

Genetic Characterization of *Caesio cuning* (Bloch, 1791) Using COI Gene Markers in the Marine Waters of North Maluku and North Sulawesi

(Karakteristik Genetik *Caesio cuning* (Bloch, 1791) Menggunakan Marka Gen COI di Perairan Laut Maluku Utara dan Sulawesi Utara)

Muh. Rafil Afdalul'Firkan Marsaoly, Ari Berty Rondonuwu*, Rosita Anggreiny J. Lintang, Stenly Wullur, Jety Kornela Rangan, Suzanne Lydia Undap¹

Aquatic Science Study Program, Faculty of Fisheries and Marine Sciences, Sam Ratulangi University, Manado, Indonesia

² Faculty of Fisheries and Marine Sciences, Sam Ratulangi University, Manado, Indonesia

*Corresponding author arirondonuwu@unsrat.ac.id

Manuscript received: 19 April 2024. Revision accepted: 22 May 2025

Abstract

This research investigates the genetic composition of *C. cuning* (Bloch, 1791) inhabiting the coastal waters of North Maluku and North Sulawesi through the application of DNA barcoding, utilizing the mitochondrial COI (Cytochrome c Oxidase subunit I) gene as a molecular marker. Specimens were obtained from four distinct sampling sites: Ternate, Guraping, Ratatotok, and Manado. DNA was extracted using a commercially available kit, followed by amplification via PCR and sequence analysis using the MEGA X platform. Sequencing results produced a 611 bp fragment of the COI gene, with a nucleotide profile dominated by pyrimidine bases—specifically thymine and cytosine. Genetic similarity between local samples and GenBank references ranged from 99.08% to 100%, indicating a high level of genetic uniformity. Phylogenetic reconstruction showed that populations from the four locations clustered with *C. cuning* populations from other western Indo-Pacific regions, including East Java, Bali, and the Philippines. These findings support the recognition of *C. cuning* in the study area as a single, genetically cohesive stock suitable for regionally coordinated conservation and sustainable fishery management.

Keywords: *C. cuning*, COI gene, DNA barcoding, genetic structure, phylogenetic analysis.

Abstrak

Penelitian ini mengkaji komposisi genetik ikan *C. cuning* (Bloch, 1791) yang tertangkap perairan pesisir Maluku Utara dan Sulawesi Utara melalui pendekatan DNA barcoding dengan menggunakan gen mitokondria COI (Cytochrome c Oxidase subunit I) sebagai penanda molekuler. Spesimen dikumpulkan dari empat lokasi sampling yang berbeda, yaitu Ternate, Guraping, Ratatotok, dan Manado. Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan kit komersial, dilanjutkan dengan amplifikasi melalui PCR serta analisis sekuens menggunakan perangkat lunak MEGA X. Hasil sekuensing menghasilkan fragmen gen COI sepanjang 611 bp, dengan komposisi nukleotida yang didominasi oleh basa pirimidin—khususnya timin dan sitosin. Tingkat kemiripan genetik antara sampel lokal dan referensi dari GenBank berkisar antara 99,08% hingga 100%, menunjukkan tingkat homogenitas genetik yang tinggi. Rekonstruksi filogenetik memperlihatkan bahwa populasi dari keempat lokasi tergabung dalam satu klade dengan populasi *C. cuning* dari wilayah lain di Indo-Pasifik bagian barat, termasuk Jawa Timur, Bali, dan Filipina. Temuan ini mendukung pengakuan bahwa *C. cuning* di wilayah studi merupakan satu stok genetik yang kohesif dan sesuai untuk dikelola secara kolektif dalam upaya konservasi serta pengelolaan perikanan berkelanjutan di tingkat regional.

Kata kunci: *C. cuning*, gen COI, DNA barcoding, struktur genetik, analisis filogenetik

PENDAHULUAN

ikan ekor kuning, *C. cuning* (Bloch, 1791), yang termasuk dalam famili Caesionidae, tersebar luas di zona laut tropis Indo-Pasifik Barat, antara 31°LU–28°LS dan 76°BT–172°BT (Carpenter,

1988). Spesies yang berasosiasi dengan terumbu ini biasanya ditemukan pada kedalaman 1 hingga 60 Meter dan berperan sebagai komponen penting dalam sumber daya perikanan terumbu karang, khususnya di wilayah Indonesia

bagian timur, termasuk provinsi Maluku Utara dan Sulawesi Utara (Fricke et al., 2011; Rembet et al., 2011).

ikan *C. cuning* memiliki kemampuan beradaptasi di perairan keruh dan mempertahankan penyebaran yang luas dengan prevalensi tinggi di laut Indonesia. Misalnya, penelitian di Pulau Putus-Putus, Sulawesi Utara, mengungkapkan bahwa spesies ini merupakan yang paling melimpah dalam komunitas ikan terumbu karang lokal (Rembet et al., 2011). Dominasi semacam ini menekankan pentingnya melakukan penilaian genetik yang lebih mendalam terhadap spesies ini.

Identifikasi *C. cuning* secara akurat berdasarkan morfologi, sulit dilakukan karena ciri yang relative sama, terutama di lingkungan yang kaya keanekaragaman hayati. Dalam konteks ini, teknik molekuler seperti DNA barcoding memberikan alternatif yang lebih detail untuk mengidentifikasi pada tingkat spesies dan mendeteksi variasi genetik antar dan dalam populasi (Hebert et al., 2004). Di antara penanda molekuler yang paling tepat untuk ikan teleostei laut adalah gen mitokondria COI karena efektivitasnya dalam membedakan spesies yang berkerabat dekat berdasarkan variasi nukleotida (Zuhdi & Madduppa, 2020).

Studi genetik pada *C. cuning* telah dilakukan di beberapa wilayah Indonesia, seperti Jakarta (Zuhdi & Madduppa, 2020), Karimunjawa (Nursalim et al., 2022), dan di Filipina (Zhan et al., 2017). Namun, data genetik dari Indonesia bagian timur, khususnya Maluku Utara dan Sulawesi Utara, masih sangat terbatas. Mengingat kedekatan geografis kedua provinsi ini, penting untuk menyelidiki apakah populasi *C. cuning* di wilayah tersebut secara genetik berbeda atau saling terhubung.

Penelitian ini bertujuan untuk mengkaji struktur genetik dalam hubungan dengan kekerabatan *C. cuning* di empat lokasi pesisir Indonesia bagian timur dengan menganalisis sekuens gen mitokondria COI. Secara khusus, penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi kesamaan sekuens, komposisi nukleotida, jarak genetik, dan hubungan filogenetik—dengan demikian

memberikan informasi dasar penting untuk strategi pengelolaan perikanan yang berkelanjutan dan berbasis wilayah.

Area Penelitian dan Periode Pengambilan Sampel

Penelitian ini dilakukan pada bulan Januari sampai dengan Februari 2025 di empat lokasi yang terletak di provinsi Maluku Utara dan Sulawesi Utara. Lokasi-lokasi tersebut memiliki daerah penangkapan yang berbeda dari titik pengambilan sampel yaitu Kelurahan Guraping di Pulau Halmahera (perairan teluk Guraping), Kota Ternate (Perairan Bacan), Kecamatan Ratatotok di Minahasa Tenggara (Perairan Bolaang Mongondow Selatan), dan Kota Manado (Perairan Manado-Likupang). Pemilihan lokasi ini dilakukan melalui pemetaan partisipatif bersama nelayan setempat untuk memastikan bahwa lokasi yang dipilih mewakili daerah penangkapan alami *C. cuning* yang biasa ditargetkan oleh perikanan local yaitu Sulawesi Utara dan Maluku Utara (Gambar 1).

Pengumpulan Spesimen

Sebanyak 124 spesimen *C. cuning* diperoleh, masing-masing 31 ekor dari setiap lokasi. Dari jumlah tersebut, satu individu per lokasi dipilih secara acak untuk analisis genetik, dengan mempertimbangkan kesegaran spesimen. Jaringan otot seberat kurang lebih 10 Gram diambil dari bagian punggung-samping menggunakan peralatan bedah steril. Jaringan tersebut diawetkan dalam etanol 95% dan disimpan pada suhu -20°C hingga proses isolasi DNA dilakukan.

Prosedur Isolasi DNA

DNA genomik diekstraksi menggunakan innuPrep DNA Micro Kit (Analytik Jena, Jerman). Potongan jaringan ($\pm 2 \text{ mm}^3$) dimasukkan ke dalam mikrotube steril 1,5 mL yang berisi 200 μL Lysis Solution TLS dan 10 μL Proteinase K. Campuran diinkubasi pada suhu 55°C selama satu jam dengan pembalikan manual secara berkala untuk mempercepat pencernaan jaringan. Setelah itu, larutan di sentrifugasi pada 11.000 rpm selama satu menit. Supernatan

yang diperoleh dipindahkan ke tabung baru dan dicampur dengan 200 μ L Binding Solution TBS, lalu dicampur menggunakan vortex mixer.

Larutan kemudian dimasukkan ke dalam kolom spin filter untuk proses pemurnian. Langkah pencucian dilakukan

secara berurutan menggunakan 400 μ L Washing Solution HS, diikuti dengan 750 μ L Washing Solution MS. Setelah membran kolom dikeringkan, DNA diekstraksi dengan 100 μ L Elution Buffer dan disimpan pada suhu -10°C untuk dilakukan analisis selanjutnya.



Gambar 1. Peta Area Penangkapan.

Amplifikasi PCR dan Sekuensing DNA

Gen mitokondria COI diamplifikasi menggunakan teknik Polymerase Chain Reaction (PCR) dengan primer universal: FISH F1: 5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3' FISH R1: 5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA-3' (seperti yang dijelaskan oleh Ward et al., 2005)

Campuran reaksi PCR 26 μ L terdiri dari 2 μ L DNA template, 1,25 μ L masing-masing primer, 12,5 μ L master mix, dan 9 μ L air bebas nuklease. Protokol termal meliputi denaturasi awal pada 94°C selama 3 menit, diikuti dengan 38 siklus denaturasi (94°C selama 30 detik), penempelan (50°C selama 30 detik), dan

ekstensi (72°C selama 60 detik), kemudian diakhiri dengan ekstensi akhir pada 72°C selama 2 menit.

Hasil PCR dikonfirmasi menggunakan elektroforesis gel agarosa 1% yang diwarnai dengan Nucleic Acid Gel Stain. Sampel yang menunjukkan pita amplifikasi yang jelas, dikirim ke PT Genetika Science di Jakarta untuk proses sekuensing Sanger.

Pemrosesan Data Genetik

Data sekuens dianalisis menggunakan perangkat lunak MEGA XII versi 10.1 (Kumar et al., 2018). Langkah-langkah analisis meliputi penyelarasan sekuens yang diperoleh dengan referensi GenBank melalui BLAST, pemeriksaan komposisi basa nukleotida (A, T, C, G),

serta perhitungan jarak genetik berpasangan menggunakan model Kimura 2-Parameter (Kimura, 1980).

Selain itu, hubungan filogenetik antar populasi, dianalisis menggunakan algoritma Neighbor-Joining dengan 1000 ulangan bootstrap untuk mengevaluasi keandalan topologi pohon yang dihasilkan. Analisis ini memberikan informasi tentang hubungan evolusioner populasi *C. cuning* di wilayah penelitian dengan populasi lain di seluruh Indo-Pasifik.

HASIL DAN PEMBAHASAN Konfirmasi Genetik dan Validasi Taksonomi Molekuler

Validasi identitas spesies *C. cuning* di keempat lokasi pengambilan sampel

dilakukan dengan membandingkan sekuens gen COI yang diperoleh melalui amplifikasi PCR terhadap basis data GenBank menggunakan metode BLAST (Tabel 1). Hasilnya menunjukkan tingkat kesamaan yang sangat tinggi, berkisar antara 99,08% hingga 100%. Sampel dari Guraping dan Ternate menunjukkan identitas penuh (100%) dengan sekuens referensi dari Bali (HQ564461.1) dan Jawa Timur (GU674291.1), sementara sampel dari Manado dan Ratatotok cocok dengan sekuens dari Filipina (KF809392.1) masing-masing sebesar 99,69% dan 99,85%. Semua sekuens juga menunjukkan cakupan kueri 100%, yang menunjukkan penajaran penuh dari fragmen COI.

Tabel 1 Homologi sekuens dengan sekuens hasil BLAST (NCBI Gen Bank)

Field ID	Species	bp	Gene	Accession Number	Query Cover (%)	Identity (%)
MRCCMD 01	<i>C. cuning</i>	611	COI	KF809392.1	100	99.69
MRCCGP 02	<i>C. cuning</i>	611		HQ564461.1	100	100
MRC CRTK 03	<i>C. cuning</i>	611		GU674291.1	100	99.85
MRCCTTE 04	<i>C. cuning</i>	611		KF809392.1	100	99.69

Hasil ini menunjukkan bahwa semua spesimen yang dianalisis termasuk dalam spesies yang sama, yaitu *C. cuning*, tanpa adanya bukti keberadaan spesies kriptik atau kesalahan identifikasi. Tingkat kesamaan yang sangat tinggi ini mendukung kekuatan gen COI sebagai penanda genetik yang andal untuk identifikasi ikan laut tropis secara akurat (Hebert *et al.*, 2004; Zuhdi & Madduppa, 2020), sejalan dengan penelitian-penelitian sebelumnya di Indonesia dan perairan sekitarnya (Zhan *et al.*, 2017). Dari perspektif taksonomi molekuler, data ini menunjukkan bahwa *C. cuning* dari Maluku Utara dan Sulawesi Utara merupakan satu stok genetik yang homogen, yang memiliki kemiripan genetik signifikan dengan populasi di kawasan Indo-Pasifik barat. Hal ini menegaskan efektivitas metode DNA barcoding untuk klasifikasi genetik dan pengelolaan perikanan tingkat regional.

Komposisi Nukleotida

Analisis sekuens gen COI sepanjang 611 bp menunjukkan pola nukleotida yang konsisten di antara empat individu *C.*

cuning dari Guraping, Ternate, Ratatotok, dan Manado. Pada tabel 2, rata-rata komposisi basa adalah 25,49% adenin (A), 18,72% guanin (G), 27,00% timin (T), dan 28,79% sitosin (C), yang menunjukkan dominasi basa pirimidin (T dan C) dibandingkan basa purin (A dan G), sebuah ciri umum DNA mitokondria pada spesies ikan laut (Peng *et al.*, 2004).

Sebagian besar nukleotida yang diamati merupakan substitusi transisi, yaitu perubahan antar purin (A↔G) atau antar pirimidin (C↔T). (Tabel 3) Sebanyak sepuluh situs polimorfik berhasil diidentifikasi, semuanya berada dalam rentang konservasi antar populasi yang diharapkan. Tingginya laju transisi dibandingkan transversasi sejalan dengan pola evolusi yang dilaporkan dalam studi DNA mitokondria sebelumnya (Brown *et al.*, 1979; Lanave *et al.*, 1984), serta mencerminkan stabilitas genetik di antara populasi dari empat lokasi yang berbeda. Secara keseluruhan, struktur nukleotida di seluruh lokasi penelitian menunjukkan variasi yang minimal, mengindikasikan rendahnya keragaman intraspesifik dan

tingginya kesamaan genetik antar *C. cuning* dari Maluku Utara dan Sulawesi Utara.

Tabel 2. komposisi nukleotida gen COI.

No	Sekuens		Purin		Pirimidin		Bp
			A	G	T	C	
1	MRCCRTK 1. CO1	Casio	25,86	18,49	27,00	28,64	611
	<i>cuning</i> (Ratatotok)						
2	MRCCGP 1 CO1	Casio	25,70	18,66	26,68	28,97	611
	<i>cuning</i> (Guraping)						
3	MRCCMD 1. CO1	Casio	25,86	18,49	26,84	28,81	611
	<i>cuning</i> (Manado)						
4	MRCCTTE 1. CO1	Casio	25,70	18,66	26,68	28,97	611
	<i>cuning</i> (Ternate)						
5	GU674291.1:1-652	Casio	25,86	18,66	26,84	28,64	611
	<i>cuning</i> (Jawa Timur)						
6	HQ564461.1:1-652	Casio	25,70	18,66	26,68	28,97	611
	<i>cuning</i> (Bali)						
7	KF809392.1:14-696	Casio	25,86	18,49	26,84	28,81	611
	<i>cuning</i> (Philippines)						
8	KX866814.1:1-653	Casio	25,53	18,99	26,68	28,81	611
	<i>cuning</i> (Sri Lanka)						
9	MK340588.1:1-611	Casio	24,88	19,48	26,68	28,97	611
	<i>cuning</i> (Bangladesh)						
10	JF492996.1:1-652	Casio	25,20	18,66	27,82	28,31	611
	xhantonota (Mozambic Afrika)						
11	KT003923.1	Outgroup	24,22	18,66	28,31	28,81	611
	(Thunnus tyinnus)						
Avg.			25,49	18,72	27,00	28,79	611

Tabel 3. Substitusi nukleotida gen COI mitochondria *C. cuning*

No	Sekuens	69	162	231	306	342	345	390	543	591	594
1	MRCCMD-01	G	C	C	A	T	C	A	T	T	T
2	MRCCGP-02	.	.	.	G	.	.	.	C	.	.
3	MRCCRTK-03	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.
4	MRCCTTE-04	.	.	T	.	C	T	G	.	C	C
5	KF809392.1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
6	HQ564461.1	.	.	.	G	.	.	.	C	.	.
7	GU67429.1	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.
8	MK340588.1	.	.	T	G	.	.	.	.	.	.
9	JF492996.1	A	.	.	G	.	T	.	.	.	.
10	KX86614.1	.	.	T	G	.	.	.	.	.	.

Gambar 5. Frekuensi relatif jenis

Jarak Genetik Antar Populasi

Jarak genetik berpasangan antar populasi *C. cuning* dihitung menggunakan model Kimura 2-Parameter (K2P), yang membedakan antara laju transisi dan transversi (Kimura, 1980). Jarak genetik di antara empat sampel lokasi berkisar antara 0,0016 hingga 0,0099. Misalnya, jarak antara Guraping dan Manado sebesar

0,0033, sedangkan pasangan Ternate dan Ratatotok menunjukkan divergensi tertinggi sebesar 0,0099 (Tabel 4).

Rendahnya jarak genetik ini mengonfirmasi bahwa semua populasi lokal termasuk dalam satu spesies yang sama dan menunjukkan sedikit perbedaan evolusi. Meski terdapat variasi kecil, data ini menunjukkan bahwa *C. cuning* di

daerah penelitian, merupakan satu stok genetik yang kohesif. Perbandingan dengan sampel referensi dari Bangladesh dan Sri Lanka menunjukkan nilai yang sedikit lebih tinggi (misalnya, 0,0286 dan 0,0269), namun tetap berada dalam kisaran yang diharapkan untuk perbedaan di dalam spesies. Temuan ini mengindikasikan adanya konektivitas

genetik antar populasi di wilayah Indo-Pasifik, yang kemungkinan difasilitasi oleh proses oseanografi seperti Arus Kuroshio atau Arus Lintas Indonesia (Ackiss *et al.*, 2018). Dengan demikian, analisis jarak genetik ini melengkapi validasi taksonomi dan mendukung pengelolaan *C. cuning* di Indonesia bagian timur sebagai satu stok regional.

Tabel 4. Jarak Genetik

No	Sekuens	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	MRCCRTK_1_CO1_Casio_cuning_(Rat atotok)	0,0000								
2	MRCCGP_1_CO1_Casio_cuning_(Guraping)	0,0049								
3	MRCCMD_1_CO1_Casio_cuning_(Manado)	0,0016	0,0033							
4	MRCCTTE_1_CO1_Casio_cuning_(Ternate)	0,0116	0,0133	0,0099						
5	GU674291.1:1-652_Casio_cuning_(Jawa_Timur)	0,0016	0,0066	0,0033	0,0116					
6	KF809392.1:14-696_Casio_cuning_(Filipina)	0,0016	0,0033	0,0000	0,0099	0,0033				
7	HQ564461.1:1-652_Casio_cuning_(Bali)	0,0049	0,0000	0,0033	0,0133	0,0066	0,0033			
8	KX866814.1:1-653_Casio_cuning_(Sri_Lanka)	0,0217	0,0200	0,0200	0,0269	0,0234	0,0200	0,0200		
9	MK340588.1:1-611_Casio_cuning_(Bangladesh)	0,0235	0,0217	0,0217	0,0286	0,0251	0,0217	0,0217	0,0116	

Hubungan Filogenetik

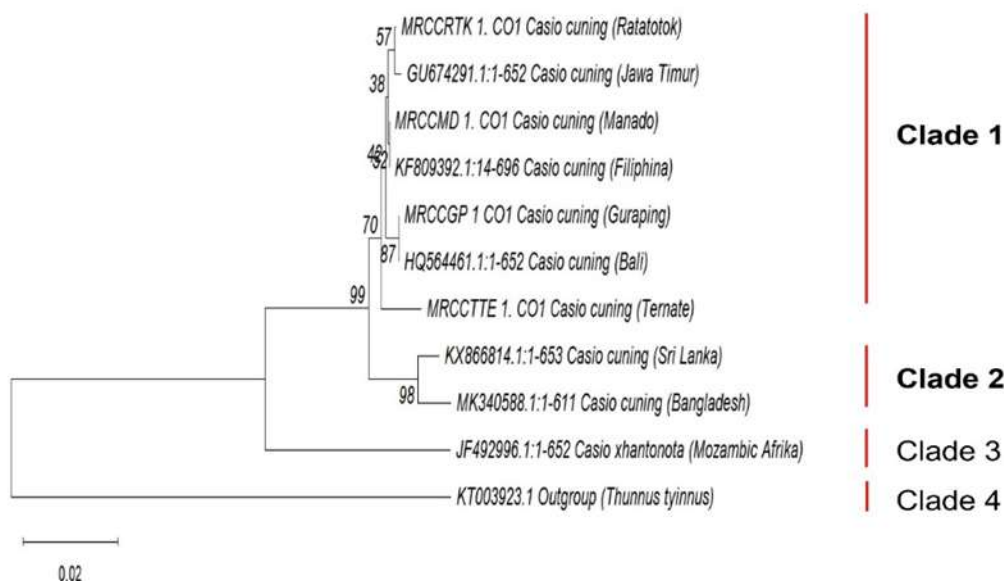
Filogenetik digunakan untuk menilai hubungan evolusioner di antara populasi *C. cuning* yang disampel serta untuk memvisualisasikan kedekatan genetik mereka dengan populasi referensi di GenBank. Pohon filogenetik dibuat menggunakan metode Neighbor-Joining berdasarkan matriks jarak K2P, dengan 1000 kali replikasi bootstrap untuk mengevaluasi kestabilan cabang (Kumar *et al.*, 2018).

Struktur pohon menunjukkan bahwa keempat sampel lokal dari Ternate, Guraping, Rataotok, dan Manado membentuk satu klade yang didukung kuat (bootstrap 100%) bersama dengan sekuens referensi dari Bali, Jawa Timur, dan Filipina. Pengelompokan ini mencerminkan adanya kedekatan genetik yang kuat di antara populasi *C. cuning* di

seluruh wilayah Indo-Pasifik barat. Klade kedua mencakup sampel dari Sri Lanka dan Bangladesh, yang masih diklasifikasikan sebagai *C. cuning* namun menunjukkan tingkat divergensi yang sedikit lebih besar. Klade ketiga, yang lebih jauh, berfungsi sebagai outgroup, terdiri dari spesies lain seperti *Caesio xanthonota* dan *Thunnus thynnus* yang tidak berkerabat dekat, yang digunakan untuk menambatkan pohon filogenetik (Gambar 2).

Topologi ini memperkuat bukti adanya hubungan genetik yang erat di antara populasi *C. cuning* di Indonesia bagian timur, Indonesia bagian tengah, dan Filipina, serta menekankan adanya konektivitas regional. Hasil ini selaras dengan penelitian sebelumnya yang menunjukkan adanya struktur genetik yang dangkal, dan mendukung klasifikasi

populasi-populasi ini sebagai bagian dari satu unit evolusi dan ekologi yang sama.



Gambar 1. Pohon Filogenetik

Implikasi Manajemen Perikanan

Tingginya kesamaan genetik (99,08–100%) dan rendahnya jarak genetik berpasangan antar populasi *C. cuning* dari Maluku Utara dan Sulawesi Utara menunjukkan bahwa populasi-populasi ini merupakan satu stok genetik yang homogen. Temuan ini memiliki implikasi penting bagi pengelolaan perikanan, yaitu mendukung penerapan pendekatan pengelolaan berbasis satu stok di wilayah tersebut (Ackiss et al., 2018; Kimura, 1980; Kumar et al., 2018).

Dalam konteks ekologi dan oseanografi, konektivitas genetik seperti ini kemungkinan besar disebabkan oleh penyebaran larva melalui sistem arus utama seperti Arus Lintas Indonesia (Indonesian Throughflow). Pola serupa juga diamati pada populasi *Pterapogon kauderni* di Selat Lembeh, yang mempertahankan keterkaitan genetik yang kuat meskipun terpisah secara geografis (Rondonuwu et al., 2020; Fricke et al., 2011; Vagelli, 2011).

Secara praktis, hal ini menunjukkan bahwa pengelolaan perikanan *C. cuning* sebaiknya tidak dipisahkan berdasarkan batas administratif, melainkan didasarkan

pada unit biologis yang bermakna. Pendekatan ini sejalan dengan strategi konservasi berbasis ekoregion, yang menekankan kohesi genetik dan ekologi (Mabuchi et al., 2014).

Selain itu, pendekatan DNA barcoding yang digunakan dalam penelitian ini terbukti efektif tidak hanya untuk validasi taksonomi, tetapi juga sebagai alat untuk pemantauan tangkapan dan pemberantasan perdagangan ilegal—yang menguntungkan baik dari sisi klasifikasi ilmiah maupun penegakan regulasi (Hebert et al., 2004; Steinke et al., 2009; Rondonuwu et al., 2020).

Oleh karena itu, disarankan agar wawasan genetik ini dimasukkan ke dalam kebijakan perikanan lintas wilayah untuk memastikan pengelolaan sumber daya yang berbasis ilmu pengetahuan dan selaras dengan ekologi.

KESIMPULAN DAN SARAN

Kesimpulan

Analisis *C. cuning* dari Ternate, Guraping, Ratatotok, dan Manado mengonfirmasi identitas molekuler yang konsisten berdasarkan sekuens COI, dengan tingkat kecocokan mencapai

99,08–100% dibandingkan dengan data referensi. Komposisi nukleotida dan pola filogenetik mendukung kesimpulan bahwa populasi-populasi ini membentuk satu stok genetik yang terpadu bersama dengan populasi dari Bali, Jawa Timur, dan Filipina. Meskipun temuan ini memvalidasi adanya konektivitas genetik regional, analisis berskala lebih luas dan resolusi lebih tinggi menggunakan Next-Generation Sequencing (NGS) sangat penting untuk mendeteksi struktur halus populasi dan adaptasi evolusioner.

Saran

Untuk memastikan penilaian yang lebih kuat, studi di masa depan, sebaiknya memperluas cakupan pengambilan sampel di seluruh Indonesia dan menggunakan teknik genomik yang lebih maju. Pemantauan molekuler yang ditingkatkan—dengan mengombinasikan DNA barcoding COI dan NGS—akan memberikan pemahaman yang lebih komprehensif mengenai struktur stok, terutama untuk spesies yang bernilai ekonomi penting. Kerangka kebijakan sebaiknya disusun berdasarkan bukti genomik dan dikembangkan secara kolaboratif lintas sektor. Selain itu, disarankan untuk membentuk basis data nasional terpusat untuk barcode DNA dan informasi genomik guna mendukung pengelolaan perikanan berkelanjutan, perencanaan konservasi, dan inisiatif ketertelusuran.

DAFTAR PUSTAKA

- Ackiss, A. S., Bird, C. E., Akita, Y., Santos, M. D., Tachihara, K., & Carpenter, K. E. (2018). Genetic patterns in peripheral marine populations of the fusilier fish *C. cuning* within the Kuroshio Current. *Ecology and Evolution*, 8(23), 11875–11886. <https://doi.org/10.1002/ece3.4644>
- Brown, W. M., George, M., & Wilson, A. C. (1979). Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 76(4), 1967–1971. <https://doi.org/10.1073/pnas.76.4.19>
- Fricke, R., Kulbicki, M., & Wantiez, L. (2011). Checklist of the fishes of New Caledonia, and their distribution in the Southwest Pacific Ocean (Pisces). *Stuttgarter Beiträge zur Naturkunde A, Neue Serie*, 4, 341–463.
- Hebert, P. D. N., Penton, E. H., Burns, J. M., Janzen, D. H., & Hallwachs, W. (2004). Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101(41), 14812–14817. <https://doi.org/10.1073/pnas.0406161101>
- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16(2), 111–120. <https://doi.org/10.1007/BF01731581>
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Lanave, C., Preparata, G., Saccone, C., & Serio, G. (1984). A new method for calculating evolutionary substitution rates. *Journal of Molecular Evolution*, 20(1), 86–93. <https://doi.org/10.1007/BF02101990>
- Mabuchi, K., Fraser, T. H., Song, H., Azuma, Y., & Nishida, M. (2014). Revision of the systematics of the cardinal fishes (Percomorpha: Apogonidae) based on molecular analyses and comparative reevaluation of morphological characters. *Zootaxa*, 3846(2), 151–203. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3846.2.1>
- Nursalim, N., Trianto, A., Cahyani, N. K. D., Kholilah, N., Janarkho, G. F., & Hardianto, E. (2022). Genetic and

- Morphological Variation of the Redbelly Yellow Tail Fusilier, *C. cuning* (Bloch, 1971) from the Nyamuk Waters, Karimunjawa Archipelago. 27.
- Peng, Z., He, S., & Zhang, Y. (2004). Phylogenetic relationships of glyptosternoid fishes (Siluriformes: Sisoridae) inferred from mitochondrial cytochrome b gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 31(3), 979–987. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2003.10.023>
- Rembet, U. N., Boer, M., Bengen, D. G., & Fahrudin, A. (2011). Struktur Komunitas Ikan Target Di Terumbu Karang Pulau Hogow Dan Putus-Putus Sulawesi Utara. *Jurnal Perikanan Dan Kelautan Tropis*, 7(2), 60. <https://doi.org/10.35800/jpkt.7.2.2011.179>
- Rondonuwu, A. B., Lumingas, L. J. L., Bataragosa, N. E., Pratasik, S. B., Tilaar, F. F., & Salaki, M. S. (2020). Mitochondrial CO1 sequences of Banggai cardinal fish (BCF) from Lembeh Strait, North Sulawesi, Indonesia. *AACL Bioflux*, 13(2), 760–767.
- Steinke, D., Zemlak, T. S., & Hebert, P. D. N. (2009). Barcoding Nemo: DNA-based identifications for the ornamental fish trade. *PLoS ONE*, 4(7), e6300. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006300>
- Vagelli, A. A. (2011). The Banggai cardinal fish: Natural history, conservation, and culture of *Pterapogon kauderni*. Wiley-Blackwell.
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., & Hebert, P. D. N. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1847–1857. <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1716>
- Zhan, W., Chen, R., Shen, K., Xu, D., Hsiao, C. D., & Lou, B. (2017). Next-generation sequencing yields the complete mitochondrial genome of the redbelly yellowtail fusilier, *C. cuning* (Teleostei: Caesionidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 28(1), 125–126. <https://doi.org/10.3109/19401736.2015.1111353>
- Zuhdi, M. F., & Madduppa, H. (2020). Identifikasi *C. cuning* berdasarkan karakterisasi morfometrik dan DNA barcoding yang didaratkan di Pasar Ikan Muara Baru, Jakarta. *Jurnal Kelautan Tropis*, 23(2), 199–206. <https://doi.org/10.14710/jkt.v23i2.7036>