



## Identifikasi Spesies Ikan Pelagis yang Dijual di Pasar Kota Denpasar Menggunakan Marka *Control Region* Mitokondria (mtDNA)

Ni Putu Dian Pertiwi<sup>1,2,\*</sup>

<sup>1</sup>Jurusan Biologi Perikanan Kelautan, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Pendidikan Ganesha, Jalan Udayana 11, Singaraja, Bali, Indonesia.

<sup>2</sup>Yayasan Biodiversitas Indonesia. Denpasar, Bali, Indonesia.

\*[dian.pertiwi@undiksha.ac.id](mailto:dian.pertiwi@undiksha.ac.id); [putudianpertiwi@gmail.com](mailto:putudianpertiwi@gmail.com)

### Abstract

Identification and inventarisation of fish species is important for fisheries data. Information regarding fish species sold within the local markets of Denpasar city-Bali have not been collected and written as a good data, especially identification using molecular methods and comparison between local name and species name. Therefore, this study aims to identify species of pelagic fish sold within markets of Denpasar city using control region mitochondrial (mtDNA) marker. A total of 7 samples of pelagic fish were collected from 2 markets within Denpasar city, in the form of full body fish, fish that has been boiled, and boiled fish body parts. DNA samples were amplified at the control region of mtDNA, and obtained the sequence length of 508-527 bp. Identification was conducted using BLAST methods and phylogenetic analysis. The result showed that the samples were identified as 4 species, i.e. *Auxis rochei*, *Auxis thazard*, *Thunnus albacares*, and *Thunnus obesus*. Through this study, we also revealed that fish with the local name “ikan tongkol” was the species of *Auxis rochei*, *Auxis thazard*, *Thunnus albacares*, meanwhile fish known as the local name “ikan cakalang” was the species of *Thunnus obesus*. The results of this study was expected to be a preliminary study about the diversity of fish sold within markets in Denpasar city, and also as the additional genetic data for pelagic fish within Bali waters. This will also act as the additional information for the methods of fish species identification.

**Keywords:** pelagic fish, diversity, BLAST, phylogenetic.

### Abstrak

Identifikasi dan inventarisasi spesies – spesies ikan sangat penting untuk dilakukan guna menambah data perikanan. Informasi mengenai jenis – jenis ikan yang dijual di pasar di daerah Kota Denpasar-Bali, belum banyak diperoleh dan belum terdapat dengan baik, terutama menggunakan metode molekuler dan untuk membandingkan nama lokal ikan dengan nama spesies ikan tersebut. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi spesies ikan pelagis yang dijual di Pasar Kota Denpasar menggunakan marka *control region* mitokondria (mtDNA). Sebanyak 7 sampel ikan pelagis dikoleksi dari 2 pasar di kawasan Kota Denpasar, dalam bentuk ikan utuh, ikan yang sudah direbus, serta potongan ikan yang telah direbus. DNA sampel diamplifikasi pada daerah *control region* mtDNA dan diperoleh sekuen sampel sepanjang 508-527 bp. Identifikasi dilakukan dengan metode BLAST dan analisis filogenetik. Hasil menunjukkan bahwa sampel teridentifikasi sebagai 4 spesies, yaitu *Auxis rochei*, *Auxis thazard*, *Thunnus albacares*, dan *Thunnus obesus*. Dari penelitian ini juga diketahui bahwa ikan yang disebut dengan nama lokal “ikan tongkol” adalah spesies *Auxis rochei*, *Auxis thazard*, *Thunnus albacares*, sementara ikan yang disebut dengan nama lokal “ikan cakalang” merupakan *Thunnus obesus*. Hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi suatu studi pendahuluan mengenai keanekaragaman ikan yang dijual di pasar di kawasan Kota Denpasar, serta menambah informasi genetik dari ikan pelagis di perairan Bali, dan sebagai tambahan informasi bagi metode identifikasi spesies ikan.

**Kata-kata kunci:** ikan pelagis, keanekaragaman, BLAST, filogenetik.

## Pendahuluan

Perikanan merupakan komoditas yang sangat penting di seluruh dunia. Menurut data FAO, konsumsi ikan di seluruh dunia mengalami peningkatan rata – rata pertahun sebesar 3.1% dari tahun 1961 sampai 2017, dengan konsumsi mencapai 24.4 kg per kapita di negara berkembang seperti Indonesia (FAO, 2020). Tingginya permintaan produk perikanan juga harus dibarengi dengan pemutakhiran informasi perikanan untuk menjaga keberlangsungan perikanan dan meningkatkan manajemen perikanan berkelanjutan (Asche *et al.*, 2018; Yonvitner dkk. 2020). Penelitian di bidang perikanan telah banyak dilakukan, salah satunya adalah penelitian mengenai keanekaragaman ikan dan identifikasi ikan, yang dilakukan dengan berbagai metode, antara lain melalui pengamatan video, identifikasi melalui karakter morfologi, dan bahkan dengan melihat variasi genetik pada DNA ikan (Allen *et al.*, 2022; Loiseau & Gaertner, 2015; Reis, *et al.*, 2016; Shafait *et al.*, 2016).

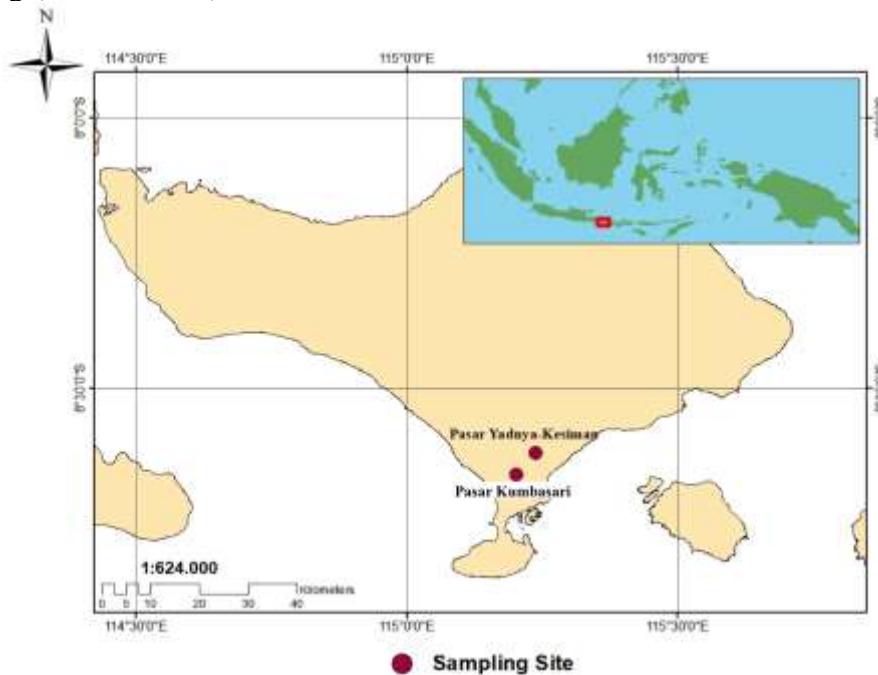
Penelitian identifikasi spesies ikan telah dilakukan di perairan Indonesia (Fitrah dkk, 2016; Nugroho & Rahayu, 2015; Pramono dkk, 2017), termasuk terhadap ikan pelagis yang didaratkan di beberapa Pasar dan Pusat Pendaratan Ikan (Babe dkk, 2021; Lubis dkk, 2021). Walaupun inventarisasi dan identifikasi ikan pelagis telah dilakukan di beberapa wilayah, namun terkadang setiap wilayah memiliki penamaan lokal yang berbeda pada jenis ikan tangkapan di daerah tersebut. Perbedaan nama lokal ini, seringkali menimbulkan kebingungan, terutama pada jenis ikan yang mempunyai kemiripan dalam karakter morfologinya, seperti contohnya ikan kelompok scombridae. Ikan kelompok scombridae merupakan ikan yang telah dikenal luas sebagai ikan konsumsi dan olahraga, dan termasuk di antaranya adalah famili dari ikan jenis makarel, tuna, dan bonito. Sebagian besar scombridae merupakan ikan pelagis, namun beberapa spesiesnya merupakan ikan yang ditemukan di dekat pesisir pantai (Collete *et al.*, 2019). Ikan – ikan ini seringkali sulit dibedakan antar spesiesnya, terutama apabila dibandingkan antar satu bangsa (*tribe*) yang sama. Identifikasi hanya dengan mengamati karakter morfologi terkadang sulit untuk dilakukan, terutama pada ikan – ikan yang telah ditangkap dan disimpan dalam waktu yang lama. Selain itu, ikan – ikan yang dijual di pasar biasanya dalam bentuk yang sudah diproses (direbus, dikeringkan, ataupun dalam bentuk potongan tubuh). Hal ini juga dapat menyulitkan proses inventarisasi dan identifikasi spesies.

Salah satu solusi yang telah banyak digunakan dalam penelitian identifikasi spesies adalah dengan menggunakan metode uji DNA molekuler dengan menggunakan DNA barcoding dan analisis filogenetik. Beberapa penelitian menyatakan bahwa hasil dari metode ini dapat dipercaya dan dapat diandalkan dalam mengidentifikasi spesies ikan, bahkan hanya dari potongan tubuh sekalipun (Astarini *et al.*, 2021; Pertiwi *et al.*, 2020; Sembiring *et al.*, 2015). Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi spesies ikan pelagis yang dijual di Pasar Kota Denpasar menggunakan marka *control region* mitokondria (mtDNA). Penelitian ini diharapkan dapat memberikan tambahan informasi mengenai spesies ikan pelagis yang dijual di wilayah Indonesia, serta sebagai tambahan data variasi genetik ikan pelagis yang ditangkap di wilayah perairan Indonesia.

## Metode

Pada penelitian ini, sebanyak 7 sampel dikoleksi dari dua pasar di kawasan Kota Denpasar, yaitu Pasar Yadnya-Kesiman dan Pasar Kumbasari (Gambar 1). Sampel yang dikoleksi merupakan ikan pelagis dalam bentuk ikan utuh dan ikan yang telah direbus. Satu sampel merupakan potongan ikan yang telah direbus (BIO0602001), 1 sampel dalam bentuk ikan utuh yang direbus (BIO0603001), dan lima sampel merupakan ikan utuh (BIO0604001-BIO0607002). Pada penelitian ini, berdasarkan informasi dari pedagang yang menjual ikan – ikan tersebut, peneliti mendapatkan informasi mengenai nama lokal dari sampel tersebut. Lima sampel ikan utuh serta ikan utuh yang direbus disebut dengan nama lokal ikan tongkol

(BIO0603001-BIO0607002), sedangkan sampel potongan ikan yang direbus disebut dengan ikan cakalang (BIO0602001).



Gambar 1. Peta lokasi sampling

Uji DNA molekuler dilakukan terhadap bagian sirip pektoral kanan ikan utuh, serta bagian daging dari sampel ikan rebus. Jaringan sampel diambil sebanyak  $\pm 2$  mm untuk digunakan dalam proses ekstraksi DNA. Ekstraksi dilakukan dengan menggunakan larutan *chelex* 10% (Walsh *et al.*, 1991). DNA hasil ekstraksi digunakan sebagai *template* pada proses amplifikasi DNA pada bagian *control region* mitokondria (mtDNA). Amplifikasi dilakukan dengan menggunakan metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*) dengan primer *forward* – CRK (5'-*agc tca gcg cca gag cgc cgg tct tgt aaa-3'*) dan primer *reverse* – CRE (5'-*cct gaa gta gga acc aga tg-3'*) (Lee *et al.*, 1995). Amplifikasi dilakukan dengan menggunakan parameter berikut: pre-denaturasi 94°C selama 10 detik, dilanjutkan dengan denaturasi 94°C selama 15 detik, *annealing* 50°C selama 30 detik, *extensiton* 72°C selama 45 detik yang diulang sebanyak 38 siklus dan diakhiri dengan *post-extension* pada 72°C selama 5 menit. DNA hasil amplifikasi divisualisasi dengan menggunakan elektroforesis pada gel agarosa 1%. Produk yang berhasil diamplifikasi kemudian dikirim ke fasilitas DNA sekuensing untuk mendapatkan urutan nukleotida (sekuen). DNA sekuensing dilakukan menggunakan metode *big dye chain termination* (*sanger sequencing*).

Urutan DNA sekuen sampel diedit menggunakan program MEGAX dan disejajarkan dengan CLUSTALW (Kumar *et al.*, 2018). Sekuen kemudian dibandingkan dengan data pada basis data genbank dengan menggunakan program BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>). Sekuen genbank dengan *accession no.* LC498003 (*Thunnus obesus*), AB107081 (*Auxis rochei*), AB107082 (*Auxis thazard*), KM 588080 (*Thunnus albacares*), dan KM261643 (*Thunnus albacares*) digunakan sebagai pembanding dalam analisis pohon filogenetik. Analisis filogenetik dilakukan menggunakan metode *Neighbor-Joining* dengan model *p-distance* dan bootstrap 1000 pengulangan. Jarak genetik antara sekuen sampel dan data pembanding dihitung menggunakan metode *p-distance* pada MEGAX.

## Hasil dan Pembahasan

Hasil penelitian pada 7 sampel ikan pelagis yang dikoleksi di Pasar Yadnya-Kesiman dan Pasar Kumbasari menunjukkan bahwa sampel tersebut berhasil diamplifikasi dengan menggunakan metode PCR, termasuk sampel dalam bentuk ikan utuh maupun ikan yang sudah direbus. Hasil ini juga menunjukkan bahwa DNA masih dapat diperoleh dari jaringan walaupun jaringan tersebut sudah mengalami proses pemanasan. Penelitian lain yang serupa pada hiu (Sembiring *et al.*, 2015), penyu (Pertwi *et al.*, 2020), dan bahkan pada makanan hewan peliharaan dan produk kecantikan (Cardenosa, 2019) juga mendapatkan hasil bahwa DNA masih dapat diperoleh dari jaringan yang telah mengalami proses pemanasan maupun pengeringan. Namun, tidak seluruh jaringan yang telah mengalami kerusakan masih dapat diperoleh DNA-nya. Hal ini dapat disebabkan oleh perbedaan kerusakan pada jaringan, sehingga mempengaruhi kualitas DNA di dalamnya (Golenberg *et al.*, 1996).

Hasil sekuensing pada uji DNA molekuler menunjukkan hasil panjang basa DNA sampel berkisar antara 508 – 527 bp (*base pairs*). Panjang basa ini sesuai dengan panjang basa yang biasanya diperoleh dari uji sekuensing dengan menggunakan primer yang sama (Allen *et al.*, 2022; Astarini *et al.*, 2021). Sekuen DNA sampel dalam penelitian ini telah disimpan pada database Genbank dengan *accession no.* OM993540-OM993546.

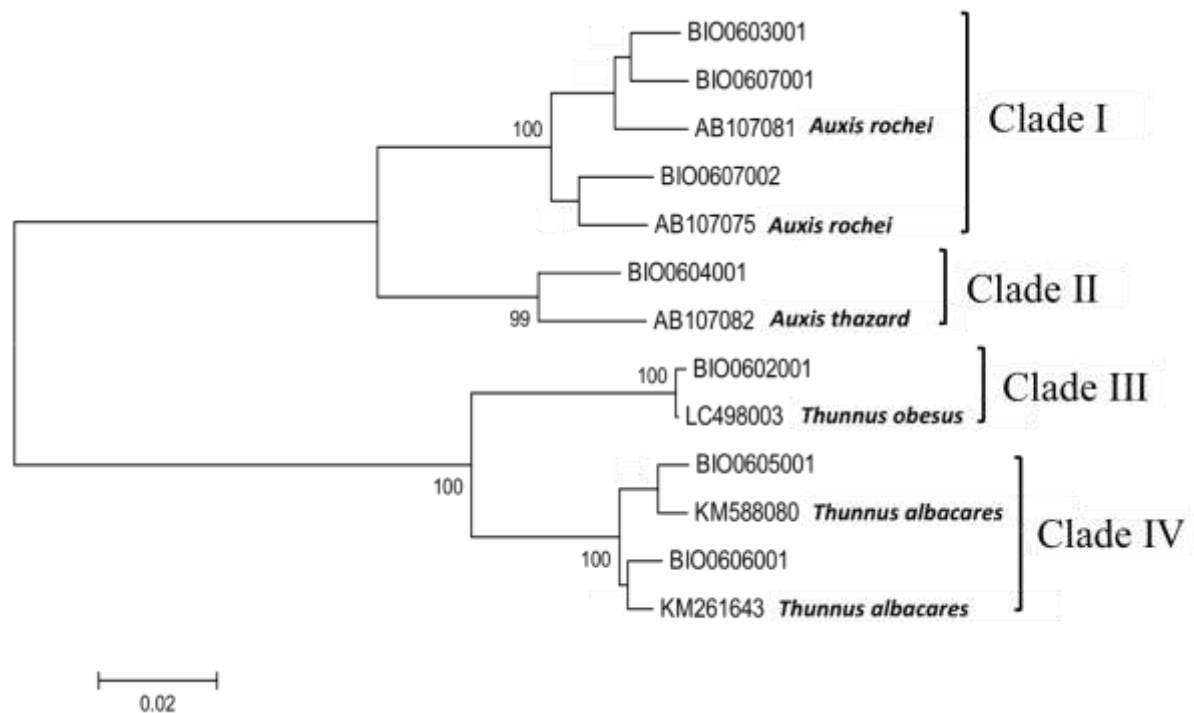
Identifikasi spesies dilakukan dengan metode BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) dari Genbank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), serta dengan menggunakan analisis pohon filogenetik. Hasil BLAST ditunjukkan seperti pada Tabel 1.

Tabel 1. Hasil identifikasi spesies dengan BLAST

No.	ID Sampel	Hasil identifikasi	Accession No. Genbank	Persentase kesamaan (% ident.)	Query cover (%)
1	BIO0602001	<i>Thunnus obesus</i>	LC498003	99.81	100
2	BIO0603001	<i>Auxis rochei</i>	AB107081	98.01	99
3	BIO0604001	<i>Auxis thazard</i>	AB107082	97.23	99
4	BIO0605001	<i>Thunnus albacares</i>	KM588080	99.04	100
5	BIO0606001	<i>Thunnus albacares</i>	KM261643	98.84	99
6	BIO0607001	<i>Auxis rochei</i>	AB107081	98.01	99
7	BIO0607002	<i>Auxis rochei</i>	AB107075	98.01	99

Dari hasil identifikasi BLAST ditunjukkan bahwa ketujuh sampel yang dikoleksi merupakan 4 spesies ikan pelagis yang berbeda, antara lain *Thunnus obesus* (*big eye tuna/tuna mata besar*), *Auxis rochei* (*bullet tuna/tongkol lisong*), *Auxis thazard* (*frigate tuna/frigate mackerel/tongkol krai*), serta *Thunnus albacares* (*yellow fin tuna/tuna ekor kuning*). Hasil identifikasi dengan metode ini juga menunjukkan nilai perbandingan yang tinggi antara sampel dengan data sekuen pada genbank. Hal ini dilihat dari nilai persentase kesamaan (% *identity*) yang menunjukkan nilai diatas 97%, dan persentase nilai *query cover* yang menunjukkan nilai 99% dan 100%. Persentase kesamaan (% *identity*) menunjukkan persentase jumlah nukleotida yang sama antara sampel dan sekuen pembanding, sementara *query cover* menunjukkan kesamaan panjang nukleotida antara sampel dan sekuen pembanding (Newell *et al.*, 2013). Pada beberapa penelitian, nilai *cut off* yang digunakan sebagai batas penentuan satu spesies yang sama, dapat berbeda tergantung dari jenis spesies dan ketersediaan data pembanding (Abdullah & Rehbein, 2016, DeSalle & Goldstain, 2019; Sembiring *et al.*, 2015). Oleh karena itu, dapat dinyatakan bahwa data urutan nukleotida pada sampel penelitian ini, mempunyai tingkat kemiripan yang sangat tinggi dengan data nukleotida pembanding dari genbank, dan dapat dianggap sebagai spesies yang sama dengan sekuen pembanding.

Analisis filogenetik dilakukan untuk memperkuat hasil identifikasi yang telah diperoleh dari hasil BLAST. Sekuen hasil BLAST digunakan sebagai pembandingan dalam analisis filogenetik, yaitu: *A. rochei* (AB107081, AB107075), *A. thazard* (AB107082), *T. obesus* (LC498003), dan *T. Albacares* (KM588080, KM261643).



Gambar 2. Pohon filogenetik dengan analisis metode *Neighbor-Joining* dan model *p-distance*, serta bootstrap 1000 pengulangan.

Hasil analisis filogenetik menunjukkan adanya empat pengelompokan sampel yang dituliskan di dalam pohon filogenetik sebagai *clade*. Masing – masing *clade* merepresentasikan masing – masing spesies, yaitu *clade I* adalah spesies *A. rochei*, *clade II* adalah *A. thazard*, *clade III* adalah *T. obesus*, dan *clade IV* adalah *T. albacares*. Pengelompokan ini didukung oleh nilai bootstrap yang menunjukkan nilai yang tinggi (99-100) pada masing – masing percabangan *clade*. Nilai bootstrap merupakan proporsi pengulangan yang membentuk percabangan dari suatu *clade*. Percabangan dengan nilai bootstrap yang tinggi (nilai bootstrap >90%) dianggap sebagai satu *clade* yang sama dan dinyatakan sebagai satu spesies yang sama (Russo & Selvatti, 2018).

Percabangan pohon filogenetik menunjukkan kedekatan suatu sampel yang dilihat dari nilai jarak genetiknya. Jarak genetik dihitung dari persamaan dan perbedaan nukleotida antar sampel, yang dianalisis dengan suatu algoritme tertentu (Nei, 2013). Hasil perhitungan jarak genetik terhadap sampel menunjukkan nilai sebagai berikut: (a) jarak genetik sampel pada *clade I* adalah sebesar 0.018-0.039; (b) jarak genetik sampel pada *clade II* adalah sebesar 0.033; (c) jarak genetik sampel pada *clade III* adalah sebesar 0.002; (d) jarak genetik sampel pada *clade IV* adalah sebesar 0.010-0.023. Pada beberapa spesies ikan, jarak genetik dengan nilai 0-0.223 masih dianggap sebagai satu *clade* dan satu spesies yang sama (Allen *et al.*, 2022; Ardiana *et al.*, 2021; Romdon *et al.*, 2020)

Dari hasil analisis tersebut dapat dinyatakan bahwa sampel yang termasuk ke dalam *clade I* yaitu sampel dengan ID BIO0603001, BIO0607001, dan BIO0607002 merupakan spesies *A. rochei*; sedangkan sampel dengan ID BIO0604001 yang termasuk ke dalam *clade II* merupakan spesies *A. thazard*. Sampel BIO0602001 yang termasuk ke dalam *clade III* merupakan spesies *T. obesus*, dan sampel BIO0605001 serta BIO060601 yang termasuk ke

dalam *clade IV* merupakan spesies *T. albacares*. Hasil identifikasi ini sesuai dengan hasil identifikasi spesies yang diperoleh dengan menggunakan analisis BLAST. Oleh karena itu, dapat diketahui bahwa ikan pelagis yang ditemukan dan dijual di 2 pasar di kawasan Kota Denpasar adalah *Auxis rochei*, *Auxis thazard*, *Thunnus albacares*, dan *Thunnus obesus*. Selain itu, ikan yang disebut pedagang sebagai ikan tongkol (BIO0603001-BIO0607002) adalah spesies *A. rochei*, *A. thazard*, dan *T. albacares*, sementara ikan yang disebut dengan nama lokal ikan cakalang (BIO0602001) adalah spesies *T. obesus*.

Hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi suatu studi pendahuluan mengenai keanekaragaman ikan yang dijual di pasar di kawasan Kota Denpasar pada khususnya dan di Pulau Bali secara umum. Serta menambah informasi mengenai data variasi genetik dari ikan pelagis yang ditangkap di wilayah perairan Indonesia. Selain itu, penelitian ini diharapkan dapat memberikan manfaat mengenai metode identifikasi spesies ikan, terutama bagi ikan yang tidak dapat diidentifikasi hanya dengan menggunakan karakter morfologi.

## Penutup

Pada penelitian ini, ikan pelagis yang dijual di Pasar Kota Denpasar teridentifikasi sebagai empat spesies yang berbeda, yaitu *Auxis rochei*, *Auxis thazard*, *Thunnus albacares*, dan *Thunnus obesus*. Jenis ikan pada penelitian yang disebut dengan nama lokal ikan tongkol adalah spesies *A. rochei*, *A. thazard*, dan *T. albacares*, sementara ikan yang disebut dengan nama lokal ikan cakalang adalah spesies *T. obesus*. Berdasarkan hasil penelitian ini dapat disimpulkan bahwa penggunaan marka *control region* mitokondria (mtDNA) dapat digunakan untuk mengidentifikasi spesies ikan pelagis dengan baik, baik pada ikan utuh maupun potongan tubuh ikan yang sudah diproses. Penelitian lanjutan untuk menginventarisasi dan mengidentifikasi spesies di wilayah Indonesia masih perlu dilakukan baik pada ikan pelagis, demersal maupun pada jenis produk perikanan lainnya untuk pendataan informasi dan manajemen perikanan berkelanjutan yang lebih baik.

## Ucapan Terima Kasih

Penelitian ini didukung oleh *Partnership for Enhanced Engagement in Research (PEER) Science Program* (AID-OAA-A-11-00012) yang didanai oleh *the United States Agency for International Development (USAID)*. Penulis mengucapkan terima kasih kepada para peneliti di Yayasan Biodiversitas Indonesia (Andrianus Sembiring, Ni Luh Astria Yusmalinda, M. Danie al Malik, Enex Yuniartiningsih), I Gusti Ricca Mahatma Putri, serta Ibu Ida Ayu Astarini yang telah membantu dan memberikan dukungan dalam penyelesaian penelitian ini.

## Daftar Pustaka

- Abdullah, A., & Rehbein, H. (2016). DNA Barcoding for The Species Identification of Commercially Important Fishery Products in Indonesian Markets. *International Journal of Food Science and Technology*, 52(1), 266-274. <https://doi.org/10.1111/ijfs.13278>.
- Allen, G.R., Erdmann, M.W., & Pertiwi, N.P.D. (2022). Description of Three New Species of Damsel fish Belonging to the *Pomacentrus philippinus* Group (Pomacentridae) from Melanesia and the Eastern and Central Indian Ocean. *Aqua, International Journal of Ichthyology*, 28(1), 1-26.
- Asche, F., Garlock, T.M., Anderson, J.L., Bush, S.R., Smith, M.D., Anderson, C.M., Chu, J., Garrett, K.A., Lem, A., Lorenzen, K., Oglend, A., Tveteras, S., & Vannuccini, S. (2018). Three Pillars of Sustainability in Fisheries. *PNAS*, 115(44), 11221-11225. <https://doi.org/10.1073/pnas.1807677115>.

- Astarini, I.A., Ningsih, E.Y., Simanungkalit, D., Ardiana, S.A., Malik, M.D.A., 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. DOI: 10.13057/biodiv/d220408.
- Babe, B.Y., Erfan, L., & Yohanista, M. (2021). Identifikasi Jenis – jenis Ikan Pelagis Kecil yang Ada di Pasar Alok dan Pasar Wuring, Kabupaten Sikka. *Aquanipa-Jurnal Ilmu Kelautan dan Perikanan*, 3(2), 1-18.
- Cardenosa, D. (2019). Genetic Identification of Threatened Shark Species in Pet Food and Beauty Care Products. *Conservation Genetics*, 20, 1383-1387. <https://doi.org/10.1007/s10592-019-01221-0>.
- Collette, B., Graves, J., & Kells, V.A. (2019). *Tunas and Billfishes of the World*. Johns Hopkins University Press. USA.
- DeSalle, R., & Goldstein, P. (2019). Review and Interpretation of Trends in DNA Barcoding. *Frontiers in Ecology and Evolution*. 7, 302. doi: 10.3389/fevo.2019.00302.
- FAO. (2020). *The State of World Fisheries and Aquaculture 2020. Sustainability in Action*. Rome. <https://doi.org/10.4060/ca9229en>.
- Fitrah, S.S., Dewiyanti, I., & Rizwan, T. (2016). Identifikasi Jenis Ikan di Perairan Laguna Gampoeng Pulot Kecamatan Leupung Aceh Besar. *Jurnal Ilmiah Mahasiswa Kelautan Perikanan Unsyiah*, 1(1), 66-81.
- Golenberg, E.M., Bickel, A., & Weihs, P. (1996). Effect of Highly Fragmented DNA on PCR. *Nucleic Acids Research*, 24(24), 5026-5033. <https://doi.org/10.1093/nar/24.24.5026>.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). Mega X: Molecular Evolutionary Genetic Analysis Across Computing Platform. *Molecular Biology Evolution*, 35(6), 1547-1549. DOI: 10.1093/molbev/msy096.
- Lee, W., Conroy, J., Howell, W.H., & Kocher, T.D., 1995. Structure and Evolution of Teleost Mitochondrial Control Regions. *Journal of Molecular Evolution*, 41, 54-66.
- Loiseau, N., & Gaertner, J. (2015). Indices for Assessing Coral Reef Fish Biodiversity: The Need for A Change in Habits. *Ecology and Evolution*, 5(18), 4018-4027. doi: 10.1002/ece3.1619.
- Lubis, E.K., Sinaga, T.Y., & Susiana. (2021). Inventarisasi Ikan Demersal dan Ikan Pelagis yang Didaratkan di PPI Kijang Kecamatan Bintan Timur Kabupaten Bintan. *Jurnal Akuatiklestari*, 4(2), 47-57. Doi: <https://doi.org/10.31629/akuatiklestari.v4i2.2536>.
- Nei, M. (2013). *Genetic Distance*. *Brenner's Encyclopedia of Genetics (Second Edition)*. Academic Press. Pages 248-250. ISBN. 780080961569. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-374984-0.00615-X>.
- Newell, P.D., Fricker, A.D., Roco, C.A., Chandrangsu, P., & Merkel, S.M. (2013). A Small-Group Activity Introducing the Use and Interpretation of BLAST. *Journal of Microbiology & Biology Education*. 14(2), 238-243. doi: 10.1128/jmbe.v14i2.637.
- Nugroho, E.D., & Rahayu, D.A. (2015). Status Taksonomi Ikan Nomei dari Perairan Tarakan, Kalimantan Utara berdasarkan Gen 16S Rrna sebagai Upaya Konservasi Ikan Laut Lokal Indonesia.
- Pertiwi, N.P.D., Suhendro, M.D., Yusmalinda, N.L.A., Putra, I.N.G., Putri, I.G.R.M., Artiningsih, E.Y., Malik, M.D.A., 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(9), 4276-4283. DOI: 10.13057/biodiv/d210945.

- Pramono, T.B., Arfati, D., Widodo, M.S., & Yanuhar, U. (2017). Identifikasi Ikan Genus *Mystus* dengan Pendekatan Genetik. *Jurnal Sumberdaya Akuatik Indopasifik*, 1(2), 123-132.
- Reis, R.E., Albert, J.S., Darios, F.D., Mincarone, M.M., Pertry, P., & Rocha, L.A. (2016). Fish Biodiversity and Conservation in South America. *Journal of Fish Biology*, 89, 12-47. doi:10.1111/jfb.13016.
- Romdon, A., Sembiring, A., Pertiwi, N.P.D., Malik, M.D.A., Pay, L., Hehuwat, Y., & Satrioajie, W.N. (2020). Description and Identification of Tuna Larvae Based On Genetic and Morphological Analysis. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 618. doi:10.1088/1755-1315/618/1/012035.
- Russo, C.A.D.M., & Selvatti, A.P. (2018). Bootstrap and Rogue Identification Tests for Phylogenetic Analysis. *Molecular Biology and Evolution*, 35(9), 2327-2333. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy118>.
- 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., Maduppa, H., Carpenter, K.E., Barber, P.H., & Mahardika, G.N. (2015). Short Communication: DNA Barcoding Reveals Targeted Fisheries for Endangered Sharks in Indonesia. *Fisheries Research*, 164, 130-234. <http://dx.doi.org/10.1016/j.fishres.2014.11.003>.
- Shafait, F., Mian, A., Shortis, M., Ghanes, B., Culverhouse, P.F., Edgington, D., Cline, D., Ravanbanksh, M., Saeger, J., & Harvey, E.S. (2016). Fish Identification from Videos Captured in Uncontrolled Underwater Environments. *ICES Journal of Marine Science*, 73(10), 2737-2747. doi:10.1093/icesjms/fsw106.
- Walsh, P.S., Metzger, D.A., & Higuchi, R. (1991). Chelex-100 as A Medium for Simple Extraction of DNA for PCR Based Typing from Forensic Material. *Biotechniques*, 10, 506-513.
- Yonvitner, Boer, M., & Kurni, R. (2020). Kajian Tingkat Efektifitas Perikanan untuk Pengembangan secara Berkelanjutan di Provinsi Banten. *Jurnal Kebijakan Perikanan Indonesia*, 12(2), 35-46. DOI: <http://dx.doi.org/10.15578/jkpi.12.1.2020.35-46>.