

Original Research Paper

Molecular and Phylogenetic Character Analysis of Tuna (*Auxis rochei*) Based on the CO1 Gene in the Waters of West Lombok

Rizky Ferdyanto Darmawan^{1*}, H. Mahrus¹, & Syamsul Bahri¹, Lalu Zulkifli¹

¹Program Studi Pendidikan Biologi, Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan, Universitas Mataram, Mataram, Indonesia;

Article History

Received : April 05th, 2024

Revised : April 29th, 2024

Accepted : May 02th, 2024

*Corresponding Author:

Rizky Ferdyanto Darmawan,

Program Studi Pendidikan Biologi, Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan, Universitas Mataram, Mataram, Indonesia,
Email:

rizkyferdy09@gmail.com

Abstract: Tuna Fish is a type of tuna with a medium body size and fair wide distribution in Indo-Pacific waters. The number of Tuna Fish species that have morphological similarities can cause misidentification. This study aims to determine the genetic and phylogenetic diversity between variations of Tuna Fish species in the West Lombok Waters. This research is an exploratory study with the object of research being a dataset of ingroup sequences of tuna and outgroup sequences from the same family. The amplification of fish samples used DNA primers targeting the CO1 gene, which resulted in a sequence length of approximately 650 bp. Sequence data were analyzed using MEGA XI software known from phylogenetic tree analysis shows that Tuna Fish from the waters of the West Lombok are closely related to Tuna Fish from the South China Sea and have a genetic distance of less than 3%.

Keywords: Gene CO1, tuna fish, phylogenetic, molecular.

Pendahuluan

Ikan Tongkol (*Auxis rochei*) merupakan salah satu ikan ekonomis penting yang banyak dijumpai di Indonesia dan negara di Asia. Ikan Tongkol memiliki peran penting sebagai ikan pelagis dalam rantai makanan sebagai ikan karnivora yang menjadi faktor keseimbangan pada ekosistem perairan (Ardelia *et al.*, 2016). Ikan Tongkol termasuk dalam famili Scorimpidae, Ikan Tongkol merupakan ikan perenang cepat dan hidup dengan membentuk gerombolan atau kelompok (Isti'anah & Riyan, 2020). Karena sifat Ikan Tongkol perenang cepat, sehingga daerah penyebaran ikan ini sangat luas, faktor-faktor yang mempengaruhi migrasi Ikan Tongkol adalah suhu, salinitas, kecepatan aru, oksigen terlarut dan ketersediaan makanan. Ikan Tongkol hidup di permukaan laut sampai pada kedalaman 40 meter (Sugara *et al.*, 2022). Ikan tongkol tersebar di perairan yang bersuhu hangat dan banyak mengandung fitoplankton, karena ikan tuna memakan ikan-ikan kecil dan krustasea

(Kuswanto *et al.*, 2017).

Beragam spesies tongkol atau tuna yang tersebar di perairan dunia, antara lain genus *Euthynnus*, *Auxis*, *Thunnus*, dll. Jenis-jenis Ikan Tongkol yang ditemukan di perairan dunia sangat beragam sehingga sulit dibedakan karena memiliki kemiripan morfologi. Variasi morfologi pada spesies ikan dipengaruhi oleh faktor genetik yang diturunkan secara langsung dari induknya yang membedakannya dari spesies lain (Alamsyah *et al.*, 2020). Banyaknya spesies Ikan Tongkol memiliki kemiripan morfologi menyebabkan kesalahan identifikasi. Identifikasi secara filogenetik dapat membantu mengidentifikasi taksonomi secara akurat (Meilana *et al.*, 2016). Perkembangan bidang Biologi terutama pada Bioinformatika dapat menganalisis filogenetik hubungan kekerabatan Ikan Tongkol menggunakan data-data molekuler berupa sekvens DNA dari website NCBI (National Centre for Biotechnology Information).

Gen penyandi protein yang biasa digunakan dalam analisis molekuler dan

filogenetik adalah subunit sitokrom oksidase 1 (CO1) yang ditemukan pada DNA mitokondria (Zein 2018). Gen ini membantu studi evolusi, populasi dan hubungan filogenetik. Gen CO1 sering digunakan karena memiliki laju mutasi yang tinggi karena itu dapat membedakan antar spesies hingga antar populasi (Nuryanto & Dedy, 2006).

Penelitian Beivy (2020) menunjukkan perbandingan sekuen gen CO1 pada kelompok ikan tuna Bluefin, kelompok ikan tuna Yellowfin dan kelompok ikan tuna jenis lain dapat digunakan untuk melihat perbedaan antar spesies. Penggunaan barcoding Gen CO1 dalam identifikasi morfologi dan analisis filogenetik berhasil dilakukan oleh Permadi *et al.*, (2022) spesies Ikan *P. reticulata* dari Magelang memiliki kemiripan genetik dengan Ikan *P. reticulata* di Amerika Latin. Penelitian serupa yang dilakukan oleh Fietri *et al.*, (2021) membuktikan keakuratan Gen CO1 dalam mengidentifikasi beragam spesies ikan tuna secara genetik sangat akurat, dengan nilai kemiripan antar spesies hingga 99%. Gen CO1 mempunyai variasi unik yang bisa membedakan antar genus, spesies, bahkan spesies yang belum diketahui atau samar.

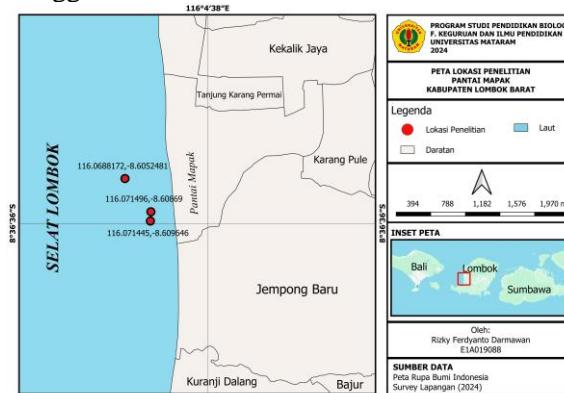
Berdasarkan uraian diatas dan kurangnya penelitian mengenai analisis molekuler dan filogenetik Ikan Tongkol dari perairan Lombok, peneliti memutuskan untuk melakukan penelitian analisis karakter molekuler dan filogenetik Ikan Tongkol di perairan Lombok. Tujuan penelitian ini untuk mengetahui bagaimana karakteristik genetik Ikan Tongkol dari perairan Lombok Barat berdasarkan Gen CO1 dan hubungan kekerabatannya dengan spesies ikan lain di dunia. Hasil penelitian ini diharapkan dapat membantu dalam melakukan analisis molekuler lebih lanjut.

Bahan dan Metode

Waktu dan lokasi penelitian

Penelitian berlangsung pada bulan Januari - Februari tahun 2024 dan bertempat di Perairan Lombok Barat. Penelitian ini menggunakan sampel ikan tongkol yang tertangkap di Perairan Lombok Barat, dan didaratkan di Pantai Mapak,

Kota Mataram, Provinsi Nusa Tenggara Barat. Proses isolasi dan amplifikasi DNA bertempatan di Laboratorium Imunobiologi, Fakultas MIPA, Universitas Mataram, Kota Mataram, Nusa Tenggara Barat.



Gambar 1. Perairan Lombok Barat

Ket:

Stasiun 1 : $8^{\circ}36'18.89''$ LS, $116^{\circ}4'7.74''$ BT

Stasiun 2 : $8^{\circ}36'31''$ LS, $116^{\circ}4'17''$ BT

Stasiun 3 : $8^{\circ}36'34.73''$ LS, $116^{\circ}4'17.20''$ BT

Ekstraksi dan amplifikasi DNA gen CO1 ikan tongkol

Ekstraksi dan amplifikasi DNA sampel ikan tongkol gan menggunakan kit komersial (Blood & Tissue Kit, Jena Bioscience). Fragmen gen target CO1 yang diamplifikasi menggunakan pasangan primer Forward: ATCTTGGTCATGAGCAGGAATGT, diikuti dengan primer Reverse: ACTTCAGGGTGACCGAAGAACATCAGAA (Mahrus *et al.*, 2022). DNA diekstraksi dari sepotong kecil jaringan otot.

Sekitar 650 bp diamplifikasi dari DNA COI pada mitokondria. Dalam proses amplifikasi Polymerase Chain Reaction (PCR) selama 35 siklus dilakukan dengan urutan pre-denaturasi pada suhu 95° selama 5 menit, denaturasi pada suhu 94° selama 50 detik, annealing pada suhu 49° selama 50 detik, dan extension pada suhu 72° . Produk PCR bermigrasi menggunakan gel agarosa 2% yang divisualisasikan di bawah sinar ultraviolet dan didokumentasikan menggunakan foto gel. Kemudian hasil PCR diskuensing oleh 1st Base, Malaysia melalui jasa PT. Genetika Science Indonesia. Hasil sekruensing kemudian dikirim ke email peneliti.

Seleksi dan Analisi Data Sekuens DNA Gen CO1

Sekuens DNA dari berbagai macam spesies dari genus *Euthynnus* yang diperoleh dari database GenBank NCBI (Dailami *et al.*, 2022) data tersebut kemudian diseleksi untuk mendapatkan sekuen dataset yang lebih spesifik sebagai data *ingroup*. Data sekuen *outgroup* dari famili yang sama diperoleh dari database GenBank NCBI diperlukan sebagai pembanding dalam analisis filogenetik. Sekuen yang telah disimpan dengan menggunakan format FASTA, selanjutnya dianalisis menggunakan software MEGA XI (Tamura *et al.*, 2021). Sekuen diinput kemudian dilanjutkan dengan proses penjajaran dengan memanfaatkan mode *Clustal W* (Barry, 2013). Setelah sekuen disejajarkan, dilakukan pemotongan sekuen, Hasil akhir disimpan dengan format FASTA.

Pohon Filogenetik dan Jarak Genetik

Metode Neighbor-Joning digunakan untuk pembuatan pohon filogenetik. Metode ini digunakan pada software MEGA XI dengan nilai bootstrap dari 1000 ulangan (Martiansyah *et al.*, 2017). Nilai bootstrap yang rendah tidak cukup untuk keakuratan jarak antar spesies pada pohon filogenetik. Hasil penjajaran sekuen yang telah disimpan menggunakan format FASTA dihitung dan dianalisis jarak genetiknya menggunakan software MEGA XI. Nilai jarak genetik antar spesies adalah 3%, apabila jarak genetiknya diatas 3% makan dapat disimpulkan bahwa spesies tersebut berbeda dengan spesies lainnya (Akhsani *et al.*, 2019).

Hasil dan Pembahasan

Morfologi Karakter Ikan Tongkol

Sampel ikan tongkol yang diperoleh di perairan Lombok Barat diketahui adalah ikan tongkol lisong (Gambar 2) yang termasuk kedalam golongan ikan pelagis yang berukuran sedang (Jamal, 2022). Setelah melakukan pendekatan dengan metode membandingkan spesies sample yang diperoleh di perairan Lombok Barat dengan spesies ikan tongkol lainnya berdasarkan morfologi karakter. Ciri - ciri tongkol lisong yang didapatkan di perairan Lombok Barat memiliki panjang sekitar 20 cm, tubuh berbentuk silinder, memanjang dengan warna hitam kebiruan pada bagian atas tubuhnya, serta motif garis hitam pada punggungnya, bagian bawahnya memiliki warna

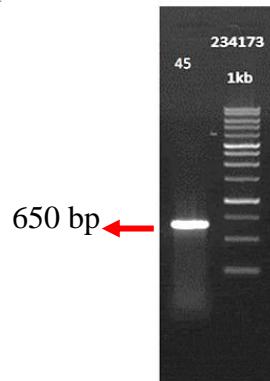
silver keputihan, karakteristik Ikan tersebut sesuai dengan ciri-ciri Ikan Tongkol Lisong yang ditemukan di perairan Nusa Penida, Bali, dengan ukuran rata-rata 24 cm (Yuliana *et al.*, 2020). Diketahui spesies tongkol ini dinamakan *Auxis rochei*, ikan tongkol ini banyak ditemukan diperairan permukaan hingga 200m dibawah laut yang masih didekat sekitar pantai.



Gambar 2. Tongkol Lisong (*Auxis rochei*)

Amplifikasi gen CO1

Penelitian ini berhasil mengamplifikasi fragmen gen CO1 sampel Ikan Tongkol dari perairan Lombok Barat dengan panjang sekitar 650 bp. Hasil penelitian mendapatkan panjang gen CO1 ikan tongkol yang sudah diamplifikasi dengan primer spesifik sekitar 650 bp. Mirip dengan penelitian Giulia *et al.*, (2017) beragam spesies ikan diamplifikasi menggunakan primer yang sama menghasilkan panjang sekitar 630-663 bp.

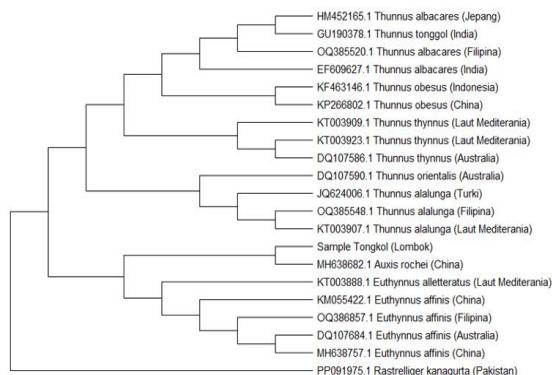


Gambar 3. Hasil PCR dari Gen CO1 Ikan Tongkol

Analisis Filogenetik

Hasil analisis filogenetik menggunakan metode Neighbor-Joining yang disajikan pada (gambar 4). Metode ini salah satu metode membuat pohon filogenetik yang mana metode ini memberikan estimasi terbaik dari panjang cabang yang paling dekat untuk memvisualisasikan jarak sebenarnya antar sekuen (Dharmayanti, 2011). Struktur pohon filogenetik yang dibuat dengan software MEGA XI menggambarkan adanya pembagian 2 klad

besar, yaitu klad I dan klad II. Pada klad I terdiri dari data set sekuens ingroup, sedangkan pada klad II terdiri dari data set sekuens outgroup. Pada gambar pohon filogenetik yang terdiri dari dua klad didukung dengan nilai bootstrap 1000.



Gambar 4. Pohon Filogenetik Metode *Neighbor Joining*

Hasil dari pohon filogenetik pada (Gambar 4) mengindikasikan bahwa sample ikan Tongkol yang diambil di perairan Lombok Barat memiliki hubungan kekerabatan yang dekat atau bisa jadi dari populasi yang sama dengan spesies *Auxis rochei* atau ikan tongkol lisong yang berada di perairan laut China selatan. Perhitungan jarak genetik juga menghasilkan nilai yang cukup rendah antara kedua spesies tersebut yaitu kurang dari 3%, kedua spesies tersebut memiliki kekerabatan yang sangat dekat. Penelitian Ikan Tuna berdasarkan gen CO1 yang dilakukan Fernandez *et al.*, (2021) melaporkan 5 spesies Ikan Tuna yang berbeda memiliki jarak genetik kurang dari 3%.

Penyebabnya karena ikan tongkol merupakan ikan perenang cepat dan hidup bergerombol di permukaan perairan atau dasar perairan. Ikan tongkol umumnya bergerombol dengan ikan dari famili yang sama yaitu Scrombidae (Peja *et al.*, 2022) populasi ikan tersebut bermigrasi untuk mencari habitat yang sesuai. Kondisi perairan yang mempengaruhi migrasi populasi ikan tersebut adalah salinitas air, suhu, oksigen terlarut, kecepatan arus, dan ketersediaan pakan (Sugara *et al.*, 2022). Penyebaran ikan tongkol sangat luas, gerombolan ikan tersebut bermigrasi secara luas di perairan tropis dan subtropis di wilayah Indo-Pasifik (Nofitasari & Pungky, 2022). Oleh

karena itu, hubungan filogenetik yang dekat antar sampel ikan tongkol di Lombok dengan ikan tongkol di laut china selatan dapat dipengaruhi oleh faktor migrasi ikan tongkol yang melintasi perairan Indo-Pasifik.

Ikan pelagis memiliki sifat migrasi yang berkelompok dan bergerombol cenderung menghasilkan tingkat keragaman genetik yang tinggi (Ardiana *et al*, 2020). Keanekaragaman suatu populasi akan bertambah jika terdapat masukan genetik dari populasi lain, dengan begitu kemungkinan kawin silang terjadi pada proses migrasi karena pertemuan antar populasi di perairan yang sama, hal itu menyebabkan terjadinya variasi gen yang berbeda-beda. Faktor lainnya adalah persebaran larva populasi tersebut yang dipengaruhi oleh arus perairan, yang menyebabkan tingkat pertukaran genetik meningkat antar populasi (Devy *et al.*, 2021).

Kesimpulan

Berdasarkan hasil penelitian dan pembahasan dapat disimpulkan bahwa panjang DNA gen CO1 ikan tongkol yang diperoleh dari perairan Lombok Barat sebesar 650 bp. Hasil analisis filogenetik menunjukkan bahwa sample ikan tongkol memiliki kemiripan 98-99% dengan spesies *Auxis rochei* dari laut cina dan memiliki hubungan kekerabatan yang sangat dekat. Nilai keragaman genetik antara dua spesies tersebut kurang dari 3%.

Ucapan Terima Kasih

Ucapan terimakasih tak terhingga ditujukan kepada Dekan FMIPA Unram yang telah memberikan fasilitas Lab Imunobiologi dalam melakukan penelitian terutama untuk ekstraksi dan isolasi DNA gen CO1 ikan tuna. Serta, Universitas Mataram yang telah menjadi instansi terbaik bagi penulis dalam mengembangkan pendidikan, memperluas wawasan, wadah penambah pengalaman dalam melakukan penelitian, sehingga membantu penyusunan artikel penelitian ini.

Referensi

- Akhsani, F., Hamidy, A., Farajallah, A., & Smith, E. N. (2019). Hubungan Filogenetik *Phrynella pulchra* Boulenger,

- 1887 Berdasarkan Gen 16S rRNA. *Zoo Indonesia*, 26(2).
<https://doi.org/10.52508/zi.v26i2.3721>
- Alamsyah, N., Iqbal, TH, Damora, A., Batubara, AS, & Muchlisin, ZA (2020). Morphometric variations of gray mackerel (*Thunnus tonggol*) in Aceh sea waters. *Unsyiah Marine Fisheries Student Scientific Journal*, 5 (1). ISSN: 2527-6395
- Ardelia, V., Vitner, Y., & Boer, M. (2016). Biologi reproduksi ikan tongkol *Euthynnus affinis* di perairan Selat Sunda. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*, 8(2), 689-700.
<https://doi.org/10.29244/jitkt.v8i2.15835>
- Ardelia, V., Vitner, Y., & Boer, M. (2016). Reproductive Biology of Eastern Little Tuna *Euthynnus affinis* in the Sunda Strait. *Journal of Tropical Marine Science and Technology*, 8 (2), 689-700.
<https://doi.org/10.29244/jitkt.v8i2.15835>
- Ardiana, S. A., Astarini, I. A., Putra, I. N. G., Pertiwi, P. D., Sembiring, A., Yusmalinda, A., & Al Malik, D. (2020). Keragaman Genetik dan Filogenetik Longtail Tuna (*Thunnus tonggol*) yang Didaratkan di Pasar Ikan Pabean, Surabaya. *Musamus Fisheries and Marine Journal*: 107-115. Doi: 0.35724/mfmj.v3i2.3375
- Beivy, K. J. (2020). Variasi sekuens gen CO1 untuk DNA barcoding ikan tuna. *Media Teknologi Hasil Perikanan*, 8(2), 70-75.
<https://doi.org/10.35800/mthp.8.2.2020.28378>
- Dailami, M., Saleky, D., Toha, A. H. A., & Agamawan, L. P. I. (2022). Identifikasi Genetik Udang Mantis Dengan Pendekatan DNA Barcoding Gen Sitokrom Oksidase 1(CO1). *ACROPORA J. Ilmu Kelaut. dan Perikan. Papua*, 5. DOI:10.31957/acr.v5i1.2269
- Devy, Suryany., Astarani, I, A., Putra, I, N, G., et al. "Keragaman Genetik Ikan Tongkol Abu-Abu (*Thunnus tonggol*) yang Didaratkan di Pasar Ikan Sagulung, Batam, Kepulauan Riau Berdasarkan DNA Mitokondria." *Journal of Marine and Aquatic Sciences* 7.2 (2021): 176-183.
<https://doi.org/10.24843/jmas.2021.v07.i02.p06>
- Dharmayanti, N. L. P. I. (2011). Filogenetika molekuler: metode taksonomi organisme berdasarkan sejarah evolusi. *Wartazoa*, 21(1), 1-10.
- Fernandez, P. H., Dharma, I. S., Putraa, I. N. G., Sembiring, A., Yusmalindab, A., Al Malik, D., & Pertiwi, P. D. Analisis Filogenetik Ikan Tuna (*Thunnus spp.*) yang didaratkan di Pelabuhan Benoa, Bali. *Journal of Marine Research and Technology* 4(2):37.
DOI:10.24843/JMRT.2021.v04.i02.p06
- Fietri, W. A., Rasak, A., & Ahda, Y. (2021). Analisis Filogenetik Ikan Tuna (*Thunnus spp.*) di Perairan Maluku Utara Menggunakan COI (Cytochrome Oxydase I). *BIOMA: Jurnal Biologi Makassar*, 6(2), 31-39.
<https://doi.org/10.20956/bioma.v6i2.14053>
- Giulia, Guerriero., Dea, R., Magdy, A, A., et al. "Fisheries and biodiversity along Mediterranean Sea: Italian and Egyptian coast overview." *Euro-Mediterranean Journal for Environmental Integration* 2 (2017): 1-14.
<https://doi.org/10.1007/s41207-017-0027-8>
- Hall, B. G. (2013). Building phylogenetic trees from molecular data with MEGA. *Molecular biology and evolution*, 30(5), 1229-1235.
<https://doi.org/10.1093/molbev/mst012>
- Isti'anah, I., & Maulana, R. (2020, June). Morphological Characterization of Komo Tuna Fish (*Euthynnus affinis*) Landed at the Fish Market in Southeast Maluku Regency and Tual City. In *Proceedings of the National Seminar on Biology, Technology and Education* (Vol. 8, No. 1).
<http://dx.doi.org/10.22373/pbio.v8i2.9651>
- Jamal, M. (2022). Karakteristik Biologis Ikan Tongkol (*Euthynnus Affinis*) Hasil Tangkapan Purse Seine di Perairan Herlang Teluk Bone, Indonesia. *Marine Fisheries*, 13(1), 113-122.
<https://doi.org/10.29244/jmf.v13i1.37825>
- Kuswanto, TD, & Syamsuddin, ML (2017). The relationship between sea surface temperature and chlorophyll-a on tuna

- catch in Lampung Bay. *Journal of Marine Fisheries*, 8 (2). ISSN : 2088-3137
- Mahrus, H., Syukur, A., & Zulkifli, L. (2022). Morphological and molecular characters of Lemuru fish (*Sardinella lemuru*) from Tanjung Luar Waters, East Lombok. *Jurnal Biologi Tropis*, 22(4), 1474-1482. <https://doi.org/10.29303/jbt.v22i4.4555>
- MARTIANSYAH, I., PUTRANTO, R. A., & KHUMAIDA, N. (2017). Identifikasi famili gen putatif penyandi protease inhibitor dengan pendekatan in silico komparatif pada genom *Hevea brasiliensis* Muell. Arg (Identification of putative gene family encoding protease inhibitors by in silico comparative analysis in *Hevea brasiliensis* Muell. Arg genome). *Menara Perkebunan*, 85(2). <https://doi.org/10.22302/iribb.jur.mp.v85i2.257>
- Meilana, L., Wardiatno, Y., Butet, N. A., & Krisanti, M. (2016). Karakter morfologi dan identifikasi molekuler dengan marka gen CO1 pada mimi (*Tachypleus gigas*) di perairan utara Pulau Jawa. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*, 8(1), 145-158. <https://doi.org/10.29244/jitkt.v8i1.12651>
- Nofitasari, C. A., and Pungky, S, W, K., (2022). Komposisi Isi Lambung Ikan Tongkol Komo (*Euthynnus affinis*). *Scopindo Media Pustaka*. ISBN 6233653452, 9786233653459
- Nuryanto, A., & Solihin, D. D. (2006). Variasi sekuens gen mitokondrial sitokrom c oksidase I dari siput lola (*Trochus niloticus*). *Majalah Ilmiah Biologi BIOSFERA: A Scientific Journal*, 23(1), 31-37. [https://doi.org/10.20884/1.mib.2006.23.1.](https://doi.org/10.20884/1.mib.2006.23.1)
- 143
- Peja, E., Leonna, A., Athallah, M. T., Adawiyah, R. A., & Nofiyanti, F. (2022). Pengolahan Ikan Lokal Melalui Inovasi Curing Dengan Squid, Vanilla Salt, Dan Isomalt. *Jurnal Pengolahan Pangan*, 7(1), 1-6. Doi:10.31970/pangan.v7i1.60.
- Permadi, J., Rochvita, A., Anggraini, R. C. P. K., & Palimirmo, F. S. (2022). Filogenetik Ikan Ekstremofil Edible Populasi Magelang Menggunakan Gen Cytochrome Oxydase I. *Journal of Research and Technology*, 8(1), 87-98. <https://doi.org/10.55732/jrt.v8i1.507>
- Sugara, A., Anggraini, S., Wulandari, Y., Suryanita, A., & Anggoro, A. (2022). Potential Resources of Tuna Fish (*Euthynnus sp.*) in Purse Seine Fishing Equipment at Sibolga Nusantara Water Port. *Journal of the Equatorial Ocean*, 5 (1), 25-30. DOI:10.26418/lkuntan.v5i1.52435
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*, 38(7), 3022-3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Yuliana, E., Yani, D. E., & Agustina, S. (2020). Pengelolaan Perikanan Tongkol Lisong (*Auxis rochei*) Di Kawasan Konservasi Perairan Nusa Penida, Bali. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*, 12(3), 659-672. <https://doi.org/10.29244/jitkt.v12i3.32195>
- Zein, M. S. A. (2018). Barkoding DNA burung Elang (Famili Accipitridae) di Indonesia. *Berita Biologi*, 17(2), 165-173. <https://doi.org/10.14203/beritabiologi.v17i2.3108>