

Konservasi Genetik Ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) melalui Pendekatan DNA *Barcoding* dan Analisis Filogenetik di Sungai Kumbe Merauke Papua

Dandi Saleky¹, Muhammad Dailami^{2*}

¹Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan, Universitas Musamus
Jl. Kamizaun Mopah Lama, Merauke, 99600 Indonesia

²Program Studi Budidaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Brawijaya
Jl. Veteran, Kota Malang, 65149 Indonesia
Email : muhdailami@ub.ac.id

Abstract

Genetic Conservation of White Snapper Fish (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) through DNA *Barcoding* Approach and Phylogenetic Analysis in Kumbe River Merauke Papua

Genetic data is very important as the basis for fisheries management and conservation related to connectivity between regions and population structure. White snapper Fish is one of the fish that has high economic value which is utilized either by its meat or by its swim bladder. This research was aimed to identify the species of white snapper fish were collected from the Kumbe River, Merauke Regency, Papua using the Cytochrome Oxidase I gene. The results shows that this sample is a species of *Lates calcarifer*, Bloch, 1790 with 100% similarity. The haplotype of white snapper fish from Merauke has similarities with the haplotype from Australia, Malaysia and China, this indicating that there is gene flow and connectivity among those locations. The phylogenetic tree explains the grouping of species based on genetic distance and the level of DNA Sequences similarities. Molecular approach can be used in the management and conservation of fish with high economic value.

Keywords: *Lates calcarifer*, Kumbe River, COI gene, Haplotype, Phylogenetic tree

Abstrak

Data genetik sangat penting sabagai dasar pengelolaan dan konservasi perikanan yang berhubungan dengan konektivitas antar wilayah dan juga truktur populasi. Ikan kakap putih termasuk dalam ikan yang memiliki nilai ekonomis tinggi yang dimanfaatkan baik daging ataupun gelembung renangnya. Penelitian ini dilakukan dengan tujuan mengidentifikasi spesies ikan kakap putih yang dikoleksi dari Sungai Kumbe, Kabupaten Merauke Papua dengan menggunakan gen Sitokrom Oksidase I. Hasilnya menunjukkan bahwa bahwa sampel ini adalah spesies *Lates calcarifer*, Bloch, 1790 dengan kemiripan 100 %. Haplotype ikan kakap putih asal Merauke memiliki kesamaan dengan haplotype yang berasal dari Australia, Malaysia dan Cina hal tersebut mengindikasikan adanya *sharring* genetik dan konektivitas antar lokasi. Pohon filogenetik yang terbentuk memperlihatkan pengelompokan spesies yang didasarkan pada jarak genetik dan tingkat similaritas sekuen DNA. Berdasarkan data ini, Pendekatan molekuler dapat digunakan dalam kegiatan pengelolaan dan konservasi spesies ikan ekonomis penting.

Kata Kunci: *Lates calcarifer*, Sungai Kumbe Merauke, Gen COI, Haplotype, Pohon filogenetik

PENDAHULUAN

Ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) adalah ikan yang memiliki nilai ekonomis tinggi baik untuk dikonsumsi dalam negeri ataupun sebagai komoditas ekspor (Ibrahim *et al.*, 2014). Permintaan pasar akan ikan kakap putih baik daging dan gelembung renangnya cukup tinggi, menjadikan ikan kakap putih sebagai spesies target oleh nelayan *et al.*, 2016). Laju pemanfaatan sumberdaya perikanan yang tinggi, kerusakan habitat, dan perubahan iklim cenderung dapat berpengaruh terhadap keragaman genetik spesies ikan termasuk ikan kakap putih (Martinez *et al.*, 2018). Eksplorasi dan eksploitasi sumberdaya ikan sebaiknya dilakukan dengan pendekatan konservatif yang mana kegiatan tersebut dapat mencegah terjadinya penurunan populasi ikan (Akbar *et al.*, 2014).

DNA *barcoding* memiliki keunggulan dalam identifikasi spesies dengan tingkat akurasi yang tinggi dibandingkan dengan pengamatan morfologi (Madduppa *et al.*, 2017; Saleky *et al.*, 2020). DNA *barcoding* berdasarkan marka gen Sitokrom Oksidase Subunit I (COI) secara luas dipergunakan dalam identifikasi spesies dan studi keanekaragaman hayati (Leatemia *et al.*, 2018; Thu *et al.*, 2019). Gen COI digunakan sebagai marker DNA yang efektif pada spesies ikan dari perairan berbeda di seluruh dunia (Wang *et al.*, 2012) dan telah diaplikasikan pada berbagai jenis ikan di berbagai wilayah seperti di Australia (Ward *et al.*, 2008), India (John *et al.*, 2010), dan Asia-Pasifik (Yue *et al.*, 2009). dan berbagai wilayah di dunia termasuk di Indonesia (Dailami *et al.*, 2021a).

Keanekaragaman hayati saat ini dianggap sebagai bagian dari hasil evolusi dari perubahan iklim dan tektonik di masa lalu (Weigand *et al.*, 2013). Pengelolaan sumberdaya ikan kakap putih yang berkelanjutan diperlukan proses pemantauan dan klarifikasi yang berhubungan struktur populasi di alam melalui analisis filogenetik (John *et al.*, 2010) maupun keragaman genetik populasi (Nugraha *et al.*, 2011). Hubungan genetik antar spesies dalam satu populasi dan antar populasi dapat diketahui

melalui rekonstruksi filogenetik (Pramono *et al.*, 2017; Saleky *et al.*, 2020).

Perairan Merauke kaya akan sumberdaya ikan kakap putih, pemanfaatannya tidak terbatas pada daging tetapi juga gelembung ikan yang memiliki nilai ekonomis yang jauh lebih tinggi. Eksploitasi berlebih akan mengakibatkan penurunan keanekaragaman spesies yang diawali dengan penurunan keanekaragaman genetik (Yusron, 2005). Kegiatan konservasi diawali dengan dilengkapinya berbagai informasi seperti bioekologi, taksonomi termasuk di dalamnya informasi genetik (Nuryanto & Solihin, 2006). Informasi tersebut sangat diperlukan dalam rangka menentukan metode konservasi yang tepat. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) sebagai dasar dalam pengelolaan dan konservasi sumberdaya hayati ikan kakap putih di perairan Merauke Papua.

MATERI DAN METODE

Sampel ikan kakap putih dikoleksi dari Sungai Kumbes Kabupaten Merauke, Papua (Gambar 1), Sampel ikan kakap putih dikoleksi menggunakan *gillnet* dan diidentifikasi menggunakan *fishbase* (www.fishbase.org). Sampel jaringan sirip yang diperoleh kemudian disimpan dalam botol sampel berisi ethanol 96 %. Analisis molekuler untuk mendapatkan fragmen DNA dilakukan di Laboratorium Biodiversitas Indonesia Bali.

Sekuen DNA ikan kakap putih diperoleh melalui analisis molekuler. Primer yang digunakan dalam penelitian ini menggunakan 2 primer yang secara umum dipergunakan dalam identifikasi ikan yaitu primer *forward FISH-BCL*: 5'-TCAACCAACCACAAAGACA-3', dan primer *reverse FISH-BCH*: 5'TAGACTTCTGGGTGGCCAA-3'. Reaksi PCR menggunakan volume 25 µl dengan jumlah template DNA 1 - 4 µl. Profil PCR meliputi denaturasi awal 94 °C selama 15 detik, denaturasi 94 °C selama 30 detik, *annealing* pada 50 °C selama 30 detik dan *extention* pada 72 °C selama 45 detik dan final *extention* pada 72 °C selama 10 menit, semua proses tersebut dilakukan dengan pengulangan sebanyak 40 siklus. Hasil PCR

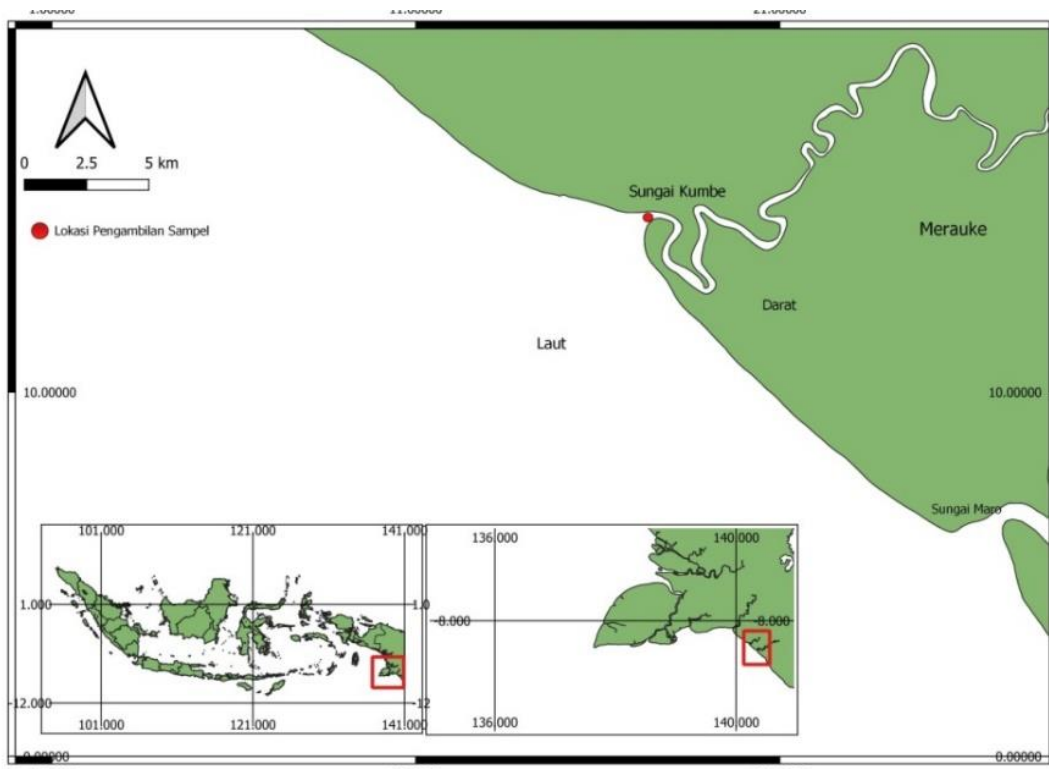
positif kemudian dikirim untuk di sekuensing pada lembaga penyedia jasa sekuensing yaitu 1stBase Singapura.

Hasil sekuensing yang diperoleh dari perusahaan jasa sekuensing kemudian diedit menggunakan model ClustalW (1.6) dengan menggunakan program MEGA X (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*). Data yang telah diedit kemudian dicocokkan dengan data genetik pada GeneBank di NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) dengan menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*). Data genetik didownload dari GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) dan dijadikan sebagai pembanding ikan gulamah asal Merauke dan ikan kakap putih dari daerah lain. Perhitungan jarak genetik (D) antar spesies dihitung dan juga merekonstruksi pohon filogenetik dengan menggunakan aplikasi Mega X (Kumar *et al.*, 2018). Rekonstruksi pohon filogenetik ikan kakap putih menggunakan metode *Neighbour-Joining* (NJ) dengan model Kimura 2-parameter, nilai *bootstrap* 1000x. Analisis haplotype menggunakan *software* DnaSP (Rozas *et al.*, 2017).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Panjang sekuen DNA adalah 660 pb diperoleh dari analisis molekuler. Hasil identifikasi menggunakan BLAST di GenBank, 2 spesies yang dikoleksi dari Sungai Kumbe Kabupaten Merauke Papua ada benar ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) dengan tingkat similaritas 100 %. Hasil identifikasi menggunakan teknik DNA *barcoding* memiliki potensi yang luas dalam perkembangannya, seperti studi identifikasi dalam berbagai tahapan kehidupan, status konservasi, taksonomi (Dailami *et al.*, 2021b), biogeografi dan inventarisasi keanekaragaman hayati (Achmad, Subur, & Akbar, 2020; Ran, Li, Qi, Li, & Kong, 2020). Komposisi nukleotida dan komposisi rata-rata basa DNA yang ditemukan pada kedua sampel ikan kakap putih adalah *Thymine* (T) (29.4 %), *Cytosine* (C) (30 %), *Adenine* (A) (21.4 %), dan *Guanine* (G) (19.4 %). Kedua sampel ikan kakap putih yang dikoleksi juga tidak terjadi mutasi genetik yang mana kedua sampel tersebut memiliki sekuen yang identik.

Sebanyak tujuh haplotipe ikan kakap putih diperoleh dalam penelitian ini dan



Gambar 1. Peta pengambilan sampel ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790)

tersebar diberbagai wilayah perairan. Jenis haplotype akan bertambah dengan semakin banyaknya jumlah sampel yang dianalisis. Variasi haplotype sangat menentukan tingkat keragaman genetik yang menjadi faktor kunci dalam kelangsungan hidup suatu spesies (Rachmat *et al.*, 2016). Perubahan dalam variasi haplotype sangat dipengaruhi oleh berbagai faktor seperti seleksi alam, pergeseran genetik, mutasi, dan aliran gen yang mengarah pada terbentuknya spesies baru (Adams *et al.*, 2019).

Hasil analisis memperlihatkan ikan putih asal sungai Kumbe Merauke memiliki kesamaan haplotype dengan sampel ikan kakap putih yang berasal dari Australia, China dan Malaysia. Hasil ini memperlihatkan terjadinya *sharring* genetik antar lokasi-lokasi

tersebut sehingga memiliki haplotype yang sama (Díaz-Ferguson *et al.*, 2010).

Jarak genetik digunakan sebagai dasar dalam mempelajari evolusi molekuler, rekonstruksi filogenetik dan perkiraan waktu evolusi (Sohpal, 2013). Analisis jarak genetik dilakukan dengan menggunakan model Kimura 2-Parameter (Tabel 1). Hasil analisis jarak genetik diketahui 2 individu ikan kakap putih yang dikoleksi dari Sungai Kumbe Merauke memiliki haplotype yang sama dengan jarak genetik 0.000. Jarak genetik 0.000 juga diperoleh antar sampel dari merauke dengan sampel yang *L. calarifer* (KX781875- Australia), *L. calarifer* (EU189378- Australia Selatan) dan *L. calarifer* (GU459274- China). Jarak genetik terjauh ikan kakap putih asal Merauke adalah dengan sampel ikan

Tabel 1. Sekuen DNA *Lates calcarifer*, *Lates niloticus* dan *Lates japonicas* yang digunakan dalam rekonstruksi filogenetik termasuk lokasi, nomor akses dari National Center for Biotechnology Information (NCBI).

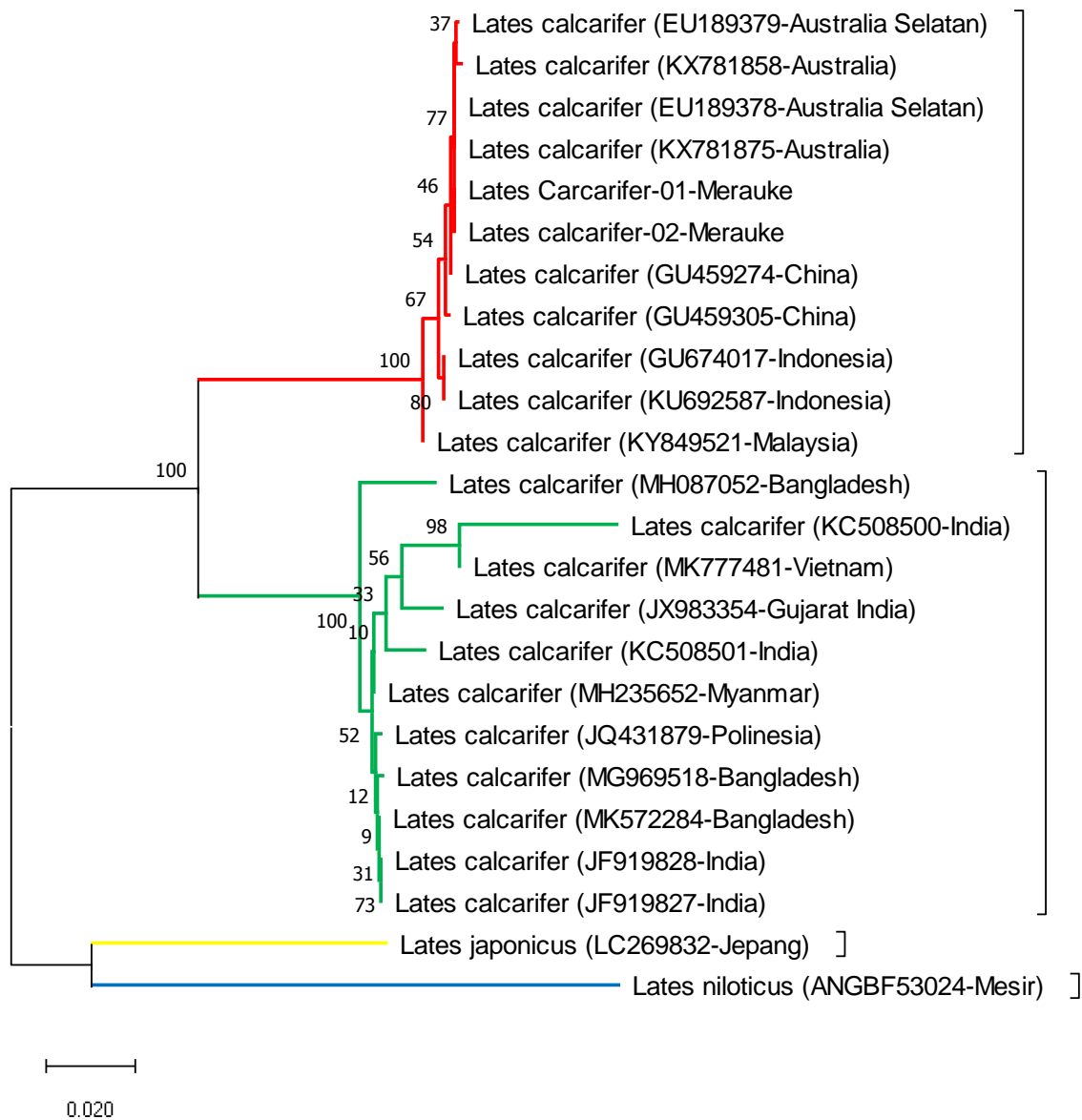
No	Spesies	Lokasi	Acc. No	Sumber
1	<i>L. calcarifer</i>	Gujarat India	JX983354	(Khedkar, Jamdade, Naik, David, & Haymer, 2014)
2	<i>L. calcarifer</i>	Indonesia	GU674017	-
3	<i>L. calcarifer</i>	Bangladesh	MK572284	(Rahman <i>et al.</i> , 2019)
4	<i>L. calcarifer</i>	Malaysia	KY849521	(Azmir <i>et al.</i> , 2017)
5	<i>L. calcarifer</i>	Indonesia	KU692587	(Dahrudin <i>et al.</i> , 2017)
6	<i>L. calcarifer</i>	Polinesia	JQ431879	(Hubert <i>et al.</i> , 2012)
7	<i>L. calcarifer</i>	Australia	KX781875	(Mitchell <i>et al.</i> , 2019)
8	<i>L. calcarifer</i>	Australia	KX781858	(Mitchell <i>et al.</i> , 2019)
9	<i>L. calcarifer</i>	Myanmar	MH235652	(Segura-García, <i>et al.</i> , 2018)
10	<i>L. calcarifer</i>	India	JF919828	(John <i>et al.</i> , 2010)
11	<i>L. calcarifer</i>	India	JF919827	(John <i>et al.</i> , 2010)
12	<i>L. calcarifer</i>	India	KC508501	(Rajasekar <i>et al.</i> , 2012)
13	<i>L. calcarifer</i>	India	KC508500	(Rajasekar <i>et al.</i> , 2012)
14	<i>L. calcarifer</i>	Australia Selatan	EU189379	(Ward <i>et al.</i> , 2008)
15	<i>L. calcarifer</i>	Australia Selatan	EU189378	(Ward <i>et al.</i> , 2008)
16	<i>L. calcarifer</i>	Vietnam	MK777481	(Thu <i>et al.</i> , 2019)
17	<i>L. calcarifer</i>	Bangladesh	MH087052	(Ahmed <i>et al.</i> , 2020)
18	<i>L. calcarifer</i>	Bangladesh	MG969518	(Ahmed <i>et al.</i> , 2020)
19	<i>L. calcarifer</i>	China	GU459305	(Zhang, 2010)
20	<i>L. calcarifer</i>	China	GU459274	(Zhang, 2010)
21	<i>L. japonicus</i>	Jepang	LC269832	(Iwatsuki <i>et al.</i> , 2018)
22	<i>L. niloticus</i>	Mesir	LC487183	(Ali <i>et al.</i> , 2020)

kakap putih yang berasal dari India, Vietnam maupun Bangladesh. Beberapa faktor dapat menjadi penyebab terjadinya perbedaan genetik misalnya kondisi habitat yang berbeda, tidak adanya konektivitas antar lokasi maupun jarak geografis.

Jarak genetik yang sangat kecil antara ikan kakap putih asal Merauke dengan ikan kakap putih yang berasal dari Australia dan China menunjukkan bahwa ada konektivitas antar wilayah melalui arus laut. Beberapa kemungkinan yang menyebabkan spesies –

spesies dari lokasi yang berbeda memiliki kemiripan secara genetik misalnya adanya *sharring* genetik (Leatemia *et al.*, 2018), konektivitas antar wilayah (Díaz-Ferguson *et al.*, 2010), kesamaan habitat dan pada organisme laut cenderung melalui proses migrasi dan arus laut sebagai media transfer (Saleky *et al.*, 2016).

Filogenetik molekuler adalah aspek fundamental dari analisis evolusi yang bergantung pada jarak & karakter metode berbasis matematis (Sohpal, 2013). Rekonstruksi



Gambar 2. Rekontruksi pohon filogenetik ikan kakap putih (*L. calcarifer*) dari Sungai Kumbé Merauke, Papua

Tabel 2. Komposisi nukleotida ikan kakap putih asal Sungai Kumbe Merauke Papua

Id	Thymine (%)	Cytosine (%)	Adenine (%)	Guanine (%)	C + G (%)	A + T (%)
Merauke 01	29.4	30	21.4	19.2	49.2	50.8
Merauke 02	29.4	30	21.4	19.4	49.2	50.8
Rerata	29.4	30	21.4	19.4	49.2	50.8

Tabel 3. Jumlah dan sebaran haplotype ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790)

No	Haplotype	Jumlah	Id sampel
1	Haplotype 1	8	Merauke 01, Merauke 02, KY849521-Malaysia, EU189379-Australia Selatan, KX781875-Australia, EU189378-Australia Selatan, GU459305-China dan GU459274-China
2	Haplotype 2	1	X983354-Gujarat India
3	Haplotype 3	2	GU674017-Indonesia, KU692587-Indonesia
4	Haplotype 4	8	MK572284-Bangladesh, MH235652-Myanmar, JF919828-India, JF919827-India, KC508501-India, JQ431879-Polinesia, MK777481-Vietnam dan MG969518-Bangladesh
5	Haplotype 5	1	KX781858-Australia
6	Haplotype 6	1	KC508500-India
7	Haplotype 7	1	MH087052-Bangladesh

Tabel 4. Jarak genetik antar individu dan spesies *Lates* sp.

No	Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	<i>L. calarifer</i> (Merauke-01)	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
2	<i>L. calarifer</i> (Merauke-02)	0.000	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
3	<i>L. calarifer</i> (GU674017-Indonesia)	0.005	0.005	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
4	<i>L. calarifer</i> (KY849521-Malaysia)	0.008	0.008	0.003	*	*	*	*	*	*	*	*	*
5	<i>L. calarifer</i> (KX781875-Australia)	0.000	0.000	0.005	0.005	*	*	*	*	*	*	*	*
6	<i>L. calarifer</i> (EU189378-Australia Selatan)	0.000	0.000	0.005	0.005	0.000	*	*	*	*	*	*	*
7	<i>L. calarifer</i> (JF919827-India)	0.097	0.097	0.089	0.102	0.095	0.095	*	*	*	*	*	*
8	<i>L. calarifer</i> (JF919828-India)	0.097	0.097	0.089	0.102	0.095	0.095	0.000	*	*	*	*	*
9	<i>L. calarifer</i> (MG969518 Bangladesh)	0.098	0.098	0.092	0.097	0.098	0.098	0.002	0.002	*	*	*	*
10	<i>L. calarifer</i> (MH235652-Myanmar)	0.091	0.091	0.085	0.093	0.091	0.091	0.000	0.000	0.002	*	*	*
11	<i>L. calarifer</i> (JQ431879-Polinesia)	0.096	0.096	0.089	0.098	0.095	0.095	0.002	0.002	0.003	0.000	*	*
12	<i>L. calarifer</i> (MK777481-Vietnam)	0.100	0.100	0.096	0.100	0.099	0.099	0.000	0.000	0.000	0.000	0.002	*
13	<i>L. calarifer</i> (GU459274-China)	0.000	0.000	0.003	0.000	0.000	0.000	0.101	0.101	0.101	0.097	0.101	0.101

filogenetik menggunakan metode *Neighbour-Joining* (NJ) dengan model Kimura 2-parameter, nilai *bootstrap* 1000x. sebagai *outgroup* digunakan spesies *L. japonicas* dan *L. niloticus* sebagai pembanding. Pohon filogenetik ikan kakap putih (Gambar 2) membentuk 2 *clade* utama yang mana spesies-spesies yang dianalisis membentuk kelompok sesuai dengan jarak genetik dan kemiripan sekuen DNA.

Pohon filogenetik (Gambar 2) yang terbentuk terdiri atas 2 *clade* besar dengan nilai *bootstrap* yang tinggi. Semakin tinggi nilai *bootstrap* yang terbentuk semakin baik rekonstruksi pohon filogenetik tersebut. Ikan kakap putih asal Merauke membentuk *clade* yang sama dengan ikan kakap putih yang berasal dari daerah di Indonesia, Australia, Cina dan Malaysia. *Clade* yang berbeda terdiri atas ikan kakap putih yang berasal dari Bangladesh, India, Myanmar, Polinesia dan Vietnam. Bergabungnya ikan kakap putih dari beberapa daerah yang berbeda mengindikasikan terjadinya *sharring* genetik atau *gen flow* antar wilayah. Sehingga pengelolaan konservasi ikan kakap putih harus dilakukan secara global.

Rekonstruksi filogenetik memperlihatkan terjadinya konektivitas antar lokasi baik Cina, Malaysia, Indonesia dan Australia. Wilayah Bangladesh, India, Polinesia, Myanmar dan Vietnam membentuk konektivitas yang berbeda dengan wilayah lainnya. Jarak geografis antara Merauke dan Australia dapat menyebabkan terjadinya *gen flow* yang mana pada organisme laut, *gen flow* terjadi melalui proses migrasi spesies ataupun melalui proses larva dispersal (Jefri, Zamani, Subhan, & Madduppa, 2015). Rekonstruksi pohon filogenetik, ikan kakap putih asal Sungai Kumbe Merauke memiliki hubungan genetik dengan ikan kakap putih yang berasal dari Australia, Cina dan Malaysia.

KESIMPULAN

Analisis DNA *barcoding* diperoleh spesies yang dianalisis adalah ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) dengan panjang sekuen 660 bp. Kesamaan haplotyipe ditemukan antar ikan kakap putih

asal Merauke, Australia, Malaysia dan Cina ini mengindikasikan terjadinya *gen flow* antar lokasi. Pohon filogenetik membentuk 2 *clade* dengan nilai *bootstrap* 100. Seluruh sekuen terbentuk berdasarkan kemiripan sekuen dan jarak genetik.

DAFTAR PUSTAKA

- Achmad, M.J., Subur, R., & Akbar, N., 2020. DNA barcode and phylogenetics of green humphead parrotfish (*Bolbometopon muricatum*) in North Maluku waters. *AAFL Bioflux*, 13(5):2779–2787.
- Adams, C.I.M., Knapp, M., Gemmell, N.J., Jeunen, G.J., Bunce, M., Lamare, M.D., & Taylor, H.R., 2019. Beyond biodiversity: Can environmental DNA (eDNA) cut it as a population genetics tool? *Genes*, 10(3):p192. doi: 10.3390/genes10030192
- Ahmed, M.S., Datta, S.K., & Zhilik, A.A., 2020. Molecular diversity of freshwater fishes of Bangladesh assessed by DNA barcoding. *Bangladesh Journal of Zoology*, 48(1):1–19. doi: 10.3329/bjz.v48i1.47872
- Akbar, N., Zamani, N.P., & Madduppa, H., 2014. Keragaman genetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) dari dua populasi di Laut Maluku, Indonesia. *Depik*, 3(1):65–73. doi: 10.13170/depik.3.1.1304
- Ali, F.S., Ismail, M., & Aly, W., 2020. DNA barcoding to characterize biodiversity of freshwater fishes of Egypt. *Molecular Biology Reports*, 47(8):5865–5877. doi: 10.1007/s11033-020-05657-3
- Azmir, I.A., Esa, Y., Amin, S.M.N., Md Yasin, I.S., & Md Yusof, F.Z., 2017. Identification of larval fish in mangrove areas of Peninsular Malaysia using morphology and DNA barcoding methods. *Journal of Applied Ichthyology*, 33(5):998–1006. doi: 10.1111/jai.13425
- Dahrudin, H., Hutama, A., Busson, F., Sauri, S., Hanner, R., Keith, P., Hadiaty, R., & Hubert, N., 2017. Revisiting the ichthyodiversity of Java and Bali through DNA barcodes: taxonomic coverage, identification accuracy, cryptic diversity and identification of exotic species. *Molecular Ecology Resources*, 17(2):288–299. doi: 10.1111/1755-0998.12528
- Dailami, M., Rahmawati, A., Saleky, D., & Toha, A.H.A., 2021a. DNA barcoding of tilapia fish from Merauke, Papua and Malang,

- East Java-Indonesia. *AAFL Bioflux*, 14(2): 849–858.
- Dailami, M., Widyawati, Y., Toha, A. H. A., 2021b. *Identifikasi Genetik Ikan Teri dari Teluk Cenderawasih dengan pendekatan DNA Barcoding Genetic Identification of Anchovy from Cenderawasih Bay using DNA Barcoding Approach. Musamus Fisheries and Marine Journal*, 3(2):154–166. <https://doi.org/10.35724/mfmj.v3i2.3521>
- 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):1–8. doi: 10.1371/journal.pone.0012675
- Hubert, N., Meyer, C.P., Bruggemann, H.J., Guérin, F., Komeno, R.J.L., Espiau, B., Causse, R., Williams, J.T., & Planes, S., 2012. Cryptic diversity in indo-pacific coral-reef fishes revealed by DNA-barcoding provides new support to the centre-of-overlap hypothesis. *PLoS One* 7(3): p.e28987. doi: 10.1371/journal.pone.0028987
- Ibrahim, B., Salamah, E., Hak, N., & Komalasari, A., 2014. Pengaruh Penyamakan Khrom Kulit Ikan Kakap Putih Dikombinasi Dengan Ekstrak Biji Pinang Terhadap Karakteristik Fisik Kulit. *Jurnal Pengolahan Hasil Perikanan Indonesia*, 17(2):103–111.
- Iwatsuki, Y., Newman, S.J., Tanaka, F., & Russell, B.C., 2018. Validity of *psammoperca datnioides richardson* 1848 and redescription of *P. waigiensis* Cuvier in Cuvier & Valenciennes 1828 and *Hypopterus macropterus* (Günther 1859) in the family Latidae (Perciformes) from the Indo-West Pacific. *Zootaxa*, 4402(3): 467–486. doi: 10.11646/zootaxa.4402.3.3
- Jaya, B., Agustriani, F., & Isnaini, 2015. Laju Pertumbuhan dan Tingkat Kelangsungan Hidup Benih Kakap Putih (*Lates calcarifer*, Bloch) dengan Pemberian Pakan yang Berbeda Berian. *Maspari Journal*, 5(1): 56–63.
- 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
- John, A., Prasannaku, C., Lyla, P.S., Khan, S.A., & Jalal, K.C.A., 2010. DNA Barcoding of *Lates calcarifer* (Bloch, 1970). *Research Journal of Biological Sciences*, 5(6):414–419. doi : 10.3923/rjbsci.2010.414.419
- Khedkar, G.D., Jamdade, R., Naik, S., David, L., & Haymer, D., 2014. DNA barcodes for the Fishes of the Narmada, one of India's longest rivers. *PLoS ONE*, 9(7):1–10. doi : 10.1371/journal.pone.0101460
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K., 2018. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6):1547–1549. doi : 10.1093/molbev/msy096
- 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.
- Madduppa, H., Taurusman, A.A., Subhan, B., Anggraini, N.P., Fadillah, R., & Tarman, K., 2017. Short communication: Dna barcoding reveals vulnerable and not evaluated species of sea cucumbers (Holothuroidea and Stichopodidae) from Kepulauan Seribu reefs, Indonesia. *Biodiversitas*, 18(3):893–898. doi : 10.13057/biodiv/d180305
- Martinez, A.S., Willoughby, J.R., & Christie, M.R., 2018. Genetic diversity in fishes is influenced by habitat type and life-history variation. *Ecology and Evolution*, 8(23): 12022–12031. doi : 10.1002/ece3.4661
- Mitchell, A., Rothbart, A., Frankham, G., Johnson, R.N., & Neaves, L.E., 2019. Could do better! A high school market survey of fish labelling in Sydney, Australia, using DNA barcodes. *PeerJ*, 7(2019):e7138. doi: 10.7717/peerj.7138
- Nugraha, B., Novianto, D., & Barata, A., 2011. Keragaman Genetik Ikan Tuna Mata Besar (*Thunnus obesus*) Di Samudera Hindia. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia*, 17(4):277–284.
- Nuryanto, A., & Solihin, D.D., 2006. Variasi Sekuens Gen Mitokondrial Sitokrom C Oksidase I dari Siput Lola (*Trochus niloticus*). *Biosfera*, 23(1):31–37. doi: 10.20884/1.mib.2006.23.1.143
- Pramono, T.B., Arfiati, D.A., Widodo, M.S., Yanuhar, U.Y., 2017. Identifikasi Ikan Genus *Mystus* Dengan Pendekatan Genetik.

- Jurnal Sumberdaya Akuatik Indopasifik*; 1(2):123-132, doi: 10.30862/js-ai-fpik-nipa.2017.Vol.1.No.2.34
- Rachmat, H.H., Subiakto, A., & Kamiya, K., 2016. Short Communication: Genetic diversity and conservation strategy considerations for highly valuable medicinal tree of *Taxus sumatrana* in Indonesia. *Biodiversitas*, 17(2):487–491. doi: 10.13057/biodiv/d170213
- Rahman, M.M., Norén, M., Mollah, A.R., & Kullander, S.O., 2019. Building a DNA barcode library for the freshwater fishes of Bangladesh. *Scientific Reports*, 9(1):9382. doi: 10.1038/s41598-019-45379-6
- Rajasekar, M., Thangaraj, M., Barathkumar, T. R., Subburaj, J., & Muthazhagan, K. 2012. Genetic Diversity Analysis of *Lates calcarifer* (Bloch 1790) in Captive and Wild Populations Using RAPD Markers. *Notulae Scientia Biologicae*, 4(3):33–37. doi: 10.15835/nsb43.7896
- Ran, K., Li, Q., Qi, L., Li, W., & Kong, L. 2020. Molecular identification of Cerithiidae (Mollusca: Gastropod) in Hainan island, China. *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 31(2):57–63. doi: 10.1080/24701394.2020.1726898
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sanchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S.E., & Sanchez-Gracia, A., 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution*, 34(12):3299–3302. doi: 10.1093/molbev/msx248
- Saleky, D., Leatemia, S.P., Pattiasina, T.F., Isma, I., Pangaribuan, R.D., Welliken, M.A., Melmambessy, E.H.P., & 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, 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, Journal of Biological Diversity*, 17(1):208–217. doi: 10.13057/biodiv/d170130
- Saleky, D., Supriyatin, F. E., & Dailami, M., 2020. Pola Pertumbuhan dan Identifikasi Genetik *Turbo setosus* Gmelin, 1791 [Turbinidae, Gastropoda]. *Jurnal Kelautan Tropis*, 23(3):305–315. doi: 10.14710/jkt.v23i3.7514
- Segura-García, I., Tun, T.Y., & Box, S.J. 2018., Genetic characterization of the artisanal mud crab fishery in myanmar. *PLoS ONE*, 13(9):1–13. doi: 10.1371/journal.pone.0204905
- Sohpal, K.V., 2013. Computational Analysis of Distance and Character based Phylogenetic Tree for Capsid Proteins of Human Herpes Virus. *Journal of Data Mining in Genomics & Proteomics*, 4(2): 2153-0602. doi : 10.4172/2153-0602.1000 128
- Thu, P.T., Huang, W.C., Chou, T.K., Van Quan, N., Van Chien, P., Li, F., Shao, K.T. & Liao, T.Y. 2019. DNA barcoding of coastal ray-finned fishes in Vietnam. *PLoS ONE*, 14(9): 1–13. doi: 10.1371/journal.pone.0222631
- Wang, Z.D., Guo, Y.S., Liu, X.M., Fan, Y.B., & Liu, C.W., 2012. DNA barcoding South China Sea fishes. *Mitochondrial DNA*, 23(5):405–410. doi: 10.3109/19401736.2012.710204
- Ward, R.D., Holmes, B.H., & Yearsley, G.K., 2008. DNA barcoding reveals a likely second species of Asian sea bass (*barramundi*) (*Lates calcarifer*). *Journal of Fish Biology*, 72(2):458–463. doi: 10.1111/j.1095-8649.2007.01703.x
- Weigand, A.M., Jochum, A., Slapnik, R., Schnitzler, J., Zarza, E., & Klusmann-Kolb, A., 2013. Evolution of microgastropods (Ellobioidea, Carychiidae): integrating taxonomic, phylogenetic and evolutionary hypotheses. *BMC Evolutionary Biology*, 13(1):13-18. doi: 10.1186/1471-2148-13-18
- Widodo, M.H., Edy H.P., & Melmambessy, S.M., 2016. Potensi Kakap Putih (*Lates calcarifer* Bloch, 1790) Di Sungai Kumbe Distrik Malind Kabupaten Merauke. *Agricola*, 6(1):2565–2568.
- Yue, G.H., Zhu, Z.Y., Lo, L.C., Wang, C.M., Lin, G., Feng, F., Pang, H.Y., Li, J., Gong, P., Liu, H.M., Tan, J., Chou, R., Lim, H. & Orban, L., 2009. Genetic variation and population structure of Asian seabass (*Lates calcarifer*) in the Asia-Pacific region. *Aquaculture* 293: 22–28. doi : 10.1016/

j.aquaculture.2009.03.053

Yusron, E., 2005. Pemanfaatan keragaman genetik dalam pengelolaan sumberdaya hayati laut. *Oseana*, 30(2):29–34.

Zhang, J., 2010. Exploiting formalin-preserved

fish specimens for resources of DNA barcoding. *Molecular Ecology Resources*, 10(6):935–941. doi : 10.1111/j.155-0998.2010.02838.x