

Karakterisasi Morfometri dan DNA Barcoding Keong Lola Merah (*Rochia nilotica* Linnaeus, 1767) dari Kepulauan Kei, Maluku

Teddy Triandiza^{1*}, Risnita Tri Utami², Rosmi Nuslah Pesilette³

¹Pusat Riset Oseanografi, Badan Riset dan Inovasi Nasional
Jl. Pasir Putih I, Ancol Timur Jakarta Utara 14430

²Program Studi Akuakultur, Fakultas Pertanian, Universitas Prof. Dr. Hazairin, SH
Jl. Jendral Sudirman No. 185, Bengkulu 38117

³Pusat Riset Laut Dalam, Badan Riset dan Inovasi Nasional
Jl. Y Syaranamual, Poka, Kota Ambon 97233

Email Corresponding : teddy.triandiza27@gmail.com

Abstract

Morphometric Characterization and DNA Barcoding of Lola Snail (*Rochia nilotica* Linnaeus, 1767) from Kei Islands, Maluku

The lola snail (*Rochia nilotica*) is an herbivorous gastropod that lives in coral reef ecosystems. *R. nilotica* is an ecologically important species and has high economic value. This study aims to assess morphometric characterization and DNA barcoding. Analysis of growth patterns shows that red lola snails in the Kei Islands show an allometric growth pattern. Analysis of *R. nilotica* mitochondrial DNA (mtDNA) sequences resulted in 646 base pairs, containing 14 haplotypes with a total of 18 polymorphic sites. The results showed that the genetic diversity of *R. nilotica* populations in the Kei Islands was very high, namely nucleotide diversity (Pi) of 0.00460 and haplotype diversity (Hd) of 0.9457. The results of phylogenetic tree analysis showed five main clusters, namely four clusters of *R. nilotica* from the Kei Islands and one cluster of *R. nilotica* from Moorea Island and New Caledonia. The value of genetic distance between individuals and between *R. nilotica* populations is very low, namely 0.0026-0.0056 and 0.0034-0.0052. The results of the haplotype net analysis showed that there was haplotype mixing in all *R. nilotica* populations in the Kei Islands as indicated by the absence of a particular clade.

Keywords: allometric, cluster, mtDNA, haplotype

Abstrak

Keong lola merah (*Rochia nilotica*) merupakan gastropoda herbivora yang hidup di ekosistem terumbu karang. *R. nilotica* merupakan spesies yang penting secara ekologis dan memiliki nilai ekonomi tinggi. Penelitian ini bertujuan untuk mengkaji karakterisasi morfometri dan DNA barcoding. Analisis pola pertumbuhan menunjukkan keong lola merah di Kepulauan Kei menunjukkan pola pertumbuhan alometrik. Analisis sekuens DNA mitokondria (mtDNA) *R. nilotica* menghasilkan 646 pasangan basa, yang mengandung 14 haplotipe dengan jumlah total 18 situs polimorfik. Hasil penelitian menunjukkan bahwa keragaman genetik populasi *R. nilotica* di Kepulauan Kei sangat tinggi, yaitu keragaman nukleotida (Pi) sebesar 0,00460 dan keragaman haplotipe (Hd) sebesar 0,9457. Hasil analisis pohon filogenetik menunjukkan lima kluster utama, yaitu empat kluster *R. nilotica* asal kepulauan Kei dan satu kluster *R. nilotica* asal Moorea Island dan New Caledonia. Nilai jarak genetik antar individu dan antara populasi *R. nilotica* sangat rendah yaitu 0,0026-0,0056 dan 0,0034-0,0052. Hasil analisis jaring haplotipe menunjukkan bahwa terjadi percampuran haplotipe pada seluruh populasi *R. nilotica* di Kepulauan Kei yang ditunjukkan dengan tidak adanya klade tertentu.

Kata kunci : alometrik, kluster, mtDNA, haplotipe

PENDAHULUAN

Keong lola merah (*Rochia nilotica* Linnaeus, 1767) merupakan jenis gastropoda herbivora sebelum bernama ilmiah *Trochus niloticus* kemudian menjadi *Tectus niloticus* (WoRMS, 2020), memiliki nilai ekologi dan ekonomi yang penting (Purcell *et al.*, 2021). Lola merah telah lama dimanfaatkan selama puluhan tahun sebagai komoditi perikanan di Asia Tenggara dan Kepulauan Pasifik (Gillet & Tauati, 2018; Purcell & Ceccarelli, 2020). Cangkang lola merupakan sumber daya berharga bagi banyak komunitas Kepulauan Pesisir (Abukena *et al.*, 2014a; Pakoa *et al.*, 2010) karena memiliki lapisan mutiara yang dimanfaatkan secara komersial dalam bahan baku industri fashion dan perhiasan di banyak negara maju, seperti Italia, Jepang, Amerika Serikat, Inggris, dan Austria

(Abukena *et al.*, 2014a; Gillett *et al.*, 2020; Purcell & Ceccarelli, 2020). Daging lola dimanfaatkan sebagai bahan konsumsi masyarakat pesisir karena mengandung protein tinggi (Purcell *et al.*, 2021; Subhan, 2014).

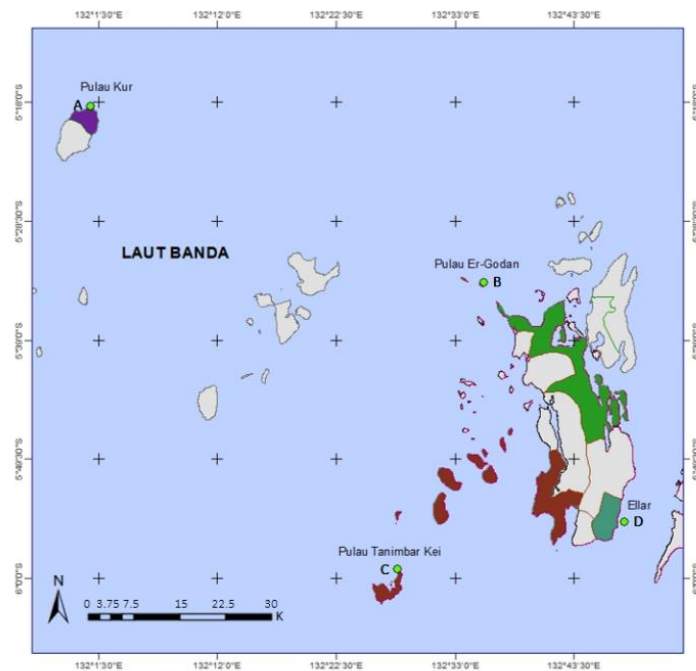
Tekanan antropogenik terhadap siput lola semakin meningkat, seiring dengan permintaan pasar yang terus meningkat dan nilai jual yang tinggi, menyebabkan populasi lola mengalami penurunan dalam beberapa tahun terakhir (Leimena *et al.*, 2007; Tuhumury, 2013; Siahainenia *et al.*, 2024). Penelitian sebelumnya menunjukkan adanya penurunan populasi lola merah (Abukena *et al.*, 2014b; Kurnianto, 2015; Siahainenia *et al.*, 2024). Berkurangnya populasi lola tersebut tidak hanya berdampak secara ekonomi bagi masyarakat, namun menimbulkan perubahan keseimbangan dan penurunan populasi secara drastis bahkan kepunahan (Abukena *et al.*, 2014b; H. Madduppa *et al.*, 2018; Ode *et al.*, 2024; Triandiza *et al.*, 2022). Pendekatan konservasi keanekaragaman hayati saat ini berfokus pada wilayah geografis, ekosistem, komunitas ekologi, dan spesies. Kurang menekankan pada keanekaragaman genetik dan transisi evolusioner dari populasi ke spesies (Coates *et al.*, 2018).

Karakter morfometrik dan analisis genetik merupakan kombinasi dari informasi tentang pengaruh lingkungan dan kondisi geografis yang dapat membedakan ukuran dan variasi genetik (Ramadhaniaty *et al.*, 2018). Analisis karakter morfometri seperti hubungan panjang-berat berguna dalam manajemen pengelolaan organisme laut dan menentukan kondisi populasi (Purcell *et al.*, 2019; Purcell & Ceccarelli, 2020; Udo, 2013). Hubungan panjang berat merupakan ukuran penting dalam biologi perikanan, dapat digunakan sebagai karakter untuk membedakan suatu unit taksonomi dan menghitung faktor kondisi (Utami *et al.*, 2022). Analisis morfometrik dari karakter cangkang dapat mengalami kesulitan dalam membedakan spesies, sehingga diperlukan pula pendekatan genetik (Mauro *et al.*, 2003). Teknik DNA barcoding merupakan metode identifikasi spesies melalui urutan sekuen barcode DNA yang dapat menunjukkan variasi genetik dalam suatu species (Hebert *et al.*, 2003; Martiansyah, 2021). DNA barcoding telah digunakan untuk memecahkan keterbatasan proses identifikasi berbagai jenis Tridacna (Kusnadi *et al.*, 2022; Triandiza *et al.*, 2022), Trochoidea (Ardura *et al.*, 2015; Nuryanto & Solihin, 2006; Saleky *et al.*, 2020; Williams *et al.*, 2008), mengkonfirmasi biota kriptik, hubungan filogenetik atau kekerabatan (Barco *et al.*, 2016; Galan *et al.*, 2018; Huelsken *et al.*, 2013; Liu *et al.*, 2020; Simbolon & Aji, 2021; Trivedi *et al.*, 2016). Selain itu, metode ini juga menunjukkan bukti adanya keragaman spesies pada moluska (De Boer *et al.*, 2014; Kusnadi *et al.*, 2022; Saleky *et al.*, 2016; Sun *et al.*, 2016). Oleh karena itu menggabungkan karakter morfometri dan DNA barcoding dapat memfasilitasi identifikasi, keragaman genetik dan hubungan filogenetik atau kekerabatan. Tujuan penelitian ini adalah mengetahui karakterisasi morfometri dan DNA Barcoding Keong Lola Merah (*Rochia nilotica* Linnaeus, 1767) dari Kepulauan Kei.

MATERI DAN METODE

Pengambilan data dan sampel jaringan dilakukan di perairan Kepulauan Kei (Gambar 1) dengan studi site Perairan Pulau Kur (-5.305691666666666°S; 132.01265555555556°E) November Tahun 2017, Pulau Tanimbar Kei (-5.987025°S; 132.4648°E) Desember Tahun 2019, Ellar (-5.91806°S; 132.79887°E) September 2020 dan Pulau Er-Godan (-5.564998°S; 132.591327°E) Desember 2020. Sedangkan analisa molekuler dilakukan di Laboklinikum Oceanogen pada bulan November-Desember tahun 2021.

Sampel keong lola diperoleh dari nelayan penangkap lola, sebanyak 7 ekor lola dari Pulau Kur, 13 sampel lola dari Pulau Tanimbar Kei, 6 sampel lola dari Ellar, dan 9 sampel lola dari Pulau Er-Godan. Secara keseluruhan total keong lola yang diperoleh dari Kepulauan Kei adalah sebanyak 35 sampel. Sampel diidentifikasi secara morfologi berdasarkan buku panduan (Santhanam, 2019). Kemudian dilakukan pengukuran panjang, diameter dan berat. Panjang Keong Lola diukur dengan menggunakan vernier caliper (jangka sorong dengan akurasi 0,1 mm) dan berat dengan menggunakan timbangan digital (gram). Pengukuran tinggi lola diukur mulai dari bagian bawah body whorl hingga ujung apex. Diameter lola diukur mulai dari bagian ujung terpanjang hingga ujung bagian terpendek pada bagian bawah cangkang lola (Gambar 2).



Gambar 1. Lokasi Pengambilan Siput Lola (*Rochia nilotica* Linnaeus, 1767)



Tinggi Cangkang (mm)



Diameters Cangkang (mm)

Gambar 2. Pengukuran Cangkang Siput Lola (*Rochia nilotica* Linnaeus, 1767)

Sampel keong lola merah yang diambil berupa jaringan daging. Sebanyak 24 sampel jaringan keong lola merah diisolasi dan diekstraksi menggunakan panduan standar dari kit komersial Qiagen. Amplifikasi DNA menggunakan metode *Polymerize Chain Reaction* (PCR) merupakan reaksi untuk memperbanyak (replikasi) DNA secara enzimatik. Primer yang digunakan yaitu HCO-2198 (5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3') dan LCO 1490 (5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3') (Geller *et al.*, 2013). Total volume reaksi adalah 25 μ L yang terdiri dari 1 μ L DNA template, 13 μ L MyTAQ Redmix (Bioline), 2 μ L dari masing-masing primer dan 9 μ L ddH₂O. Amplifikasi dilakukan menggunakan mesin Thermal Cycler Applied Biosystems (Dlab) dengan kondisi pre denaturation pada suhu 94°C selama 4 menit, dilanjutkan dengan 35 siklus yang terdiri atas denaturasi pada suhu

94°C selama 15 detik, penempelan primer (*annealing*) pada suhu 50°C selama 15 detik, pemanjangan segmen DNA (*extention*) pada suhu 72°C selama 15 detik, dan tahap akhir (*final extention*) pada suhu 72°C selama 7 menit.

Hasil amplifikasi PCR selanjutnya diuji dengan menggunakan metode elektroforesis. Elektroforesis adalah pemurnian molekul dengan cara pemisahan senyawa kimia berdasarkan laju pergerakan molekul dalam aliran listrik yang bertujuan untuk mengetahui kualitas DNA dari hasil PCR (H. Madduppa *et al.*, 2016). Teknik ini menggunakan gel agarosa dengan konsentrasi gel 1% yang dilarutkan dalam buffer Tris Acetate EDTA (TAE) dengan pewarna DNA Gel red (2µl). Elektroforesis dilakukan pada tegangan 100 V dan arus listrik 400 mA selama 25 menit dan kemudian divisualisasikan menggunakan mesin Gel Doc. Hasil PCR yang baik akan menunjukkan pita yang jelas dengan ukuran produk sepanjang 500-700bp (*basepairs*). Produk PCR berupa DNA dipindahkan dalam plate PCR dan dikirim ke *First Base Malaysia*.

Hubungan panjang-berat adalah pendekatan yang paling banyak digunakan untuk memperkirakan biomassa invertebrata bentik. Variabel yang diukur dalam penelitian ini adalah panjang total dan berat total, dan untuk mengetahui hubungan panjang-berat keong lola merah digunakan analisis uji regresi linear yang mengacu rumus Robertis & Williams (2008) $W = aL^b$, dimana w adalah berat cangkang (gram); L adalah panjang cangkang (mm); a dan b adalah konstanta. Persamaan tersebut dapat diubah dalam bentuk linear, yaitu $\log y = a \log x + \log b$. Nilai $b=3$ menggambarkan pertumbuhan isometrik. Nilai $b \neq 3$ menggambarkan pertumbuhan allometrik. Jika b kurang dari 3 menunjukkan pertambahan panjang lebih cepat dibandingkan pertambahan bobotnya. Jika b lebih dari 3 menunjukkan pertambahan bobot lebih cepat dibandingkan dengan pertambahan panjangnya (Effendi, 2002).

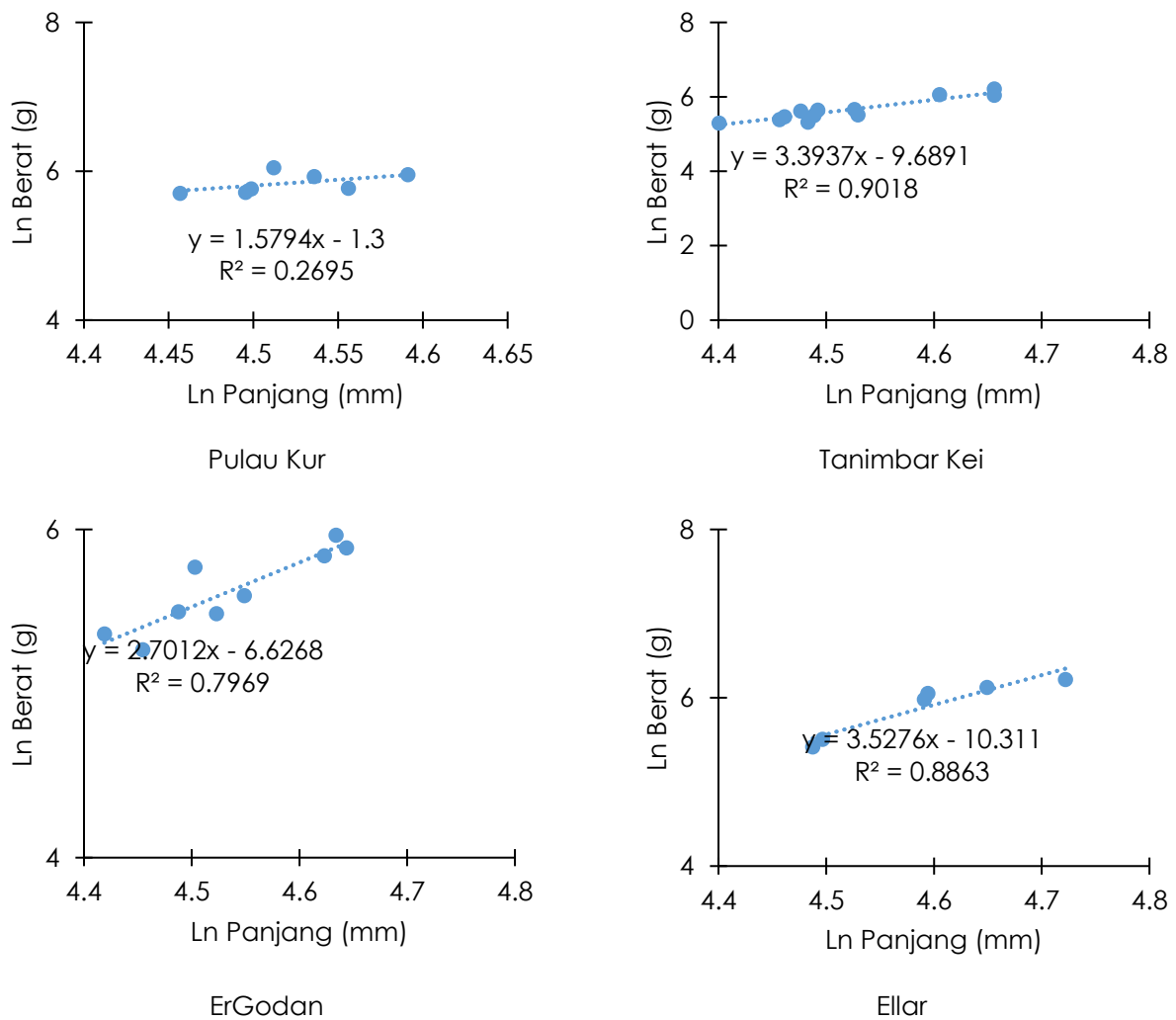
Analisis data molekuler menggunakan perangkat lunak Mega 11. Analisis data dilakukan dengan mengolah hasil sekuens untuk diketahui spesies dari kode genetiknya. Data sekuens yang telah diterima kemudian disunting dengan *tools alignment* pada program Mega 11 untuk melihat perbedaan antara sekuens yang satu dengan sekuens lainnya (Tamura *et al.*, 2021). Urutan basa nukleotida disejajarkan menggunakan metode *Clustal W*. Data hasil *alignment* kemudian dicocokkan dengan data yang tersedia pada Genbank di NCBI (*National Centre for Biotechnology Information*) menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>) berdasarkan tingkat kemiripannya (*similarity*). Hasil BLAST yang didapat digunakan untuk melihat spesies yang ditemukan berdasarkan data sampel. Identifikasi dilanjutkan dengan analisis jarak genetik dihitung dengan menggunakan *pairwise distance* melalui software Mega 11 (Tamura *et al.*, 2021). Pohon filogenetik dibangun berdasarkan metode Neighbour Joining model evolusi P-distance dan replikasi bootstraps 1000x melalui software Mega 11 (Tamura *et al.*, 2021), dengan memasukan *sequens R. nilotica* accession KT149313 Moorea Island (Ardura *et al.*, 2015), AY923938 Moorea Island (Geiger & Thacker, 2005), dan EU530151 New Caledonia (Williams *et al.*, 2008).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Sampel keong lola merah yang diperoleh dari Kepulauan Kei adalah 35 spesimen, 7 individu ditemukan dari Pulau Kur, 13 individu dari Pulau Tanimbar Kei, 9 individu dari Pulau ErGodan dan 6 individu dari Ellar. Panjang total yang ditemukan yaitu 96,5 mm – 105,8 mm (P. Kur); 74,8 mm – 114,6 mm (P. Tanimbar Kei); 84 mm – 131 mm (P. ErGodan) dan 83,8 mm - 122,4 mm (Ellar). Sedangkan total berat yang ditemukan yaitu 299,80 g – 423,60 g (P. Kur); 158,20 g – 498,20 g (P. Tanimbar Kei); 193,50 g – 389 g (P. ErGodan) dan 224,8 g -500 g (Ellar). Data selengkapnya untuk panjang dan berat keong lola merah dapat dilihat pada Tabel 1. Data kisaran panjang cangkang kong lola merah di empat lokasi penelitian menunjukkan bahwa individu yang diperoleh berukuran besar dan telah mencapai tingkat kematangan gonad serta siap memijah. Hasil pengamatan di berbagai perairan tropis, tentang matang gonad pertama kali pada keong lola terjadi setelah mencapai ukuran 55.00-90.00 mm (Nash, 1985). Ukuran pertama kali matang gonad keong lola dicapai setelah ukuran diameter basal 80 mm sampai 125 mm (Woodhams & Rodgers, 2010). Populasi keong lola

merah di perairan Maluku mencapai tingkat kematangan gonad dan pernah memijah pada ukuran 6,0 cm (Arifin & Pradina, 1993). Perairan Nolloth (P. Saparua) ditemukan keong lola dalam kondisi matang gonad pada ukuran cangkang 53,95 mm dan 59,44 mm (Arifin, 1993).

Hasil dari perhitungan hubungan panjang-berat keong lola merah disajikan pada tabel 2. Keseluruhan dihasilkan persamaan keong lola merah dari P. Kur $W=0,27253L^{1,57940}$ dengan koefisien determinasi (R^2)= 26,94%, P. Tanimbar Kei $W=0,00006L^{3,3937}$ dengan koefisien determinasi (R^2)= 90,18%, P. ErGodan $W=0,00132L^{2,70120}$ dengan koefisien determinasi (R^2)= 79,69%, Ellar $W= 0,00003L^{3,52760}$ dengan koefisien determinasi (R^2)= 88,63% (Gambar 3). Karakter morfometrik diukur untuk mengetahui variasi morfologi dalam suatu spesies yang diakibatkan oleh perbedaan kondisi lingkungan dan ketersediaan nutrisi di lingkungan (Chiu *et al.*, 2002). Berdasarkan hasil penelitian keong lola merah di Kepulauan Kei menunjukkan pola pertumbuhan alometrik. Pola pertumbuhan alometrik negatif (nilai $b < 3$) menunjukkan pola pertumbuhan keong lola merah yang ditandai penambahan berat badan lebih lambat dari panjang, ditunjukkan pada populasi P. Kur dan P. ErGodan (Effendi, 2002). Hasil tersebut sama dengan penelitian Samu *et al.* (2012) yang menemukan pola pertumbuhan alometrik negatif pada keong lola merah jantan dan betina di Desa Porto Saparua, Maluku Tengah. Penelitian Utami *et al.* (2022) menunjukkan pola pertumbuhan mengikuti model alometrik negatif pada keong lola merah di Pulau Enggano, Sumbawa dan Morella.



Gambar 3. Hubungan panjang berat lola merah di Pulau Kur, Pulau Tanimbar Kei, Pulau ErGodan dan Ohoi Ellar

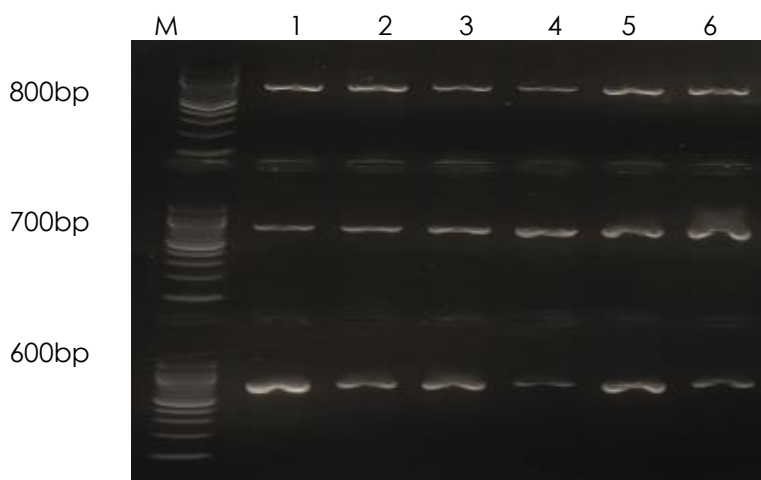
Pola pertumbuhan alometrik positip (nilai $b > 3$) menunjukkan pola pertumbuhan keong lola merah yang ditandai pertambahan berat badan lebih cepat dari panjangnya, ditunjukkan pada populasi P. Tanimbar Kei dan Ohoi Ellar. Hasil tersebut sama dengan penelitian Utami *et al.* (2022) yang menemukan pola pertumbuhan allometrik positip pada keong lola merah di Kepulauan Kei dan Penelitian Samu *et al.* (2012) menunjukkan pola pertumbuhan keong lola merah betina di Desa Siri Sori Amapatty adalah alometrik positif. Kecepatan pertumbuhan keong lola merah tidak akan sama pada lokasi yang berbeda. Menurut (Innal *et al.*, 2015), kondisi biometrik organisme akuatik dapat dipengaruhi oleh beberapa faktor, seperti jumlah sampel, perbedaan jenis kelamin, ketersediaan makanan, serta kondisi lingkungan perairan. Mulki *et al.* (2014) dan Saleky *et al.* (2016) menyatakan dalam penelitiannya bahwa pertumbuhan pada individu yang lebih muda lebih banyak fokus pada pertumbuhan cangkang sehingga pertumbuhan cangkang lebih cepat dari pertumbuhan berat badan.

Hasil elektroforesis DNA sampel keong lola merah diperlihatkan pada Gambar 3, setelah melakukan ekstraksi DNA yang dikolektifkan. Hasil ekstraksi DNA memperlihatkan pita yang tebal, utuh dan tanpa adanya smear menandakan keberhasilan dalam proses ekstraksi DNA dari sampel keong lola merah. Produk PCR yang dihasilkan dari proses amplifikasi DNA menunjukkan pita terbentuk sesuai dengan target length dari primer yang digunakan pada kisaran ~800 bp.

Hasil amplifikasi DNA melalui PCR menghasilkan fragmen sepanjang 646 bp. Analisis homologi berdasarkan BLAST-N pada Genbank NCBI database menunjukkan hasil spesies *Rochia nilotica* Linnaeus, 1767 dengan nilai query 97 % dan nilai similaritas lebih besar dari 93% untuk semua sampel (Tabel 2). Query Coverage adalah persentase dari panjang nukleotida yang selaras dengan BLAST

Tabel 1. Panjang Cangkang dan Berat Lola

Lokasi	Jumlah (ind)	Panjang (mm)			Berat (gr)		
		Min	Max	Rata-rata	Min	Max	Rata-rata
P. Kur	7	96,5	105,8	100,8	299,80	423,60	346,59
P. Tanimbar Kei	13	74,8	114,6	95,6	158,20	498,20	284,82
P. ErGodan	9	84	131	97,2	193,50	389	285,93
Ohoi Ellar	6	83,8	122,4	101,3	224,80	500	374,17



Gambar 3. Hasil visualisasi DNA menggunakan teknik elektroforesis pada produk amplifikasi DNA siput lola

(Basic Local Alignment Search Tool) pada NCBI (National Center of Biotechnology Information). *Similarity* adalah persentase yang menunjukkan tingkat kepercayaan terhadap *High Similary Sequences*. Komposisi nukleotida rata-rata yang ditemukan pada fragemen COI lola merah (*R. nilotica*) adalah nukleotida Timin (T) sebesar 24.54%, Citosin (C) 21.76%, Adenin (A) 36.60%, dan Guanin (G) sebesar 17.10%.

Situs yang bervariasi pada pensejajaran sekuen DNA menunjukkan adanya mutasi pada nukleotida. Mutasi substitusi merupakan jenis mutasi pergantian basa nukleotida dengan basa nukleotida lainnya (Graur & Li, 2000). Mutasi substitusi terbagi dalam dua tipe, yaitu substitusi transisi dan substitusi transvers. Substitusi transisi merupakan pergantian basa nukleotida A dan G (purin) atau C dan T (pirimidin), sedangkan mutasi transvers merupakan pergantian basa nukleotida kelompok purin menjadi nukleotida kelompok pirimidin atau sebaliknya (Graur & Li, 2000). Hasil penelitian menunjukkan jumlah mutasi substitusi pada lola merah berjumlah 18 mutasi titik, dengan komposisi 15 substitusi transisi dan 3 substitusi transvers. Hasil analisis probabilitas substitusi nukleotida disajikan pada Tabel 3. Nilai probabilitas substitusi paling tinggi ditemukan pada basa A, diikuti oleh basa T/U, C, dan G. Hasil pengukuran juga menunjukkan probabilitas substitusi transisi lebih besar dari pada substitusi transvers. (Kochzius & Nuryanto, 2008) menyatakan bahwa substitusi transisi lebih sering terjadi dibandingkan transvers. Rasio bias basa transisi dengan transvers ($t1/tv$) adalah 6.299 %.

Tabel 2. Hasil analisis homologi berdasarkan Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) terhadap sekuen lola merah asal Kepulauan Kei

Kode Sampel	Analisis BLAST	Query cover	Similarity (%)	GeneBank Accession
Lola Pulau KUR 01	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.22%	EU530151.1
Lola Pulau KUR 02	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.22%	EU530151.1
Lola Pulau KUR 03	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	99.38%	EU530151.1
Lola Pulau KUR 04	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	99.38%	EU530151.1
Lola Pulau Kur 05	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.22%	EU530151.1
Lola Tanimbar Kei 01	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.38%	EU530151.1
Lola Tanimbar Kei 02	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.06%	EU530151.1
Lola Tanimbar Kei 03	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.22%	EU530151.1
Lola Tanimbar Kei 04	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.22%	EU530151.1
Lola Tanimbar Kei 05	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.53%	EU530151.1
Lola Tanimbar Kei 06	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.17%	EU530151.1
Lola Tanimbar Kei 07	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.38%	EU530151.1
Lola Tanimbar Kei 08	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.38%	EU530151.1
Lola Tanimbar Kei 09	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.38%	EU530151.1
Lola Ellar 01	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.22%	EU530151.1
Lola Ellar 02	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.38%	EU530151.1
Lola Ellar 03	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.38%	EU530151.1
Lola Ellar 04	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	99.22%	EU530151.1
Lola Pulau Er-Godan 01	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.38%	EU530151.1
Lola Pulau Er-Godan 02	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.38%	EU530151.1
Lola Pulau Er-Godan 03	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.38%	EU530151.1
Lola Pulau Er-Godan 04	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.22%	EU530151.1
Lola Pulau Er-Godan 05	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.38%	EU530151.1
Lola Pulau Er-Godan 06	<i>Rochia nilotica</i> Linnaeus, 1767	97%	93.06%	EU530151.1

Selama proses evolusi, mutasi substitusi tergantung pada bagaimana seleksi alam memengaruhi mutasi tersebut, substitusi dapat mencerminkan mutasi yang terjadi baik atau buruk (Hershberg, 2015). Mutasi merupakan komponen evolusi penting yang memengaruhi keragaman genetik. Keragaman genetik, pada gilirannya, berdampak pada kebugaran rata-rata populasi saat ini serta kemampuannya untuk beradaptasi dengan perubahan lingkungan (Alexander *et al.*, 2016).

Hasil analisis keragaman genetik 24 sampel lola (*R. nilotica*) dengan menggunakan program DNAsp dapat dilihat pada Tabel 4. Jumlah total haplotipe yang didapat adalah 14 haplotipe. Populasi lola dari Tanimbar Kai memiliki 8 haplotipe dari 9 individu dengan 11 situs polimorfik (9 transisi, 3 transversasi). Lola dari Pulau Kur, 5 haplotipe dari 5 individu dengan 6 situs polimorfik (6 transisi, 0 transversasi). Lola dari Pulau ErGodan, 5 haplotipe dari 6 individu dengan 8 situs polimorfik (8 transisi, 0 transversasi). Lola dari Ellar, 3 haplotipe dari 4 individu dengan 3 situs polimorfik (3 transisi, 0 transversasi).

Keragaman haplotipe (H_d) populasi lola merah *R. nilotica* adalah 0.9457. Nilai keragaman haplotipe tertinggi (1.000) berasal dari populasi Pulau Kur sedangkan terendah (0.833) dari populasi Ellar. Berdasarkan Nei (1987) nilai keragaman haplotipe 0.800-1.000 masuk dalam kategori keragaman genetik tinggi. Sedangkan keragaman nukleotida adalah 0.00460, dengan nilai tertinggi (0.0557) pada populasi Pulau Kur dan terendah (0.00258) pada populasi Ellar. Keragaman genetik tinggi tersebut disebabkan tingginya variasi basa nukleotida. Keragaman genetik tinggi diikuti dengan tinggi polimorfisme dan keragaman haplotipe (De Boer *et al.*, 2014; Hui *et al.*, 2016). Polimorfisme dan keragaman haplotipe menunjukkan adanya variasi genetik dalam populasi.

Tingginya keragaman genetik pada populasi keong lola merah *R. nilotica* di Kepulauan Kei diduga karena terjadi perkawinan acak antar populasi dan mutasi. Perkawinan acak membantu meningkatkan heterozigositas dari satu generasi ke generasi lain sehingga variasi genetik dalam suatu populasi mengalami peningkatan. Perkawinan acak dapat menyebabkan terjadinya aliran genetik. Terjadinya aliran genetik bermula dari persebaran larva lola yang terbawa arus laut. Larva lola bersifat planktonis berenang pada kolom-kolom air dan bersifat *lecithotrophic* mampu menyimpan persediaan makanan. Waktu yang dibutuhkan larva lola merah berubah pola kehidupan dari cara hidup melayang (*planktonis*) ke cara hidup menempel (*bentik*) adalah 50-60 jam (Díaz-Ferguson *et al.*, 2010). Kemampuan tersebut membuat keong lola merah memiliki kemampuan dispersi yang terbatas dan lokal (fase larva yang pendek) daripada proses lingkungan dan hidrodinamik regional (Sammacco & Andrews, 1989). Kondisi tersebut menjadi pendorong terpenting perekrutan dinamika spasial sehingga terjadi konektivitas atau percampuran genetik antar populasi di Kepulauan Kei. Namun fenomena tekanan hidrodinamik dari terumbu samudera didominasi oleh aliran yang mengalir ke barat daya Arus Lintas Indonesia (ITF). Arus ini membawa kehangatan, membersihkan perairan oligotrofik dari barat Samudera Pasifik ke arah selatan melalui kepulauan Indonesia bagian timur menyebabkan penyebaran yang luas dari keong lola merah di Indo-Pasifik Barat.

Tingginya keragaman genetik juga dapat disebabkan oleh mutasi. Mutasi merupakan perubahan sequence nukleotida yang dapat menghasilkan keragaman genetik (Toha *et al.*, 2015). Hasil penelitian mendapatkan 18 situs polimorfik yang terdiri dari 7 situs *parsimony* dan 11 situs *singleton*. Dari 18 situs yang mengalami mutasi, 83.33% substitusi transisi dan 16.67% substitusi transversasi. Pengujian hipotesis mutasi netral pada polimorfisme DNA dilakukan dengan uji Tajima (1989) dan uji (Fu, 1997). Uji statistik menggunakan *Tajima test (D)* menghasilkan nilai -1.50682 dan hasil tidak signifikan ($P > 0.10$). Sedangkan uji netralitas dengan *Fu dan Li's test* menghasilkan nilai $D = -1.70435$ dan $F = -1.92148$ serta hasil signifikan ($P > 0.10$). Nilai negatif pada pengujian menunjukkan belum terjadi perkawinan *inbreeding* dan merupakan indikator tingginya keragaman genetik dan ekspansi populasi pada lola merah.

Rekonstruksi topologi pohon filogenetik antara sampel penelitian keong lola merah (*R. nilotica*) asal Kepulauan Kei, Maluku dengan kerabat dekatnya yang merupakan referensi dari GeneBank NCBI memperlihatkan kekerabatan yang terjadi antar individu dengan pembagian clade

terdekatnya merupakan *R. nilotica* dengan asal yang sama. Hasil rekonstruksi filogenetik dengan metode *Maximum parsimony* menunjukkan bahwa *R. nilotica* asal Kepulauan Kei, Maluku terpisah dengan cluster *R. nilotica* asal Moorea Island French Polynesia dan New Caledonia (Gambar 4).

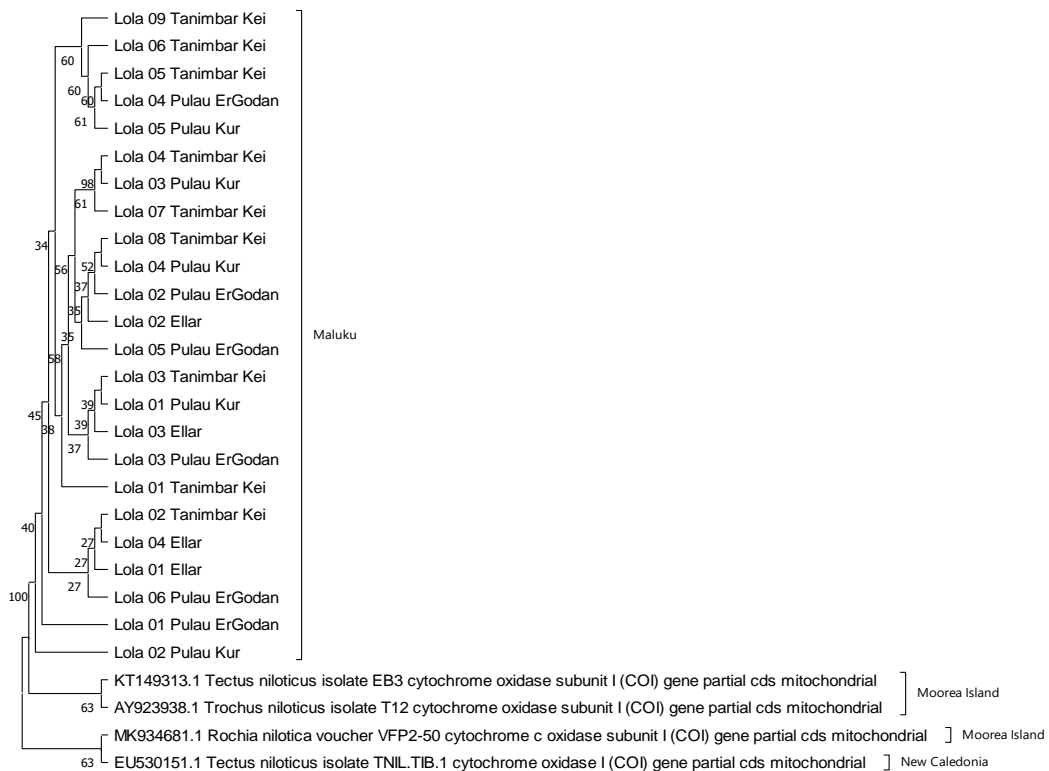
Tabel 3. Probabilitas substitusi nukleotida dengan analisis Maximum Likelihood

	A	T/U	C	G
A	-	1.58**	1.4**	13.95
T/U	2.36**	-	20.34	1.1**
C	2.36**	22.95	-	1.1**
G	29.86	1.58**	1.4**	-

Keterangan: *transisi; **transeversi

Tabel 4. Keragaman genetik lola merah *R. nilotica* di Kepulauan Kei yang di lihat dari jumlah haplotipe (H_n), keragaman haplotipe (H_d), dan keragaman nukleotida (π)

Populasi	N	H_n	H_d	π
Pulau Kur	5	5	1,0000	0,00557
Tanimbar Kei	9	8	0,9722	0,00550
Pulau ErGodan	6	5	0,9333	0,00485
Ellar	4	3	0,8333	0,00258
Total Populasi	25	14	0,9457	0,00460



Gambar 4. Pohon filogenetik keong lola merah (*R. nilotica*) menggunakan metode maximum parsimony dengan 1000 bootstraps

Perbedaan Cluster antara *R. nilotica* Kepulauan Kei dengan Moorea Island dan New Caledonia menunjukkan adanya variasi dari basa nukleotida yang menyebabkan diferensiasi genetik. Diferensiasi genetik sangat dipengaruhi oleh respon adaptasi organisme terhadap lingkungan (Solas *et al.*, 2013). Diferensiasi genetik yang signifikan juga disebabkan oleh pola isolasi jarak geografis, sejarah geologi setempat, hambatan geografis, dan kondisi oseanografis (Hui *et al.*, 2016; Yu *et al.*, 2018). (Bahri *et al.*, 2017) menyatakan bahwa organisme yang berada di Samudera Pasifik mengalami diferensiasi genetik karena secara oseanografi mengalami perbedaan batimetri, pola arus, pola suhu dan salinitas permukaan laut. Durasi larva yang singkat (50-60 jam) dari *R. nilotica* menyebabkan penyebaran menjadi terbatas dan berpotensi manajemen yang efektif (Kendrick *et al.*, 2016; Stutterd & Williams, 2003).

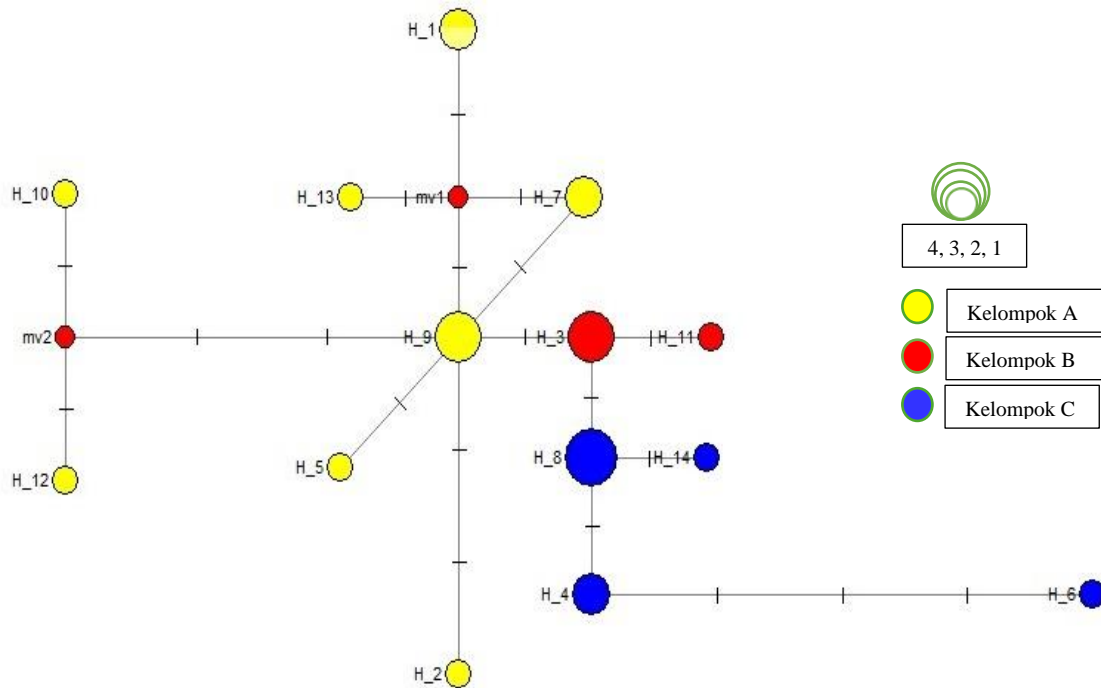
Hasil analisis memperlihatkan pohon filogenetik *R. nilotica* asal Kepulauan Kei tersusun secara monofiletik, karena berasal dari satu sumber percabangan atau satu garis keturunan nenek moyang, dengan memperlihatkan individu-individu *R. nilotica* tidak mengelompok sesuai dengan lokasi tetapi mengalami percampuran dengan individu-individu dari lokasi lain. Analisis filogenetik memperlihatkan *R. nilotica* asal Kepulauan Kei menghasilkan 4 cluster dengan nilai *bootstrap* 100 %. Cluster pertama terdiri dari individu lola 09 Tanimbar Kei, lola 06 Tanimbar Kei, lola 05 Tanimbar Kei, lola 04 Pulau ErGodan, dan lola 05 Pulau Kur dengan nilai *bootstrap* 60%. Cluster kedua terdiri dari lola 04 Tanimbar Kei, lola 03 Pulau Kur, lola 07 Tanimbar Kei, lola 08 Tanimbar Kei, lola 04 Pulau Kur, lola 02 Pulau ErGodan, lola 02 Ellar, dan lola 05 Pulau ErGodan dengan nilai *bootstrap* 56 %. Cluster ke tiga terdiri dari lola 03 Tanimbar Kei, lola 01 Pulau Kur, lola 03 Ellar, lola 03 Pulau ErGodan, dan lola 01 Tanimbar Kei dengan nilai *bootstrap* 38 %. Cluster ke empat terdiri dari lola 02 Tanimbar Kei, lola 04 Ellar, lola 01 Ellar, lola 06 Pulau ErGodan, lola 01 Pulau ErGodan, dan lola 02 pulau Kur dengan nilai *bootstrap* 40%.

Suatu kedekatan antar spesies, intraspesies, maupun antar individu dapat digambarkan melalui jarak genetik. Hasil yang diperoleh mengindikasikan populasi *R. nilotica* di Kepulauan Kei masih memiliki kekerabatan yang dekat karena secara genetik tidak berbeda. Hal ini sesuai dengan analisis jarak genetik, yang menunjukkan bahwa populasi *R. nilotica* memiliki kedekatan secara genetik dengan nilai jarak genetik rendah. *Jarak genetik antar individu lola merah dalam populasi berkisar 0.0026* (Ohoi Ellar) hingga 0.0056 (Pulau Kur). Antar Populasi, Jarak genetik terendah (0.0034) terjadi antara populasi Pulau ErGodan dengan Ohoi Ellar dan tertinggi (0.0052) antara populasi Pulau Tanimbar Kei dengan Pulau Kur (Tabel 5). Nei (1987) menyatakan bahwa nilai jarak genetik 0.010 – 0.099 masuk dalam kategori rendah. Semakin dekat hubungan kekerabatan antara populasi tersebut, maka semakin rendah nilai jarak genetik yang diperoleh begitu pun sebaliknya.

Hasil analisis jaring haplotipe menunjukkan bahwa terdapat tiga kelompok utama populasi keong lola merah (*R. nilotica*) di Kepulauan Kei (Gambar 5), yaitu kelompok A, B, dan C. Kelompok A terdiri dari 8 haplotipe yang tersebar di seluruh populasi *R. nilotica* di Kepulauan Kei, di mana populasi dominan adalah Pulau Tanimbar Kei dengan 4 haplotipe dan 5 individu. Pada kelompok A

Tabel 5. Analisis jarak genetik dalam dan antar populasi lola merah (*R. nilotica*) di Kepulauan Kei

Jarak Genetik	Lokasi	Pulau Kur	Pulau Tanimbar Kei	Ohoi Ellar	Pulau ErGodan
Dalam Populasi	Pulau Kur	0.0056	-	-	-
	Pulau Tanimbar Kei	-	0.0055	-	-
	Ohoi Ellar	-	-	0.0026	-
	Pulau ErGodan	-	-	-	0.0049
Antar Populasi	Pulau Kur	-	-	-	-
	Pulau Tanimbar Kei	0.0052	-	-	-
	Ellar	0.0037	0.0039	-	-
	Pulau ErGodan	0.0046	0.0049	0.0034	-



Gambar 5. Konektivitas 14 haplotipe dari 24 sampel keong lola merah (*R. nilotica*) di Kepulauan Kei dengan menggunakan metode *median joining* (keterangan: lokasi ditandai dengan warna, setiap haplotipe diwakili lingkaran, ukuran lingkaran menunjukkan frekuensi haplotipe).

berisi 6 haplotipe unik yaitu ditemukan hanya pada satu lokasi. Haplotipe 2 dari Pulau Tanimbar Kei dan Haplotipe 9 terdiri Pulau ErGodan dan Ohoi Ellar merupakan yang paling khas yang dibatasi oleh 2 mutasi. Kelompok B terdiri dari 2 haplotipe dan tersebar di seluruh populasi *R. nilotica* di Kepulauan Kei. Kelompok C memiliki 4 haplotipe dan tersebar di seluruh populasi *R. nilotica* di Kepulauan Kei. Haplotipe 8 memiliki jumlah individu terbanyak (4 individu) yang terdapat pada 3 populasi, kecuali Ohoi Ellar. Selain itu, haplotipe 6 merupakan yang paling berbeda pada kelompok C karena dibatasi 3 mutasi. Berdasarkan analisis jaringan haplotipe (Gambar 5), setiap haplotipe pada populasi *R. nilotica* di Kepulauan Kei dipisahkan oleh 1-3 mutasi.

Hasil tersebut menunjukkan bahwa terjadi percampuran haplotipe pada seluruh populasi *R. nilotica* di Kepulauan Kei yang ditunjukkan dengan tidak adanya klade tertentu. Tingginya haplotipe unik pada populasi *R. nilotica* di Kepulauan Kei menunjukkan adanya variasi genetik lokal pada populasi tersebut. Percampuran haplotipe menunjukkan bahwa telah terjadi perkawinan acak pada populasi *R. nilotica* di Kepulauan Kei. Perkawinan acak terjadi karena adanya aliran gen yang dibawa arus permukaan, diduga dipengaruhi pola angin muson terutama muson tenggara (Prawiwardoyo, 1996).

KESIMPULAN

Karakterisasi morfometri keong lola merah (*Rochia nilotica*) dari Kepulauan Kei, Maluku menunjukkan pola pertumbuhan alometri negatif di Pulau Kur dan Pulau ErGodan, sedangkan Pulau Tanimbar Kei dan Ohoi Ellar menunjukkan pola pertumbuhan alometri positif. Identifikasi secara DNA barcoding menunjukkan spesies *R. nilotica* dengan fragmen sepanjang 646 bp dan nilai similitas 93 %. Keragaman genetik *R. nilotica* pada populasi Pulau Tanimbar Kei, P. Kur, Ohoi Ellar, dan P. ErGodan cenderung tinggi yaitu H_d antara 0.833 -1 dan π antara 0.00460-0.0557. Rekonstruksi pohon filogenetik menghasilkan lima cluster besar yang membagi *R. nilotica* Kepulauan Kei dengan

kelompok *R. nilotica* Moorea Island dan New Caledonia. Analisis jarak genetik menunjukkan bahwa populasi *R. nilotica* memiliki kedekatan secara genetik dengan nilai jarak genetik. Hasil analisis jaring haplotipe menunjukkan bahwa terdapat tiga kelompok utama populasi keong lola merah (*R. nilotica*) di Kepulauan Kei.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini merupakan bagian dari kegiatan Riset Pengembangan Kapasitas (RPK) Pusat Riset Oseanografi-BRIN, yang dibiayai oleh program COREMAP-CTI tahun anggaran 2021-2022.

DAFTAR PUSTAKA

- Abukena, S. La, Wardiatno, Y., Setyobudiandi, I., & Khouw, A.S. (2014a). Pertumbuhan Siput Lola (*Trochus niloticus* L. 1767) di Perairan Kepulauan Banda Naira Kabupaten Maluku Tengah. *Jurnal Biologi Indonesia*, 10(2), 307–313.
- Abukena, S. La, Wardiatno, Y., Setyobudiandi, I., & Khouw, A.S. (2014b). Study of *Trochus niloticus* Growth Population as Determination Base of Number and Harvest Time Distance in Rhun Island Waters. *IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science*, 7(2), 43–49. www.iosrjournals.org
- Alexander, H.K., Mayer, S.I., & Bonhoeffer, S. (2016). Population Heterogeneity in Mutation Rate Increases the Frequency of Higher-Order Mutants and Reduces Long-Term Mutational Load. *Mol. Biol. Evol.*, 2(34), 419–436. doi: 10.1093/molbev/msw244
- Ardura, A., Planes, S., & Garcia-Vazquez, E. (2015). Aliens in Paradise. Boat density and exotic coastal mollusks in Moorea Island (French Polynesia). *Marine Environmental Research*, 112, 56–63. doi: 10.1016/j.marenvres.2015.08.007
- Arifin, Z. (1993). Sebaran Geografis, Habitat dan Perikanan Siput Lola (*Trochus niloticus*) di Maluku. *Jurnal Fakultas Perikanan Unsrat*, 11(3), 40–48.
- Arifin, Z., & Pradina. (1993). *Conservation and sustainable use of lola gastropoda (Trochus niloticus L.) in Banda Island, Indonesia.*
- Bahri, S., Atmadipoera, A.S., & Madduppa, H.H. (2017). Genetic diversity of Olive Ridley *Lepidochelys olivacea* associated with current pattern in Cendrawasih Bay, Papua. *Jurnal Ilmu Dan Teknologi Kelautan Tropis*, 9(2), 747–760. doi: 10.29244/jitkt.v9i2.19307
- Barco, A., Raupach, M. J., Laakmann, S., Neumann, H., & Knebelberger, T. (2016). Identification of North Sea molluscs with DNA barcoding. *Molecular Ecology Resources*, 16(1), 288–297. doi: 10.1111/1755-0998.12440
- Chiu, Y.W., Chen, H.C., Lee, S.C., & Chen, C. A. (2002). Morphometric analysis of shell and operculum variations in the viviparid snail *Cipangopaludina chinensis* (Mollusca: Gastropoda) in Taiwan. *Zoological Studies*, 41(3), 321–331.
- Coates, D.J., Byrne, M., & Moritz, C. (2018). Genetic Diversity and Conservation Units: Dealing With the Species-Population Continuum in the Age of Genomics. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 6, 1–13. doi: 10.3389/fevo.2018.00165
- De Boer, 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. (2014). Concordant phylogenetic patterns inferred from mitochondrial and microsatellite DNA in the giant clam *Tridacna crocea*. *Bulletin of Marine Science*, 90(1), 301–329. doi: 10.5343/bms.2013.1002
- Díaz-Ferguson, E., Haney, R., Wares, J., & Silliman, B. (2010). Population Genetics of a Trochid Gastropod Broadens Picture of Caribbean Sea Connectivity. *PLoS ONE*, 5(9), e12675. doi: 10.1371/journal.pone.0012675
- Effendi, Moch. I. (2002). *Biologi Perikanan*. Yayasan Pustaka Nusatama.
- Fu, Y.-X. (1997). Statistical Tests of Neutrality of Mutations Against Population Growth, Hitchhiking and Background Selection. *Genetics*, 147, 915–925.
- Galan, G.L., Mendez, N., & Cruz, R. Dela. (2018). DNA Barcoding of three Selected Gastropod Species using Cytochrome Oxidase (COI) Gene. *Annals of West University of Timișoara, Ser. Biology*, 21(1), 93–102.

- Geiger, D.L., & Thacker, C.E. (2005). Molecular phylogeny of Vetigastropoda reveals non-monophyletic Scissurellidae, Trochoidea, and Fissurelloidea. *Molluscan Research*, 25(1), 47–55.
- Geller, J., Meyer, C., Parker, M., & Hawk, H. (2013). Redesign of PCR primers for mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I for marine invertebrates and application in all-taxa biotic surveys. *Molecular Ecology Resources*, 13(5), 851–861. doi: 10.1111/1755-0998.12138
- Gillet, R., & Tauati, M.I. (2018). Fisheries in the Pacific. Regional and national information. Food and Agricultural Organization of The United Nation.
- Gillett, R., McCoy, M., Bertram, I., Kinch, J., & Desurmont, A. (2020). Trochus in the Pacific Islands region: A review of the fisheries, management and trade. Pacific Community.
- Graur, D., & Li, W.H. L. (2000). Fundamental of Molecular Evolution. Second Edition. Massachusetts (US): (Second). Sinauer Associates.
- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L., & DeWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512), 313–321. doi: 10.1098/rspb.2002.2218
- Hershberg, R. (2015). Mutation-The Engine of Evolution: Studying Mutation and Its Role in the Evolution of Bacteria. *Cold Spring Harbor Laboratory Press*, p.1–3. doi: 10.1101/cshperspect.a018077
- Huelsken, T., Keyse, J., Liggins, L., Penny, S., & Trembl, E.A. (2013). A Novel Widespread Cryptic Species and Phylogeographic Patterns within Several Giant Clam Species (Cardiidae: Tridacna) from the Indo-Pacific Ocean) A Novel Widespread Cryptic Species and Phylogeographic Patterns within Several Giant Clam Species (Cardiidae: Tridacna) from the Indo-Pacific Ocean. *PLoS ONE*, 8(11), 80858. doi: 10.1371/journal.pone.0080858
- Hui, M., Kraemer, W. E., Seidel, C., Nuryanto, A., Joshi, A., & Kochzius, M. (2016). Comparative genetic population structure of three endangered giant clams (Cardiidae: Tridacna species) throughout the Indo-West Pacific: implications for divergence, connectivity and conservation. *Journal of Molluscan Studies*, 82, 403–414. doi: 10.1093/mollus/eyw001
- Innal, D., Özdemir, F., & Dogangil, B. (2015). Length-Weight relationships of *Oxynoemacheilus theophilii* (Teleostei: Nemacheilidae) from Turkey. *Journal of Applied Ichthyology*, 2(4), 249–250.
- Kendrick, A., Wilson, S., Friedman K, Waples, K., Whiting, S., Holmes, T., Rule, M., Halford, A., QUartermaine, T., Bobojcov, A., Mccarthy, A., Stevens, D., MARshall, R., Barnes, P., Holley, D., Jennings, P., Evans, M., Dasey, M., Ossinger, S., & Holmes, J. (2016). Strategic marine ecological research priorities for CALM act marine parks and reserves 2016–2021. *Conservation Science W. Aust.*, 10(7), 1–15.
- 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(17), 3775–3787. doi: 10.1111/j.1365-294X.2008.03803.x
- Kurnianto, D. (2015). Kepadatan lola (*Trochus niloticus*) di Kei Besar Utara Timur Maluku Tenggara. *Prosiding Seminar Ilmiah Tahunan Ke-2, Perikanan Dan Pembangunan Politeknik Perikanan Negeri Tual*, 23-26
- Kusnadi, A., Kurnianto, D., Madduppa, H., Zamani, N.P., Ibrahim, P.S., Hernawan, U.E., Utami, R.T., & Triandiza, T. (2022). Genetic diversity and population structure of the boring giant clam (*Tridacna crocea*) in Kei Islands, Maluku, Indonesia. *Biodiversitas*, 23(3), 1273–1282. doi: 10.13057/biodiv/d230311
- Leimena, H.E.P., Subahar, T.S., & Adiarto. (2007). Kepadatan, Biomassa, dan Pola Distribusi Keong Lola (*Trochus niloticus*) di Pulau Saparua, Kabupaten Maluku Tengah. *Berkala Penelitian Hayati*, 12, 73–78. doi: 10.23869/bphjbr.13.1.200712
- 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 The Malacological Society of London Molluscan Studies Journal of Molluscan Studies*, 86, 56–63. doi: 10.1093/mollus/eyz033
- Madduppa, H., Ayuningtyas, R.U., Subhan, B., Arafat, D., & Prehadi, P. (2016). Exploited but Unevaluated: DNA Barcoding Reveals Skates and Stingrays (Chordata, Chondrichthyes) Species Landed in the Indonesian Fish Market. *Ilmu Kelautan: Indonesian Journal of Marine Sciences*, 21(2), 77-84. doi: 10.14710/ik.ijms.21.2.77-84

- Madduppa, H., Timm, J., & Kochzius, M. (2018). Reduced genetic diversity in the clown anemonefish *Amphiprion ocellaris* in exploited reefs of Spermonde Archipelago, Indonesia. *Frontiers in Marine Science*, 5, 80. doi: 10.3389/fmars.2018.00080
- Martiansyah, I. (2021). Mini Review: Pendekatan Molekuler DNA Barcoding: Studi Kasus Identifikasi dan Analisis Filogenetik *Syzygium* (Myrtaceae). *Prosiding Biologi Achieving the Sustainable Development Goals with Biodiversity in Confronting Climate Change*, 7(1), 187–195.
- Mauro, A., Arculeo, M., & Parrinello, N. (2003). Morphological and molecular tools in identifying the Mediterranean limpets *Patella caerulea*, *Patella aspera* and *Patella rustica*. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 295(2), 131–143. doi: 10.1016/S0022-0981(03)00291-0
- Mulki, A., Suryono, C., & Suprijanto, J. (2014). Variations in the size of blood clams (*Anadara granosa*) in the coastal waters of Genuk Sub District, Semarang. *Journal of Marine Research*, 3(2), 122–131.
- Nash, N. (1985). Aspects of the biology of *Trochus niloticus* (Gastropoda: Trochidae) and its fishery in the Great Barrier Reef region. Report to the Queensland Department of Primary Industries, and to the Great Barrier Reef Marine Park Authority (p. 210).
- Nei, M. (1987). *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press.
- Nuryanto, A., & Solihin, D.D. (2006). Variasi Sekuens Gen Mitokondrial Sitokrom C Oksidase I dari Siput Lola (*Trochus niloticus*). *Biosfera*, 23(1), 31–37.
- Ode, I., Sangadji, M., & Tuahuns, W. (2024). Kepadatan dan Pola Distribusi Siput Lola (*Trochus niloticus*) di Perairan Pantai Desa Malaku, Maluku Tengah. *Jurnal Agrohut*, 15(1), 30-37.
- Pakoa, K. M., Friedman, K., & Damlamian, H. (2010). *The status of trochus (Trochus niloticus) in Tongatapu Lagoon, Kingdom of Tonga*.
- Prawiwardoyo, S. (1996). *Meteorologi*. ITB Pr.
- Purcell, S. W., & Ceccarelli, D. M. (2020). Population colonization of introduced trochus (Gastropoda) on coral reefs in Samoa. *Restoration ecology*, 29(1), 1–12. doi: 10.1111/rec.13312
- Purcell, S.W., Tagliafico, A., Cullis, B.R., & Gogel, B.J. (2021). Socioeconomic impacts of resource diversification from small-scale fishery development. *Ecology and Society*, 26(1), 14. doi: 10.5751/ES-12183-260114
- Purcell, S. W., Tiitii, S., Aiafi, J., Tone, A., Tony, A., Lesa, M., Esau, C., Cullis, B., Gogel, B., Seinor, K., D., Ceccarelli, & Tagliafico, A. (2019). Ecological and socioeconomic impacts of trochus introductions to. *SFC Fisheries Newsletter*, 160, 36–40.
- Ramadhaniaty, M., Setyobudiandi, I., & Madduppa, H.H. (2018). Morphogenetic and population structure of two species marine bivalve (Ostreidae : *Saccostrea cucullata* and *Crassostrea iredalei*) in Aceh , Indonesia. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 19(3), 978–988. doi: 10.13057/biodiv/d190329
- Robertis, A. De, & Williams, K. (2008). Weight-Length Relationships in Fisheries Studies: The Standard Allometric Model Should Be Applied with Caution. *Transactions of the American Fisheries Society*, 137(3), 707–719. doi: 10.1577/T07-124.1
- Saleky, D., Leatemia, S.P., Pattiasina, T.F., Isma, I., Pangaribuan, R.D., Welliken, M.A., Melmambessy, E.H. & Dailami, M. (2020). Analisis Pola Pertumbuhan dan Pendekatan DNA Barcoding untuk Identifikasi *Turbo stenogyrus* P. Fischer, 1873 (Mollusca: Gastropoda). *Biotropika: Journal of Tropical Biology*, 8(2), 79–86. doi: 10.21776/ub.biotropika.2020.008.02.03
- Saleky, D., Setyobudiandi, I., Toha, H.A., & Takdir, M. (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
- Sammarco, P. W., & Andrews, J.C. (1989). The Helix experiment: Differential localized dispersal and recruitment patterns in Great Barrier Reef corals. *Limnology and Oceanography*, 34(5), 869–912. doi: 10.4319/lo.1989.34.5.0896
- Samu, A.S.S., Pattikawa, J.A., & Uneputti, P.A. (2012). Hubungan Panjang-Bobot Siput Lola (*Trochus niloticus*) Di Perairan Kecamatan Saparua, Maluku Tengah. *Bawal*, 4(2), 97–103.
- Santhanam, R. (2019). *Biology and Ecology of Edible Marine Gastropod Molluscs*. Apple Academic Press, Inc.

- Siahainenia, L., Lamuhamad, R.M., Retraubun, A.S.W., Selanno, D.A.J., & Pattikawa, J.A. (2024). DISTRIBUSI UKURAN, KEPADATAN DAN POTENSI SIPUT LOLA (*Rochia nilotica*) DI PERAIRAN PULAU RHUN, KECAMATAN BANDA, KABUPATEN MALUKU TENGAH. *Triton: Jurnal Manajemen Sumberdaya Perairan*, 20(1), 36–43. doi: 10.30598/TRITONvol20issue1page36-43
- Simbolon, A. R., & Aji, L. P. (2021). Identifikasi molekular dan struktur filogenetik Moluska (Gastropoda dan Bivalvia) di perairan Biak, Papua. *Bawal Widya Riset Perikanan Tangkap*, 13(1), 11–21.
- Solas, M.R., Sepúlveda, R.D., & Brante, A. (2013). Genetic variation of the shell morphology in *Acanthina monodon* (Gastropoda) in habitats with different wave exposure conditions. *Aquatic Biology*, 18(3), 253–260. doi: 10.3354/ab00508
- Stutterd, E., & Williams, G. (2003). The future of bêche-de-mer and trochus fisheries and aquaculture in Australia. Final report to the Fisheries Resources Research Fund.
- Subhan. (2014). Analisis Kadar Protein pada Daging Lola (*Trochus niloticus*. L) Basah dan Kering. *Biology Science & Education*, 3(2), 159–166.
- Sun, S., Li, Q., Kong, L., Yu, H., Zheng, X., Yu, R., Dai, L., Sun, Y., Chen, J., Liu, J., Ni, L., Feng, Y., Yu, Z., Zou, S., & Lin, J. (2016). DNA barcoding reveal patterns of species diversity among northwestern Pacific molluscs. *Scientific Reports*, 6(33367), 1–17. doi: 10.1038/srep33367
- Tajima, F. (1989). Statistical Method for Testing the Neutral Mutation Hypothesis by DNA Polymorphism. *Genetics*, 123, 585–595.
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular biology and evolution*, 7(38), 3022–3027. doi: 10.1093/molbev/msab120
- Toha, A., Sumitro, S., Widodo, & Hakim, L. (2015). Sekilas tentang Mutasi. *Konservasi Biodiversitas Raja Ampat*, p. 9–13.
- Triandiza, T., Kusnadi, A., Madduppa, H., Zamani, N. P., Hernawan, U. E., Pesillette, R. N., Yamko, A. K., Anggraini, N. P., Hulwani, F. Z., Hardono, I. H., & Utami, R. T. (2022). Identifikasi dan Analisis Filogenetik Kerang Kima (Genus *Tridacna*) dari Pulau Kur Menggunakan DNA Barcoding. *Al-Kauniyah: Jurnal Biologi*, 15(1), 96–106. doi: 10.15408/kauniyah.v15i1.17631
- Trivedi, S., Aloufi, A.A., Ansari, A.A., & Ghosh, S.K. (2016). Role of DNA barcoding in marine biodiversity assessment and conservation: An update. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 23(2), 161–171. doi: 10.1016/j.sjbs.2015.01.001
- Udo, P.J. (2013). Length-Weight / Girth Relationship and Condition Factor of the Periwinkle *Tympanotonus fuscatus*, (Cerithidae: Gastropoda) of the Cross River, Nigeria. *International Journal of Fisheries and Aquatic Studies*, 1(1), 26–28.
- Utami, R.T., Ibrahim, P.S., Kusnadi, A., Kurnianto, D., Triandiza, T., & Pesillette, R.N. (2022). Hubungan Panjang Berat dan Faktor Kondisi Siput Lola (*Rochia nilotica*) di Perairan Maluku, Sumbawa, dan Bengkulu. *Jurnal Kelautan Tropis*, 25(3), 320–328. doi: 10.14710/jkt.v25i3.14089
- Williams, S.T., Karube, S., & Ozawa, T. (2008). Molecular systematics of Vetigastropoda: Trochidae, Turbinidae and Trochoidea redefined. *Zoologica Scripta*, 37(5), 483–506. doi: 10.1111/j.1463-6409.2008.00341.x
- Woodhams, J., & Rodgers, M. (2010). Torres Strait Sea Cucumber and Trochus Fisheries. *Fishery status reports*.
- WoRMS. (2020). *Rochia nilotica* (Linnaeus, 1767). World Register of Marine Species at: <http://www.marinespecies.org/Aphia.php?P=taxdetails&id=1251282>.
- Yu, S., Liu, S., Jiang, K., Zhang, J., Jiang, Z., Wu, Y., Huang, C., Zhao, C., Huang, X., & Trevathan-Tackett, S.M. (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