



Identifikasi Spesies Ikan Ekonomis Penting yang Didaratkan di PPI Kedonganan dengan *DNA Barcoding*

Species Identification of Economically Important Fish Landed in PPI Kedonganan Using *DNA Barcoding*

Ni Putu Dian Pertiwi^{1,2*}, Ida Ayu Purnama Bestari¹, Andrianus Sembiring²

¹Jurusan Biologi dan Perikanan Kelautan, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Pendidikan Ganesha

Jl. Udayana No. 11 Singaraja, Buleleng, Bali 81116. Indonesia.

²Yayasan Biodiversitas Indonesia (Bionesia)

Jl. Bina Kasuari No.8, Cokroaminoto, Denpasar, Bali 80116, Indonesia

Email: dian.pertiwi@undiksha.ac.id

*Penulis Korespondensi

Abstract

Species identification is essential for inventarisation of the diversity of the economically important species within Indonesia waters. *DNA barcoding* is one of the molecular methods used for cryptic species identification. This research aims to identify the species of economically important fish landed in PPI Kedonganan using DNA barcoding methods with mitokondria (mtDNA) control region marker. A total of 6 (six) samples were collected using a purposive random sampling methods. Identification result using DNA barcoding indicated that the samples collected were identified as species of *Trichiurus lepturus nanhaiensis*; *Lutjanus quinguelineatus*; *Scomberus japonicus*; *Cheilopogon doederleinii*; *Parupeneus barberinus*; and *Leiognathus equula*. Intraspecific genetic distance indicated the value of 0.003 – 0.346. The result of DNA barcoding indicated a different species compared with the preliminary morphological identification. This different result might due to the limitation of the species sequences within the database. Therefore, this study is expected to be additional genetic information on the diversity of fish species within Indonesia, which recorded into the public genetic database.

Keywords : Bali, control region, economic fish, DNA barcoding, diversity

Abstrak

Identifikasi spesies sangat esensial bagi inventarisasi keanekaragaman spesies ikan ekonomis penting yang terdapat di perairan Indonesia. *DNA barcoding* merupakan salah satu metode molekuler yang digunakan untuk identifikasi spesies kriptik. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi spesies ikan ekonomis penting yang didaratkan di PPI Kedonganan menggunakan metode *DNA barcoding* dengan marka *control region* mitokondria (mtDNA). Sebanyak 6 (enam) sampel dikoleksi dengan metode *purposive random sampling*. Hasil identifikasi dengan *DNA barcoding* menunjukkan sampel yang dikoleksi sebagai spesies *Trichiurus lepturus nanhaiensis*; *Lutjanus quinguelineatus*; *Scomberus japonicus*; *Cheilopogon doederleinii*; *Parupeneus barberinus*; dan *Leiognathus equula*. Jarak genetik intraspesifik menunjukkan kisaran nilai 0.003 – 0.346. Hasil identifikasi *DNA barcoding* menunjukkan hasil yang berbeda dengan hasil identifikasi morfologi awal. Hal ini dapat disebabkan oleh terbatasnya data sekuen spesies di dalam basis data genetik. Oleh karena itu, penelitian ini diharapkan dapat menjadi tambahan informasi genetik pada keanekaragaman spesies ikan yang terdapat di wilayah Indonesia, yang tercatat pada basis data genetik secara umum.

Kata kunci : Bali, *control region*, *DNA barcoding*, ikan ekonomis, keanekaragaman

Disubmit : 14 November 2023 ; Direvisi : 15 Januari 2024 ; Diterima : 6 September 2024



Pendahuluan

Data keanekaragaman spesies menunjukkan bahwa lautan Indonesia memiliki kurang lebih 3000 spesies ikan dari total 7000 spesies ikan yang ada di seluruh dunia (Lasabuda, 2013). Dari keseluruhan spesies ikan yang terdapat di Indonesia tersebut, 51% merupakan spesies ikan laut, 48% ikan air tawar, dan 1% ikan air payau (Peristiwadi, 2006). Pendataan spesies ikan ekonomis di Indonesia telah banyak dilakukan, terutama melalui inventarisasi ikan laut yang bernilai ekonomis penting, baik inventarisasi spesies yang ditinjau dari karakter umum, habitat, distribusi (Genisa, 1999), karakter morfologi (Putra *et al.*, 2022; Runtuboi *et al.*, 2018; Samdani *et al.*, 2021), maupun karakter genetik (Abdullah & Rehbein, 2016).

Inventarisasi spesies adalah hal penting yang dilakukan untuk menjaga pengelolaan biodiversitas laut, yaitu dalam membantu ketersediaan informasi dan data sumber daya hayati laut secara berkala (Samdani *et al.*, 2021). Identifikasi spesies terhadap ikan ekonomis sebagian besar dilakukan dengan menggunakan identifikasi morfologi. Namun, penggunaan metode ini sering kali terkendala saat identifikasi terhadap suatu spesies kriptik (spesies dengan morfologi serupa) (Allen *et al.*, 2022; Narwiyani & Kurniasih, 2011). Oleh karena itu, dalam perkembangannya, identifikasi spesies juga dilakukan dengan metode genetika molekuler (Allen *et al.*, 2022; Pertiwi 2022), salah satunya menggunakan metode *DNA Barcoding*. *DNA Barcoding* merupakan salah satu metode genetika molekuler yang digunakan untuk identifikasi spesies dari potongan kecil DNA pada suatu gen spesifik (Helberg *et al.*, 2016). Informasi genetik dari berbagai studi dengan *DNA barcoding*, disimpan dalam suatu basis data (*database*) yang dapat diakses oleh masyarakat secara luas, contohnya pada Genbank, DDBJ, dan EMBL.

Studi identifikasi spesies ikan menggunakan *DNA barcoding* telah banyak dilakukan di Indonesia, antara lain terhadap ikan air tawar (Hubert *et al.*, 2015), hiu (Sembiring *et al.*, 2015), kerapu (Fadli *et al.*, 2021), ikan karang (Fadli *et al.*, 2020), ikan komersial (Abdullah & Rehbein, 2016), ikan

pelagis (Fitriani & Madduppa, 2020) bahkan pada larva ikan (Wibowo *et al.*, 2016), serta untuk identifikasi spesies ikan ekonomis dari daging yang dijual di pasar (Pertiwi, 2022). Terlepas dari penelitian yang telah menggunakan metode genetika molekuler, informasi mengenai data urutan DNA dari spesies-spesies ikan ekonomis yang ditemukan di wilayah Indonesia pada basis data genetik masih terbatas. Selain itu, informasi dari keseluruhan genom spesies-spesies ikan ekonomis di Indonesia juga terbatas, dan hanya terdapat dalam bentuk informasi potongan-potongan DNA tertentu, seperti COI, 16S, Cyt-b, ITS-1, *control region (d-loop)* dan beberapa lokus lain (Abdullah & Rehbein, 2016; Hellberg *et al.*, 2016; Mitchell & Hellberg, 2016; Pertiwi, 2022).

DNA pada lokus *control region* seringkali menunjukkan adanya perbedaan di antara individu dalam satu spesies yang sama. Oleh karena itu, selain digunakan untuk identifikasi spesies, data DNA lokus *control region* biasanya digunakan pula untuk analisis populasi suatu spesies. Keunggulan dari lokus ini disebabkan oleh adanya variasi genetik yang tinggi pada area lokus *control region* (Mitchell & Hellberg, 2016). Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi spesies ikan ekonomis penting yang didaratkan di PPI Kedonganan menggunakan metode *DNA barcoding* dengan marka *control region* mitokondria (mtDNA). Selain itu, penelitian ini juga bertujuan untuk menambah informasi mengenai keragaman genetik spesies – spesies ikan yang terdapat di wilayah Indonesia pada basis data genetik.

Metode Penelitian

Pada penelitian ini, 6 individu ikan ekonomis dikoleksi dari Pangkalan Pendaratan Ikan (PPI) Kedonganan (Gambar 1), menggunakan metode *purposive random sampling*. Sampel dikoleksi dalam bentuk ikan utuh. Masing-masing sampel difoto dan diidentifikasi secara morfologi berdasarkan buku identifikasi *Market Fishes of Indonesia* (White *et al.*, 2013). Identifikasi dengan metode *DNA barcoding* dilakukan dengan menggunakan bagian jaringan dari potongan sirip pektoral kanan dari masing-masing sampel. Pemilihan jaringan pada bagian sirip

dilakukan untuk menjaga karakter morfologi ikan yang dikoleksi, serta untuk meminimalisir pengambilan sampel lebih dari 1 kali pada individu ikan yang sama. Potongan sirip dipotong sepanjang 5 cm dan disimpan dalam larutan etanol 95%.

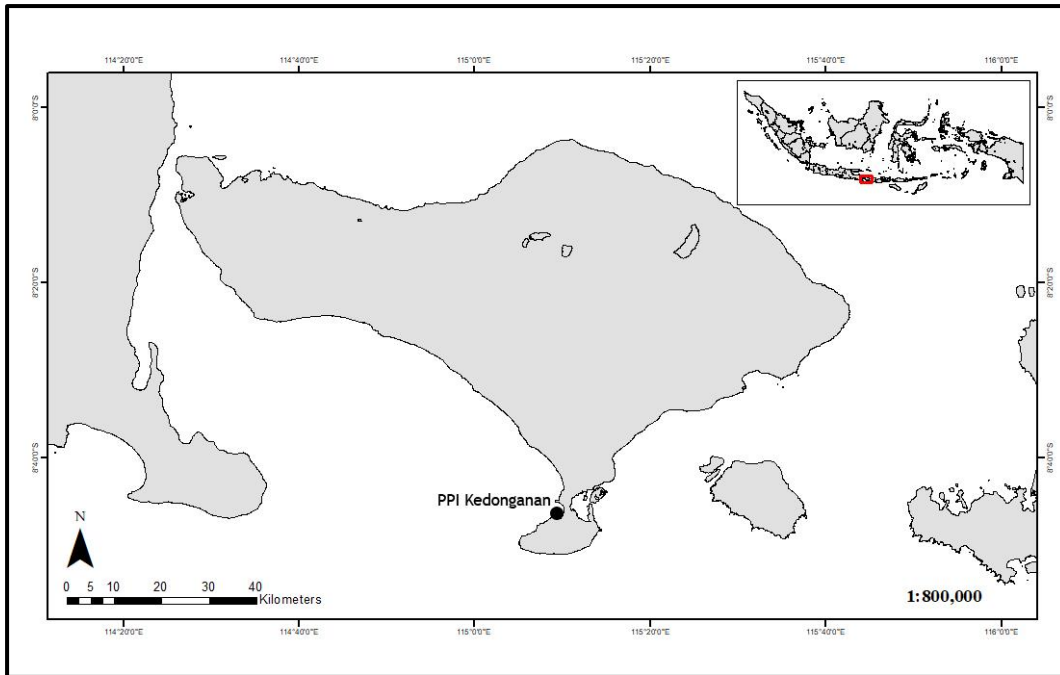
Jaringan sampel diambil sebanyak \pm 2 mm untuk digunakan dalam tahap ekstraksi DNA. DNA genom sampel diekstraksi menggunakan metode *Chelex 10%* (Walsh et al., 1991). Amplifikasi potongan DNA mitokondria pada lokus *control region* dilakukan menggunakan metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*), dengan dua primer, yaitu *primer forward* – CRK (5'-agc tca ggc cca gag cgc cgg tct tgt aaa-3') dan *primer reverse* – CRE (5'-cct gaa gta gga acc aga tg-3') (Lee et al., 1995). Amplifikasi dilakukan dengan menggunakan tahapan berikut: pre-denaturasi pada 94°C selama 10 detik, dilanjutkan dengan denaturasi pada 94°C selama 15 detik, *annealing* pada 50°C selama 30 detik, *extension* pada 72°C selama 45 detik yang diulang sebanyak 38 siklus dan diakhiri dengan *post-extension* pada 72°C selama 5 menit. DNA hasil amplifikasi divisualisasi menggunakan metode elektroforesis dengan *Blue View Transiluminator* pada gel agarosa 1% dengan pewarna *Gel Red[®] Biotium*. Pada elektroforesis digunakan *Hyperladder* 100 bp sebagai pembanding. Produk PCR selanjutnya disekuensing dengan metode *big dye chain termination* (*Sanger sequencing*).

Urutan DNA sekuen sampel diedit menggunakan program MEGAX dan disejajarkan dengan ClustalW (Kumar et al., 2018). Sekuen kemudian dibandingkan dengan data pada basis data Genbank dengan menggunakan program BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>). Sekuen dari hasil BLAST dengan *accession no* JN208475 (*Lutjanus quinquelineatus*), MG254034 (*Masturus lanceolatus*), AB458841 (*Scomber australasicus*), KC912548 (*Scomber*

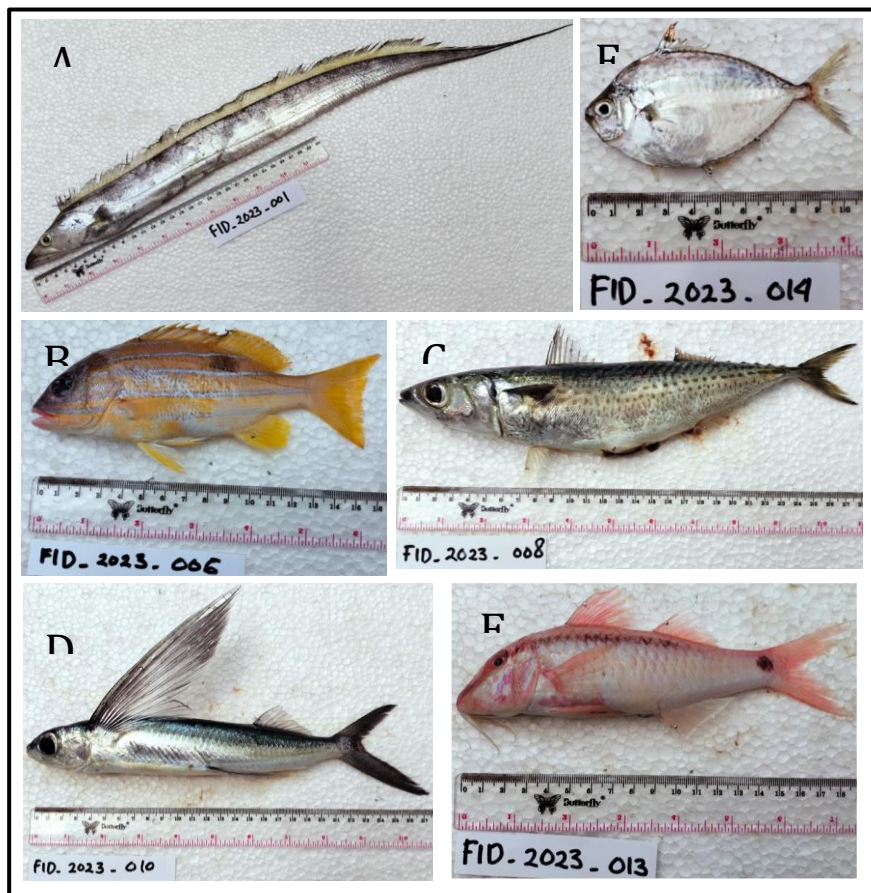
japonicus), NC033541 (*Cheilopogon doederleinii*), NC060686 (*Parupeneus indicus*), KC590425 (*Parupeneus multifasciatus*), AP018401 (*Parupeneus barberinus*), MT487746 (*Trichiurus lepturus*), MW719076 (*Trichiurus lepturus nanhaiensis*), MH514096 (*Geophagus altifrons*), GU123970 (*Lutjanus kasmira*), KY817241.1 *Lutjanus lutjanus*, MN017166.1 dan MN017137.1 (*Leiognathus equula*), serta NC057225 (*Leiognathus ruconius*) digunakan sebagai pembanding dalam analisis filogenetik. Konstruksi pohon filogenetik dilakukan dengan metode *Neighbor-Joining*, model *p-distance* dan *bootstrap* 1000 pengulangan. Jarak genetik antara sekuen sampel dan data pembanding dihitung menggunakan metode *p-distance* pada MEGAX.

Hasil dan Pembahasan

Sebanyak 6 (enam) individu ikan ekonomis dikoleksi pada penelitian ini dengan metode *purposive random sampling*. Sampel yang dikoleksi merupakan ikan-ikan ekonomis penting yang dijual di PPI Kedonganan. Hasil identifikasi morfologi dari masing-masing sampel secara berurutan (disertai label sampel) adalah sebagai berikut : 01) ikan layur (*Trichiurus lepturus*) (FID_2023_001), 02) ikan kakap (*snapper*) (*Lutjanus lutjanus*) (FID_2023_006), 03) ikan makarel pasifik (*Scomber japonicus*) (FID_2023_008), 04) ikan terbang (*Cheilopogon* sp.) (FID_2023_010), 05) ikan kambing (*goatfish*) (*Upeneichthys lineatus*) (FID_2023_013), dan 06) ikan petek (*Leiognathus equulus*) (FID_2023_014) (Gambar 2). Identifikasi morfologi ini didasarkan atas kesamaan karakteristik morfologi seperti dideskripsikan pada buku panduan identifikasi morfologi *Market Fishes of Indonesia* menurut White et al., (2013).



Gambar 1. Peta lokasi sampling. Titik hitam menunjukkan lokasi pengambilan sampel di Pangkalan Pendaratan Ikan (PPI) Kedonganan, Kabupaten Badung, Bali.



Gambar 2. Foto dan nama spesies sampel berdasarkan hasil identifikasi awal dengan morfologi. A. *Trichiurus lepturus*; B. *Lutjanus lutjanus*; C. *Scomber japonicus*, D. *Cypselurus* sp.; E. *Upeneichthys lineatus*; F. *Leiognathus equulus*.

Tabel 1. Hasil BLAST sampel dengan *database* pada Genbank.

No.	ID Sampel	Panjang basa (bp)	Hasil BLAST	Max Score	Query cover (%)	Identity (%)
1	FID_2023_001	329	<i>Trichiurus lepturus</i>	603	100	99.70
2	FID_2023_006	367	<i>Lutjanus quinguelineatus</i>	640	100	98.09
3	FID_2023_008	378	<i>Scomber australasicus</i>	676	100	98.94
4	FID_2023_010	397	<i>Cheilopogon doederleini</i>	706	100	98.74
5	FID_2023_013	416	<i>Parupeneus barberinus</i>	719	100	97.84
6	FID_2023_014	259	<i>Leiognathus ruconius</i> (complete genome)	108	23	98.36
			<i>Masturus lanceolatus</i>	104	34	87.91

Hasil urutan DNA pada masing-masing sampel pada lokus *control region* mtDNA menunjukkan panjang basa yang berbeda. Adapun panjang basa dari masing-masing sampel ditunjukkan pada Tabel 1. Urutan DNA dari masing-masing sampel dibandingkan dengan data pada basis data (Genbank: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) menggunakan BLAST. Hasil perbandingan urutan DNA sampel dengan sekuen pada basis data ditunjukkan seperti pada Tabel 1. Pada pencarian menggunakan BLAST Genbank, hasil yang ditampilkan adalah 100 sekuen yang memiliki kemiripan dengan sekuen sampel. Oleh karena itu, nama spesies yang dituliskan sebagai hasil BLAST merupakan nama spesies dengan skor tertinggi dibandingkan dengan keseluruhan data sekuen yang digunakan sebagai pembanding pada GenBank. Nilai *max score* atau skor maksimal tertinggi adalah nilai yang dihitung dari berbagai faktor, seperti halnya persentase tutupan dari keseluruhan sekuen (*query cover*) serta persentase (%) *identity* (tingkat kesamaan dari sekuen yang dibandingkan).

Pada hasil analisis perbandingan sekuen menggunakan BLAST, terdapat beberapa data sekuen yang memiliki kesamaan dengan sekuen sampel, namun dalam hasil penelitian, hasil yang ditampilkan adalah nama spesies dengan nilai skor perbandingan tertinggi (*Max score*), kecuali pada hasil identifikasi pada sampel FID_2023_014. Pada sampel FID_2023_014 ditampilkan 2 hasil karena skor tertinggi menunjukkan nama spesies *Leiognathus ruconius*, sementara sebagian besar hasil perbandingan lain menunjukkan nama spesies *Masturus lanceolatus*. Hasil BLAST dapat menunjukkan beberapa perbedaan hasil, tergantung dari ketersediaan data sekuen pada basis data, sehingga menunjukkan identifikasi yang ambigu. Dalam

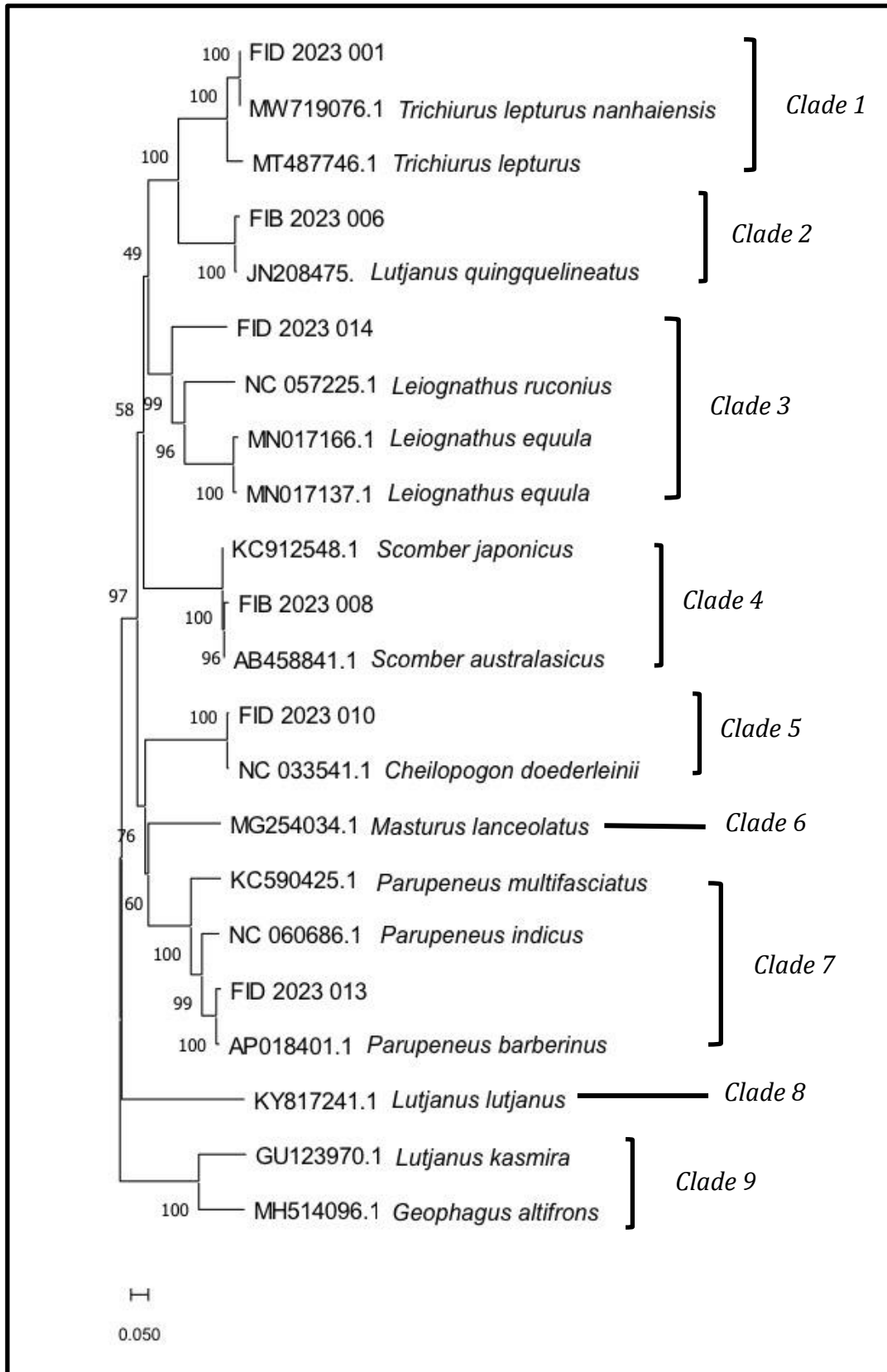
kasus ini, dapat terlihat juga bahwa nilai *Max score* menunjukkan nilai yang rendah, sehingga dapat dinyatakan bahwa masih terdapat banyak ketidakcocokan pada urutan DNA sekuen yang dibandingkan antara sekuen sampel dengan sekuen pembanding pada basis data. Hal ini juga dapat terjadi karena karakteristik dari lokus *control region* yang mempunyai variasi sekuen yang tinggi (McMillan & Pallumbi, 1997; Pertiwi et al., 2015). Oleh karena itu, perbandingan antara satu individu dengan individu lain dapat menunjukkan perbedaan, meskipun merupakan satu spesies yang sama. Hal ini terlihat juga dari nilai % *identity* pada kelima sampel lainnya yang menunjukkan nilai >96%, namun tidak mencapai kesamaan 100%. Ambiguitas pada identifikasi spesies menggunakan BLAST juga terjadi pada studi identifikasi oleh Abdullah & Rehbein (2016) serta Armani et al. (2015), yang disebabkan oleh kurangnya referensi yang memadai pada *database*.

Pada studi identifikasi ikan menggunakan penanda molekuler, dinyatakan bahwa tingkat perbandingan kesamaan sekuen dengan *database* (BLAST) sebesar 84% – 100% sudah dapat dikatakan sebagai satu spesies yang sama (Abdullah & Rehbein, 2016). Apabila ditinjau dari nilai % *identity* yang menunjukkan nilai 98.36 % (>90%), maka sampel FID_2023_014 dapat diidentifikasi sebagai *Leiognathus ruconius* meskipun nilai *max score* dan *query cover*-nya rendah. Nilai % *query cover* pada hasil BLAST menunjukkan persentase dari panjang sekuen sampel dan *database* yang dapat dibandingkan (Newell et al., 2013). Nilai *max score* dan *query cover* yang rendah tersebut dapat terjadi karena sekuen sampel yang hanya sepanjang 259 bp dibandingkan dengan sekuen genom dari *Leiognathus ruconius* pada *database* yang memiliki panjang 16.465 bp.

Oleh karena itu, untuk membuktikan bahwa hasil BLAST menunjukkan nama spesies yang tepat, maka analisis lanjutan kemudian dilakukan dengan analisis pohon filogenetik. Hal ini dilakukan karena meskipun terdapat nama spesies dengan nilai skor tertinggi, namun dalam hasil pencarian BLAST, masing-masing spesies menunjukkan kesamaan dengan beberapa spesies yang berbeda. Analisis lanjutan dilakukan menggunakan analisis filogenetik, dengan metode Neighbor-Joining dan model *p-distance* serta *bootstrap* 1000 pengulangan. Beberapa sekuen pembanding (beserta nomor *accession*-nya) yang diperoleh dari data GenBank, digunakan dalam analisis ini. Sekuen pembanding dipilih berdasarkan hal berikut: a) hasil pencarian di urutan pertama pada BLAST, b) nama spesies terbanyak yang muncul pada hasil BLAST, serta c) nama spesies dari identifikasi morfologi, yang datanya ada dalam basis data. Hasil analisis pohon filogenetik ditunjukkan seperti pada Gambar 3. Pada analisis ini, *Geophagus altifrons* digunakan sebagai *outgroup*.

Berdasarkan hasil pohon filogenetik, keseluruhan sekuen sampel mengelompok ke dalam 8 *clade*. Pengelompokan *clade* ini

didasarkan atas nilai jarak genetik (*genetic distance*) (Lampiran Tabel 1). Dari hasil pohon filogenetik, terlihat bahwa sampel FID_2023_001 termasuk ke dalam *clade* yang sama dengan genus *Trichurus*, dan memiliki nilai jarak genetik terdekat dengan *T. lepturus nanhaiensis* sebesar 0.003 (0.3%). Sekuen sampel FID_2023_006 termasuk ke dalam *clade* yang sama dengan genus *Lutjanus*, dan pada pohon filogenetik sekuen sampel ini menunjukkan jarak genetik sebesar 0.019 (1.9%) dengan *L. quinguelineatus*. Sementara itu, sekuen Genbank dari genus yang sama (*Lutjanus lutjanus* dan *Lutjanus kasmira*) menunjukkan *clade* yang berbeda dari sekuen FID_2023_006. Perbedaan ini dapat terjadi karena data sekuen yang digunakan hanya merupakan sebagian kecil dari keseluruhan genom dari ikan tersebut, selain itu, tingginya variabilitas pada sekuen lokus *control region* juga dapat menyebabkan tingkat kesamaan antar sekuen saat dibandingkan menjadi rendah (Mitchell & Hellberg, 2016). Sementara itu, sekuen sampel FID_2023_008 terlihat berada pada satu *clade* yang sama dengan genus *Scomber*, dan berdasarkan nilai jarak genetik memiliki kesamaan lebih dekat dengan sekuen *Scomber japonicus* (0.007 atau 0.7%).



Gambar 3. Pohon filogenetik sampel dianalisis menggunakan metode *Neighbor-Joining*, model *p-distance*, *bootstrap* 1000 pengulangan.

Sekuen sampel FID_2023_010 berada pada *clade* yang sama dengan *Cheilopogon doederleinii* dan memiliki jarak genetik sebesar 0.013 (1.3%). Pada sampel ini, terdapat perbedaan dari hasil identifikasi morfologi dengan hasil BLAST dan filogenetik. Hal ini dapat disebabkan oleh terbatasnya ketersediaan data genetik pada basis data, terutama untuk data *control region*. Hal yang sama juga terlihat pada hasil analisis sekuen sampel FID_2023_013, yang berada satu *clade* dengan sekuen genus *Parupeneus*, dan dari nilai jarak genetik, sekuen ini memiliki kesamaan terdekat dengan *Parupeneus barberinus*, dengan nilai 0.022 (2.2%). Sampel – sampel ini teridentifikasi sebagai spesies yang berbeda pada hasil BLAST dan filogenetik, karena sekuen *control region* dari spesies *Cypselurus* sp. dan *Upeneichthys lineatus* tidak tersedia pada basis data Genbank. Sementara itu, hasil analisis sekuen sampel FID_2023_014 berada dalam satu *clade* yang sama dengan genus *Leiognathus*, dan memiliki nilai jarak genetik terkecil dengan sekuen spesies *Leiognathus ruconius*. Namun, dilihat dari nilai jarak genetik antara sekuen *L. equula* dan *L. ruconius* tidak berbeda signifikan. Adanya nama spesies yang berbeda, namun memiliki nilai perbedaan sekuen yang kecil di antara kedua sekuen, merupakan hal yang sering ditemukan pada berbagai basis data genetik. Oleh karena itu, berdasarkan pohon filogenetik tersebut, sampel FID_2023_014 dapat juga dinyatakan sebagai *Leiognathus* spp., karena terdapat ambiguitas dari BLAST dan filogenetik. Adanya perbedaan hasil identifikasi spesies tersebut dapat diatasi dengan dukungan dari identifikasi morfologi untuk memastikan nama spesies dari sampel yang diidentifikasi (Allen *et al.*, 2013; Shah, *et al.*, 2018). Namun, apabila dibandingkan dengan sampel lainnya, jarak genetik yang dimiliki oleh sampel FID_2023_014 dengan sekuen pembanding adalah cukup jauh, yaitu sebesar 34%. Hal ini dapat disebabkan karena ketersediaan sekuen pembanding yang terbatas, yang terlihat dari nilai *max score* dan *query*

cover sekuen pembanding pada hasil BLAST yang juga menunjukkan nilai yang rendah.

Pengelompokkan sampel ke dalam *clade* pada pohon filogenetik juga didukung oleh nilai *bootstrap*. Nilai *bootstrap* dari masing – masing *clade* menunjukkan kisaran nilai 76 – 100. Berdasarkan analisis tersebut, identifikasi spesies dari masing-masing sampel menggunakan data *DNA barcoding* ditunjukkan seperti pada hasil Tabel 2. Perbedaan hasil identifikasi spesies, berdasarkan analisis morfologi, BLAST dan filogenetik, sebelumnya telah ditemukan juga pada beberapa penelitian identifikasi serupa, yaitu pada identifikasi spesies ikan (Abdullah & Rehbein, 2016; Armani *et al.*, 2015), bakteri (Koski & Golding, 2001, Newell *et al.*, 2013).

Faktor penting pada identifikasi spesies menggunakan sekuensing DNA adalah ketersediaan data pembanding yang lengkap dan serta reliabilitas data pada basis data. Meskipun banyak sekuen yang disimpan pada basis data Genbank, namun tidak seluruh data sekuen merupakan data yang konsisten dan masih terdapat keterbatasan dalam data yang disimpan pada basis data tersebut (Hellberg *et al.*, 2016). Oleh karena itu, pada beberapa studi identifikasi spesies, identifikasi dilakukan dengan menggunakan data – data morfologi serta di dukung oleh data genetik (Aisyah *et al.*, 2022; Allen *et al.*, 2022). Pada hasil penelitian ini, terlihat bahwa masih terdapat perbedaan hasil pada hasil identifikasi menggunakan data morfologi dan *DNA barcoding* (BLAST dan filogenetik). Oleh karena itu, perlu dilakukan penambahan data untuk mendukung hasil identifikasi yang telah dilakukan pada penelitian ini, terutama melalui penambahan data morfologi dan morfometrik, serta penambahan data sekuen sampel dengan menggunakan lokus yang berbeda ataupun dengan penambahan data genom. Namun demikian, hasil dari studi ini dapat menjadi data tambahan dalam basis data yang nantinya dapat digunakan sebagai data pembanding dalam identifikasi genetika molekuler untuk ikan – ikan ekonomis penting lainnya.

Tabel 2. Hasil identifikasi filogenetik

No.	ID Sampel	Nama spesies	Nilai jarak genetik dengan sekuen pembanding
1	FID_2023_001	<i>Trichiurus lepturus nanhaiensis</i>	0.003
2	FID_2023_006	<i>Lutjanus quinguelineatus</i>	0.019
3	FID_2023_008	<i>Scomberus japonicus</i>	0.007
4	FID_2023_010	<i>Cheilopogon doederleinii</i>	0.013
5	FID_2023_013	<i>Parupeneus barberinus</i>	0.022
6	FID_2023_014	<i>Leiognathus equula</i>	0.346

Simpulan dan Saran

Identifikasi spesies ikan ekonomis penting yang dikoleksi dari PPI Kedonganan menggunakan metode *DNA barcoding* dengan lokus *control region* menunjukkan adanya enam (6) spesies yang berbeda, yang teridentifikasi sebagai *Trichiurus lepturus nanhaiensis*; *Lutjanus quinguelineatus*; *Scomberus japonicus*; *Cheilopogon doederleinii*; *Parupeneus barberinus*; dan *Leiognathus equula*. Data sekuen dari hasil penelitian ini dapat dijadikan sebagai data tambahan dalam basis data yang nantinya dapat digunakan sebagai data pembanding dalam identifikasi genetika molekuler untuk ikan – ikan ekonomis penting lainnya.

Ucapan Terima Kasih

Penelitian ini didanai oleh DIPA BLU Universitas Pendidikan Ganesha Nomor: SP DIPA-023.17.2.677530/2022 Revisi II tanggal 14 April 2023. Sesuai dengan kontrak penelitian Nomor: 875/UN48.16/LT/2023. Penulis mengucapkan terima kasih kepada Indra Dwisaputra dan Kadek Desika Natalia atas kontribusinya dalam survey awal ikan ekonomis yang dijual di PPI Kedonganan, serta Luh Putu Candra Apriliani dan Ni Luh Astria Yusmalinda yang telah membantu dalam penyelesaian analisis laboratorium pada penelitian ini.

Daftar Pustaka

Abdullah, A. & Rehbein, H. (2016). DNA barcoding for the species identification of commercially important fishery products in Indonesian markets. *International Journal of Food Science and Technology*. 52(1): 266-274.

- Allen, G.R., Erdmann, M.V. & Pertiwi, N.P.D. (2022). Description of three new species of damselfish belonging to the *Pomacentrus philippinus* group (Pomacentridae) from Melanesia and the eastern and central Indian Ocean. *Aqua, International Journal of Ichthyology* 28(1):1-26.
- Armani, A., Tinacci, L., Xiong, X., Castigliero, L., Gianfaldoni, D. & Guidi, A. (2015). Fish species identification in canned pet food by BLAST and Forensically Informative Nucleotide Sequencing (FINS) analysis of short fragments of the mitochondrial 16s ribosomal RNA gene (16S rRNA). *Food Control* 50: 821-830.
- Fadli, N., Muchlisin, Z.A. & Siti-Azizah, M.N. (2021). DNA barcoding of commercially important groupers (Epinephelidae) in Aceh, Indonesia. *Fisheries Research* 234:105796.
- Fadli, N., Nor, S.A.M.N., Othman, A.S., Sofyan, H. & Muchlisin, Z.A. (2020). DNA barcoding of commercially important reef fishes in Weh Island, Aceh, Indonesia. *PeerJ* 8:e9641.
- Fitriani, T. & Madduppa, H. (2020). Penentuan jenis ikan layang (*Decapterus* spp.) dengan menggunakan metode analisis morfologi dan DNA barcoding. *BAWAL: Widya Riset Perikanan Tangkap* 12(3): 127-135.
- Genisa, A.S. (1999). Pengenalan jenis – jenis ikan laut ekonomi penting di Indonesia. *Oseania* 24(1): 17-38.
- Hellberg, R.S., Pollack, S.J. & Hanner, R.H. (2016). Chapter 6-Seafood Species Identification Using DNA Sequencing. In *Seafood Authenticity and Traceability* (pp.113-132). Academic Press.
- Hubert, N., Kadarusman, Wibowo, A., Busson, F., Caruso, D., Sulandari, S., Nafiqoh, N., Pouyaud, L., Ruber, L., Avarre, J-C., Herder, F., Hanner, R., Keith, P. & Hadiaty, R. (2015). DNA barcoding Indonesian freshwater fishes: challenges

- and prospects. *DNA Barcodes* 3(1): 144-169.
- Koski, L.B. & Golding, G.B. (2001). The closest BLAST hit is often not the nearest neighbor. *Letter to the Editor: Journal of Molecular Evolution*. 52: 540-542.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. & Tamura, K. (2018). Mega X: Molecular Evolutionary Genetic Analysis Across Computing Platform. *Molecular Biology Evolution* 35(6): 1547-1549.
- Lasabuda, R. (2013). Pembangunan wilayah pesisir dan lautan dalam perspektif Negara Republik Indonesia. *Jurnal Ilmiah Platax* 1(2): 92-101.
- Lee, W., Conroy, J., Howell, W.H. & Kocher, T.D. (1995). Structure and Evolution of Teleost Mitochondrial Control Regions. *Journal of Molecular Evolution* 41: 54-66.
- McMillan, W.O. & Palumbi, S.R. (1997). Rapid rate of control-region evolution in Pacific butterflyfishes (Chaetodontidae). *Journal of Molecular Evolution* 45:473-484.
- Mitchell, J.K. & Hellberg, R.S. (2016). Use of the mitochondrial control region as a potential DNA mini-barcoding target for the identification of canned tuna species. *Food Analytical Methods* 9: 2711-2710.
- Narwiyani, S. & Kurniasih. (2011). *Phylogenetic tree* dari empat isolat *Edwardsiella tarda* di Indonesia. *Jurnal Biota* 16(2): 348-353.
- Newell, P.D., Fricker, A.D., Roco, C.A., Chandransu, P. * Merkel, S.M. (2013). A small-group activity introducing the use and interpretation of BLAST. *Journal of Microbiology & Biology Education*. 14(2): 238-243.
- Peristiwady, T. (2006). *Ikan – ikan laut ekonomis penting*. LIPI Press. Jakarta.
- Pertiwi, N.P.D. (2022). Identifikasi spesies ikan pelagis yang dijual di pasar kota Denpasar menggunakan marka control region mitokondria (mtDNA). *Jurnal Pendidikan Biologi Undiksha* 9(1): 95-102.
- Pertiwi, N.P.D., Mahardika, I.G.N.K. & Watiniasih, N.L. (2015). Optimasi ampifikasi DNA menggunakan metode PCR (*polymerase chain reaction*) pada ikan karang anggota famili *Pseudochromidae* (dottyback) untuk identifikasi spesies secara molekular. *Jurnal Biologi* 19(2): 1-5.
- Putra, I.N.G., Faiqoh, E. & Wiratama, I.G.N.M. (2022). Status konservasi dan keanekaragaman jenis ikan yang diperdagangkan di pasar ikan tradisional di Bali. *Jurnal Kelautan Tropis* 25(2): 149-155.
- Runtuboi, F., Bawole, R., Goram, A., Wawiyai, Y., Wambrauw, M., Numberi, Y.Z., Gandegoai, A., Lamahoda, P.B.E, Rumakabes, S., Luturmase, M., Suparlan & Andoi, D.K. (2018). Inventarisasi jenis ikan karang dan komposisi jenis ikan ekonomis penting (Study kasus kampung Karnasoren, Saribi dan Syaribo) Pulau Numfor Kabupaten Biak Numfor. *Jurnal Pengelolaan Perikanan Tropis* 2(1): 11-18.
- Samdani, M., Resti, I.W. & Ekawati, R. (2021). Inventarisasi ikan ekonomis penting pada musim barat di PPI Kedonganan, Bali. *Journal of Marine and Aquatic Science* 7(1): 10-17.
- Sembiring, A., Pertiwi, N.P.D., Mahardini, A., Wulandari, R., Kurniasih, E.M., Kuncoro, A.W., Cahyani, N.K.D., Anggoro, A.W., Ulfa, M., Madduppa, H., Carpenter, K.E., Barber, P.H. & Mahardika, G.N. (2015). DNA barcoding reveals targeted fisheries for endangered sharks in Indonesia. *Fisheries Research* 164: 130-134.
- Shah, N., Altschul, S.F. & Pop, M. (2018). Outlier detection in BLAST hits. *Algorithms for Molecular Biology*. 13(7): 1-9.
- Walsh, P.S., Metzger, D.A. & Higuchi, R. (1991). Chelex-100 as A Medium for Simple Extraction of DNA for PCR Based Typing from Forensic Material. *Biotechniques* 10: 506-513.
- White, W.T., Last, P.R., Dharmadi, Faizah, R., Chodrijah, U., Prisantoso, B.I., Pogonoski, J.J., Puckridge, M. & Blaber, S.J.M. (2013). *Market fishes of Indonesia*. ACIAR Monograph No. 155. Australian Centre for International Agricultural Research. Canberra.
- Wibowo, A., Wahlberg, N. & Vasemagi, A. (2016). DNA barcoding of fish larvae reveals uncharacterized biodiversity in tropical peat swamps of New Guinea, Indonesia. *Marine and Freshwater Research* 68 (6): 1079-1087.

Lampiran 1

Tabel 1. Nilai jarak genetik antar sampel

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	
FID_2023_001	1																					
MT487746.1_Trichiurus_lepturus	2	0.079																				
MW719076.1_Trichiurus_lepturus_nanhaiensis	3	0.003	0.083																			
FIB_2023_006	4	0.357	0.349	0.357																		
JN208475.1_Lutjanus_quinquelineatus	5	0.357	0.357	0.357	0.019																	
KY817241.1_Lutjanus_lutjanus	6	0.711	0.691	0.714	0.678	0.691																
GU123970.1_Lutjanus_kasmira	7	0.698	0.737	0.694	0.710	0.711	0.724															
FIB_2023_008	8	0.510	0.532	0.510	0.516	0.529	0.610	0.657														
AB458841.1_Scomber_australasicus	9	0.500	0.521	0.500	0.504	0.475	0.630	0.680	0.011													
KC912548.1_Scomber_japonicus	10	0.500	0.521	0.500	0.506	0.468	0.631	0.681	0.014	0.007												
FID_2023_010	11	0.556	0.614	0.556	0.573	0.572	0.664	0.661	0.547	0.532	0.527											
NC_033541.1_Cheilopogon_doederleinii	12	0.556	0.614	0.556	0.579	0.577	0.664	0.658	0.544	0.529	0.527	0.013										
MH514096.1_Geophagus_altifrons	13	0.655	0.683	0.655	0.730	0.720	0.733	0.268	0.676	0.675	0.683	0.682	0.679									
FID_2023_013	14	0.528	0.524	0.528	0.545	0.545	0.662	0.689	0.527	0.513	0.489	0.466	0.468	0.685								
NC_060686.1_Parupeneus_indicus	15	0.514	0.506	0.514	0.549	0.555	0.648	0.687	0.521	0.504	0.479	0.453	0.455	0.703	0.107							
AP018401.1_Parupeneus_barberinus	16	0.531	0.519	0.531	0.547	0.548	0.651	0.684	0.524	0.510	0.486	0.458	0.461	0.676	0.022	0.102						
KC590425.1_Parupeneus_multifasciatus	17	0.560	0.570	0.560	0.553	0.557	0.657	0.649	0.472	0.453	0.450	0.477	0.477	0.653	0.173	0.168	0.177					
FID_2023_014	18	0.508	0.504	0.508	0.508	0.508	0.661	0.689	0.502	0.478	0.478	0.506	0.510	0.710	0.510	0.506	0.502	0.525				
MN017166.1_Leiognathus_equula	19	0.530	0.529	0.530	0.533	0.484	0.721	0.696	0.537	0.510	0.508	0.566	0.566	0.677	0.500	0.504	0.488	0.508	0.346			
MN017137.1_Leiognathus_equula	20	0.522	0.520	0.522	0.525	0.481	0.732	0.691	0.537	0.513	0.515	0.553	0.553	0.663	0.500	0.504	0.488	0.512	0.350	0.023		
NC_057225.1_Leiognathus_ruconius	21	0.517	0.536	0.517	0.498	0.446	0.739	0.699	0.531	0.487	0.490	0.533	0.533	0.684	0.491	0.476	0.476	0.513	0.343	0.303	0.298	
MG254034.1_Masturus_lanceolatus	22	0.563	0.538	0.559	0.565	0.561	0.672	0.648	0.535	0.525	0.521	0.467	0.463	0.664	0.441	0.430	0.425	0.409	0.427	0.510	0.514	0.490