jaringan ikan banyar.
 Figure 2. Tissue sampling sites of Indian mackerel.

Masing-masing sampel (120 sampel) dianalisis dengan menggunakan metode analisis yang digunakan adalah RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) dengan menggunakan 4 (empat) pasang primer. Primer-primer yang digunakan adalah sebagai berikut: Rk1, Rk10, Rk12 dan Rk48. Proses ekstraksi dan purifikasi dilaksanakan melalui metode *mini column* dari PureLink™ Genomic DNA Kits, Invitrogen™. Proses amplifikasi dengan mesin PCR menggunakan mastermix KAPA2G Robust HotStart ReadyMix PCR Kit. Siklus pada proses amplifikasi disetting sebagai berikut: 1 siklus denaturasi pada suhu 95 °C selama 3 menit, 35 siklus penggandaan yang terdiri dari 95 °C selama 15 detik, suhu annealing selama 15 detik dan 72°C selama 15 detik; selanjutnya 1 siklus terakhir pada suhu 72 °C selama 10 menit. Suhu annealing untuk primer Rk 1 adalah 52°C, untuk primer Rk10 dan Rk 48 adalah 53°C dan untuk primer Rk12 adalah 58°C.

Analisis Data

Hasil amplifikasi dari setiap primer terhadap masing-masing sampel (120 sampel) diperoleh tipe-tipe *haplotype*. Tipe-tipe *haplotype* dari masing-masing sampel kemudian dianalisis dengan *software* TFPGA (*Tools For Population Genetic Analyses*) (Miller, 1997) yang meliputi analisis keragaman *haplotype* (*haplotype diversity*), kekerabatan antar populasi melalui uji jarak berpasangan (F_{ST}), jarak genetik dan hubungan kekerabatan antar populasi yang disajikan dalam bentuk dendrogram.

Analisis *haplotype diversity* dilakukan berdasarkan Nei & Tajima (1981) dengan persamaan:

$$H = \frac{n}{n-1} \left(\sum X_i^2 \right) \dots \dots \dots (1)$$

- H : *haplotype diversity*
- N : jumlah sampel
- X_i : frekuensi haplotipe sampel ke i.

Analisis uji jarak berpasangan dilaksanakan untuk menduga perbedaan antara nukleotida-nukleotida (*composite haplotype*) antar populasi dengan cara menduga proporsi variasi total nukleotida (*composite haplotype*) yang tersebar di setiap populasi (Wright, 1951 dalam Randi, 2000):

$$F_{ST} = 1 - (H_w/H_b) \dots \dots \dots (2)$$

- Keterangan:
- F_{ST} : indek diferensiasi
 - H_w : rata-rata perbedaan intra populasi
 - H_b : rata-rata perbedaan antar populasi

Jarak genetik merupakan ukuran perbedaan genetika antara populasi yang dihitung berdasarkan frekuensi haplotipe setiap populasi. Perhitungan jarak genetika berdasarkan Nei & Tajima (1981) melalui program TFPGA dengan persamaan:

$$D = - \ln \{ J_{ab} / \{ (J_a \times J_b)^{0.5} \} \} \dots \dots \dots (3)$$

- Keterangan:
- D : jarak genetik
 - J_{ab} : frekuensi haplotipe pada lokus dengan populasi yang sama
 - J_a & J_b : frekuensi haplotipe pada populasi A dan B.

Hubungan kekerabatan antar populasi dalam bentuk dendrogram berdasarkan analisis kluster terhadap nilai jarak genetika menurut metode jarak rata-rata UPGMA (*Unweight Pair Group Methods Arithmtec*) (Bermingham, 1990) dengan menggunakan *software* TFPGA (Miller, 1997).

HASIL DAN BAHASAN

Hasil

Hasil analisis dengan metode RAPD menunjukkan bahwa keragaman situs dari amplifikasi empat pasang primer yang digunakan adalah 9 (sembilan) tipe, dengan 2 (dua) tipe A dan B dari primer I, II, dan IV, 3 (tiga) tipe A, B dan C dari primer III. Hasil amplifikasi dengan menggunakan empat pasang primer dapat diidentifikasi tipe-tipe haplotype sebanyak 22 tipe haplotype seperti

yang tercantum pada Tabel 1. Nilai keragaman haplotype (*haplotype diversity*) yang diperoleh 0,4 – 0,4423, dengan nilai terendah (0,4) pada populasi Tanjung Pinang dan tertinggi (0,4423) pada populasi Sibolga, sedangkan nilai keragaman haplotype rata-rata adalah 0,4816. Secara umum semua populasi mempunyai nilai keragaman haplotype, artinya tidak ada populasi yang nilai keragaman haplotype-nya 0.

Tabel 1. Keragaman genetik (diversitas haplotype, h) menurut lokasi sampling
 Table 1. Genetic diversity (*haplotype diversity, h*) based on sampling site

No	Tipe Komposit Haplotype	Lokasi Pengambilan Sampel				
		Sibolga	T. Balai Asahan	Aceh	Tanjung Pinang	Pemangkat
1	AAAA	0.1	0.15	0.1	0.055556	0.05
2	AAAB	0.1	0.2	0.05	0.111111	0.1
3	AABA	0.2	0.15			
4	AABB	0.1	0.05	0.05		
5	AACA		0.05			0.05
6	AACB				0.222222	0.2
7	ABAA	0.1		0.1		
8	ABAB	0.1		0.05		
9	ABBA	0.1				
10	ABBB	0.05				
11	ABCA					0.05
12	BAAA		0.05	0.25	0.166667	0.1
13	BAAB		0.15	0.15	0.166667	
14	BABA			0.15		
15	BABB	0.05	0.05	0.05		
16	BACA		0.05		0.055556	0.25
17	BACB				0.166667	0.15
18	BBAA		0.05			
19	BBAB		0.05			0.05
20	BBBA	0.05		0.05		
21	BBBB	0.05				
22	BBCB				0.055556	
N-alel		11	11	10	8	9
Haplotype diversity		0,4423	0,4269	0,4231	0,4000	0,4090

Analisis statistika dengan menggunakan AMOVA (*Analysis of Molecular Variances*) dalam perangkat lunak TFGPA, analisis berpasangan *Fst* menunjukkan bahwa terdapat perbedaan genetika yang cukup

signifikan antara populasi Sibolga dengan empat populasi lain. Antara populasi Aceh dan Tanjung Balai Asahan menunjukkan tidak beda nyata, juga antara populasi Tanjung Pinang dan Pemangkat menunjukkan tidak beda nyata.

Tabel 2. Hasil analisis antar populasi ikan banyar berdasarkan metode jarak berpasangan (*Fst*)
 Table 2. Inter population analysis of Indian mackerel with the pairwise distance (*Fst*).

	Sibolga	Tanjung Balai Asahan	Aceh	Tanjung Pinang	Pemangkat
Sibolga	*****				
T. Balai Asahan	0,0000 ^s	*****			
Aceh	0,0000 ^s	0,0643 ^{ns}	*****		
T. Pinang	0,0000 ^s	0,0007 ^s	0,0001 ^s	*****	
Pemangkat	0,0006 ^s	0,0042 ^s	0,0010 ^s	0,4089 ^{ns}	*****

Keterangan: ns = tidak beda nyata (P>0,05); s = beda nyata (P<0,05)

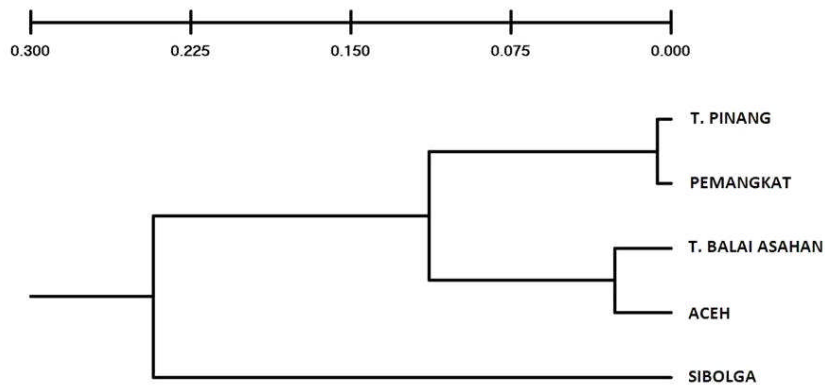
Jarak genetika dihitung dengan menggunakan metode dari Nei & Tajima (1981) berdasarkan situs hasil amplifikasi. Semakin kecil nilai jarak genetika yang diperoleh, maka semakin dekat pula hubungan kekerabatan antara kedua populasi tersebut, demikian pula sebaliknya. Berdasarkan nilai dari jarak genetika dapat ditentukan pula dendrogram hubungan kekerabatan antar populasi. Pada Tabel 3 dapat diketahui bahwa jarak genetika terdekat adalah antara populasi Tanjung Pinang dengan Pemangkat (0,0065).

Jarak terjauh terdapat pada populasi Sibolga dengan Pemangkat.

Berdasarkan dendrogram hubungan kekerabatan ikan banyar masing-masing perairan dapat dipisahkan menjadi dua group populasi. Group populasi pertama (*clade 1*) terdiri dari populasi Tanjung Pinang, Pemangkat, Tanjung Balai Asahan dan Aceh, sedangkan populasi kedua (*clade 2*) berasal dari populasi Sibolga.

Tabel 3. Jarak genetika Nei antar populasi dari Ikan Banyar
Table 3. *Nei's genetic distance of Indian mackerel*

	Sibolga	Tanjung Balai Asahan	Aceh	Tanjung Pinang	Pemangkat
Sibolga	*****				
T. Balai Asahan	0,1129	*****			
Aceh	0,1774	0,0264	*****		
T. Pinang	0,3348	0,0603	0,1060	*****	
Pemangkat	0,3459	0,1150	0,1728	0,0065	*****



Gambar 3. Dendrogram hubungan kekerabatan dari ikan Banyar.
Figure 3. *Dendrogram phylogeny of Indian mackerel.*

Bahasan

Pada penelitian ikan Banyar diperoleh nilai keragaman genetika rata-rata dari lima populasi (lokasi sampel) sebesar 0,4816. Nilai keragaman ini masih dalam kisaran seperti yang disebutkan oleh Tabata *et al.* (1997) bahwa keragaman haplotipe keseluruhan mtDNA untuk beberapa ikan berada dalam kisaran 0,473 – 0,998. Nilai keragaman ini lebih tinggi dari spesies ikan pelagis lain yaitu ikan Malalugis (*Decapterus macarellus*) di perairan sekitar Sulawesi yaitu sekitar 0,2292 (Zamroni *et al.*, 2014). Tingginya nilai keragaman genetika ini menandakan bahwa ikan Banyar termasuk ikan pelagis kecil yang melakukan migrasi. Karena dengan melakukan migrasi kemungkinan ikan tersebut melakukan perkawinan acak antar populasi akan semakin besar. Adanya perkawinan acak ini akan menyebabkan pertukaran gen sehingga keragaman genetika akan tetap tinggi bahkan kemungkinan menjadi lebih tinggi. Ikan yang melakukan migrasi akan menutup kemungkinan

terjadinya proses perkawinan sekerabat (*inbreeding*). Apabila *inbreeding* dibiarkan terjadi secara berulang-ulang maka peluang munculnya individu homozigot akan lebih tinggi dan menyebabkan keragaman genetika menjadi rendah. Suatu populasi yang mempunyai nilai keragaman genetika rendah akan menjadi rentan terhadap perubahan lingkungan dan serangan penyakit. Sebaliknya, populasi dengan nilai keragaman genetika yang tinggi mempunyai peluang hidup yang lebih baik untuk beradaptasi terhadap perubahan lingkungan (Hartl & Jones, 1998).

Pada Tabel 1 dapat diketahui bahwa populasi ikan Banyar di perairan Laut Cina Selatan (Tanjung Pinang dan Pemangkat) mempunyai nilai keragaman yang lebih rendah daripada populasi Sibolga dan populasi dari perairan Selat Malaka (Aceh dan Tanjung Balai Asahan). Diduga tekanan eksploitasi ikan Banyar di Laut Cina Selatan sudah berpengaruh terhadap keragaman genetika. Menurut Wilson & Clarke (1996), eksploitasi yang semakin meningkat dan tekanan

terhadap lingkungan dapat menyebabkan terjadi penurunan kelimpahan stok dan rata-rata ukuran ikan; seleksi genetika yang merugikan terhadap fekunditas yang potensial; mengurangi rata-rata ukuran memijah; mengubah rasio jenis kelamin dan keseimbangan interspesifik; serta hilangnya diversitas genetika. Berdasarkan informasi yang diperoleh dari data monitoring hasil tangkapan bahwa selain kapal penangkap dari daerah sekitar Laut Cina Selatan, kapal dari pesisir timur Sumatera dan utara Jawa juga melakukan penangkapan di Laut Cina Selatan, bahkan kapal penangkap ikan asing juga beroperasi di Laut Cina Selatan.

Analisis statistik berdasarkan AMOVA jarak berpasangan F_{st} dan analisis jarak genetika menurut Nei, 1978 dapat diketahui bahwa populasi ikan Banyar di Sibolga berbeda secara signifikan dengan empat populasi lainnya. Grafik dendrogram hubungan kekerabatan antar populasi juga menunjukkan bahwa populasi dari Sibolga merupakan stok yang berbeda dengan empat populasi lain (Gambar 3). Perbedaan ini diduga karena kondisi lingkungan perairan di Sibolga yang bersifat oseanik (perairan samudera) daripada populasi lainnya yang cenderung lebih dangkal (perairan neretik). Sebagaimana telah diketahui bahwa Samudera Hindia barat Sumatera berbatasan langsung dengan perairan negara lain dan termasuk bagian dari wilayah BOBLME (*Bay of Bengal Large Marine Ecosystem*).

Populasi ikan dari Aceh dan Tanjung Balai Asahan (Selat Malaka) berbeda dengan populasi Tanjung Pinang dan Pemangkat (Laut Cina Selatan). Diduga populasi ikan di Selat Malaka berasal dari populasi Laut Cina Selatan yang tercampur (terjadi perkawinan acak) dengan dari Samudera Hindia barat Sumatera yang bermigrasi ke Selat Malaka. Grafik dendrogram hubungan kekerabatan antar populasi menunjukkan bahwa stok dari populasi Selat Malaka mempunyai asal yang sama dengan stok dari populasi Laut Cina Selatan. Perkawinan acak yang terjadi di Selat Malaka dapat menyebabkan pertukaran gen antar populasi, hal ini terbukti dari nilai keragaman genetika di Selat Malaka lebih tinggi daripada nilai keragaman di Laut Cina Selatan. Proses migrasi ikan Banyar dari perairan barat Sumatera ke perairan Selat Malaka diduga karena faktor internal yaitu mencari makanan. Menurut penelitian Realino *et al.* (2006) menunjukkan bahwa sepanjang musim (musim barat, peralihan I, musim timur dan peralihan II) perairan Selat Malaka lebih subur (kaya nutrisi) daripada perairan barat Sumatera.

KESIMPULAN

Terdapat dua kelompok utama pada struktur genetika populasi ikan Banyar, kelompok pertama berasal dari populasi Sibolga (perairan Samudera Hindia barat Sumatera), dan yang kedua berasal dari populasi Selat Malaka (Aceh dan Tanjung Balai Asahan) dan Laut Cina Selatan (Tanjung Pinang dan Pemangkat). Populasi ikan Banyar di Selat Malaka merupakan hasil dari percampuran antara populasi Laut Cina Selatan dengan populasi dari barat Sumatera

PERSANTUNAN

Kegiatan ini merupakan bagian dari penelitian dengan judul "Penelitian Stok, Distribusi dan Parameter Biologi Sumberdaya Ikan Pelagis Kecil di WPP 571 dan WPP 711", Tahun Anggaran 2014 di Balai Penelitian Perikanan Laut, Jakarta.

DAFTAR PUSTAKA

- Alberto, F., Santos, R & Leitao, J. M. (1999). Assessing patterns of geographic dispersal of *Gelidium sesquipedale* (Rhodophyta) through RAPD differentiation of populations. *Marine Ecologies Progress Series*. 191, 101-108.
- Asih, S., Nugroho, E., Kristanto, A. H & Mulyasari. (2008). Penentuan variasi genetik ikan batak (Tor sorro) dari Sumatera Utara dan Jawa Barat dengan metode analisis Randomly Amplified Polymorphism DNA (RAPD). *Jurnal Riset Akuakultur*.3(1), 91-97.
- Bermingham, E. (1990). *Mitochondrial DNA and The Analysis of Fish Population Structure*. In: DH Whitmore (ed). *Electrophoretic and Isoelectric Focusing Techniques in Fisheries Management* (pp 107-129). CRC Press, Inc, Boca Raton, Florida.
- Callejas, C & Ochando, M. D. (2002). Phylogenetic relationships among Spanish *Barbus* species (Pisces, Cyprinidae) shown by RAPD markers. *Heredity*. 89, 36-43.
- Chiang, H. C., Hsu, C. C., Lin, H. D., Ma, G. C., Chiang, T. Y & Yang, H. Y. (2006). Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the South China Sea, Philippine Sea and western Pacific Ocean inferred from mitochondrial DNA. *Fish. Res.* 79, p. 219–225.
- Chiang, H. C., Hsu, C. C., Wu, G. C. C., Chang, S. K & Yang, H. Y. (2008). Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the Indian Ocean

- inferred from mitochondrial DNA. *Fish. Res.* 90, p. 305-312.
- Dunham, R. A. (2004). *Aquaculture and Fisheries Biotechnology: Genetic Approaches* (p 372). CABI publishing, UK.
- Eltoum, K., Aradaib, I & El-Sanousi, S. (2003). PCR-based randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) fingerprinting for detection of genetic diversity among Sudanese isolates of *Haemophilus somnus*. *Veterinarski Arshiv.* 73(6), 315-321.
- Ferguson, A.I., Taggart, A. J., Prodohl, P. A., Mcmeel, O., Thompson, C., Stone, C., Meginnity, P & Hynes, R. A. (1995). The application of molecular markers to study and conservation of fish population, with special reference to salmon. *Journal of Fish Biology.* 47, 103-126.
- Govarathanan, M., Guruchandar, A., Arunapriya, S., Selvankumar, T & Selvam, K. (2011). Genetic variability among *Coleus* sp. studied by RAPD banding pattern analysis. *Journal for Biotechnology and Molecular Biology Research.* 2(12), 202-208.
- Hartl, D. L & Jones, E. W. (1998). *Genetics: principles and analysis*. Fourth edition. Jones and Bartlett Publishers. Inc, United State of America.
- Hedrick, P. W. (2000). *Genetics of populations*. 2nd ed. Jones and Bartlett Publishers. Sudbury.
- Kusmini, I. I., Gustiano, R & Mulyasari. (2011). Karakterisasi Genetik Ikan Kelabau (*Osteochilus kelabau*) dari Berbagai Lokasi di Kalimantan Barat menggunakan Metode RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*). *Berita Biologi.* 10(4), 449-454.
- Liu, Z. (2007). *Randomly amplified polymorphism DNA (RAPD)*. In : *Aquaculture Genome Technologies*, Eds: Z .Liu. Blackwell Publishing, USA.
- Martinez, R., Anibarro, C., Fernandez, S. (2006) Genetic variability among *Alexandrium tamarense* and *Alexandrium minutum* strains studied by RAPD banding pattern analysis. *J. Harmful Algae*, 5(5), 599-607.
- Miller, M. P. (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.
- Nishida, T., Chow, S & Grewe, P. (1998). Review and research plan on the stock structure of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) and bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the Indian Ocean, dalam Prosiding *Indian Ocean Tuna Commission*, Victoria, Seychelles, 9-14 November 1998.
- Parenrengi, A., Sulaeman., Hadi, W & Tenriulo, A. (2007). Keragaman morfologi udang pama (*Penaeus simiculcatus*) dari perairan Sulawesi Selatan dan Sulawesi Tenggara. *Jurnal Riset Akuakultur.* 2(1), 389-397.
- Randi, E. (2000). *Mitochondrial DNA*. In: *Molecular Methods In Ecology* (ed Allan J. Baker) (pp. 50-63). Blackwell Science Lt. Oxford.
- Realino, B., Wibawa, T. A., Zahrudin, D. A & Napitu, A. M. (2006). Pola Spasial dan Temporal Kesuburan Perairan Permukaan Laut di Indonesia. Balai Riset dan Observasi Kelautan. Departemen Kelautan dan Perikanan. Jembrana. Bali.
- Santos, M. D., Lopez, G. V & Barut, N. C. (2010). A pilot study on the genetic variation of eastern little tuna (*Euthynnus affinis*) in Southeast Asia. *Philippine J. of Sci.* 139(1), 43-50.
- Tabata, K. H., Kishioka, M., Takagi, A., Mizuta, N & Taniguchi, T. (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.
- Wilson, D. S., Clarke, A. B. (1996). The shy and the bold. *Natural History* 9/96. p. 26–28.
- Zamroni, A., Suwarso & Nugroho, E. (2014). Struktur Genetika Populasi Ikan Malalugis Biru (*Decapterus macarellus* Cuvier, 1833) di Sekitar Sulawesi Berdasarkan Mt-DNA Marker. *J. Pen. Perik. Ind.* 20(1), 31-41.