



KAJIAN MOLEKULER IKAN SEMBILANG (*Neosilurus* sp.) DI PERAIRAN RAWA PADI KABUPATEN MERAUKE

Dandi Saleky^{1*}, Meyani Anjelita Siruru², Sunarni³, Rosa Delima Pangaribuan⁴

^{1,2,3,4}Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Pertanian, Universitas Musamus, Merauke Papua Selatan, Indonesia

*E-mail: dandi@unmus.ac.id

DOI: <https://doi.org/10.33394/bioscientist.v12i2.13387>

Submit: 31-10-2024; Revised: 30-11-2024; Accepted: 06-12-2024; Published: 30-12-2024

ABSTRAK: Ikan sembilang merupakan salah satu ikan yang melimpah di perairan daratan Merauke. Penelitian aspek genetik perlu dilakukan untuk mencegah penurunan populasi ikan sembilang. DNA *barcoding* adalah metode taksonomi yang menggunakan penanda genetik pendek dalam DNA suatu organisme untuk identifikasi spesies. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi spesies ikan sembilang menggunakan gen Sitokrom Oksidase I. Studi ini merupakan penelitian survei eksploratif. Koleksi sampel ikan sembilang dilakukan di perairan Rawa Padi, Kabupaten Merauke. Gen sitokrom oksidase I (COI) mitokondria diamplifikasi menggunakan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan primer FISH-BCL dan FISH-BCH. Hasil analisis dengan menggunakan teknik DNA *barcoding* diketahui bahwa sampel yang dikoleksi adalah spesies ikan sembilang (*Neosilurus ater*) dengan panjang sekuen DNA 660 bp. Rekonstruksi filogenetik dengan menggunakan metode *neighbor-joining* dengan model Kimura 2-parameter memperlihatkan pengelompokan sekuen berdasarkan kemiripan dan jarak genetik antar spesies.

Kata Kunci: ikan sembilang, DNA *barcoding*, filogenetik, kajian molekuler.

ABSTRACT: Sembilang is one of the fish that is abundant in Merauke mainland waters. Genetic research needs to be done to prevent the decline of catfish population. DNA *barcoding* is a taxonomic method that uses short genetic markers in an organism's DNA to identify species. This research aims to identify the Sembilang fish species using the Cytochrome Oxidase I gene. This study is an exploratory survey research. Sample collection was carried out in the waters of Padi Swamp, Merauke Regency. The mitochondrial cytochrome oxidase I (COI) gene was amplified using the *Polymerase Chain Reaction* (PCR) method with FISH-BCL and FISH-BCH primers. The results of analysis using DNA *barcoding* revealed that the samples collected were the Sembilang species (*Neosilurus ater*) with a DNA sequence length of 660 bp. Phylogenetic reconstruction using the *Neighbor-Joining* method with the 2-Parameter Kimura Model shows sequence grouping based on similarity and genetic distance between species.

Keywords: sembilang, DNA *barcoding*, phylogenetic, molecular studies.

How to Cite: Saleky, D., Siruru, M., Sunarni, S., & Pangaribuan, R. (2024). Kajian Molekuler Ikan Sembilang (*Neosilurus* sp.) di Perairan Rawa Padi Kabupaten Merauke. *Bioscientist: Jurnal Ilmiah Biologi*, 12(2), 2124-2133. <https://doi.org/10.33394/bioscientist.v12i2.13387>



Bioscientist: Jurnal Ilmiah Biologi is Licensed Under a CC BY-SA [Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/).

PENDAHULUAN

Grey eel-catfish atau *Plotosus* sp. merupakan spesies ikan anggota famili Plotosidae yang dikenal dengan nama Ikan Sembilang (Asriyana & Halili, 2021). Ikan sembilang termasuk sumberdaya perikanan ekonomis penting (Muharam *et al.*, 2021) yang memiliki penyebaran yang luas. Wilayah penyebarannya mulai dari wilayah Indo-Pasifik Barat (Kundu *et al.*, 2019), Laut Mediterania, India, Sri Lanka ke arah timur di sepanjang pantai Bangladesh dan Myanmar, Kepulauan Indo-

Uniform Resource Locator: <https://e-journal.undikma.ac.id/index.php/bioscientist>



Australia dan Filipina hingga Papua Nugini (Asriyana & Halili, 2021) dan Indonesia (Heirina, 2022). Sebagian besar ikan sembilang dapat ditemukan di perairan laut, estuaria maupun perairan daratan (Yulianto *et al.*, 2020). Sebanyak dua spesies ikan sembilang dari famili Plotosidae dapat ditemukan di Indonesia, kedua jenis tersebut menjadi komoditas perikanan dan cukup digemari oleh masyarakat (Hasan & Afriani, 2019).

Pemahaman tentang aspek biologi dan genetik suatu spesies sangat penting diketahui agar dapat memahami sejarah hidup spesies dan juga sebagai dasar pengelolaan sumber daya perikanan (Asriyana & Halili, 2021; Saleky *et al.*, 2021). Salah satu aspek biologi yang penting dalam upaya penangkapan, pemanfaatan, serta pelestarian sumberdaya ikan adalah kajian genetik spesies. Identifikasi morfologi dan genetik menjadi bagian penting dari setiap studi biologi maupun ekologi (Saleky *et al.*, 2020). Teknik identifikasi genetik yang secara luas dipergunakan adalah teknik DNA *barcoding*. DNA *barcoding* adalah metode taksonomi yang menggunakan penanda genetik pendek dalam DNA suatu organisme untuk identifikasi spesies (Galan *et al.*, 2018) yang telah berkembang pesat selama dekade terakhir (Kusuma *et al.*, 2016; Prehadi *et al.*, 2015; Saleky *et al.*, 2016). Kolaborasi identifikasi morfologi dan DNA *barcoding* sebagian besar digunakan dalam penelitian keanekaragaman hayati dan telah terbukti menjadi pendekatan gabungan yang efektif untuk identifikasi spesies (Kundu *et al.*, 2019).

Teknik DNA *barcoding* menggunakan gen COI banyak digunakan dan berhasil mengidentifikasi berbagai jenis ikan di seluruh dunia (Gao *et al.*, 2019). DNA *barcoding* juga hadir karena adanya kebutuhan untuk mengembangkan teknik yang dapat mengidentifikasi organisme dan membedakan antar spesies secara cepat dan efisien (Purty & Chatterjee, 2016). Berbagai kajian molekuler telah dilakukan dan diaplikasikan pada berbagai spesies perairan merauke seperti gastropoda (Saleky & Merly, 2021) dan berbagai jenis ikan ((Dailami *et al.*, 2021; Saleky & Dailami, 2021). Kajian molekuler sebagai bagian dalam pengelolaan, pelestarian dan pemanfaatan sumberdaya secara lestari. Informasi struktur genetik dapat digunakan untuk melihat kestabilan dan status kesehatan populasi.

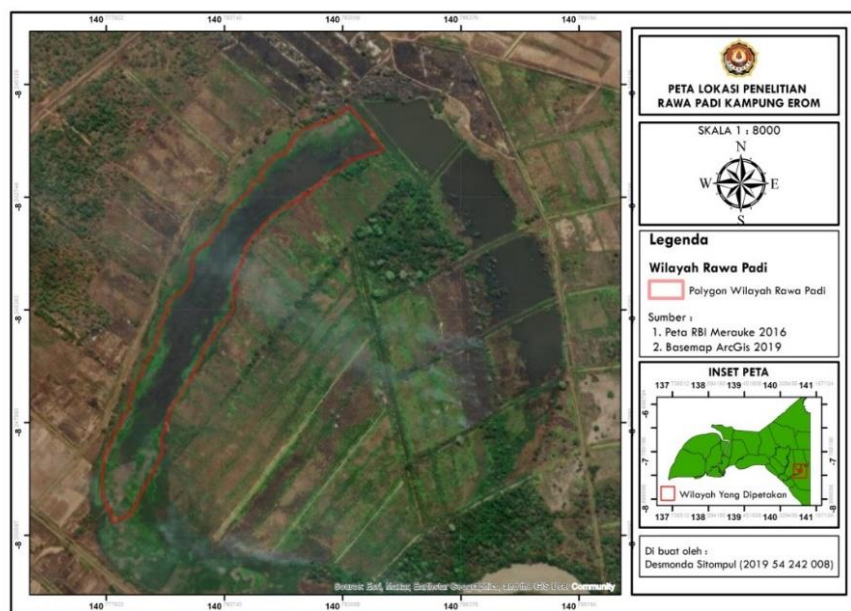
Rawa Padi merupakan salah satu rawa yang memiliki potensi sumberdaya ikan yang besar, yang berada di Distrik Tanah Miring, Kabupaten Merauke. Potensi sumberdaya perikanan yang besar di Rawa Padi selama ini telah menjadi sumber mata pencaharian bagi penduduk yang tinggal disekitar rawa tersebut. Menurut hasil wawancara dengan masyarakat di Kampung Erom, rawa tersebut dimanfaatkan masyarakat setempat ataupun masyarakat dari luar untuk melakukan aktifitas mencari ikan. Hal ini menunjukkan bahwa potensi sumberdaya perikanan di perairan tersebut memberikan kontribusi terhadap pertumbuhan ekonomi masyarakat di wilayah tersebut. Kegiatan penangkapan Ikan Sembilang di alam yang tidak dilakukan secara lestari dapat mengganggu kelangsungan hidup ikan tersebut dan menurunkan stok ikan tersebut (Dewanti *et al.*, 2012).

Analisis genetik ikan sembilang di Perairan Merauke belum pernah dilakukan sebelumnya. Upaya penangkapan, pemanfaatan, serta pelestarian sumberdaya ikan memerlukan suatu informasi mengenai aspek bioekologi dan genetik (Hasan & Afriani, 2021; Prehadi *et al.*, 2015). Oleh sebab itu, penelitian ini dilakukan untuk

menganalisis pola pertumbuhan dan karakter molekuler ikan sembilang (*Neosilurus* sp.) di Rawa Padi. Data hasil penelitian ini nantinya dapat digunakan sebagai data awal di dalam upaya pengelola sumber daya ikan sembilang. Informasi ini penting sebagai dasar pengelolaan sumber daya tersebut di perairan (Asriyana & Halili, 2021).

METODE

Penelitian yang dilakukan merupakan penelitian survei eksploratif untuk mendeskripsikan suatu keadaan atau kondisi yang terjadi secara spontan atau alami tanpa adanya perlakuan apapun. Pengambilan sampel dalam penelitian ini dilakukan di Rawa Padi, Kampung Erom, Distrik Tanah Miring, Kabupaten Merauke Propinsi Papua Selatan (Gambar 1).



Gambar 1. Lokasi penelitian

Identifikasi morfologi dilakukan di Laboratorium Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Pertanian Universitas Musamus. Setelah identifikasi morfologi kemudian dilanjutkan dengan pengambilan jaringan sirip. Jaringan sirip yang didapatkan kemudian disimpan dalam botol sampel berisi alkohol 70 %. Analisis molekuler dilakukan di Yayasan Biodiversitas Indonesia (BIONESIA) Bali. Metode ekstraksi DNA yang digunakan adalah mengikuti protokol *Chelex* 10%. Hasil ekstraksi kemudian dianalisis ke tahapan selanjutnya yaitu PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Proses PCR menggunakan protokol laboratorium BIONESIA. Primer yang digunakan pada proses amplifikasi untuk sampel Ikan adalah BCL (5'-TCA ACY AAT CAY AAA GAT ATY GGC AC -3') dan BCH (5'-TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA -3'). Profil suhu dan waktu protokol PCR yang digunakan adalah sebagai berikut: *Initial* Denaturasi: 94 °C selama 3 menit, kemudian tahap Denaturasi: 94 °C selama 30 detik, *Annealing*: 50°C selama 30 detik, dan tahap *Extension* 72 °C selama 60 detik, Tahap Denaturasi sampai

Uniform Resource Locator: <https://e-journal.undikma.ac.id/index.php/bioscientist>

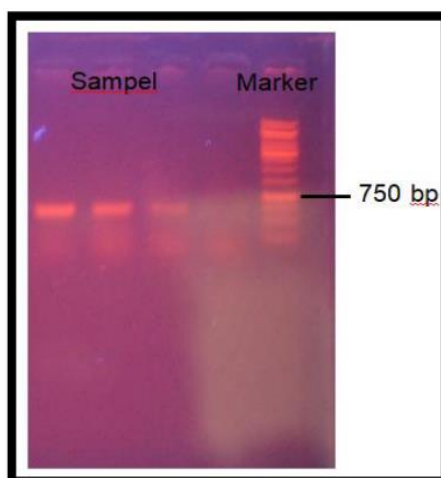
Extension dilakukan sebanyak 38 siklus, tahap terakhir yaitu *final extension*: 72 °C selama 2 menit.

Data sequence yang diperoleh kemudian diedit dan disejajarkan (*alignment*) menggunakan metode MUSCLE pada program MEGA X. Setiap susunan basa kemudian dicek secara manual dan dipastikan semua data yang dipakai memiliki kualitas yang baik. Data yang memiliki hasil sekuens yang buruk kemudian dilakukan proses PCR dan sekuensing ulang kembali. Data kemudian dicocokkan dengan database yang ada di bank data (Genbank NCBI) melalui metode *Basic Local Alignment Search Tools (BLAST)* yang ada pada website NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Setiap data kemudian dicatat tingkat kemiripan dan akurasi data. Selain melalui metode BLAST, data kemudian dianalisis menggunakan pohon kekerabatan (*phylogenetic tree*) untuk melihat hubungan kekerabatan antar sampel sekaligus mengkonfirmasi hasil BLAST dalam mengidentifikasi hingga level spesies. Pohon kekerabatan dibuat menggunakan metode *Neighbor-joining (NJ)* dengan replikasi bootstrap 1000 kali pada software MEGA X. Nilai jarak genetik (*Genetic Distance*) kemudian dianalisis dengan menggunakan metode *p-distance* untuk membandingkan satu sampel dengan yang lain. Analisis molekuler menggunakan *Software Mega X* (Kumar *et al.*, 2018).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Karakter Molekuler

Kajian molekuler menggunakan analisis DNA *barcoding*, jarak genetik dan filogenetik sangat penting dilakukan untuk pengelolaan spesies penting, terutama yang identifikasinya masih menjadi perdebatan. Identifikasi molekuler atau biasa dikenal dengan DNA *barcoding* adalah identifikasi suatu spesies berdasarkan urutan DNA spesies tersebut (Lakra *et al.*, 2016). DNA *barcoding* telah diaplikasikan pada berbagai spesies seperti ikan mujair (*Oreochromis mosambicus*) dan ikan nila (*Oreochromis niloticus*) (Sianturi *et al.*, 2021), ikan cakalang (Akbar & Labenua, 2020) dan gastropoda (Setiamarga *et al.*, 2019). Selain itu DNA *barcoding* juga digunakan dalam mendeteksi kandungan suatu makanan (Dawan & Ahn, 2022)



Gambar 2. Hasil Amplifikasi Gen COI Ikan Sembilang

Analisis DNA mitokondria menggunakan gen COI berhasil mengidentifikasi 2 sampel yang dikoleksi dari kawasan Rawa Padi, Kabupaten Merauke, yaitu ikan sembilang (*Neosilurus ater*). Panjang sekuen DNA adalah ikan sembilang (*N. ater*) dengan menggunakan primer FISH-BCL dan FISH-BCH adalah 660 bp dengan tingkat kemiripan 100% (Tabel 1). Gen COI memiliki Panjang basa 600 - 800 merupakan pendekatan unik karena menggunakan bagian gen kecil dan identik sebagai penanda spesies internal (Hakim *et al.*, 2023).



Gambar 3. Ikan Sembilang (*Neosilurus ater*)

Panjang sekuen yang sama juga ditemukan pada berbagai spesies yang diidentifikasi menggunakan Gen COI seperti ikan mujair (*Oreochromis mosambicus*) dan ikan nila (*Oreochromis niloticus*) (Sianturi *et al.*, 2021), ikan kerapu (Jefri *et al.*, 2015), dan ikan kakatua (Achmad *et al.*, 2020).

Tabel 1. Hasil Identifikasi Spesies Menggunakan BLAST di National Center for Biotechnology Information (NCBI)

Sampel	Spesies	Kemiripan	Kode Akses	Coverage
Ikan Sembilang (Jantan)	<i>Neosilurus ater</i>	100%	KJ669563.1	95%
Ikan Sembilang (Betina)	<i>Neosilurus ater</i>	100%	KJ669563.1	95%

Komposisi nukleotida dan komposisi rata-rata basa DNA yang ditemukan pada kedua sampel ikan sembilang adalah *Thymine* (T) (28,86 %), *Cytosine* (C) (26,13%), *Adenine* (A) (26,97 %), dan *Guanine* (G) (18,03 %). Rerata kandungan nukleotida G+C dari seluruh sampel ikan sembilang sebesar 46,16 % sedangkan kandungan A+T sebesar 55,83 % (Tabel 2).

Tabel 2. Komposisi Nukleotida Fragmen Gen COI Ikan Sembilang

Sampel	G (%)	C (%)	A (%)	T (%)	G+C (%)	A+T (%)	Panjang Basa
Ikan sembilang (Jantan)	18.03	26.21	26.97	28.79	44,24	55,76	660
Ikan sembilang (Betina)	18.03	26.06	26.97	28.94	44,09	55,91	660
Rerata	18,03	26,13	26,97	28,86	44,16	55,83	660

Kandungan A+T sampel ini lebih tinggi dari pada kandungan G+C yang menjadikan sekuens ini mudah didenaturasi pada saat proses amplifikasi (Saleky *et al.*, 2021). Suhu denaturasi yang digunakan dalam proses PCR sampel ini yaitu 94°C, yang termasuk dalam kategori relatif rendah.

Jarak Genetik dan Filogenetik

Jarak genetik (*Genetic distance*) merupakan ukuran perbedaan genetik antar populasi yang dihitung berdasarkan frekuensi alel suatu spesies. Jarak genetik antar individu *Neosilurus ater* asal Rawa Padi sebesar 0.1 %, sedangkan jarak genetik *Neosilurus ater* asal Rawa Padi dengan *Neosilurus ater* asal Australia sebesar 0.0 %. Hasil tersebut menggambarkan bahwa ikan sembilang asal Merauke dan Australia merupakan spesies yang sama. Jarak genetik dalam spesies yang sama adalah kurang dari 4 % sedangkan antar spesies lebih dari 4 % (Madduppa *et al.*, 2017; Prehadi *et al.*, 2015).

Tabel 3. Jarak genetik spesies *Neosilurus ater*, *Neosilurus hyrtlai*, *Neosilurus gloveri*, *Plotosus canius*, *Plotosus lineatus*, *Bagrus bajad* dan *Channa striata*

No	Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	<i>Neosilurus ater</i> (Merauke.01. Indonesia)	*	*	*	*	*	*	*	*	*
2	<i>Neosilurus ater</i> (Merauke.02. Indonesia)	0.001	*	*	*	*	*	*	*	*
3	<i>Neosilurus ater</i> (KX274197.1. Indonesia)	0.000	0.000	*	*	*	*	*	*	*
4	<i>Neosilurus ater</i> (KJ669563.1. Australia)	0.000	0.000	0.000	*	*	*	*	*	*
5	<i>Neosilurus hyrtlai</i> (KJ669565.1. Australia)	0.082	0.082	0.086	0.082	*	*	*	*	*
6	<i>Neosilurus gloveri</i> (KJ669564.1. Australia)	0.079	0.079	0.078	0.079	0.018	*	*	*	*
7	<i>Plotosus canius</i> (KP258655.1. Malaysia)	0.171	0.171	0.178	0.172	0.168	0.168	*	*	*
8	<i>Plotosus lineatus</i> (JF494186.1. Afrika)	0.186	0.186	0.188	0.187	0.195	0.189	0.176	*	*
9	<i>Bagrus bajad</i> (MK335908.1. Egypt)	0.202	0.202	0.200	0.202	0.220	0.204	0.189	0.196	*
10	<i>Channa striata</i> (MW591030.1. Malaysia)	0.217	0.217	0.232	0.218	0.218	0.223	0.224	0.221	0.220

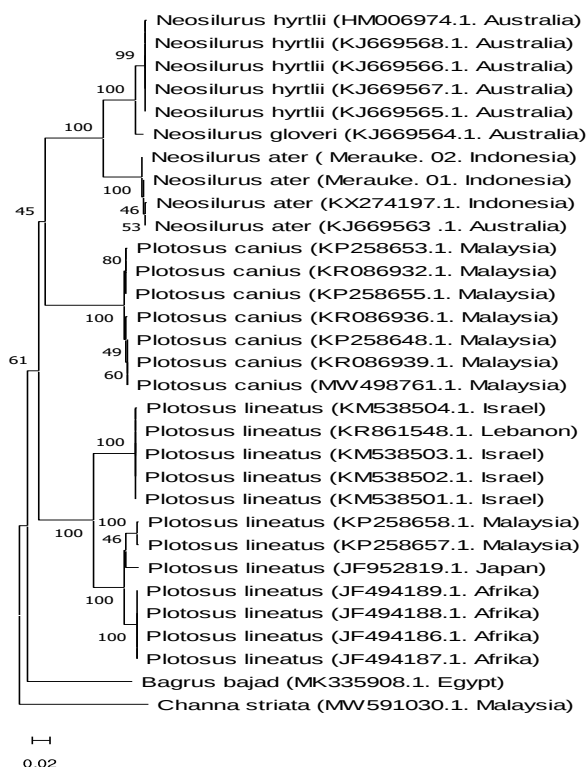
Perspektif evolusi biologis merupakan bagian tidak terpisahkan dari analisis filogenetik, di mana proses evolusi itu sendiri memungkinkan terjadinya perubahan hingga muncul spesies baru. Pendekatan filogenetik mempertimbangkan tahapan perkembangan spesies dan sangat penting, terutama untuk spesies yang klasifikasinya masih menjadi perdebatan (Lestari *et al.*, 2018).

Tabel 4. Sekuen DNA Spesies Ikan yang Digunakan Dalam Rekonstruksi Filogenetik Termasuk Lokasi, Nomor Akses dari National Center for Biotechnology Information (NCBI)

No	Spesies	Lokasi	Acc No	Sumber
1	<i>Neosilurus ater</i>	Gregory Australia	KJ669563	Hardy, 2014
2	<i>Neosilurus ater</i>	Indonesia	KX274197	Wibowo <i>et al.</i> , 2016
3	<i>Neosilurus hyrtlai</i>	Australia	HM006974	Page & Hughes, 2010
4	<i>Neosilurus hyrtlai</i>	Australia Georgina	KJ669567	Hardy, 2014
5	<i>Neosilurus hyrtlai</i>	Australia	KJ669565	Hardy, 2014
6	<i>Neosilurus hyrtlai</i>	Sungai Australia	KJ669566	Hardy, 2014
7	<i>Neosilurus hyrtlai</i>	Sungai Warrego Australia	KJ669568	Hardy, 2014
8	<i>Neosilurus gloveri</i>	Australia: Dalhousie	KJ669564	Hardy, 2014
9	<i>Plotosus canius</i>	Malaysia	KP258655	Samani <i>et al.</i> , 2016

No	Spesies	Lokasi	Acc No	Sumber
10	<i>Plotosus canius</i>	Malaysia	KP258648	Samani <i>et al.</i> , 2016
11	<i>Plotosus canius</i>	Malaysia	KP258653	Samani <i>et al.</i> , 2016
12	<i>Plotosus canius</i>	Malaysia Selangor	KR086932	Samani <i>et al.</i> , 2016
13	<i>Plotosus canius</i>	Malaysia Sabah	KR086936	Samani <i>et al.</i> , 2016
14	<i>Plotosus canius</i>	Malaysia Johor	KR086939	Samani <i>et al.</i> , 2016
15	<i>Plotosus canius</i>	Malaysia kedah	MW498761	Abidin <i>et al.</i> , 2021
16	<i>Plotosus lineatus</i>	Africa	JF494186	Steinke <i>et al.</i> , 2011
17	<i>Plotosus lineatus</i>	Africa	JF494188	Steinke <i>et al.</i> , 2011
18	<i>Plotosus lineatus</i>	Africa	JF494187	Steinke <i>et al.</i> , 2011
19	<i>Plotosus lineatus</i>	Malaysia Selangor	KP258658	Samani <i>et al.</i> , 2016
20	<i>Plotosus lineatus</i>	Selangor, Malaysia	KP258657	Samani <i>et al.</i> , 2016
21	<i>Plotosus lineatus</i>	Israel	KM538504	Shirak <i>et al.</i> , 2014
22	<i>Plotosus lineatus</i>	Israel	KM538501	Shirak <i>et al.</i> , 2014
23	<i>Plotosus lineatus</i>	Israel	KM538502	Shirak <i>et al.</i> , 2014
24	<i>Plotosus lineatus</i>	Africa	JF494189	Steinke <i>et al.</i> , 2011
25	<i>Plotosus lineatus</i>	Japan	JF952819	Zhang & Hanner, 2011
26	<i>Plotosus lineatus</i>	Israel	KM538503	Shirak <i>et al.</i> , 2014
27	<i>Plotosus lineatus</i>	Lebanon	KR861548	Bariche <i>et al.</i> , 2015
28	<i>Bagrus bajad</i>	Egypt	MK335908	Mohammed-Geba <i>et al.</i> , 2018
29	<i>Channa striata</i>	Pulau Pinang, Malaysia	MW591030	Jamaluddin <i>et al.</i> , 2021

Topologi pohon filogenetik (Gambar 4) digunakan untuk menjawab berbagai permasalahan yang berkaitan dengan tahapan perkembangan karakteristik morfologi. Penanda molekuler DNA dapat digunakan dalam kombinasi dengan penanda molekuler DNA lainnya dan umumnya memberikan hasil yang lebih baik untuk pengelompokan pohon filogenetik.



Gambar 4. Rekonstruksi Pohon Filogenetik Ikan Sembilang (*Neosilurus ater*)



Pengelompokkan spesies menggunakan pendekatan filogenetik memiliki keunggulan dibandingkan pengelompokan menggunakan fitur morfologis. Masalah pengelompokkan yang kontradiktif, yang biasanya terjadi dengan pola pengelompokan berdasarkan fitur morfologi, dapat diminimalkan. Hasil analisis filogenetik (Gambar 4) untuk mengetahui kekerabatan antara ikan sembilang Asal Merauke dengan spesies ikan lainnya. Kelompok campuran (penggabungan) berdasarkan kesamaan spesies diperoleh dengan menggunakan Metode *Neighbor-Joining* dengan model Kimura 2-Parameter. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa ikan sembilang asal perairan daratan Merauke memiliki garis keturunan yang sama dengan ikan sembilang yang berasal Australia. Hasil tersebut juga didukung oleh nilai jarak genetik sebesar 0.00, yang berarti spesies asal Merauke dan Australia merupakan spesies yang identic. Kesamaan genetik antar spesies mungkin disebabkan oleh jarak spasial, kondisi hidup dan pola migrasi spesies (Saleky *et al.*, 2016; Akbar *et al.*, 2016). Ini menjelaskan bahwa meskipun setiap kelompok populasi terpisah satu sama lain, kedua populasi tersebut secara genetik dekat dan memiliki nenek moyang yang sama.

SIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian dapat disimpulkan bahwa spesies yang dianalisis dengan teknik DNA *barcoding* adalah *Neosilurus ater* dengan panjang sekuen DNA 660 bp dengan tingkat kemiripan 100%. Rekonstruksi filogenetik dengan menggunakan metode *Neighbor-Joining* dengan model Kimura 2-parameter memperlihatkan pengelompokkan sekuen berdasarkan kemiripan dan jarak genetik antar spesies.

SARAN

Penulis menyarankan bahwa perlu dilakukan penelitian lanjutan mengenai aspek biologi reproduksi dan genetika populasi ikan sembilang yang terdistribusi di perairan daratan Merauke.

DAFTAR PUSTAKA

- Achmad M. J., Subur R., Supyan, & Akbar N., (2020) DNA *Barcode* and phylogenetics of green humphead parrotfish (*Bolbometopon muricatum*) in North Maluku waters. *AACL Bioflux* 13(5):2779-2787.
- Akbar, N., Labenua, R. (2020). Struktur genetik populasi ikan cakalang, *Katsuwonus pelamis* (Linnaeus, 1758) di Perairan Laut Maluku Utara, Indonesia. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*, 12(2), 409–421. <https://doi.org/10.29244/jitkt.v12i2.24274>
- Asriyana, A., & Halili, H. (2021). Aspek Biologi *Plotosus canius* (Plotosidae: Siluriformes) di Perairan Teluk Kolono, Sulawesi Tenggara. *Saintek Perikanan: Indonesian Journal of Fisheries Science and Technology*, 17(1), 74-80.
- Dawan J, Ahn J. Application of DNA barcoding for ensuring food safety and quality. *Food Sci Biotechnol*. 2022 Jul 27;31(11):1355-1364. doi: 10.1007/s10068-022-01143-7. PMID: 36060568; PMCID: PMC9433498.



- Dewanti, Y. R., Irwani, & Rejeki, S. (2012). Studi reproduksi dan morfometri ikan sembilang (*Plotosus canius*) betina yang didaratkan di pengepul wilayah Krobokan Semarang. *Journal Of Marine Research*, 1(2), 135–144.
- Galan, G. L., Mendez, N. P., & Cruz, R. Y. Dela. (2018). DNA bacoding of three selected gastropod species using cytochrome oxidase (COI) gene. *Annals of West University of Timisoara, Ser. Biology*, 21(1), 93–102.
- Gao, Z., Liu, Y., Wang, X., Wei, X., & Han, J. (2019). DNA Mini-Barcoding: A Derived Barcoding Method for Herbal Molecular Identification. *Frontiers in Plant Science*, 10(August). <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00987>
- Hakim, A.A., Rahayu, E.S., Mashar, A., Butet, N.A., Wardiatno, Y., Kamal, M.K., (2023). DNA *barcoding* untuk validasi spesies paus sperma (*Physeter macrocephalus* Linnaeus, 1758) dari Perairan Laut Sawu, Nusa Tenggara Timur, Indonesia. *COJ (Coastal And Ocean Journal)*, 7(Juni): 52 – 61.
- Hasan, U., & Afriani, D. W. I. T. (2019). Edu Science di Sungai Belawan The Size Class And Sex Ratio Black Eeltail Catfish (*Plotosus canius*). *In The Belawan River Edu Science*. 6(1), 26–30.
- Heirina, A. (2022). Heirina Literature Review: Ekobiologi Ikan Sembilang (*Plotosus sp.*). *Jurnal Perikanan Darat dan Pesisir (JPDP)*, 3(1): 1-7.
- Jefri, E., Neviaty, P, Z., Beginer, S., Hawis, H. M. (2015). Molecular phylogeny inferred from mitochondrial DNA of the grouper *Epinephelus* spp. In Indonesia collected from local fish market. *Biodiversitas*. 16 (2): 254-263.
- 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.
- Kundu, S., Pakrashi, A., Laskar, B. A., Rahaman, I., Tyagi, K., Kumar, V., & Chandra, K. (2019). DNA barcoding reveals distinct population of *Plotosus canius* (Siluriformes: Plotosidae) in Sundarbans waters. *Mitochondrial DNA Part B*, 4(1), 1167-1171.
- Kusuma, A. B., Bengen, D. G., Madduppa, H., Subhan, B., & Arafat, D. (2016). Keanekaragaman genetik karang lunak Sarcophyton trocheliophorum pada populasi laut jawa. Nusa tenggara dan Sulawesi. *Jurnal Enggano*, 1(1), 89-96.
- Lakra, W.S., Singh, M., Goswami A., Gopalakrishnan, A, Lal.K., Mohindra, Sarkar, V.U.K., Punia, P.P , Singh, K.V., Bhatt, J.P, Ayyappan, S., (2016). Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis. *Taylor & Francis*: 27.6 : 4510-4517.
- Lestari, Dewi Ayu, Rodiyati Azrianingsih., & H. Hendrian. (2018). “Filogenetik Jenis-Jenis Annonaceae Dari Jawa Timur Koleksi Kebun Raya Purwodadi Berdasarkan Coding dan Non-Coding Sekuen DNA.” *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology* 3(1): 1.
- 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. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d180305>.



- Muharam, D., & Riani, E. (2021). Biologi Reproduksi Ikan Sembilang (*Plotosus canius*) di Perairan Pantai Majekarta, Indramayu, Jawa Barat.
- 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).
- Purty, R., Chatterjee, S. (2016). DNA Barcoding: An Effective Technique in Molecular Taxonomy. *Austin J Biotechnol Bioeng*, 3(3), 1059–1.
- Saleky, D., Setyobudiandi, I., Toha, H. A., Takdir, M., & Madduppa, H. 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).
- Saleky, D., Sianturi, R., Dailami, M., & Kusuma, A. B. (2021). Kajian Molekuler Ikan *Oreochromis* spp. dari Perairan Daratan Merauke-Papua, Berdasarkan DNA Mitokondria Fragmen Gen Sitokrom Oksidase Subunit I. *Jurnal Perikanan Universitas Gadjah Mada*, 23(1), 37-43.
- Saleky, D., & Merly, S. L. (2021). Molekuler Filogenetik *Cerithidea anticipata* (Iredale, 1929) (Molluska: Gastropoda). *PLATAX*, 9(1), 9–17.
- Saleky, D., & Dailami, M. (2021). Konservasi Genetik Ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) Melalui Pendekatan DNA Barcoding dan Analisis Filogenetik di Sungai Kumbe Merauke Papua. *Jurnal Kelautan Tropis*, 24(2), 141-150. <https://doi.org/10.14710/jkt.v24i2.10760>
- Samani, N. K., Esa, Y., Amin, S. N., & Ikhsan, N. F. M. (2016). Phylogenetics and population genetics of *Plotosus canius* (Siluriformes: Plotosidae) from Malaysian coastal waters. *PeerJ*, 4, e1930.
- Setiamarga, D. H. E., Nakaji, N., Iwamoto, S., Teruya, S., & Sasaki, T. (2019). Dna barcoding study of shelled gastropods in the intertidal rocky coasts of central Wakayama Prefecture, Japan, using two gene markers. *International Journal of GEOMATE*, 17(62), 9–16. <https://doi.org/10.21660/2019.62.4521>
- Sianturi, R., Muhammad, D., Dandi, S., (2021). Identifikasi dan Analisis Filogenetik Ikan Ekonomis Penting *Oreochromis* sp. dengan Pendekatan DNA Barcoding. *Bioscientist : Jurnal Ilmiah Biologi*. 9 (2); 465-476.
- Yulianto, T., Atmadja, W. K., Zulpikar, Z., Ariska, R., & Suryanti, A. (2020). Pola pertumbuhan dan faktor kondisi ikan sembilang (*Potosus canius*) di Teluk Bintan Kepulauan Riau. *Depik*, 9(3), 452-456.
- Zhang, J. B., & Hanner, R. (2011). DNA barcoding is a useful tool for the identification of marine fishes from Japan. *Biochemical Systematics and Ecology*, 39(1), 31-42.