

ABSTRACT

Abstract of thesis presented to the Senate of Universiti Malaysia Terengganu in fulfilment of the requirement for the degree of Master of Science

**POPULATION GENETICS OF THE ENDANGERED GIANT CLAM
(CARDIIDAE) FOUND IN SOME MALAYSIAN ISLANDS**

NUR SYAHIRAH BINTI MAMAT

2021

Main Supervisor : Norainy Mohd Husin
Co-supervisor : Shahreza Md Sheriff, Ph.D
Institute : Institute of Tropical Aquaculture and Fisheries

Understanding the population patterns is important to get a better insight regarding the genetic relationship of giant clams populations in Malaysia. However, there is still limited data on giant clam research molecular approach in Malaysia due to previous studies have been mainly based on morphological data. Therefore, this present study is the study that utilizes the molecular techniques to investigate the population genetics of giant clams based on nine different localities inhabiting the east coast of Peninsular Malaysia across the Terengganu, Pahang and Johor islands. This study examined the species identity, genetic diversity and genetic structure of 247 samples from three giant clam species (*T. crocea*, *T. maxima* and *T. squamosa*) using multilocus mitochondrial DNA cytochrome *c* oxidase subunit 1 (mtDNA CO1) and 12 loci of nuclear DNA microsatellite markers (nDNA SSR). A total of 247 samples of 467-bp partial sequence of CO1 gene (DNA barcoding technique) successfully identified all the giant clam samples to species level based on GenBank BLAST and BOLD databases. Three highly supported clusters in the Neighbor-Joining and Maximum Likelihood

phylogenetic trees verified the morphological identification into *T. crocea*, *T. maxima* and *T. squamosa*. Then, the data from both markers were analysed for genetic diversity and genetic structure. Both marker systems revealed concordant findings of moderate to high levels of genetic diversity (mtDNA CO1= h : 0.576 to 0.859, π : 0.6% to 0.9% and nDNA SSR= H_O : 0.381 to 0.650, H_E : 0.572 to 0.845) indicating a signal of recent population expansion for the three giant clam populations in east coast of Peninsular Malaysia supported by “star-like” haplotype network of each species. However, neutrality tests do not support the signature of a relatively recent population expansion as all values are not significant. Generally, all analyses in mtDNA CO1 and nDNA SSR showed absence of population structure and high gene flow among the populations of all species studied across approximately 430 km along the east coast of Peninsular Malaysia. This is presumed to be due to long planktonic larval stage and lack of geographical barriers. Additionally, the non-significant correlation between genetic and geographic distances of all three giant clam species provided another evidence of genetic homogeneity and panmixia among giant clam populations. Therefore, these results suggested for future study to expand the sampling site and include more localities to gain greater insights. This study also highlights the importance of combining mitochondrial and nuclear markers that have different modes of inheritance and degree of polymorphisms to enhance the understanding on population genetics of giant clams, aimed for conservation and sustainable management.

ABSTRAK

Abstrak tesis yang dikemukakan kepada Senat Universiti Malaysia Terengganu
sebagai memenuhi keperluan untuk Ijazah Sarjana Sains

**GENETIK POPULASI KIMA GERGASI (CARDIIDAE) TERANCAM YANG
TERDAPAT DI BEBERAPA PULAU DI MALAYSIA**

NUR SYAHIRAH BINTI MAMAT

2021

Penyelia utama : Norainy Mohd Husin
Penyelia bersama : Shahreza Md Sheriff, Ph.D
Institut : Institut Akuakultur Tropika dan Perikanan

Pemahaman pola populasi adalah penting untuk mendapatkan pandangan yang lebih baik mengenai hubungan genetik kima gergasi di Malaysia. Walau bagaimanapun, penyelidikan kima gergasi menggunakan pendekatan molekul masih terhad di Malaysia disebabkan kajian terdahulu tertumpu kepada data morfologi. Justeru, kajian ini adalah kajian yang menggunakan teknik molekul untuk mengkaji populasi genetik kima gergasi berdasarkan sembilan lokasi berbeza di pantai timur Semenanjung Malaysia iaitu pulau-pulau di negeri Terengganu, Pahang dan Johor. Kajian ini bertujuan untuk mengenalpasti identiti spesies, kepelbagaian genetik dan struktur genetik daripada 247 spesimen tiga spesies kima gergasi (*T. crocea*, *T. maxima* dan *T. squamosa*) dengan menggunakan penanda multilokus iaitu mitokondria DNA sitokrom *c* oksidase subunit 1 (mtDNA CO1) dan 12 lokus nuklear DNA mikrosatelit (nDNA SSR). Sebanyak 247 spesimen dari jujukan separa yang berukuran 467-bp (menggunakan teknik pengekodan DNA) telah berjaya mengenal pasti semua spesies sampel kima gergasi berdasarkan pangkalan data GenBank BLAST dan BOLD. Tiga

kelompok pada pohon filogenetik Neighbor-Joining and Maximum Likelihood mengesahkan pengenalpastian morfologi kima gergasi kepada tiga spesies iaitu *T. crocea*, *T. maxima* dan *T. squamosa*. Kemudian, data dari kedua-dua penanda dianalisis untuk kepelbagaian genetik dan struktur genetik. Kedua-dua sistem penanda menunjukkan hasil yang sama dari tahap kepelbagaian genetik iaitu dari tahap sederhana hingga tinggi (mtDNA CO1 = h : 0.576 hingga 0.859, π : 0.6% hingga 0.9% dan nDNA SSR = H_o : 0.381 hingga 0.650, H_E : 0.572 hingga 0.845) menunjukkan isyarat pengembangan populasi tiga spesies kima gergasi di pantai timur Semenanjung Malaysia yang disokong oleh rangkaian haplotaip "star-like" untuk setiap spesies. Akan tetapi, ujian berkecuali (*neutrality test*) tidak menyokong berlaku pengembangan populasi yang baru kerana semua nilai ujian berkecuali tidak bererti. Secara umumnya, semua analisis dalam mtDNA CO1 dan nDNA SSR menunjukkan tiada struktur populasi dan terdapat aliran gen yang tinggi di antara populasi untuk ketiga-tiga spesies yang dikaji kira-kira 430 km di sepanjang pantai timur Semenanjung Malaysia. Hal ini mungkin disebabkan tempoh larva planktonik yang panjang dan tiada halangan geografi. Selain itu, korelasi yang tidak signifikan antara jarak genetik dan geografi untuk ketiga-tiga spesies kima gergasi memberikan petunjuk mengenai persamaan genetik dan *panmixia* dalam kalangan populasi kima gergasi. Oleh itu, hasil dari kajian ini mencadangkan untuk kajian masa depan kembangkan kawasan persampelan dan menambah lebih banyak lokasi kajian untuk mendapatkan gambaran yang lebih meluas. Kajian ini juga menegaskan pentingnya menggabungkan penanda mitokondria dan nuklear yang mempunyai mod perwarisan dan tahap polimorfisme yang berbeza bagi meningkatkan pemahaman mengenai populasi genetik kima gergasi, yang bertujuan untuk pemuliharaan dan pengurusan lestari.