

Identifikasi Ikan Terbang Yang Di Jual Di PPI Kedonganan Menggunakan Analisis Morfologi, Morfometrik, Dan Molekuler dengan Lokus *Control Region* mtDNA

Indra Dwisaputra^{1*}, Ni Putu Dian Pertiwi^{1,2}

1. Program Studi Biologi, Jurusan Biologi dan Perikanan Kelautan, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Pendidikan Ganesha, Jl. Udayana No. 11 Singaraja, Buleleng, Bali 81116. Indonesia

2. Yayasan Biodiversitas Indonesia. Jl. Bina Kasuari B8. Jl. Cokroaminoto, Denpasar, Bali.

*corresponding author email: indra.dwisaputra@undiksha.ac.id

Abstrak

Komoditas laut tertinggi di Indonesia yang merupakan kelompok ikan pelagis kecil adalah ikan terbang (Famili Exocoetidae). Famili ini terdiri dari 6 genus, dengan 3 diantaranya ditemukan di Indonesia. Tingginya permintaan perikanan, membuat eksploitasi ikan terbang semakin meningkat, terutama di Makassar dan Laut Flores. Pemahaman mendalam tentang ikan terbang menjadi krusial dalam upaya menjaga keberlanjutan sumber daya perikanan. Untuk itu, penelitian ini bertujuan mengidentifikasi ikan terbang yang diperdagangkan di PPI Kedonganan melalui pendekatan terpadu yang menggabungkan analisis morfologi, morfometrik, dan genetik. Sampel ikan yang dikoleksi dari PPI Kedonganan. Analisis morfologi menunjukkan spesies *C. Intermedius*, hasil dari morfometrik menunjukkan menunjukkan spesies *C. Intermedius* dan hasil analisis molekuler menunjukkan spesies *C. Intermedius*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa sampel ikan terbang yang diteliti teridentifikasi sebagai spesies *C. intermedius*. Identifikasi ini didasarkan pada sejumlah ciri khas yang membedakannya dari spesies lain dalam famili Exocoetidae, antara lain: struktur rahang yang hampir sama panjang, sirip punggung pendek tanpa corak, serta posisi pangkal sirip perut yang terletak di tengah-tengah antara kepala dan ekor. Data pada penelitian ini juga sangat penting untuk menambah data molekuler dari ikan terbang yang ditemukan di Indonesia. Penelitian ini diharapkan mampu memperkaya khazanah pengetahuan tentang jenis-jenis ikan terbang yang diperdagangkan di Indonesia, serta memberikan gambaran mengenai variasi genetik pada populasi ikan terbang yang tertangkap di perairan Nusantara.

Kata Kunci : Ikan terbang, Identifikasi spesies, *C. intermedius*

Abstract

*The highest marine commodity in Indonesia, which belongs to the small pelagic fish group, is the flying fish (Family Exocoetidae). This family consists of 6 genera, 3 of which are found in Indonesia. The high demand in fisheries has led to increased exploitation of flying fish, especially in Makassar and the Flores Sea. A deep understanding of flying fish is crucial to maintain the sustainability of fishery resources. Therefore, this study aims to identify flying fish traded at the Kedonganan Fish Auction (PPI Kedonganan) through an integrated approach combining morphological, morphometric, and genetic analysis. Fish samples were collected from PPI Kedonganan. Morphological analysis identified the species as *C. intermedius*; morphometric*

analysis also indicated *C. intermedius*, and molecular analysis confirmed *C. intermedius* as well. The results showed that the flying fish samples examined were identified as *C. intermedius*. This identification is based on several distinctive characteristics that differentiate it from other species in the *Exocoetidae* family, including: a jaw structure that is almost the same length, a short dorsal fin without any pattern, and the position of the base of the pelvic fin which is located midway between the head and tail. The data in this study are also very important to add to the molecular data of flying fish found in Indonesia. This research is expected to enrich the knowledge about the types of flying fish traded in Indonesia, and provide an overview of the genetic variation in the flying fish population caught in Indonesian waters.

Keywords: Flying fish, Species identification, *C. intermedius*

1. PENDAHULUAN

Negara Indonesia adalah salah satu negara kepulauan dengan komoditas perikanan laut yang tinggi, Peraturan Menteri Kelautan dan Perikanan Nomor 19 Tahun 2022 tentang pengelolaan perikanan di Indonesia menyebutkan bahwa potensi total sumber daya ikan yang dapat dimanfaatkan diperkirakan mencapai 12.011.125 ton setiap tahunnya. Jenis-jenis hasil tangkapan ikan di Indonesia dibedakan menjadi pelagis besar, pelagis kecil, demersal, ikan karang, ikan hias, udang dan krustasea lainnya, kekerangan (bivalve) moluska dan teripang, mamalia dan reptilia, rumput laut, dan benih alam komersial (Rombe, et al., 2024). Salah satu komoditas ikan yang banyak dijual dipasar dan menjadi komoditas utama ekspor ke luar negeri adalah ikan dari kelompok pelagis kecil yaitu ikan terbang yang termasuk dalam jenis ikan yang penting bagi ekonomi di Indonesia (Rehatta, et al., 2021; Indrayani, Findra, Jufri, Hidayat, & Pariakan, 2021).

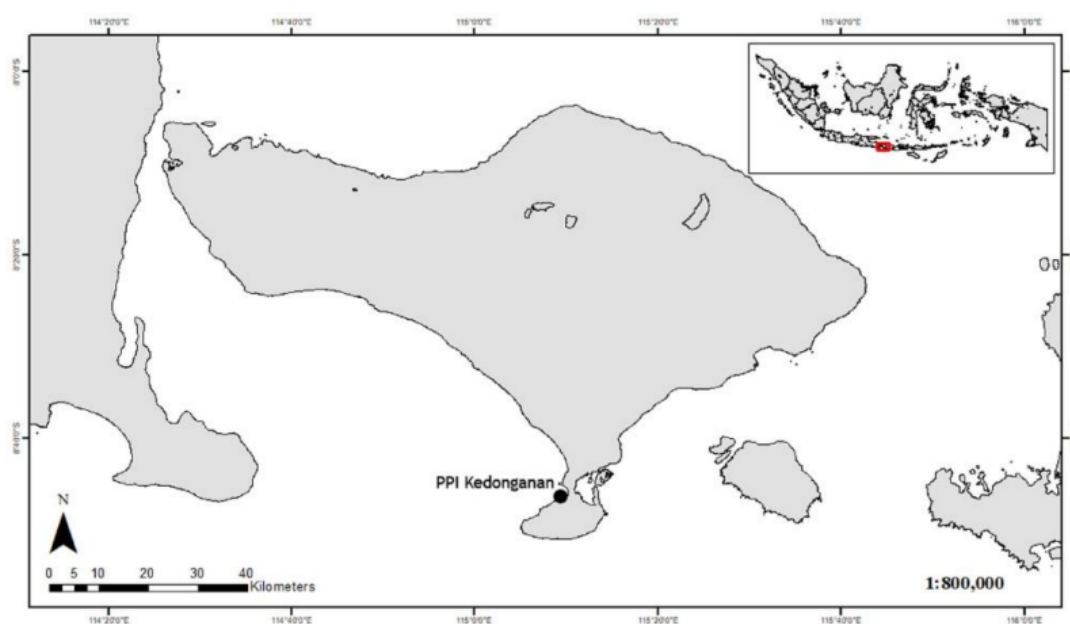
Ikan terbang (Famili *Exocoetidae*) dapat ditemukan di perairan tropis dan subtropis (Parin N. , 1970). Terdapat 6 genus ikan terbang di dunia yaitu *Parexocoetus*, *Exocoetus*, *Hirundichthys*, *Prognichthys*, *Cypselurus*, dan *Cheilopogon* yang terbagi menjadi 70 spesies (Nur, 2023), 3 genus diantaranya ditemukan di Indonesia yakni *Cheilopogon*, *Cypselurus* dan *Hirundichthys*. Diketahui spesies ikan terbang di Indonesia yang ditemukan di perairan Laut Sulawesi, Maluku, Sumatera, dan perairan Jawa Timur dan Bali (Hutomo & Martosewojo., 1985; Parin N. V., 1999; Froese & Pauly, 2002). Namun, kekayaan spesies ini terancam akibat eksploitasi perikanan yang berlebihan. Meningkatnya permintaan pasar terhadap daging dan telur ikan terbang di wilayah seperti Selat Makassar dan Laut Flores telah mendorong terjadinya penangkapan berlebihan. Akibatnya, produksi ikan terbang di daerah-daerah tersebut mengalami penurunan drastis lebih dari 67% dalam tiga dekade terakhir (Tuapetel F. , 2021).

Penelitian mengenai ikan terbang sudah banyak dilakukan di Indonesia dan seluruh dunia dalam bidang biologi, reproduksi, morfologi, morfometrik, dan molekuler (Lee S. , 2016; Parenrengi, Tenriulo, & Ali, 2016; Jayakumar, et al., 2019; Indrayani, Findra, Jufri, Hidayat, & Pariakan, 2021; Tuapetel, et al., 2023). Informasi mengenai keanekaragaman spesies ikan terbang sangat penting, terutama dalam menjaga kelestarian populasinya. Oleh karena itu, data karakter identifikasi untuk spesies – spesies dari ikan terbang sangat diperlukan dalam upaya konservasi dan perikanan berkelanjutan. Identifikasi spesies ikan terbang di Indonesia telah dilakukan dengan menggunakan karakter morfologi (Bawole & Monangkalangi, 2005), morfometrik (Ali, Nessa, Djawad, & Omar, 2005; Bawole & Monangkalangi, 2005), dan bahkan menggunakan karakter genetik atau molekuler dengan lokus CO1 (Indrayani, Findra, Jufri, Hidayat, & Pariakan, 2021) dan lokus *control region* mtDNA (Pertiwi, Bestari, & Sembiring, 2024). Namun, informasi dan data yang diperoleh dari penelitian tersebut masih terbatas, terutama dalam hal identifikasi menggunakan karakter morfologi. Pada penelitian menurut Bawole & Monangkalangi (2005) menyatakan bahwa beberapa spesies ikan terbang menunjukkan kesamaan dalam ciri – ciri morfologi dan morfometrik. Oleh karena itu, identifikasi dengan menggunakan data molekuler diperlukan untuk mendukung identifikasi spesies pada ikan terbang. Identifikasi jenis ikan terbang, terutama pada tahap *juvenil* seringkali menghadapi tantangan tersendiri. Hal ini disebabkan banyak karakter morfologi yang menjadi penciri khas suatu spesies baru muncul sepenuhnya ketika ikan mencapai tahap dewasa. Perbedaan morfologi yang signifikan antara ikan *juvenil* dan dewasa dapat menyulitkan proses identifikasi jika hanya mengandalkan pendekatan morfologi konvensional (Dharmawan, 2014). Identifikasi dengan menggunakan metode genetik pada ikan dilakukan menggunakan lokus *control region* mitokondria (mtDNA) (Pertiwi, Bestari, & Sembiring, 2024). Identifikasi DNA barcoding merupakan metode yang sering digunakan dalam forensik taksonomi, karena efektif dalam mengidentifikasi spesies dalam berbagai kondisi dan menghasilkan data yang valid (Wong, 2011).

Mengingat kompleksitas identifikasi spesies ikan terbang, khususnya pada fase *juvenil*. Penelitian ini berupaya melakukan identifikasi komprehensif terhadap ikan terbang (famili Exocoetidae) yang diperdagangkan di PPI Kedonganan. Pendekatan yang digunakan melibatkan analisis morfologi, morfometrik, dan molekuler dengan memanfaatkan lokus *control region* pada DNA mitokondria (mtDNA) sebagai marka genetik. Penelitian ini diharapkan dapat memberikan tambahan informasi tentang spesies ikan terbang yang dijual di Indonesia dan variasi genetik ikan terbang yang ditangkap di perairan Indonesia. Selain itu, hasil penelitian ini dapat berkontribusi pada pengelolaan perikanan yang lebih baik dan pelestarian biodiversitas laut.

2. METODE.

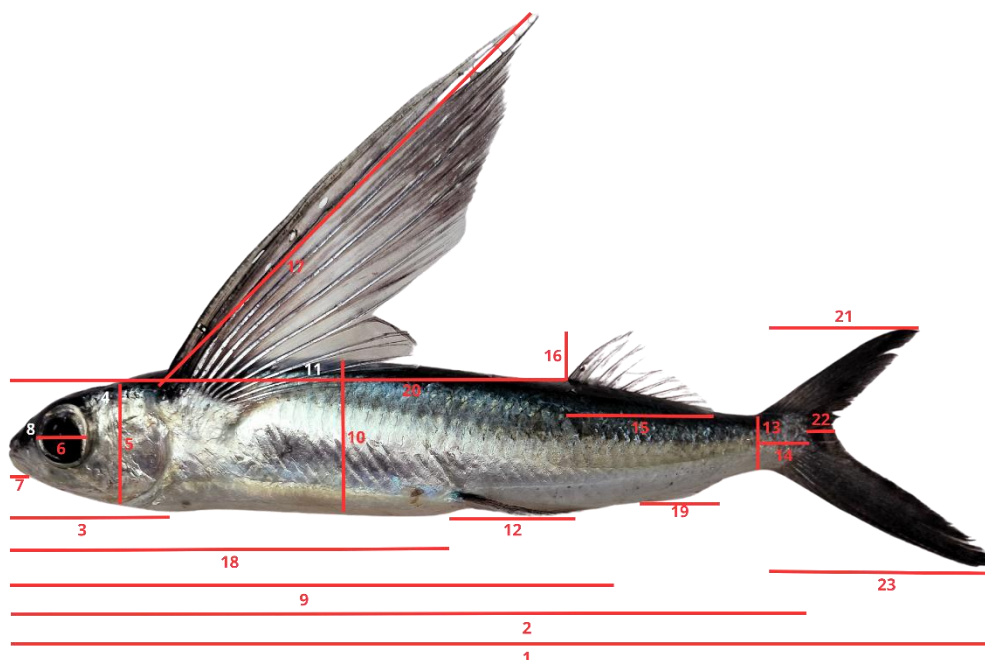
Pada penelitian ini, sampel dikoleksi dari PPI Kedonganan (Gambar 1) dalam bentuk ikan utuh. Identifikasi morfologi dilakukan berdasarkan buku *Fishes A Guide to Their Diversity* (Hastings, Walker, & Galland, 2014) dan Jurnal Berdasarkan *On The Species Composition Of Flying Fishes (Exocoetidae) In The West-Central Part Of Tropical Pacific* (Parin N. , 1996) serta Identifikasi Jenis Ikan Terbang (*Exocoetidae*) di Perairan Manokwari (Bawole & Monangkalangi, 2005).



Gambar 1 Peta Lokasi Sampling dan Titik Hitam Menunjukkan Lokasi Sampling

Identifikasi menggunakan karakteristik morfometrik dilakukan secara langsung dan menggunakan software *ImageJ* dengan mengukur 23 karakter sesuai dengan penelitian yang telah dilakukan oleh Myers, *et al.*, (2020). Pengukuran morfometrik yang dilakukan meliputi: 1) Panjang Total (PT); 2) Panjang Standar (PS); 3) Panjang Kepala (PK); 4) Lebar Kepala (LK); 5) Tinggi Kepala (TK); 6) Diameter Mata (DM); 7) Panjang Moncong (PM); 8) Jarak Antar Mata (JAM); 9) Panjang Sebelum Sirip Anal (PSSA); 10) Tinggi Badan (TB); 11) Lebar Badan (LB); 12) Panjang Dasar Sirip Ventral (PDSV); 13) Tinggi Pangkal Ekor (TPE); 14) Panjang Pangkal Ekor (PPE); 15) Panjang Dasar Sirip Dorsal (PDS); 16) Tinggi Sirip Dorsal (TSD); 17) Panjang Dasar Sirip Pektoral (PDSP); 18) Panjang Sebelum Sirip Ventral (PSSV); 19) Panjang Dasar Sirip Anal (PDSA); 20) Panjang Sebelum Sirip Dorsal (PSSD); 21) Panjang Sirip Ekor Atas (PSEA); 22) Panjang Sirip Ekor Bagian Tengah (PSET); 23) Panjang Sirip Ekor Bagian Bawah (PSEB) (Gambar 2). Namun pada pengukuran

menggunakan software *ImageJ*, karakteristik 4) Lebar Kepala (LK); 8) Jarak Antar Mata (JAM); 11) Lebar Badan (LB) tidak dapat dilakukan karena keterbatasan gambar sampel hasil dokumentasi.



Gambar 2 Pengukuran morfometrik sampel

Analisis DNA dilakukan dengan menggunakan sampel jaringan sirip pektoral kanan ikan. Jaringan sirip diambil dengan ukuran sekitar ± 2 mm untuk kemudian diekstraksi dan diisolasi DNA (Pertwi N. P.,2022). Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan metode chelex 10% (Walsh, Metzger, & Higuchi, 1991). DNA yang telah berhasil diisolasi kemudian digunakan sebagai cetakan (*template*) dalam proses amplifikasi fragmen *control region* pada DNA mitokondria (mtDNA). Proses amplifikasi dilakukan menggunakan teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*) dengan menggunakan sepasang primer, yaitu *primer forward* CRK (5'-agc tca ggc cca gag cgc cgg tct tgt aaa-3') dan *primer reverse* CRE (5'- cct gaa gta gga acc aga tg-3') (Lee, Conroy, Howell, & Kocher, 1995). Tahapan tersebut meliputi pra-denaturasi awal pada suhu 94°C selama 10 detik, diikuti dengan 38 siklus denaturasi (94°C, 15 detik), *annealing* (50°C, 30 detik), dan elongasi (72°C, 45 detik). Setelah siklus PCR selesai, dilakukan tahapan *post-extension* pada suhu 72°C selama 5 menit untuk memastikan proses amplifikasi fragmen DNA berlangsung sempurna. DNA hasil amplifikasi divisualisasi dengan menggunakan elektroforesis pada gel agarosa 1%. Produk yang berhasil di amplifikasi kemudian dikirim ke fasilitas DNA *sequencing* untuk mendapatkan urutan nukleotida (sekuen). DNA *sequencing* dilakukan menggunakan metode *big dye chain termination* (Pertwi N. P.,2022).

Urutan DNA hasil *sequencing* diedit menggunakan *software* MEGAX dan disejajarkan (*alignment*) dengan CLUSTALW (Kumar, Stecher, Li, Knyaz, & Tamura, 2018). Sekuen kemudian dibandingkan dengan data pada basis data genbank dengan menggunakan program BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>). Hasil BLAST diamati pada nilai *quercover*, % identity, dan nilai total. Sekuen genbank dengan *accession no.* OP035301.1 (*Cheilopogon intermedius*), NC_029729.1 (*Cheilopogon arcticeps*), NC_029728.1 (*Cheilopogon unicolor*), OP035088.1 (*Cypselurus poecilopterus*), NC_036720.1 (*Cheilopogon agoo*), NC_007403.1 (*Cypselurus hiraii*), NC_036722.1 (*Prognichthys sealei*), OP035085.1 (*Hirundichthys speculiger*), OP035319.1 (*Cypselurus angusticeps*), NC_029730.1 (*Cheilopogon atrisignis*), dan NC_083149.1 (*Cheilopogon abei*) digunakan sebagai sekuen pembanding. Sekuen OP035129.1 (*Euleptorhamphus viridis*) ditetapkan sebagai *outgroup* dalam konstruksi pohon filogenetik. Pohon filogenetik dibangun menggunakan metode *Kimura two-parameter* dengan model *p-distance* dan 1000 kali replikasi. Jarak genetik antara sekuen sampel dan data pembanding dihitung menggunakan metode *p-distance* pada MEGAX (Pertiwi N. P., 2022; Pertiwi, Bestari, & Sembiring, 2024).

3. HASIL DAN PEMBAHASAN.

Berdasarkan hasil pengamatan sampel memiliki ciri-ciri morfologi yaitu memiliki sirip dada (sirip pectoral) yang sangat panjang, bentuk tubuh yang panjang melancip pada bagian anterior dan posterior (*Fusifrom*), mulut berada di bawah ujung moncong (*Subterminalis*), dan sirip bagian bawah lebih besar dari pada sirip bagian atas (*Hypoceral*). Pada sirip pectoral memiliki warna silver tanpa adanya corak atau motif. Karakteristik morfologi yang teramati pada sampel merupakan karakteristik yang menunjukkan famili Exocoetidae (Ikan terbang), berdasarkan referensi buku *Fishes A Guide to Their Diversity* (Hastings, Walker, & Galland, 2014) dan artikel yang ditulis oleh Tuapetel & Tupan (2021) dan Parin (1996). Ikan terbang memiliki sirip dada yang sangat panjang yang digunakan untuk meluncur, terkadang dalam jarak yang sangat jauh, hingga 400 m. Beberapa spesies, yang dikenal sebagai ikan terbang "bersayap empat" seperti *Hirundichthys marginatus*, juga memiliki sirip perut yang memanjang untuk memudahkan meluncur (Hastings, Walker, & Galland, 2014). Berdasarkan hasil pengamatan morfologi terhadap ciri fisik lainnya yang sangat mirip dengan deskripsi *Cheilopogon intermedius*, dimana sampel memiliki sirip punggung yang pendek dan tidak memiliki motif atau polos. Hal ini serupa dengan hasil penelitian yang dilakukan Ray, et al (2020), Mohanty, et al (2021), dan Nur (2023) yang menyatakan *C. intermedius* memiliki rahang yang hampir sama panjang, sirip punggung pendek dan polos, dan pangkal sirip perut berada di tengah antara kepala dan ekor. Pada bagian dorsal tubuh

berwarna biru metalik gelap, bagian lateral dan ventral memiliki warna keperakan. Lobus sirip pada ekor berwarna kehitaman dan tanpa pigmentasi gelap. Pada sirip dada tidak ada bintik-bintik, tetapi dengan garis palang miring yang berwarna pucat dan sedikit sinar bawah berwarna pucat. Sirip di bagian perut berwarna kehitaman ke arah luar. Sirip punggung berwarna kehitaman, tetapi tidak ada bercak hitam tua. Namun, karakteristik utama yang membedakan sampel dengan spesies *H. Marginatus* adalah pada sirip dada yang memanjang melewati pangkal sirip dorsal posterior, dengan pengecualian jari-jari pertama yang tidak bercabang. Sirip dorsal relatif rendah, sedangkan sirip anal berawal pada garis vertikal yang sejajar dengan awal sirip dorsal, atau sedikit posterior terhadapnya. Punggung memiliki warna biru tua atau hijau mengkilap dengan warna perut putih kekuningan dan sirip dada berwarna biru tua (Parin N. V., 1995), sehingga secara morfologi sampel yang dikoleksi dinyatakan sebagai spesies *C. intermedius*.

Hasil pengukuran morfometrik pada sampel ditunjukkan seperti pada Tabel 1. Pengukuran morfometrik dilakukan dengan menggunakan metode langsung dan ImageJ. Hal ini dilakukan untuk memastikan pengukuran secara langsung dilakukan dengan valid, karena pengukuran dengan menggunakan gambar dapat diatur untuk skala pengukuran. Hasil ini menunjukkan kesamaan data antara pengukuran langsung dan pengukuran menggunakan *software ImageJ*. Hal ini sesuai dengan penelitian yang dilakukan oleh Pertiwi et al, 2023 terhadap ikan lemuru (*S. lemuru*), meskipun terdapat 2 data yang tidak dapat diperoleh dengan menggunakan pengukuran dengan ImageJ karena keterbatasan pengambilan foto.

Dilihat dari hasil pengukuran secara manual maupun dengan menggunakan *ImageJ*, terlihat bahwa Penggunaan *software ImageJ* tidak ada perbedaan yang signifikan dengan pengukuran secara manual, sehingga pengukuran yang dihasilkan mewakili pengukuran yang akurat. Hal ini juga dinyatakan pada penelitian ikan lemuru yang dilakukan oleh Pertiwi et al (2023). Pengukuran morfometrik terhadap panjang total sampel ikan menunjukkan nilai 27.023 cm dan panjang standar 22.896 cm. Hasil pengukuran ini menunjukkan kesesuaian pengukuran yang telah dilakukan oleh Parin (1996), yang melakukan pengukuran sampel *C. intermedius* dengan panjang standar (PS) 22 cm.

Tabel 1 Hasil Pengukuran Morfometrik Sampel

No	Karakteristik	Kode	Pengukuran <i>ImageJ</i> (cm)	Pengukuran Langsung (cm)
1.	Panjang Total	PT	27.823	28
2.	Panjang Standar	PS	22.896	22
3.	Panjang Kepala	PK	4.524	5

4.	Lebar Kepala	LK	0	3
5.	Tinggi Kepala	TK	3.268	4
6.	Diameter Mata	DM	1.492	1.5
7.	Panjang Moncong	PM	0.670	1.5
8.	Jarak Antar Mata	JAM	0	2.5
9.	Panjang Sebelum Sirip Anal	PSSA	17.910	12.8
10.	Tinggi Badan	TB	4.404	4.5
11.	Lebar Badan	LB	0	3.5
12.	Panjang Dasar Sirip Ventral	PDSV	5.975	6.5
13.	Tinggi Pangkal Ekor	TPE	1.582	1.6
14.	Panjang Pangkal Ekor	PPE	1.460	1.5
15.	Panjang Dasar Sirip Dorsal	PDS D	4.177	4.5
16.	Tinggi Sirip Dorsal	TSD	2.366	2
17.	Panjang Dasar Sirip Pektoral	PDSP	15.192	14
18.	Panjang Sebelum Sirip Ventral	PSSV	17.217	12.5
19.	Panjang Dasar Sirip Anal	PDSA	2.584	2
20.	Panjang Sebelum Sirip Dorsal	PSSD	15.952	16.3
21.	Panjang Sirip Ekor Atas	PSEA	4.597	5
22.	Panjang Sirip Ekor Bagian Tengah	PSET	0.790	1.5
23.	Panjang Sirip Ekor Bagian Bawah	PSEB	6.307	7

Hasil analisis DNA pada lokus *control region* menunjukkan bahwa sekuen DNA sampel memiliki panjang 502 *base pairs* (bp). Hasil analisis molekuler pada identifikasi sampel dengan menggunakan BLAST terlihat pada Tabel 2. Hasil identifikasi BLAST menunjukkan bahwa sampel merupakan ikan yang berasal dari genus *Cheilopogon*. Hal ini dapat dilihat dari nilai presentase kesamaan atau *% identity* yang menunjukkan sampel FID.4875944 memiliki nilai kesamaan dengan genus *Cheilopogon* dengan nilai 99.00% - 95.21% dan presentase nilai *query cover* menunjukkan nilai 99%. Berdasarkan hasil BLAST, sampel dengan ID FID.4875944 menunjukkan nilai *% identity* tertinggi dan *query* tertinggi dengan sekuen dari spesies *C. intermedius* yaitu dengan nilai *% identity* 99.00% dan *query cover* 99%.

Berdasarkan hasil dapat diidentifikasi sampel ikan tersebut merupakan *Cheilopogon intermedius*, karena memiliki nilai presentase kesamaan atau *% identity* yang tinggi yaitu 99.00%. Semakin tinggi nilai *% identity* dan *query cover* maka semakin tinggi kemiripan sekuen sampel dengan sekuen pembanding. Persentase kesamaan mencerminkan proporsi nukleotida pada sekuen sampel yang identik dengan sekuen pembanding.

Di sisi lain, *query cover* menunjukkan seberapa besar cakupan sekuen sampel yang dibandingkan dengan sekuen pembanding dalam analisis tersebut (Newell, Fricker, Roco, Chandransu, & Merkel, 2013).

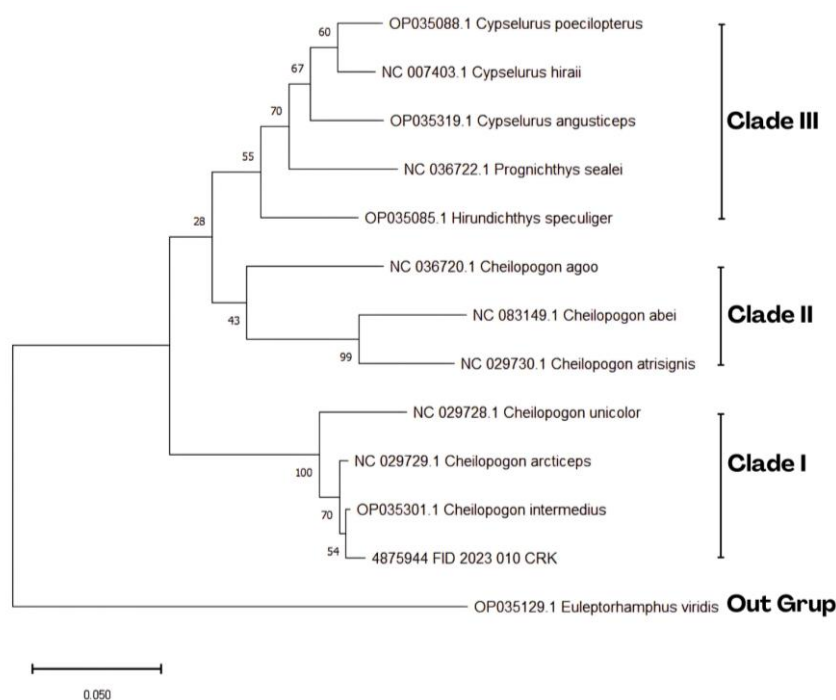
Tabel 1 Hasil identifikasi spesies dengan BLAST

Sampel	Hasil Identifikasi	Accession No. Genbank	Query cover (%)	Persentase kesamaan (% ident.)	Total Score
FID.4875944	<i>Cheilopogon intermedius</i>	OP035301.1	99	99.00	898
	<i>Cheilopogon arcticeps</i>	NC_029729.1	99	98.60	887
	<i>Cheilopogon unicolor</i>	NC_029728.1	99	95.21	791
	<i>Cypselurus poecilopterus</i>	OP035088.1	99	88.49	604
	<i>Cheilopogon agoo</i>	NC_036720.1	99	88.34	601
	<i>Cypselurus hiraii</i>	NC_007403.1	99	88.32	599
	<i>Prognichthys sealei</i>	NC_036722.1	99	87.87	586
	<i>Hirundichthys speculiger</i>	OP035085.1	99	87.90	586
	<i>Cypselurus angusticeps</i>	OP035319.1	99	87.72	584
	<i>Cheilopogon atrisignis</i>	NC_029730.1	99	86.81	558
	<i>Cheilopogon abei</i>	NC_083149.1	99	86.76	556
	<i>Euleptorhamphus viridis</i>	OP035129.1	99	78.27	298

Pada penelitian sebelumnya identifikasi *C. intermedius* secara komprehensif telah dilakukan terhadap lokus CO1 dan di beberapa daerah Hawaii, Atlantik Utara bagian barat, dan Makassar telah dilakukan dengan analisis genom secara keseluruhan (Bemis, et al., 2022; Indrayani, Findra, Jufri, Hidayat, & Pariakan, 2021). Namun, informasi terkait data genetik seringkali sangat bervariasi, terutama pada lokus yang memiliki sifat variasi yang sangat tinggi (*hypervariable*) seperti *control region*. Selain itu, informasi data genetik mengenai ikan terbang, khususnya spesies *C. intermedius* yang ditemukan di Bali, belum terdata sampai saat ini. Penelitian ini dilakukan dengan menggunakan lokus *Control regions* karena karakteristik *hypervariable* dari lokus tersebut (González-Candelas & López-Labrador, 2013). Selain itu, *control region* juga memiliki keunggulan karena adanya variasi genetik yang tinggi (Mitchell & Hellberg, 2016).

Untuk mendukung hasil identifikasi BLAST, identifikasi menggunakan analisis filogenetik juga dilakukan pada sampel dan membandingkan sekuen sampel dengan beberapa data sekuen pada *Genbank* *Cheilopogon intermedius* (OP035301.1), *Cheilopogon arcticeps* (NC_029729.1), *Cheilopogon unicolor* (NC_029728.1), *Cypselurus poecilopterus* (OP035088.1), *Cheilopogon agoo* (NC_036720.1), *Cypselurus hiraii* (NC_007403.1), *Prognichthys sealei* (NC_036722.1), *Hirundichthys speculiger* (OP035085.1), *Cypselurus angusticeps* (NC_029730.1), *Cheilopogon atrisignis* (NC_029730.1), *Cheilopogon abei* (NC_083149.1), dan *Euleptorhamphus viridis* (OP035129.1). Berdasarkan hasil pohon filogenetik terlihat adanya 3 *clade* dan 1

outgrup. *Clade I* menunjukkan bahwa sampel 4875944_FID_2023_010 berdekatan dengan *C. intermedius*, *C. unicolor*, dan *C. arcticeps*. *Clade II* terdapat *C. atrisignis*, *C. abei*, dan *C. agoo* serta pada *clade III* terdapat *H. speculiger*, *P. sealei*, *C. poecilopterus*, *C. hiraii*, dan *C. poecilopterus*. Nilai bootstrap, yang menunjukkan nilai yang tinggi antara 99% - 100% untuk setiap percabangan *clade*, mendukung kelompokkan ini. Nilai bootstrap adalah nilai ukuran kepercayaan terhadap hubungan evolusi yang ditunjukkan dalam pohon filogenetik. Apabila nilainya rendah, sekuen analisis untuk menghasilkan pohon filogenik menjadi tidak dapat dipercaya (Dharmayanti, 2011; Russo & Selvatti, 2018). *Outgrup* yang digunakan adalah OP035129.1 (*E. viridis*), dalam pembuatan pohon filogenetik, *outgrup* sangat penting. Tujuan *outgrup* adalah untuk mengetahui karakter primitif (*plesiomorf*) dan derivat (*apomorf*) dari kelompok dalam dan menentukan titik awal pembentukan pohon filogenetik (Muzzazinah, 2017).



Gambar 3 Pohon filogenetik dengan analisis metode *Neighbor-Joining* dan *Kimura's two parameter*, serta *bootstrap* 1000 pengulangan

Hasil percabangan pada pohon filogenetik menunjukkan kedekatan suatu sampel yang dilihat dari nilai jarak genetiknya (Pertwi N. P., Identifikasi Spesies Ikan Pelagis yang Dijual di Pasar Kota Denpasar Menggunakan Marka Control Region Mitokondria (mtDNA), 2022). Suatu algoritma khusus digunakan untuk menghitung perbedaan nukleotida dan persamaan antara sampel untuk menentukan jarak genetik (Nei M. , 2013). Berdasarkan hasil analisis dari jarak genetik didapatkan bahwa jarak genetik terdekat antara sampel dan sekuen pembanding adalah 0,010 (0,01%) yaitu dengan spesies *C. intermedius* (OP035301.1). Sementara, jarak

genetik antara sekuen sampel dengan *C. articeps* sebesar 0.014 (0.14%). Sementara itu, jarak genetik antara *C. intermedius* dengan *C. articeps* menunjukkan nilai 0,008 (0,8%). Semakin rendah nilai *p-distance* (jarak genetik) maka semakin dekat kekerabatannya yang menunjukkan kedekatan kekerabatan dari kedua spesies (Dharmayanti, 2011; Subari, Razak, & Sumarmin, 2021). Selain itu, berdasarkan hasil jarak genetik, dapat dikatakan bahwa nilai jarak genetik merupakan nilai yang menunjukkan perbedaan spesies (Nei M. , 1987). Berdasarkan hasil analisis pohon filogenetik, terlihat bahwa sampel merupakan spesies *C. articeps* karena berada pada *clade* I dan mempunyai jarak genetik terdekat dengan sekuen pembanding *C intermedius* (OP035301.1.).

Berdasarkan hasil perbandingan data yang diperoleh dari analisis morfologi, morfometri, dan molekuler (*DNA barcoding*), maka dapat disimpulkan bahwa sampel yang diteliti merupakan spesies *C. intermedius* dan menunjukkan variasi genetik pada lokus *control regions* dilihat dari perbedaan variasi pada informasi sekuen yang menunjukkan terdapat beberapa perbedaan basa nukleotida. Hal ini ditunjukkan dari nilai *% identity* hasil perbandingan dengan data pada Genbank yang tidak menunjukkan hasil 100% kesamaan. Selain itu, data jarak genetik juga menunjukkan sedikit perbedaan dengan adanya jarak antara sampel dengan *C. intermedius* sebesar 0,010 (0,01%). Namun kedua sekuen tersebut masih termasuk ke dalam *clade* yang sama dan mempunyai jarak genetik yang terdekat diantara sekuen pembanding lainnya (Li, Peterson, Fang, & Stamatoyannopoulos, 2002).

Penelitian ini masih memiliki beberapa keterbatasan, seperti ukuran sampel yang terbatas dan wilayah pengambilan sampel yang spesifik. Untuk penelitian selanjutnya, perlu dilakukan pengambilan sampel yang lebih luas mencakup berbagai wilayah distribusi ikan terbang di Indonesia. Selain itu, analisis genetika yang lebih mendalam, seperti analisis filogeografi, dapat memberikan informasi yang lebih komprehensif mengenai struktur populasi dan sejarah evolusi spesies ini. Dengan demikian, pemahaman tentang keragaman hayati dan ekologi ikan terbang di Indonesia akan semakin meningkat.

Tabel 3 Distance metode Pairweis dan model Kimura's two parameter, serta *bootstrap* 1000 pengulangan.

	4875944_fid_2023 _010_crk	<i>C.</i> <i>Intermedius</i>	<i>C. Arcticeps</i>	<i>C. Unicolor</i>	<i>C. hiraii</i>	<i>C.</i> <i>Poecilopterus</i>	<i>H. Speculiger</i>	<i>C.</i> <i>Angusticeps</i>	<i>C. Agoo</i>	<i>P. Sealei</i>	<i>C. Abei</i>	<i>C. Atrisignis</i>	<i>E. Viridis</i>
4875944_fid_ 2023_010_crk													
<i>C.</i> <i>Intermedius</i>	0,010												
<i>C. Arcticeps</i>	0,014	0,008											
<i>C. Unicolor</i>	0,048	0,046	0,046										
<i>C. Hiraii</i>	0,122	0,120	0,117	0,144									
<i>C.</i> <i>Poecilopterus</i>	0,122	0,120	0,117	0,129	0,033								
<i>H. Speculiger</i>	0,125	0,118	0,120	0,130	0,081	0,078							
<i>C.</i> <i>Angusticeps</i>	0,129	0,127	0,124	0,132	0,045	0,058	0,072						
<i>C. Agoo</i>	0,129	0,124	0,124	0,134	0,113	0,108	0,094	0,124					
<i>P. Sealei</i>	0,137	0,134	0,132	0,155	0,067	0,065	0,086	0,074	0,115				
<i>C. Abei</i>	0,150	0,145	0,145	0,161	0,146	0,136	0,137	0,150	0,124	0,148			
<i>C. Atrisignis</i>	0,158	0,153	0,153	0,173	0,129	0,131	0,120	0,133	0,122	0,134	0,080		
<i>E. viridis</i>	0,307	0,295	0,295	0,324	0,257	0,262	0,270	0,279	0,273	0,271	0,297	0,296	

4. SIMPULAN

Berdasarkan hasil pengamatan dan analisis morfologi, morfometri, dan molekuler sampel yang diteliti dapat diidentifikasi sebagai spesies *C. intermedius*. Ciri-ciri morfologi seperti sirip dada panjang, bentuk tubuh fusiform, dan posisi mulut yang subterminalis, serta hasil pengukuran morfometrik yang sesuai dengan literatur, mendukung identifikasi ini. Analisis molekuler menggunakan lokus *control region* menunjukkan kesamaan sekuen yang tinggi dengan *C. intermedius* dalam GenBank serta dari analisis pohon filogenetik. Penelitian ini menunjukkan bahwa lokus *control region* dapat menjadi penanda molekuler yang efektif untuk identifikasi spesies ikan terbang.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dapat terselenggara karena adanya bantuan pendanaan dari DIPA BLU Universitas Pendidikan Ganesha melalui kontrak nomor 875/UN48.16/LT/2023. Dana tersebut dialokasikan sesuai dengan Surat Perintah Pencairan Dana (SP DIPA) Nomor: SP DIPA-023.17.2.677530/2022 Revisi II tanggal 14 April 2023. Peneliti mengucapkan terima kasih atas dukungan yang telah diberikan kepada Yayasan Biodiversitas Indonesia atas bantuan yang diberikan dalam analisis laboratorium, terutama kepada Andrianus Sembiring sebagai *Co-founder and Director* Yayasan Bionesia, Ni Luh Astria Yusmalinda, Luh Putu Candra Apriliani, dan Ni Komang Rossa Sri Savitri selaku staff.

DAFTAR PUSTAKA

- Ali, S. A., Nessa, M. N., Djawad, M. I., & Omar, S. B. (2005). Analisis Struktur Populasi Ikan Terbang *Hirundichthys oxycephalus* dari Laut Flores dan Selat Makassar untuk Penentuan Wilayah Pengelolaan dan Konservasi. *Torani*, *XV*(2), 136-144.
- Arif, I. A., & Khan, H. A. (2009). Molecular Markers For Biodiversity Analysis Of Wildlife Animals: A Brief Review. *Animal Biodiversity and Conservation*, *XXXII*(1), 9–17.
- Bawole, R., & Monangkalangi, E. (2005). Identifikasi Jenis Ikan Terbang (Exocoetidae) di Perairan Manokwari. *Torani*, *XV*(6), 387-395.
- Bemis, K., Collins, A., Craine, J., Hoban, M., Leopold, D., Meyer, C., . . . Whitney, J. (2022). Mitochondrial Genomes of Fishes Derived by Genome Skimming. *PeerJ*, 1-23. DOI : 10.7717/peerj.13790.

- Dharmawan, I. G. (2014). Karakterisasi Morfologi Dan Molekuler Larva Ikan Terumbu Beserta Status Konservasi Dan Perdagangan. *Skripsi, Institut Pertanian Bogor*, Bogor.
- Dharmayanti, N. I. (2011). Filogenetika Molekular : Metode Taksonomi Organisme Berdasarkan sejarah Evolusi. *Wartazoa, I(20)*, 1-10.
- Fadhil, R., Muchlisin, Z. A., & Sari, W. (2016). Hubungan Panjang-Berat Dan Morfometrik Ikan Julungjulung (*Zenarchopterus dispar*) Dari Perairan Pantai Utara Aceh. *Jurnal Ilmiah Mahasiswa Kelautan Perikanan Unsyiah, I(1)*, 146-159.
- Froese, R., & Pauly, D. (2002). Fishbase: A Global Information System On Fishes. *World Wide Web Electronic Publication*.
- González-Candelas, F., & López-Labrador, F. (2013). Hypervariable Region. *F. González-Candelas; F.X. López-Labrador, II(991)*, 603-605. DOI : <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-374984-0.00762-2>.
- Hastings, P. A., Walker, H., & Galland, G. R. (2014). *Fishes : A Guide to Their Diversity*. California: University of California Press.
- Hutomo, M. B., & Martosewojo., S. (1985). *Sumber daya ikan terbang*. Jakarta: LIPI.
- Indrayani, I., Findra, M. N., Jufri, A., Hidayat, H., & Pariakan. (2021). Genetic Variations Of Cheilopogon Nigricansin The Makassar Strait, Indonesia. *Indo Pacific Journal of Ocean Life, V(1)*, 22-28. DOI : <https://doi.org/10.13057/oceanlife/o050104>.
- Jayakumar, T. T., Shakhovskoy, I. B., Prasoon, N. P., Kathirvelpandian, A., Ajith Kumar, T. T., & Lal, K. K. (2019). The First Record Of The Rearfin Flying Fish, *Cypselurus Opisthopus (Exocoetidae)*, From The Waters Of South India, With The Assessment Of Flying Fish Species Occurring In The Indian Exclusive Economic Zone. *Journal of Ichthyology, LIX*, 697-706. DOI : <https://doi.org/10.1134/S0032945219050059>.
- KKP. (2022). *Keputusan Menteri Kelautan Dan Perikanan Republik Indonesia Nomor 19 Tahun 2022 Tentang Estimasi Potensi Sumber Daya Ikan, Jumlah Tangkapan Ikan Yang Diperbolehkan, Dan Tingkat Pemanfaatan Sumber Daya Ikan Di Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik .* Jakarta: Kementrian Perikanan dan Kelautan.
- Kowalska, Z., Pniewski, F., & Latała, A. (2019). DNA barcoding—A New Device In Phycologist's Toolbox. *Ecohydrology & Hydrobiology, XIX(3)*, 417 - 427. DOI : <https://doi.org/10.1016/j.ecohyd.2019.01.002>.

- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). Mega X: Molecular Evolutionary Genetic Analysis Across Computing Platform. *Molecular Biology Evolution*, XXXV(6), 1547-1549. DOI: 10.1093/molbev/msy096.
- Lee, S. (2016). Complete Mitochondrial Genome Of The Korean Flying Fish Cheilopogon Doederleinii (Beloniformes, Exocoetidae): Mitogenome Characterization And Phylogenetic Analysis. *Mitochondrial DNA Part B*, I(1), 901-902. DOI : 10.1080/23802359.2016.1258346.
- Lee, W., Conroy, J., Howell, W., & Kocher, T. (1995). Structure And Evolution Of Teleost Mitochondrial Control Regions. *Journal of Molecular Evolution*, XLI, 54-66. DOI : <https://doi.org/10.1007/BF00174041>.
- Li, Q., Peterson, K. R., Fang, X., & Stamatoyannopoulos, G. (2002). Locus control regions. *NIH Public Access*, C(1), 3077–3086. DOI : 10.1182/blood-2002-04-1104.
- Martiansyah, I. (2021). Mini Review: Pendekatan Molekuler DNA Barcoding: Studi Kasus Identifikasi dan Analisis Filogenetik Syzygium (Myrtaceae). *Prosiding Biologi Achieving the Sustainable Development Goals*, 187- 195.
- Mitchell, J. K., & Hellberg, R. S. (2016). Use Of The Mitochondrial Control Region As A Potential DNA Mini-Barcoding Target For The Identification Of Canned Tuna Species. *Food Analytical Methods* , IX, 2711–2720. DOI : <https://doi.org/10.1007/s12161-016-0460-3>.
- Mohanty, S. R., Palai, S., Behera, R. K., Roy, S., Mishra, S. S., & Mohapatra, A. (2021). First Record Of Cheilopogon Intermedius Parin, 1961 (Actinopterygii: Beloniformes: Exocoetidae) From Odisha Coast, India. *Short Communication*, CXXI(3), 423–425. DOI: 10.26515/rzsi/v121/i3/2021/153292.
- Muzzazinah. (2017). Metode filogenetik pada indigofera. *Prosiding Seminar Nasional Pendidikan Biologi Dan Biologi*, 24-40.
- Myers, P., Espinosa, R., Parr, C. S., Jones, T., Hammond, G. S., & Dewey, T. A. (2020). *The Animal Diversity Web*. Dipetik November 14, 2023, dari <https://animaldiversity.org>.
- Nei, M. (1987). *Molecular Evolutionary Genetics*. New York: Columbia University Press.
- Nei, M. (2013). *Genetic Distance*. *Brenner's Encyclopedia of Genetics* (2 ed.). Academic Press.
- Newell, P., Fricker, A., Roco, C., Chandrangsu, P., & Merkel, S. (2013). A SmallGroup Activity Introducing the Use and Interpretation of BLAST. *Journal of Microbiology & Biology Education*, XIV(2), 238-243. DOI : 10.1128/jmbe.v14i2.637.

- Nur, M. (2023). Pemanfaatan dan Tantangan Pengelolaan Sumber Daya Ikan Terbang Berkelanjutan (Exocoetidae) di Perairan Selat Makassar. *Pengelolaan sumber daya perikanan laut berkelanjutan*, 387–422. DOI : 10.55981/brin.908.c762.
- Parenrengi, A., Tenriulo, A., & Ali, S. A. (2016). Genetic Variability Of Three Populations Of Flying Fish *Hirundichthys oxycephalus* From Makassar Strait. *Indonesian Aquaculture Journal*, VII(1), 1-10.
- Parin, N. (1970). Ichthyofauna of the epipelagic zone. *Israel Program for Scientific Translation*.
- Parin, N. (1996). On the species composition of flying fishes (Exocoetidae) in the West-Central part of tropical Pacific. *J. Ichthyol*, XXXVI(5), 357-364.
- Parin, N. V. (1995). *Guia FAO Para Identification De Especies Para Lo Fines De La Pesca*. Roma: FAO.
- Parin, N. V. (1999). Exocoetidae (Flyingfishes). *Food and Agriculture Organization of the United Nations*, 2162 - 2179.
- Pertiwi, N. P. (2022). Identifikasi Spesies Ikan Pelagis yang Dijual di Pasar Kota Denpasar Menggunakan Marka Control Region Mitokondria (mtDNA). *Jurnal Pendidikan Biologi Undiksha*, IX(1), 1-8. DOI : <https://doi.org/10.23887/jjpb.v9i1>.
- Pertiwi, N. P., Bestari, I. A., & Sembiring, A. (2024). Identifikasi Spesies Ikan Ekonomis Penting yang Didaratkan di PPI Kedonganan dengan DNA Barcoding. *Biota: Jurnal Ilmiah Ilmu-Ilmu Hayati*, IX(3), 319 - 329. DOI : 10.24002/biota.v9i3.8212.
- Pertiwi, N. P., Bestari, I. A., Malik, M. D., & Phuong, M. A. (2023). Population Analysis of Bali Sardinella (*Sardinella lemuru*, Bleeker 1853) Landed in PPI Kedonganan using Length-Weight Data and Digital Analysis (ImageJ). : *Indonesian Journal of Marine Sciences*, XXVIII(1), 90-96. DOI: <https://doi.org/10.14710/ik.ijms.28.1.90-96>.
- Pertiwi, N., Suhendro, M., Yusmalinda, N., Putra, I., Putri, I., rtiningsih, E., . . . Sembiring, A. (2020). Forensic Genetic Case Study: Species Identification and Traceability of Sea Turtle Caught in Illegal Trade in Bali, Indonesia. *Biodiversitas*, XXI(9), 4276-4283. DOI : <https://doi.org/10.13057/biodiv/d210945>.
- Ray, D., Mohapatra, A., & Mishra, S. S. (2020). First report of five flying fishes (Teleostei: Beloniformes: Exocoetidae) from West Bengal coast. *Indian Journal of Geo Marine Sciences*, XLIX(9), 1560-1564.
- Rehatta, B. M., Kamal, M. M., Boer, M., Fahrudin, A., Zairion, & Ninef, J. S. (2021). Growth, Mortality, Recruitment Pattern, And Exploitation Rate Of Shared Stock Flying Fish (Exocoetidae) At Border Area Of Indonesia And Timor Leste In Ombai Strait. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, DCCXLIV, 1-12. DOI : 10.1088/1755-1315/744/1/012062.

- Rombe, Munaeni, W., Hesty, K., A, N., Nur, M., Rachman, R. M., . . . Nurhayati, D. (2024). *Potensi Dan Pengelolaan Perikanan* (1 ed.). Ternate: KAMIYA JAYA AQUATIC.
- Russo, C., & Selvatti, A. (2018). Bootstrap and Rogue Identification Tests for Phylogenetic Analysis. *Molecular Biology and Evolution*, *XXXV*(9), 2327-2333. DOI: 10.1093/molbev/msy118.
- Subari, A., Razak, A., & Sumarmin, R. (2021). Phylogenetic Analysis of *Rasbora spp.* Based on the Mitochondrial DNA COI gene in Harapan Forest. *Jurnal Biologi Tropis*, *XXI*(1), 89-94. DOI : 10.29303/jbt.v21i1.2351.
- Tuapetel, F. (2021). Reproduction Biology Of Abe's Flyingfish, Cheilopogon Abei Parin, 1996 In Geser East Seram Strait Waters. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, *XXI*(2), 167–184. DOI : <https://doi.org/10.32491/jii.v21i2.555>.
- Tuapetel, F., & Tupan, C. (2021). Distribution Of Flying Fish Species (*Exocoetidae*) In The Waters Of Ambon Island. *International Seminar on Fish and Fisheries Sciences*, 1-10. DOI : <https://doi.org/10.1051/e3sconf/202132201011>.
- Tuapetel, F., Kadarusman, Syahailatua, A., Boli, P., Indrayani, & Wujdi, A. (2023). Struktur Stok Ikan Terbang (*Cypselurus poecilopterus*) Di Perairan Indonesia Timur Berdasarkan. *BAWAL*, *XV*(3), 109-119.
- Waldchen, J., Rzanny, M., Seeland, M., & Mäder, P. (2018). Automated Plant Species Identification—Trends And Future Directions. *PLoS Comput Bio*, *XIV*(4), 1-19. DOI : 10.1371/journal.pcbi.1005993.
- Walsh, P., Metzger, D., & Higuchi, R. (1991). Chelex-100 as A Medium for Simple Extraction of DNA for PCR Based Typing from Forensic Material. *Biotechniques*, *X*(1), 506-513. DOI : <https://doi.org/10.2144/000114018>.
- Wong, L. (2011). *DNA Barcoding And Related Molecular Markers Fos Fish Species Authentication. Phylogenetic Assessment And Population Studies*. Auburn: Auburn University.
- Zhao, C., S.S.F, C., W.K, C., & L.M, C. (2015). Plant Identification Using Leaf Shapes—A Pattern Counting Approach. *Pattern Recognition*, *XLVIII*(10), 3203–3215. DOI : <https://doi.org/10.1016/j.patcog.2015.04.004>.