

# Catatan Pertama Distribusi *Tridacna noae* (Röding, 1798) dari Perairan Kepulauan Kei, Maluku

Teddy Triandiza\*, Udhi Eko Hernawan, Agus Kusnadi

Pusat Riset Oseanografi, Badan Riset dan Inovasi Nasional  
Jl. Pasir Putih I, Ancol Timur Jakarta Utara 14430 Indonesia  
Email: teddy.triandiza27@gmail.com

## Abstract

### The First Note on Distribution of *Tridacna noae* (Röding, 1798) from Kei Island, Maluku

The giant clams are the biggest living bivalves that not only play a vital role in coral reef ecosystem, but also as a food provider for coastal inhabitant. One of these species was *Tridacna noae* which is a cryptic species due to morphological characteristic similarity and habitat preferences with *Tridacna maxima*. *Tridacna noae* was recorded at the first time found in Kei Islands on November and December 2017 based on morphological characteristic and DNA barcoding analysis. This research found 8 individu of *T. Noae* in total, 7 individu was found in Kur Island and one individu from Ohoidertom at 2-3 m depth. The mantle pattern of *T. noae* was very unique and can be used to distinguished from *T. maxima*. Special feature of ormanent mantle of *T. noae* indicated with oval-shape patch with white line on the edge, has hyaline organ scattered along the margin of mantle and the presence of papillae that clearly seen. The result on Blasting from GenBank NCBI for COI sequence of giant clam sample revealed that 99.79%-100% was identical with *T. noae* species. Furthermore, result on genetic distance analysis of *T. noae* sample from Kei Island compare with *T.noae* from GenBank was 0.00-0.051, while genetic distance value compare with *T. maxima* was 0.159 – 0.205. The new finding of *T. noae* in Kei Island has added the number of giant clam species recorded previously become 7 species. This finding was also has enhanced the information on biogeographical distribution of *T.noae* in Indonesia.

**Keywords:** Cryptic species, mantle, primer, genetic distance, Kei Island

## Abstrak

Kerang kima merupakan kelompok bivalvia berukuran paling besar yang memiliki peranan penting di ekosistem terumbu karang serta menjadi sumber nutrisi bagi masyarakat peisir. Salah satu species kima adalah *Tridacna noae* yang bersifat cryptic spesies karena memiliki banyak kesamaan karakteristik morfologi dan preferensi habitat dengan *T. Maxima*. *T. noae* tercatat pertama kali ditemukan di Perairan Kepulauan Kei pada bulan November dan Desember 2017 berdasarkan pengamatan karekteristik morfologi dan aplikasi DNA barcoding. Hasil penelitian menemukan delapan individu *T. noae*, tujuh individu ditemukan di Perairan Pulau Kur, satu individu ditemukan di Perairan Ohoidertoom dengan kedalaman perairan 2-3 m. Ornamen mantel *T. noae* sangat khas dan dapat digunakan untuk membedakan dari *T. maxima*. Ornamen mantel ditandai dengan patch berbentuk oval terpisah dengan garis putih di tepi, memiliki organ hialin yang tersebar di sepanjang margin mantel, dan kehadiran papila yang terlihat jelas. Hasil blasting di GenBank NCBI untuk sekuens COI sampel kima menghasilkan tingkat kemiripan 99.79%-100% (identik) dengan *T. noae*. Hasil analisis jarak genetik sampel *T. noae* asal Kepulauan Kei dengan *T. noae* Genbank adalah sebesar 0.00 hingga 0.051, sedangkan jarak genetik dengan *T. maxima* adalah 0.159 hingga 0.205. Temuan *T. noae* di Kepulauan Kei menambahkan jenis kima yang tercatat sebelumnya di Kepulauan Kei menjadi 7 jenis. Temuan ini juga menambahkan lebih banyak informasi tentang distribusi geografis *T. noae* di Indonesia

**Kata kunci :** Spesies kriptik, mantel, primer, jarak genetic, Kepulauan Kei

## PENDAHULUAN

Taksonomi dan filogeografi *Tridacna* saat ini banyak mengalami revisi substansial, seiring dengan perkembangan penelitian di bidang biologi molekuler. Identifikasi berdasarkan karakter morfologi memiliki banyak kelemahan karena secara morfologis memiliki kesamaan bentuk dan warna. Selain itu, akibat dari adaptasi terhadap lingkungan, ciri khas penting untuk identifikasi spesies seringkali menghilang (Prehadi *et al.* 2015). Perubahan pada ekosistem terumbu karang mengubah kondisi ekosistem dan berpengaruh terhadap keanekaragaman biota laut di dalamnya salah satunya fenomena *cryptic species*. *Cryptic species* adalah dua atau lebih spesies berbeda yang diklasifikasikan sebagai spesies tunggal karena kemiripan morfologinya. Fenomena *cryptic*

species ini dapat menyebabkan masalah sinonim yaitu terdapat nama ganda pada satu spesies yang sama atau sebaliknya (Bickford *et al.* 2006). *Cryptic species* merupakan fenomena yang umum terjadi pada biota laut. Appeltans *et al.* (2012) menyatakan bahwa sekitar 11-50% dari 80.000 spesies laut (49 taksa) menunjukkan fenomena *cryptic species*, termasuk pada kerang kima (Huelsenken *et al.* 2013; Findra *et al.* 2017, Liu *et al.* 2020).

Salah satu kelompok biota yang bersifat *cryptic* adalah kerang kima, contohnya spesies *Tridacna noae*. *T.noae* pertama kali dideskripsikan oleh Röding tahun 1798 berdasarkan jarak sisik pada cangkang, namun kima *T. noae* diketahui merupakan ekotipe atau varian dari *Tridacna maxima* (Rosewater 1965), dengan nama komersil *Tear Drops T. maxima*. Hasil penelitian Su *et al.* (2014) dan Borsa *et al.* (2015) menemukan bukti terbaru bahwa *T. noae* merupakan spesies yang valid terpisah dari *T. maxima* berdasarkan urutan DNA mitokondria, pola mantel yang khas, dan isolasi reproduksi. Temuan tersebut menunjukkan bahwa permasalahan fenomena *cryptic species* pada biota laut dapat diselesaikan melalui pendekatan komprehensif dengan mengabungkan analisis morfologi dengan analisis genetik. Selain fenomena spesies kriptik tersebut, penelitian sebelumnya juga menunjukkan bahwa distribusi *T. noae* yang awalnya hanya dilaporkan dari Taiwan dan kepulauan Ryukyu (Kubo & Iwai 2007, Su *et al.* 2014). Namun, dengan berkembangnya metode identifikasi melalui pendekatan genetika dan *DNA barcoding* distribusi geografis dari *T. noae* meluas mulai dari Ryukyus (Jepang Selatan), perairan indo pasifik bagian tengah dan timur (Tan *et al.*, 2022) Taiwan, Filipina (Ecube *et al.* 2019), Indonesia, Australia Barat, Kepulauan Pasifik ke sekitar timur Pulau Christmas (Borsa *et al.* 2015; Militz *et al.* 2015; Neo and Low 2017; Neo *et al.* 2017) dan kepulauan Samoa (Marra-Biggs *et al.* 2022).

Sejauh ini, total delapan jenis kima yang ditemukan di perairan Indonesia (Neo *et al.* 2017; Harahap *et al.* 2018; Ramses *et al.* 2020; Setiawan *et al.* 2021) yaitu *Tridacna gigas*, *Tridacna squamosa*, *Tridacna derasa*, *Tridacna maxima*, *Tridacna crocea*, *Hippopus hippopus*, *Hippopus porcellanus* dan *T. noae*. Dari delapan jenis tersebut, enam species hidup di perairan Kepulauan Kei dan sekitarnya (Triandiza, 2019) kecuali *T.noae* dan *H. porcellanus*. Informasi terkait distribusi jenis *T. noae* di Indonesia hanya bersumber dari penelitian Borsa *et al.* (2015) yang menemukan *T. noae* di Laut Sulawesi, Laut Maluku Utara, dan Laut Sawu. Sedangkan di perairan Kepulauan Kei dan sekitarnya belum ada catatan akan kehadiran spesies tersebut. Pada Tahun 2017, kami menemukan spesies kima yang di duga sebagai jenis *T. noae* berdasarkan karakter morfologi di Kepulauan Kei (5°00'-6°00' LS dan 131°45'-133°15' BT. Untuk memastikan dan mengkonfirmasi apakah spesies kima yang ditemukan di perairan Kepulauan Kei adalah *T.noae*, maka studi identifikasi spesies kima *T. noae* secara morfologi dan molekuler menggunakan gen CO1 penting dilakukan sebagai informasi catatan baru kehadiran dan distribusi jenis ini di Kepulauan kei dan Indonesia.

## MATERI DAN METODE

Sampel *Tridacna noae* ditemukan di tiga lokasi perairan Kepulauan Kei, yaitu Perairan Pulau Kur bag. Barat (S 05°19'53.73"; E 131°58'17.96") pada tanggal 4 November 2017, P. Kur bag. Timur (S 05°20'36.75"; E 132°01'24.25") tanggal 5 November 2017, dan Perairan Ohoidertoom (S 05°56'11.18"; E 132°42'50.23") pada tanggal 5 Desember 2017 (Gambar 1).

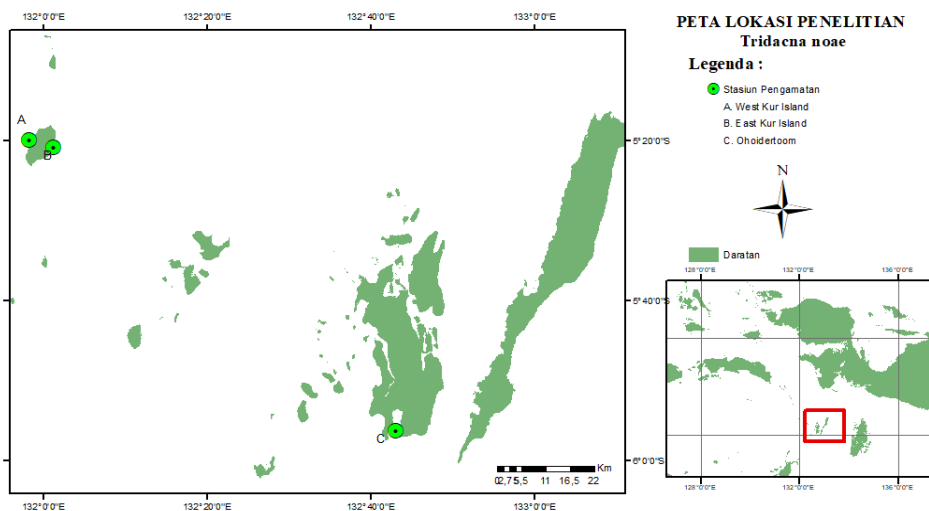
Sampel *T. noae* diperoleh dari hasil survei populasi kima di Kepulauan Kei melalui teknik penyelaman dan underwater fotografi. Hasil fotografi tersebut kemudian dianalisa menggunakan karakteristik morfologi untuk kima yang dikembangkan oleh Rosewater (1965), Su *et al.* (2014) dan Borsa *et al.* (2015). *T. noae* secara visual di alam sangat sulit dibedakan dengan *T. maxima* karena memiliki kesamaan morfologi dan preferensi habitat. Namun beberapa penelitian menunjukkan bahwa ornamen mantel pada *T. noae* sangat khas dan dapat digunakan untuk membedakan dengan *T. maxima*. (Su *et al.*, 2014; Borsa *et al.*, 2015; Neo & Low, 2017; Marra-Biggs *et al.* 2022).

Sebanyak empat sampel tissue jaringan mantel ( $\pm 1$  cm) dikumpulkan dari perairan Pulau Kur, kemudian dipreservasi dengan alkohol 96%. Ekstraksi DNA kima dilakukan dengan menggunakan

panduan standar dari kit komersial Genomic DNA mini kit (Geneaid). Hasil ekstraksi diamplifikasi dengan menggunakan metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Primer yang digunakan adalah primer spesifik untuk kima yang telah didesain oleh Kochzius dan Nuryanto (2008), LCO: 5'-GGG TGA TAA TTC GAA CAG AA-3' dan RCO: 5'-TAG TTA AAG CCC CAG CTA AA-3'. Target gen COI yang teramplifikasi sepanjang  $\pm 500$  bp. Total volume reaksi adalah 27  $\mu$ l yang terdiri atas 3  $\mu$ l DNA template, 12.5  $\mu$ l of Thai TAQ buffer, 1.25  $\mu$ l dari masing-masing primer, dan 9  $\mu$ l ddH<sub>2</sub>O. Amplifikasi dilakukan menggunakan mesin Thermal Cycler Applied Biosystems (Dlab) dengan kondisi pre-denaturasi 94°C selama 5 menit, dilanjutkan dengan 35 siklus yang terdiri atas denaturasi 94°C selama 1 menit, annealing 45°C selama 90 detik dan ekstensi 72°C selama 1 menit serta ekstensi akhir 72°C selama 5 menit (Lizano and Santos, 2014).

Hasil amplifikasi fragmen COI selanjutnya diuji menggunakan metode elektroforesis. Teknik ini menggunakan gel agarose dengan konsentrasi gel 1,0% yang dilarutkan dalam buffer TAE (Tris Acetate EDTA) dengan pewarna Ethidium Bromide (EtBr). Elektroforesis dilakukan pada tegangan 100 V dan arus listrik 400 mA selama 20 menit dan kemudian divisualisasikan menggunakan mesin Gel Doc. Hasil amplifikasi PCR yang berhasil, kemudian dikirim perusahaan jasa sequencing (First Base Malaysia) untuk dilakukan analisa sequencing dengan menggunakan metode Sanger *et al.* (1977).

Pengeditan hasil sekuensing dan penentuan komposisi nukleotida dianalisis dengan software MEGA 6 (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*) (Tamura *et al.* 2013). Sekuen DNA disejajarkan dengan menggunakan program *Clustal W* dari software MEGA 6. Identifikasi spesies dilakukan dengan BLAST (*basic local alignment search tools*) untuk mengetahui kecocokan sekuens DNA target dengan sekuens DNA pada basis data (*GenBank*), dan memastikan spesies tersebut adalah *Tridacna noae*. Sekuen DNA target kemudian dibandingkan dengan beberapa sekuens dari *Genbank T. noae* (Accession KJ202115, KT865901, KT899649, KT899693, MF969244, MG195267, MG385486, MG385490, MG385501, MG385503, MG385504, MG385505, MG385518, MG385521, MG385527, MG385537, MG385538), *T. crocea* (Accession KF446291), *T. squamosa* (Accession JN392023), *T. gigas* (Accession EU003616), *T. maxima* (sekuens dari Pulau Kur) dan sampel *genbank* (Accession KF446333, KF446489, KY769525), serta *out grup Hippopus hippopus* (Accession KJ202105) (Nuryanto *et al.* 2007; Neo and Tood, 2012; Lizano dan Santos 2014; Johnson *et al.* 2016; Findra *et al.* 201; Liu *et al.* 2017; Keyse *et al.* 2018; Neo *et al.* 2018). Identifikasi dilanjutkan dengan analisis pohon filogenetik dan analisis jarak genetik berdasarkan Kimura-2-parameter menggunakan software MEGA 6. Pohon filogenetik dibangun berdasarkan metode Maximum Likelihood model evolusi Tamura 3 parameter dengan interval *gamma distributed* dan replikasi *bootstraps* 1000x melalui aplikasi Mega 6.0 (Tamura *et al.* 2013).

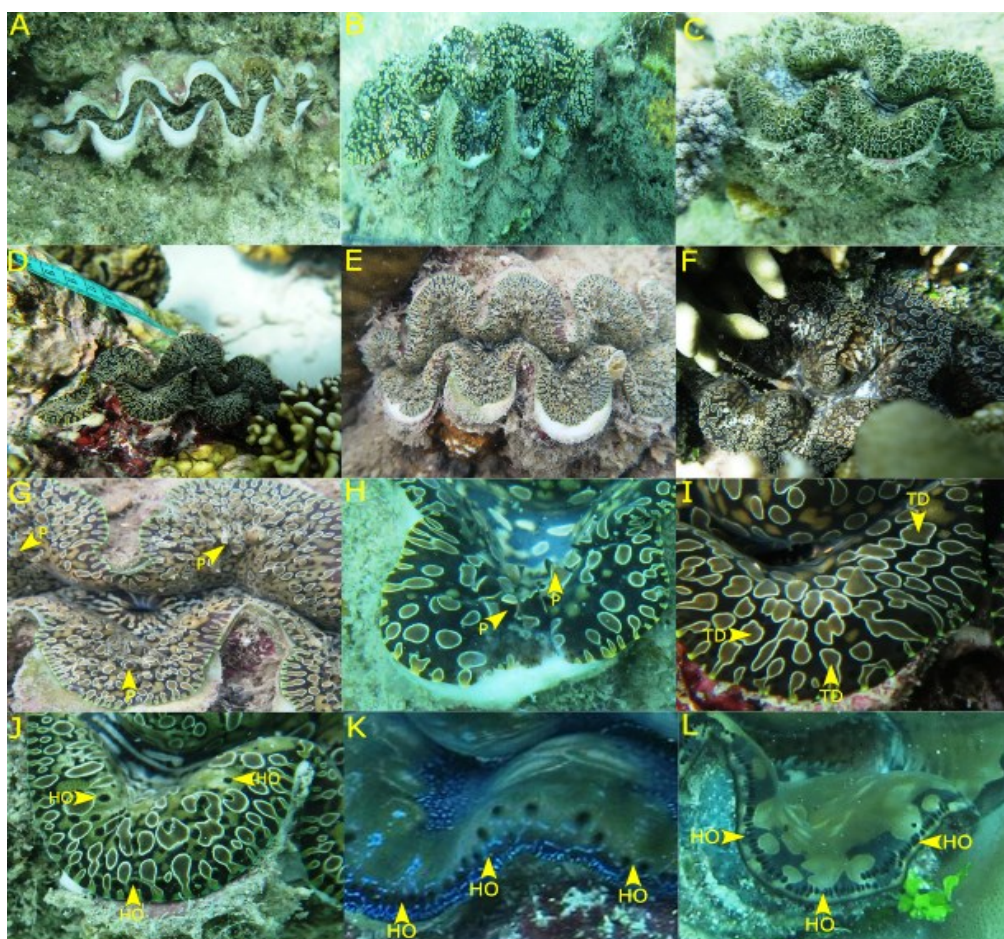


**Gambar 1.** Lokasi Penelitian di Kepulauan Kei, Maluku

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil penelitian secara morfologi menemukan delapan individu *T. noae* di Perairan Kepulauan Kei yang terdiri dari tujuh individu ditemukan di Perairan Pulau Kur dan satu individu ditemukan di Perairan Ohoidertom dengan kisaran ukuran cangkang 11-22 cm. Berdasarkan ukuran tersebut, *T. noae* yang ditemukan berada dalam fase dewasa sampai dengan dewasa hermaphrodit, dan menunjukkan populasi berkembang biak di terumbu karang pulau Kur dan Ohoidertom. Kima *T. noae* pada penelitian ini ditemukan terbenam pada substrat karang mati beralga (*Dead Coral Algae*) dengan kedalaman 2-3 m. Hasil ini melengkapi informasi sebelumnya yang menyatakan bahwa habitat spesies ini hidup di substrat karang yang ditutupi oleh alga jenis *Sargassum* sp. (Ecube *et al.* 2019).

Sampel *T. noae* diidentifikasi berdasarkan pola ornamen mantel merujuk pada Su *et al.* (2014; Borsa *et al.* 2015). Pewarnaan mantel pada *T. noae* sangat bervariasi dari warna coklat, kuning, jingga, hijau, biru kehitaman, dan semua corak dengan distribusi warna yang seragam atau tambal sulam. Ornamen mantel *T. noae* sangat khas (Gambar 1A-F), ditandai dengan patch berbentuk oval terpisah dengan garis putih di tepi dinamakan *Teardrop spot* (Gambar 1I). Memiliki organ hialin yang tersebar di sepanjang margin mantel, berbeda dengan organ hialin *T. maxima* yang hanya berada



**Gambar 1.** Pola warna pada mantel *T. noae* (A) *T. noae* dari Ohoidertom (S 05056'11.18 " ; E 132042'50.23"), (B-F) *T. noae* dari pulau Kur (S 05019'53.73 " ; E 131058'17.96" ; S 05020'36.75 " ; E 132001'24.25 " ), dan *T. maxima* (K-L) dari Pulau Dullah Laut. (G-H), *T. noae* dengan papilla bercincin putih. (I), *T. noae* dengan bercak oval yang dibatasi margin putih. (J), organ hialin dari *T. noae*. (K-L), organ hialin *T. maxima*. (HO = organ Hyalin; P = Papillae; TD = Teardrop spot)

di tepi mantel (1J-L). Kehadiran papila pada *T. noae* sangat terlihat jelas (Gambar 1G-H). Karakteristik morfologi ini sesuai dengan yang dilaporkan sebelumnya oleh Su *et al.* (2014), Borsa *et al.* (2015), Neo *et al.* (2017), Ecube *et al.* (2019) dan Marra-Biggs *et al.* (2022). Dengan catatan baru ini, distribusi spesies *T. noae* meluas dari yang sebelumnya dilaporkan oleh Neo *et al.* (2017) dan Marra-Biggs *et al.* (2022) serta hanya di temukan di Laut Sulawesi, Laut Maluku Utara, dan Laut Sawu (Borsa *et al.* 2015) bertambah dengan kepulauan Kei dan sekitarnya.

DNA barcoding merupakan teknik molekuler untuk mengidentifikasi spesies berdasarkan menggunakan 600-800 bp basa nukleotida dari gen mitokondria (Imtiaz *et al.* 2017). Marka genetik mitokondria yang digunakan adalah gen sitokrom oksidase subunit 1 (COI). Hasil amplifikasi DNA melalui PCR menghasilkan fragmen sepanjang 485 bp. Analisis homologi berdasarkan BLAST-N terhadap *Cytocrom Oksidase I* (COI) mtDNA kima asal Pulau Kur menunjukkan kemiripan yang hampir identik yaitu 99-100% dengan *Gen Bank* (Tabel 1). Hasil identifikasi menggunakan Bold System (<http://www.boldsystems.org>) membuktikan bahwa kima asal Pulau Kur yang diteliti adalah benar merupakan spesies *Tridacna noae*. Komposisi nukleotida rata-rata yang ditemukan pada fragmen COI *T. noae* adalah nukleotida Timin (T) sebesar 34.9%, Citosin (C) 18.7%, Adenin (A) 24.2%, dan Guanin (G) sebesar 22.3%. Sangat berbeda dengan komposisi nukleotida *T. maxima* dimana Timin (T) sebesar 36.0%, Citosin (C) 17.9%, Adenin (A) 25.8%, dan Guanin (G) sebesar 20.3%.

Jarak genetik menunjukkan kedekatan hubungan kekerabatan. Hasil analisis jarak genetik antara sampel yang di duga *T. noae* Pulau Kur dengan *T. noae*, *T. maxima*, *T. crocea*, *T. squamosa*, *T. gigas* dan *H. hippopus* dari Genbank berdasarkan kimura 2 parameter disajikan pada Tabel 2. Jarak genetik *T. noae* dari Pulau Kur dengan *T. noae* dari Genbank adalah sebesar 0,00 hingga 0,051, jarak genetik *T. noae* dengan *T. maxima* adalah 0,159 hingga 0,199. Berdasarkan Nei (1972) nilai jarak genetik 0.01-0.099 menunjukkan kedekatan genetik dan masih dalam jenis yang sama.

Jarak genetik 0.00 diperoleh antar sampel dari *T.noae* pulau Kur dengan sampel yang *T. noae* (KJ202115- Filipina), *T. noae* (MF969224- Hainan Island), *T. noae* (MG385490-Camguin), *T. noae* (MG385505-Mayu), *T. noae* (MG385521-P. Doi) dan *T. noae* (MG385537-Tanjung Jerawai). Jarak genetik 0,000 menunjukkan bahwa individu tersebut berasal dari satu keturunan atau berasal dari lokasi yang berdekatan (Nei, 1972). Jarak genetik yang sangat kecil antara *T. noae* dari Pulau Kur dengan *T. noae* yang berasal dari Filipina, Hainan, Maju, Pulau Doi dan Tanjung Jerawai menunjukkan bahwa ada konektivitas antar wilayah. Mohamed *et al.* (2016), Triandiza *et al.*, (2020) menyatakan kemiripan secara genetik pada *T. noae* disebabkan aliran genetik yang di bawa larva planktonik sebagai media transfer. Larva dispersal tersebut dapat menghabiskan waktu 9-19 hari (Mohamed *et al.*, 2016; Southgate *et al.* 2016) terbawa arus sebelum menetap di substrat keras. Tahap kehidupan planktonik ini berpotensi menghubungkan populasi yang jauh. Selain itu juga karena adanya konektivitas antar wilayah melalui pola migrasi (Saleky *et al.* 2016) dan sharing genetik (Leatemia *et al.* 2018).

Jarak genetik terjauh kima *T. noae* Pulau Kur adalah dengan sampel *T. noae* (KT899643-Walli Island), *T. noae* (KT899693-Loyalty Island, MG385501-Kavieng, dan MG385503-Kri). Diferensiasi genetik yang signifikan tersebut disebabkan oleh pola isolasi jarak geografis, sejarah geologi, dan kondisi

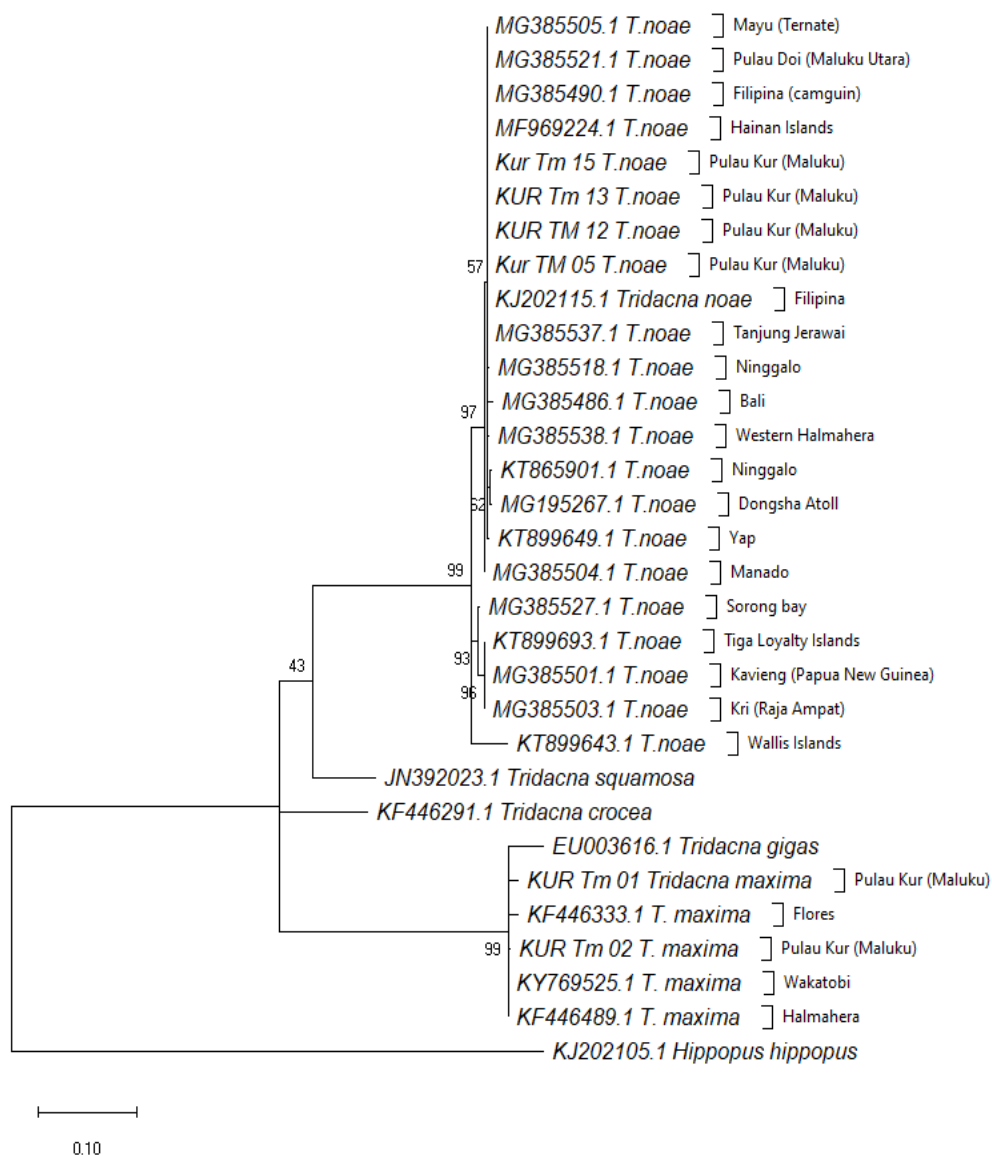
**Tabel 1.** Hasil analisis homologi berdasarkan Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) terhadap sequens kima asal Pulau Kur

No.	Kode sampel	Analisis Blast	Query cover (%)	Similarity (%)	GenBank Accession
1	Kur Tm 05	<i>Tridacna noae</i>	97	99.79	MF969246.1
2	Kur Tm 12	<i>Tridacna noae</i>	97	100	MF969246.1
3	Kur Tm 13	<i>Tridacna noae</i>	97	99.79	MF969246.1
4	Kur Tm 15	<i>Tridacna noae</i>	97	100	MF969246.1

**Tabel 2.** Analisis jarak genetik sampel *T. noae* dari Pulau Kur dan Tridacnidae Genbank berdasarkan kimura 2 parameter

Locus GenBank Accession No.	Lokasi sampling  COI	Species	Species dari Pulau Kur					
			<i>T. noae</i>			<i>T. maxima</i>		
			KUR Tm 05	KUR Tm 12	KUR Tm 13	KUR Tm 15	KUR Tm 01	KUR Tm 02
EU003616	Indonesia	<i>Tridacna gigas</i>	0,194	0,194	0,194	0,194	0,044	0,037
JN392023	Singapura	<i>T. squamosa</i>	0,126	0,126	0,126	0,126	0,181	0,190
KF446291	Teluk Cendrawasih	<i>T. crocea</i>	0,176	0,176	0,176	0,176	0,154	0,154
KF446333	Flores	<i>T. maxima</i>	0,190	0,190	0,190	0,190	0,020	0,013
KY769525	Wakatobi	<i>T. maxima</i>	0,190	0,190	0,190	0,190	0,010	0,003
KF446489	Halmahera	<i>T. maxina</i>	0,190	0,190	0,190	0,190	0,010	0,003
KJ202105	Filipina	<i>H. Hippopus</i>	0,207	0,207	0,207	0,207	0,205	0,205
KJ202115	Filipina	<i>T. noae</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,185	0,195
KT865901	Ninggalo Marinae park (Australia)	<i>T. noae</i>	0,007	0,007	0,007	0,007	0,190	0,199
KT899643	Wallis Island (Pasifik Ocean)	<i>T. noae</i>	0,051	0,051	0,051	0,051	0,172	0,181
KT899649	Yap (Micronesia)	<i>T. noae</i>	0,003	0,003			0,185	0,194
KT899693	Loyalty Island (New Caledonia)	<i>T. noae</i>	0,030	0,030	0,030	0,030	0,159	0,168
MF969224	Hainan Island (China)	<i>T. noae</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,185	0,195
MG195267	Dongsha Atol (Taiwan)	<i>T. noae</i>	0,007	0,007	0,007	0,007	0,190	0,199
MG385486	Bali	<i>T. noae</i>	0,007	0,007	0,007	0,007	0,185	0,195
MG385490	Camguin (Filipina)	<i>T. noae</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,185	0,195
MG385501	Kavieng (Papua New Guinea)	<i>T. noae</i>	0,030	0,030	0,030	0,030	0,159	0,168
MG385503	Kri (Raja Ampat)	<i>T. noae</i>	0,030	0,030	0,030	0,030	0,159	0,168
MG385504	Manado	<i>T. noae</i>	0,003	0,003	0,003	0,003	0,181	0,190
MG385505	Maju (Ternate)	<i>T. noae</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,185	0,195
MG385518	Ninggalo Marinae park (Australia)	<i>T. noae</i>	0,003	0,003	0,003	0,003	0,190	0,199
MG385521	Pulau Doi (Halmahera Utara)	<i>T. noae</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,185	0,195
MG385527	Sorong Bay (Papua Barat)	<i>T. noae</i>	0,027	0,027	0,027	0,027	0,163	0,172
MG385537	Tanjung Jerawai	<i>T. noae</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,185	0,195
MG385538	Halmahera Barat	<i>T. noae</i>	0,003	0,003	0,003	0,003	0,190	0,199

oseanografis (Hui *et al.*, 2016). Yu *et al.* (2018) menyatakan bahwa aliran gen yang terbatas dapat disebabkan oleh hambatan geografis, sejarah geologis setempat, dan tekanan lingkungan dikaitkan dengan sirkulasi laut. Beberapa contoh diantara adanya pengaruh arus dari Halmahera Edy yang menyebabkan aliran terbatas dan struktur genetik pada populasi *T. squamosa* (Hui *et al.*, 2016), *T. crocea* (Kochzius & Nuryanto 2008; DeBoer *et al.* 2014a; Hui *et al.* 2016;) dan *T. maxima* (DeBoer *et al.* 2014b; Hui *et al.* 2016) di Laut Maluku dan Papua Bagian Utara. Selain itu karakteristik unik yang membedakan organisme *T. noae* dipengaruhi letak geografis. Sampel *T. noae* (KT899643-Walli Island), *T. noae* (KT899693-Loyalty Island, MG385501-Kavieng, dan MG385503-Kri) berada di Samudera Pasifik yang menyebabkan perbedaan batimetri, pola arus, pola suhu dan salinitas permukaan laut (Bahri, 2017).



**Gambar 2.** Konstruksi pohon filogenetik sekuen Kima *Tridacna noae* menggunakan metode Maximum Likelihood model evolusi Tamura 3 parameter dengan interval *Has Invariant sites (I)* dan replikasi *bootstraps* 1000x melalui aplikasi Mega X

Pohon filogenetik dibangun berdasarkan metode Maximum Likelihood model evolusi Tamura 3 parameter dengan interval *Has Invariant sites (I)* dan replikasi *bootstraps* 1000x melalui aplikasi Mega 6.0 (Tamura *et al.* 2013). Rekonstruksi filogenetik menunjukkan bahwa sampel kima asal Kur yang di duga *T. noae* tergabung dalam satu clade besar dengan *T. noae* genbank dengan nilai *bootstrap* 99, dan terpisah dengan clade *T. maxima* (Gambar 2). Semakin tinggi nilai *bootstrap* yang terbentuk semakin baik rekonstruksi pohon filogenetik tersebut. Pohon filogeni *T. noae* dengan nilai *bootstrap* 99 menunjukkan kelompok *T. noae* terbagi atas 2 clade yaitu clade 1 terdiri dari gabungan *T. noae* asal Maju, Pulau Doi, Camguin, Pulau Hainan, Pulau Kur, Filipina, Tanjung Jerawai, Ninggalo Marine Park, Bali, Halmahera Selatan, Dongsha Atoll, Yap, dan Manado. Sedangkan clade 2 terdiri dari gabungan *T. noae* asal Sorong Bay, Pulau Tiga Loyalti, Kavieng, Kri Raja Ampat dan Pulau Wallis.

Bergabungnya *T. noae* pada clade 1 mengindikasikan terjadinya *sharring* genetik atau *gen flow* antar wilayah. *Gen flow* terjadi melalui proses migrasi spesies ataupun melalui proses larva

dispersal (Jefri *et al.*, 2015). Clade 2 merupakan wilayah perairan yang unik karena letaknya berada di Samudera Pasifik menyebabkan wilayah ini secara oseanografi sangat yang dipengaruhi oleh Samudera Pasifik. Hasil tersebut didukung oleh analisis jarak genetik, dimana *T. noae* kelompok 1 memiliki jarak genetik sebesar 0.000-0.007 (0-0.7%) sedangkan *T. noae* kelompok 2 memiliki jarak genetik sebesar 0.027-0.051 (2.7 %-5.1%). Hasil filogenetik juga menunjukkan bahwa kima *T. noae* membentuk kelompok monofiletik di mana *T. noae* lebih dekat hubungannya dengan *T. squamosa* dan *T. crocea* dari pada jenis *Tridacna* yang lainnya.

## KESIMPULAN

Hasil identifikasi secara morfologi dan DNA Barcoding menunjukkan bahwa specimen kima yang berasal dari Pulau Kur, Maluku merupakan jenis *Tridacna noae*. Berdasarkan analisis filogenetik dan jarak genetik, sekuen DNA yang dianalisis membentuk *clade* yang sama dengan spesies *T. noae* dengan jarak genetik 0.000-0.051. Analisis molekuler memperlihatkan jenis *T. noae* terpisah dengan *T. Maxima*. DNA Barkoding melalui gen CO1 sangat efektif untuk identifikasi.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini merupakan bagian dari kegiatan penelitian Tesis struktur populasi dan keragaman genetik kerang kima (*Cardiidae: Tridacninae*) di Perairan Kepulauan Kei Maluku, yang sebagian kegiatan dibiayai oleh program DIPA UPT Loka Konservasi Biota Laut Tual tahun anggaran 2017.

## DAFTAR PUSTAKA

- Appeltans, W., Ah Yong, S.T., Anderson, G., Angel, M.V., Artois, T., Bailly, N., Bamber, R., Barber, A., Bartsch, I., Berta, A., Costello, M.J. (2012). The magnitude of global marine species diversity. *Current Biology*, 22(23), 2189–2202. doi: 10.1016/j.cub.2012.09.036
- Bahri, S., Atmadopoera, A.S., & Maddupa, H.H. (2017). Keragaman genetik penyu lekang *Lepidochelys olivacea* dengan pola arus di Teluk Cendrawasih, Papua. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*, 9(2), 747-760. doi: 10.29244/jitkt.v9i2.19307
- Bickford, D., Lohman, D., Sodhi, N.S., Ng, P.K.L., Meier, R., Winkler, K., Ingram, K.K., & Das, I. (2006). Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Ecology and Evolution*, 22, 148-155.
- Borsa, P., Fauvelot, C., Tiavouane, J., Grulois, D., Wabnitz, C., Naguit, M.R.A., & Andrefouet, S. (2015). Distribution of Noah's giant clam, *Tridacna noae*. *Marine Biodiversity*, 45, 339–344.
- Deboer, T.S., Naguit, M.R.A., Erdmann, M.V., Ablan-Lagman, M.C.A., Carpenter, K.E., Toha, A.H.A., Barber, P.H. (2014a). Concordant phylogenetic patterns inferred from mitochondrial and microsatellite DNA in the giant clam *Tridacna crocea*. *Bulletin of Marine Science*, 90, 301–329.
- Deboer, T.S., Naguit, M.R.A., Erdmann, M.V., Ablan-Lagman, M.C.A., Ambariyanto, Carpenter, K.E., Toha, A.H.A., & Barber, P.H. (2014b). Concordance between phylogeographic and biogeographic boundaries in the Coral Triangle: Conservation implications based on comparative analyses of multiple giant clam species. *Bulletin of Marine Science*, 90(1), 277–300. doi: 10.5343/bms.2013.1003
- Ecube, K.M.A., Villanueva, E.G., Dolorosa, R.G., & Cabaitan, P.C. (2018). Notes on the first record of *Tridacna noae* (Roding, 1798) (*cardiidae: Tridacninae*) in Palawan, Philippines. *The Palawan Scientist*, 11, 112-115
- Findra, M.N., Setyobudiandi, I., Butet, N.A., Solihin, D.D., (2017). Genetic profile assessment of giant clam genus *Tridacna* as a basis for resource management at Wakatobi National Park Waters. *Ilmu Kelautan*, 22(2), 67-74. doi: 10.14710/ik.ijms.22.2.67-74
- Harahap, S.A., Yanuar, Y., Ilham, Y. (2018). Diversity and abundance of giant clams in Anambas Islands, Indonesia. *E3S web of Conferences*. 47, p.03005. doi: 10.1051/e3sconf/20184703005
- Huelsken, T., Keyse, J., Liggins, L., Penny, S., Tremblay, E.A., & Riginos, C. (2013). A Novel widespread cryptic species and phylogeographic patterns within several giant clams species (*cardiidae: Tridacna*) from the Indo-Pacific Ocean. *Plos ONE*, 8(11), e80858. doi: 10.1371/journal.pone.0080858



- Hui, M., Kraemer, W.E., Seidel, C., Nuryanto, A., Joshi, A., & Kozhius, M. (2016). Comparative genetic population structure of three endangered giant clams (Cardiidae: *Tridacna* species) through out the Indo-West Pacific: Implications for divergence, connectivity and conservation. *Journal of Molluscan studies*, 2(3), 403-414. doi: 10.1093/mollus/eyw001.
- Imtiaz, A., Nor, S.A.H., & Naim, D.M. (2017). Review: Progress and potential of DNA barcoding for species identification of fish species. *Biodiversitas*, 18(4), 1394-1405. doi: 10.13057/biodiv/d180415
- Jefri, E., Zamani, N.P., Subhan, B., & Madduppa H. (2015). Molecular phylogeny inferred from mitochondrial DNA of the grouper epinephelus spp. In Indonesia collected from local fish market. *Biodiversitas*, 16(2), 254-263. doi: 10.13057/biodiv/d160221
- Johnson, M.S., Prince, J., Brearley, A., Rosser, N.L., & Black, R. (2016). Is *Tridacna maxima* (Bivalvia: Tridacnidae) at Ningaloo Reef, Western Australia?. *Molluscan Research*, 36(4), 264-270. doi: 10.1080/13235818.2016.1181141
- Keyse, J., Treml, E.A., Huelsken, T., Barber, P.H., DeBoer, T., Kochzius, M., Nuryanto, A., Gardner, J.P.A., Liu, L.L., Penny, S., & Riginos, C. (2018). Historical divergences associated with intermittent land bridges overshadow isolation by larval dispersal in co-distributed species of *Tridacna* giant clams. *Journal of Biogeography*, 45, 848-858. doi: 10.1111/jbi.13163
- Kochzius, M., & Nuryanto, A. (2008). Strong genetic population structure in the boring giant clam, *Tridacna crocea*, across the Indo-Malay Archipelago: implications related to evolutionary processes and connectivity. *Molecular Ecology*, 17, 3775-3787.
- Kubo, H., & Iwai, K. (2007). On sympatric two species within *Tridacna* "maxima". *Annual Report of Okinawa Fishery and Ocean Research Center*, 68, 205-210.
- Leatemia, S.P.O., Manumpil, A.W., Saleky, D., & Dailami, M. (2018). DNA Barcode dan Molekuler Filogeni Turbo sp. di Perairan. *Prosiding Seminar Nasional MIPA UNIPA Ke-3*, 3, 103-114
- Liu, J., Cui, D., & Zhang, H. (2017). Giant clams (Cardiidae: Tridacninae) in Hainan Island in the South China Sea. Institute of Deep-Sea Science and Engineering, Chinese Academy of Sciences, 28 Luhuitou Road, Sanya, Hainan 572000, China. (Unpublish)
- Liu, J., Cui, D., Wang, H., Chen, J., Liu, H., & Zhang, H. (2020). Extensive cryptic diversity of giant clams (Cardiidae: Tridacninae) revealed by DNA-sequence-based species delimitation approaches with new data from Hainan Island, South China Sea. *Journal of Molluscan Studies*, 86(1), 56-53. doi: 10.1093/mollus/eyz033
- Lizano, A.M., & Santos, M.D. (2014). Updates on the status of giant clams *Tridacna* spp. and *Hippopus hippopus* in the Philippines using mitochondrial CO1 and 16S rRNA genes. *Philippine Science Letters*, 7(1), 187-200.
- Marra-Biggs, P., Fatherree, J., Green, A., Toonen, R.J. (2022). Range expansion and first observation of *Tridacna noae* (Cardiidae: Tridacninae) in American Samoa. *Ecology and Evolution*, 12, e9635. doi: 10.1002/ece3.9635
- Militz, T.A., Kinch, J., Southgate, P.C. (2015). Population demographics of *Tridacna noae* (Röding, 1798) in New Ireland, Papua New Guinea. *Journal of Shellfish Research*, 34(2), 329-335. doi: 10.2983/035.034.0215
- Mohamed, N.A., Yu, Q., Chanfi, M.I., Li, Y., Wang, S., Bao, Z., & Huang, X. (2016). Genetic diversity and population differentiation of small giant clam *Tridacna maxima* in Comoros islands assessed by microsatellite markers. *Springer Plus*, 5(1852): 1-7.
- Nei, M. (1972). Genetic distance between population. *Am Nat.* 106 (949): 283-292.
- Neo, M.L., Liu, L.L., Huang, D., Soong, K. (2018). Thriving population with low genetic diversity in giant clam species *Tridacna maxima* and *Tridacna noae*, at Dongsha Atoll, South China Sea. *Regional Studies in Marine Science*, 24, 278-287. doi: 10.1016/j.rsma.2018.09.001.
- Neo, M.L., Low, J.K.Y. (2017). First observations of *Tridacna noae* (Röding, 1798) (Bivalvia: Heterodonta: Cardiidae) in Christmas Island (Indian Ocean). *Marine Biodiversity*, 48, 2183-2185.
- Neo, M.L., Wabnitz, C.C.C., Braley, R.D., Heslinga, G.A., Fauvelot, C., Wynsberge, S.V., Andrefouet, S., Waters, C., Tan, A.S.H., Gomez, E.D., Costello, M.J., & Todd, P.A. (2017). Giant clams (Bivalvia: Cardiidae: tridacninae): A Comprehensive update of species and their distribution, currents threats and coservation status. *Oceanography and Narine Biology: an Annual review*, 55, 87-388
- Neo, M.L., & Tood, P.A. (2012). Population density and genetic structure of the giant clams *Tridacna crocea* and *T. squamosa* on Singapore's reefs. *Aquatic Biology*, 14, 265-275.

- Nuryanto, A., Duryadi, D., Soedharma, D., & Bloom, D. (2007). Molecular phylogeny of giant clams based on mitochondrial DNA cytochrome c oxidase I gene. *Hayati*, 14, 162-166.
- Prehadi, P., Sembiring, A., Kurniasih, E.M., Rahmad, R., Arafat, D., Subhan, B., & Madduppa, H.H. (2015). DNA barcoding and phylogenetic reconstruction of shark species landed in Muncar fisheries landing site in comparison with Southern Java fishing port. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 16(1), 55-61.
- Ramses, Syamsi, F., Thamrin, Nofrizal, Hamdayani, Razai, T.S., Kurniawan, R. (2020). Biodiversity of Bivalvia tridacnidae in Marine Conservation Area: lesson learned from Abang Island, kepulauan Riau Province-Indonesia. *Ecotone*, 1(1), 33-40
- Rosewater, J. (1965). The family Tridacnidae in the Indo-Pacific c. *Indo-Pacific Mollusca*. 1: 347-394.
- Sanger, F., Nicklen, S., Coulson, A.R. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceeding National Academical Science, United Stated of America*, 74(12), 5463-5467.
- Saleky, D., Setyobudiandi, I., Toha, A.H.A., Takdir, M., & Madduppa, H. (2016). Length weight relationship and population genetic of two marine gastropods species (Turbinidae: Turbo sparverius and Turbo bruneus) in the Bird Seascape Papua, Indonesia. *Biodiversitas*, 17(1), 208-217. doi: 10.13057/biodiv/d170130
- Setiawan, R., Wimbaningrum, R., Siddiq, A.M., & Saputra, I.S. (2021). Keanekaragaman spesies dan Karakteristik habitat kerang kima (Cardiidae: Tridacninae) di Ekosistem intertidal Tanjung Bilik Taman nasional Baluran. *Jurnal Kelautan*, 14(3), 254-262
- Southgate, P.C., Braley, R.D., & Militz, T.A. (2016). Embryonic and larval development of the giant clam *Tridacna noae* (Roding, 1798) (Cardiidae: Tridacninae). *Journal of Shellfish Research*, 35(4), 777-783
- Su, Y., Hung, J.H., Kubo, H., & Liu, L.L. (2014). *Tridacna noae* (Röding, 1798) – a valid giant clam species separated from *T. maxima* (Röding, 1798) by morphological and genetic data. *Raffles Bulletin of Zoology*, 62, 124-135.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., & Kumar, S. (2013). MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30(12), 2725-2729.
- Tan, E.Y.W., Neo, M.L., & Huang, D. (2022). Assessing taxonomic, functional and phylogenetic diversity of giant clams across the Indo-Pacific for conservation prioritization. *Diversity and Distribution*, 28, 2124-2138. doi: 10.1111/ddi.13609
- Triandiza, T., Zamani, N.P., Maddupa, H., & Hernawan, U.H. (2019). Distribution and abundance of the giant clam (cardiidae: Bivalvia) on Kei Islands, Maluku, Indonesia. *Biodiversitas*, 20(3), 884-892. doi: 10.13057/biodiv/d200337
- Triandiza, T., Kusnadi, A., Sari, N., Pesilette, R.N., Ainarwowan, A., Suparmo, & Sapulete, S. (2020). Keragaman genetik kima kecil (*Tridacna maxima*) di Pulau Kur, Pulau Biak, dan Manado serta implikasinya untuk konservasi. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia*, 26(3), 167-179. doi: 10.15578/jppi.26.3.2020.167-179
- Yu, S., Liu, S., Jiang, K., Zhang, J., Jiang, Z., Wu, Y. & Trevathan-Tackett SM. (2018). Population genetic structure of the threatened tropical seagrass *Enhalus acoroides* in Hainan Island, China. *Aquatic Botany*, 150, 64-70. doi: 10.1016/j.aquabot.2018.07.005.