

**PHYLOGEOGRAPHY OF THE HALMAHERA WALKING
SHARK (*Hemiscyllium halmahera*, ALLEN, ERDMANN AND
DUDGEON, 2013) BASED ON *ND4* GENE**

By:

Raihan Widariantio Putra

20/454391/BI/10410

Seminar Advisor: Dr. Dwi Sendi Priyono, S.Si., M.Si.

ABSTRACT

Halmahera walking shark (*Hemiscyllium halmahera*) is one of nine species in the *Hemiscyllium* genus, endemic to Halmahera, North Maluku. Its population has been declining due to artisanal fishing pressure and habitat degradation. As a shallow reef-associated species with a highly restricted distribution range, it is suspected to be unable to traverse depths greater than 50 meters. Therefore, understanding its genetic diversity and population structure is crucial for effective conservation management. This study investigates genetic diversity and phylogeography of *H. halmahera* in North Maluku through DNA Barcoding of the *Mitochondrial ND4* gene. Sixteen samples were successfully sequenced from three locations around Morotai island: Kokoya (n=2), Dodola (n=8), and Saminyamau (n=6). Additional sequences were obtained from Ternate (n=2) and Weda Bay (n=2) through previous studies. Analyses of twenty *ND4* gene sequences (648 bp) revealed 13 variable sites and seven distinct haplotypes across North Maluku. Haplotype diversity (h) ranged from 0.00 to 1.00, while nucleotide diversity (π) ranged from 0.0000 to 0.0108. AMOVA results revealed significant genetic differentiation among the five locations ($F_{ST} = 0.356$; $P < 0.05$). Pairwise fixation index analysis indicated the highest genetic differentiation between Kokoya and Weda Bay ($F_{ST} = 0.8$; $P < 0.05$). The haplotype network showed that one haplotype (H5) was shared among Kokoya, Dodola, and Saminyamau. This study identified three distinct subpopulations of halmahera walking shark: Morotai subpopulation (Kokoya, Dodola, Saminyamau), Ternate subpopulation, and Weda Bay subpopulation. Co-management strategies should be implemented to support conservation efforts for this species across multiple marine protected areas (MPAs) in Halmahera, North Maluku.

KEYWORDS: DNA Barcoding, Haplotype Network, *Hemiscyllium halmahera*, *ND4*, Phylogeography

**FILOGEOGRAFI HIU JALAN HALMAHERA
(*Hemiscyllium halmahera*, ALLEN, ERDMANN DAN DUDGEON 2013)
BERDASARKAN GEN ND4**

Raihan Widariantio Putra

20/454391/BI/10410

Dosen Pembimbing:: Dr. Dwi Sendi Priyono, S.Si., M.Si.

INTISARI

Hiu berjalan Halmahera (*Hemiscyllium halmahera*) adalah salah satu dari sembilan spesies dalam genus *Hemiscyllium*, endemik di Halmahera, Maluku Utara. Populasinya telah menurun akibat tekanan perikanan dan degradasi habitat. Sebagai spesies yang terkait dengan terumbu karang dangkal dengan sebaran yang sangat terbatas, spesies ini diduga tidak mampu melintasi kedalaman lebih dari 50 meter. Oleh karena itu, pemahaman tentang keanekaragaman genetik dan struktur populasinya sangat penting untuk pengelolaan konservasi yang efektif. Studi ini menyelidiki keanekaragaman genetik dan filogeografi *H. halmahera* di Maluku Utara menggunakan *Barcoding DNA* gen mitokondria ND4. Enam belas sampel berhasil diurutkan dari tiga lokasi di sekitar pulau Morotai: Kokoya (n=2), Dodola (n=8), dan Saminyamau (n=6). Sampel tambahan diperoleh dari Ternate (n=2) dan Teluk Weda (n=2) melalui studi sebelumnya. Analisis dua puluh urutan gen ND4 (648 bp) mengungkapkan 13 situs variabel dan tujuh haplotip berbeda di seluruh Maluku Utara. Keragaman haplotip (h) berkisar dari 0,00 hingga 1,00, sedangkan keragaman nukleotida (π) berkisar dari 0,0000 hingga 0,0108. Hasil AMOVA menunjukkan diferensiasi genetik yang signifikan di antara lima lokasi ($F_{ST} = 0,356$; $P < 0,05$). Analisis indeks fiksasi berpasangan menunjukkan diferensiasi genetik tertinggi antara Kokoya dan Teluk Weda ($F_{ST} = 0,8$; $P < 0,05$). Jaringan haplotip menunjukkan bahwa satu haplotip (H5) dimiliki bersama oleh Kokoya, Dodola, dan Saminyamau. Studi ini mengidentifikasi tiga subpopulasi hiu jalan Halmahera yang berbeda: subpopulasi Morotai (Kokoya, Dodola, Saminyamau), subpopulasi Ternate, dan subpopulasi Teluk Weda. Strategi pengelolaan bersama harus diimplementasikan untuk mendukung upaya konservasi spesies ini di berbagai kawasan lindung laut (MPA) di Halmahera, Maluku Utara.

KATA KUNCI: Barcoding DNA, Jaringan Haplotipe, *Hemiscyllium halmahera*, ND4, Filogeografi