

Morphological and molecular characters of Lemuru fish (*Sardinella lemuru*) from Tanjung Luar Waters, East Lombok

H. Mahrus^{1*}, Abdul Syukur¹, Lalu Zulkifli¹

¹Biology Education Program, Education Faculty, University of Mataram, Jln. Majapahit No. 62, Mataram, Lombok-NTB 83125, Indonesia

Article History

Received : November 11th, 2022

Revised : November 20th, 2022

Accepted : December 10th, 2022

*Corresponding Author:

Mahrus,

Biology Education Program,
Education Faculty, University of
Mataram, Jln. Majapahit No.62,
Kota Mataram, Indonesia;
Email: mahrus@unram.ac.id

Abstract: Lemuru fish from the Clupeidae family in various countries have many similarities that are difficult to distinguish between one species and another. This study aims to determine the morphological and molecular characteristics, genetic diversity, and kinship of lemuru fish in Tanjung Luar waters with lemuru fish species in countries. The molecular feature of lemuru fish used in this study was a marker for the cytochrome c oxidase subunit 1 (CO1) gene. The lemuru fish sample used in this study was lemuru caught in the waters of Tanjung Luar by small-scale fishermen. Lemuru fish sampling method using random, totaling 100 individuals. Firstly, the lemuru fish samples were grouped based on morphological characters. Next, segregation and augmentation of the CO1 gene DNA in five lemuru fish samples using a pair of primers. The amplification of DNA about 700 bp in size was sequenced. CO1 gene sequence data of lemuru samples were analyzed using MEGA 11 Software (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) Version 11. The phylogenetic relationships obtained showed that the lemuru samples from Tanjung Luar waters, East Lombok, is in the same clade as *Sardinella Jussieu* from Malaysia and has a very close kinship relationship.

Keywords: CO1 gene, haplotype, lemuru, marker, Phylogenetic.

Pendahuluan

Ikan lemuru menjadi komoditi unggulan terbesar ketiga setelah tuna dan udang, dan produksinya cenderung menurun di sebagian besar wilayah perairan laut Indonesia (Ditjen Tangkap-DKP, 2018). Selain itu, jenis ikan ini merupakan komoditas perikanan pelagis kecil yang sangat bernilai ekonomis, populasinya melimpah, dan kandungan omega-3 tinggi yang sangat baik untuk kesehatan tubuh. Kebutuhan akan ikan lemuru yang tinggi menyebabkan tingginya angka penangkapan komoditas ini di perairan, sehingga dapat menyebabkan resiko penurunan jumlah populasi. Penurunan hasil tangkapan ikan di perairan laut tidak hanya di wilayah perairan Indonesia, tetapi di seluruh dunia, bahkan saat ini populasi ikan semakin terancam disebabkan oleh eksploitasi berlebihan, polusi, perusakan habitat, dan perubahan iklim (Martinez *et al.*, 2018). Untuk meminimalisir resiko yang dapat terjadi, diperlukan pengelolaan tepat berdasarkan atas data informasi yang memadai. Salah satu informasi yang penting diketahui adalah keragaman genetik ikan lemuru. Hasil ini menggambarkan bahwa ditengah tingginya kegiatan penangkapan, ikan lemuru

secara genetik masih memiliki keragaman yang tinggi sehingga dimungkinkan komoditas ikan lemuru memiliki adaptasi yang tinggi terhadap kondisi lingkungan (Hendiari *et al.*, 2020).

Keragaman genetik ikan lemuru sedikit lebih tinggi dari ikan laut lainnya meskipun memiliki jarak dan variasi genetik rendah antar sampel dari populasi lemuru (*Sardinella lemuru* Bleeker) di perairan Selat Bali, Sunda, dan Selat Lombok (Permana *et al.*, 2010). *Sardinella longiceps* merupakan spesies ikan lemuru yang paling banyak tertangkap di perairan Selat Bali, memiliki beberapa nama yaitu: Clupea (Harengula) *longiceps* (C.V.), *S. lemuru* Bleeker, 1853, *S. lemuru*, Bali Sardinella (Whitehead, 1985). Di dalam Statistik Perikanan Indonesia semua jenis ikan lemuru diberi nama dengan lemuru (Ditjen Tangkap-DKP, 2018). Perairan laut NTB memiliki potensi produksi ikan lemuru cukup besar yaitu 4.590,3 ton/tahun, sedangkan jumlah dan nama spesies ikan lemuru sampai saat belum dilaporkan (BPS NTB, 2013). Studi yang telah dilakukan di dua lokasi perairan laut Nusa Tenggara Barat melaporkan bahwa ikan lemuru di perairan Selat Alas memiliki 6 variasi genetik yang diidentifikasi berdasarkan metode RAPD dengan menggunakan primer 5'-AAGAGCCCCG

(Mahrus *et al.*, 2007). Ikan lemuru tersebut memiliki banyak kemiripan dengan *Sardinella aurita* berdasarkan sekuens gen 12S rRNA, sedangkan produksi Omega-3 ikan lemuru tidak ditentukan oleh faktor genetik (Mahrus *et al.*, 2012). Dari semua hasil penelitian tersebut tampaknya belum bisa menjelaskan taksonomi spesies lemuru secara akurat, karena metode identifikasi yang digunakan memiliki banyak kelemahan seperti yang terjadi pada kesamaan nama pada dua spesies berbeda karena kesamaan morfologi.

Metode identifikasi spesies makhluk hidup terbaru dan sangat efektif dalam satu dekade terakhir ini adalah DNA barcoding atau barcode DNA. DNA barcoding merupakan teknik mengkarakterisasi dan mengidentifikasi spesies makhluk hidup secara cepat dan akurat menggunakan sekuens DNA pendek (Zein dan Fitriana, 2012; Lebonah *et al.*, 2014; Li *et al.*, 2015; Dong *et al.*, 2021). DNA barcoding yang banyak digunakan sebagai alat identifikasi spesies dan subspecies hewan yang telah terbukti sangat efektif adalah Gen CO1 dengan panjang sekitar 650 bp (Lakra *et al.*, 2011; Quilang *et al.*, 2011; Zein dan Fitriana, 2012). Efektifitas Gen CO1 ini adalah variasi intraspesifik rendah sedangkan variasi interspesifiknya tinggi terutama pada taksa yang berdekatan (Ward *et al.*, 2005; Hajbabaei *et al.*, 2006). Selain itu, DNA barcode ini mampu mengenali spesies mulai dari larva, juvenil dan ikan dewasa termasuk spesies yang belum dinamai dan juga dalam bentuk produk olahan dapat diketahui spesiesnya secara cepat dan akurat (Smith *et al.*, 2008). Quilang *et al.* (2011) berhasil membuktikan spesies ikan lemuru *S. tawilis* dari perairan tawar berbeda dengan *S. albella* dan

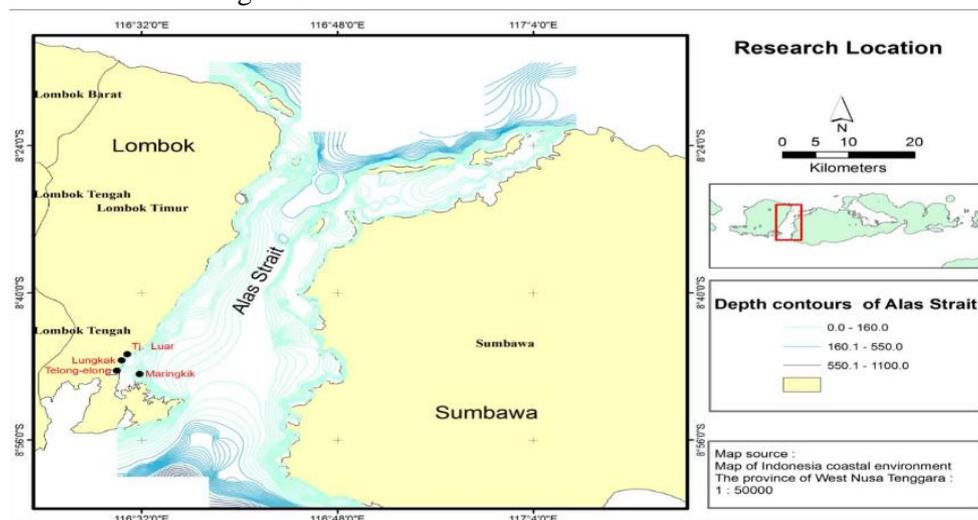
beberapa spesies lemuru lainnya dari perairan laut Filipina menggunakan DNA barcoding yang dalam studi sebelumnya *S. tawilis* dan *S. albella* bukan spesies yang berbeda (Samonte *et al.*, 2009; Froese dan Pauly, 2010).

Sebaran ikan lemuru yang sangat luas, menyebabkan keragaman molekuler dan morfologinya telah menghasilkan perdebatan yang cukup tajam terkait dengan taksonomi dalam beberapa tahun terakhir yang mengakui dua subordo saat ini (Queiroz *et al.*, 2020). Berdasarkan ketidakpastian status ikan lemuru dan taksonominya, maka penelitian dengan judul Karakter morfologi dan molekuler spesies Ikan Lemuru (*Sardinella lemuru*) dari Perairan Tanjung Luar, Lombok Timur, perlu dilakukan guna mengungkapkan karakter morfologi dan molekuler, keragaman genetik dan hubungan kekerabatan antar spesies ikan lemuru. Nilai keragaman genetik ikan lemuru yang didapat pada penelitian ini dapat digunakan untuk konservasi sumberdaya ikan lemuru sebagai upaya mendukung ketersediaan dan keamanan pangan kaya omega-3 secara berkelanjutan.

Bahan dan Metode

Waktu dan lokasi penelitian

Penelitian dilaksanakan pada bulan Mei sampai September 2022. Lokasi penelitian adalah di Perairan Tanjung Luar (Gambar 1). Sampel ikan lemuru yang digunakan dalam penelitian ini adalah ikan lemuru yang tertangkap di Perairan Tanjung Luar, dan yang didaratkan di Pelabuhan Perikanan Nusantara (PPN) Tanjung Luar, Kabupaten Lombok Timur Provinsi Nusa Tenggara Barat (NTB).



Gambar 1. Perairan Tanjung Luar, Lombok Timur

Identifikasi spesies ikan lemuru berdasarkan karakter morfologi dan molekuler

Ikan lemuru dalam genus *Sardinella* dikelompokkan berdasarkan karakter morfologinya (Fischer, 2014; Eviasta et al., 2018). Selanjutnya ikan lemuru tersebut dikelompokkan berdasarkan karakter morfologinya (bentuk tubuh, ukuran tubuh, bentuk kepala, ukuran kepala, dan ciri lainnya). Identifikasi molekuler dalam penelitian ini menggunakan penanda Gen CO1. Barcode gen CO1 adalah solusi terbaik saat ini mengidentifikasi beberapa ikan dan spesies fauna lainnya karena itu bekerja dengan cepat dan akurat (Keskin dan Atar 2013; Bingpeng et al. 2018; Buckwalter et al. 2019). Tambahan, gen COI dapat mengidentifikasi spesies yang konservatif urutan basa nukleotida dan hanya mengalami sedikit variasi, penghapusan, dan penyisipan (Miya et al. 2015; Phillips et al. 2019). Gen CO1 adalah salah satu gen penyandi protein dalam genom mitokondria (Chen et al. 2021). Menggunakan Gen CO1 untuk mengidentifikasi fauna di Indonesia sangat terbatas sampai saat ini. Pusat Penelitian dan Pengembangan Biologi, Indonesia Lembaga Ilmu Pengetahuan melaporkan bahwa fauna di Indonesia sudah memiliki barcode DNA seperti mamalia, burung, komodo, dan serangga hama (Rahayu et al. 2019).

Ekstraksi dan amplifikasi DNA gen CO1 ikan lemuru

Ekstraksi dan amplifikasi DNA ikan lemuru yang berpotensi sebagai kandidat penanda DNA spesies ikan lemuru dilakukan dengan menggunakan kit komersial (DNeasy Blood & Tissue Kit, Qiagen Cat. No. 69504) dengan beberapa modifikasi sesuai tipe jaringan atau menggunakan larutan Chelex 10% (Ip et al. 2015) pada suhu 95°C. Teknik menggabungkan keduanya untuk mendapatkan DNA terbaik karena beberapa sampel jaringan tidak dalam kondisi baik dan terkadang sulit dalam proses ekstraksi. Fragmen gen target CO1 yang diamplifikasi menggunakan pasangan primer: Forward primer FishF1: TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC, diikuti dengan reverse primer FishR1 TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA (Lakra et al. 2011; Bingpeng et al. 2018). DNA diekstraksi dari sepotong kecil jaringan otot yang diawetkan dengan etanol, menggunakan metode yang sedikit dimodifikasi sesuai dengan metode

barcode DNA standar untuk ikan (Ward et al. 2005; Zhang dan Hanner 2011).

Pada penelitian ini, sekitar 700 bp diamplifikasi dari daerah 5' gen DNA COI mitokondria. Kondisi amplifikasi Polymerase Chain Reaction (PCR) sebagai berikut: denaturasi selama 5 menit dalam 35 siklus pada suhu 95°C (30 detik), 50°C (30 detik), 72°C (50 detik). Reaksi PCR menggunakan volume total 50 µL yang mengandung satu µL DNA template, 10 mm Tris-HCl (pH 9), 50 mm KCl, dua mm MgCl₂, 0,2 µm dari setiap primer, dan 0,2 mm dari setiap dNTP, dan satu U Taq polimerase. Produk PCR bermigrasi menggunakan gel agarosa 1,2% yang divisualisasikan di bawah sinar UV dan didokumentasikan menggunakan foto gel. Produk PCR yang baik diurutkan menggunakan metode dideoxy terminasi Sanger yang dilakukan oleh 1st Base, Malaysia melalui PT Genetika Science Indonesia. Hasil sekuensing DNA gen CO1 dikirim ke peneliti dalam bentuk file AB1 melalui email. Selanjutnya dilakukan pencocokan antara elektroferogram dengan sekuens DNA yang diperoleh pada penelitian ini. Urutan yang diperoleh dari sepasang primer CO1 digunakan sebagai primer forward dan reverse, masing-masing dengan melakukan komplemen terbalik untuk digunakan sebagai kebalikannya. Langkah selanjutnya adalah menyelaraskan dua urutan menggunakan menu cluster W (Thompson et al. 1994; Larkin et al. 2007).

Interpretasi Data Sekuens DNA Gen CO1

Data sekuens DNA gen CO1 dianalisis menggunakan Software MEGA 11, diedit, dan diselaraskan menggunakan Clustal W untuk melihat keragaman basa nukleotidanya (Tamura et al. 2021). Sekuens analisis yang digunakan beserta sekuens referensi dari berbagai spesies yang termasuk dalam famili Clupeidae diambil dari National Center for Biotechnology Information (NCBI) GenBank. Sekuens yang telah disejajarkan juga dilakukan pencarian nukleotida Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) untuk mengetahui identitasnya.

Data urutan gen CO1 semua spesies ikan lemuru yang tersedia di GenBank dimasukkan dalam analisis selanjutnya dengan menggunakan Software MEGA 11 (Tamura et al. 2021). Dalam studi ini, konsensus sekuens (forward dan reverse) setiap spesimen yang dihasilkan dan diinterpretasi menggunakan Staden Paket (Bonfield et al., 1995). Selanjutnya, perbedaan urutan dalam inter dan antar spesies dianalisis

dan diuji dengan menggunakan tes bootstrap dengan 1000 ulangan. Dendrogram jarak genetik/kekerabatan antar dan inter spesies ikan lemuru dianalisis dengan menggunakan metoda neighbor-joining (NJ). Kalkulasi matrik jarak genetik dilakukan dengan model Kimura-2 parameter yang diimplementasikan pada *pairwise distance calculation* dalam *Software MEGA 11* (Tamura *et al.* 2021).

Pohon filogenetik

Rekonstruksi filogenetik dalam penelitian ini menggunakan *Software Mega 11* (Tamura *et al.* 2021). Konstruksi filogenetik terdiri dari dua yaitu 21 populasi dalam famili Clupeidae, genus *Sardinella* yang diakses dari NCBI. Pembuatan pohon filogenetik menggunakan metode Neighbor-Joining (NJ) dengan bootstrap 1000 replikasi model Kimura 2-parameter.

Hasil dan Pembahasan

Karakter morfologi ikan lemuru

Lemuru merupakan salah satu jenis ikan pelagis kecil yang ekonomis penting dengan produk omega-3 tinggi. *Sardinella longiceps Valenciennes* yang terkonsentrasi di perairan Selat Bali merupakan lemuru yang terkenal di Indonesia. Jenis lemuru ini adalah lemuru yang ditemukan oleh Bleeker pada tahun 1853. Selanjutnya, dalam Katalog Spesies FAO terbaru, nama lemuru ini adalah *Sardinella lemuru Bleeker, 1853* (Whitehead, 1985). Ciri-ciri lemuru yang didapatakan di perairan Tanjung Luar adalah mirip dengan lemuru yang tertangkap di berbagai perairan di dunia, yaitu tubuh berbentuk silinder, memanjang dengan warna kuning keemasan pada garis badannya, badannya langsing dengan warna biru kehijau-hijauan pada bagian punggung dan keperak-perakan pada bagian bawahnya, perut bulat, dan ukuran kepala sekitar 27- 29% dari panjang tubuh standar (13 - 17 cm), rata-rata panjang tubuh sekitar 13,5 cm, terdapat bintik keemasan nampak kabur di belakang insang, dan garis emas buram diikuti dengan tanda hitam di belakang tepi penutup insang (Gambar 2).



Gambar 2. *Sardinella lemuru*

Pendekatan yang sering digunakan di dalam membedakan spesies ikan lemuru adalah morfologi mata dan telinga, namun tidak dilihat secara detail dalam penelitian ini. Miyazaki dan Kobayashi (2015) melaporkan perbedaan 3 spesies ikan pelagis kecil menggunakan karakter morfologi mata dan distribusi sel ganglion retina secara anatomis dan histologis dalam dua spesies ikan sarden (*Sardinop melanostictus* dan *Etrumeus Sadina*, Clupeidae), dan ikan teri Jepang (*Engraulis japonicus*, Engraulidae). Hasil lengkapnya adalah mata ikan lemuru menghadap sedikit ke arah dorsolateral dengan bidang visual yang memanjang miring ke atas. Sebaliknya, mata ikan teri (anchovy) hampir mengarah ke bagian lateral. Ikan lemuru dimungkinkan memiliki keuntungan dalam menerima lebih radiasi ke bawah dibandingkan dengan ikan teri tersebut. Otot lensa lebih besar dalam tiga spesies ini daripada kebanyakan teleosts lain, dan permukaannya mengandung

melanin berpigmen. Selain itu juga, telinga (otolith) yang digunakan dalam identifikasi ikan lemuru di berbagai negara. Popper dan Fay (2011) mengatakan bahwa otolith atau batu telinga merupakan struktur biomineral yang ditemukan di telinga bagian dalam yang berfungsi sebagai organ keseimbangan dan sebagai detektor arah dan suara yang ada pada semua ikan bertulang sejati. Sesungguhnya Otolith merupakan struktur yang mengandung kalsium dan terdapat pada telinga dalam, terutama pada bagian yang disebut dengan apparatus vestibularis. Apparatus vestibularis merupakan organ keseimbangan dan otolith merupakan bagian yang vital untuk mendukung fungsi tersebut.

Terkait dengan taxa ikan lemuru, para ilmuwan melaporkan bahwa ikan lemuru memiliki status taksa yang jelas. Susilo (2015) melaporkan bahwa Ikan lemuru tergolong ikan pelagis kecil dalam famili Clupeidae, pemakan

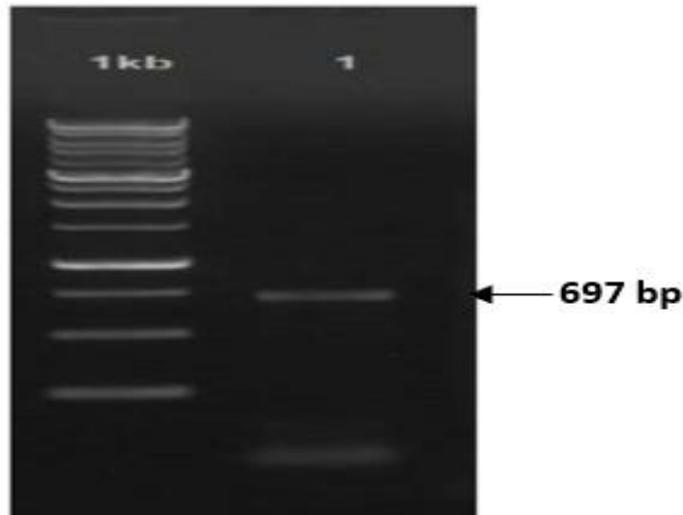
penyaring (filter feeder) dengan makanan utama plankton. Adapaun taksonomi ikan lemuru yang sering digunakan dalam beberapa referensi sebagai berikut:

Kingdom : Animalia
Phylum : Chordata
Sub Phylum : Vertebrata
Class : Pisces
Sub Clasass : Teleostei

Ordo : Clupeiformes
Family : Clupeidae
Genus : Sardinella
Species : *Sardinella spp.*

Amplifikasi gen CO1

Penelitian ini berhasil mengamplifikasi fragmen gen CO1 dari seluruh sampel ikan lemuru dengan panjang 697 bp (Gambar 3).



Gambar 3. Produk PCR dari gen CO1 dari populasi ikan lemuru perairan Tanjung Luar

Panjang gen CO1 ikan lemuru yang diamplifikasi menggunakan primer spesifik pada penelitian ini adalah 697 bp, mirip dengan panjang fragmen hasil penelitian sebelumnya pada spesies ikan teri (*Stolephorus commersonnii*) sekitar 650 bp (Jefri *et al.*, 2015; Bingpeng *et al.*, 2018; Nuryanto *et al.*, 2019). Jika terjadi perbedaan panjang antara produk PCR dari spesies yang berbeda adalah fenomena yang umum, meskipun amplifikasi fragmen ini menggunakan pasangan primer yang sama. Hal ini disebabkan karena setiap spesies memiliki sekuens spesifik dalam genomnya yang berbeda antara satu spesies dengan spesies lainnya. Keunikan ini menyebabkan ukuran yang berbeda ketika diamplifikasi dari spesies yang berbeda. Hasil penelitian yang dilaporkan oleh sejumlah peneliti menunjukkan kasus serupa dengan penelitian sebelumnya di mana panjang yang berbeda dari produk PCR gen CO1 dihasilkan dari spesies ikan yang berbeda.

Produk PCR Gen CO1 pada Gambar 3 menunjukkan bahwa intensitas amplikon berbeda antar individu. Perbedaan tersebut dapat disebabkan karena DNA template untuk setiap sampel memiliki kualitas yang berbeda, terutama

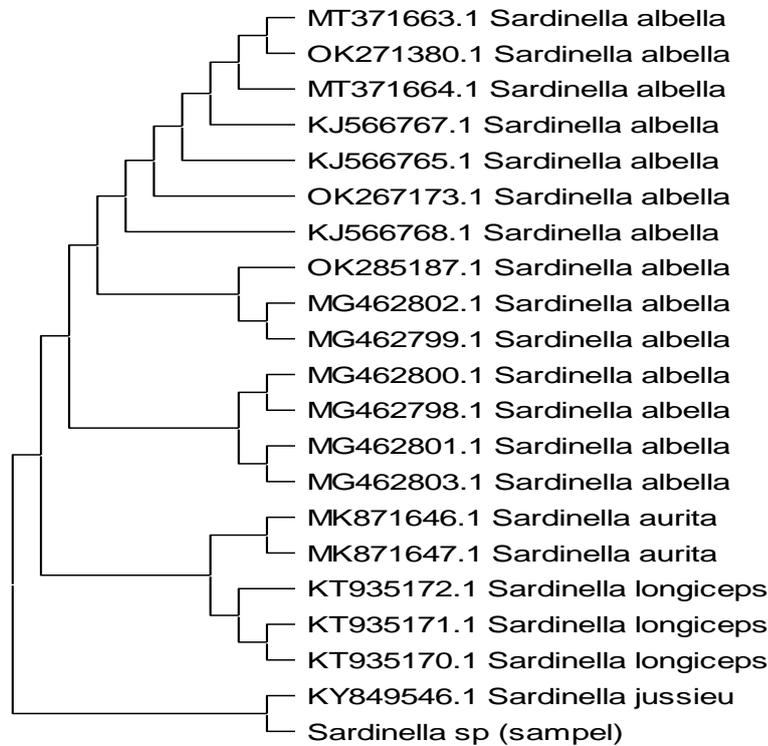
pada jumlah DNA. Namun, kami tidak dapat menjelaskan dengan detail jumlah DNA nya karena penelitian ini tidak melakukan pengukuran kualitatif dari total genom yang diekstraksi melalui elektroforesis gel. Hasil amplifikasi gen CO1 ini sesuai dengan hasil penelitian yang dilaporkan oleh peneliti sebelumnya bahwa perbedaan intensitas band menunjukkan kualitas pita DNA cetakan sedangkan spesifisitas tinggi pada produk PCR terjadi apabila pita DNA tunggal telah dihasilkan (Pelo *et al.*, 2015; Pratiwi *et al.*, 2018).

Filogeni ikan lemuru

Rekonstruksi pohon filogenetik berikut ini merupakan gambaran hubungan kekerabatan spesies ikan lemuru yang paling mendekati sebab sampai saat ini hasil sekuensing gen CO1 ikan lemuru sepanjang 697 bp belum berhasil dan terus diupayakan. Data 21 spesies ikan yang digunakan untuk merekonstruksi pohon filogenetik ini diambil dari data GenBank. Pada prinsipnya pendekatan filogenetik molekuler dapat digunakan untuk membedakan dan mengidentifikasi spesimen yang sulit diidentifikasi. Pohon filogenetik molekuler yang

terbentuk dengan memanfaatkan data biomolekuler struktural atau fungsional. Dari semua identifikasi molekuler antar varian yang diamati, nilai divergensi genetik antar sekuen adalah 1,390, sedangkan divergensi genetik antar

individu dalam varian berkisar antara 0,405 hingga 2.000 pada varian ikan lemuru. Tingkat divergensi molekuler yang rendah tersedia di panjang cabang pohon filogenetik (Gambar 4).



Gambar 4. Pohon filogenetik (Neighbor Joining) dari 21 spesies ikan lemuru genus *Sardinella* berbasis sekuens gen CO1 menggunakan Parameter Kimura 2 (K2P). *Sardinella* sp (sampel) diperoleh dari perairan Tanjung Luar Lombok Timur dalam penelitian ini.

Gambar 4 memperlihatkan keseluruhan sekuen terpisah berdasarkan jenis dan kemiripan sekuen. Pohon filogenetik yang terbentuk terbagi atas 3 clade yaitu clade *Stolephorus indicus*, *andhraensis*, dan *Stolephorus dubiosus*. Percampuran tersebut juga didukung oleh nilai jarak genetik keseluruhan ikan nila yang berkisar 0,000 – 0,0002. Hasil penelitian ini mirip dengan yang terjadi pada sekuen ikan mujair dari perairan Merauke (Saleky *et al.*, 2021). Percampuran tersebut didukung oleh nilai jarak genetik 0,000 pada semua sekuen DNA ikan mujair dengan 1 haplotipe yang identik. Hasil analisis tersebut memperlihatkan bahwa ikan mujair memiliki garis keturunan yang sama dengan ikan mujair dari berbagai daerah lainnya.

Gen CO1 pada empat varian ikan lemuru memiliki separasi nukleotida yang rendah. Kondisi semacam ini juga dilaporkan oleh Nuryanto *et al.* (2019), pembagian urutan pendek pada penelitian sebelumnya terjadi pada empat varian ikan gurami. Kedekatan hubungan dapat

memperkuat fakta ikan tersebut sebagai spesies tunggal. Divergensi urutan intra-spesifik berkisar antara 1% hingga 2%. Dalam hubungan ini, sekuen divergensi antar spesies dapat mencapai lebih dari 3%, artinya bahwa hasilnya mendukung delimitasi spesies bahwa kesamaan sekuen dari empat sampel berkisar antara 99% - 100% dengan sekuen gen CO1 ikan lemuru yang tersedia di Genbank. Hasil serupa juga terjadi pada sampel yang menggunakan sistem identifikasi data barcode kehidupan. Divergensi genetik intraspesifik yang rendah pada larva ikan yang dikumpulkan di Plawangan Timur, Segara Anakan, Cilacap (Nuryanto *et al.*, 2019).

Dari seluruh nilai polimorfisme yang diperoleh pada penelitian ini menunjukkan bahwa gen CO1 ikan lemuru memiliki polimorfisme genetik yang rendah karena frekuensi situs sekuen yang paling umum mencapai lebih dari 95%. Rendahnya polimorfisme yang didapat dapat terjadi karena strain gen CO1 ikan teri tersebut memiliki

keragaman nukleotida yang rendah (0,264%). Hasil penelitian sejalan dengan yang dilaporkan oleh Kochzius (2010), nilai keragaman nukleotida kurang dari 1% menunjukkan bahwa penanda molekuler memiliki keragaman nukleotida yang rendah. Berbeda dengan penelitian ikan teri yang dilaporkan oleh Nuryanto *et al.* (2019), menggunakan penanda molekuler yang sama dari lokasi yang berbeda. Hal ini berarti gen CO1 pada ikan teri memiliki divergensi yang lebih kecil dibandingkan dengan jenis ikan laut lainnya dan kelompok hewan lainnya (Kochzius, 2010).

Arifin dan Kurniasih (2016) menemukan bahwa keragaman genetik pada populasi ikan mas yang dibudidayakan tidak mengalami penurunan. Perbedaan antara penelitian ini dan penelitian lain disebabkan oleh penggunaan penanda genetik yang berbeda. Mereka menggunakan penanda mikrosatelit, sehingga penanda pemisahan genetik memiliki tingkat evolusi yang jauh berbeda. Fenomena ini sesungguhnya mengarah ke nilai dan tren keragaman genetik yang berbeda di antara penelitian.

Kesimpulan

Berdasarkan analisis data dan pembahasan hasil penelitian dapat disimpulkan bahwa karakter morfologi ikan lemuru yang didapatkan di perairan Tanjung Luar adalah mirip dengan lemuru yang tertangkap di berbagai perairan di Indonesia, yaitu tubuh memanjang, bentuk silinder, perut bulat, dan ukuran kepala sekitar 27- 29% dari panjang tubuh standar (13 - 17 cm), rata-rata panjang tubuh sekitar 13,5 cm, terdapat bintik emas kabur di belakang insang, garis emas buram diikuti dengan tanda hitam di belakang tepi penutup insang, dan tidak ada pigmen.

Karakter molekuler ikan lemuru dari perairan Tanjung Luar menggunakan marker DNA Gen CO1 dengan panjang 697 bp yang mengkode 232 asam amino. Berdasarkan sekuens Gen CO1, dan homologi dengan database NCBI, ikan lemuru di perairan Tanjung Luar memiliki kemiripan 98-99% dengan *S. Jussieu* (KY849546.1) dari Malaysia dan memiliki hubungan kekerabatan yang sangat dekat. Nilai keragaman genetik ikan lemuru dilihat dari nilai keragaman haplotipe (Hd) adalah relative rendah (rata-rata 0,883). Faktor penyebab rendahnya nilai keragaman genetik

ikan lemuru ini diduga oleh kerusakan habitat dan eksploitasi berlebihan

Saran pada penelitian ini adalah kegiatan penangkapan ikan lemuru di perairan Tanjung Luar sebaiknya dikurangi dalam upaya menghindari tangkap lebih (over exploited). Pemerintah Daerah Kabupaten Lombok Timur perlu melakukan penegakan dalam bentuk peraturan daerah terkait dengan eksploitasi berlebihan, dan melakukan koordinasi di antara stakeholders terkait dalam pengawasan areal perairan Tanjung Luar.

Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Rektor Universitas Mataram yang telah memberikan Dana penelitian dan dukungan fasilitas laboratorium yang sangat berharga untuk analisis molekuler dalam melakukan penelitian ini. Kami juga secara khusus berterima kasih kepada reviewer yang tidak disebutkan namanya atas komentar berharga yang membantu menyempurnakan naskah ini untuk dipublikasikan.

Referensi

- Arifin, O. Z., & Kurniasih, T. (2016). Keragaan pertumbuhan benih ikan mas (*Cyprinus carpio*) strain majalaya, lokal Bogor dan Rajadanu di kolam Cijeruk, Bogor-Jawa Barat. *Jurnal Riset Akuakultur*, 2(2), 177-185.
- Bingpeng, X, Heshan, L., Zhilan, Z, et al. (2018). DNA barcoding for identification of fish species in the Taiwan Strait *PloS one*. 13(6), e0198109. DOI: [10.1371/journal.pone.0198109](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0198109)
- Bonfield, J. K., Smith, K. F., & Staden, R. (1995). A new DNA sequence assembly program. *Nucl Acids Res.*, 24, 4992-4999.
- BPS NTB. (2013). *NTB dalam angka*. Mataram.
- Ditjen Tangkap-DKP. (2018). *Statistik Perikanan Tahun 2015-2018 Pelabuhan Perikanan Nusantara Pengambengan*. Jemberana, Indonesia: PPN Pengambengan.
- Dong, Wen-Pan, Jia-Hui Sun, Yan-Lei Liu, et al. (2021). "Phylogenomic relationships and species identification of the olive genus *Olea* (Oleaceae)." *Journal of Systematics and Evolution*.
- Eviasta, I. W., Boer, M., & Butet, N. A. (2018). *Kajian Stok Ikan Teri (Stolephorus commersonnii Lacepede, 1803) Di Teluk*

- Palabuhanratu, Sukabumi, Jawa Barat. *Journal of Tropical Fisheries Management*, 2(2), 61-61.
- Fischer, J. (2014). Fish identification tools for biodiversity and fisheries assessments: review and guidance for decision-makers. *FAO Fisheries and Aquaculture Technical Paper*, (585), I.
- Froese, R., & Pauly, D. (Eds.). 2010. *FishBase*. World Wide Web electronic publication. www.fishbase.org. version (05/2010). Diakses 12/02/2021.
- Hajbabaie, M., DeWaard, J. R., & Ivanova, N. V. (2006). DNA barcodes distinguish species of tropical Lepidoptera. *Proceedings of National Academy of Sciences, USA*, 103:968-971.
- Hendiari, I. G. A. D., Sartimbul, A., Arthana, I. W., & Kartika, G. R. A. (2020). Keragaman genetik ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) di wilayah perairan Indonesia. *Acta Aquatica: Aquatic Sciences Journal*, 7(1), 28-36.
- Ip, S. C., Lin, S. W., & Lai, K. M. (2015). An evaluation of the performance of five extraction methods: chelex® 100, QIAamp® DNA blood mini kit, QIAamp® DNA investigator kit, QIASymphony® DNA Investigator® kit and DNA IQ™. *Science & Justice*, 55(3), 200-208.
- 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 Journal of Biological Diversity*, 16(2).
- Keskın, E., & Atar, H. H. (2013). DNA barcoding commercially important fish species of Turkey. *Molecular ecology resources*, 13(5), 788-797.
- Kochzius, M., Seidel, C., Antoniou, A., et al. (2010). Identifying Fishes through DNA Barcodes and Microarrays. *PLoS ONE*, (5), 2, e12620.
- Lakra, W. S., Verma, M. S., Goswami, M., Lal, K. K., Mohindra, V., Punia, P., & Hebert, P. (2011). DNA barcoding Indian marine fishes. *Molecular Ecology Resources*, 11(1), 60-71.
- Larkin M. A., Blackshields, G., Brown, N. P., et al. (2007). Clustal W and Clustal X version 20. *Bioinform.* 23(21): 2947-2948. DOI: [10.1093/bioinformatics/btm404](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm404).
- Lebonah, D. E., Dileep, A., Chandrasekhar, K., Sreevani, S., Sreedevi, B. & Kumari, J. P. (2014). DNA Barcoding on Bacteria: A Review. *Advances in Biology*, DOI: 10.1155/2014/541787.
- Li, X., Yang, Y., Henry, R. J., Rossetto, M., Wang, Y. & Chen, S. (2015). Plant DNA barcoding: from gene to genome. *Biol. Rev.*, 90, 157 – 166.
- Mahrus, Merta, I. G., & Sukib (2007). *Analisis marker molekuler RAPD-PCR dan marker spesifik plasma nutfah Ikan Lemuru yang mengandung Asam Lemak Omega-3 paling tinggi*. Laporan Penelitian. Universitas Mataram.
- Mahrus, Sumitro, S. B., Utomo, D. H., Sartimbul, A., Toha, A. H., & Widodo, N. (2012). Genetic relationship of *Sardinella lemuru* from Lombok Strait with fish rich in omega-3 fatty acid. *Bioinformation*, 8 (25), 1271-1276.
- Martinez, A. S., Willoughby, J. R., & Christie, M. R. (2018). Genetic diversity in fishes is influenced by habitat type and life-history variation. *Ecology and Evolution*, 8(23), 12022-12031.
- Miyazaki, T., & Kobayashi, M. (2015). Morphological characteristics of eyes and retinas of two sardines (*Sardinops melanostictus* and *Etrumeus sadina*, *Clupeidae*) and an anchovy (*Engraulis japonicus*, *Engraulidae*). *Journal of Morphology*, 276(4), 415-424.
- Nuryanto, A., Dewi, R. E., & Pramono, H. (2019). Genetic Homogeneity of Commerson's Anchovy (*Stolephorus commersonii*) in Segara Anakan Cilacap Omer, A. S. (2017). Review on Fish Identification Tools and Their Importance in Biodiversity and Fisheries Assessments.
- Peloa, A., Wullur, S., & Sinjal, C. A. (2015). Amplifikasi gen Cytochrome Oxidase Subunit I (COI) dari sampel sirip ikan hiu dengan menggunakan beberapa pasangan primer. *Jurnal pesisir dan laut tropis*, 3(1), 37-42.
- Permana, G. N., Haryanti, Muchlisin, M., & Sukoso (2010). Keterbatasan variasi genetik pada populasi ikan lemuru (*Sardinella lemuru* Bleeker): Keragaman genetik pada populasi yang homogen. *Prosiding Seminar Nasional Tahunan VII Hasil Penelitian Perikanan dan Kelautan, 24 Juli 2010*. Badan Riset Kelautan dan perikanan, Jakarta.

- Popper, A. N., & Fay, R. R. (2011). Rethinking sound detection by fishes. *Hearing Research*, 273(1-2), 25-36.
- Pratiwi, D., Fitriani, N. E., & Rohman, A. (2018). Application of real-time polymerase chain reaction for analysis of porcine DNA in gelatine-containing capsule shell for halal authentication. *International Food Research Journal*, 25(4).
- Queiroz, C.D.C.S., Souza, R.F.C., Silva, S. S., et al. (2020). Filogenia molecular de Clupeiformes e o posicionamento de alguns táxons das regiões do atlântico ocidental e Amazônia. *Biota Amazônia* 10(2), 14-19.
- Quilang, J. P., Santos, B. S., Ong, P. S., Basiao, Z. U., et al. (2011). DNA Barcoding of the Philippine Endemic Freshwater Sardine *Sardinella tawilis* (Clupeiformes: Clupeidae) and Its Marine Relatives. *Philipp Agric Scientist*, 94 (3), 248-257.
- Saleky D, Setyobudiandi I, Toha HA, et al. (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). DOI: [10.13057/biodiv/d170130](https://doi.org/10.13057/biodiv/d170130)
- Samonte, I., Canlas, R., Alvia, K., Carvajal, T., & Pagulayan, R. (2009). Multivariate analyses of the biometric features from Philippine sardines –implications for the phylogenetic relationships of the freshwater *Sardinella tawilis* (Teleostei, Clupeomorpha). *J Zool Syst Evol Res.*, 47 (1), 21-24.
- Smith, P. J., Mcveagh, S.M., & Steinke, D. (2008). DNA barcoding for the identification of smoked fish products. *J Fish Biol.*, 72, 464-471
- Susilo K. (2015). Variabilitas faktor lingkungan pada habitat ikan lemuru di Selat Bali menggunakan data satelit oseanografi dan pengukuran insitu. *Omni Akuatika*, 14 (20), 13-22
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*, 38(7), 3022-3027.
- Thompson, B. D, McPherson, A., Boyer K, et al. (1994). Multi-electron ejection of inner-shell electrons through multiphoton excitation of clusters. *J. Phys. B: At. Mol. Opt. Phys.* 27(18), 4391. DOI:[10.1088/0953-4075/27/18/031](https://doi.org/10.1088/0953-4075/27/18/031)
- 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
- Ward, R. D., Zemplak, T. S., Innes, B. H, et al. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philos Trans R Soc Lond, Ser B: Biol Sci.*, 360, 1847–1857.
- Whitehead, P. J. P. (1985). *FAO Species Catalogue Vol. 7. Clupeid Fishes of the World. An Annotated and Illustrated Catalogue of the Herrings, Sardines, Pilchards, Sprats, Anchovies and Wolf Herrings. Part 1 Chiracetridae, Clupeidae and Pristigasteridae.* FAO Fish. Synop, 7(25) Pt. 1,303.
- Zein, M. S. A & Fitriana, Y. S. (2012). Teknik molekuler untuk identifikasi spesies ordo Cetartiodactyla menggunakan DNA barcode. *Zoo Indonesia*, 21(2), 1-8.
- Zhang, Y., Wei, J., Yuan, Y., Chen, H., Dai, L, et al. (2019). Bactericidal effect of cold plasma on microbiota of commercial fish balls. *Innovative Food Science & Emerging Technologies*, 52, 394-405.