

Genetic Diversity of Red Snapper (*Lutjanus erythropterus*) in Kaimana Waters

Sindi Milansari¹, Abdul Hamid A. Toha^{1*}, Bayu Pranata², Muhammad Dailami³, Emmanuel Manangkalangi¹, Jeni⁴

¹Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Papua, Manokwari, Indonesia;

²Program Studi Akuakultur, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Brawijaya, Malang, Indonesia;

³Program Studi Budidaya Perikanan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Papua, Manokwari, Indonesia;

⁴Program Studi Pendidikan Biologi, Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan, Universitas Papua, Manokwari, Indonesia;

Article History

Received : February 25th, 2025

Revised : March 10th, 2025

Accepted : March 13th, 2025

*Corresponding Author: **Abdul Hamid A. Toha**, Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan, Jurusan Perikanan, Universitas Papua
Email: h.toha@unipa.ac.id

Abstract: Genetic diversity is one level of biodiversity that is very important for the resilience of biota in the face of environmental pressures such as climate change. However, information on the genetic diversity of red snapper in Kaimana water is still very limited. This study determines the genetic diversity of red snapper (*Lutjanus erythropterus*) in Kaimana waters, West Papua, to support conservation and sustainable management. The methods used include PCR, DNA sequencing, and phylogenetic analysis using MEGA11, with samples taken from the Kaimana fish market. The results of this study show differences in the percentage of adenine and guanine in sample B81.01, with an average codon composition of 218 codons, where UCU(G) Serine has the highest percentage of 13.8% and RSCU 2.38%, and 20 types of amino acids were detected. *Lutjanus erythropterus* has 3 haplotypes, with 2 universal haplotypes and 1 specific. In Kaimana waters, the haplotype diversity (hd) value is 0.50000 and the nucleotide diversity (π) is 0.00091, which is influenced by the large population size and high migration ability.

Keywords: Amino acid, haplotype, kaimana, *Lutjanus erythropterus*, phylogenetic.

Pendahuluan

Keragaman genetik adalah salah satu level biodiversitas (Hoban *et al.* 2023) yang penting untuk mendukung ketahanan populasi dan spesies serta keragaman spesies dan ekosistem (Shaffer *et al.* 2022). Keragaman genetik juga sangat penting bagi ketahanan biota dalam menghadapi tekanan lingkungan (Hoban *et al.* 2021, Kardos *et al.* 2021) dan diasumsikan penting bagi potensi evolusi suatu spesies (Mukhopadhyay & Bhattacharjee 2016). Keragaman genetik di antara individu mencerminkan keberadaan alel yang berbeda dalam kumpulan gen, dan karenanya berbagai genotipe dalam populasi. Oleh karena itu, keragaman genetik memiliki kepentingan besar dari sudut pandang individualistis dan populasi (Mukhopadhyay & Bhattacharjee 2016).

Studi tentang keragaman genetik telah menjadi fokus utama biologi evolusi dan konservasi inti (Mukhopadhyay & Bhattacharjee 2016). Metode molekuler telah diterapkan secara intensif dalam biologi konservasi dan studi keanekaragaman genetik, terutama sebagai alat molekuler selektif, dalam menyelesaikan pertanyaan empiris tentang konservasi dan perhatian evolusi. Beberapa metode dan pendekatan pengukuran keragaman genetik sekarang tersedia termasuk menggunakan penanda genetik *cytochrome c oxidase subunit I* DNA mitokondria (COI mtDNA) (Dash *et al.* 2025, Fang *et al.* 2022, Saher *et al.* 2021, Ratnawati *et al.* 2020). Pendekatan ini telah terbukti dan bermanfaat untuk mendapatkan informasi yang berguna termasuk memberikan manfaat sosial dan ekonomi, penggunaan sumber daya yang berkelanjutan, pasokan pangan yang

stabil, dan mitigasi kejadian ekstrem (Stange *et al.* 2021, Hollingsworth *et al.* 2020).

Lutjanus erythropterus merupakan salah satu spesies ikan kakap merah dari famili *Lutjanidae* yang bernilai ekonomis tinggi di Indonesia (Wahyuningsih, 2016). Ikan demersal ini merupakan salah satu komoditas penting bagi perikanan komersial dan artisanal (Ault *et al.* 2019). Volume produksi ikan kakap merah di Kabupaten Kaimana mencapai 842,00 ton (Pusdatin KKP 2023). Kebutuhan akan ikan kakap merah yang tinggi menyebabkan jumlah tangkapan komoditas ini di perairan Kaimana juga tinggi. Saat ini, ikan kakap merah secara global termasuk dalam daftar Merah Spesies Terancam Punah IUCN (Russel *et al.*, 2016). Pengelolaan yang tepat pada komoditas ini tentunya diperlukan untuk meminimalisir resiko yang dapat terjadi. Pengelolaan akan dapat terlaksana dengan tepat apabila berdasarkan data dan informasi yang memadai, salah satunya adalah informasi mengenai keragaman genetiknya (Hendiari *et al.*, 2020).

Informasi keragaman genetik spesies ikan *L. erythropterus* di perairan Kaimana masih terbatas. Selain untuk identifikasi, data keragaman genetik *L. erythropterus* di Kaimana juga penting sebagai langkah awal dalam upaya pelestarian populasi di alam (Kusuma *et al.*, 2021). Tujuan penelitian ini adalah menentukan karakteristik dan keragaman genetik individu dan populasi serta menentukan hubungan evolusi ikan kakap (*L. erythropterus*) di perairan Kaimana. Penelitian ini penting untuk pengelolaan dan pemanfaatan ikan kakap di Perairan Kaimana secara berkelanjutan.

Bahan dan Metode

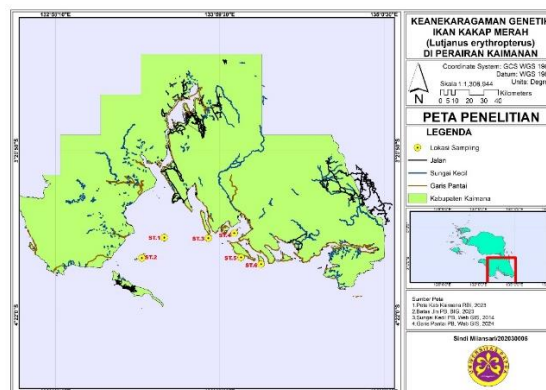
Waktu dan tempat

Penelitian dilaksanakan pada bulan November sampai Januari 2024. Pengambilan sampel dilakukan di pasar ikan Kaimana, dengan cara membeli ikan target di pasar sebanyak 21 ekor ikan. Titik penangkapan ikan oleh nelayan disajikan pada Gambar 1.

Preparasi Sampel

Setiap ikan sampel diambil jaringan sirip dorsal sekitar 2 cm dengan cara dipotong. Sampel sirip ikan dicuci hingga bersih lalu dimasukkan ke dalam tabung berisi alkohol 96% untuk diawetkan dan diberi label sebagai penanda. Kemudian dimasukkan ke dalam kotak dan dibawa ke laboratorium. Proses isolasi DNA

genom, amplifikasi gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) melalui *Polymerase Chain Reaction* (PCR), dan elektroforesis hasil PCR dilakukan di Laboratorium Brainy Bee di Malang.



Gambar 1. Peta Lokasi Penelitian

Alat dan Bahan

Alat dan bahan yang digunakan dalam penelitian adalah *aotuclave*, *aluminium foil*, *cool box*, *hot plate*, *busen burner*, timbangan analitik, gunting, freezer, elektroforesis, rak *microtube* 1.5 mL, micro centrifugasi, gelas ukur, *incubator*, *latex*, kamera, *mikropipet*, mesin PCR, gelas piala, pinset, tip, *tube* 1.5 mL, *GS column*, *PCR tube* 0,2 mL, *gel rig*, alat tulis, *micropestie*. *Lutjanus erythropterus*, Alkohol 96%, TAE, *proteinase-K*, *agarose*, *DNA leader*, primer *forward*, primer *reverse*, *GT buffer*, *elution buffer*, *RNase A*, *etanol absolut*, *ddH₂O*, *W1 buffer*, *wash buffer*, *tag green*.

Analisis Laboratorium

Isolasi DNA dari jaringan sirip ikan menggunakan *Genomic DNA Mini Kit* (Tissue). Amplifikasi gen COI menggunakan pasangan primer, *forward FishF1*: (5'- TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC -3') dan *reverse FishR1*: (5'- TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA -3') (Ward *et al.*, 2005). Kondisi PCR: initial *denaturation* 94.0°C 180 detik, *denaturation* 94.0°C 30 detik, *annealing* 50.0°C 30 detik, *extension* 72.0°C 45 detik, *final extension* 72.0°C 300 detik. Tahapan amplifikasi PCR tersebut diulang sebanyak 35 siklus.

Visualisasi hasil PCR dilakukan dengan metode elektroforesis *gel agarose* dengan tujuan untuk mengetahui keberhasilan dari proses PCR yang dilakukan. (Dailami *et al.*, 2024). Sekuensing hasil PCR menggunakan metode dideoksi terminasi sanger (Dailami *et al.*, 2024). Proses sekuensing DNA dikerjakan oleh

perusahaan 1st Base Malaysia melalui jasa sekuensing PT. Genetika Sains Indonesia.

Analisis Data

Analisis molekuler sekuens DNA menggunakan program MEGA11 (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*), kemudian dibandingkan dengan sekuens yang ada di GenBank melalui situs web (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) dengan menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) Analisis Keragaman genetik menggunakan *software* DnaSp. Analisis pohon filogenetik dan jarak genetik menggunakan program MEGA11.

Hasil dan Pembahasan

Validasi Spesies

Visualisasi elektroforesis 21 sampel menunjukkan tiga sampel, B80.01, B80.02 dan B81.12, mengalami *smear* akibat degradasi atau fragmentasi DNA. Ketiga sampel tidak memenuhi persyaratan kemurnian yang dibutuhkan dalam analisis molekuler (Mukae *et al.* 2023). Total ada 18 sampel yang dilanjutkan untuk proses sekuensing. Hasil sekuensing pada sampel berkisar antara 652-658 bp. Hasil ini sesuai dengan *International Barcode of Life* (iBOL), (2010). Menurut Bramasta *et al.*, (2021), sekuensing DNA adalah proses yang digunakan untuk mengidentifikasi urutan basa nukleotida yang terdapat dalam DNA. Hasil identifikasi sekuens sampel menggunakan BLAST disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1 Hasil identifikasi sekuens menggunakan BLAST

No.	ID	Analisis BLAST	Query Cover (%)	Identity (%)	Acc. Len	GenBank accession
1	B81 01	<i>Lutjanus erythropterus</i>	100%	99.85%	658	GU673202.1
2	B81 02	<i>Lutjanus malabaricus</i>	100%	100.00%	665	OR758625.1
3	B81 03	<i>Lutjanus erythropterus</i>	100%	100.00%	658	GU673202.1
4	B81 04	<i>Lutjanus erythropterus</i>	100%	100.00%	658	GU673202.1
5	B81 05	<i>Lutjanus erythropterus</i>	100%	100.00%	658	GU673202.1
6	B81 06	<i>Lutjanus malabaricus</i>	100%	99.85%	665	OR758620.1
7	B81 07	<i>Lutjanus malabaricus</i>	100%	100.00%	665	OR758620.1
8	B81 08	<i>Lutjanus malabaricus</i>	100%	99.85%	665	OR758620.1
9	B81 09	<i>Lutjanus erythropterus</i>	100%	100.00%	658	GU673202.1
10	B81 10	<i>Lutjanus erythropterus</i>	99%	99.85%	652	GU673841.1
11	B81 11	<i>Lutjanus erythropterus</i>	100%	100.00%	658	GU673202.1
12	B81 13	<i>Lutjanus erythropterus</i>	100%	100.00%	658	GU673202.1
13	B81 14	<i>Lutjanus malabaricus</i>	100%	99.85%	665	OR758620.1
14	B81 15	<i>Lutjanus erythropterus</i>	100%	100.00%	658	GU673202.1
15	B81 16	<i>Lutjanus erythropterus</i>	100%	100.00%	658	GU673202.1
16	B81 17	<i>Lutjanus erythropterus</i>	99%	99.85%	652	GU673841.1
17	B81 18	<i>Lutjanus erythropterus</i>	100%	100.00%	658	GU673202.1
18	B8201	<i>Lutjanus erythropterus</i>	99%	99.85%	652	GU673841.1

Tabel di atas menunjukkan perbandingan 18 sekuens basa sampel dan urutan basa yang ada di genbank dengan melihat nilai *query cover*, *E value* dan *identity*. Nilai tersebut merupakan standar identifikasi dari proses BLAST yang digunakan NCBI. *Query cover* merupakan persentase dari panjang nukleotida sampel yang selaras dengan *database* yang ada di Genbank. *E value* merupakan nilai dugaan yang memberikan ukuran statistik signifikan terhadap kedua sekuens. Semakin tinggi nilai *E value* maka semakin rendah tingkat homologi antar sekuens. *Identity* merupakan nilai tertinggi dari presentase kecocokan antara sekuens sampel dengan sekuens dalam *database* Genbank (Widyawati 2017).

Berdasarkan Tabel 1 diketahui bahwa total 18 sampel sekuens teridentifikasi 13 sampel sebagai spesies *L. erythropterus* dengan tingkat kemiripan atau nilai *identified* yang tinggi sebesar 99.85-100.00% dan terdapat 5 (lima) sekuens yang teridentifikasi sebagai *L. malabaricus* dengan tingkat kemiripan nilai *identified* sebesar 99.85-100.00%. Kedua spesies ini memiliki garis keturunan yang sama dan morfologi yang mirip satu dengan yang lain (Sala *et al.*, 2023). Berdasarkan hasil ini selanjutnya analisis keragaman genetik *L. erythropterus* hanya berkaitan dengan 13 sekuens di atas.

Karakteristik Molekuler

Komposisi nukleotida setiap individu *L. erythropterus* disajikan pada Tabel 2. Nukleotida merupakan unit dasar asam nukleat yang berperan sebagai penyimpan informasi genetik. Nukleotida juga dianggap sebagai nutrisi semiesensial selama periode kekurangan makanan, stress, pertumbuhan cepat, dan stress imunologi (González 2005) serta penting untuk homeostatis, kesehatan dan penyakit (Ikeda *et al.* 2021). Nukleotida terdiri atas tiga komponen utama berupa basa nitrogen heterosiklik (nukleobasa), gula pentosa, dan gugus fosfat yaitu metabolit dasar yang dibutuhkan untuk berbagai proses biologis (Ikeda *et al.* 2021). Dalam DNA, terdapat empat jenis basa nitrogen yang membentuknya, yaitu adenin (A), guanin (G), sitosin (C), dan timin (T) (Ikeda *et al.* 2021, Toha 2001).

Tabel 2. Komposisi Nukleotida

ID sampel	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)
B81.11	28.9	28.9	23.1	19.1
B81.13	28.9	28.9	23.1	19.1
B81.15	28.9	28.9	23.1	19.1
B81.16	28.9	28.9	23.1	19.1
B81.17	28.9	28.9	23.1	19.1
B81.18	28.9	28.9	23.1	19.1
B81.01	28.9	28.9	23.2	18.9
B81.03	28.9	28.9	23.1	19.1
B81.04	28.9	28.9	23.1	19.1
B81.05	28.9	28.9	23.1	19.1
B81.09	28.9	28.9	23.1	19.1

B81.10	28.9	28.9	23.1	19.1
B82.01	28.9	28.9	23.1	19.1
Rata-rata	28.9	28.9	23.1	19.1

Keterangan : T=timin, G=guanin, C=cytosin dan A=adenin

Rata-rata komposisi nukleotida 13 sampel *L. erythropterus* adalah nukleotida adenin (A) 23.1%, timin (T) 28.9%, guanin (G) 19.1% dan nukleotida sitosin (C) 28.9%; A+T=52.0% dan G+C=48.0. Hasil ini berbeda dibandingkan temuan komposisi nukleotida pada genom mitokondria dua ikan (*Plectorhinchus orientalis* dan *Plectorhinchus vittatus*) berturut-turut A=27,9, T=24,7%, C=31,0%, G=16,45), AT=52,6% GC=47,4 dan A, 28,0%, T, 24,7%, G, 16,4%, dan C, 30,9%, AT=52,7% GC=47,3% (Liang *et al.* 2019). Hasil ini juga berbeda dengan komposisi ikan *Cirrhilabrus cf. ryukyuensis* masing-masing A 23,2%, T 32,8%, G 17,7%, dan C 26,3%; AT=56,0% GC=44,0% (Dailami *et al.* 2018). Perbedaan tersebut mengindikasikan adanya variasi genetik intrapopulasi masing-masing spesies (Maiseka & Arisuryanti, 2024). Sementara komposisi kodon setiap sampel *L. erythropterus* disajikan pada Tabel 3. Kodon adalah triplet atau tiga nukleotida yang menyandikan asam amino atau instruksi memulai atau mengakhiri proses ekspresi genetik. Sandi kodon sesuai dengan kode genetik DNA mitokondria (https://www.mun.ca/biology/scarr/MtDNA_code.html).

Tabel 3. Komposisi kodon

Codon	Count	RSCU	Codon	Count	RSCU
UUU(F)	4	0.97	UAU(Y)	8	1.23
UUC(F)	4.2	1.03	UAC(Y)	5	0.77
UUA(L)	2	0.68	UAA(*)	3	0.8
UUG(L)	2	0.68	UAG(*)	1	0.27
CUU(L)	7	2.36	CAU(H)	5	1.11
CUC(L)	2.8	0.94	CAC(H)	4	0.89
CUA(L)	2	0.68	CAA(Q)	1	2
CUG(L)	2	0.68	CAG(Q)	0	0
AUU(I)	4	1.33	AAU(N)	11	1.57
AUC(I)	2	0.67	AAC(N)	3	0.43
AUA(M)	1	2	AAA(K)	4	1.6
AUG(M)	0	0	AAG(K)	1	0.4
GUU(V)	1	2	GAU(D)	5	1.67
GUC(V)	0	0	GAC(D)	1	0.33
GUA(V)	0	0	GAA(E)	2	1.33
GUG(V)	1	2	GAG(E)	1	0.67
UCU(S)	13.8	2.38	UGU(C)	4	0.89
UCC(S)	2	0.35	UGC(C)	5	1.11
UCA(S)	0	0	UGA(W)	2	0.57
UCG(S)	1	0.17	UGG(W)	5	1.43

CCU(P)	11.2	1.65	CGU(R)	3	0.75
CCC(P)	8	1.18	CGC(R)	4	1
CCA(P)	6	0.88	CGA(R)	1	0.25
CCG(P)	2	0.29	CGG(R)	8	2
ACU(T)	3.1	1.36	AGU(S)	6	1.04
ACC(T)	4	1.76	AGC(S)	12	2.07
ACA(T)	2	0.88	AGA(*)	5	1.33
ACG(T)	0	0	AGG(*)	6	1.6
GCU(A)	4.9	2.84	GGU(G)	1	0.57
GCC(A)	1	0.58	GGC(G)	3	1.71
GCA(A)	1	0.58	GGA(G)	1	0.57
GCG(A)	0	0	GGG(G)	2	1.14
Rata-rata codons=218					

Tabel 4. Komposisi Asam Amino

Asam Aminno	B81.11	B81.13	B81.15	B81.16	B81.17	B81.18	B81.01	B81.03	B81.04	B81.05	B81.09	B81.10	B82.01
Ala	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45
Cys	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43
Asp	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96
Glu	1.48	1.48	1.48	1.48	1.48	1.48	1.48	1.48	1.48	1.48	1.48	1.48	1.48
Phe	3.94	3.94	3.94	3.94	3.94	3.94	3.94	3.94	3.94	3.94	3.94	4.43	4.43
Gly	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45
His	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43
Ile	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96	2.96
Lys	2.46	2.46	2.46	2.46	2.46	2.46	2.46	2.46	2.46	2.46	2.46	2.46	2.46
Leu	2.46	8.87	8.87	8.87	8.87	8.87	8.87	8.87	8.87	8.87	8.87	8.37	8.37
Met	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49
Asn	6.90	6.90	6.90	6.90	6.90	6.90	6.90	6.90	6.90	6.90	6.90	6.90	6.90
Pro	13.30	13.30	13.30	13.30	13.79	13.30	13.30	13.30	13.30	13.30	13.30	13.79	13.79
Gln	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49	0.49
Arg	7.88	7.88	7.88	7.88	7.88	7.88	7.88	7.88	7.88	7.88	7.88	7.88	7.88
Ser	17.24	17.24	17.24	17.24	16.75	17.24	17.24	17.24	17.24	17.24	17.24	16.75	16.75
Thr	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.93	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43	4.43
Val	0.99	0.99	0.99	0.99	0.99	0.99	0.99	0.99	0.99	0.99	0.99	0.99	0.99
Trp	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45	3.45
Tyr	6.40	6.40	6.40	6.40	6.40	6.40	6.40	6.40	6.40	6.40	6.40	6.40	6.40

Hasil analisis komposisi asam amino dari 13 individu *L. erythropterus* menunjukkan sebanyak 20 jenis asam amino telah terdeteksi yang terdiri dari 9 asam amino esensial dan 11 asam amino non-esensial. Komposisi Serin dan Prolin lebih besar dari komposisi asam amino lainnya yaitu Serin sebesar 17.24% dan Prolin sebesar 13.30%. Hasil ini serupa dengan komposisi kodon yang memiliki nilai tertinggi pada kodon Serine dan Prolin. Kedua asam amino tersebut merupakan asam amino non-esensial. Komposisi asam amino yang terkecil Metionin dan Glutamin dengan presentase sebesar 0.49%. Valin dengan presentase sebesar 0.99%. Ketiga

asam amino tersebut merupakan asam amino esensial. Jayasinghe *et al.* (2018) menyebutkan bahwa komposisi asam amino dipengaruhi oleh komponen protein yang terdapat pada ikan. Komponen protein dalam daging ikan dapat dipengaruhi oleh faktor-faktor seperti perbedaan habitat, kualitas perairan, dan ketersediaan makanan atau plankton.

Keragaman Genetik Individu

Keragaman genetik individu *L. erythropterus* Kaimana dapat dilihat pada Tabel 5.

Tabel 5. Haplotipe

No	Haplotipe	Jumlah	Anggota Haplotipe	Jenis Haplotipe
1	Hap 1	9	B81.11 B81.13 B81.15 B81.16 B81.18 B81.03 B81.04 B81.05 B81.09	Universal
2	Hap 2	3	B81.17 B81.10 B82.01	Universal
3	Hap 3	1	B81.01	Spesifik

Penelitian ini mengidentifikasi 3 haplotipe yang berbeda. Dua haplotype, Hap 1 dan Hap 2, adalah haplotipe universal dan 1 haplotipe spesifik. Haplotipe 1 terdiri atas 9 individu, haplotipe 2 terdiri atas 3 individu dan haplotipe 3 terdiri atas satu individu. Perbedaan haplotipe ini terjadi karena adanya polimorfisme seperti disajikan pada Tabel 6.

Tabel 6. Polimorfisme

ID sampel	52	286	478
B81.11	T	G	C
B81.13	.	.	.
B81.15	.	.	.
B81.16	.	.	.
B81.17	C	.	T
B81.18	.	.	.
B81.01	.	A	.
B81.03	.	.	.
B81.04	.	.	.
B81.05	.	.	.
B81.09	.	.	.
B81.10	C	.	T
B82.01	C	.	T
Jenis mutasi	Tr	Tr	Tr

Keretangan : T, G, C dan A merupakan singkatan nukleotida Timin, Guanin, Cytosin dan Adenin; Titik (.) menunjukkan kesamaan nukleotida; *Tr* = transisi, *Tv* = transversi

Berdasarkan Tabel 6 diketahui bahwa keberadaan ketiga haplotipe terjadi karena adanya perbedaan nukleotida seperti timidilat dan sitidilat pada urutan nukleotida 52 dan 478,

serta guanilat dan adenilat pada sisi nukleotida 286. Polimorfisme ini terjadi karena adanya mutasi. Mutasi adalah faktor penentu timbulnya variasi genetik (Wathon *et al.* (2023). Mutasi substitusi pada penelitian ini terdiri atas mutasi transisi dan transversi. Transisi adalah perubahan antara nukleotida A (Adenin) dan G (Guanin) atau sesama purin, atau antara basa C (Sitosin) dan T (Timin) atau sesama pirimidin. Mutasi transversi adalah perubahan antara basa purin dengan pirimidin (Rahmah *et al.*, 2024).

Menurut Dailami *et al.*, (2018), polimorfisme atau perbedaan urutan nukleotida terjadi karena adanya mutasi dan mutasi transisi adalah mutasi yang paling sering terjadi dibandingkan mutasi transversi. Dalam hal struktur cincin, A dan G merupakan purin yang memiliki dua cincin, sementara C dan T adalah pirimidin yang hanya memiliki satu cincin. Ketika membentuk struktur sekunder, C dan G saling membentuk ikatan hidrogen yang kuat, sedangkan A dan T membentuk ikatan hidrogen yang lebih lemah (Chen *et al.*, 2017).

Karagaman Genetik Populasi

Parameter yang digunakan untuk menganalisis keragaman genetik meliputi jumlah *haplotipe* (*h*), *haplotype diversity* (*hd*), dan *nucleotide diversity* (π) (Rozas *et al.*, 2017). Keragaman genetik populasi *L. erythropterus* di perairan Kaimana dan Australia dapat dilihat pada Tabel 7.

Tabel 7. Keragaman genetik populasi di Perairan Kaimana dan Australia

Populasi	Jumlah Sekuen Individu	Jumlah Haplotipe (h)	Keragaman Haplotipe (hd)	Keragaman Nukleotida (π)
Kaimana	13	3	0.50000	0.00091
Australia	2	2	1.00000	0.00509

Nilai keragaman haplotipe (*hd*) populasi *L. erythropterus* pada perairan Kaimana sebesar 0.50000, sedangkan keragaman haplotipe (*hd*) di perairan Australia sebesar 1.00000. Nei (1972) mengemukakan ada 3 kategori untuk nilai keragaman genetik rendah apabila nilai 0.01-0.04, sedang 0.05-0.7 dan tinggi apabila 0.8-1.00 Berdasarkan kategori tersebut nilai keragaman genetik sampel Kaimana tergolong sedang dan Australia memiliki tingkat keragaman yang tinggi. Hasil serupa dengan penelitian Widyawati (2017) menunjukkan keragaman kategori pada spesies *L. erythropterus* dari 2 (dua) tempat yaitu di Pelabuhan Perikanan Nasional (PPN)

Brondong dan PPN Prigidengan dengan presentase sebesar 0,700. Menurut Akbar *et al.* (2014), tingginya nilai keragaman haplotipe diduga disebabkan oleh dua faktor. Pertama, meskipun ada tekanan penangkapan secara berkala, ukuran populasi yang besar masih tersedia di perairan antar samudera atau perairan lokal di suatu negara. Kedua, faktor kemampuan migrasi yang tinggi yang dapat menyebabkan terjadinya perkawinan silang dan percampuran gen antar populasi.

Keragaman nukleotida perairan Kaimana lebih rendah daripada keragaman nukleotida perairan Australia. Perbedaan keragaman

nukleotida kedua perairan kemungkinan karena perbedaan jumlah sampel. Sampel perairan Kaimana penelitian ini lebih rendah. Keragaman nukleotida penting untuk dipertahankan agar kelestarian spesies tetap terjaga. Semakin besar nilai keragaman nukleotida maka semakin tinggi tingkat keragaman genetik suatu populasi (Muliani *et al.*, 2020).

Hubungan Evolusi

Jarak genetik antar individu *L. erythropterus* disajikan pada Tabel 8. Jarak genetik digunakan sebagai dasar dalam mempelajari evolusi molekuler, rekonstruksi filogenetik dan perkiraan waktu evolusi (Sohpal, 2013).

Tabel 8. Jarak genetik *L. erythropterus*

No Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1 B81.11													
2 B81.13	0.000												
3 B81.15	0.000	0.000											
4 B81.16	0.000	0.000	0.000										
5 B81.17	0.003	0.003	0.003	0.003									
6 B81.18	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003								
7 B81.01	0.002	0.002	0.002	0.002	0.005	0.002							
8 B81.03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.002						
9 B81.04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.002	0.000					
10 B81.05	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.002	0.000	0.000				
11 B81.09	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.002	0.000	0.000	0.000			
12 B81.10	0.003	0.003	0.003	0.003	0.000	0.003	0.005	0.003	0.003	0.003	0.003		
13 B82.01	0.003	0.003	0.003	0.003	0.000	0.003	0.005	0.003	0.003	0.003	0.003	0.003	0.000

Jarak genetik ke-13 individu ikan *L. erythropterus* berada pada rentang 0,000 hingga 0,005. Berdasarkan hasil tersebut diketahui bahwa setiap individu memiliki jarak genetik yang rendah. Menurut Yuliani *et al.*, (2017) nilai kisaran jarak genetik terbagi menjadi 3 (tiga) yaitu: Jarak genetik rendah (0,01-0,099), sedang (0,1-0,99) dan tinggi (1,0-2,0). Jarak genetik yang rendah mengindikasikan tingkat kesamaan evolusi yang tinggi antara spesies yang diamati

(semakin kecil jaraknya, semakin besar kesamaan evolusi spesies tersebut, dan sebaliknya (Sala *et al.*, 2023). Hal ini menunjukkan bahwa masing-masing individu *L. erythropterus* berasal dari keturunan yang sama. Hubungan genetik antar individu temuan di Kaimana dan individu dari 30 spesies dalam genus *Lutjanus* di genbank (NCBI) (Tabel 9) dari total 3860 ikan yang ada di Perairan Indonesia (Froese & Pauly 2025) disajikan pada Gambar 2.

Tabel 9. Sekuen pembandingan yang digunakan dalam rekonstruksi filogenetik termasuk lokasi, nomor akses dari *National Center for Biotechnology Information (NCBI)*

No	Spesies	Jumlah Individu	Lokasi	Accession Number	Referensi
1	<i>Lutjanus erythropterus</i>	65	Philippines Australia Australia	OR524468.1 GU673202.1 KX781885.1	Nanola <i>et al.</i> , (2023) International Barcode of Life (iBOL), 2010 Mitchell <i>et al.</i> (2019)
2	<i>Lutjanus argentimaculatus</i>	70	Philippines	OQ385415.1	Bemis <i>et al.</i> , (2023)
3	<i>Lutjanus bengalensis</i>	29	Philippines	OR524462.1	Nanola <i>et al.</i> , (2023)
4	<i>Lutjanus biguttatus</i>	7	Philippines	OQ386321.1	Bemis <i>et al.</i> , (2023)
5	<i>Lutjanus bitaeniatus</i>	5	Australia	KC130849.1	Allen <i>et al.</i> , (2012)
6	<i>Lutjanus bohar</i>	32	Philippines	OQ385426.1	Bemis <i>et al.</i> , (2023)
7	<i>Lutjanus bouton</i>	2	Taiwan	KT718540.1	Lin <i>et al.</i> , (2015)
8	<i>Lutjanus carponotatus</i>	27	Philippines	OQ387079.1	Bemis <i>et al.</i> , (2023)
9	<i>Lutjanus decussatus</i>	24	Philippines	OQ387552.1	Bemis <i>et al.</i> , (2023)
10	<i>Lutjanus dodecakanthoides</i>	9	Philippines	OQ387329.1	Bemis <i>et al.</i> , (2023)
11	<i>Lutjanus ehrenbergii</i>	115	Indonesia	MN870357.1	Limmon <i>et al.</i> , (2019)
12	<i>Lutjanus fulviflamma</i>	85	Philippines	OQ386577.1	Bemis <i>et al.</i> , (2023)
13	<i>Lutjanus fulvus</i>	53	Philippines	OQ387604.1	Bemis <i>et al.</i> , (2023)

No	Spesies	Jumlah Individu	Lokasi	Accesion Number	Referensi
14	<i>Lutjanus gibbus</i>	50	Philippines	OQ387116.1	Bemis et al., (2023)
15	<i>Lutjanus johnii</i>	65	Philippines	OR524474.1	Nanola et al, (2023)
16	<i>Lutjanus kasmira</i>	202	Mauritius	MT888984.1	Curpen et al., (2020)
17	<i>Lutjanus lemniscatus</i>	13	Australia	KC130850.1	Allen et al., (2012)
18	<i>Lutjanus lunulatus</i>	7	Indonesia	HQ564317.1	International Barcode of Life (iBOL), (2010)
19	<i>Lutjanus lutjanus</i>	80	Philippines	OR524475.1	Nanola et al., (2023)
20	<i>Lutjanus malabaricus</i>	35	Philippines	KF009618.1	Yambot et al., (2013)
21	<i>Lutjanus monostigma</i>	28	Philippines	OQ387354.1	Bemis et al., (2023)
22	<i>Lutjanus papuensis</i>	2	Indonesia	JN311961.1	International Barcode of Life (iBOL) 2010
23	<i>Lutjanus quinquelineatus</i>	25	Philippines	OQ387518.1	Bemis et al., (2023)
24	<i>Lutjanus rivulatus</i>	33	Philippines	OQ387821.1	Bemis et al., (2023)
25	<i>Lutjanus rufolineatus</i>	15	Philippines	OQ387137.1	Bemis et al., (2023)
26	<i>Lutjanus russellii</i>	151	Philippines	OQ387794.1	Bemis et al., (2023)
27	<i>Lutjanus sebae</i>	27	Philippines	OR524479.1	Nanola et al, (2023)
28	<i>Lutjanus timoriensis</i>	10	Philippines	OQ387106.1	Bemis et al., (2023)
29	<i>Lutjanus vitta</i>	82	Philippines	LC502569.1	Muto & Kakioka (2019)
30	<i>Lutjanus xanthopinnis</i>	23	Japan	LC071439.1	Iwatsuki et al., (2015)

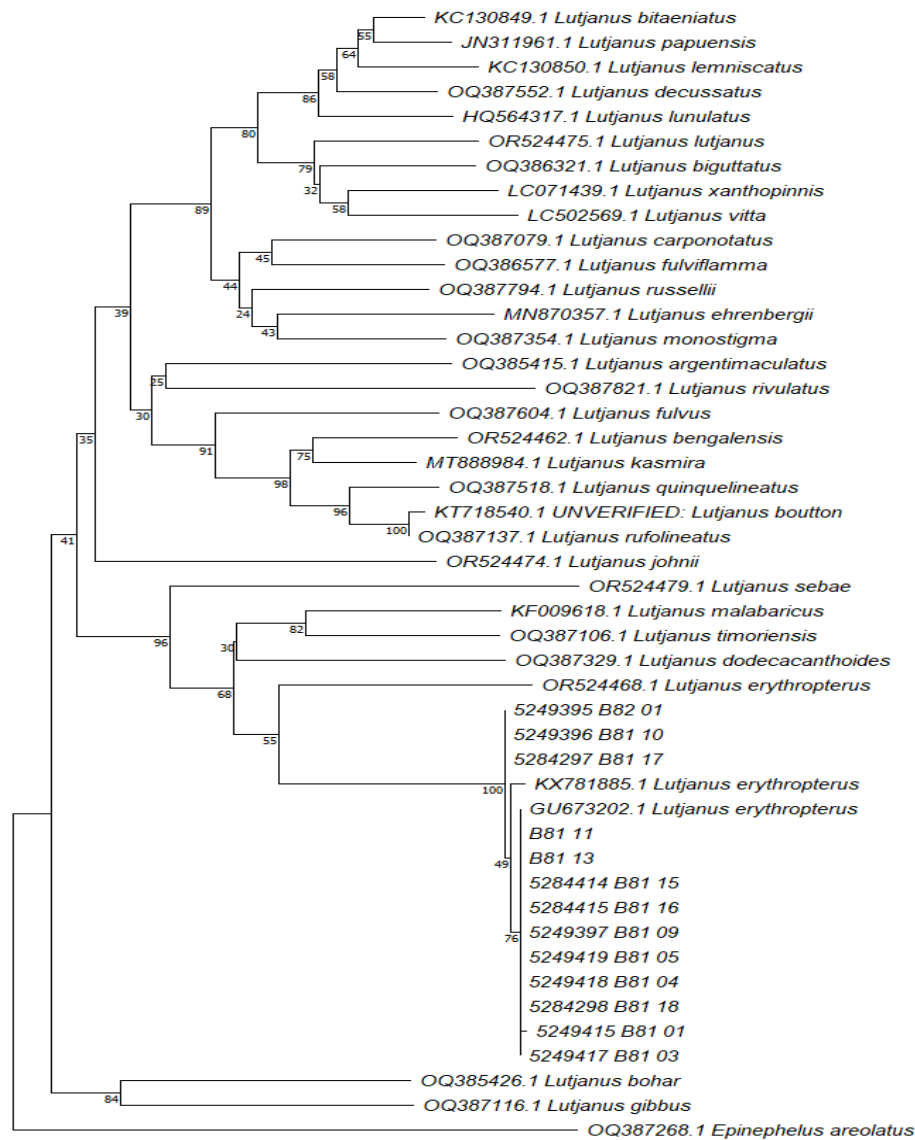
Rekonstruksi pohon filogenetik menghasilkan tiga *clade* utama, dengan nilai *bootstrap* berkisar antara 35-96%. Setiap dari *clade* tersebut terdiri atas keturunan nenek moyang yang sama. *Clade* pertama terdiri atas 22 spesies yakni *L. bitaeniatus*, *L. papuensis*, *L. lemniscatus*, *L. decussatus*, *L. lunulatus*, *L. lutjanus*, *L. biguttatus*, *L. xanthopinnis*, *L. vitta*, *L. carponotatus*, *L. fulviflamma*, *L. russellii*, *L. ehrenbergii*, *L. monostigma*, *L. argentimaculatus*, *L. rivulatus*, *L. fulvus*, *L. bengalensis*, *L. kasmira*, *L. quinquelineatus*, *L. boutton*, *L. rufolineatus*, *L. johnii*, dengan nilai *bootstrap* 36%. Spesies tersebut disatukan oleh banyaknya sekuens yang mempunyai kemiripan yang sama, namun spesies ini memiliki nilai *bootstrap* yang rendah. Nilai *bootstrap* menggambarkan persentase keakuratan atau interval kepercayaan dari cabang-cabang yang terbentuk. Rentang nilai *bootstrap* antara 70-100% menunjukkan bahwa peluang dari perubahan *clade* rendah, besarnya nilai *bootstrap* serta letak garis yang sejajar membuat keduanya berkerabat dekat (Rosidiani et al., 2013).

Tingkat evolusi setiap spesies dapat dilihat dari panjang pendeknya cabang kladogram. Garis yang semakin panjang menunjukkan jarak evolusi semakin jauh sedangkan garis yang lebih pendek menunjukkan dekatnya jarak evolusi suatu spesies (Fitmawati et al., 2013). Cabang filogenetik lebih panjang menunjukkan bahwa individu/spesies tersebut memiliki sejarah evolusi yang sangat lama, sedangkan cabang lebih pendek menunjukkan bahwa spesies tersebut relatif muda

dan proses evolusinya sangat singkat (Anafarida & Badruzsaufari 2020).

Nilai *bootstrap* dengan akurasi tertinggi terdapat pada *clade* 2 dengan nilai 95%. *Clade* kedua terdiri dari 5 spesies dsri 20 individu yakni *L. sebae*, *L. malabaricus*, *L. timoriensis*, *L. dodecacanthoides*, *L. erythropterus*, B82 01, B81 17, B81 10, *L. erythropterus*, *L. erythropterus*, B81 13, B81 11, B81 15, B81 16, B81 09, B81 05, B81 04, B81 18, B81 03, B81 01. Spesies *L. erythropterus* perairan Kaimana tergabung dalam 1 *clade* yang sama dengan spesies *L. erythropterus* yang ada di perairan Australia. Hal ini diduga terjadi karena secara geologis, Pulau Papua dan Australia sejatinya berasal dari satu paparan Sahul.

Secara morfologi *L. timoriensis*, *L. malabaricus* dan *L. erythropterus* tampak sangat mirip. Individu muda dari ketiga spesies tersebut memiliki garis-garis horizontal pada tubuh mereka dan pelana hitam yang menonjol dengan tepi putih di sepanjang pangkal ekor (Pranata et al., 2024), *L. sebae* secara morfologi ikan ini yang mulutnya terminal, berwarna merah tua warna, dan bentuk tubuhnya mirip dengan *L. erythropterus* yaitu berbentuk bulat memanjang, sirip ekornya *Lutjanus papuensis* dominan dengan warna merah. Hasil ini serupa dengan penelitian Sala et al. (2023) melakukan penelitian filogenetik ikan kakap merah dan menemukan bahwa *L. erythropterus* dan *L. malabaricus* berada dalam 1 *clade* yang sama. *Clade* ketiga terdiri dari 2 spesies yakni *L. bohar*, *L. gibbus* dengan nilai *bootstrap* 84%.



Gambar 2. Rekonstruksi pohon filogenetik dibangun dari genus *Lutjanus*, sampel penelitian ini (B81.01, B81.03, B81.04, B81.05, B81.09, B81.10, B81.11, B81.13, B81.15, B81.16, B81.17, B81.18, B82.01), *Epinephelus areolatus* adalah outgroup.

Kesimpulan

Hasil penelitian menunjukkan bahwa ada perbedaan genetik antar individu ikan kakap merah (*L. erythropterus*) di Kaimana. Hal ini ditunjukkan oleh karakter molekuler terkait komposisi nukleotida adenin dan guanin sampel B81.01, komposisi kodon UCU(G) Serine memiliki presentase tertinggi sebesar 13.8% dan presentase RSCU sebesar 2.38%. Seluruh sampel *L. erythropterus* memiliki 3 haplotipe yaitu 2 haplotipe universal dan 1 haplotipe spesifik. *L. erythropterus* Kaimana memiliki nilai keragaman haplotipe (hd) sebesar 0,50000, dan nilai keragaman nukleotida (π) 0,00091. Jarak genetik 13 individu *L. erythropterus* berkisar

0,000 hingga 0,005, yang mengindikasikan jarak genetik yang rendah antar individu. Seluruh sampel *L. erythropterus* Kaimana mengelompok dalam satu clade bersama dua sampel dari Australia. Hasil ini menunjukkan adanya hubungan kekerabatan yang kuat antar spesies dari kedua wilayah.

Ucapan Terima kasih

Terima kasih disampaikan kepada Kementerian Pendidikan, Kebudayaan, Riset dan Teknologi Republik Indonesia. Penelitian ini didanai oleh Direktorat Riset, Teknologi, dan Pengabdian kepada Masyarakat, Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi, Riset dan Teknologi, Kementerian Pendidikan,

Kebudayaan, Riset dan Teknologi Republik Indonesia dengan kontrak penelitian No. 076/E5/PG.02.00.PL/2024 (11 Juni 2024) dan kontrak turunan No. SP-43/UN42.15/PG/2024 (14 Juni 2024).

Referensi

- Akbar, N., Zamani, N. P., & Maduppa H. H., (2014). Keragaman Genetik Ikan Tuna Sirip Kuning (*Thunus albacares*) dari dua Populasi di Laut Maluku Indonesia. *Depik*, 3(1): 65-73.
- Allen, G. R., White, W. T. & Erdmann, M. V. (2012) *Journal Marine and Atmospheric Research*, CSIRO, Salamanca Place, Hobart, Tasmania 7001, Australia.
- Anafarida, O., & Badruzsaufari, B. (2020). Analisis Filogenetik Mangga (*Mangifera Spp.*) Berdasarkan Gen 5, 8s Rrna. *Ziraa'ah Majalah Ilmiah Pertanian*, 45(2), 120-126.
- Ault J. S, Smith SG., Bohnsack J. A., Luo J., Stevens MH., DiNardo GT., Johnson M. W., & Bryan D. R. (2019). Length-Based Risk Analysis for Assessing Sustainability of Data-Limited Tropical Reef Fisheries. *ICES Journal of Marine Science*. 76(1): 165-180.
- Bemis, K. E., Girard, M. G., Santos, M. D., Carpenter, K. E., Deeds, J. R., Pitassy, D.E., Flores, Na. L., Hunter, E. S., Driskell, A.C., Macdonald, K. S., Weigt, L. A. & Williams, J. T. (2023). *Journal National Systematics Laboratory, NOAA Fisheries, 10th St and Constitution Ave, N. W., Washington, D. C. 20560, United States* FEATURES Location/Qualifiers.
- Bramasta, R. C., Faiqoh, E., Hendrawan, I. G., Sembiring, A., & Yusmalinda, N. L. A. (2021). Identifikasi Hiu yang Diperdagangkan di Bali Menggunakan Metode DNA Barcoding dan Analisis Filogenetik. *Journal of Marine and Aquatic Sciences*, 7(1), 84-93.
- Chen, W., Yang, H., Feng, P., Ding, H., & Lin, H. (2017). Identifying DNA N 4 -methylcytosine sites based on nucleotide chemical properties. *Bioinformatics*, 33(22), 3518–3523.
- Curpen, S., Dumur Neelayya, D., Bacha Gian,S., Bhooroo,V. & Moothien Pillay,R. (2020). *Journal Submitted Biological Oceanography, Mauritius Oceanography Institute, Morcellement De Chazal, Avenue des Anchois, Albion, Albion 91005, Mauritius.*
- Dailami, M., Yuniarti, A., Saleky, D., & Toha, A. H. A. (2024). Identifikasi Genetik Ikan Gabus Asal Merauke Dengan Menggunakan Fragmen Gen Sitokrom Oksidase Sub Unit I. *Bioscientist. Jurnal Ilmiah Biologi*. 12(1), 1252–1262.
- Dailami, M., Santi, D., Murtihapsari., Abubakar H., & Toha, A.H.A. (2018). Analisis Genetik Fragmen Gen Sitokrom Oksidase Sub Unit 1 dari *Cirrhilabrus cf. ryukyuensis* Ishikawa 1904 (Labridae) asal Teluk Cendrawasi dan Raja Ampat. *Jurnal Ikhtologi Indonnesia*, 18(3): 209-222.
- Dash, S.S., Golive, P., Parameswaran, C., Rath, P.C., Chatterjee, H., Mukherjee, A.K., Tripathy, P.S., Nayak, A.K., Mohapatra, S., Behera, B.K. and Mohapatra, S.D., (2025). Genetic diversity and population structure of *Cnaphalocrocis medinalis* across India and South Asia: Insights from COI and ITS2 gene analyses. *Current Research in Biotechnology*, p.100281.<https://doi.org/10.1016/j.crbiot.2025.100281>
- Fang, D.A., He, M., Ren, Y.F., Luo, H., Zhou, Y.F., Jiang, S.L. and You, Y., (2022). Assessment of genetic diversity of the Salangid, *Neosalanx taihuensis*, based on the mitochondrial COI gene in different Chinese river basins. *Biology*, 11(7), p.968.
<https://doi.org/10.3390/biology11070968>
- Fitmawati, A. Swita, N. Sofyanti dan Herma. (2013). Analisis kekerabatan morfologi mangifera dari sumatera tengah. *Floribunda*. 4 (7): 169-174.
- Froese, R., & Pauly, D. (2025). *FishBase (version Feb 2018)*. In O. Bánki, Y. Roskov, M. Döring, G. Ower, D. R. Hernández Robles, C. A. Plata Corredor, T. Stjernaard Jeppesen, A. Örn, T. Pape, D. Hobern, S. Garnett, H. Little, R. E. DeWalt, K. Ma, J. Miller, T. Orrell, R. Aalbu, J. Abbott, R. Adlard, et al., *Catalogue of Life (Version 2025-03-14)*. *Catalogue of Life*, Amsterdam, Netherlands.
<https://doi.org/10.48580/dgjc7-37v>
- González V.J.L., (2005). Nucleotide enhancement of diets, fish reproduction and egg quality (Doctoral dissertation, The Open University).

- Hendiari I.G.A.D., Sartimbul A., Arthana I.W., Karika GRA. (2020). Keragaman genetik ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) di wilayah perairan Indonesia. *Acta Aquatica: Aquatic Sciences Journal* 7 (1): 28-36.
- Hoban, S., Bruford M.W., DaSilva J.M., W. Funk W.C., Frankham R., Gill M.J., Grueber C.E., et al. (2023). Genetic Diversity Goals and Targets Have Improved, but Remain Insufficient for Clear Implementation of the Post-2020 Global Biodiversity Framework. *Conservation Genetics* 24 (2): 181–91. DOI: 10.1007/s10592-022-01492-0
- Hoban S., Catriona D.C., Jessica M.dS., Robert E., W. Chris Funk, Brittany A.G., José A.G., et al. (2021). Genetic Diversity Is Considered Important but Interpreted Narrowly in Country Reports to the Convention on Biological Diversity: Current Actions and Indicators Are Insufficient. *Biological Conservation* 261: 109233. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2021.109233>
- Hollingsworth, P. M., D. O'Brien, R. A. Ennos, A. Ahrends, K. T. Ballingall, R. W. Brooker, T. Burke, et al. (2020). Scotland's Biodiversity Progress to 2020 Aichi Targets: Aichi Target 13 - Genetic Diversity Maintained - Supplementary Report 2020. Inverness: Scottish Natural Heritage.
- Ikeda Y., Hirayama A., Kofuji S., Hirota Y., Kamata R., Osaka N., Fujii Y., Sasaki M., Ikeda S., Smith E.P., Bachoo R., Soga T., Sasaki A.T. (2021). SI-MOIRAI: a new method to identify and quantify the metabolic fate of nucleotides. *The Journal of Biochemistry* 170 (6): 699–711, <https://doi.org/10.1093/jb/mvab077>
- International Barcode of Life (iBOL) (2010). Journal Biodiversity Institute of Ontario, University of Guelph, 50 Stone Rd West, Guelph, Ontario N1G2W1, Canada.
- Iwatsuki, Y., Tanaka, F. & Allen, G.R. (2015). Journal Contact:Fumiya Tanaka University of Miyazaki, Faculty of Agriculture; 1-1 Gakuen-kibanadai-nishi, Miyazaki, Miyazaki 889-2192, Japan.
- Jayasinghe GDTM, Jinadasa BKKK, Kithiri HMP. (2018). Determination of the amino acids and fatty acids composition of Blubberlip snapper (*Lutjanus rivulatus*). *Open Science Journal of Analytical Chemistry*. 3(2): 23–27.
- Kardos, M., Armstrong E.E., Fitzpatrick S.W., Hauser S., Hedrick P.W., Miller J.M., Tallmon D.A., Funk WC. (2021). The Crucial Role of Genome-Wide Genetic Variation in Conservation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 118 (48). <https://doi.org/10.1073/pnas.2104642118>.
- Kusuma, R. O., Dadiono, M. S., Kusuma, B., & Syakuri, M. (2021). Keragaman Genetik Ikan Uceng (*Nemacheilus*) di Sungai Wilayah Banyumas Berdasar Sekuen Gen *Cytochrome Oxidase* Subunit I (COI). *Jurnal Perikanan Universitas Gadjah Mada*. 23 (2): 89-94.
- Liang R., Zhou M., Lin Z., Li G., Chen Y., Lin X., Wu Z. (2019). Complete Mitochondrial Genomes of Two Oriental Sweetlips, *Plectorhinchus orientalis* and *Plectorhinchus vittatus* (Perciformes: Haemulidae) with the Molecular Analysis on their Synonym Controversies. *Pakistan J. Zoological* 51(3): 871-885. DOI: <http://dx.doi.org/10.17582/journal.pjz/2019.51.3.871.88>
- Limmon, G., Delrieu-Trottin, E., Patikawa, J., Rijoly, F., Dahruddin, H., Busson, F., Steinke, D. & Hubert, N. (2020). Assessing species diversity of Coral Triangle artisanal fisheries: A DNA barcode reference library for the shore fishes retailed at Ambon harbor (Indonesia). *Journal Ecol Evol* 10 (7), 3356-3366
- Lin, H. Y., Shih, Y. M., Chiu, M.Y., Chen, I. S., Li, M. A. & Shao, K.-T. (2015). Species compositions and assemblages of ichthyoplankton in the East China Sea and relationship between biological and environmental variables. Submitted (08-SEP-2015) Biodiversity Research Center, Academia Sinica, 128 Academia Road, Section 2, Nankang, Taipei, Taiwan 11529, R.O.C.
- Maiseka, S. J. S., & Arisuryanti, D T., (2024). Komposisi Nukleotida Gen Mitokondria D-Loop Ikan Glodok (*Periophthalmus argentilineatus Valenciennes, 1837*) Dari Pantai Baros Bantul, D.I. Yogyakarta. *Berkala Ilmiah Biologi*, 15 (3): 177-182.
- Mitchell A., Rothbart A., Frankham, G., Johnson R.N., Neaves L.E. (2019). Could do better! A high school market survey of fish

- labelling in Sydney, Australia, using DNA barcodes. *PeerJ* 7, e7138.
- Mukae K, Takei O, Imai F, Kamijo T. (2023). Development of RNA/DNA automated extraction and purification device for infectious disease diagnosis. *Practical Laboratory Medicine*, 37: e00335. DOI:10.1016/j.plabm.2023.e00335.
- Mukhopadhyay, T. & Bhattacharjee, S., (2016). Genetic diversity: Importance and measurements. Conserving biological diversity: A multiscaled approach. *New Delhi, India: Research India Publications*, pp.251-295.
- Muliani, D. R., Yulianda, F., & Butet, N. A. (2020). Karakteristik gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) tiram daging dari genus *Crassostrea* sebagai identitas jenis di Delta Cimanuk, Jawa Barat. *Jurnal Moluska Indonesia*, 4(1), 8–16.
- Muto, N., Kakioka, R., Nguyen, Q.V., Vilasri, V., Ghaffar, M.A., Alama, U.B., Babaran,R.P., Takeshima,H., Muto,F., Motomura,H. and Ishikawa,S. (2019). Comparative phylogeography of coastal fishes in the South China Sea. Unpublished. Submitted (26-SEP-2019) Contact:Nozomu Muto *Tokai University, School of Biological Sciences; Minami-ku, Minamisawa 5-1-1-1, Sapporo, Hokkaido 005-8601, Japan.*
- Nanola, C. L., Fortaleza, M. A., Labrador, K. L., Lanutan, J., Consuegra, J. M., Del fierro,Jel.F., Bacus,M.G., Sobradil,R.B., Eballe, A. C., & Gumanao, G. S. (2023). Journal Department of Biological Sciences and Environmental Studies, University of the Philippines Mindanao, CSM Road, Davao City, Davao del Sur 8022, Philippines.
- Nei, M. (1972). Chapter 9: Genetic Distance Between Populations. *The American Naturalist*, 106(949), 283–292.
- Pusdatin KKP. (2023). Produksi Perikanan Tangkap Laut Kementerian Kelautan dan Perikanan.
- Pranata, B., Sala, R., Kusuma A. B., Purbani D. C., Mokodongan D. F., Sipriyadi., & Azhar M. I. (2024). Morphological Characteristics and Genetic Relationship of Red Snappers (*Lutjanus timoriensis*, *Lutjanus malabaricus*, *Lutjanus erythropterus*) in Papuan Waters. *Indonesian Journal of Marine Sciences*, 29(2):191-200.
- Putra M. D. H., Putri R. M. S., Oktavia, Y., & Ilhamdy, A.F. (2020). Karakteristik Asam Amino Dan Asam Lemak Bekasam Kerang Bulu (*Anadara antiquate*) Di Desa Benan Kabupaten Lingga. *Marinade*. 03(02): 159-16
- Rahmah M., Hasibuan A.R.W, Melia T., Al Khairi H., & Roslim D.I. (2024). DNA Barcoding Analysis of Betok Fish (*Anabas testudineus*) from Kampar, Riau Based on Cytochrome Oxidase Subunit I (COI). *Jurnal Biologi Tropis*, 24 (2): 921 – 927. DOI: <http://doi.org/10.29303/jbt.v24i2.7121>
- Ratnawati, P., Simatupang, N.F., Pong-Masak, P.R., Paul, N.A. and Zuccarello, G.C., (2020). Genetic diversity analysis of cultivated *Kappaphycus* in Indonesian seaweed farms using COI gene. *Squalen Bulletin of Marine and Fisheries Postharvest and Biotechnology*, 15(2), pp.65-72. <https://doi.org/10.15578/squalen.v15i2.466>
- Rosdiani E.P., Arumingtyas E.L., Azrianingsih R. (2013). Analisis variasi genetik *amorphophallus muelleri* blume dari berbagai populasi di Jawa Timur berdasarkan sekuen intron trnL. *Floribunda* 4(6): 129-137.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., & Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular biology and evolution*, 34(12), 3299-3302.
- Russell, B., Smith-Vaniz, W.F., Lawrence, A., Carpenter, K.E. & Myers, R. (2016). *Lutjanus gibbus*. *The IUCN Red List of Threatened Species*: e.T194385A2328128.
- Saher, N.U., Naz, F., Noor, S.H. and Kamal, M., (2021). Genetic diversity evaluated through mt-DNA COI gene among population of the *Thenus unimaculatus* in the Indo West Pacific region. *Thalassas: An International Journal of Marine Sciences*, 37, pp.393-401. <https://doi.org/10.1007/s41208-020-00279-9>
- Sala, R., Kusuma, B. A., & Pranata, B. (2023). Filogenetik Ikan Kakap Merah (*Lutjanidae*) di Perairan Pulau Yapen

- Papua Indonesia. *Biodiversitas* 24(2); 716-723.
- Shaffer, H.B., Toffelmier E., Corbett-Detig R.B., Escalona M., Erickson B., Fiedler P., Gold M., et al. (2022). Landscape Genomics to Enable Conservation Actions: The California Conservation Genomics Project. *The Journal of Heredity*, 113 (6): 577–88.
<https://doi.org/10.1093/jhered/esac020>
- 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.
- Stange, M., Barrett, R.D.H. & Hendry, A.P. (2021). The importance of genomic variation for biodiversity, ecosystems and people. *Nature Reviews Genetics* 22, 89–105. <https://doi.org/10.1038/s41576-020-00288-7>
- Toha, A.H.A. (2001). *Deoxyribo Nucleic Acid. Keanekaragaman, Ekspresi, Rekayasa dan Efek Pemanfaatannya*. Bandung: ALFABETA
- Wahyuningsih, W., Prihatiningsih, P., & Ernawati, T. (2016). Parameter populasi ikan kakap merah (*Lutjanus malabaricus*) di Perairan Laut Jawa bagian timur. *BAWAL Widya Riset Perikanan Tangkap*, 5(3), 175 -179.
- 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(1), 1847-1857.
- Wathon, S., Astikaningrum, D., Ardyah, N.P.C., Oktarianti, R., & Senjarini, K. (2023). In silico exploration of the potential barcode DNA in *Anopheles* sp., a malarian vector from Indonesia. *Jurnal Biolokus: Jurnal Penelitian Pendidikan Biologi dan Biologi*, 6(1): 96-110. <https://doi.org/10.30821/biolokus.v6i1.1749>
- Widyawati, Y. (2017). *Variasi Genetik Ikan Kakap Merah (Lutjanus erythropterus) Sebagai Potensi Induk*. Skripsi. Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan. Universitas Brawijaya Malang.
- Yambot ,A.V., Rafael, M.J.R. & Alcantara, S.G. (2013). *Journal Molecular Biology and Biotechnology Laboratory-College of Fisheries, Central Luzon State University, Maharlika Highway, Science City of Munoz, Nueva Ecija 3120, Philippines*.
- Yuliani, Y., Yuniaty, A., & Susanto, H. (2017). Amplified variations of DNA sequences using Atpb-Rbcl primers on some peanut cultivars. *Scripta Biology*, 4(1), 11–14.