

Keragaman Genetik Ikan Kerapu *Epinephelus areolatus* di Perairan Selatan Kepala Burung Papua

Corazon Ell Merilia Papuani Mayor¹, Abdul Hamid. A. Toha^{2,3*}, Albert W. Renyaan¹, Muhammad Dailami⁴

¹Program studi S2 Sumberdaya Akuatik, Program Pascasarjana, Universitas Papua. Jalan Gunung Salju Amban, Manokwari, Papua Barat, 98314, Indonesia

²Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Papua. Jalan Gunung Salju Amban, Manokwari, Papua Barat, 98314 Indonesia

³Program Studi S3 Ilmu Pertanian, Program Pascasarjana, Universitas Papua. Jalan Gunung Salju Amban, Manokwari, Papua Barat, 98314 Indonesia

⁴Program Studi Akuakultur, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Brawijaya. Jl. Veteran Malang, Jawa Timur, 65145, Indonesia

*e-mail korespondensi: h.toha@unipa.ac.id

INFORMASI ARTIKEL

Diterima : 20 April 2025
Disetujui : 12 Mei 2025
Terbit Online : 30 Mei 2025

Kata Kunci:

BHS,
Barcode DNA,
Epinephelus areolatus,
Keragaman Genetik

ABSTRAK

Ikan kerapu *Epinephelus areolatus* adalah salah satu spesies ikan laut dalam genus *Epinephelus* yang penting secara ekologi, ekonomi, biologi, dan pangan. Genus ini tergolong tinggi tingkat keanekaragamannya. Meskipun demikian, informasi keragaman genetik spesies *E. areolatus* di bagian selatan bentang laut kepala burung Papua (*Bird's Head Seascape*, BHS) masih terbatas. Tujuan penelitian ini adalah menentukan keragaman genetik ikan kerapu *E. areolatus* baik secara individu, populasi, dan antar populasi di selatan BHS. Untuk mencapai tujuan ini, peneliti telah mengumpulkan sampel ikan dari Fakfak dan Kaimana pada Agustus 2024. Analisis laboratorium dilakukan pada September 2025 menggunakan penanda genetik *Cytochrome c oxidase* sub unit 1 (COI) DNA mitokondria. Isolasi genom, amplifikasi gen COI, elektroforesis dan sekuensing fragmen gen COI adalah tahapan dalam analisis laboratorium ini. Hasil sekuensing pada 13 individu memperoleh panjang fragmen 665 panjang basa (pb). Hasil *blast* dan *boldsystem* terhadap ke-13 sekuens individu memastikan 12 sampel diantaranya adalah *E. areolatus*. Total teridentifikasi 35 sisi nukleotida yang berbeda antar individu spesies *E. areolatus*. Total 6 haplotipe yang teridentifikasi pada penelitian ini dengan keragaman haplotipe (Hd) populasi *E. areolatus* di Kaimana 0,85714 dan keragaman nukleotida (Pi) 0,0193, sedangkan keragaman haplotipe di perairan Fakfak sebesar 0,8333 dan keragaman nukleotida 0,0272. Jarak genetik rata-rata antar individu adalah 0.000 – 0.053. Ikan kerapu Fakfak dan Kaimana memiliki hubungan yang sangat dekat yang ditunjukkan oleh pohon filogenetik dan jaringan haplotipe. Populasi ikan BHS ini juga mengalami pencampuran genetik dengan spesies yang sama asal perairan Pasifik seperti China, Philipina, Canada, dan lainnya.

PENDAHULUAN

Wilayah perairan Kaimana dan Fakfak termasuk ke dalam kawasan *Coral Triangle* yang terletak di bentang laut kepala burung (*Bird's Head Seascape*, BHS) Pulau Papua. Bentang laut ini memiliki keanekaragaman hayati laut yang tinggi ([Purwanto et al. 2021](#)). Jenis karang paling banyak juga berada di wilayah ini ([Giyanto et al. 2017](#)). Salah satu kelompok ikan yang bergantung pada ekosistem terumbu karang adalah ikan kerapu (*grouper fish*) ([Dwifajri et al. 2021](#)). Ikan kerapu dari genus *Epinephelus* adalah kelompok ikan yang ditemui di perairan BHS umumnya dan Perairan Kaimana dan Fakfak secara khusus ([Albasri & Pratama 2019](#)).

Epinephelus adalah genus ikan predator, termasuk 89 spesies yang dikenal, yang ditemukan

di lautan di seluruh dunia dan 41 spesies diantaranya ditemukan di Perairan Indonesia ([Froese & Pauly 2025](#)). Kelompok ikan ini termasuk spesies dengan harga tertinggi di pasar ikan, dan hanya beberapa spesies yang digunakan dalam akuakultur ([Chatzoglou et al. 2025](#), [Heemstra & Randall. 1993](#), [Rumondang et al. 2023](#)). Ikan ini memainkan peran penting dalam diet, menyediakan kandungan protein berkualitas tinggi, vitamin, mineral, dan sejumlah besar asam lemak tak jenuh ganda ω -3. Meskipun produk akuakultur mencakup sebagian besar produksi ikan, konsumen masih lebih menyukai tangkapan liar ([Chatzoglou et al. 2025](#)).

Keragaman genetik adalah variasi dalam komposisi genetik ([Martinez et al. 2018](#)). Karena data genetik memiliki keunggulan yang sangat rinci pada tingkat spesies dan subspecies, sehingga

belum pernah dilakukan oleh peneliti. Tujuan penelitian ini untuk mengetahui keragaman genetik ikan kerapu *Epinephelus areolatus* baik secara individu, populasi dan hubungan kekerabatan ikan kerapu di Perairan Selatan BHS di Fakfak dan Kaimana. Pengetahuan keragaman genetik diantara penting untuk mengetahui stok populasi ikan suatu wilayah. Apabila ikan dimanfaatkan secara terus-menerus, maka terjadi penurunan populasi dan penurunan keragaman genetik ikan kerapu *Epinephelus areolatus* ([Hendiari et al. 2020](#); [Kusuma et al., 2021](#))

Waktu dan Lokasi Penelitian

Pengambilan sampel dilakukan selama Bulan Agustus 2024 di dua lokasi yaitu Kabupaten Kaimana dan Fakfak (Gambar 1).



mesin UV, vortex, mikro pipet 1000 µl, pipette 200 µl, pipette 100 µl, pipette 20 µl, pipette 10 µl, Pipet 2 µl, tabung erlenmeyer, hotplate, timbangan analitik, gunting, pinset, paket Genomic DNA mini Kit Animal Tissue, alat autoklaf, aquabes, proteinase K, EtBR, TAE 1x, agarosa, primer *forward* dan *reverse*, dan taq green, sampel sirip ikan.

Proses isolasi DNA ikan kerapu *Epinephelus areolatus* menggunakan protokol Genomic DNA Mini Kit. Amplifikasi *Polymerase Chain Reaction* menargetkan wilayah COI menggunakan pasangan primer F1 5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3' dan R1 5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG

21

AAT CA-3' (Ward *et al.* 2005) dilakukan dalam mesin miniPCR® mini8 *thermal cycler* mengikuti protokol Toha *et al.* (2022). Gen COI diamplifikasi dalam volume larutan 25µl sebanyak 35 siklus. Kondisi PCR berturut-turut adalah denaturasi 95°C selama 1 menit; annealing 48-55°C, 1 menit dan pemanjangan rantai 72°C, 1,5 menit.

Elektroforesis hasil PCR dilakukan selama setengah jam pada tegangan 80 volt dengan bufer TAE 1 x. Visualisasi hasil elektroforesis dilakukan dengan menggunakan sinar UV pada panjang gelombang 254 nm dan difoto dengan kamera polaroid. Penentuan urutan nukleotida hasil PCR menggunakan Big Dye 3.0 terminator chemistry (Applied Biosystems). Produk sekuensing dimurnikan dengan metode presipitasi isopropanol dan divisualisasi pada sekuenser otomatis ABI377 (Applied Biosystems). Sekuensing adalah tahap akhir pekerjaan pengumpulan data di laboratorium dengan produk sekuens nukleotida fragmen gen COI DNA mitokondria.

Analisis Data

Hasil sekuens nukleotida COI dipakai untuk menentukan status taksonomi spesies ikan kerapu *Epinephelus* yang teridentifikasi. Tahapan proses penggunaan Aplikasi DNA barcode dimulai dengan menguji kemiripan dan similaritas sekuens penelitian BLAST dan analisis lanjut juga dilakukan dengan berbagai software atau aplikasi secara *offline* untuk memastikan identitas spesies.

Analisis status taksonomi juga dilakukan melalui pengujian keragaman genetik individu dan keragaman genetik populasi. Jenis parameter yang dianalisis adalah jumlah haplotipe, keragaman haplotipe, keragaman nukleotida dianalisis dengan DnaSP6 (Rozas *et al.* 2017), jarak genetik dan pohon filogenetik dengan nilai bootstrap 1,000 dianalisis menggunakan aplikasi MEGA12 (Kumar *et al.* 2024), jaringan haplotipe dieksplorasi menggunakan aplikasi TCS Network (Leigh & Bryant 2015) dengan panduan dasar analisis data genetik (Toha *et al.* 2021). Sekuens yang diperoleh akan digunakan untuk menganalisis hubungan genetik antar individu maupun populasi kerapu *Epinephelus areolatus* di Perairan Selatan BHS Papua.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Molekuler Ikan Kerapu

Hasil sekuensing pada 13 individu memperoleh fragmen gen COI dengan panjang 665 panjang basa (pb). Tiga diantaranya telah didepositokan ke Genbank dengan kode akses PQ813534.1 untuk sampel B101.03, kode akses PQ813539.1 untuk sampel L140.04, dan PQ813535.1 untuk B101.08. Identifikasi spesies berdasarkan hasil sekuensing ditunjukkan pada Tabel 1.

Tabel 1. Hasil Blast dan validasi Boldsystem

No	Kode sampel	Blast		Bold			Spesies
		Kode akses	bp	Q Query (%)	Per ident (%)	Similarity (%)	
1	B101.02 Kaimana	MT076838.1	663	100	100	100	<i>Epinephelus areolatus</i>
2	B101.03 Kaimana	GU673978.1	652	100	100	100	<i>Epinephelus areolatus</i>
3	B101.04 Kaimana	MT076839.1	663	100	100	100	<i>Epinephelus areolatus</i>
4	B101.05 Kaimana	DQ107867.1	652	100	100	100	<i>Epinephelus areolatus</i>
5	B101.06 Kaimana	OQ385933.1	655	100	99,85	100	<i>Epinephelus areolatus</i>
6	B101.07 Kaimana	DQ107867.1	652	100	100	100	<i>Epinephelus areolatus</i>
7	B101.08 Kaimana	MF185453.1	654	100	99,85	100	<i>Epinephelus areolatus</i>
8	B101.09 Kaimana	OQ385933.1	655	100	99,69	99,85	<i>Epinephelus areolatus</i>
9	L149.04 Fakfak	MN708831.1	652	100	99,85	100	<i>Epinephelus areolatus</i>
10	L149.02 Fakfak	NC_020785.1	654	98	99,69	100	<i>Epinephelus areolatus</i>
11	L149.01 Fakfak	MN708841.1	655	99	99,69	100	<i>Epinephelus areolatus</i>
12	L149.05 Fakfak	OQ385933.1	649	98	97,87	100	<i>Epinephelus areolatus</i>
13	B52.03 Kaimana	MN870029.1	664	100	99,85	100	<i>Epinephelus areolatus</i>

Hasil blast dan boldsystem menunjukkan bahwa seluruh sampel teridentifikasi sebagai *E. areolatus* pada 12 sampel dan bukan *E. areolatus* yaitu *Cephalopholis boenak* pada satu sampel. Dengan demikian, teknik molekular berbasis DNA, menggunakan gen COI, terbukti efektif dan akurat untuk identifikasi spesies ikan (Cermakova *et al.* 2023, Raza *et al.* 2025). Barcode DNA dan analisis

data urutan melalui alat bioinformatika telah membantu dalam menyelesaikan ambiguitas identifikasi spesies (Mwita & Chuhila, 2023). Sementara identifikasi spesies berdasarkan pendekatan morfologi memiliki kelemahan (Chatla *et al.* 2024) termasuk adanya kesalahan identifikasi spesies (Darwin *et al.* 2020). Menurut Ding *et al.* (2006) untuk dapat mengidentifikasi morfologi ikan

kerapu dapat melihat corak, bentuk, dan warna (Gambar 2).



Gambar 2. Morfologi Ikan Kerapu *E. areolatus*

Namun, ikan kerapu dalam genus *Epinephelus* memiliki sedikit perbedaan dalam karakter

morfologis (Chatla et al. 2019) dan dapat terjadi tumpang tindih morfologis eksternal (Chatla et al. 2024).

Keragaman Genetik Individu

Keragaman genetik individu merupakan variasi genetik yang terjadi pada individu dalam satu spesies, karena perbedaan dalam struktur dan fungsi gen yang dimiliki setiap individu (NIH, 2025). Variasi nukleotida adalah perubahan atau perbedaan dalam urutan nukleotida DNA. Untuk memperjelas variasi urutan nukleotida antar individu dapat dilihat pada Tabel 2.

Tabel 2. Sisi polimorfik (*polymorphic site*) individu ikan *E. areolatus*

Kode sampel	Posisi Nukleotida																																				
	39	41	45	49	50	54	56	58	59	60	61	63	64	103	205	223	229	235	244	307	322	343	355	358	361	376	388	436	445	454	469	478	517	539	565		
S249453 B101.02 Kaimana	T	G	C	A	G	G	A	A	G	T	G	G	G	T	A	T	T	C	T	G	A	G	C	T	C	C	G	A	A	T	C	A	C	G			
S249454 B101.03 Kaimana	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
S249455 B101.04 Kaimana	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	A	C	G	C	C	A	C	T	G	A	A	C	T	T	A	T	C	T	G	T			
S249456 B101.05 Kaimana	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
S249457 B101.06 Kaimana	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	A	C	.	.	C	A	C	T	G	A	A	C	T	T	A	T	G	T	T	A			
S249458 B101.07 Kaimana	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	A	C	G	C	C	A	C	T	G	A	A	C	T	T	A	T	G	C	T	G	T		
S249459 B101.08 Kaimana	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	A	C	.	.	C	A	C	T	G	A	A	C	T	T	A	T	G	T	T	A			
S249460 B101.09 Kaimana	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	A	C	G	C	C	A	C	T	G	A	A	T	T	A	T	G	C	T	G	T			
S249432 L149.04 Fakfak	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	A	C	G	C	C	A	C	T	G	A	A	C	T	T	A	T	G	C	T	G	T		
S249433 L149.02 Fakfak	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	A	C	G	C	C	A	C	T	G	A	A	C	T	T	A	T	G	C	T	G	T		
S249434 L149.01 Fakfak	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
S249564 L149.05 Fakfak	C	T	A	C	C	A	G	C	T	A	T	C	T	A	C	G	C	C	A	C	T	G	A	A	C	T	T	A	T	G	C	T	G	T			

Keterangan: G,A,C, T adalah singkatan keempat jenis nukleotida penyusun gen COI: GMP (guanosin monofosfat), AMP (adenosin monofosfat), CMP (sitidin monofosfat), dan TMP (timidin monofosfat). Titik (.) menunjukkan nukleotida yang sama dan nukleotida yang berbeda akan ditandai dengan jenis nukleotidanya.

Berdasarkan Tabel 2 diketahui bahwa ke-12 individu *E. areolatus* Fakfak dan Kaimana memiliki 35 sisi nukleotida yang berbeda. Perbedaan ini terjadi karena mutasi yaitu mutasi transversi (3 sisi nukleotida) dan mutasi transisi (32 sisi nukleotida). Mutasi transversi terjadi karena perubahan G ke T atau sebaliknya masing-masing pada sisi 61, 64, dan 322. Sedangkan mutasi transisi yaitu perubahan nukleotida antar purin (A, G) dan atau antar pirimidin (C, T). Menurut Dailami et al. (2018) perbedaan urutan nukleotida (polimorfisme) terjadi karena adanya mutasi dan mutasi transisi adalah mutasi yang paling sering terjadi dibandingkan mutasi tranversi.

Tabel 3 menunjukkan distribusi haplotipe temuan penelitian ini. *E. areolatus* Fakfak memiliki 3 haplotipe dan *E. areolatus* Kaimana memiliki 5 haplotipe. Penelitian ini mengidentifikasi dua haplotipe (H1 dan H4) merupakan haplotipe campuran dari Kaimana dan Fakfak, tiga haplotipe (H2, H3, H5) berasal dari Kaimana, dan satu haplotipe (H6) berasal dari Fakfak.

Tabel 3. Jenis haplotipe pada setiap individu di perairan Fakfak dan Kaimana

No Haplotipe	Jumlah Individu	Kode sampel	Jenis Haplotipe
1	4	B101.02 Kaimana,	Universal

		B101.03 Kaimana,	Universal
		B101.05 Kaimana,	Universal
		L149.01 Fakfak	Universal
		B101.04 Kaimana	Spesifik
2	1	B101.06 Kaimana	Universal
3	2	B101.08 Kaimana	Universal
4	3	B101.07 Kaimana	Universal
		L149.04 Fakfak	Universal
		L149.02 Fakfak	Universal
5	1	B101.09 Kaimana	Spesifik
6	1	L149.05 Fakfak	Spesifik

Total enam haplotipe yang teridentifikasi pada penelitian ini. Tiga haplotipe (H2, H5, dan H6) merupakan haplotipe spesifik, memiliki masing-masing 1 individu, dan tiga haplotipe (H1, H3, H4) merupakan haplotipe universal, memiliki masing-masing lebih dari satu individu. Haplotipe adalah

indikator penting untuk evaluasi keragaman populasi (Wu et al. 2022). Temuan haplotipe ini lebih rendah dibandingkan dengan jumlah haplotipe gen COI ikan *M. unguiculatus*, 9-17 haplotipe (Wei et al. 2023). Perbedaan ini terutama disebabkan oleh perbedaan jumlah sampel dan panjang nukleotida yang dianalisis masing-masing penelitian. Wei et al. (2023) menggunakan 189 individu ikan dengan panjang gen COI 1656 pb, sementara penelitian ini hanya menggunakan 13 sampel dan 665 pb nukleotida. Nei (1987) menyebutkan bahwa ukuran sampel yang ditemukan dapat menentukan nilai keragaman genetik satu spesies. Dengan 4 individu, haplotipe 1 adalah haplotipe paling umum (universal), sekitar 30,7%. Persentase ini lebih tinggi dibandingkan haplotipe paling umum (universal) pada ikan *M. unguiculatus*, 28,6% (Wei et al. 2023).

Keragaman Genetik Populasi

Secara keseluruhan, keragaman genetik antar populasi ikan *E. areolatus* ditampilkan pada Tabel 4.

Tabel 4. Jumlah sampel (n), jumlah haplotipe (h), Jumlah keragaman haplotipe (hd), dan keragaman nucleotide (Pi) pada ikan kerapu *Epinephelus areolatus* pada populasi Kaimana dan Fakfak di BHS Papua serta Perairan Uni Emirat Arab.

Populasi	Jumlah sekuen individu (n)	Jumlah haplotipe (h)	Keragaman Haplotipe (hd)	Keragaman Nukleotida (Pi)
Kaimana	8	5	0,8571	0,0193
Fakfak	4	3	0,8333	0,0272
Perairan Selatan BHS	12	6	0,8484	0,0211
Uni Emirat Arab	30	7	0,9444	0,1444

Keragaman haplotipe (hd) populasi *E. areolatus* di Kaimana sebesar 0,8571 dan keragaman nukleotida (Pi) bernilai 0,0193, sedangkan keragaman haplotipe di perairan Fakfak sebesar 0,8333 dan keragaman nukleotida 0,0272. Keragaman haplotipe dan keragaman nukleotida *E. areolatus* di Kaimana dan Fakfak ini lebih tinggi

daripada keragaman haplotipe dan nukleotida gen COI ikan *M. unguiculatus* di Laut China Selatan dan Sungai Yellow, masing-masing 0,77 hingga 0,93 serta 0,0044-0,0064 (Wei et al. 2023).

Awise et al. (1989) menyebutkan bahwa keragaman genetik keseluruhan mtDNA untuk beberapa ikan berada dalam kisaran 0.473-0.998. Jika dibandingkan dengan spesies *E. areolatus* di Perairan Uni Emirat Arab dapat dituliskan, bahwa *E. areolatus* di Perairan Selatan Kepala Burung Pulau Papua lebih kecil daripada Populasi *E. areolatus* di Perairan Uni Emirat Arab. Tetapi masih berada dalam Nilai keragaman yang tinggi sesuai dengan pernyataan Nei (1987) bahwa, nilai keragaman genetik populasi dapat dikelompokkan dalam kategori tinggi apabila nilainya berkisar antara 0.8-1.0, Sedang 0.5-0.7 dan rendah 0.1-0.4. Sehingga keragaman genetik Populasi *E. areolatus* di Perairan Selatan Kepala Burung Pulau dapat dikatakan memiliki nilai keragaman genetik yang tinggi.

Keragaman genetik populasi merupakan gambaran perbedaan intraspecies (Fakhri et al. 2017). Tingginya keragaman genetik ini mengindikasikan bahwa populasi ikan *E. areolatus* di Perairan Selatan Kepala Burung Pulau Papua masih dalam kondisi baik, sehingga memiliki peluang bertahan hidup dan mampu beradaptasi terhadap perubahan lingkungan.

Hubungan Kekerabatan

Hasil analisis menunjukkan kisaran jarak genetik *E. areolatus* berkisar 0.000 – 0.053 dengan nilai jarak genetik paling besar dengan nilai 0.053 merupakan sampel perbandingan dari individu dengan kode B101.02 Kaimana dan L149.05 Fakfak, B101.03 Kaimana dan L149.05 Fakfak, B101.04 Kaimana dan L149.05 Fakfak, dan terakhir L149.01 Fakfak dan L149.05 Fakfak.

Jarak genetik terendah dengan nilai 0.000 merupakan sampel dengan perbandingan dari individu B101.03 Kaimana dan B101.02 Kaimana, B101.02 Kaimana dan B101.05 Kaimana, B101.02 Kaimana dan B101.02 Kaimana, B101.02 Kaimana dan B101.05 Kaimana, B101.03 Kaimana dan L149.05 Fakfak, B101.05 Kaimana dan L149.05 Fakfak, B101.07 Kaimana dan B101.09 Kaimana, B101.07 kaimana dan L149.04 Fakfak, dan terakhir L149.04 Fakfak dan L149.02 Fakfak.

Tabel 5. Jarak genetik Ikan Kerapu *Epinephelus areolatus* di Perairan Fakfak dan Kaimana

No	Kode sampel <i>E. areolatus</i>	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	5249453_B101_02_Kaimana												
2	5249454_B101_03_Kaimana	0.000											
3	5249455_B101_04_Kaimana	0.033	0.033										
4	5249456_B101_05_Kaimana	0.000	0.000	0.033									
5	5249457_B101_06_Kaimana	0.030	0.030	0.009	0.030								
6	5249458_B101_07_Kaimana	0.035	0.035	0.002	0.035	0.008							
7	5249459_B101_08_Kaimana	0.030	0.030	0.009	0.030	0.000	0.008						
8	5249460_B101_09_Kaimana	0.033	0.033	0.003	0.033	0.009	0.002	0.009					
9	5249432_L149_04_Fakfak	0.035	0.035	0.002	0.035	0.008	0.000	0.008	0.002				
10	5249433_L149_02_Fakfak	0.035	0.035	0.002	0.035	0.008	0.000	0.008	0.002	0.000			
11	5249434_L149_01_Fakfak	0.000	0.000	0.033	0.000	0.030	0.035	0.030	0.033	0.035	0.035		
12	5249564_L149_05_Fakfak	0.053	0.053	0.022	0.053	0.028	0.020	0.028	0.022	0.020	0.020	0.053	

Tabel 5 menunjukkan jarak genetik antar individu dan populasi ikan *Epinephelus areolatus* perairan selatan BHS berkisar 0,00-0,053 atau termasuk ke dalam kategori rendah. [Nei \(1972\)](#) menyatakan jarak genetik antara 0.010 - 0.099 termasuk rendah, antara 0.10 -0.99 tergolong sedang, dan nilai antara 1.00 - 2.00 termasuk dalam kategori tinggi.

Menurut [Rahayu et al. \(2019\)](#) semakin rendah jarak genetik, maka semakin erat hubungan kekerabatan antara individu. Hal ini diperkuat dengan bentuk morfologi dari setiap individu

Epinephelus areolatus yang sama. Dengan morfologi bentuk tubuh memanjang, tubuh berwarna coklat tua hingga kekuningan pada bagian bawah kepala dan tubuh. Terdapat bintik-bintik berwarna coklat kekuningan tersusun rapat pada bagian atas dan bawah ([Craig et al. 2011](#)).

Total 15 sekuen individu ikan *E. areolatus* dari Genbank ditambahkan (Tabel 6) untuk membangun pohon filogenetik penelitian ini. Hasil analisis pohon filogenetik sampel penelitian dan sekuen ikan *E. areolatus* genbank disajikan pada Gambar 3.

Tabel 6. Sekuen tambahan dari NCBI untuk membuat kladogram

No	Spesies	Lokasi	Kode Akses	Sumber
1	<i>Epinephelus areolatus</i>	Philippine	OQ387268.1	Bemis et al 2023
2	<i>Epinephelus areolatus</i>	Israel	MF123874 .1	Kimmerling et al 2018
3	<i>Epinephelus areolatus</i>	China	FJ237756 .1	Zhang and Hanner 2016
4	<i>Epinephelus areolatus</i>	Canada	GU673944 .1	iBol 2021
5	<i>Epinephelus areolatus</i>	Indonesia	MN870048.1	Limmon et al 2020
6	<i>Epinephelus areolatus</i>	Indonesia	MN870130.1	Limmon et al 2020
7	<i>Epinephelus areolatus</i>	Indonesia	MN870046.1	Limmon et al 2020
8	<i>Epinephelus areolatus</i>	Indonesia	MN870557.1	Limmon et al 2020
9	<i>Epinephelus areolatus</i>	Philippine	OQ385933.1	Bemis et al. 2023
10	<i>Epinephelus areolatus</i>	Canada	GU673978.1	iBol 2021
11	<i>Epinephelus areolatus</i>	Canada	GU673944.1.1	iBol 2021
12	<i>Epinephelus areolatus</i>	India	KM226237.1	Vineesh et al. 2015
13	<i>Epinephelus areolatus</i>	India	KJ607969.1	Mandal et al. 2014
14	<i>Epinephelus areolatus</i>	China	KP266755.1	Li and Lin 2015
15	<i>Epinephelus fuscagutos</i>	Malaysia	JN208616.1	Chu, et al. 2016



Gambar 3. Konstruksi kladogram ikan *Epinephelus areolatus* berdasarkan marka gen COI menggunakan metode Neighbor-joining, dengan kode sampel L149.01, L149.02, L149.03, L149.05, B101.01, B101.02, B101.03, B101.04, B101.05, B101.06, B101.07.

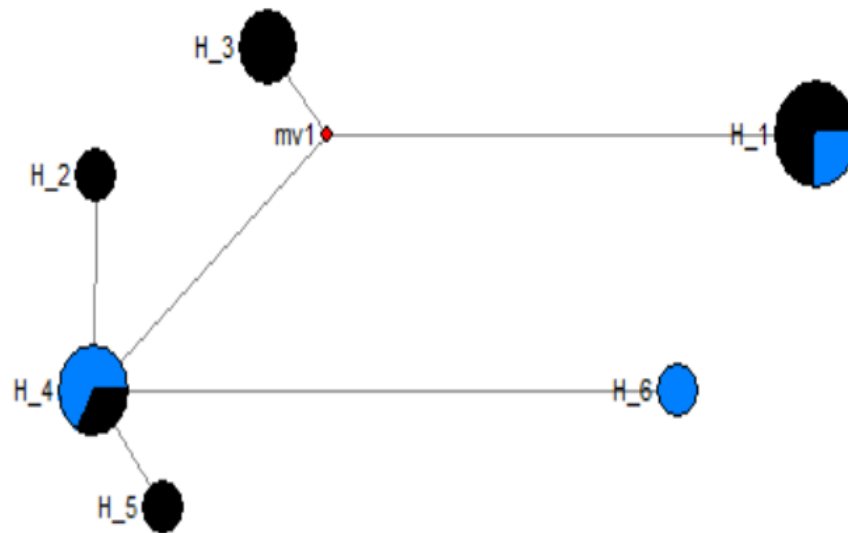
Berdasarkan kladogram yang terbentuk, diperoleh dua *clade* yang bercampur (*mixing*) antara sampel Kaimana dan Fakfak. *Clade* pertama B101.05 Kaimana, B101.03 Kaimana, B101.02 Kaimana dan L149.01 Fakfak. Dan *Clade* kedua dengan kode B101.04 Kaimana, B101.06 Kaimana, B101.07 Kaimana, B101.08 Kaimana, B101.09 Kaimana, L149.02, L149.04 dan L149.05. Pengelompokan dan kedekatan masing-masing individu dalam populasi tersebut didukung oleh nilai jarak genetik dan perbedaan nukleotida pada penelitian ini. Nilai *bootstrap* pada Gambar 3 termasuk dalam kategori stabil karena suatu cabang dikatakan stabil jika nilai *bootstrap* di atas 95% dan dikatakan tidak stabil jika nilai *bootstrap* berada di bawah 70% (Leatemia et al. 2018).

Hasil ini menjelaskan bahwa kedua populasi ikan memiliki hubungan genetik yang dekat, dengan pola migrasi antar lokasi sehingga mengakibatkan kedua populasi menjadi mirip secara genetik. Berdasarkan Gambar 3 tampak bahwa terdapat dua *clade* besar pohon filogenetik dengan nilai *bootstrap* yang tinggi. Kladogram ikan *E. areolatus* pada *clade* satu terbentuk dari sampel Kaimana dan Fakfak serta sekuen dari NCBI asal India, dan Israel. *Clade* dua terbentuk dari lima sampel Kaimana, tiga sampel Fakfak, dan 12 sekuen yang diambil dari NCBI serta sekuen NCBI dari Philipine, China, Canada, Indonesia, dan Malaysia. Hal ini membuktikan terjadi pencampuran genetik antar ikan *E. areolatus* perairan berbeda.

Hasil ini sesuai dengan penelitian Akbar & Lebenua (2018). Walaupun tidak termasuk dalam kelompok ikan yang bermigrasi tinggi, hubungan genetik ikan terjadi karena adanya aliran genetik yang tinggi di antara populasi melalui arus perairan. *E. areolatus* memiliki kemampuan untuk bertelur hingga satu juta per individu, Telur dan larva awal kemungkinan besar hidup di perairan pelagis (Froese & Pauly 2025). Menurut Palumbi & Wilson, (1990) ketika suatu spesies berada pada fase planktonik maka kemungkinan adanya penghanyutan genetik antar populasi, diperkuat oleh Heemstra & Ramdall (1993). Boddington et al. (2021) melaporkan bahwa *E. areolatus* melakukan migrasi secara ontogenetik dan migrasi vertikal untuk mencari makan dan reproduksi. Akbar et al. (2014) mengemukakan bahwa tingginya nilai keragaman genetik diduga disebabkan karena populasi yang besar di perairan. Akbar et al. (2014) dan Sakai et al. (2001) menyatakan bahwa populasi dengan keragaman genetik yang tinggi memiliki peluang hidup yang lebih baik karena setiap gen memiliki respon yang berbeda-beda terhadap kondisi lingkungan. Selain itu Kehadiran berbagai macam gen dari individu di dalam populasi menambah kemampuan populasi dalam merespon perubahan lingkungan (Akbar et al, 2014). Jamal et al. (2011) melaporkan bahwa pengaruh faktor-faktor biologis dan ekologis setiap ikan turut menentukan daya tahan dan kemampuan ikan untuk bertahan.

Rekonstruksi kladogram memperlihatkan terjadinya konektivitas antar lokasi Indonesia, Phillipine, India, Canada, Israel, China dan Malaysia. Bergabungnya ikan *Epinephelus areolatus* dari beberapa negara di kladogram yang berbeda mengindikasikan terjadinya *sharing* genetik atau gen flow antar wilayah. Aliran gen terjadi melalui proses migrasi spesies ataupun melalui proses penyebaran larva (Jefri, 2015)

Analisis keragaman genetik dan hubungan kekerabatan memperlihatkan adanya hubungan antara setiap haplotipe sekaligus menjadi dasar rekonstruksi jaringan haplotipe (haplotype network) untuk mengungkapkan keterhubungan atau konektivitas genetik pada ikan *Epinephelus areolatus* pada daerah Perairan Selatan Kepala Burung Pulau Papua.



Gambar 4. Jaringan haplotype *E. areolatus* di Perairan Selatan BHS Papua. Setiap warna mewakili lokasi berbeda, hitam menunjukkan Kaimana dan biru lokasi Fakfak.

Berdasarkan Gambar 4, jaringan haplotype terbentuk dari 6 haplotipe (h) yang mana H_1 terdiri atas B101.02 Kaimana, B101.03 Kaimana, B101.05 Kaimana, L149.01 Fakfak. H_2 dengan kode B101.04 Kaimana. H_3 terdiri dari B101.06 Kaimana, dan B101.8 Kaimana. H_4 terdiri dari B101.07 Kaimana, L149.04 Fakfak, dan L149.02. H_5 B101.09 Kaimana, dan H-6 L149.05 Fakfak. Hasil ini juga menunjukkan adanya mutasi yang ditandai dengan angka yang tertulis di antara garis penghubung antara haplotipe. Keberadaan beberapa haplotipe yang sama pada satu lokasi menunjukkan adanya *sharing genetic* antara lokasi tersebut (Leatemia et al. 2018).). Faktor oseanografi yang dapat mempengaruhi *sharing genetic* adalah faktor arus laut yang dapat menyebarkan larva individu dan gen dari satu lokasi ke lokasi lain, selain itu gelombang laut dan kedalaman laut juga dapat mempengaruhi distribusi genetik.

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan diketahui bahwa nilai keragaman genetik ikan kerapu

Epinephelus areolatus Perairan Selatan Kepala Burung Pulau Papua termasuk dalam kategori tinggi. Secara geografis, tidak ada halangan penyebaran genetik *E. areolatus* di Perairan Selatan Kepala Burung Papua. Hal ini didukung oleh pohon filogenetik, jarak genetik, dan jaringan haplotipe. Penelitian lanjutan dengan jumlah sampel dan lokasi lain perlu dilakukan untuk memperoleh gambaran yang lebih lengkap terkait dengan keragaman dan hubungan genetik di BHS.

UCAPAN TERIMA KASIH

Terima kasih disampaikan kepada Kementerian Pendidikan, Kebudayaan, Riset dan Teknologi Republik Indonesia. Penelitian ini didanai oleh Direktorat Riset, Teknologi, dan Pengabdian kepada Masyarakat, Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi, Riset dan Teknologi, Kementerian Pendidikan, Kebudayaan, Riset dan Teknologi Republik Indonesia dengan kontrak penelitian No. 076/E5/PG.02.00.PL/2024 (11 Juni 2024) dan kontrak turunan No. SP-43/UN42.15/PG/2024 (14 Juni 2024).

DAFTAR PUSTAKA

- Akbar, N., Zamani, N.P., & Madduppa, H. 2014. Keragaman genetik ikan tuna siripkuning (*Thunnus albacares*) dari dua populasi di Laut Maluku, Indonesia. *Depik*, 3(1):65–73. doi: 10.13170/depik.3.1.1304
- Akbar A. & Lebenua R. 2018. Keragaman genetik ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) di Perairan Laut Maluku Utara. *Jurnal Ilmu-Ilmu Perairan, Pesisir dan Perikanan* p-ISSN: 2089-7790, e-ISSN: 2502-6194 <http://jurnal.unsyiah.ac.id/depik>
- Albasri H., & Pratama I. 2019. Potensi dan Pengelolaan Budi Daya Laut Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Indonesia (WPPNRI) 715. Potensi Sumber Daya Kelautan dan Perikanan WPP-NRI 715, 978-623-7651-07-9. Hal-03259166
- Allendorf, F.W., Hohenlohe, P.A. and Luikart, G., 2010. Genomics and the future of conservation genetics. *Nature reviews genetics*, 11(10): 697–709. <https://doi.org/10.1038/nrg2844>
- Avise, J.C., Walker, D. & Johns, G.C. 1998. Speciation durations and Pleistocene effects on vertebrate phylogeography. *Proc. Royal Soc. London*. 265(1407): 1707–1712. doi: 10.1098/rspb.1998.0492
- Bemis, K.E., Girard, M.G., Santos, M.D., Carpenter, K.E., Deeds, J.R., Pitassy, D.E., Flores, N.A.L., Hunter, E.S., Driskell, A.C., Macdonald, K.S., Weigt, L.A. and Williams, J.T. 2023. Biodiversity of Philippine Fishes: A DNA barcode reference library based on voucher specimens
- Blum, M. J., Bagley, M.J., Walters, D.M., Jackson, S.A., Daniel, F.B., Chaloud, D.J., Cade, B.S., 2012. Genetic diversity and species diversity of stream Conservation genetics. *Nature Reviews Genetics*, 11(10): 697–709 Darkfin Hind, *Cephalopholis urodeta* (Serranidae) Using Partial DNA to census marine fishes in a large mesocosm. *PLoS ONE*, 9(1): 1–11. *Epinephelus* Dari Beberapa Perairan Indonesia (Doctoral dissertation, Bogor
- Boddington, D.K., C.B. Wakefield, E.A. Fisher, D.V. Fairclough, E.S. Harvey, & S.J. Newman. 2021. Age, growth and reproductive life-history characteristics infer a high population productivity for the sustainably fished protogynous hermaphroditic yellowspotted rockcod (*Epinephelus areolatus*) in north-western Australia. *Journal of Fish Biology*, 99(6):1869-1886. <https://doi.org/10.1111/jfb.14889>
- Cermakova E., Lencova S., Mukherjee S., Horka P., Vobruba S., Demnerova K., Zdenkova K. 2023. identification of fish species and targeted genetic modifications based on DNA analysis: State of the Art. *Foods* 12, 228. <https://doi.org/10.3390/foods12010228>
- Chatla D., Padmavathi P., & Srinu G. 2019. DNA divergence and genetic relatedness of *Epinephelus* species (Perciformes: Serranidae) of Indian waters inferred from COI sequence data. In Conference Paper: Recent Trends in Advance Biology, Adikavi Nannaya University, Rajamahendravaram, AP, India. Editor: P. Vijaya Nirmala, NSRTAB-2018.
- Chatla D., Pamulapati P., Kola S., & Naranji M.K. 2024. Genetic identification of grouper fishes (Perciformes: Serranidae: *Epinephelus*) through DNA barcoding from Nizampatnam coastal waters, India. *Taxa*, 3, ad23302:9p.
- Chatzoglou, E., Tsaousi, N., Spetsieri, A., Malandrakis, E. E., & Miliou, H. 2025. Rapid Detection of *Epinephelus* Species Substitution in the Greek Market Using High-Resolution Melting Analysis. *Genes*, 16(3), 255. <https://doi.org/10.3390/genes16030255>
- Chu, C., Rizman-Idid, M. and Chong, V.C. 2016. The separation of *Epinephelus* sp. and *Cephalopholis* sp. As evidenced on the molecular characterization based on COI. Institute of Biological Science, Faculty of Science, University of Malaya, Lembah Pantai, Kuala Lumpur 50603, Malaysia
- Craig, M. T., Mitcheson, Y. J. S., & Heemstra, P. C. 2011. *Groupers of the World : A Field and Market Guide*. NISC.
- Dailami, M., Santi, D., Murthihapsari, Abubakar H., & Toha, A.H.A. 2018. Analisis Genetik Fragmen Gen Sitokrom Oksidase Sub Unit 1 dari *Cirrhitilabrus cf. ryukyuensis* Ishikawa 1904 (Labridae) asal Teluk Cendrawasi dan Raja Ampat. *Jurnal Ikhtologi Indonesia*, 18(3): 209-222. DOI: <https://doi.org/10.32491/jii.v18i3.347>
- Darwin C., Pamulapati P., & Srinu G. 2020. Taxonomic validation of Areolate grouper, *Epinephelus areolatus* (Perciformes: Serranidae) along the Nizampatnam coast, India. *Journal of Applied Biology and Biotechnology*, 8(4), 7-15. <https://doi.org/10.7324/JABB.2020.80402>
- Ding, S., Zhuang, X., Guo, F., Wang, J., Su, Y., Zhang, Q. and Li, Q. 2006. Molecular phylogenetic relationships of China Seas groupers based on cytochrome b gene fragment sequences. *Science in China Series C*, 49: 235-242. DOI: 10.1007/s11427-006-0235-y
- Dwifajri S., Tapilatu R.F., Pranata B., Kusuma A.B. 2022. Molecular phylogeny of grouper of *Epinephelus* genus in Jayapura, Papua, Indonesia inferred from Cytochrome Oxidase I (COI) gene. *Biodiversitas* 23 (3): 1449-1456. DOI <https://doi.org/10.13057/biodiv/d230332>

- Fakhri, F., I. Narayani, I.G.N.K. Mahardika. 2015. Keragaman genetik ikan cakalang (*Katsuwonus Pelamis*) dari Kabupaten Jembrana dan Karangasem, Bali. *Jurnal Biologi*, 19(1) : 11-14
- Froese, R., & Pauly, D. 2025. FishBase (version Feb 2018). In O. Bánki, Y. Roskov, M. Döring, G. Ower, D. R. Hernández Robles, C. A. Plata Corredor, T. Stjernaagaard Jeppesen, A. Örn, T. Pape, D. Hobern, S. Garnett, H. Little, R. E. DeWalt, K. Ma, J. Miller, T. Orrell, R. Aalbu, J. Abbott, R. Adlard, et al., *Catalogue of Life (Version 2025-03-14)*. Catalogue of Life, Amsterdam, Netherlands. <https://doi.org/10.48580/dgjc7-37v>
- Giyanto, Abrar, M., Hadi, T. A., Budiyanto, A., Hafizt, M., Salatalohy, A., & Iswari, M. Y. (2017). Status Terumbu Karang Indonesia 2017. Giyanto Muhammad Abrar Tri Aryono Hadi Agus Budiyanto Muhammad Hafizt Abdullah Salatalohy Marindah Yulia Iswari COREMAP-CTI Pusat Penelitian Oseanografi – LIPI (Issue June).
- Heemstra, P.C.; Randall, J.E. 1993. *FAO Species Catalogue Vol. 16. Groupers of the world (Family Serranidae, Subfamily Epinephelinae)*. An annotated and illustrated catalogue of the grouper, rockcod, hind, coral, grouper, and lyretail species known to date. *Fao Fish. Synop.* 16, 382.
- Hendiari, I. G. A. D., Sartimbul, A., Arthana, I. W., & Kartika, G. R. A. 2020. Keragaman genetik ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) di wilayah perairan Indonesia. *Acta Aquatica: Aquatic Sciences Journal*, 7(1), 28. <https://doi.org/10.29103/aa.v7i1.2405>
- iBOL. 2021. iBOL Data Release. Biodiversity Institute of Ontario, University of Guelph, 50 Stone Rd West, Guelph, Ontario N1G2W1
- Irmawati, 2016. Genetika populasi ikan. Andi offset. 168(1): 83–95.
- Jamal, M., Sondita, M.F.A., Haluan, J. and Wiryawan, B., 2011. Pemanfaatan data biologi ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) dalam rangka pengelolaan perikanan bertanggung jawab di perairan Teluk Bone. *Jurnal Natur Indonesia*, 14(1), pp.107-113.
- Jefri, E., 2015. Keragaman Genetik dan Rekonstruksi Filogeni Ikan Kerapu Genus *Epinephelus* dari Beberapa Perairan Indonesia (Doctoral dissertation, Bogor Agricultural University (IPB)).
- Kimmerling, N., Zuqert, O., Amitai, G., Gurevich, T., Armoza-Zvuloni, R., Kolesnikov, I., Berenshtein, I., Melamed, S., Gilad, S., Benjamin, S. and Rivlin, A., 2018. Quantitative species-level ecology of reef fish larvae via metabarcoding. *Nature ecology & evolution*, 2(2): 306-316. <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0413-2>
- Kumar S., Stecher, G., Suleski, M., Sanderford, M., Sharma, S., Tamura, K. 2024. MEGA12: Molecular Evolutionary Genetic Analysis Version 12 for Adaptive and Green Computing. *Molecular Biology and Evolution* 41: 1–9. <https://doi.org/10.1093/molbev/msae263>.
- Kusuma, A. B., Tapilatu, R. F., & Tururaja, T. S. 2021. Identifikasi Morfologi Ikan Kerapu (*Serranidae: Epinephelinae*) Yang Didaratkan Di Waisai Raja Ampat. *Jurnal Enggano*, 6(1), 37–46. <https://doi.org/10.31186/jenggano.6.1.37-46>
- Leatemia, S.P.O., Manumpil, A.W., Saleky, D., & Dailami, M., 2018. DNA Barcode dan Molekuler Filogeni Turbo sp. di Perairan. *Prosiding Seminar Nasional MIPA UNIPA Ke-3*. 3:103–114
- Leigh, J.W.; Bryant, D. 2015. PopArt: Full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution* 6: 1110–1116. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12410>
- Li,Y. and Lin,L.2015. DNA barcoding of fishes in the South China Sea Third Institute of Oceanography, State Oceanic Administration, Laboratory of Marine Biology and Ecology, Daxue Road 178, Xiamen, Fujian Province 361005, P.R. China
- Limmon, G., Delrieu-Trottin, E., Patikawa, J., Rijoly, F., Dahrudin, H., Busson, F., Steinke, D. and Hubert, N., 2020. Assessing species diversity of Coral Triangle artisanal fisheries: A DNA barcode reference library for the shore fishes retailed at Ambon harbor (Indonesia). *Ecology and Evolution*, 10(7): 3356-3366. <https://doi.org/10.1002/ece3.6128>
- Mandal A, Anjali KM,Thampi Samraj YC. 2014. Molecular identification of commonly available grouper species in Indian coastal waters. Submitted (21-MAR-2014) Central Genetics Lab, Rajiv Gandhi Centre for Aquaculture, 3/197, Poompuhar Road, Sirkazhi, Tamilnadu 609109, India.
- Martinez, A.S., Willoughby, J.R., & Christie, M.R., 2018. Genetic diversity in fishes is influenced by habitat type and life-history variation. *Ecology and Evolution*, 8(23): 12022–12031. doi : 10.1002/ece3.4661
- Mwita C.J. & Chuhila Y.J. 2023. Fish DNA barcoding: advances and challenges. *Frontiers in Aquaculture Biotechnology*, 171-185. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-91240-2.00013-0>.
- Nei M. 1972. Genetic distance between population. *American Nature*, 106: 283- 292.
- Nei, M. 1987. *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University Press, New York.

- Noviasri, A.D., 2016. Analisis struktur populasi Ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) dari Perairan Jawa Timur menggunakan teknik DNA sequencing. [Skripsi]. Universitas Brawijaya.
- Palumbi, S.R. and Wilson, A.C., 1990. Mitochondrial DNA diversity in the sea urchins *Strongylocentrotus purpuratus* and *S. droebachiensis*. *Evolution*, 44(2): 403-415. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1990.tb05208.x>
- Purwanto, Andradi-Brown, D.A., Matualage, D., Rumengan, I., Awaludinnoer, Pada, D., Hidayat, N.I., Amkieltiela, Fox, H.E., Fox, M. and Mangubhai, S. 2021. The Bird's Head Seascape Marine Protected Area network—Preventing biodiversity and ecosystem service loss amidst rapid change in Papua, Indonesia. *Conservation Science and Practice*, 3(6), p.e393. <https://doi.org/10.1111/csp2.393>
- Rahayu, D.A., Nugroho, E.D. and Listyorini, D. 2019. DNA barcoding ikan introduksi khas Telaga Sari, Kabupaten Pasuruan. *Biotropika: Journal of Tropical Biology*, 7(2), pp.51-62. <https://doi.org/10.21776/ub.biotropika.2019.007.02.2>
- Raza, M., Khan, A.M., Khan, A.A., Bukhari, S.A.R., Panhwar, S.K. and Ashfaq, M. 2025. Genetic diversity of nearly threatened and vulnerable species of Serranidae fish family from the coastal area of Pakistan, *Journal of Asia-Pacific Biodiversity*, <https://doi.org/10.1016/j.japb.2025.01.011>
- Rozas J, Ferrer-Mata A, Sanchez-DelBarrio JC, Guirao-Rico S, Librado P, Ramos-Onsins SE, et al. 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution* 34(12):3299–302. doi: 10.1093/molbev/msx248. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>.
- Rumondang R., Aulia P., Sari I., Sari P., Ningsih D.A. 2023. Formulasi Pakan Ikan Kerapu. *Eureka Media Aksara*. Purbalingga. pp. 91.
- Sakai, A.K., F.W. Allendorf., J.S. Holt, D.M. Lodge., J. Molofsky, K.A. With, S. Baughman, R.J. Cabin, J.E. Cohen, N.C. Ellstrand. D.E. McCauley, P. O'Neil, I.M. Parker, J.N. Thompson, S.G. Weller. 2001 The population biology of invasive species. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 32 : 305-332
- Tapilatu, R.F., Tururaja, T.S. and Sipriyadi, A.B.K., 2021. Molecular Phylogeny Reconstruction of Grouper (Serranidae: Epinephelinae) at Northern Part of Bird's Head Seascape-Papua Inferred from COI Gene. *Fish Aquat Sci*. 2021;24(5):181-190. <https://doi.org/10.47853/FAS.2021.e18>
- Toha AHA, Ambariyanto A, Widodo W, Hakim L, Sumitro SB, Aminin ALN. 2022. Genetic Diversity and Connectivity of Sea Urchin *Tripteneustes gratilla* in Region Surrounding Cenderawasih Bay, Papua-Indonesia and Indo-Pacific. *Journal of Biosciences HAYATI* 29 (2):155-163.DOI:10.4308/hjb.29.2.155-163.
- Toha, A.H.A., Widodo, Hakim, L., Sumitro, S.B. 2021. Panduan dasar analisis data genetik untuk publikasi. Penerbit Brainy Bee, Malang. 64h.
- Vineesh, N., Mohitha, C., Bineesh, K.K., Kumar, R.G., Swaminathan, T.R., Basheer, V.S., Gopalakrishnan, A. and Jena, J.K. 2015. National Bureau of Fish Genetic Resources (NBFGRCochin Unit), CMFRI, Ernakulam North M P.O., Kochi, Kerala 82018, India
- Ward RD, Zemplak TS, Innes BH, Last PR, Hebert PDN. 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, 360, 1847–1857. <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1716>
- Wei, X., Fu, Z., Li, J., Guo, B., Ye, Y. 2023. Genetic Structure and Phylogeography of Commercial *Mytilus unguiculatus* in China Based on Mitochondrial COI and Cytb Sequences. *Fishes* 8, 89. <https://doi.org/10.3390/fishes8020089>
- Wu, J.J., Li, G.H., Jin, F.P., Zhao, J.X., Lei, C.Y., Gao, H.T., Fu, S.Y., Zhou, R., Luo, Y.X., Xue, S.W., et al. 2022. Genetic Diversity Analysis of Mitochondrial D-Loop Region of *Anabarilius graham* in Fuxian Lake. *Acta Hydrobiol. Sin.*, 46, 385–394.
- Zhang, J. and Hanner, R. 2016. DNA Barcoding of fishes in the South China Sea. Direct Submission. Submitted (26-SEP-2008) Biodiversity Institute of Ontario, University of Guelph, 579 Gordon Street, Guelph, Ontario N1G 2W1, Canada.