

STRUKTUR GENETIKA POPULASI IKAN MALALUGIS BIRU (*Decapterus macarellus* Cuvier, 1833) DI SEKITAR SULAWESI BERDASARKAN MT-DNA MARKER

GENETIC STRUCTURE OF MACKEREL SCAD POPULATIONS (*Decapterus macarellus* Cuvier, 1833) AROUND SULAWESI BASED ON MT-DNA MARKER

Achmad Zamroni¹⁾, Suwarso¹⁾ dan Estu Nugroho²⁾

¹⁾Peneliti pada Balai Penelitian Perikanan Laut, Muara Baru-Jakarta

²⁾Peneliti pada Pusat Penelitian Dan Pengembangan Perikanan Budidaya, Jakarta

Teregistrasi I tanggal: 19 Agustus 2013; Diterima setelah perbaikan tanggal: 06 Maret 2014;

Disetujui terbit tanggal: 07 Maret 2014

ABSTRAK

Kajian tentang keragaman genetika ikan malalugis biru (*Decapterus macarellus*) telah dilaksanakan di sekitar Sulawesi untuk memperoleh struktur genetika populasi di area penelitian. Kajian didasarkan pada analisis RFLP terhadap genom DNA mitokondria yang diekstrak dari jaringan tubuh ikan (daging, sirip). Ikan contoh dikumpulkan dari beberapa populasi contoh yang tertangkap perikanan skala kecil di beberapa lokasi di sekitar Sulawesi. Hasil menunjukkan bahwa keragaman genetika yang diperoleh termasuk rendah, yaitu antara 0 – 0,3698. Terdapat dua kelompok besar pada struktur populasi ikan malalugis biru di perairan sekitar Pulau Sulawesi, yaitu: kelompok pertama diwakili oleh populasi Selat Makassar, Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo, Laut Maluku dan Teluk dan kelompok kedua diwakili oleh populasi Laut Sulawesi. Populasi Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo dan Laut Maluku mempunyai kekerabatan yang sangat dekat, sehingga diduga berasal dari stok yang sama. Pada populasi Teluk Tomini diduga terdapat populasi yang bersifat lokal, karena ada sedikit perbedaan dengan populasi yang berdekatan (Laut Maluku dan Laut Banda).

Kata Kunci : Struktur genetik populasi, ikan malalugis biru, *Decapterus macarellus*, RFLP.

ABSTRACT

Studies on genetic diversity of mackerel scad (Decapterus macarellus) has been undertaken around Sulawesi to obtain population genetic structure of the study area. The study was based on RFLP analysis of mitochondrial genome DNA extracted from fish tissue (meat, fins). Fish samples collected from several populations of small-scale fisheries captured in several locations around Sulawesi. The results showed that the genetic diversity obtained by including low, ie between 0 to 0.3698. Provided two major groups in the population structure Malalugis fish in the waters around Sulawesi Island, namely: the first group is represented by a population of Makassar Strait, Bone Bay, Flores Sea, Banda Sea, Tolo Bay, Molucca Sea and Tomini Bay and the second group is represented by the Celebes Sea population. The population of the Bone Bay, Flores Sea, Banda Sea, Tolo Bay and Molucca Sea has a very close kinship, so that probably originated from the same stock. In the population there Tomini Bay locals, because there is little difference with adjacent populations (Maluku Sea and Banda Sea).

Keywords: Genetic structure of populations, mackerel scad, *Decapterus macarellus*, RFLP.

PENDAHULUAN

Spesies ikan malalugis biru (*Decapterus macarellus*) merupakan salah satu jenis ikan pelagis kecil yang tersebar luas dengan habitat utama di perairan laut dalam (oseanik), membentuk gerombolan (*schooling*) yang besar di lapisan permukaan. Daerah penyebarannya meliputi perairan Samudera Hindia (lepas pantai barat Sumatra Utara, perairan Mentawai dan selatan Jawa) (Hariati, 2005), juga di perairan Indonesia bagian timur (Suwarso, et al., 2000). Ikan

malalugis biru juga mempunyai nilai ekonomis tinggi sehingga eksploitasi terhadap ikan malalugis biru telah berlangsung sejak lama, baik oleh perikanan industri maupun perikanan skala kecil, serta indikasi penangkapan secara ilegal oleh nelayan dari negara lain (Philipina) (Suwarso et al., 2000). Peningkatan eksploitasi berakibat di beberapa wilayah terlihat tendensi penurunan hasil tangkapan dan ukuran ikan. Menurut Wilson & Clarke (1996) menyebabkan terjadi penurunan kelimpahan stok; seleksi genetika yang merugikan terhadap fekunditas yang potensial;

Korespondensi penulis:

Balai Penelitian Perikanan Laut; e-mail: ironzammiden@gmail.com.

Jl. Muara Baru Ujung Kompleks Pelabuhan Perikanan Nizam Zachman, Jakarta Utara

mengurangi rata-rata ukuran memijah; mengubah rasio jenis kelamin dan keseimbangan interspesifik serta hilangnya diversitas genetika.

Perairan di sekitar Pulau Sulawesi termasuk dalam kawasan Segitiga Karang/*Coral Triangle* yang mempunyai biodiversitas spesies laut yang sangat tinggi (Allen, 2000). Kawasan Segitiga Karang juga merupakan *nursery ground* dan rute migrasi bagi ikan dan mamalia laut. Perairan di sekitar Pulau Sulawesi juga dilalui oleh Arus Lintas Indonesia (Arlindo). Ditinjau dari sejarah geologinya, pulau Sulawesi diduga di masa lampau, pulau ini tidak pernah bersatu dengan daratan manapun (Hall, 2001). Berbeda halnya dengan Sumatra, Jawa, Bali, dan Kalimantan yang pernah bersatu dengan daratan Asia (*Sundaland*), serta Papua yang pernah bersatu dengan daratan Australia (*Sahuland*) sebelum kala Pleistosen (*Pleistocene*) berakhir (Shekelle & Leksono, 2004).

Analisis struktur populasi untuk spesies laut dapat dilakukan dengan beberapa metode seperti: morfometrik, rata-rata pertumbuhan, komposisi umur, analisis fenotip dan genetika. Setiap metode mempunyai kelebihan dan kekurangan, namun secara umum analisis terhadap gen memiliki tingkat akurasi yang tinggi. Menurut Utter *et al.* (1987) marka genetika telah disepakati merupakan alat yang "berharga" untuk mempelajari struktur populasi, terutama pada ikan laut serta dapat dikombinasikan dengan data fenotip dan ekologi (Nesbo *et al.*, 2000). Penelitian sebelumnya mengenai struktur populasi ikan layang deles (*Decapterus macrosoma*) dengan metode RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) mtDNA menunjukkan bahwa populasi dari Laut Banda berbeda dengan populasi dari Laut Flores, Selat Makassar, Laut Jawa dan Selat Malaka (Suwarso *et al.*, 2009). Struktur populasi ikan layang biasa (*Decapterus russelli*) berbeda dengan *D. macrosoma*, pada *D. russelli* menunjukkan bahwa populasi dari Laut Jawa dan Laut Flores berbeda dengan populasi Selat Malaka, Selat Makassar, Selat Sunda dan perairan barat Fak-fak (Suwarso *et al.*, 2009).

Informasi mengenai struktur populasi ikan malalugis biru berbasis genetika di perairan sekitar pulau Sulawesi belum tersedia. Struktur genetika populasi sebagai unit biologi sangat penting dipahami untuk menentukan keputusan manajemen perikanan yang tepat. Struktur genetika populasi dipelajari berdasarkan karakter polimorfisme yang terdapat dalam genom DNA mitochondria (mtDNA) melalui pemotongan (restriksi) sekuen teramplifikasi dengan menggunakan enzim restriksi. Penelitian ini bertujuan untuk mengkaji variasi genetika populasi ikan

malalugis biru (*D. macarellus*) di perairan sekitar pulau Sulawesi yang selanjutnya data tersebut dapat digunakan sebagai landasan yang kuat dalam pengelolaan stok sumber daya ikan.

BAHAN DAN METODE

Lokasi dan Waktu Penelitian

Lokasi pengambilan sampel di delapan perairan sekitar Pulau Sulawesi, yaitu: Laut Sulawesi, Selat Makassar, Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo, Laut Maluku dan Teluk Tomini (Gambar 1). Waktu penelitian dilaksanakan selama bulan Maret 2010 – September 2011. Analisis sampel dilaksanakan di laboratorium Genetika, Balai Penelitian Perikanan Laut, Muara Baru, Jakarta.

PENGAMBILAN SAMPEL

Sampel yang diambil berupa jaringan ikan (sirip dan daging) dari hasil tangkapan nelayan *mini purse seine* (1 hari operasi) yang melakukan penangkapan dekat lokasi pendaratan. Sampel diambil secara acak pada setiap lokasi dengan perincian sebagai berikut: Laut Sulawesi 8 ekor, Selat Makassar 13 ekor, Teluk Bone 10 ekor, Laut Flores 10 ekor, Laut Banda 9 ekor, Teluk Tolo 8 ekor, Laut Maluku 8 ekor dan Teluk Tomini 8 ekor. Pada setiap ikan contoh diambil jaringan (daging dan sirip dada); daging diambil dari bagian punggung. Spesimen (sampel jaringan ikan) disimpan dalam tabung mikro (*micro tube*) berukuran 1.500 µl dan diawet dengan ethanol 70% kemudian dibawa ke laboratorium untuk dianalisis lebih lanjut.

Analisis Sampel

Analisis yang digunakan adalah metode RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) dengan menggunakan 6 jenis enzim restriksi (*restriction endonuclease*). Restriksi dilakukan terhadap sekuen teramplifikasi dari control region DNA mitochondria (mtDNA) D-loop. Analisis dilaksanakan melalui tahapan sebagai berikut :

- Ekstraksi dan purifikasi
- Amplifikasi (PCR)
- Digesti (restriksi)
- Elektroforesis
- Visualisasi

Untuk proses ekstraksi dan purifikasi menggunakan metode *mini column* dari PureLink™ Genomic DNA Kits, Invitrogen™. Primer yang digunakan dalam amplifikasi adalah: primer forward HN20, primer reverse LN20; sedangkan enzim restriksi yang dipakai 6 jenis, yaitu Mbo I, Alu I, Hind



Keterangan/Remarks:

- 1) Laut Sulawesi; 2) Selat Makassar; 3) Teluk Bone; 4) Laut Flores;
- 5) Laut Banda; 6) Teluk Tolo; 7) Laut Maluku dan 8) Teluk Tomini

Gambar 1. Peta menunjukkan lokasi penelitian dan lokasi sampling.
Figure 1. Map showing location of research and sampling.

III, Taq I, Rsa I dan Xba I. Siklus PCR disetting seperti berikut: satu siklus denaturasi pada suhu 94°C selama 2 menit, 35 siklus penggandaan yang terdiri dari 94°C selama 1 menit, 48°C selama 1 menit dan 72°C selama 1 menit; selanjutnya satu siklus terakhir pada suhu 72°C selama 5 menit.

Interpretasi dan Analisis Data

Dari hasil visualisasi akan diperoleh pola-pola restriksi DNA dari setiap enzim restriksi pada tiap sample. Dari pola-pola tersebut dapat diduga ukuran fragmen dari marker mtDNA D-loop yang teramplifikasi, dan tipe-tipe haplotypenya. Selanjutnya ditentukan composite haplotype beserta frekuensinya masing-masing pada setiap populasi contoh sebagai dasar untuk menghitung parameter genetik (diversitas haplotype 'h'; jarak genetik 'D'). Kekerabatan antar populasi diduga berdasarkan Nei's Jarak Genetik. Analisis uji untuk mengetahui perbedaan genetik diantara populasi contoh dilakukan dengan *analisis moleculer varian* (AMOVA) dan uji jarak berpasangan (F-st). Diversitas *haplotype* atau Diversitas gene dihitung berdasarkan Nei & Tajima (1981) untuk mengamati tingkat variasi genetik yang ada. Analisis dibantu dengan *software* TFGA (*Tools For Population Genetic Analyses*) (Miller, 1997).

HASIL DAN BAHASAN

HASIL

Keragaman Haplotype Ikan *Malalugis Biru*

Panjang sekuens mtDNA ikan *malalugis biru* (*D. macarellus*) yang diperoleh dari hasil amplifikasi (PCR) dengan menggunakan pasangan primer HN20 dan LN20 adalah sekitar 1.000 bp (*base pairs*). Panjang sekuens ini sama dengan panjang sekuens yang diperoleh pada penelitian ikan *malalugis biru* yang dilakukan oleh Arnaud *et al.* (1999) pada perairan Laut Maluku dan Laut Banda dengan menggunakan pasangan primer yang sama. Penelitian yang dilakukan Suwarso *et al.* (2009) terhadap spesies *D. russelli* dan *D. macrosoma* dengan menggunakan pasangan primer HN20 dan LN20 juga menghasilkan panjang sekuens sekitar 1.000 bp. Hal ini mengindikasikan bahwa pasangan primer yang digunakan merupakan primer spesifik untuk ikan genus *Decapterus*.

Dari enam enzim restriksi (Alu I, Hind III, Mbo I, Rsa I, Taq I dan Xba I) yang digunakan untuk memotong sekuens mtDNA ikan *malalugis biru*, semuanya dapat memberikan situs pemotongan. Tipe-tipe haplotype yang diperoleh dari hasil restriksi dapat teridentifikasi 6 jenis alel atau *composite haplotype*, yaitu AAAAAA, AAAABA, AAAAAB, BAABAC, BABCAC dan BAABCC (Tabel 1.).

Jumlah tipe komposit haplotipe terendah terdapat pada populasi Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo dan Laut Maluku (satu tipe), sedangkan jumlah tipe komposit haplotipe tertinggi terdapat pada populasi Laut Sulawesi (4 tipe). Berdasarkan komposisi haplotipe dari ikan malalugis biru dapat diketahui bahwa tipe komposit haplotipe AAAAAA terdapat pada semua populasi. Seperti telah diketahui bahwa eksploitasi perikanan pelagis kecil terutama untuk spesies ikan malalugis biru di perairan sekitar Sulawesi telah berlangsung lebih dari 40 tahun, dan tiap tahun nilai eksploitasi cenderung mengalami peningkatan. Hal ini mengindikasikan bahwa ikan malalugis biru yang mempunyai tipe komposit haplotipe AAAAAA bersifat lebih adaptif dengan lingkungan di perairan sekitar Pulau Sulawesi dan lebih tahan terhadap tekanan baik dari lingkungan maupun eksploitasi perikanan.

Nilai keragaman haplotipe (*haplotype diversity*) ikan malalugis biru yang diperoleh berkisar antara 0 – 0,3698, dengan nilai terendah (0) pada populasi Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo dan Laut Maluku (Tabel 1). Tingkat keragaman haplotipe ikan malalugis biru ini lebih rendah jika dibandingkan dengan jumlah ikan laut pada umumnya yang berjumlah antara 6 – 17 dengan nilai keragaman 0,600 – 0,900 (Nugroho *et al.*, 2001). Menurut Avise *et al.* (1989) dalam Tabata *et al.* (1997) menyebutkan bahwa keragaman haplotipe keseluruhan mtDNA untuk beberapa ikan berada dalam kisaran 0,473 – 0,998. Rendahnya nilai keragaman haplotipe pada ikan malalugis biru menunjukkan keragaman genetika yang rendah pula. Keragaman genetika yang rendah

mengindikasikan bahwa sumberdaya dari ikan malalugis biru terjadi perubahan struktur genetika menjadi lebih seragam. Diduga ada beberapa faktor yang menyebabkan terjadinya perubahan ini. Faktor pertama adalah bahwa ikan malalugis biru merupakan ikan layang yang bersifat oseanik dan peruaya sehingga mempunyai jalur migrasi yang cukup luas. Hal ini dapat menyebabkan terjadinya silang dan percampuran genetika antar populasi, sehingga seiring berjalannya waktu, variasi/keberagaman ikan malalugis biru menjadi berkurang.

Faktor yang kedua adalah adanya tekanan penangkapan/eksploitasi yang intensif terhadap spesies ikan malalugis biru. Eksploitasi secara intensif telah berjalan selama hampir 40 tahun di berbagai perairan. Upaya penangkapan yang berlebihan dapat menyebabkan penyempitan habitat yang berdampak pada semakin rendahnya 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. Terutama pada unit-unit populasi yang mempunyai keragaman genetika sangat rendah ($h=0$) seperti pada populasi Laut Flores, Laut Banda dan Laut Sulawesi, unit-unit populasi tersebut sangat rentan terhadap perubahan-perubahan (penangkapan, alam).

Tabel 1. Keragaman genetik (diversitas haplotype, h) sekuen mtDNA D-loop dari tujuh populasi ikan malalugis biru (*D. macarellus*) hasil restriksi oleh enzim restriksi Alu I, Hind III, Mbo I (Nde II), Rsa I, Taq I dan Xba I.

Table 1. Genetic diversity (*haplotype diversity*, h) of mtDNA D-loop sequence from seven malalugis fish populations (*D. macarellus*) results of restriction by restriction enzyme Alu I, Hind III, Mbo I (Nde II), Rsa I, Taq I and XBA I.

No	Tipe Komposit Haplotype	Frekuensi haplotype (%)							
		Laut Sulawesi	Selat Makassar	Teluk Bone	Laut Flores	Laut Banda	Teluk Tolo	Laut Maluku	Teluk Tomini
1	AAAAAA	0,5	0,7	1	1	1	1	1	0,875
2	AAAABA		0,3						
3	AAAAAB								0,125
4	BAABAC	0,125							
5	BABCAC	0,25							
6	BAABCC	0,125							
N-allele		4	2	1	1	1	1	1	2
Haplotype Diversity		0,3698	0,0700	0	0	0	0	0	0,0365

Menurut Zein (2007) menyatakan bahwa, eksploitasi dapat menyebabkan peningkatan laju *genetic drift*, selain itu, populasi yang kecil cenderung akan terjadi kawin silang dalam (*inbreeding*), sehingga hal tersebut dapat berdampak buruk terhadap kelangsungan hidup dari populasi yang ada. Indikasinya adalah turunnya keragaman genetik dalam populasi, yaitu turunnya keragaman haplotipe dan keragaman nukleotida (Zein, 2007). Adanya penurunan variabilitas genetik ini dapat membahayakan kelangsungan hidup populasi karena dapat mengurangi kemampuan individual dalam menghadapi tekanan seleksi alamiah, terutama akibat perubahan lingkungan (Hedrick, 2000).

Nilai tertinggi keragaman haplotipe ikan malalugis biru pada penelitian ini terdapat pada populasi Laut Sulawesi, yaitu sebesar 0,3698 (Tabel 1). Tingginya nilai keragaman haplotipe diduga disebabkan oleh adanya pengaruh dari populasi yang berasal dari Samudera Pasifik, atau bisa juga karena spesies ikan malalugis biru di Laut Sulawesi mempunyai sifat dapat beradaptasi secara *plasticity* (kelenturan). Pengaruh dari populasi yang berasal dari Samudera Pasifik diduga disebabkan oleh adanya arus yang mengalir dari Samudera Pasifik menuju Laut Sulawesi melalui percabangan Selatan Mindanao ke arah Barat daya. Arus tersebut dibelokkan ke selatan kemudian ketika sampai di bagian tengah laut dibelokkan ke timur dan

kembali mengalir ke timur di sepanjang Pantai Utara Sulawesi. Walaupun pengaruh arus terhadap ikan dewasa masih diperdebatkan, akan tetapi arus tersebut berpengaruh terhadap larva ikan. Suatu spesies yang mampu beradaptasi secara *plasticity* akan menghasilkan variasi baik fenotip maupun genotip sebagai respon terhadap kondisi lingkungan tertentu sehingga dapat meningkatkan kemampuan individu untuk tetap bertahan hidup dan berkembang biak (Sultan, 1987; Taylor & Aarsen, 1989).

Analisis Berpasangan *Fst*

Analisis statistika dengan menggunakan AMOVA (*Analysis of Molecular Variances*) dalam perangkat lunak TFPGA, analisis berpasangan *Fst* menunjukkan bahwa terdapat perbedaan genetik yang cukup signifikan antara populasi Laut Sulawesi dengan ketujuh populasi lainnya (Tabel 2). Perbedaan ini menunjukkan bahwa struktur populasi ikan malalugis biru dari Laut Sulawesi berasal dari sub-spesies yang berbeda, sehingga memperkuat dugaan bahwa populasi ikan malalugis biru Laut Sulawesi berasal dari populasi Samudera Pasifik, sedangkan ketujuh populasi lainnya diduga mempunyai kecenderungan berasal dari populasi Samudera Hindia. Williams *et al.* (2002) menyatakan bahwa secara umum terdapat perbedaan genetik antara spesies Samudera Pasifik dengan Samudera Hindia.

Tabel 2. Hasil analisis antar populasi ikan malalugis biru berdasarkan metode jarak berpasangan (*Fst*).
 Table 2. The results of the analysis between populations of malalugis fish based on pairwise distance method (*Fst*).

Populasi	Laut Sulawesi	Selat Makassar	Teluk Bone	Laut Flores	Laut Banda	Teluk Tolo	Laut Maluku	Teluk Tomini
Laut Sulawesi	-							
Selat Makassar	0,0000 ^s	-						
Teluk Bone	0,0000 ^s	0,6619 ^{ns}	-					
Laut Flores	0,0000 ^s	0,6238 ^{ns}	1,0000 ^{ns}	-				
Laut Banda	0,0000 ^s	0,6222 ^{ns}	1,0000 ^{ns}	1,0000 ^{ns}	-			
Teluk Tolo	0,0000 ^s	0,7063 ^{ns}	1,0000 ^{ns}	1,0000 ^{ns}	1,0000 ^{ns}	-		
Laut Maluku	0,0000 ^s	0,6508 ^{ns}	1,0000 ^{ns}	1,0000 ^{ns}	1,0000 ^{ns}	1,0000 ^{ns}	-	
Teluk Tomini	0,0000 ^s	0,3808 ^{ns}	0,9717 ^{ns}	0,9716 ^{ns}	0,9796 ^{ns}	0,9991 ^{ns}	0,9991 ^{ns}	-

Keterangan:

^{ns}) tidak beda nyata (P > 0,05)

^s) beda nyata (P < 0,05)

Jarak Genetika

Jarak genetika dihitung dengan menggunakan metode dari Nei dan Tajima (1981) berdasarkan situs pemotongan dari enam enzim restriksi. Semakin kecil nilai jarak genetika yang diperoleh, maka semakin dekat pula hubungan kekerabatan antara kedua populasi tersebut, demikian pula sebaliknya. Pada tabel 3 dapat diketahui bahwa jarak genetika terdekat adalah antara Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo dengan Laut Maluku (0,0000). Hal ini mengindikasikan bahwa kelima populasi tersebut berasal dari asal atau stok populasi yang sama, disamping itu secara geografis ketiga populasi tersebut saling berhubungan, sehingga memungkinkan terjadinya *gene flow* (aliran gen). Arnaud *et al.* (1999) menyebutkan bahwa pada

populasi Laut Banda dengan Laut Maluku terjadi *gene flow* terhadap spesies ikan malalugis biru.

Populasi Teluk Tomini, Selat Makassar dan Laut Sulawesi mempunyai nilai jarak genetika dengan populasi lainnya. Akan tetapi populasi Teluk Tomini dan Selat Makassar jarak genetiknya sangat dekat dengan populasi Laut Maluku, Teluk Tolo, Laut Banda, Laut Flores dan Teluk Bone hal ini menunjukkan bahwa populasi dari Teluk Tomini dan Selat Makassar mempunyai kekerabatan yang dekat dengan kelima populasi tersebut. Jarak terjauh diketahui berasal dari populasi Laut Sulawesi dengan ketujuh populasi lainnya (0,1405 – 0,1733), sehingga hal ini semakin memperkuat indikasi bahwa populasi Laut Sulawesi berbeda dengan tujuh populasi yang lain.

Tabel 3. Jarak genetika Nei antar populasi ikan malalugis biru
 Table 3. *Nei's genetic distances between populations of malalugis fish*

Populasi	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	-

Struktur Genetika Populasi dan Hubungan Kekerabatan (Filogenetik)

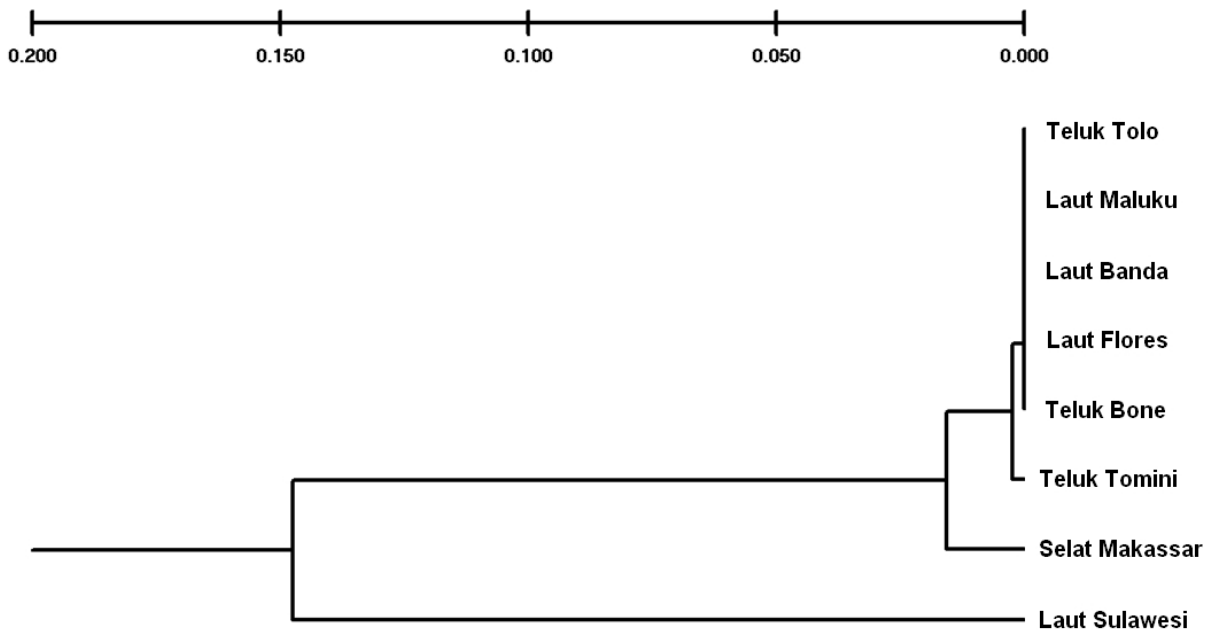
Berdasarkan dendrogram hubungan kekerabatan dari kedelapan populasi ikan malalugis biru dapat dipisahkan menjadi dua group populasi yang berasal dari dua garis keturunan mtDNA, yaitu **group pertama** (*clade 1*) terdiri dari populasi Selat Makassar, Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo, Laut Maluku dan Teluk Tomini; sedangkan **group ke-dua** (*clade 2*) terdiri dari populasi Laut Sulawesi (Gambar 2.). Diduga populasi group pertama berasal atau terpengaruh dari populasi Samudera Hindia, sedangkan populasi group kedua berasal atau terpengaruh dari populasi Samudera Pasifik. Gordon dan Fine (1996) menyebutkan bahwa sampai saat ini terjadi pertukaran gen antara

organisme tropis di Samudera Hindia dengan Samudera Pasifik. Dalam populasi group pertama terbagi menjadi dua sub populasi, yaitu sub populasi Selat Makassar dengan sub populasi Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo, Laut Maluku dan Teluk Tomini. Sub populasi dari Selat Makassar secara statistik (analisis berpasangan) dan jarak genetika termasuk dalam populasi group pertama, akan tetapi ada sedikit perbedaan pada sub populasi Selat Makassar tersebut. Perbedaan tersebut diduga karena masuknya ikan dari populasi group ke-dua (Laut Sulawesi) ke Selat Makassar melalui perantaraan arus permukaan laut yang bergerak dari Laut Sulawesi ke Selat Makassar sepanjang tahun. Hal tersebut menyebabkan dua kemungkinan, yang pertama adalah ikan dari populasi Laut Sulawesi bercampur dengan ikan berhaplotipe AAAAAA di Selat Makassar,

sehingga memunculkan haplotipe baru. Kemungkinan yang kedua adalah ikan dari populasi Laut Sulawesi masuk ke Selat Makassar dan mengalami adaptasi *plasticity*, sehingga memunculkan haplotipe baru. Gaylord dan Gaines (2000) menjelaskan bahwa arus laut dapat mempengaruhi distribusi populasi, perubahan atau perbedaan karakteristik air yang dapat mempengaruhi fisiologi organisme untuk selanjutnya mempengaruhi struktur genetiknya.

Populasi Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo, Laut Maluku dan Teluk Tomini berasal dari satu unit stok (mempunyai stok yang sama). Hal ini terjadi karena kelima populasi tersebut diduga merupakan jalur migrasi dari ikan malalugis biru. 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. Adanya sedikit perbedaan tersebut diduga di perairan Teluk Tomini terdapat populasi ikan malalugis biru yang bersifat lokal. Populasi di perairan Teluk Tomini yang bersifat lokal tersebut disebabkan 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. Kekerabatan 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 biru di Teluk Tomini.



Gambar 2. Dendrogram hubungan kekerabatan (filogeni) dari 8 populasi ikan malalugis biru.

Figure 2. Dendrogram kinship relationships (phylogeny) of 8 malalugis fish populations.

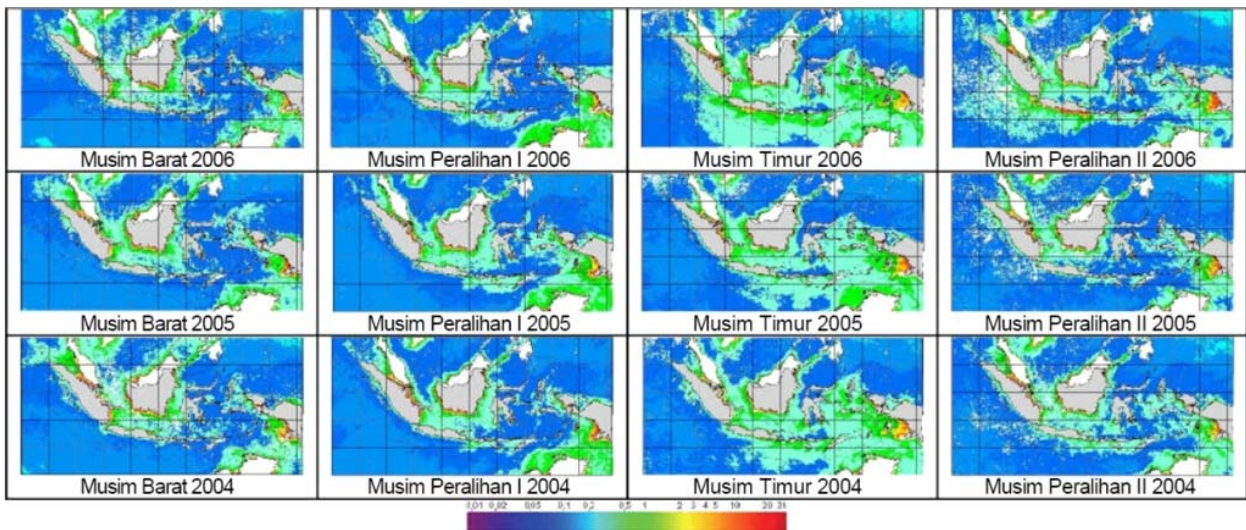
Ikan malalugis biru yang berhaplotipe AAAAAA mempunyai penyebaran yang luas karena terdapat di semua perairan lokasi penelitian. Penyebaran yang luas ini menunjukkan bahwa ikan malalugis biru dapat bermigrasi secara luas pula. Proses migrasi ini dipengaruhi oleh dua faktor yaitu internal dan eksternal. Faktor internal adalah keseimbangan metabolik, yaitu migrasi untuk mencari makan. Penyebaran ikan malalugis biru berhaplotipe AAAAAA dari perairan timur Sulawesi menuju Selat Makassar sampai Laut Sulawesi diduga karena mencari makan. Proses migrasi ini terjadi sekitar musim barat dan peralihan I, dimana menurut hasil penelitian Realino et al. (2006) mengenai pola kesuburan permukaan

air laut Indonesia tahun 2002 – 2006 berdasarkan musim diketahui bahwa pada musim barat dan peralihan I perairan Selat Makassar cenderung lebih subur dari pada perairan timur Sulawesi (Laut Maluku, Laut Banda dan Laut Flores) (Gambar 3). Faktor eksternal adalah arus laut, terutama arus permukaan laut, karena arus laut mempunyai peranan penting dalam penyebaran larva-larva ikan (Fahmi, 2010). Seperti pada keterangan sebelumnya, masuknya populasi ikan Laut Sulawesi ke Selat Makassar diduga karena arus. Sub populasi Teluk Tomini juga didominasi ikan malalugis biru 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 4).

Berdasarkan hasil analisis DNA dan analisis data dapat diperoleh struktur populasi ikan malalugis biru di perairan sekitar Pulau Sulawesi seperti pada Gambar 5. Pada gambar tersebut juga ditampilkan hasil dari penelitian Arnaud *et al.* (1999). Warna yang sama pada gambar tersebut menunjukkan hubungan kekerabatan antar populasi ikan. Hasil penelitian

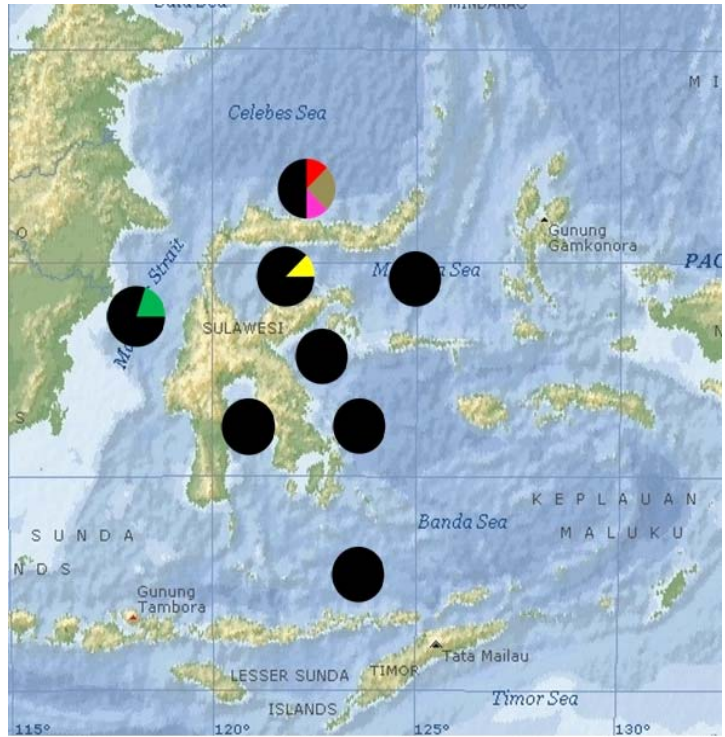
yang dilakukan oleh Arnaud *et al.* (1999) pada spesies dan metode yang sama menunjukkan bahwa tidak ada perbedaan yang signifikan antara populasi *D. macarellus* di Laut Maluku dengan Laut Banda. Tidak adanya perbedaan tersebut terjadi karena adanya aliran gen yang terjadi pada Laut Maluku dan Laut Banda. Aliran gen tersebut diduga karena adanya arus yang disebut *South Pacific Thermocline* mengalir dari Laut Maluku ke Laut Banda. Di Laut Banda arus tersebut bertemu dengan arus North Pacific Thermocline yang bergerak dari Selat Makassar menuju Laut Banda melalui Laut Flores (Gambar 6).



Gambar 3. Kesuburan perairan laut rata-rata musiman tahun 2004 – 2006 (Realino *et al.*, 2006).
 Figure 3. Average of sea productivity 2004 - 2006 (Realino *et al.*, 2006).



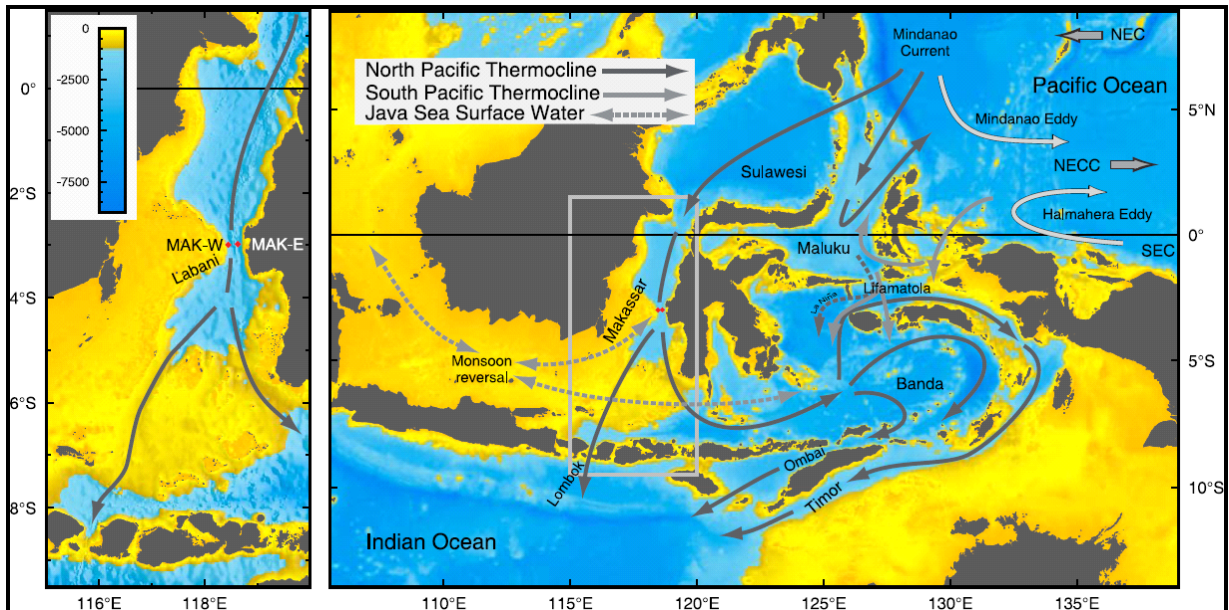
Gambar 4. Pola arus permukaan laut di Teluk Tomini pada saat musim timur (Burhanuddin *et al.*, 2004).
 Figure 4. Sea surface currents pattern in east monsoon Tomini bay (Burhanuddi *et al.*, 2004).



Keterangan:

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

Gambar 5. Struktur genetika populasi ikan malalugis biru di perairan sekitar Pulau Sulawesi.
 Figure 5. Genetic structure of malalugis fish populations in waters around the island of Sulawesi.



Gambar 6. Pola arus diperairan sekitar Sulawesi dan Maluku (Green *et al.*, 2004).
 Figure 6. Current patterns in waters around Sulawesi and Maluku (Green *et al.*, 2004).

KESIMPULAN

Terdapat dua kelompok utama pada struktur genetika populasi ikan malalugis biru di perairan sekitar Pulau Sulawesi, yaitu: kelompok pertama diwakili oleh populasi Selat Makassar, Teluk Bone, Laut Flores, Laut Banda, Teluk Tolo, Laut Maluku dan Teluk Tomini, dan kelompok kedua diwakili oleh populasi Laut Sulawesi. Terdapat perbedaan genetika yang cukup signifikan antara populasi Laut Sulawesi dengan ketujuh populasi lainnya. Keragaman haplotipe (genetika) ikan malalugis biru di perairan sekitar Pulau Sulawesi termasuk rendah yaitu antara 0 – 0,3698

SARAN

1. Teluk Tomini diduga merupakan perairan yang endemik, sehingga diperlukan penelitian lanjutan mengenai konservasi di perairan Teluk Tomini.
2. Ikan malalugis biru berhaplotipe AAAAAA tersebar luas, sehingga diperlukan penelitian lanjutan mengenai kelimpahan ikan tersebut dan sejauh mana penyebarannya.

PERSANTUNAN

Kegiatan dari hasil penelitian Potensi, Distribusi, Kelimpahan dan Biologi Ikan Pelagis Kecil di WPP 713 dan WPP 714, T.A. 2011 di Balai Penelitian Perikanan Laut, Jakarta.

DAFTAR PUSTAKA

Allen, G.R. 2000. Indo-Pacific coral-reef fishes as indicators of conservation hotspots. *Proceedings 9th International Coral Reef Symposium*; Bali, Indonesia 23 – 27 October 2000. Vol. 2.

Arnaud, S., F. Bonhomme & P. Borsa. 1999. Mitochondrial DNA analysis of the genetic relationships among population of scad mackerel (*Decapterus macarellus*, *D. macrosoma*, & *D. russelli*) in South-East Asia. *Marine Biology* 135: 699 – 707.

Avise, J.C., B.W. Bowen & T. Lamb. 1989. DNA fingerprints from hypervariable mitochondrial genotypes. *Molecular Biology Evolution* 6:258-269.

[BRPL DKP] 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, A. Supangat, B. Sulistiyo, T. Rameyo, C.R. Kepel. 2004. *Profil sumberdaya kelautan dan perikanan Teluk Tomini*. Jakarta. BRKP-DKP.

Fahmi, M.R. 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., & S.D. Gaines. 2000. Temperature or transport? Range limits in marine species mediated solely by flow. *American Naturalist* 155: 769 - 789.

Gordon, A.L & R.A. Fine. 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). Lisse: Swets and Zeitlinger Publishers. pp:35-56.

Hariati, T. 2005. Ikan malalugis biru (*Decapterus macarellus*), salah satu spesies ikan pelagis kecil di laut dalam Indonesia. *Warta Penelitian Perikanan. Edisi Sumberdaya dan Penangkapan*. 11 (5): 15 – 18.

Hedrick, P.W. 2000. *Genetics of populations*. 2nd ed. Jones and Bartlett Publishers. Sudbury.

Miller, M.P. 1997. *Tools for Population Genetic Analysis (TFPGA)*. Version 1.3. Department of Biological Sciences, Northern Arizona University, Flagstaff.

Nei, M., & F. Tajima. 1981. *DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases*. *Genetics*. 97: 145 – 163.

Nesbo, C.L., E.K. Rueness, S.A., Iversen, D.W. Skagen & K.S. Jakobsen. 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., D.J. Ferrel., P. Smith, & N. Taniguchi. 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, TA Wibawa, DA Zahrudin, & AM Napitu. 2006. *Pola Spasial dan Temporal Kesuburan Perairan Permukaan Laut di Indonesia*. Balai Riset dan Observasi Kelautan. Departemen Kelautan dan Perikanan. Jembrana. Bali.
- Shekelle M, & SM Leksono. 2004. Strategi Konservasi di Pulau Sulawesi dengan Menggunakan *Tarsius* sebagai Flagship Spesies. *Biota*. IX (1): 1-10.
- Sultan, S.E. 1987. Evolutionary implication of phenotypic plasticity in plants. *Evol. Bio*. 20: 127-178.
- Suwarso, Dharmadi & J. Widodo. 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*. 10: 552 – 557.
- Suwarso, T. Hariati, A. Zamroni & M. Fauzi. 2009. Studi Hubungan Filogenetik Ikan Layang (*Decapterus* spp., Fam. Carangidae) di Indonesia. Balai Riset Perikanan Laut. Jakarta.
- Tabata, K.H., M. Kishioka, A. Takagi, N. Mizuta & 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, D.R & L.W. Aarssen. 1989. *An Interpretation of Phenotypic Plasticity in Agropyron repens (Gramminae)*. Amer. J. Bot. 75 (3): 401-413.
- Utter, F., P. Aebersold & G. Winas. 1987. Interpreting genetic variation detected by electrophoresis. In: N.R.F. Utter (ed.) *Population genetics and Fishery management*, University of Washinton press, Seattle.
- Williams, S.T., J. Jara, E. Gomez & N. Knowlton. 2002. The Marine Indo-West Pacific Break: Contrasting the Resolving Power of Mitochondrial and Nuclear Genes. *Integr. Comp. Biol.* 42: 941 – 952.
- Wilson, D.S & A.B. Clarke. 1996. The shy and the bold. *Natural History* 9/96: 26–28.
- Zein, M.S.A. 2007. Keragaman Daerah Kontrol DNA Mitokondria Rusa Timor (*Cervus timorensis timorensis*) di Pulau Timor, Alor dan Pantar. *Biota* 12(3): 138-144.