



## **PENGELOLAAN SUMBERDAYA IKAN KAKAP PUTIH (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) BERDASARKAN KARAKTER DNA MITOKONDRIA DI PERAIRAN PESISIR KABUPATEN MERAUKE**

**Dandi Saleky<sup>1\*</sup> dan Astaman Amir<sup>2</sup>**

<sup>1&2</sup>Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan, FAPERTA, Universitas Musamus, Indonesia

\*E-Mail : [dandi@unmus.ac.id](mailto:dandi@unmus.ac.id)

DOI : <https://doi.org/10.33394/bioscientist.v11i1.7049>

Submit: 23-01-2023; Revised: 03-02-2023; Accepted: 13-02-2023; Published: 30-06-2023

**ABSTRAK:** Sumberdaya ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) juga dikenal dengan nama *barramundi* memiliki nilai ekonomi yang tinggi. Pemanfaatannya tidak terbatas pada daging saja, tetapi juga gelembung renang yang dihasilkan. Pengetahuan tentang aspek genetik ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) sangat penting dalam mendesain kegiatan perbaikan genetik dan konservasi ikan tersebut. Tujuan penelitian ini mengidentifikasi spesies ikan kakap putih yang dikoleksi dari Pesisir Pantai Payum, Kabupaten Merauke dengan menggunakan gen Sitokrom Oksidase I. Ekstraksi DNA menggunakan *Blood & Tissue Kit* (Qiagen Kit), sedangkan primer yang digunakan untuk identifikasi molekuler adalah primer FISH-F1 (5'- TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC -3') dan FISH-R1 (5'- TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA -3'). Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa sampel yang dikoleksi adalah spesies ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) dengan kemiripan 99,61-100% dengan 9 titik mutasi. Jarak genetik dan tingkat similaritas sekuen DNA sangat menentukan terbentuknya pohon filogenetik. Pendekatan molekuler dapat digunakan dalam kegiatan pengelolaan dan konservasi spesies ikan ekonomis penting, khususnya ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790).

**Kata Kunci:** *Lates calcarifer*, Gen COI, Pohon Filogenetik.

**ABSTRACT:** *Barramundi* (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) also known as *barramundi* has high commercially important. Its utilization is not limited to meat, but also the swim bladder it produces. Knowledge of the genetic aspects of *barramundi* (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) is very important in designing genetic improvement and conservation activities for this fish. The purpose of this study was to identify the species of *barramundi* collected from Pesisir Pantai Payum, Merauke Regency using the Cytochrome Oxidase I gene. DNA extraction used the *Blood & Tissue Kit* (Qiagen Kit), while the primers used for molecular identification the primers were FISH-F1 (5'- TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC -3') and FISH-R1 (5'- TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA -3'). The results of this study indicated that the samples collected were *barramundi* species (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) with a similarity of 99.61-100% with 9 point mutations. Genetic distance and the level of similarity of DNA sequences greatly determine the formation of a phylogenetic tree. Molecular approaches can be used in the management and conservation of economically important fish species, especially *barramundi* (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790).

**Keywords:** *Lates calcarifer*, COI Gene, Phylogenetic Tree.



**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

Sumberdaya ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) atau yang lebih dikenal dengan nama *barramundi* adalah spesies ikan catadrom yang penting secara komersial. Spesies tersebut dapat ditemukan di daerah tropis dan subtropis (Irmawati *et al.*, 2020; Saleky & Dailami, 2021; Ward *et al.*, 2008) dan hidup pada habitat yang beragam, baik perairan pesisir, estuari, maupun perairan air tawar (Ibrahim *et al.*, 2014; John *et al.*, 2010). Sebagai salah satu komoditas unggulan sebagai penyumbang Pendapatan Asli Daerah (PAD) di daerah selatan Papua, ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) begitu diminati (Simbolon *et al.*, 2011). Selain daging, ikan kakap putih juga dikenal menghasilkan gelembung renang yang menjadikannya sebagai spesies target oleh nelayan (Widodo *et al.*, 2016).

Tingginya pemanfaatan ikan kakap putih dapat berpengaruh pada tingkat keragamannya genetik, yang mana informasi keragaman genetik dapat memberikan gambaran tentang status suatu populasi alami (Akbar *et al.*, 2014). Keragaman genetik yang tinggi memberikan gambaran bahwa suatu populasi belum banyak mengalami gangguan (Joerakate *et al.*, 2018). Selain itu, penurunan biodiversitas diawali dengan penurunan keragaman genetik spesies (Dailami *et al.*, 2021; Saleky *et al.*, 2021). Populasi yang memiliki keanekaragaman genetik yang tinggi akan memiliki kemampuan untuk bertahan terhadap perubahan lingkungan dari waktu ke waktu. Sebaliknya, populasi yang memiliki keanekaragaman genetik yang rendah cenderung akan mengalami tekanan yang berujung pada hilangnya populasi tersebut di alam (Kusuma *et al.*, 2016).

Gen Sitokrom Oksidase Subunit I (COI) banyak digunakan dalam berbagai studi, seperti: populasi genetik (Dailami *et al.*, 2021; Saleky *et al.*, 2016), identifikasi spesies dan studi keanekaragaman hayati (Martsikalis *et al.*, 2014; Thu *et al.*, 2019). Penanda gen COI juga telah diaplikasikan pada berbagai spesies ikan dari berbagai wilayah di dunia, seperti: Italia (Negri *et al.*, 2013; Wang *et al.*, 2012), India (Rajasekar *et al.*, 2012), dan juga di Indonesia (Nugroho *et al.*, 2017).

Pengetahuan tentang aspek genetik ikan kakap putih sangat penting dalam mendesain kegiatan perbaikan genetik dan konservasi ikan tersebut (Khang *et al.*, 2018). Hal tersebut penting karena kepunahan suatu spesies sangat bergantung pada tingkat keragaman genetik, populasi dengan keanekaragaman genetik yang tinggi akan mampu bertahan dan *survive* dari waktu ke waktu (Florescu *et al.*, 2019; Kusuma *et al.*, 2016).

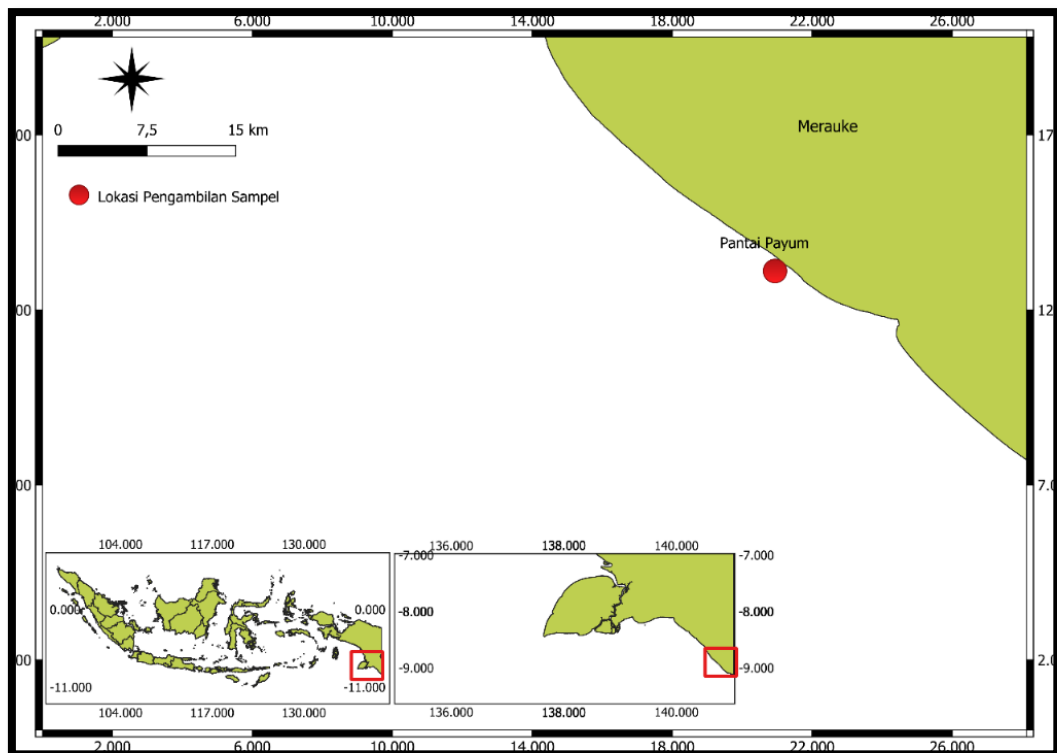
Penelitian DNA *barcoding* dan keragaman genetik ikan kakap putih telah dilakukan di beberapa perairan, seperti di Australia, Myanmar, dan India (John *et al.*, 2010), Asia-Pasifik (Yue *et al.*, 2009) termasuk di Muara Sungai Kumbe Merauke (Saleky & Dailami, 2021). Data yang dihasilkan dapat menjadi data dasar dalam pengelolaan sumberdaya ikan kakap putih dari populasi Merauke Papua.



## METODE

### Koleksi Sampel

Penelitian ini dilakukan dengan beberapa tahapan, yaitu: koleksi sampel, analisis molekuler, dan analisis data. Total 6 sampel ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) yang dikoleksi dari Pesisir Pantai Payum, Kabupaten Merauke (Gambar 1). Ekstraksi DNA menggunakan *Blood & Tissue Kit* (Qiagen Kit), sedangkan identifikasi molekuler menggunakan gen Cytochrome Oxidase Subunit I (COI).



**Gambar 1. Lokasi Pengambilan Sampel Ikan Ekonomis Penting Ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790).**

### Prosedur Penelitian

Sampel ikan kakap putih yang diperoleh kemudian diidentifikasi menggunakan *Fishbase* ([www.fishbase.org](http://www.fishbase.org)). Jaringan *tissue* dari sirip ikan yang didapatkan kemudian disimpan dalam botol sampel berisi ethanol 96%. Sampel kemudian diambil jaringannya (berukuran  $\pm 10$  gr), kemudian dilakukan proses ekstraksi untuk mengisolasi DNA. Metode ekstraksi yang digunakan adalah mengikuti protokol *Blood & Tissue Kit* (Qiagen). Hasil ekstraksi kemudian dianalisis ke tahapan selanjutnya yaitu PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Proses PCR menggunakan protokol laboratorium BIONESIA. Primer yang digunakan pada proses amplifikasi adalah FISH-F1 (5'- TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC -3') dan FISH-R1 (5'- TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA -3') (Ward *et al.*, 2005).



### Analisis Data

Analisis data dilakukan menggunakan model ClustalW (1.6) (Tamura *et al.*, 2013) dengan menggunakan program MEGA11 (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*). Data dicocokkan dengan data genetik pada *GeneBank* di NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) dengan menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*). Data genetik di-*download* dari *GeneBank* (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) dan dijadikan sebagai pembanding ikan kakap putih 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 11 (Tamura *et al.*, 2021). Rekonstruksi pohon filogenetik ikan kakap putih menggunakan metode *Neighbour-Joining* (NJ) dengan model Kimura 2-parameter, nilai *bootstrap* 1000x.

**Tabel 1. Sekuen DNA yang Digunakan dalam Rekonstruksi Filogenetik Termasuk Lokasi, Nomor Akses dari *National Center for Biotechnology Information* (NCBI).**

No.	Spesies	Lokasi	Acc. Number	Sumber
1	<i>L. calcarifer</i>	Malaysia	MW498666.1	Abidin <i>et al.</i> , 2021
2	<i>L. calcarifer</i>	Malaysia	MW498665.1	Abidin <i>et al.</i> , 2021
3	<i>L. calcarifer</i>	Malaysia	MW498664.1	Abidin <i>et al.</i> , 2021
4	<i>L. calcarifer</i>	Malaysia	MW498663.1	Abidin <i>et al.</i> , 2021
5	<i>L. calcarifer</i>	Pear River, China	MT884600.1	Chen <i>et al.</i> , 2021
6	<i>L. calcarifer</i>	Pear River, China	MT884599.1	Chen <i>et al.</i> , 2021
7	<i>L. calcarifer</i>	Indonesia	GU674017.1	Unpublish
8	<i>L. calcarifer</i>	Bangladesh	MK572284.1	Rahman <i>et al.</i> , 2019
9	<i>L. calcarifer</i>	Malaysia	KY849521.1	Unpublish
10	<i>L. calcarifer</i>	Banten, Indonesia	KU692587.1	Dahrudin <i>et al.</i> , 2017
	<i>L. calcarifer</i>	Indonesia	GU674017	Unpublish
11	<i>L. calcarifer</i>	Polinesia_Prancis	JQ431879.1	Hubert <i>et al.</i> , 2012
12	<i>L. calcarifer</i>	Australia	KX781875.1	Mitchell <i>et al.</i> , 2019
13	<i>L. calcarifer</i>	Australia	KX781858.1	Mitchell <i>et al.</i> , 2019
14	<i>L. calcarifer</i>	Myanmar	MH235652.1	Barman <i>et al.</i> , 2018
15	<i>L. calcarifer</i>	India	JF919828.1	John <i>et al.</i> , 2010
16	<i>L. calcarifer</i>	India	JF919827.1	John <i>et al.</i> , 2010
17	<i>L. calcarifer</i>	Bangladesh	MN458403.1	Habib <i>et al.</i> , 2021
18	<i>L. calcarifer</i>	Bangladesh	MN171369.1	Habib <i>et al.</i> , 2021
19	<i>L. calcarifer</i>	Bangladesh	MH087052.1	Ahmed <i>et al.</i> , 2020
20	<i>L. calcarifer</i>	Washington DC	KY656478.1	Stern <i>et al.</i> , 2017
21	<i>L. calcarifer</i>	Australia	KU496230.1	Khalil <i>et al.</i> , 2023
22	<i>E. tetradactylum</i>	Malaysia	MW498599.1	Abidin <i>et al.</i> , 2021
23	<i>J. trachycephalus</i>	Thailand	KX777979	Lo <i>et al.</i> , 2017

### HASIL DAN PEMBAHASAN

Total 6 sampel ikan kakap putih dikoleksi dari Pantai Payum, Kabupaten Merauke. Hasil analisis molekuler, panjang *sequence* DNA ikan kakap putih yang dianalisis adalah 677 *baispairs* (bp). Ukuran Panjang sekuen tersebut juga dapat ditemukan pada spesies lainnya yang menggunakan analisis gen COI, seperti: ikan kakap putih (John *et al.*, 2010; Saleky & Dailami, 2021), ikan nila (Dailami *et al.*, 2021; Saleky *et al.*, 2021), sehingga dapat disimpulkan hasil tersebut merupakan hasil yang tepat untuk DNA *barcoding* dengan gen COI ikan kakap putih.





Hasil identifikasi menggunakan BLAST NCBI, 6 sampel yang dianalisis adalah jenis ikan kakap putih *Lates calcarifer* (Tabel 2) tingkat similaritas 99,61-100%. Nilai ini relatif tinggi dan didukung oleh nilai *E-value* dan *Query cover* yang mendukung identifikasi menggunakan BLAST NCBI. DNA *barcoding* selain dipergunakan dalam identifikasi spesies, tetapi juga digunakan dalam menjawab berbagai permasalahan, seperti: status konservasi, taksonomi biogeografi, dan inventarisasi keanekaragaman hayati (Madduppa *et al.*, 2017; Saleky *et al.*, 2016).

**Tabel 2. Hasil Identifikasi dengan Menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*).**

No.	Identifikasi Spesies	Lokasi	Query Coverage (%)	Hasil BLAST (%)
1	<i>Lates calcarifer</i>	Pantai Payum, Merauke	100	100
2	<i>Lates calcarifer</i>	Pantai Payum, Merauke	100	100
3	<i>Lates calcarifer</i>	Pantai Payum, Merauke	100	99.61
4	<i>Lates calcarifer</i>	Pantai Payum, Merauke	100	100
5	<i>Lates calcarifer</i>	Pantai Payum, Merauke	100	99.61
6	<i>Lates calcarifer</i>	Pantai Payum, Merauke	100	100

Komposisi nukleotida dan komposisi rata-rata basa DNA yang ditemukan pada keenam sampel ikan kakap putih adalah Thymine (T) (29,15%), Cytosine (C) (29,89%), Adenine (A) (22,21%), dan Guanine (G) (18,76%).

**Tabel 3. Komposisi Nukleotida *Lates calcarifer* Asal Perairan Pantai Payum, Merauke.**

Spesies	T (%)	C (%)	A (%)	G (%)	C + G (%)	A + T (%)
<i>Lates calcarifer</i> (Merauke 01)	29.54	29.54	21.86	19.05	48.60	51.40
<i>Lates calcarifer</i> (Merauke 02)	29.54	29.54	21.86	19.05	48.60	51.40
<i>Lates calcarifer</i> (Merauke 03)	28.80	30.13	22.60	18.46	48.60	51.40
<i>Lates calcarifer</i> (Merauke 04)	29.10	29.99	22.16	18.76	48.74	51.26
<i>Lates calcarifer</i> (Merauke 05)	28.80	30.13	22.60	18.46	48.60	51.40
<i>Lates calcarifer</i> (Merauke 06)	29.10	29.99	22.16	18.76	48.74	51.26
Avg.	29.15	29.89	22.21	18.76	48.65	51.35

Letak perbedaan basa suatu spesies dapat diketahui dengan melakukan analisis polimorfik *site*. Analisis ini bertujuan untuk mengetahui letak *site* yang mengalami variasi (perubahan) dalam satu spesies yang sama. Berdasarkan hasil analisis, pada *Lates calcarifer* terdapat 9 titik mutasi yang menghasilkan 3 variasi *haplotype*. Penyebab dari perubahan urutan basa ini salah satunya yaitu individu tersebut melakukan adaptasi dengan lingkungannya, sehingga terjadi perubahan urutan basa (Kusuma *et al.*, 2016).

Data genetik berperan penting dalam pengelolaan dan konservasi perikanan, khususnya berhubungan konektivitas antar wilayah dan juga struktur populasi spesies (Saleky & Dailami, 2021). Melalui data genetik dapat menjawab berbagai masalah yang tidak bisa terselesaikan melalui data morfologi maupun ekologi. Penggunaan analisis jarak genetik dapat menjadi dasar dalam mempelajari evolusi molekuler, rekonstruksi filogenetik, dan perkiraan waktu evolusi (Sohpal, 2013). Analisis jarak genetik dilakukan dengan menggunakan model Kimura 2-Parameter (Tabel 4).





**Tabel 4. Jarak Genetik Ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer*) dari Perairan Merauke.**

No. Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1 <i>Lates calcarifer</i> (Merauke 01)	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
2 <i>Lates calcarifer</i> (Merauke 02)	0.000	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
3 <i>Lates calcarifer</i> (Merauke 03)	0.011	0.011	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
4 <i>Lates calcarifer</i> (Merauke 04)	0.006	0.006	0.005	*	*	*	*	*	*	*	*	*
5 <i>Lates calcarifer</i> (Merauke 05)	0.011	0.011	0.000	0.005	*	*	*	*	*	*	*	*
6 <i>Lates calcarifer</i> (Merauke 06)	0.006	0.006	0.005	0.000	0.005	*	*	*	*	*	*	*
7 <i>Lates calcarifer</i> (KX781875.1-Australia)	0.000	0.000	0.005	0.000	0.005	0.000	*	*	*	*	*	*
8 <i>Lates calcarifer</i> (MW498665.1-Malaysia)	0.005	0.005	0.009	0.005	0.009	0.005	0.005	*	*	*	*	*
9 <i>Lates calcarifer</i> (JF919828.1-India)	0.088	0.088	0.093	0.088	0.093	0.088	0.088	0.087	*	*	*	*
10 <i>Lates calcarifer</i> (MN458403.1-Bangladesh)	0.093	0.093	0.098	0.093	0.098	0.093	0.093	0.092	0.008	*	*	*
11 <i>E. tetradactylum</i> (MW498599-Malaysia)	0.212	0.212	0.216	0.212	0.216	0.212	0.212	0.212	0.210	0.215	*	*
12 <i>J. trachycephalus</i> (KX777979-Thailand)	0.738	0.738	0.740	0.738	0.740	0.738	0.738	0.738	0.731	0.735	0.731	*

Jarak genetik spesies ikan kakap putih dari Perairan Merauke memiliki nilai jarak genetik yang berkisar antara 0,000-0,005. Nilai jarak genetik ikan kakap putih dari Perairan Merauke dengan ikan kakap putih dari lokasi lain berkisar antara 0,000-0,093, sedangkan jarak genetik ikan kakap putih dengan spesies *E. tetradactylum* dan *J. trachycephalus* berkisar antara 0,731-0,740. Jarak genetik kurang dari 2% dapat dikatakan merupakan spesies yang sama, sedangkan jarak genetik lebih dari 2% merupakan spesies yang berbeda (Cai *et al.*, 2016).

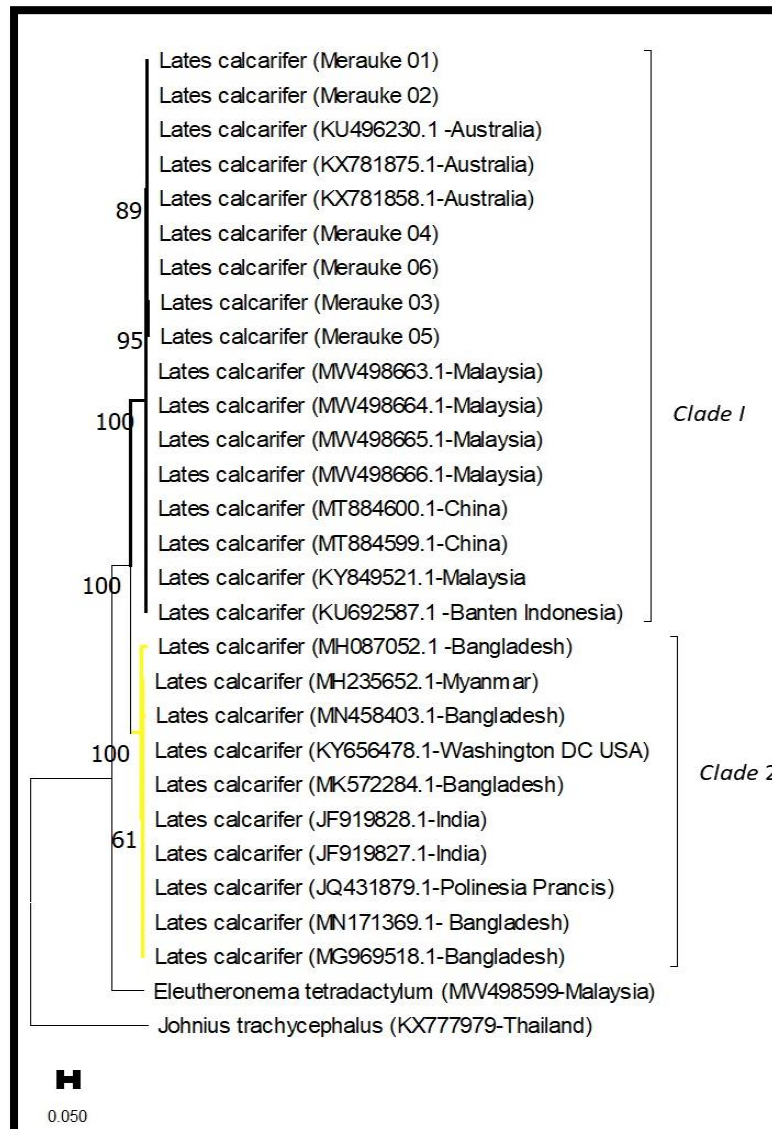
**Tabel 5. Daftar Haplotype Gen COI dari 6 Sampel Ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer*) dari Pesisir Merauke.**

Haplotype	Sekuen DNA
1	1.2
2	3.5
3	4.6

Sebanyak 3 *haplotype* (Tabel 6) diperoleh dari hasil analisis 6 sekuen DNA ikan kakap putih dari Pantai Payum, Kabupaten Merauke dengan keragaman *haplotype* 0,8. Keragaman *haplotype* relatif tinggi karena perbandingan antara jumlah sampel yang dianalisis dengan jumlah *haplotype* yang ditemukan. Nilai keragaman *haplotype* dapat berubah dengan bertambahnya sampel *sequence* DNA ikan kakap putih yang dianalisis. Semakin banyak data *sequence* DNA yang dianalisis, maka kemungkinan bertambahnya *haplotype* yang diperoleh semakin tinggi. Kelangsungan hidup suatu spesies sangat dipengaruhi oleh variasi *haplotype* di alam (Rachmat *et al.*, 2016). Seleksi alam, mutasi, dan aliran gen adalah beberapa faktor yang mempengaruhi variasi *haplotype* spesies (Adams *et al.*, 2019).

Analisis filogenetik tidak terlepas dari evolusi biologis (Dharmayanti, 2011). Evolusi biologi dapat diidentifikasi berdasarkan perubahan sekuen DNA spesies melalui proses mutasi dan rekombinan yang dapat menghasilkan suatu

spesies baru. Analisis filogenetik menggunakan metode *Neighbour-Joining* (NJ) dengan model Kimura 2-parameter, nilai *bootstrap* 1000x sebagai *outgroup* digunakan spesies *E. tetradactylum* dan *J. trachycephalus* sebagai pembanding.



**Gambar 3. Rekonstruksi Pohon Filogenetik Ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer*).**

Pohon filogenetik ikan kakap putih (Gambar 3) yang terbentuk terdiri atas 2 *clade* besar dengan nilai *bootstrap* yang tinggi. Nilai *bootstrap* sangat berpengaruh terhadap kualitas pohon filogenetik yang terbentuk, semakin tinggi nilai *bootstrap* maka semakin baik kualitas pohon filogenetik yang terbentuk. 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, Myanmar, dan Washington D.C.



*Sharring* genetik atau *gen flow* antar wilayah perairan menyebabkan ikan kakap putih (*Lates calcarifer*) membentuk konektivitas antar lokasi. *Gen flow* terjadi akibat adanya migrasi spesies dan juga proses larva dispersal, yang mana arus laut menjadi media *transport*. Sehingga pengelolaan konservasi ikan kakap putih (*Lates calcarifer*) harus dilakukan secara global.

## SIMPULAN

Analisis DNA *barcoding* diperoleh spesies yang dianalisis adalah ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) dengan panjang sekuen 677 *baispairs* (bp). Sebanyak 3 jenis *haplotyipe* ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) yang ditemukan di Perairan Pesisir Kabupaten Merauke. Pohon filogenetik membentuk 2 *clade* dengan nilai *bootstrap* 1000. Seluruh sekuen terbentuk berdasarkan kemiripan sekuen dan jarak genetik.

## SARAN

Perlu dilakukan penelitian lebih lanjut mengenai struktur populasi genetik ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790), agar dapat diperoleh data yang komprehensif mengenai status populasi ikan kakap putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790), khususnya yang berasal dari Perairan Merauke.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiayai oleh Universitas Musamus melalui DIPA Internal Skim Penelitian Dosen Pemula tahun 2022.

## DAFTAR RUJUKAN

- Abidin, D.H.Z., Azizah, M.N.S., Lavoué, S., Rahim, M.A., Jamaludin, N.A., and Akib, N.A.M. (2021). DNA-Based Taxonomy of a Mangrove-Associated Community of Fishes in Southeast Asia. *Scientific Reports*, 11(1), 1-15.
- Adams, C.I.M., Knapp, M., Gemmell, N.J., Jeunen, G.J., Bunce, M., Lamare, M.D., and Taylor, H.R. (2019). Beyond Biodiversity: Can Environmental DNA (eDNA) Cut It as a Population Genetics Tool? *Genes*, 10(3), 1-20.
- Ahmed, M.S., Datta, S.K., and Zhilik, A.A. (2020). Molecular Diversity of Freshwater Fishes of Bangladesh Assessed by DNA Barcoding. *Bangladesh Journal of Zoology*, 48(1), 1-19.
- Akbar, N., Zamani, N.P., dan Madduppa, H. (2014). Keragaman Genetik Ikan Tuna Sirip Kuning (*Thunnus albacares*) dari Dua Populasi di Laut Maluku, Indonesia. *Depik*, 3(1), 65-73.
- Barman, A.S., Singh, M., Singh, S.K., Saha, H., Singh, Y.J., Laishram, M., and Pandey, P.K. (2018). DNA Barcoding of Freshwater Fishes of Indo-Myanmar Biodiversity Hotspot. *Scientific Reports*, 8(1), 1-12.
- Cai, Y., Zhang, L., Wang, Y., Liu, Q., Shui, Q., Yue, B., Zhang, Z., and Li, J. (2016). Identification of Deer Species (Cervidae, Cetartiodactyla) in China using Mitochondrial Cytochrome C Oxidase Subunit I (mtDNA COI). *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 27(6), 4240-4243.







- Chen, W., Li, C., Yang, J., Zhu, S., Li, J., Li, Y., and Li, X. (2021). Temporal Species-Level Composition of Larvae Resources in the Lower Pearl River Drainage and Implications for Species' Reproductive Cycles. *Gene*, 776, 145351.
- Dahrudin, H., Hutama, A., Busson, F., Sauri, S., Hanner, R., Keith, P., Hadiaty, R., and Hubert, N. (2017). Revisiting the Ichthyo Diversity 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.
- Dailami, M., Rahmawati, A., Saleky, D., and Toha, A.H.A. (2021). DNA Barcoding of Tilapia Fish from Merauke, Papua and Malang, East Java-Indonesia. *AAEL Bioflux*, 14(2), 849-858.
- Dharmayanti, N.L.P.I. (2011). Filogenetika Molekuler: Metode Taksonomi Organisme Berdasarkan Sejarah Evolusi. *Wartazoa*, 21(1), 1-10.
- Florescu, I.E., Burcea, A., Popa, G.O., Dudu, A., Georgescu, S.E., and Costache, M. (2019). Genetic Diversity Analysis of Aquaculture Strains of *Acipenser stellatus* (Pallas, 1771) Using DNA Markers. *Iranian Journal of Fisheries Sciences*, 18(3), 405-417.
- Habib, K.A., Neogi, A.K., Rahman, M., Oh, J., Lee, Y.H., and Kim, C.-G. (2021). DNA Barcoding of Brackish and Marine Water Fishes and Shellfishes of Sundarbans, the World's Largest Mangrove Ecosystem. *PLoS ONE*, 16(8), 1-17.
- Hubert, N., Meyer, C.P., Bruggemann, H.J., Guérin, F., Komeno, R.J.L., Espiau, B., Causse, R., Williams, J.T., and 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), 1-8.
- Ibrahim, B., Salamah, E., Hak, N., dan 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.
- Irmawati, Umar, M.T., Ambo, A., Husain, A., Citra, A., Kadir, N.N., and Alimuddin. (2020). Distribution and Characteristics of Asian Seabass (*Lates calcarifer* Bloch, 1790) in South Sulawesi. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 564(1), 012011.
- Joerakate, W., Yenmak, S., Senanan, W., Tunkijjanukij, S., Koonawootrittriron, S., and Poompuang, S. (2018). Growth Performance and Genetic Diversity in four Strains of Asian Sea Bass, *Lates calcarifer* (Bloch, 1790) Cultivated in Thailand. *Agriculture and Natural Resources*, 52(1), 93-98.
- John, A., Prasannaku, C., Lyla, P.S., Khan, S.A., and Jalal, K.C.A. (2010). DNA Barcoding of *Lates calcarifer* (Bloch, 1970). *Research Journal of Biological Sciences*, 5(6), 414-419.
- Khalil, A.M., Gainsford, A., and Herwerden, L. van. (2023). DNA Barcoding of Fresh Seafood in Australian Markets Reveals Misleading Labelling and Sale of Endangered Species. *J Fish Biol.*, 102(3), 727-733.
- Khang, P. Van, Phuong, T.H., Dat, N.K., Knibb, W., and Nguyen, N.H. (2018).





- An 8-Year Breeding Program for Asian Seabass *Lates calcarifer*: Genetic Evaluation, Experiences, and Challenges. *Frontiers in Genetics*, 9(1), 1-12.
- Kusuma, A.B., Bengen, D.G., Madduppa, H., Subhan, B., dan Arafat, D. (2016). Keanekaragaman Genetik Karang Lunak *Sarcophyton trocheliophorum* pada Populasi Laut Jawa, Nusa Tenggara dan Sulawesi. *Jurnal Enggano*, 1(1), 89-96.
- Lo, P.C., Liu, S., Azizah, S., Nor, M., and Chen, W. (2017). Molecular Exploration of Hidden Diversity in the Indo-West Pacific Sciaenid Clade. *PLoS ONE*, 12(7), 1-21.
- Madduppa, H., Taurusman, A.A., Subhan, B., Anggraini, N.P., Fadillah, R., dan 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.
- Martsikalis, P., Gkafas, G.A., Apostolidis, A.P., and Exadactylos, A. (2014). Genetic Structure Profile of Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) Farmed Strains in Greece. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 14(1), 749-757.
- Mitchell, A., Rothbart, A., Frankham, G., Johnson, R.N., and Neaves, L.E. (2019). Could Do Better! A High School Market Survey of Fish Labelling in Sydney, Australia, Using DNA Barcodes. *PeerJ*, 2019(6), 1-20.
- Negri, A., Pellegrino, I., Mucci, N., Randi, E., Tizzani, P., Meneguz, P.G., and Malacarne, G. (2013). Mitochondrial DNA and Microsatellite Markers Evidence a Different Pattern of Hybridization in Red-Legged Partridge (*Alectoris rufa*) Populations from NW Italy. *European Journal of Wildlife Research*, 59(3), 407-419.
- Nugroho, E., Hadie, W., Subagja, J., dan Kurniasih, T. (2005). Keragaman Genetik dan Morfometrik pada Ikan Baung, *Mystus nemurus* dari Jambi, Wonogiri, dan Jatiluhur. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia*, 11(7), 1-6.
- Rachmat, H.H., Subiakto, A., dan 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.
- Rahman, M.M., Norén, M., Mollah, A.R., and Kullander, S.O. (2019). Building a DNA Barcode Library for the Freshwater Fishes of Bangladesh. *Scientific Reports*, 9(1), 1-10.
- Rajasekar, M., Thangaraj, M., Barathkumar, T.R., Subburaj, J., and 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.
- Saleky, D., Setyobudiandi, I., Toha, H.A., Takdir, M., dan 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*, 17(1), 208-217.
- Saleky, D., Sianturi, R., Dailami, M., dan Kusumah, A.B. (2021). Kajian Molekuler Ikan *Oreochromis* spp. dari Perairan Daratan Merauke-Papua, Berdasarkan DNA Mitokondria Fragmen Gen Sitokrom Oksidase Subunit I. *Jurnal Perikanan*, 23(1), 37-43.
- Saleky, D., dan 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.
- Simbolon, D., Purbayanto, A., Astarini, J.E., dan Simanungkalit, W. (2011). Eksplorasi Teknologi Tepat Guna dalam Penangkapan Kakap Putih (*Lates calcarifer*) di Kabupaten Mimika. *Jurnal Teknologi Perikanan dan Kelautan*, 1(2), 11-23.
- Stern, D.B., Nallar, E.C., Rathod, J., and Crandall, K.A. (2017). DNA Barcoding Analysis of Seafood Accuracy in Washington, D.C. Restaurants. *PeerJ*, 2017(4), 1-16.
- Tamura, K., Stecher, G., and Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022-3027.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., and Kumar, S. (2013). MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30(12), 2725-2729.
- Thu, P.T., Huang, W.C., Chou, T.K., Van Quan, N., Van Chien, P., Li, F., Shao, K.T., and Liao, T.Y. (2019). DNA Barcoding of Coastal Ray-Finned Fishes in Vietnam. *PLoS ONE*, 14(9), 1-13.
- Wang, Z.D., Guo, Y.S., Liu, X.M., Fan, Y.B., and Liu, C.W. (2012). DNA Barcoding South China Sea Fishes. *Mitochondrial DNA*, 23(5), 405-410.
- Ward, R.D., Holmes, B.H., and 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.
- Widodo, M.H., Edy, H.P., dan 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., and Orban, L. (2009). Genetic Variation and Population Structure of Asian Seabass (*Lates calcarifer*) in the Asia-Pacific Region. *Aquaculture*, 293(1-2), 22-28.

