

# Analisis Filogenetik Familia Ikan Kerapu *Serranidae* Berdasarkan Penandaan *Cytochrome Oxidase I* (COI) dari Pasar Ikan Lokal di Indonesia

WINDA A. FIETRI\*, ABDUL RAZAK, RAMADHAN SUMARMIN  
*Program Studi Magister Biologi, FMIPA, Universitas Negeri Padang, Padang*

Diterima: 14 Desember 2020 – Disetujui: 27 Agustus 2021  
© 2021 Jurusan Biologi FMIPA Universitas Cenderawasih

## ABSTRACT

This research aims to explain the kinship or phylogeny of grouper fish of the Serranidae family based on *Cytochrome Oxidase I* (COI). Analysis based on previous research obtained type of grouper fish inhabiting Indonesian waters. A total of 39 grouper fish were collected from local fishermen. January-April 2014. Lombok (n=12 samples) in January, Karimunjawa (n=11) in May, Lampung (n=4) in February, Kendari (n=3) in January, Madura (n=3) in April, Tanakeke (n=3) in February, and Numfor (n=3) in May. From the results of the analysis using MEGA X software obtained the level of kinship between species tested very closely, among others species *Epinephelus areolatus*, *E. merra*, *E. fasciatus*, *E. longispines*, *E. coioides*, *E. ongus*, and *E. coeruleopunctatus*. The genetic average distance of all species is 0.02. In general, the association of species found is that several species are found in the same location with almost the same morphology and food.

**Key words:** phylogenetic analysis; Serranidae family; grouper fish; COI markers.

## PENDAHULUAN

Salah satu jenis ikan yang terdapat di Indonesia adalah ikan kerapu (*Epinephelus* sp.). Kerapu merupakan salah satu ikan ekonomis yang dikonsumsi oleh masyarakat. Ikan kerapu tersebar luas di perairan pantai tropis dan subtropis, dan secara global merupakan salah satu kelompok ikan laut yang sangat penting secara komersial, mempunyai harga pasar yang tinggi dan menjadi sasaran utama perikanan. Ikan kerapu termasuk dalam famili *Serranidae* yang tergolong ikan karang yang bersifat demersal. Terdapat sebanyak 159 jenis di dunia dan 39 jenis di antaranya ditemukan di Indonesia, sedangkan 46 jenis dapat

ditemukan di Asia Tenggara (Aznardi & Madduppa, 2020).

Ikan kerapu mempunyai kecenderungan hidup soliter dan merupakan jenis ikan bertipe hermiprodit protogini (Mujiyanto *et al.*, 2015). Ikan kerapu hidup di perairan karang, seperti celah-celah karang atau di dalam gua di dasar perairan. Ikan kerapu tersebar luas pada umumnya dipasarkan meliputi perwakilan dari tiga genus yaitu *Epinephelus*, *Cromileptes*, dan *Plectropomus* (Aqil *et al.*, 2019).

Ikan kerapu merupakan kelompok ikan yang memiliki peran penting secara ekologi dan ekonomi. Secara ekologi, pada ekosistem terumbu karang kerapu merupakan predator yang tinggal pada habitat yang khusus. Secara ekonomi kerapu memiliki nilai ekonomi yang tinggi, selain itu merupakan komoditas unggulan ekspor non migas Indonesia 9.38% dari kebutuhan Hongkong sehingga keberlanjutannya berkaitan erat dengan

---

\* Alamat korespondensi:

Program Studi Magister Biologi, FMIPA, Universitas Negeri Padang, Jl. Prof. Hamka Air Tawar, Padang. E-mail: [indaayufietri@gmail.com](mailto:indaayufietri@gmail.com)

sumber pendapatan nelayan (Sulistyowati *et al.*, 2018).

Kegiatan eksploitasi ikan kerapu oleh masyarakat nelayan di perairan seperti Peukan Bada sudah berlangsung lama. Saat ini nelayan mulai merasakan adanya gejala tangkap lebih (*overfishing*) (Astuti *et al.*, 2017). Berdasarkan data BPS jumlah produksi ikan laut di Pulo Aceh pada tahun 2015 adalah sebesar 572 ton/tahun, di mana 7,9 ton (1,4%) diantaranya adalah ikan kerapu, hal ini menunjukkan bahwa populasi ikan kerapu di Pulo Aceh adalah kecil berbanding populasi ikan lainnya. Penangkapan ikan kerapu yang semakin intensif tanpa memperhatikan ukuran layak tangkap dapat meningkatnya ancaman terhadap kelompok ikan Serranidae ini (Ramadhani *et al.*, 2017).

Potensi ikan kerapu di Indonesia telah mengalami penurunan populasi akibat tekanan penangkapan. Permintaan pasar yang terus meningkat dan nilai ekonomis yang tinggi telah mendorong peningkatan intensitas penangkapan, sehingga sumberdaya ikan kerapu rentan terhadap ancaman kepunahan. Selain hal tersebut, aktivitas penangkapan dengan menggunakan alat tangkap yang tidak ramah lingkungan masih terjadi, seperti penggunaan bius, bom dan penggunaan alat bantu pernapasan (kompesor). Penggunaan alat tangkap tersebut dapat merusak ekosistem terumbu karang yang merupakan habitat ikan (Setiawan *et al.*, 2019).

Metode DNA-barcoding digunakan karena metode ini mampu mengidentifikasi spesies secara cepat baik dalam bentuk segar, beku, awetan, maupun spesimen. Metode ini pertama kali dikembangkan oleh Herbert dan kawan-kawan. Mereka memberikan solusi untuk validasi spesies dengan menggunakan marka gen COI yang terletak pada segmen mitokondria sehingga mampu menelusuri variasi basa nukleotida pada setiap spesies, sehingga hubungan kekerabatan antar ikan kerapu dapat diketahui (Kamal *et al.*, 2019).

Untuk memperkaya khasanah ilmiah terkait dengan famili ikan kerapu *Serranidae* ini, serta untuk mendeskripsikan klasifikasi filogenetik melalui analisis kekerabatan, penulis

memodifikasi penelitian sebelumnya dengan melanjutkan analisis kekerabatan antar spesies yang terdapat di perairan Indonesia. Oleh karena itu perlu dilakukan studi keterkaitannya melalui analisis pohon filogenetik ikan kerapu di Perairan Indonesia menggunakan 39 ikan kerapu *Chytocrome Oxydase I* (COI) untuk mengetahui keragaman genetik, kekerabatan, garis keturunan, memperkaya data plasma nutfah, dan mendukung perkembangbiakan program berkembang biak di masa depan.

## METODE PENELITIAN

Penelitian ini dibuat dalam bentuk modifikasi dari penelitian sebelumnya dengan melanjutkan analisis keterkaitan antara ikan kerapu yang ditemukan di perairan Indonesia dari pasar lokal. Penelitian ini menggunakan pendekatan deskriptif kualitatif. Penelitian deskriptif kualitatif ini bertujuan untuk mengetahui urutan basa nukleotida ikan *Serranidae* dengan COI melalui pembacaan urutan yang kemudian digunakan sebagai bahan pembuatan pohon filogenetik.

Analisis dilakukan dengan menggunakan perangkat lunak MEGA X (free version). MEGA (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*) adalah segala bentuk perangkat lunak (*software*) komputer yang telah ada ditemukan pada tahun 1993. Perangkat ini sangat berguna sebagai alat statistik dalam melakukan analisis molekuler. Alat ini sering digunakan untuk mempelajari terjadinya evolusi pada materi genetik suatu organisme, yang dipelajari dalam ilmu Bioinformatika dan Biosistematik. Analisis dilakukan terhadap spesies ikan dari famili *Serranidae* yang sebagian besar terdapat pada perairan Indonesia dari asal lokal.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Subfamili Epinephelinae merupakan kelompok ikan laut karnivora yang termasuk dalam famili Serranidae. Sebagian besar spesies ikan kerapu menempati terumbu karang, tetapi

beberapa menghuni muara atau di terumbu karang. Ikan kerapu memiliki nilai ekonomi yang potensial di bidang perikanan. Namun, klasifikasi dan hubungan evolusinya sering kali dibatasi oleh jumlah spesies yang luar biasa, distribusi yang luas, dan kurangnya kunci morfologi yang digunakan dalam klasifikasi (Ariyanti & Farajallah, 2019).

Ikan kerapu (Grouper) pada umumnya hidup pada ekosistem terumbu karang yang memiliki nilai ekologis penting karena sebagai predator utama dalam rantai makanan. Selain bernilai ekologis, ikan kerapu juga memiliki nilai ekonomis penting, diantaranya menjadi komoditi perikanan karang paling banyak dieksploitasi baik di pasar domestik maupun internasional (Astuti *et al.*, 2017).

Hasil Penelitian ini menjelaskan analisis hubungan antara ikan kerapu (*Epinephelus*) yang ditemukan di perairan Indonesia. Sebanyak 39 ikan kerapu dikumpulkan dari nelayan lokal. Januari-April 2014. Lombok (n=12 sampel) di bulan Januari, Karimunjawa (n=11) di bulan Mei, Lampung (n=4) pada bulan Februari, Kendari (n=3) pada bulan Januari, Madura (n=3) pada bulan April, Tanakeke (n=3) pada bulan Februari, dan Numfor (n=3) di bulan Mei. Spesies yang akan diuji adalah spesies yang paling banyak ditemukan berdasarkan penelitian sebelumnya, antara lain *Epinephelus areolatus*, *E. merra*, *E. fasciatus*, *E. longispinis*, *E. coioides*, *E. ongus* dan *E. coeruleopunctatus*.

Filogeni bertujuan untuk merepresentasikan sejarah evolusi organisme dengan mendefinisikan gugus alami (*monophyletic*). Penyusunan klasifikasi filogenetik merupakan cara terbaik untuk menyusun informasi keanekaragaman hayati dan telah menjadi praktik universal dalam klasifikasi biologi. Pemahaman tidak hanya tentang keanekaragaman spesifik tetapi juga keanekaragaman filogenetik memberi kita pandangan komparatif tentang evolusi dan distribusi karakteristik di antara garis keturunan, baik itu morfologi, biologis, atau molekuler. Segala jenis karakteristik didistribusikan di antara makhluk hidup menurut asal filogenetiknya, dan dengan demikian berfungsi sebagai sumber

informasi untuk penemuan sejarah filogenetik (Malabarba & Malabarba, 2019).

Pengetahuan tentang hubungan kekerabatan suatu spesies diperlukan untuk mempelajari evolusi beberapa taksa yang memiliki kekerabatan dengan membandingkan sekuen DNA nya. Ilmu filogenetik dapat memperkirakan evolusi yang terjadi pada masa lalu dengan membandingkan sekuens DNA atau Protein. Filogenetik dapat menunjukkan hubungan evolusioner dari suatu organisme yang disimpulkan dari data morfologi dan molekuler (Akbar *et al.*, 2018).

Identifikasi spesies menggunakan DNA mitokondria memiliki keuntungan karena ukurannya lebih kecil, jumlah salinannya banyak, informasi urutan DNA tersedia lengkap untuk organisme akuatik, dan tidak ada rentang non-coding. DNA barcoding merupakan metode yang sering digunakan dalam forensik taksonomi karena efektif dalam mengidentifikasi dalam berbagai kondisi sampel uji dan tidak menghasilkan data yang ambigu (Yusman *et al.*, 2016).

Penggunaan data morfometrik dinilai penting untuk menentukan apakah ikan yang tertangkap sudah layak untuk diambil, sedangkan penggunaan DNA barcoding dilakukan untuk memverifikasi apakah ada kesalahan atau tidak dalam penentuan taksonomi ikan yang diteliti, karena selama ini beberapa spesies ikan mengalami ambiguitas dalam taksonomi. Genetika molekuler dibutuhkan terkait dengan ketepatan mengidentifikasi spesies dan mendukung hasil identifikasi berdasarkan sifat morfologi. Identifikasi secara akurat pada suatu organisme dari tingkat genus hingga subspecies secara morfologi sulit dibedakan dan menimbulkan ambiguitas, sehingga dapat menggunakan DNA barcoding. *Ambiguitas* dan kesalahan dalam identifikasi suatu spesies dapat menjadi ancaman bagi kegiatan konservasi maupun perikanan berkelanjutan. Beberapa penelitian telah mampu mengidentifikasi ikan komersil dari perairan Indonesia menggunakan teknik genetika molekuler diantaranya pada ikan kakap (Lutjanus), kerapu (*Epinephelus*), makarel

(*Scomberomorus*), dan tuna (*Thunnus*) (Rahim & Madduppa, 2020).

Autentikasi label pangan dapat dilakukan berdasarkan protein dan DNA. DNA barcoding merupakan metode berdasarkan perbedaan urutan nukleotida gen terstandar 655-bp gen cytochrome c oxidase I (COI) sehingga dapat mengidentifikasi spesies dengan tingkat kesesuaian tinggi. DNA barcoding merupakan metode taksonomi menggunakan penanda genetik pendek dari bagian genom DNA standar yang secara umum didasarkan pada amplifikasi fragmen DNA pendek pada mitokondria genom (Abdullah *et al.*, 2019).

Identifikasi secara molekuler melalui media DNA Barcoding memiliki kelebihan dalam identifikasi spesies dan terbukti berhasil diberbagai organisme laut seperti ikan pari. Sistem identifikasi berbasis DNA Barcoding bersifat aplikatif untuk semua jenis hewan terlebih untuk identifikasi ikan. Metode ini pertama kali dikembangkan oleh Herbert dkk. (Aznardi, 2020) dengan menggunakan marka gen COI yang terletak pada mitokondria sehingga mampu menelusuri variasi basa nukleotida pada setiap spesies.

Gen CO 1 memiliki banyak kelebihan untuk mempelajari karakteristik genetik karena sedikit sekali mengalami delesi dan insersi pada sekuennya, serta banyak bagian yang bersifat konservasi sehingga dapat digunakan sebagai DNA barcoding pada sebagian besar spesies. Gen CO 1 juga dapat digunakan untuk merekonstruksi filogenetik pada cabang evolusi tingkat spesies. Selain itu susunan asam amino dari protein yang disandi gen CO 1 jarang mengalami substitusi sehingga gen CO 1 bersifat stabil dan dapat digunakan sebagai penanda analisis filogeni, namun basa-basa pada triple kodonnya masih berubah dan bersifat silent yaitu perubahan basa yang tidak merubah jenis asam amino (Wirdateti *et al.*, 2016).

Mitokondria khususnya mitokondria DNA (mtDNA) merupakan sebuah untaian DNA yang diturunkan oleh induk betina dan mtDNA baik digunakan untuk menganalisis distribusi maupun keturunan dari suatu spesies. Observasi mtDNA

dilaporkan telah menunjang berbagai penelitian untuk mendapatkan informasi yang baik dalam mempelajari struktur genetic, di antara populasi ikan (Ngurah *et al.*, 2015).

Mitochondrial Cytochrome c Oxidase subunit I (COI) adalah gen DNA mitokondria yang mengkode protein, yang membantu respirasi sel. Daerah 650 pasangan basa COI mitokondria dianggap sebagai kode batang universal untuk hewan karena tingkat mutasinya yang relatif cepat dalam skala waktu yang relatif singkat, memiliki jumlah ekson yang tinggi, ketersediaan yang tinggi di seluruh sel, dan warisan ibu (Imtiaz *et al.*, 2017).

Analisis yang dilakukan beranjak dari penelitian awal yang dilakukan oleh Jefri *et al.* (2015), melakukan analisis BLAST pada *Serranidae* yang diperoleh dari NCBI (National Center For Biotechnology Information) Gen Bank. Filogeni dibuat dengan menggunakan filogenetik analisis Neighbor Joining (NJ) dan metode Maximum Likelihood (ML) dengan Kimura 2-parameter. Penelitian dilakukan melalui amplifikasi DNA menggunakan mitokondria sitokrom oksidase I menghasilkan urutan panjang 526 pasangan basa semua sampel. Sebanyak tujuh spesies ikan kerapu yang dikarakterisasi yaitu (*Epinephelus areolatus*, *E. merra*, *E. fasciatus*, *E. longispinis*, *E. coioides*, *E. ongus* dan *E. coeruleopunctatus*). Semuanya ditemukan termasuk dalam 7 klade berbeda di pohon filogenetik yang dibangun. *E. ongus* secara genetik paling dekat dengan *E. coeruleopunctatus* dengan jarak genetik 0,091 (9%), sedangkan jarak genetik terjauh berhasil diidentifikasi antara *E. ongus* dan *E. Merra* 0,178 dengan jarak genetik(18%) (Jefri *et al.*, 2015).

Selain itu, penelitian yang dilakukan oleh Kamal *et al.* (2019), analisis DNA, sebanyak 30 mg daging sirip dari setiap ikan contoh diambil untuk dilakukan isolasi dan ekstraksi DNA, kemudian visualisasi elektroforesis dan fragmentasi DNA gen COI dengan metode PCR sekuensing. Setelah diekstraksi, diperoleh 20 sampel DNA yang tervisualisasi dengan baik, yang dari jumlah tersebut terdapat 16 sampel dapat diamplifikasi. Hasilnya menunjukkan terdapat 6 spesies yang terautentikasi. Kelompok pertama adalah *Variola*

*albimarginata*, *Cephalopholis urodeta*, dan *C. sexmaculata* dengan tingkat kemiripannya  $\geq 97\%$ . Berikutnya *C. boenak*, *Epinephelus merra*, dan *Scolopsis vosmeri* tingkat kemiripannya  $\leq 97\%$ . Bila dibandingkan hasil autentikasi DNA, hasil penelitian menunjukkan bahwa 13 sampel atau  $> 80\%$  tidak teridentifikasi dengan benar secara morfologis. Berdasarkan jarak genetik, pohon filogeni membentuk 2 clade antara Serranidae dan Nemipteridae. Hasil penelitian menunjukkan bahwa penggunaan marka gen COI sangat efektif untuk autentikasi spesies yang dapat dijadikan sebagai instrumen dalam pemanfaatan dan pengelolaan ikan kerapu (Kamal *et al.*, 2019).

Pada penelitian ini ditemukan beberapa urutan ikan kerapu, antara lain *Epinephelus areolatus*, *E. merra*, *E. fasciatus*, *E. longispinis*, *E. coioides*, *E. Ongus*, dan *E. coeruleopunctatus*. Sekuens

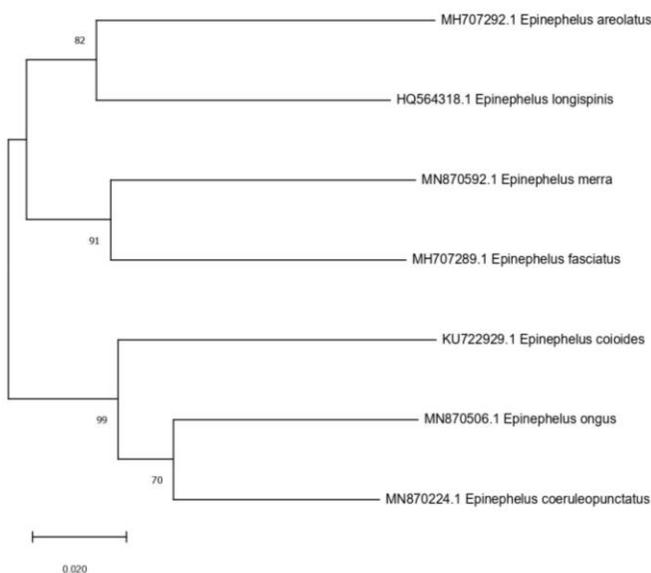
gen dianalisis menggunakan program MEGA X, dimana urutan sekuens gen diperoleh dari National Center for Biotechnology Information (NCBI) Gen Bank. Urutan sekuens COI yang dipilih kemudian disimpan dalam format FASTA dan beberapa penyelarasan urutan dilakukan di program MEGA X. Pohon filogeni dibuat dengan menggunakan filogenetik analisis Neighbor

Joining (NJ) dan metode Maximum Likelihood (ML) dengan Kimura 2-parameter.

Sekuens nukleotida dianalisis pensejajaran sekuens (edit/alignment build) dengan Clustal-W menggunakan software MEGA X. Sekuens yang memiliki banyak kemiripan dipotong pada ujung 5', ujung 3' atau keduanya. Analisis filogenetika menggunakan metode maksimum likelihood dengan bootstrap sebanyak 1000 menggunakan model Kimura 2-parameter. Pohon filogenetik yang sudah terbentuk terbagi menjadi 2 jenis yakni original dan hasil bootstrap (Anafarida, 2020).

Hasil analisis dengan menggunakan software MEGA X dan memperoleh data pohon filogenetik serta analisis jarak genetik antar spesies yang ditemukan (Tabel 1). Hasil analisis filogenetik (Gambar 1) menunjukkan bahwa spesies *Epinephelus areolatus* sangat dekat dengan *E. longispinis* (82%), *E. merra*, dan *E. longispinis* juga lebih dekat. Untuk *E. fasciatus* sangat dekat dengan *E. merra* (91%), *E. coioides* dan *E. fasciatus* juga lebih dekat. Untuk *E. coioides*, *E. ongus*, dan *E. coeruleopunctatus* memiliki kekerabatan sangat dekat yaitu (99%), *E. ongus* dan *E. coeruleopunctatus* juga memiliki kekerabatan dekat (70%) dan sedikit lebih jauh dari *E. areolatus*. Namun berdasarkan data tersebut, diperkirakan masing-masing *Epinephelus* memiliki kekerabatan yang erat dengan kelompok *Epinephelus* lainnya. Pada pohon filogenetik, jenis ikan karang ini membentuk kelompok yang sangat berkaitan, didukung oleh nilai bootstrap yang tinggi (99, 91, 82, dan 70 %) dan jarak genetik rata-rata 0,02.

Tujuh klade membentuk pengelompokan dan menunjukkan solid pohon filogeni, setiap klade menunjukkan nilai bootstrap 99%, 91%, 82% dan 70%. Secara morfologis spesies *Epinephelus* spp. sulit dibedakan karena ciri-ciri utamanya sangat mirip, tetapi memang demikian dikonfirmasi oleh hasil analisis molekuler. Mitokondria Gen COI merupakan daerah ideal untuk barcode spesies. DNA barcode dapat digunakan untuk analisis cepat terkait tujuan komersial terutama konfirmasi untuk spesies tertentu. Kajian ini tentunya menjadi data penting dalam pengelolaan genetik untuk konservasi berkelanjutan dan



Gambar 1. Pohon filogeni ikan kerapu *Serranidae* di Indonesia dikumpulkan dari pasar ikan lokal.

Tabel 1. Analisis jarak genetik antar spesies *Epinephelus*.

	1	2	3	4	5	6	7
1. MH707292.1 <i>Epinephelus areolatus</i>							
2. MN870592.1 <i>Epinephelus merra</i>	0.1650						
3. MH707289.1 <i>Epinephelus fasciatus</i>	0.1623	0.1281					
4. HQ564318.1 <i>Epinephelus longispinis</i>	0.1352	0.1663	0.1651				
5. KU722929.1 <i>Epinephelus coioides</i>	0.1842	0.1833	0.1779	0.1653			
6. MN870506.1 <i>Epinephelus ongus</i>	0.1868	0.1758	0.1660	0.1794	0.1202		
7. MN870224.1 <i>Epinephelus coeruleopunctatus</i>	0.1827	0.1563	0.1671	0.1442	0.1357	0.0962	

perdagangan ikan kerapu (*Epinephelus* spp.) di Indonesia (Jefri *et al.*, 2015).

Selain morfologi yang mirip, karakteristik habitat juga menjadi salah satu penyebab keterkaitan pohon filogeni, habitat ikan kerapu terdapat di kedalaman  $\pm$  10-11 meter ikan kerapu lebih menyukai di dasar karang keras yang didominasi oleh karang massive yang membentuk celah atau lubang-lubang di dasar koloni karang. Perilaku ikan kerapu memiliki kecenderungan kewilayah dengan kecerahan rendah (agak gelap) dengan pergerakannya cenderung bergerak ke perairan yang lebih dalam (Mujiyanto *et al.*, 2015).

Kerapu areolat *Epinephelus areolatus* merupakan jenis kerapu protogini yang tersebar luas di Samudera Hindia Barat, Samudera Hindia Timur, dan Pasifik Tengah Bagian Barat. Dibandingkan spesies kerapu lainnya, *E. areolatus* dicirikan oleh (1) ketergantungannya pada habitat vegetasi, yaitu alga dan padang lamun, dan (2) berukuran relatif kecil dengan total panjang teramati maksimum 470 mm. Pemanenan *E. areolatus* biasanya dilakukan di bagian barat Teluk bersama dengan spesies kerapu lainnya. Pemanenan dilakukan menggunakan perangkap, jaring insang, tali rawai, dan tali pancing (Lin *et al.*, 2019).

Spesies *E. fasciatus* dapat mentolerir suhu pada kisaran 23-27°C. Ikan ini berasosiasi dengan karang, dapat hidup pada kedalaman 20-45 meter. *E. fasciatus* yang mudah beradaptasi pada kondisi lingkungan perairan dari laguna sampai daerah terumbu karang (Astuti *et al.*, 2016).

*E. coioides*, ikan laut air hangat berukuran

besar dan sedang yang tersebar luas di perairan tropis dan subtropis, adalah ikan ekonomi penting dan dibudidayakan secara luas di Cina Selatan (Huang *et al.*, 2020). Ikan kerapu lumpur (*Epinephelus coioides*) memiliki kepala yang besar, mulut lebar, dan tubuhnya ditutupi sisik-sisik kecil. Bagian tepi operculum, bergerigi dan terdapat duri-duri pada operculum. Letak dua sirip punggungnya (yang pertama berbentuk duri-duri), terpisah. Semua jenis kerapu mempunyai tiga duri pada sirip dubur dan tiga duri pada bagian tepi operculum (Sasongko *et al.*, 2013).

Ikan kerapu totol putih *Epinephelus coeruleopunctatus* ditemukan di perairan Kota Padang (Ramadhani *et al.*, 2017). Ikan kerapu berbintik putih *E. coeruleopunctatus* merupakan salah satu ikan komersil yang terdapat di perairan kota Padang. Namun seperti spesies kerapu lainnya, spesies ini juga langka dan sulit ditangkap (Bulanin *et al.*, 2017).

Analisis metode maximum likelihood menggunakan model Kimura-2 merekonstruksi kekerabatan antar spesies berdasarkan panjang garis cabang. Panjang garis yang berbeda menunjukkan tingkat evolusi masing-masing spesies. Garis yang semakin panjang menunjukkan jarak evolusi semakin jauh sedangkan garis yang lebih pendek menunjukkan dekatnya jarak evolusi suatu spesies (Anafarida, 2020).

Hasil penelitian lain juga menunjukkan bahwa masing-masing spesies yaitu *Epinephelus areolatus*, *E. merra*, *E. fasciatus*, *E. longispinis*, *E. coioides*, *E. ongus* dan *E. coeruleopunctatus* menunjukkan kemiripan dengan nilai 99 - 100%.

Data jarak genetik yang diperoleh dari tujuh spesies berkisar antara 0,091 (9%) hingga 0,178 (18%). Semakin dekatnya jarak genetik satu spesies dengan spesies lain artinya gen COI memiliki kemiripan lebih dekat dan nilai jarak genetik masih pada batas tengah (Jefri *et al.*, 2015).

Hasil analisis jarak genetik menunjukkan bahwa jarak terdekat adalah antara *E. coeruleopunctatus* dan *E. ongus* (9,62%). Sedangkan jarak terjauh adalah antara *E. ongus* dan *E. areolatus* (18,68%). Dari hasil pengamatan, jarak genetik antara *E. areolatus* dengan *Epinephelus* lainnya bervariasi di antaranya terhadap *E. merra* (16,5%), *E. fasciatus* (16,23%), *E. longispinis* (13,52%), *E. coioides* (18,42%), dan *E. coeruleopunctatus* (18,27%). Jarak genetik antara *E. merra* dan *Epinephelus* lainnya juga bervariasi diantaranya terhadap *E. fasciatus* (12,81%), *E. longispinis* (16,63%), *E. coioides* (18,33%), *E. ongus* (17,58%), dan *E. coeruleopunctatus* (15,63%).

Jarak genetik antara *E. fasciatus* dan *Epinephelus* lainnya juga bervariasi diantaranya terhadap *E. longispinis* (16,51%), *E. coioides* (17,79%), *E. ongus* (16,6%), dan *E. coeruleopunctatus* (16,71%). Jarak genetik antara *E. longispinis* dengan *Epinephelus* lainnya tidak terlalu bervariasi di antaranya *E. coioides* (16,53%), *E. ongus* (17,94%), dan *E. coeruleopunctatus* (14,42%). Jarak genetik antara *E. coioides* dan *Epinephelus* lainnya hanya terhadap dua spesies yaitu *E. ongus* (12,02%) dan *E. coeruleopunctatus* (13,57%).

Jarak genetik dihitung menggunakan metode Kimura-2-parameter yang terintegrasi di dalam MEGA X. Analisis jarak genetik merupakan analisis berdasarkan penghitungan matriks dari "jarak" antar pasangan basa antara sekuens yang mendekati jarak evolusioner (Monalisa *et al.*, 2019).

Penelitian serupa juga menyebutkan bahwa jarak antar sekuens atau jarak genetik antar ikan kerapu mendapatkan bahwa jarak genetik terendah yaitu 0,002 (0,2%) terlihat antara kode sampel. Berdasarkan konstruksi pohon filogeni, semua individu yang memiliki hubungan kekerabatan dekat berada pada simpul-simpul ranting yang berdekatan, dan setiap genus membentuk klaster (clade) seperti yang terlihat

pada genus *Cephalopholis*, *Variola*, *Epinephelus*, dan *Scolopsis* (Kamal *et al.*, 2019).

## KESIMPULAN

Berdasarkan hasil analisis kekerabatan ikan kerapu Serranidae yang terdapat di perairan Indonesia, ditemukan bahwa ikan genus *Serranidae* di perairan Indonesia sangat erat kaitannya dengan tingkat kesesuaian basa nitrogen yang mencapai 99% di klade yang sama. Hal ini terlihat setelah melalui proses analisis menggunakan software MEGA X dengan metode neighbour join membentuk pohon filogenetik. Jika dilihat dari pohon filogenetiknya, ikan genus *Serranidae* menunjukkan hubungan yang erat berdasarkan lokasi ditemukannya.

## DAFTAR PUSTAKA

- Abdullah, A., H. A. Sativa, T. Nurhayati, dan M. Nurilmala. 2019. Pemanfaatan DNA barcoding untuk ketertelusuran label berbagai produk olahan ikan berbasis surimi komersial. *Jphpi*. 22: 508-519.
- Akbar, N., M. Aris, M. Irfan, I. Tahir, dan A. Baksir. 2018. Kajian filogenetik ikan tuna (*Thunnus* spp) sebagai data pengelolaan di perairan sekitar Kepulauan Maluku, Indonesia. *Jurnal Kelautan: Indonesian Journal of Marine Science and Technology*. 11(2): 120. <https://doi.org/10.21107/jk.v11i2.3459>.
- Anafarida, O. 2020. Analisis filogenetik mangga (*Mangifera* spp.) berdasarkan gen 5S rRNA *Olivia anafarida* dan *Badruzaufari*. 45: 120-126.
- Aqil, M., I. Nur, L.O.B. Abidin, dan Megawati. 2019. Deteksi megalocytivirus pada ikan kerapu budidaya di Sulawesi Tenggara menggunakan metode *polymerase chain reaction* berdasarkan gen major capsid protein. *Media Akuatika*. 4(2): 61-67.
- Ariyanti, Y., and A. Farajallah. 2019. Species confirmation of juvenile cloudy grouper, *Epinephelus erythrurus* (Valenciennes, 1828), based on a morphologic analysis and partial co1 gene sequencing. *Biodiversitas*. 20(3): 914-921. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d200341>
- Astuti, R., Yonvitner, dan M. Kamal. 2017. Kajian stok ikan kerapu. *Journal of Chemical Information and Modeling*. 8(9): 1-58.
- Astuti, Rika, Yonvitner, dan M.M. Kamal. 2016. Struktur komunitas ikan kerapu (*Serranidae*) yang didaratkan di Kecamatan Peukan Bada, Provinsi Aceh. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*. 8(1): 73-84.

- Aznardi, H.M.S. 2020. Identification of grouper (*Epinephelus* sp) at Muara. 48: 1-6.
- Bulanin, U., M. Masrizal, and Z.A. Muchlisin. 2017. Length-weight relationships and condition factors of the whitespotted grouper *Epinephelus coeruleopunctatus* in the coastal waters of Padang City, Indonesia. *Aceh Journal of Animal Science*. 2(1): 23-27. <https://doi.org/10.13170/ajas.2.1.6570>.
- Huang, L., W. Qi, Y. Zuo, S.A. Alias, and W. Xu. 2020. The immune response of a warm water fish orange-spotted grouper (*Epinephelus coioides*) infected with a typical cold water bacterial pathogen *Aeromonas salmonicida* is ahr dependent. *Developmental and Comparative Immunology*, 113: 103779. <https://doi.org/10.1016/j.dci.2020.103779>.
- Imtiaz, A., S.A.M. Nor, and Md. D. Naim. 2017. Progress and potential of DNA barcoding for species identification of fish species. *Biodiversitas*. 18(4): 1394-1405. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d180415>
- Jefri, E., N.P. Zamani, B. Subhan. And H.H. Madduppa. 2015. Molecular phylogeny inferred from mitochondrial DNA of the grouper *Epinephelus* spp. in Indonesia collected from local fish market. *Biodiversitas*. 16(2): 254-263. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d160221>
- Kamal, M.M., A.A. Hakim, N.A. Butet, Y. Fitrianiingsih, dan R. Astuti. 2019. Autentikasi spesies ikan kerapu berdasarkan marka gen Mt-COI dari perairan Peukan Bada, Aceh. *Jurnal Biologi Tropis*. 19(2): 116. <https://doi.org/10.29303/jbt.v19i2.1245>.
- Lin, Y.J., R.H. Roa-Ureta, L. Rabaoui, E.M. Grandcourt, R.H. Maneja, K. Al-Abdulkader, and M.A. Qurban. 2019. Association to vegetated habitats and different vulnerability to habitat degradation for two fish species, *Epinephelus areolatus* (Serranidae) and *Siganus canaliculatus* (Siganidae), from the Western Arabian Gulf. *Marine Pollution Bulletin*. 141: 482-492.
- Malabarba, L.R., and M.C. Malabarba. 2019. Phylogeny and classification of neotropical fish. In *Biology and physiology of freshwater neotropical fish*. Elsevier Inc. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-815872-2.00001-4>.
- Monalisa, E., F.R. Mantiri, dan H.J. Lengkong. 2019. Kajian variasi sekuens interspesies dan filogeni kelelawar *Pteropus* sp. menggunakan gen COI. *Jurnal MIPA*. 8(2): 71. <https://doi.org/10.35799/jmuo.8.2.2019.24277>.
- Mujiyanto, R.A., S. Balai, P. Pemulihan, D. Konservasi, dan S/Ikan. 2015. Karakteristik habitat ikan kerapu di Kepulauan Karimunjawa, Jawa Tengah. *Bawal Cilalawi*. 7(1): 147-154.
- Ngurah, I.G., K. Mahardika, dan I.N. Wandia. 2015. Keragaman spesies ikan tuna di pasar ikan Kedonganan Bali dengan analisis sekuen kontrol daerah mitokondria DNA *Jurnal Veteriner*. 16(3): 416-422.
- Rahim, Z., dan H. Madduppa. 2020. Identifikasi ikan sardin komersial (*Dussumieria elopsoides*) yang didaratkan di Pasar Muara Angke, Jakarta menggunakan pengamatan morfologi, morfometrik dan DNA barcoding. *Jurnal Kelautan: Indonesian Journal of Marine Science and Technology*. 13(2): 93-99.
- Ramadhani, A., Z.A. Muchlisin, M.A. Sarong, dan A.S. Batubara. 2017. Hubungan panjang berat dan faktor kondisi ikan kerapu Famili Serranidae yang tertangkap di Perairan Pulo Aceh Kabupaten Aceh Besar, Provinsi Aceh. *Depik*. 6(2): 112-121. <https://doi.org/10.13170/depik.6.2.7017>.
- Sasongko, A.S., S. Anggoro, dan M. Yusuf. 2013. Kretek perairan Ujung Negro Kabupaten Batang. Magister Ilmu Kelautan-UNDIP, Tembalang, Semarang Jawa Tengah.
- Setiawan, H., A. Fahrudin, dan M.M. Kamal. 2019. Analisis hubungan panjang berat pada ikan Hermaphrodit: kerapu sunu (*Plectropomus leopardus*) dan kerapu macan (*Epinephelus fuscoguttatus*). *Jurnal Biologi Tropis*. 19(2): 124. <https://doi.org/10.29303/jbt.v19i2.1162>.
- Sulistiyowati, B. I., M. Kamal, Yonvitner, dan I. Yulianto. 2018. Penilaian kelompok ikan kerapu dengan pendekatan pengelolaan perikanan berbasis ekosistem di Taman Nasional Karimunjawa. *Coastal and Ocean Journal*. 1(3): 41-56.
- Wirdateti, E. Indriana, dan Handayani. 2016. Analisis sekuen DNA mitokondria cytochrome oxidase I (COI) mtDNA pada Kukang Indonesia (*Nycticebus* spp) sebagai penanda guna pengembangan identifikasi spesies. *Jurnal Biologi Indonesia*. 12(1): 119-128.
- Yusman, M.D., M. Nurilmala, N. Nurjanah, and H. Maduppa. 2016. Molecular characteristics of cytochrome B for mackerel barcoding. *Jurnal Pengolahan Hasil Perikanan Indonesia*. 19(1): 9-16.