

# Identifikasi Spesies Ikan Laut Menggunakan Teknik *DNA Barcoding*

(*Identification of Marine Fish Species Using DNA Barcoding Techniques*)

**Kharisma Ayu Zeina Halisah<sup>1</sup>, Andira Fitri<sup>2</sup>, Sherina Natalia Irianto<sup>3</sup>, Melvie Aulya<sup>4</sup>,  
Bima Sakti<sup>5</sup>, Sanrina<sup>6</sup>, Prima Harmadi<sup>7</sup>, Netty Sukma S. Maha<sup>8</sup>, Ni Kadek Dita  
Cahyani<sup>4\*</sup>**

<sup>1</sup>Indonesian Marine Education and Research Organisation (MERO Foundation), Kabupaten Karangasem, Bali

<sup>2</sup>Jurusan Perikanan dan Kelautan, Fakultas Pertanian, Universitas Malikussaleh, Aceh, Indonesia

<sup>3</sup>Jurusan Sosial Ekonomi Perikanan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Brawijaya, Kediri, Indonesia

<sup>4</sup>Departemen Biologi, Fakultas Sains dan Matematika, Universitas Diponegoro, Semarang, Indonesia

<sup>5</sup>Jurusan Perikanan Akuakultur, Fakultas Perikanan, Universitas Dharmawangsa, Medan, Indonesia

<sup>6</sup>Jurusan Bioteknologi, Fakultas Ilmu dan Teknologi Hayati, Universitas Teknologi Sumbawa, Sumbawa, Indonesia

<sup>7</sup>Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember, Jember, Indonesia

<sup>8</sup>Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan Fakultas Kelautan dan Perikanan Universitas Udayana, Bali, Indonesia

\*Penulis Korespondensi: nkdcayani@gmail.com

## Abstract

Biodiversity research, especially marine biodiversity in Indonesia, is one of the crucial research topics. This is due to Indonesia's high biodiversity which requires supporting research, such as species identification, population status, and also genetic stock using a molecular approach. This research was conducted from May to August 2023. A total of six individual samples were collected from three locations in Karangasem Regency, Bali, namely Amed, Batu Dawa, and Batuniti. This research aims to report the results of activities carried out with the theme of identifying fish species using a molecular approach. DNA replication was carried out using the Polymerase Chain Reaction (PCR) method targeting the COI (Cytochrome Oxidase Subunit I) gene. The types of fish obtained included four individuals of tuna (*Auxis rochei*), one pompano (*Caranx sp.*), and one keel-jawed needlefish (*Tylosurus acus*). The analysis results show that all samples are closely related to the NCBI comparison results, namely *Auxis rochei*, *Caranx sexfasciatus*, and *Tylosurus acus* with similarity percentage values ranging from 98-100%.

Keywords: *Biodiversity, DNA Barcoding, marine fishes, Tulamben, MBKM*

## Abstrak

Penelitian biodiversitas, terutama di bidang kelautan di Indonesia menjadi hal yang sangat penting. Ini dikarenakan tingginya keragaman hayati Indonesia yang memerlukan penelitian-penelitian pendukung, seperti identifikasi spesies, status populasi, dan juga stok genetik dengan pendekatan molekuler. Penelitian ini dilakukan pada bulan Mei sampai Agustus 2023. Sebanyak enam individu sampel dikoleksi dari tiga lokasi di Kabupaten Karangasem, Bali, yaitu Amed, Batu Dawa, dan Batuniti. Penelitian ini bertujuan untuk melaporkan hasil kegiatan yang dilakukan dengan mengambil tema identifikasi spesies ikan dengan pendekatan molekuler. Perbanyak DNA dilakukan dengan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan target gen COI (*Cytochrome Oxidase Subunit I*). Jenis ikan yang didapatkan meliputi empat individu ikan tongkol (*Auxis rochei*), satu ikan kuwe (*Caranx sp.*), dan satu ikan cucut (*Tylosurus acus*). Hasil analisis menunjukkan bahwa seluruh sampel memiliki kemiripan dekat terhadap hasil perbandingan NCBI yaitu *Auxis rochei*, *Caranx sexfasciatus*, dan *Tylosurus acus* dengan nilai persentase kesamaan berkisar antara 98-100%.

Kata kunci: *Biodiversitas, DNA Barcoding, Ikan laut, Tulamben, MBKM*

## PENDAHULUAN

Tingginya keragaman hayati Indonesia memerlukan pendataan yang berkesinambungan

dan penelitian-penelitian pendukung seperti status populasi, kesesuaian habitat, serta pendekatan molekuler untuk identifikasi spesies. Sebagai

salah satu negara yang menjadi bagian dari the Coral Triangle, Indonesia memiliki lebih dari 590 jenis karang (Suharsono 2008), lebih dari 3000 jenis ikan (Suwelo 2005) dengan tingginya spesies endemik serta spesies yang belum diidentifikasi. Ini menyebabkan penelitian-penelitian dasar tentang penilaian keanekaragaman hayati Indonesia menjadi sesuatu yang sangat penting.

Salah satu pendekatan yang dapat digunakan dalam pendataan biodiversitas laut di Indonesia adalah teknik molekuler (Jompa et al 2019). Metode ini menawarkan pendekatan yang lebih akurat, terutama dalam menilai organisme kriptik, yaitu yang memiliki morfologi sama, tetapi species berbeda, ataupun sebaliknya. Teknik molekuler berusaha mengidentifikasi spesies melalui penanda genetiknya yang berbeda antara taksa satu dengan lainnya. Hal ini tentunya sangat baik untuk mendukung data morfologi, dimana data molekuler dapat menjadi pelengkap identifikasi secara morfologi.

Data molekuler dengan menggunakan sekuen pendek dari DNA sebagai penentu jenis, dikenal dengan nama DNA *Barcoding* (Rahayu dan Jannah 2019). DNA *barcoding* dapat digunakan untuk mengkarakteristik spesies menggunakan susunan basa DNA yang unik pada setiap kelompok taksa. Data-data molekuler yang didapatkan dari penelitian DNA *barcoding*, tidak hanya membantu identifikasi spesies, tetapi juga dapat menjadi data dasar (*baseline*), bagi penelitian-penelitian lainnya, seperti misalnya penilaian kondisi suatu ekosistem menggunakan pendekatan *Environmental DNA* (eDNA) (Marfuah et al 2021).

Daerah Tulamben dan Amed berada di Kabupaten Karangasem, Provinsi Bali dan terkenal sebagai daerah yang memiliki potensi bawah air yang menakjubkan. Kedua daerah ini juga merupakan daerah dengan pertanian lahan kering dan sangat bergantung pada industry pariwisata (Subagiana dkk. 2019; Suardana dan Dewi, 2015). Selain pariwisata, masyarakat Tulamben dan Amed juga bermata pencaharian sebagai nelayan. Beberapa hasil tangkapan utama mereka adalah Tuna (*Euthynnus sp.*), ikan kembung (*Restrelliger kanagurta*), barracuda (*Sphyraena barracuda*) (Saputra dkk. 2021).

Kegiatan ini bertujuan memberikan keterampilan laboratorium terutama keterampilan molekuler kepada para peserta MBKM (Merdeka Belajar Kampus Merdeka). Untuk itu, penelitian

ini bertujuan untuk melaporkan hasil kegiatan yang dilakukan dengan mengambil tema identifikasi spesies ikan dengan pendekatan molekuler. Penelitian ini tidak hanya berusaha melaporkan apa yang telah dilakukan oleh para mahasiswa, tetapi juga menjadi sebuah tempat untuk mereka belajar menuliskan hasil penelitian mereka kedalam sebuah jurnal ilmiah.

## **BAHAN DAN METODE**

### **Waktu dan Tempat Kegiatan**

Salah satu program pendidikan yang dikembangkan di Indonesia adalah program MBKM. Program ini merupakan program dimana peserta didik diajak untuk belajar di luar kampus untuk bisa mempelajari skill baru sekaligus berinteraksi langsung dengan masyarakat (<https://pusatinformasi.mitrakm.kemdikbud.go.id>). Program MBKM memiliki delapan sub-program yang diantaranya yaitu MSIB (Magang dan Studi Independen Bersertifikat). MSIB ini dimaksudkan untuk memberikan ruang kepada mahasiswa sehingga bisa mendapatkan pengalaman dalam dunia kerja dan menciptakan tenaga kerja yang profesional. Selama kegiatan berlangsung, mahasiswa akan diberikan pengembangan *soft skills* oleh pihak mitra. Penelitian yang kami laporkan ini merupakan bagian dari kegiatan MBKM di MERO Foundation (<https://merofoundation.org/>) yang dilakukan mulai tanggal 16 Februari sampai tanggal 30 Juni 2023.

### **Pengumpulan Data di Lapangan**

Sebanyak enam individu sampel dikoleksi dari tiga lokasi di Kabupaten Karangasem, yaitu Amed (8°20'05.6"S 115°39'02.0"E), Batu Dawa (8°17'15.7"S 115°36'17.8"E), dan Batuniti (8°17'43.6"S 115°36'42.5"E) (Gambar 1). Setiap individu ikan difoto (Gambar 2) untuk melihat karakteristik morfologi sebelum dilakukan pengambilan sampel jaringan (Tabel 1). Sampel jaringan yang diambil adalah bagian sirip (*fin clips*) dengan cara dipotong menggunakan gunting steril kemudian disimpan dalam ethanol 96% (Ariyanti dkk. 2023; Joesidawati et al. 2023). Analisis molekuler dilakukan di Laboratorium MERO Foundation, Desa Tulamben, Karangasem, Bali dan Laboratorium Marine Diversity Project, Laboratorium Terpadu, Universitas Diponegoro, Semarang.

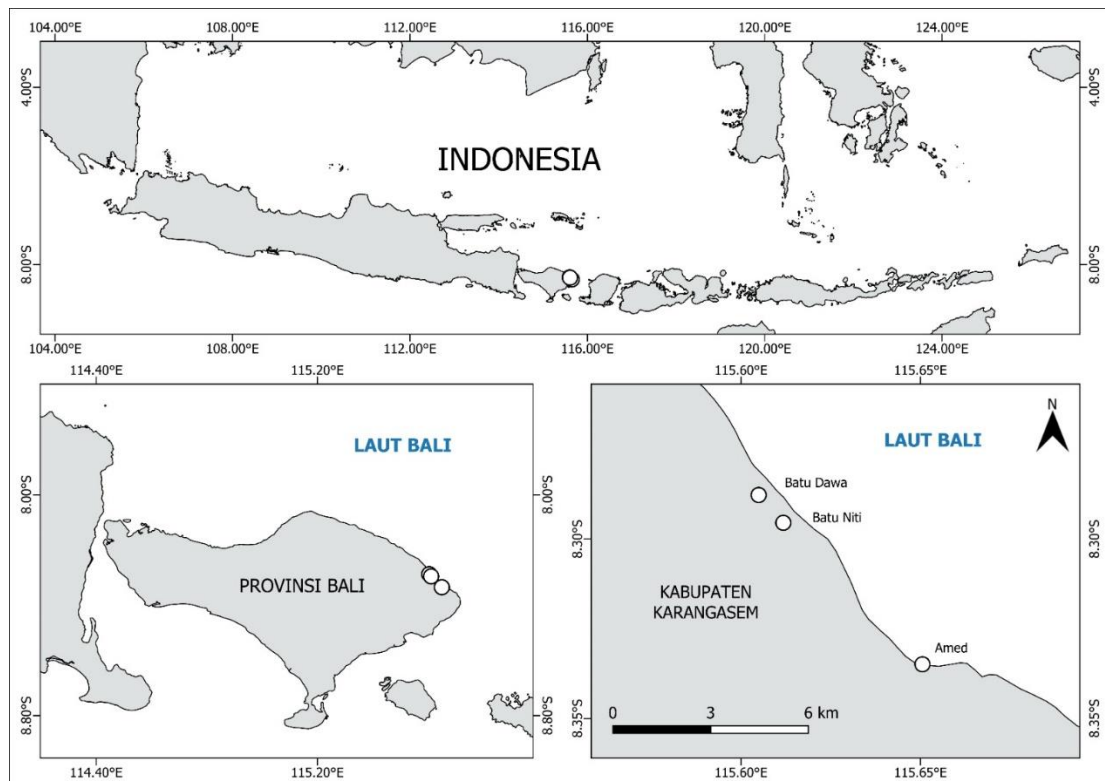
### Metode Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA dilakukan dengan metode resin Chelex 10% (Walsh et al., 1991; Aziz et al. 2023). Sebanyak  $\pm 2$  mm jaringan ikan (bagian sirip) diambil kemudian dimasukan ke dalam tube yang telah berisi resin Chelex 10% (Pertiwi et al. 2015; Ningsih et al. 2021). Sampel tersebut kemudian di vortex dan sentrifugasi. Setelah itu sampel diinkubasi selama 45 menit dengan suhu 95°C. Setelah diinkubasi, sampel kembali di vortex dan sentrifugasi lalu disimpan di suhu 4°C.

### Metode Perbanyakan DNA

Perbanyakan DNA dilakukan dengan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) atau Reaksi Berantai Polymerase (Ador et al. 2021). Primer yang digunakan yaitu jgLCO1490 (5'-TIT CIA CIA AYC AYA ARG AYA TTG G-3') dan

jgHCO2198 (5'-TAI ACY TCI GGR TGI CCR AAR AAY CA-3') (Geller et al. 2013) yang menarget gen COI (*Cytochrome Oxidase Subunit I*). Master mix PCR terdiri dari 9,25  $\mu$ l ddH<sub>2</sub>O; 1  $\mu$ l masing-masing primer jgLCO dan jgHCO; 12,5  $\mu$ l 2 $\times$  My Taq HS Red Mix PCR Master Mix; dan 1,25  $\mu$ l DNA template dengan total volume 25  $\mu$ l. Proses amplifikasi meliputi *pre-denaturation* pada suhu 95°C selama 4 menit; diikuti 40 siklus dari *denaturation* pada suhu 95°C selama 30 detik, *annealing* pada suhu 50°C selama 30 detik, *extension* pada suhu 72°C selama 1 menit, dan *final extension* pada suhu 72°C selama 10 menit. Pengecekan hasil PCR menggunakan gel electrophoresis dengan 1% agarose. Sekuensing dilakukan di *Sequencing Facility* dengan metode Sanger Sequencing.



**Gambar 1.** Peta lokasi pengambilan sample di Batu Dawa dan Batu Niti, Tulamben, serta Amed, Karangasem, Bali

### Analisis Data Molekuler

Sekuen depan dan belakang diedit dan disejajarkan menggunakan MEGA X (Kumar et al., 2018). Analisis hasil sekuens kemudian dibandingkan dengan data NCBI (*National Center for Biotechnology Information*; [www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)) dengan menggunakan

*Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST; <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Pohon filogenetik dibentuk menggunakan metode *Neighbor Joining Tree* dengan bootstrap 1000 di MEGA X (Kumar et al. 2018). Beberapa sekuens ditambahkan untuk melihat hubungan

kekerabatan antar spesies diantaranya adalah *Stolephorus commersonii* sebagai outgroup.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Ketiga lokasi sampling, Amed, Batu Dawa dan Batuniti terletak di area pariwisata bahari dimana masyarakat di daerah tersebut selain bermata pencaharian di bidang wisata dan pertanian, juga bermata pencaharian sebagai nelayan. Adapun ikan yang dominan diperoleh berdasarkan hasil tangkapan nelayan yakni ikan tongkol dan ikan tuna.

Berdasarkan penelitian yang dilakukan di laboratorium MERO Foundation, Tulamben, Bali, didapatkan enam individu sampel dari tiga lokasi di Kabupaten Karangasem, Bali. Sampel kemudian dianalisis di laboratorium dengan mengambil data berupa pengukuran morfometrik, meristik, molekuler serta pembuatan pohon filogenetika (*Phylogenetic Tree and Genetic Distance*).

### A. Data Morfologi

Hasil studi ini mendapatkan total enam sampel ikan dengan tiga jenis yang berbeda secara morfologi. Adapun jenis sampel ikan yang diteliti meliputi empat individu ikan tongkol (*Auxis rochei*), satu individu ikan kuwe (*Caranx* sp.), dan satu individu ikan cucut (*Tylosurus acus*). Selanjutnya, dilakukan pengamatan secara morfometrik dan meristik pada sampel sebelum sampel diproses ekstraksi DNA (Tabel 1).



**Gambar 2.** Dokumentasi sampel ikan dengan kode sampel (A) A.14.01; (B) A.14.02; (C) A.14.03; (D) A.14.04; (E) A.14.05; (F) A.14.06.

Secara umum, ikan tongkol (*Auxis rochei*) memiliki karakteristik badan yang berwarna putih dan abu-abu keperakan, sirip dorsal pertama dan kedua terletak secara terpisah, dan memiliki bentuk badan yang memanjang dan bulat (Dahlan dkk., 2019) memaparkan bahwa ikan tongkol (*Auxis rochei*) menyerupai lisong (cerutu) yang menjadikan sebagian besar masyarakat mengenali ikan ini sebagai ikan tongkol lisong dengan sirip pinna pectoralis tidak mencapai batas anterior tanpa sisik. ikan ini memiliki ukuran maksimal mencapai 50 cm, namun nelayan menyebutkan ukuran rata - rata yang tertangkap berkisar antara 15-20 cm

Ikan kuwe (*Caranx* sp.) memiliki morfologi sebagai berikut bentuk tubuh pipih, terdapat warna kuning pada bagian bawah tubuh, dan bentuk kepala tumpul (Maherung dkk., 2018). Ikan cucut (*Tylosurus acus*) memiliki morfologi yang paling berbeda, yaitu memiliki bentuk tubuh yang memanjang dengan bagian mulut runcing, memiliki jumlah sirip dorsal berkisar 24-27 ([www. https://fishbase.mnhn.fr/](http://www.fishbase.org)).

### B. Data Molekuler

Hasil BLAST pada keenam sampel yang didapatkan memperlihatkan hasil yang sesuai dengan morfologi. Sampel A.14.01; A.14.02; A.14.03; dan A.14.06 menunjukkan kemiripan terhadap *Auxis rochei* dengan persentase kesamaan sebesar 99,56%-100%. Sampel A.14.04 menunjukkan kemiripan terhadap *Caranx sexfasciatus* (99,56%) dan *Caranx melampygus* (99,41%), sedangkan sampel A.14.05 menunjukkan kemiripan terhadap *Thylosurus acus* dengan persentase kemiripan 98,83%.

Berdasarkan hasil pada Tabel 2 bahwa seluruh sampel (A.14.01; A.14.02; A.14.03; A.14.04; A.14.05; A.14.06) menunjukkan hasil kedekatan spesies yang sama dengan hasil perbandingan BLAST. Hal ini ditunjukkan dengan nilai Max Score dan Total Score yang sama; nilai *Query Cover* dan persentase kesamaan (*Per. Ident*) yang mendekati nilai 100%; dan nilai *E value* yaitu 0 (Putri dan Madduppa 2020). Nilai persentase kesamaan pada keseluruhan sampel yang berada pada rentang 98-100% menandakan seluruh sampel memiliki kesamaan spesies dengan hasil perbandingan BLAST (Bhattacharjee et al. 2012).

### C. Pohon Filogenetik dan Jarak Genetik

Pohon filogenetik dari keenam sampel dibuat dengan menggunakan pendekatan Neighbor Joining methods dan bootstraps 1000. Hubungan kekerabatan juga mengikutsertakan beberapa sequences yang memiliki kedekatan dengan enam sampel yang digunakan dalam sampel ini, yaitu *Tylosurus acus* (KC970513.1), *Caranx sexfasciatus* (MN795449.1), *Caranx melampygus* (NC\_004406.1), *Auxis rochei* (OM743319.1, MW232421.1, MH638682.1), dan

*Stolephorus commersonii* (KY944580.1) sebagai outgroup.

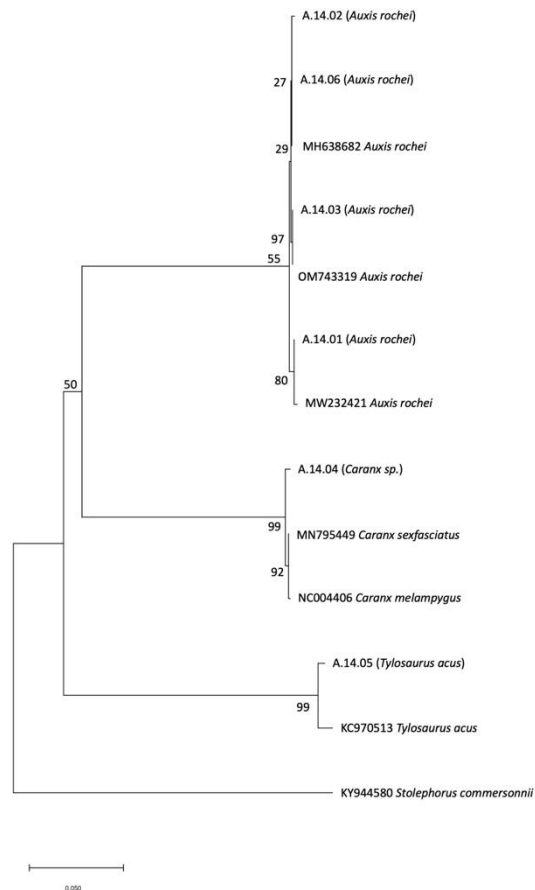
Berdasarkan pada Tabel 3 bahwa jarak kekerabatan pada sampel A.14.01 terhadap *Auxis rochei* (MW232421.1) yaitu sebesar 0,00148. Jarak kekerabatan sampel A.14.02 terhadap *Auxis rochei* (MH638682.1) yaitu 0,00150. Jarak kekerabatan sampel A.14.03 terhadap *Auxis rochei* (OM743319.1) yaitu 0,00150. Jarak kekerabatan sampel A.14.04 terhadap *Caranx sexfasciatus* (MN795449.1) yaitu 0,00445

**Tabel 1.** Hasil pengamatan morfologi enam individu ikan yang ditemukan pada penelitian ini.

Kode Sampel	A.14.01	A.14.02	A.14.03	A.14.04	A.14.05	A.14.06
Spesies	Tongkol	Tongkol	Tongkol	Kuwe	Cucut	Tongkol
<b>Pengamatan Morfometrik</b>						
Panjang Total (cm)	27,5	29	28	15,5	64,7	27
Panjang Cagak (cm)	27	27,5	26,5	13,5	61,5	26,8
Panjang Baku (cm)	25,5	26	25	12,4	59	25
Panjang Batang Ekor (cm)	5,5	5,5	5	1,5	1,2	5
Panjang Kepala (cm)	6,5	6,5	7	4	18,5	6,7
Panjang Kepala Depan Mata (cm)	1,5	1,7	1,5	0,1	12,6	1,5
Panjang Sirip Ekor (cm)	3,5	3,5	3,5	3	6	3,5
Panjang Sirip Anal (cm)	1,2	1,8	1,5	4	9,5	1,3
Panjang Sirip Dada (cm)	3,5	1	1,3	3,2	1,4	1
Panjang Sirip Perut (cm)	2	0,8	0,9	1,5	0,8	1
Panjang Sirip Punggung (cm)	3	3	2,7	7	12	3
Panjang Insang (cm)	3,5	3,6	3,5	1,4	3,5	3,5
Tinggi Batang Ekor (cm)	1	1,5	1,5	0,8	2	1
Tinggi sirip Dorsal (cm)	2,5	2,5	2,7	1,5	4	2,5
Lebar Badan (Body Depth) (cm)	8	8	7,2	4,8	6	7
Lebar Mata (cm)	1	1,1	1,1	1	1,7	1
<b>Pengamatan Meristik</b>						
Jumlah jari jari sirip Dorsal	10	10	9	20	26	10
Jumlah jari jari sirip Anal	11	10	13	17	22	12
Jumlah jari jari sirip Pectoral	42	44	42	34	34	44
Jumlah jari jari sirip Pelvic	15	10	24	25	36	36
Jumlah jari jari sirip Caudal	29	30	28	34	40	40
Jumlah sisik linear Lateralis	1	1	1	36	1	1
Jumlah sisik bagian atas garis rusuk	0	0	0	57	0	0
Jumlah sisik bagian bawah garis rusuk	0	0	0	31	0	0
Jumlah sisik pada garis rusuk	0	0	0	86	0	0
Jumlah sisik duri	0	0	0	32	0	0

**Tabel 2.** Hasil perbandingan dengan NCBI menggunakan program BLAST terhadap enam samples ikan dari Amed, Batu Dawa, dan Batuniti, Karangasem, Bali.

Kode Sampel	Spesies	Accession number	Max Score	Total Score	Query Cover	Per. Ident	E value
A.17.01	<i>Auxis rochei</i>	MW232421	1245	1245	99%	99,85%	0,0
A.17.02	<i>Auxis rochei</i>	MH638682	1230	1230	99%	99,56%	0,0
A.17.03	<i>Auxis rochei</i>	OM743319	1227	1227	99%	99,85%	0,0
A.17.04	<i>Caranx sexfasciatus</i>	MN795449	1234	1234	99%	99,56%	0,0
	<i>Caranx melampygus</i>	NC_004406	1230	1230	100%	99,41%	0,0
A.17.05	<i>Tylosurus acus</i>	KC970513	1219	1219	100%	98,83%	0,0
A.17.06	<i>Auxis rochei</i>	MH638682	1236	1236	98%	100%	0,0



**Gambar 3.** Pohon filogenetik dari enam individual ikan dari Amed, Batu Dawa dan Batuniti, Karangasem, Bali

**Tabel 3.** Jarak kekerabatan dari enam individual ikan dari Amed, Batu Dawa dan Batuniti, Karangasem, Bali serta tujuh sekuen yang diambil dari NCBI (National Center for Biotechnology Information; [www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)).

No	Kode Sampel	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	<b>A.14.05</b>													
2	<b>KC970513.1</b> ( <i>Tylosurus acus</i> )	0,01183												
3	<b>A.14.04</b>	0,25602	0,25061											
4	<b>MN795449.1</b> ( <i>Caranx sexfasciatus</i> )	0,25585	0,25045	0,00445										
5	<b>NC_004406.1</b> ( <i>Caranx melampygus</i> )	0,25314	0,25314	0,00593	0,00148									
6	<b>A.14.03</b>	0,25784	0,26651	0,22282	0,22031	0,22282								
7	<b>OM743319.1</b> ( <i>Auxis rochei</i> )	0,25842	0,26712	0,22582	0,22329	0,22582	0,00150							
8	<b>A.14.01</b>	0,26054	0,26634	0,22075	0,21861	0,22062	0,00451	0,00603						
9	<b>MW232421.1</b> ( <i>Auxis rochei</i> )	0,25775	0,26919	0,22368	0,22107	0,21861	0,00603	0,00755	0,00148					
10	<b>A.17.02</b>	0,25985	0,26839	0,22535	0,22282	0,22535	0,00300	0,00452	0,00451	0,00602				
11	<b>A.14.06</b>	0,26071	0,26652	0,21829	0,22133	0,22336	0,00150	0,00301	0,00445	0,00594	0,00150			
12	<b>MH638682.1</b> ( <i>Auxis rochei</i> )	0,26007	0,26591	0,22236	0,21985	0,22236	0,00150	0,00301	0,00300	0,00450	0,00150	0,00000		
13	<b>KY944580.1</b> ( <i>Stolephorus commersonii</i> )	0,33973	0,33226	0,32019	0,32353	0,32691	0,31261	0,31341	0,31960	0,32302	0,31597	0,31261	0,31261	



sedangkan terhadap *Caranx melampygus* (NC\_004406.1) yaitu 0,00593. Jarak kekerabatan sampel A.14.05 terhadap *Tylosurus acus* (KC970513.1) yaitu 0,01183. Jarak kekerabatan sampel A.14.06 terhadap *Auxis rochei* (MH638682.1) yaitu 0,00000.

Jarak genetik merupakan nilai yang dihitung dari perbedaan urutan basa nukleotida dari dua sekuen berbeda. Jarak genetic digunakan untuk menentukan kekerabatan antar species atau antar individu dalam spesies. Secara umum, gen COI memperlihatkan bahwa dua spesies dinyatakan berbeda jika memiliki jarak genetic lebih dari 3% (Bucklin *et al.*, 2011). Gen COI juga digunakan untuk membedakan 136 genus, 50 family, dan 12 ordo ikan komersial di Jawa dan Bali (Andriyono *et al.* 2020). Hasil penelitian ini memperlihatkan hasil yang mendukung hal di atas. Spesies yang sama memiliki jarak genetic lebih kecil dari 3% dengan menggunakan gen COI.

Teknik molekuler telah banyak digunakan dalam pendataan biodiversitas di Indonesia (Jompa *et al.*, 2019). Kekayaan alam Indonesia yang sangat tinggi menyebabkan masih banyaknya eksplorasi yang harus dilakukan, terutama untuk data molekuler bagi spesies kriptik ataupun spesies endemik. Teknik-teknik dasar seperti pendekatan molekuler dengan DNA Barcoding sangat diperlukan, terutama untuk menjawab permasalahan biodiversitas seperti hubungan kekerabatan dan identifikasi spesies (Allen *et al.*, 2015; Yusmalinda *et al.*, 2017, Pertiwi, 2022), Populasi (Astarini *et al.*, 2021), konservasi (Kurniasih *et al.*, 2020) serta penegakan hukum terhadap perdagangan ilegal (Sembiring *et al.*, 2014; Pertiwi *et al.*, 2020).

## KESIMPULAN

Berdasarkan hasil analisis dapat disimpulkan bahwa seluruh sampel memiliki kemiripan dengan data sekuen pada NCBI dengan total tiga spesies, yaitu ikan tongkol (*Auxis rochei*), satu ikan kuwe (*Caranx sp.*), dan satu ikan cucut (*Tylosurus acus*). Salah satu sampel belum dapat ditentukan jenisnya karena memiliki kemiripan 99,4% dan 99,56% dengan *Caranx sexfasciatus* dan *Caranx melampygus*. Pengetahuan tentang kegiatan laboratorium dan

data analisis untuk riset molekuler merupakan sesuatu yang sangat bermanfaat bagi para mahasiswa. Kegiatan MBKM ini tidak hanya mengajarkan mereka melakukan keterampilan laboratorium saja, tetapi juga berinteraksi dengan masyarakat sekitar dan bekerja sama dalam sebuah tim.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dilakukan sebagai bagian dari kegiatan Magang dan Studi Independen Bersertifikat (MSIB) Batch 4. Penulis mengucapkan terima kasih kepada seluruh panitia MSIB, dosen pembimbing masing-masing mahasiswa, serta seluruh staff MERO Foundation yang telah membantu dalam melaksanakan penelitian ini.

## DAFTAR PUSTAKA

- Ador, M.A.A., M.S. Haque., S.I. Paul., J. Chakma., R. Ehsan., A. Rahman. 2021. Potential Application of PCR Based Molecular Methods in Fish Pathogen Identification: A Review. *Aquaculture Studies*. 22(1). <http://doi.org/10.4194/2618-6381/AQUAST621>
- Allen, G.R., Erdmann, M. V., & Cahyani, N.K.D. 2015. Review of the *Chrysiptera oxycephala* complex of damselfishes (Pomacentridae) with descriptions of three new species from the East Indian Archipelago. *Journal of the Ocean Science Foundation* 17: 56-84.
- Andriyono, S., Alam, M. J., & Kim, H. W. 2020. The Jawa and Bali Island marine fish molecular identification to improve 12S rRNA-tRNA Valin-16S rRNA partial region sequences on the GenBank Database. *Thalassas: An International Journal of Marine Sciences*, 36, 343-356.
- Astarini, I.A., Ningsih, E.Y., Simanungkalit, D., Ardiana, S.A., Al Malik, M.D., Yusmalinda, N.L.A., Sembiring, A., Pertiwi, N.P.D., Cahyani, N.K.D., Collins, A. 2021. Genetic variation of longtail tuna (*Thunnus tonggol*) landed in four fish markets in Indonesia based on mitochondrial DNA. *Biodiversitas* 22(4):1644-1651
- Aziz, A.I., M. Pharmawati., N.L. Watiniasih. 2023. Identifikasi Ikan Tongkol dari Pasar Ikan Kedongan, Kuta, Kabupaten



- Badung, Bali. Program Studi Biologi FMIPA UNUD. *J. Symbiosis* XI (2): 188-196.  
doi:<https://doi.org/10.24843/jsymbiosis.2023.v11.i02.p06>
- Bhattacharjee, M.J., B.A. Laskar., B. Dhar., S.K. Ghosh. 2012. Identification and Re-Evolution of Freshwater Catfishes Through DNA Barcoding. *Plos One*. 7(11): 1-7. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0049950>
- Bucklin, A., Steinke, D. & Blanco-Bercial, L. 2011. DNA barcoding of marine metazoa. *Annu. Rev. Mar. Sci.*, 3: 471–508. <https://doi.org/10.1146/annurev-marine-120308-080950>.
- Dahlan, M. A., Yunus, B., Umar, M. T., & Nur, M. 2019. Musim Pemijahan Ikan Tongkol Lisong (*Auxis rochei* Risso, 1810) di Perairan Majene Sulawesi Barat. *Prosiding Simposium Nasional Kelautan Dan Perikanan*, 6. Retrieved from <https://journal.unhas.ac.id/index.php/proceedingsimnaskp/article/view/7746>
- Geller, J., C. Meyer., M. Parker., H. Hawk. Redesign of PCR Primers for Mitochondrial Cytochrome C Oxidase Subunit I for Marine Invertebrates and Application in All-Taxa Biotic Surveys. 2013. *Molecular Ecology Resources*. 13: 851-861. doi: 10.1111/1755-0998.12138
- Joesidawati, M. I., Nursalim, N., Kholilah, N., Kurniasih, E. M., Cahyani, N. K. D., Ambariyanto, A. 2023. DNA Barcoding of Anchovy in Tuban Regency as Database of Indonesian Marine Genetic Diversity. *Ilmu Kelautan: Indonesian Journal of Marine Sciences*, 28 (4), 383-391. doi:10.14710/ik.ijms.28.4.383-391
- Jompa, J., A.F. Koropitan., B. Juliandi., L. Suryanegara., R. Muhamad., S. Mumbunan., S. Nasir., T.Y. Sukarna., V. Narita., B.M. Suyitno., J. Supriatna., S. Marzuki. 2019. *Sains untuk biodiversitas Indonesia*. Jakarta; Akademi Ilmu Pengetahuan Indonesia. 236 hal.
- Kurniasih, E.M., Sembiring, A., Pertiwi, N.P.D., Anggoro, A.W., Cahyani, N.K.D., Dailami, M., Ambariyanto, Wijayanti, D.P., and Meyer, C.P. 2020 Cryptic Species from Biodiversity Hotspot: Estimation of Decapoda on Dead Coral Head Pocillopora in Raja Ampat Papua. *Ilmu Kelautan: Indonesian Journal of Marine Sciences* 25(1):1-6.
- Maherung, S., Bataragoa, N.E. dan Salaki, M.S. (2018) Ukuran Dan Kebiasaan Makan Ikan Kuwe (*Caranx* spp) Di Daerah Intertidal Sekitar Laboratorium Basah FPIK – Unsrat Likupang. *Jurnal Ilmiah Platax*. 6:(1), Januari 2018
- Marfuah, S., B.J. Kolondam., T.E.Tallei. 2021. Potensi Environmental DNA (e-DNA) untuk pemantauan dan konservasi keanekaragaman hayati. *Bios Logos*. 11(1): 75-81. <https://doi.org/10.35799/jbl.11.1.2021.31780>
- Ningsih, E.Y., E. Faiqoh., I.A. Astarini., P.D. Pertiwi., A. Sembiring., N.L.A. Yusmalinda., M.D.A. Malik. 2021. Identifikasi dan Keragaman Genetik Longtail Tuna (*Thunnus tonggol*) yang Didaratkan di PPI Kedonganan dan PPP Muncar Menggunakan Marka D-loop Mitokondria. *Journal of Marine and Aquatic Sciences*. 7(1): 94-102. <https://doi.org/10.24843/jmas.2021.v07.i01.p13>
- Noer S. 2021. Identifikasi bakteri secara molekuler menggunakan 16S rRNA. *EduBiologia: Biological Science and Education Journal*. 1(1): 1-6. <http://dx.doi.org/10.30998/edubiologia.v1i1.8596>
- Pertiwi, N.P.D. 2022. Identifikasi Spesies Ikan Pelagis yang Dijual di Pasar Kota Denpasar Menggunakan Marka Control Region Mitokondria (mtDNA). *Jurnal Pendidikan Biologi Undiksha* 9(1), 95-102
- Pertiwi, N.P.D., I.G.N.K. Mahardika., N.L. Watiniasih. 2015. Optimasi Amplifikasi DNA Menggunakan Metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*) pada Ikan Karang Anggota Famili *Pseudochromidae* (Dotyback) Untuk Identifikasi Spesies Secara Molekular. *Jurnal Biologi*. 19(20): 1-5.
- Pertiwi, N.P.D., Suhendro, M.D., Yusmalinda, N.L.A., Putra, I.N.G., Putri, I.G.R.M., Artiningsih, E.Y., Al-Malik, M.D., Cahyani, N.K.D., Sembiring, A. 2020. Forensic genetic case study: Species identification and traceability of sea turtle caught in illegal trade in Bali, Indonesia.

- Biodiversitas* 21:4276-4283.  
<http://dx.doi.org/10.13057/biodiv/d210945>
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. & Tamura, K. 2018. Mega X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Across Computing Platforms. *Molecul. Biol. Evol.*, 35(6): 1547-1549. doi: 10.1093/molbev/msy096.
- Putri, A., H. Maduppa. 2020. Perbandingan Hasil Metode Identifikasi Spesies: Morfologi dan Molekuler pada Ikan Julung-Julung di TPI (Tempat Pelelangan Ikan) Muara Angke, DKI Jakarta. *Jurnal Kelautan*. 13(3): 168-175. <http://doi.org/10.21107/jk.v13i3.7303>
- Rahayu, D.A., M. Jannah. 2019. DNA barcode hewan dan tumbuhan Indonesia. Jakarta: *Yayasan Inspirasi Ide Berdaya*. 165 hal.
- Saputra, I.M.D.N., Karang, I.W.G.A., and Puspitha, N.L.P.R. 2021. Pengaruh Perbedaan Ukuran Jaring Insang Terhadap Hasil Tangkapan Ikan Tongkol *Euthynnus* sp. di Perairan Tenggara Kabupaten Karangasem. *Journal of Marine Research and Technology*. Volume 4 No 2 Tahun 2021, Halaman: 16-21. <http://dx.doi.org/10.24843/jmrt.2021.v04.i02.p03>
- Sembiring, A., Pertiwi, N.P.D., Mahardini, A., Wulandari, R., Kurniasih, E.M., Kuncoro, A.W., Cahyani, N.K.D., Anggoro, A.W., Ulfa, M., Madduppa, H., Carpenter, K., Barber, P.H. and Mahardika, G.N. 2014. DNA Barcoding reveals targeted fisheries for endangered sharks in Indonesia. *Fisheries Research* 164. 130-134. <http://dx.doi.org/10.1016/j.fishres.2014.11.003>
- Suardana, I.W., Dewi, N.G.A.S. 2015. Dampak Pariwisata terhadap Mata Pencarian Masyarakat Pesisir Karangasem: Pendekatan Pro Poor Tourism. *PIRAMIDA* Vol. XI No. 2 : 76 - 87
- Subagiana, I.G.M., Suryaniadi, S.M., Wijayati, N.L.M. 2019. Kajian Pengembangan Ekowisata Bahari Sebagai Mata Pencarian Alternatif bagi Masyarakat Tulamben dan Amed Kabupaten Karangasem Propinsi Bali. *Jurnal Bisnis dan Kewirausahaan*. Vol. 15, No. 1, MARET 2019. <http://dx.doi.org/10.31940/jbk.v15i1.1315>
- Suharsono. 2008. Jenis-Jenis Karang di Indonesia. Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia. Jakarta: LIPI Press, Anggota Ikapi.
- Suwelo, I.S. 2005. Spesies Ikan Langka dan Terancam Punah Perlu Dilindungi Undang-Undang. *Jurnal Ilmu-Ilmu Perairan dan Perikanan Indonesia*. 12(2): 161-168. <http://dx.doi.org/10.6066/jtip.2013.24.2.168>
- 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. *BioTechniq*, 10(4): 506-513. <http://dx.doi.org/10.2144/000114018>
- Ariyanti, Y., Rini, I.A., Novriadi, N., Fidya Septiana, F. 2023. Species Identification among Fish Samples taken from Mangrove Ecosystem in Lampung Coastal Bay through DNA Barcoding Technique. *Ilmu Kelautan: Indonesian Journal of Marine Sciences* June 2023 Vol 28(2):173-180. <http://dx.doi.org/10.1063/5.0130153>
- Yusmalinda, N.L.A., Anggoro, A.W., Suhendro, D.M., Jaya Ratha, I.M., Suprpti, D., Kreb, D. and Cahyani, N.K.D. (2017) Identifikasi jenis pada kejadian Cetacea terdampar di Indonesia dengan Teknik molekuler. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis* 9(2). <http://dx.doi.org/10.29244/jitkt.v9i2.19283>