

DNA Barcoding Analysis of Mullet (*Planiliza* sp.) using the Cytochrome C Oxidase Sub Unit I (COI) Gene in Merauke Coastal Waters

(Analisis DNA Barcoding Ikan Belanak (*Planiliza* sp.) menggunakan Gen Cytochrome C Oxidase Sub Unit I (COI) di Perairan Pesisir Merauke)

Dandi Saleky¹, Ferdinand C Situmorang², Marius A. Welliken¹, Jefri Sembiring³

¹ Department of Aquatic Resources Management, Faculty of Agriculture, Musamus University, Merauke, Indonesia 99611

² Department of Agribusiness, Faculty of Agriculture, Musamus University, Merauke, Indonesia 99611

³ Department of Agrotechnology, Faculty of Agriculture, Musamus University, Merauke, Indonesia 99611

*Corresponding author: dandi@unmus.ac.id

Manuscript received: 25 Sept. 2025 Revision accepted: 12 Nov. 2025

Abstract

Conservation genetics is an one effort to explore the potential of fish resources and maintain their sustainability. Fishes are important of biodiversity and are generally found in various ecosystems, including coastal, swamp and river ecosystems. The aim of this research is to analyze and identify important fish species using DNA barcoding techniques and phylogenetic analysis using GEN Cytochrome C Oxidase Sub Unit I (COI). Results of DNA amplification obtained a DNA sequence length of 665 bp with the identification result being mullet (*Planiliza alata*) with 100 % of similarity level. The resulting phylogenetic tree shows species grouping based on genetic distance and level of DNA sequence similarity. Based on this data, molecular approaches can be used to support aquatic resource conservation activities through conservation genetics.

Keywords: *Planiliza alata*, DNA Barcoding, phylogenetic, COI Gene

Abstrak

Salah satu upaya untuk menggali potensi sumberdaya ikan dan mempertahankan kelestariannya adalah dengan genetika konservasi. Spesies ikan merupakan bagian penting dari keanekaragaman hayati dan umumnya ditemukan di berbagai ekosistem baik ekosistem pesisir, rawa, dan sungai. Tujuan penelitian ini adalah menganalisis dan mengidentifikasi spesies ikan ekonomis penting menggunakan Teknik DNA *barcode* dan analisis filogenetik menggunakan GEN Cytochrome C Oxidase Sub Unit I (COI). Hasil amplifikasi DNA diperoleh panjang sekuen DNA 665 bp dengan hasil identifikasi adalah ikan belanak (*Planiliza alata*) dengan tingkat kemiripan 100 %. Pohon filogenetik yang dihasilkan menunjukkan pengelompokan spesies berdasarkan jarak genetik dan tingkat kemiripan sekuen DNA. Berdasarkan data ini, pendekatan molekuler dapat digunakan untuk mendukung kegiatan konservasi sumberdaya perairan melalui genetika konservasi.

Kata Kunci: *Planiliza alata*, DNA Barcoding, Filogenetik, Gen COI.

PENDAHULUAN

Lebih dari 30.000 spesies ikan tersebar di seluruh dunia dan mencakup lebih dari separuh hewan vertebrata air (Ward *et al.*, 2005; Bingpeng *et al.*, 2018). Ikan tidak hanya bermanfaat dalam sistem ekologis, tetapi juga memiliki nilai ekonomi langsung dan merupakan sumber protein hewani yang penting bagi manusia (Ude *et al.*, 2020). Selain peningkatan aktivitas manusia seperti penangkapan berlebih, pengrusakan habitat yang terkait dengan perubahan iklim juga berdampak signifikan

terhadap keanekaragaman hayati dan struktur komunitas ikan di lingkungan perairan (Wilson *et al.*, 2010). Kondisi ini menyebabkan terjadinya penurunan struktur ukuran, kepadatan, dan biomassa spesies ikan target (Chirico *et al.*, 2017; Ramírez-Ortiz *et al.*, 2020) termasuk penurunan keanekaragaman genetik (Jefri *et al.*, 2015; Sianturi *et al.*, 2021). Penurunan keanekaragaman genetik berpengaruh terhadap kemampuan ikan untuk beradaptasi terhadap perubahan lingkungan dan mengurangi peluang

kelangsungan hidup jangka panjang (Kusuma et al., 2016; Prehadi et al., 2015).

Salah satu upaya untuk menggali potensi sumberdaya dan mempertahankan kelestariannya adalah dengan genetika konservasi (Bănăduc et al., 2022; Sonesson et al., 2023). Genetika konservasi bertujuan untuk mempertahankan spesies dinamis yang mampu beradaptasi dan berkembang untuk mengatasi perubahan lingkungan sehingga meminimalkan risiko kepunahan (Scarpa et al., 2021). Genetika konservasi dengan pendekatan DNA *barcode* dan analisis filogenetik telah banyak digunakan sebagai alat identifikasi yang cepat, akurat dan hemat biaya, serta dapat digunakan secara luas untuk identifikasi pada berbagai spesies yang berbeda (Ardura et al., 2010; Nwani et al., 2011; Toha et al., 2020). DNA *barcode* dengan menggunakan gen Cytochrome C Oxidase Sub Unit I (COI) telah menjadi pendekatan molekuler yang terstandarisasi dan banyak dipakai untuk identifikasi spesimen dan klasifikasi spesies (Sun et al., 2016).

Penggunaan teknologi *barcode* DNA sebagai alat identifikasi spesies pertama kali diusulkan oleh Hebert et al., (2003) dengan harapan dapat mengidentifikasi dan mengklasifikasi semua spesies. Klasifikasi, identifikasi spesies dan analisis keanekaragaman ikan merupakan elemen dasar yang masih dianggap sebagai salah satu permasalahan paling mendasar dalam pengelolaan dan konservasi perikanan (Bingpeng et al., 2018). Penanda genetik dapat digunakan untuk mengetahui asal usul, sejarah spesies dan populasi dengan mengukur rekrutmen dan konektivitas genetik populasi (Saleky et al., 2016; Madduppa et al., 2017). Dengan berkembangnya teknologi biologi molekuler, analisis urutan DNA digunakan untuk membantu identifikasi spesies yangmana spesies yang berbeda menggunakan penanda DNA yang berbeda (Ward et al., 2005).

Perairan Pesisir Merauke merupakan habitat bagi berbagai jenis ikan. Hasil penelitian Wagemu et al., (2018) menemukan 13 spesies ikan yang tertangkap di Pantai Payum Kabupaten

Merauke, sedangkan Sunarni & Maturbongs, (2018) menemukan 31 spesies ikan di lokasi yang sama. Kajian dengan pendekatan genetika konservasi menggunakan teknik DNA *barcode* telah dilakukan sebelumnya pada berbagai spesies seperti ikan *Oreochromis* sp. (Sianturi et al., 2021) yang menemukan bahwa telah terjadi kesalahan pelabelan nama ikan dijual di pasar tradisional Merauke. Ikan kakap putih (*Lates carlcarifer*) (Saleky & Dailami, 2021) yang mampu mengidentifikasi dan melihat hubungan kekerabatan spesies ikan kakap putih asal Merauke dengan spesies lainnya.

Sumber daya perikanan merupakan sumber daya yang penting, karena peningkatan ekspor hasil laut sejalan dengan tujuan pembangunan dalam sektor perikanan untuk dapat meningkatkan kesejahteraan dan pendapatan masyarakat pesisir (Agus, 2018; Akoit & Nalle, 2018). Perairan Merauke termasuk dalam Wilayah Pengelolaan Perikanan (WPP) RI 718 yang memiliki sumberdaya ikan yang melimpah. Perairan pesisir Merauke memiliki sumberdaya perikanan yang sangat kaya, baik perikanan laut maupun darat. Perairan pesisir Merauke kaya akan sumber daya perikanan dan merupakan salah satu daerah penangkapan ikan terpenting di wilayah selatan Pulau Papua.

Menyadari besarnya potensi ekonomi dan keanekaragaman hayati perairan pesisir maka diperlukan suatu upaya untuk mendukung peningkatan nilai ekonomi sekaligus menjaga dan melindungi kelestariannya (Gunawan & Jumadi, 2016) melalui penerapan teknik DNA *barcoding* dan analisis filogenetik menggunakan gen Cytochrome C Oxidase Sub Unit I (COI) untuk mendukung konservasi keanekaragaman ikan di wilayah ini.

METODE PENELITIAN

Pengambilan sampel dilakukan di Perairan Pesisir Merauke yang terdiri dari 2 lokasi yaitu Pantai Urumb Distrik Semangga dan Pantai Payum Distrik Merauke Propinsi Papua Selatan (Gambar 1). Penelitian ini dilakukan melalui

beberapa tahapan yaitu pengambilan sampel, identifikasi morfologi, sub

sampling, analisis genetik, dan analisis data.

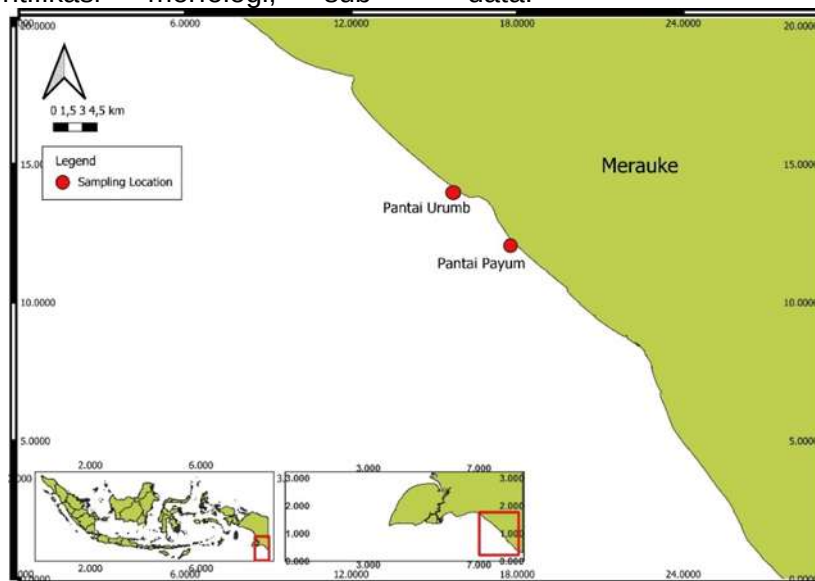


Table 1. Seawater Sample Near the Vessel

Prosedur Penelitian

Sampel ikan yang telah dikoleksi kemudian diidentifikasi di Laboratorium Jurusan Manajemen Sumber Daya Perairan Fakultas Pertanian UNMUS dengan menggunakan *tolls Fish Identification* (<https://www.fishbase.se/search.php>).

Setelah identifikasi dilakukan, kemudian dilanjutkan dengan mengambil sayatan jaringan ikan dan disimpan dalam botol sampel yang berisi etanol 96 %. Jaringan ikan yang diawetkan kemudian dikirim ke Laboratorium Keanekaragaman Hayati Indonesia (BIONESIA) untuk analisis secara molekuler guna mendapatkan fragmen DNA. Primer yang digunakan dalam penelitian ini yaitu 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 genetik dilakukan dengan menggunakan model ClustalW (1.6) (Tamura et al., 2021) dengan program MEGA 11. Data genetik kerang diselaraskan dengan data genetik yang tersedia dari GeneBank NCBI menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*). Jarak genetik (D) antar spesies dihitung dan pohon

filogenetik juga direkonstruksi menggunakan Mega 11 (Tamura et al., 2021). Rekonstruksi pohon filogenetik dengan metode *Neighbor-Joining* (NJ) menggunakan model Kimura 2 parameter, nilai *bootstrap* 1000x.

Penjelasan hasil penelitian dibuat berdasarkan hasil identifikasi BLAST yang menunjukkan hasil identifikasi berdasarkan urutan DNA. Keterkaitan evolusioner, kekerabatan, dan kelompok monofiletik ikan ekonomis dari perairan Merauke atau perairan lain dijelaskan dengan menggunakan analisis jarak genetik dan rekonstruksi filogenetik. Penelitian ini mencakup dua lokasi pengambilan sampel dan ini diharapkan dapat mengumpulkan banyak spesies ikan di Perairan pesisir Merauke. Data penelitian kemudian dibandingkan dengan data GenBank untuk menentukan apakah ada hubungan filogenetik atau evolusi.

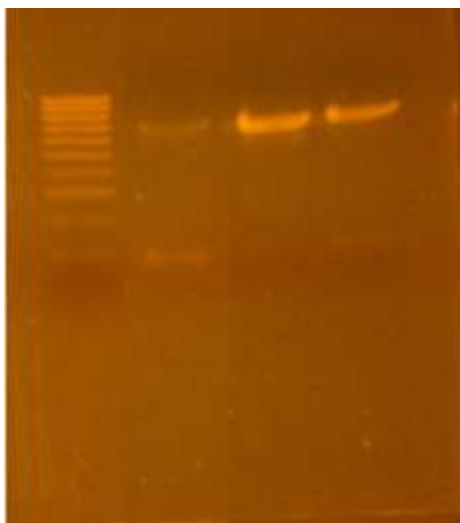
HASIL DAN PEMBAHASAN

Karakter Molekuler

Koleksi sampel dilakukan di Perairan Pesisir Merauke yang terdiri dari 2 lokasi yaitu Pantai Urumb Distrik Semangga dan Pantai Payum Distrik Merauke Propinsi Papua Selatan. Hasil analisis molekuler, panjang *sequence* DNA ikan belanak yang dianalisis adalah 655 *baispairs* (bp).

Panjang *baispairs* dalam penelitian ini umumnya juga ditemukan pada spesies-spesies yang menggunakan gen COI

(Dailami et al., 2021; Saleky & Dailami, 2021).



Gambar 2. Hasil Amplifikasi Gen COI Ikan Belanak (*Planiliza* sp.)

Hasil BLAST NCBI terhadap 2 sampel yang dianalisis diketahui adalah jenis ikan belanak (*Planiliza alata*) (Tabel 1) dengan tingkat similaritas 100 %. Hasil ini didukung oleh nilai *Query cover* yang tinggi yang mendukung identifikasi menggunakan BLAST NCBI. Penelitian ini berhasil mengidentifikasi spesies ikan yang dikoleksi, yang mana DNA Barcoding yang dilakukan tidak hanya mampu mengidentifikasi spesies utuh, tetapi juga mampu mengidentifikasi spesies dalam

berbagai bentuk, seperti: telur, larva, fillet, dan sirip (Saleky et al., 2016).

Komposisi nukleotida dan komposisi rata-rata basa DNA yang ditemukan pada kedua sampel ikan belanak (*Planiliza alata*) adalah Thymine (T) (29,92 %), Cytosine (C) (28,24 %), Adenine (A) (24,12 %), dan Guanine (G) (17,71%). Nukleotida G dengan C dihubungkan oleh 3 ikatan hydrogen, sehingga memiliki ikatan yang lebih kuat dibandingkan dengan pasangan A dan T yang hanya dihubungkan dengan 2 ikatan hydrogen (Dailami et al., 2021).

Tabel 1. Hasil identifikasi dengan menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*)

No	Identifikasi Species	Lokasi	Query Cover (%)	Identity (%)
1	<i>Planiliza alata</i>	Pantai Urumb, Merauke	91	100
2	<i>Planiliza alata</i>	Pantai Payum, Merauke	91	100

Tabel 2. Komposisi nukleotida ikan belanak (*Planiliza alata*)

Spesies	T (%)	C (%)	A (%)	G (%)	C + G (%)	A + T (%)
<i>Planiliza alata</i> (Pantai Urumb, Merauke)	29,92	28,24	24,12	17,71	45,95	54,05
<i>Planiliza alata</i> (Pantai Payum, Merauke)	29,92	28,24	24,12	17,71	45,95	54,05
Avg.	29,92	28,24	24,12	17,71	45,95	54,05

Nilai kandungan basa nukleotida *Thymine* merupakan yang terbanyak

mencapai 29,92%. Kandungan *Thymine* dan *Adenine* lebih banyak sebesar

54,05%, sedangkan kandungan *Cytosine* dan *Guanine* sebesar 45,95%. Rendahnya kandungan *Cytosine* dan *Guanine* menyebabkan denaturasi DNA semakin mudah terjadi (Assal & Lin, 2020).

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 3). 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

Tabel 3. Jarak Genetik Antara ikan belanak (*Planiliza alata*) Asal Merauke dengan Beberapa Sekuen yang Diambil Dari Genebank.

No	Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	<i>Planiliz alata</i> (Pantai Urumb Merauke)	-	*	*	*	*	*	*	*	*
2	<i>Planiliz alata</i> (Pantai Payum Merauke)	0,000	-	*	*	*	*	*	*	*
3	<i>Planiliz alata</i> (ANGBF5182 - Afrika Selatan)	0,117	0,117	-	*	*	*	*	*	*
4	<i>Planiliz alata</i> (ANGBF5307 - Afrika Selatan)	0,117	0,117	0,000	-	*	*	*	*	*
5	<i>Planiliz alata</i> (FOAM281 - Indonesia)	0,179	0,179	0,156	0,156	-	*	*	*	*
6	<i>Planiliz alata</i> (FOAM282 - Indonesia)	0,179	0,179	0,156	0,156	0,000	-	*	*	*
7	<i>Planiliz alata</i> (SAIAD789 - Madagaskar)	0,112	0,112	0,000	0,000	0,156	0,156	-	*	*
8	<i>Mugil cephalus</i> (ABFJ100 - Jepang)	0,201	0,201	0,194	0,194	0,210	0,210	0,193	-	*
9	<i>Nibea soldado</i> (BIFD726 - Indonesia)	0,210	0,210	0,211	0,211	0,195	0,195	0,207	0,204	-
10	<i>Johnius belangerii</i> (FSCS200 - Cina)	0,263	0,263	0,264	0,264	0,248	0,248	0,266	0,279	0,255

Jarak genetik adalah derajat perbedaan genetik antar spesies atau populasi, diukur dengan metode numerik. Jumlah rata-rata perbedaan kodon atau nukleotida per gen merupakan ukuran jarak genetik. Analisis jarak genetik DNA juga berguna dalam penentuan hubungan kekerabatan antarindividu atau antarpopulasi yang diteliti. Informasi ini dapat digunakan sebagai dasar dalam perbaikan kualitas spesies maupun populasi. Jarak genetic dan keanekaragaman genetik dapat terjadi karena adanya variasi nukleotida penyusun DNA. Variasi ini dapat berpengaruh pada fenotipe individu organisme yang dapat diamati secara langsung

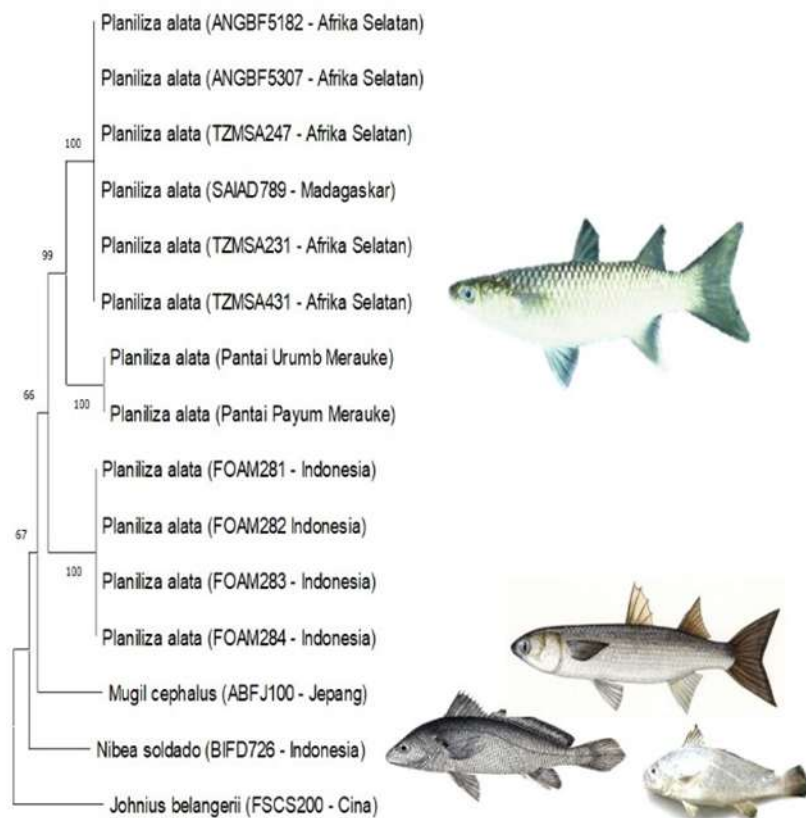
Filogenetik merupakan klasifikasi secara taksonomi spesies berdasarkan sejarah evolusi, analisis yang dilakukan

berdasarkan analisis sekuen DNA spesies. Semakin mirip sekuen DNA suatu spesies maka jarak genetik semakin kecil sebaliknya semakin berbeda sekuen DNA suatu spesies maka jarak genetiknya semakin besar. Jarak genetik gastropoda ikan belanak (*Planiliz alata*) asal Merauke memiliki jarak genetik 0.00 yang berarti kedua sampel yang dikoleksi memiliki Sekuen DNA yang identik. Nilai jarak genetik (Tabel 3) memperlihatkan semakin berbeda spesies, maka nilai jarak genetik semakin tinggi.

Analisis filogenetik dilakukan untuk mengetahui hubungan antara spesies ikan belanak (*Planiliz alata*) Analisis filogenetik dengan metode *Neighbour-Joining* menggunakan model Kimura dua parameter dilakukan pada seluruh sampel yang dianalisis secara terpisah antar

spesies (Gambar 3). Pengelompokan pohon filogenetik antar spesies berdasarkan jarak genetik yang dekat dengan nilai *bootstrap* antara 66 dan 100%. Terlihat bahwa spesies ikan belanak (*Planiliza alata*) membentuk *clade* yang sama dengan ikan belanak (*Planiliza alata*) yang berasal dari Afrika. Terbentuknya *clade* dari sekelompok spesies didukung

oleh nilai jarak genetik. Spesies dengan jarak genetik yang dekat cenderung membentuk *clade* tersendiri. Semakin jauh jarak genetik maka semakin terpisah spesies tersebut. Karakteristik molekuler baik jarak genetik dan filogenetik yang dimiliki spesies laut sangat dipengaruhi oleh perubahan historis dalam lingkungan laut di wilayah tersebut.



Gambar 3. Rekonstruksi filogenetik ikan belanak (*Planiliza alata*) menggunakan metode Neighbor-Joining (NJ) dengan model Kimura 2-parameter, bootstrap 1000 replikasi.

KESIMPULAN

Hasil identifikasi menggunakan Teknik DNA *barcoding*, 2 sampel yang dianalisis adalah ikan belanak (*Planiliza alata*) dengan kemiripan 100 % dengan jarak genetik terdekat sebesar 0.000. rekonstruksi filogenetik, masing-masing spesies terpisah berdasarkan jenis dengan nilai *bootstrap* yang tinggi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiayai oleh Universitas Musamus melalui DIPA Internal Skim Penelitian Terapan tahun 2024.

DAFTAR PUSTAKA

- Achmad, M. J., Subur, R., Supyan, & Akbar, N. (2020). DNA barcode and phylogenetics of greehumphead parrotfish (*Bolbometopon muricatum*) in North Maluku waters. *AACL Bioflux*, 13(5), 2779–2787.
- Agus, A. (2018). Marine/Fisheries Resource Using (Case Study Ternate Manucipality, North Molucca). *TORANI: Journal of Fisheries and Marine Science*, 1(2), 93–102. <https://doi.org/10.35911/torani.v1i2.4511>.

- Akoit, M.Y., & Nalle, M.N. (2018). Pengelolaan Sumberdaya Perikanan Berkelanjutan di Kabupaten Timor Tengah Utara Berbasis Pendekatan. *Jurnal Agribisnis Indonesia*, 6 (2): 85-108.
- Ardura, A., Linde, A. R., Moreira, J. C., & Garcia-Vazquez, E. (2010). DNA barcoding for conservation and management of Amazonian commercial fish. *Biological Conservation*, 143(6), 1438–1443. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2010.03.019>.
- Assal, N., and Lin, M. (2020). PCR Procedures to Amplify GC-Rich DNA Sequences of Mycobacterium bovis. *bioRxiv*, 1-21.
- Bănăduc, D., Simić, V., Cianfaglione, K., Barinova, S., Afanasyev, S., Öktener, A., McCall, G., Simić, S., & Curtean-Bănăduc, A. (2022). Freshwater as a Sustainable Resource and Generator of Secondary Resources in the 21st Century: Stressors, Threats, Risks, Management and Protection Strategies, and Conservation Approaches. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 19(24). <https://doi.org/10.3390/ijerph192416570>.
- Bingpeng, X., Heshan, L., Zhilan, Z., Chunguang, W., Yanguo, W., & Jianjun, W. (2018). DNA barcoding for identification of fish species in the Taiwan Strait. *PLoS ONE*, 13(6), 1–13. <https://doi.org/https://doi.org/10.1371/journal.pone.0198109>.
- Chirico, A. A. D., McClanahan, T. R., & Eklöf, J. S. (2017). Community- and government-managed marine protected areas increase fish size, biomass and potential value. *PLoS ONE*, 12(8), 1–19. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0182342>.
- Dailami, M., Rahmawati, A., Saleky, D., & Toha, A. H. A. (2021). DNA barcoding of tilapia fish from Merauke, Papua and Malang, East Java-Indonesia. 14(2), 849–858.
- Gunawan, E. H., & Jumadi. (2016). Keanekaragaman Jenis dan Sebaran Ikan yang Dilindungi, Dilarang Dan Invasif Di Kawasan Konservasi Rawadanau Banten. *Jurnal Perikanan Dan Kelautan*, 6 No.1(Juni), 67–73.
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512), 313–321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>.
- Jefri, E., Zamani, N. P., Subhan, B., & Madduppa, H. 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. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d160221>.
- [KKP] Kementerian Kelautan dan Perikanan Republik Indonesia, 2018. Laporan Kinerja Direktorat Jenderal Perikanan Tangkap.
- 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. <https://doi.org/10.31186/jenggano.1.1.89-96>.
- Lantang, B., Melmambessy, E. H. P., & Rini, A. C. (2020). Kabupaten Merauke Shrimp of Catch in the Kumbe Coastal Waters and Kaiburse Coastal Waters at Malind District, Merauke. *Jurnal IPTEKS Pemanfaatan Sumberdaya Perikanan*, 7(14), 163–176.
- 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>.
- Nuryanto, A., & Solihin, D. D. (2006). Variasi Sekuens Gen Mitokondrial Sitokrom C Oksidase I dari Siput Lola (*Trochus niloticus*). *Biosfera*, 23(1), 31–37.
- Nwani, C. D., Becker, S., Braid, H. E., Ude, E. F., Okogwu, O. I., & Hanner, R. (2011). DNA barcoding discriminates freshwater fishes from southeastern Nigeria and provides river system-level phylogeographic resolution within some species. *Mitochondrial DNA*, 22 (SUPPL. 1), 43–51.
<https://doi.org/10.3109/19401736.2010.536537>.
- Pramono, T. B., Arfiati, D. A., Widodo, M. S., & Yanuhar, U. Y. (2017). Identifikasi Ikan Genus *Mystus* Dengan Pendekatan Genetik. *Jurnal Sumberdaya Akuatik Indopasifik*, November, 1.
<https://doi.org/10.30862/jsai-fpik-unipa.2017.vol.1.no.2.34>.
- Prehadi, Sembiring, A., Kurniasih, E. M., Rahmad, 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*, 16(1), 55–61.
<https://doi.org/10.13057/biodiv/d160107>
- Ramírez-Ortiz G, Reyes-Bonilla H, Balart EF, Olivier D, Huato-Soberanis L, Micheli F, Edgar GJ. Reduced fish diversity despite increased fish biomass in a Gulf of California Marine Protected Area. *PeerJ*. 2020 Apr 9;8:e8885. doi: 10.7717/peerj.8885. PMID: 32296607; PMCID: PMC7151750.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J.A., Guirao-Rico, S., Librado, P., Sebastián E. Ramos-Onsins, S. E., & Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP v6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets. *Mol. Biol. Evol.* 34: 3299–3302.
- 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>
- 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*, 17(1), 208–217.
<https://doi.org/10.13057/biodiv/d170130>
- Saleky, D., Supriyatin, F. E., & Dailami, M. (2020). Pola Pertumbuhan dan Identifikasi Genetik *Turbo setosus* Gmelin, 1791. 23 (November), 305–315.
- Scarpa, F., Casu, M., & Sanna, D. (2021). Evolutionary and conservation genetics. *Life*, 11(11), 1–6.
<https://doi.org/10.3390/life11111160>
- 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
- Sianturi, R., Dailami, M., & Saleky, D. (2021). Identifikasi dan Analisis Filogenetik Ikan Ekonomis Penting *Oreochromis* sp. dengan Pendekatan DNA Barcoding. *Bioscientist: Jurnal Ilmiah Biologi*, 9(2), 465.
<https://doi.org/10.33394/bioscientist.v9i2.4027>
- Sonesson, A. K., Hallerman, E., Humphries, F., Hilsdorf, A. W. S., Leskien, D., Rosendal, K., Bartley, D., Hu, X., Garcia Gomez, R., & Mair, G. C. (2023). Sustainable management and improvement of genetic resources for aquaculture. *Journal of*

- the World Aquaculture Society*, 54(2), 364–396.
<https://doi.org/10.1111/jwas.12968>.
- Sulandari, S., Zein, M.S.A., Paryanti, S., Sartika, T., Astuti, M., Widjastuti, T., Sujana, E., Syafril, D., Setiawan, I., Garnida, D. (2007). Sumberdaya genetik ayam lokal Indonesia. Keanekaragaman Sumber Daya Hayati Ayam Lokal Indonesia : Manfaat dan Potensi. *Pusat Penelitian Biologi. Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia*. Bogor (ID). Hlm 45-104.
- Sun, S., Li, Q., Kong, L., Yu, H., Zheng, X., Yu, R., Dai, L., Sun, Y., Chen, J., Liu, J., Ni, L., Feng, Y., Yu, Z., Zou, S., & Lin, J. (2016). DNA barcoding reveal patterns of species diversity among northwestern Pacific molluscs. *Scientific Reports*, 6(August), 1–17.
<https://doi.org/10.1038/srep33367>.
- Sunarni, S., & Maturbongs, M. R. (2018). Composition and abundance of fish species on the coast of Payumb, Merauke City. *Akuatikisle: Jurnal Akuakultur, Pesisir Dan Pulau-Pulau Kecil*, 2(1), 5.
<https://doi.org/10.29239/j.akuatikisle.2.1.5-9>.
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution* 38: 3022-3027.
- Trisyani, N., & Kamarudin. (2020). Population growth and fishery status of the Lorjuk shellfish (*Solen* sp.) on Pamekasan beaches, Indonesia. *IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science* 441. (2020). doi:10.1088/1755-1315/441/1/012074.
- Toha, A. H. A., Dailami, M., Anwar, S., Setiawan, J. B., Jentewo, Y., Lapadi, I., Sutanto, S., Aryasari, R., Ambariyanto, Runtuboi, F., & Madduppa, H. (2020). The genetic relationships and indo-pacific connectivity of whale sharks (*Rhincodon typus*) with particular reference to mitochondrial COI gene sequences from Cendrawasih bay, Papua, Indonesia. *Biodiversitas*, 21(5), 2159–2171.
<https://doi.org/10.13057/biodiv/d210544>.
- Ude, G. N., Igwe, D. O., Brown, C., Jackson, M., Bangura, A., Ozokonkwo-Alor, O., Iheahalu, O. C., Chosen, O., Okoro, M., Ene, C., Chieze, V., Unachukwu, M., Onyia, C., Acquah, G., Ogbonna, J., & Das, A. (2020). DNA barcoding for identification of fish species from freshwater in Enugu and Anambra States of Nigeria. *Conservation Genetics Resources*, 12(4), 643–658.
<https://doi.org/10.1007/s12686-020-01155-7>.
- Weigt, L., Victor, B. & Castillo, C. 2011. Seven new species within western Atlantic *Starksia atlantica*, *S. lepicoelia*, and *S. sluteri* (Teleostei, Labrisomidae), with comments on congruence of DNA barcodes and species. *ZooKeys*. 79:21- 72. doi: 10.3897/zookeys.79.1045
- Wagemu, N., Mote, N., & Merly, S. L. (2018). Inventarisasi Hasil Tangkapan Ikan Yang Didaratkan Oleh Kelompok Penangkapan Ccdp-Ifad di Payum Kelurahan Samkai Kabupaten Merauke. *Musamus Fisheries and Marine Journal*, 1(1), 49–55.
<https://doi.org/10.35724/mfmj.v1i1.1505>.
- Ward, R., Zemlak, T., Innes, B., Last, P., & Hebert, P. (2005). DNA barcoding Australia's. *Philos Trans R Soc Lond B*, 360.
- Wilson, S. K., Fisher, R., Pratchett, M. S., Graham, N. A. J., Dulvy, N. K., Turner, R. A., Cakacaka, A., & Polunin, N. V. C. (2010). Habitat degradation and fishing effects on the size structure of coral reef fish communities. *Ecological Applications*, 20(2), 442–451.
<https://doi.org/10.1890/08-2205.1>