



Filogenetik Ikan Kuro (*Eleutheronema* sp.) di Perairan Pesisir Merauke, Papua Selatan

^{1*}Dandi Saleky, ²Ferdinand C. Situmorang, ³Marius A. Welliken K.,
⁴Rosa D. Pangaribuan

^{1,3,4}Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Pertanian, Universitas Musamus, Merauke, Indonesia

²Jurusan Agrobisnis, Fakultas Pertanian, Universitas Musamus, Merauke, Indonesia

*Corresponding Author e-mail: dandi@unmus.ac.id

Received: April 2025; Revised: May 2025; Accepted: June 2025; Published: June 2025

Abstrak: Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi jenis ikan kuro (*Eleutheronema* sp.) yang dikoleksi dari perairan pesisir Merauke. Gen Cytochrome Oxidase Subunit I (COI) diamplifikasi dengan metode Polymerase Chain Reaction (PCR) menggunakan primer FISH F1 (5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3') dan FISH R1 (5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA -3'), sedangkan analisis data DNA menggunakan software Mega 11. Hasil penelitian menunjukkan bahwa sekuens DNA yang diperoleh memiliki panjang 675 pasang basa dengan hasil identifikasi adalah *Eleutheronema tetradactylum* dengan tingkat kemiripan 99.54 dan 99.85 % pada masing – masing sampel. Berdasarkan analisis filogenetik dan jarak genetik, kedua sekuen DNA yang dianalisis membentuk *clade* yang sama dengan hasil indentifikasi dengan jarak genetik 0.001. Analisis keragaman genetik ditemukan 2 *haplotype* dari kedua sampel tersebut, Jarak genetik yang kecil disebabkan karena kedua sampel yang dikoleksi berasal dari perairan yang sama. Teknik DNA *barcode* dan analisis filogenetik dapat digunakan untuk mengidentifikasi spesies dalam mendukung pengelolaan dan konservasi spesies.

Kata Kunci: *Eleutheronema tetradactylum*; DNA barcode; GEN COI; filogenetik

Abstract: This research aims to identify kuro fish (*Eleutheronema* sp.) collected from the coastal waters of Merauke. Cytochrome Oxidase Subunit I (COI) Gene was amplified by the Polymerase Chain Reaction (PCR) method, using primers FISH F1 (5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3') and FISH R1. (5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA -3'), while DNA data analysis uses Mega 11 software. Results research shows that DNA sequence obtained were 675 base pairs long with the identification result being *Eleutheronema tetradactylum* with a similarity level of 99.54 and 99.85% for each sample. Based on phylogenetic analysis and genetic distance, the two DNA sequences analyzed form the same *clade* with identification results with a genetic distance of 0.001. Analysis of genetic diversity found 2 *haplotypes* from the two samples. Both the Sample Have a small genetic distance because THEY are collected from the same waters DNA barcoding and phylogenetics can be used to identify species for management and conservation of species.

Keywords: *Eleutheronema tetradactylum*; DNA barcode; COI gene; phylogenetic

How to Cite: Saleky, D., Situmorang, F., Welliken K., M., & Pangaribuan, R. (2025). Filogenetik Ikan Kuro (*Eleutheronema* sp.) di Perairan Pesisir Merauke, Papua Selatan. *Bioscientist: Jurnal Ilmiah Biologi*, 13(2), 1038-1046. doi:<https://doi.org/10.33394/bioscientist.v13i2.13685>



<https://doi.org/10.33394/bioscientist.v13i2.13685>

Copyright© 2025, Saleky et al

This is an open-access article under the CC-BY-SA License.



PENDAHULUAN

Ikan kuro (*Eleutheronema* sp.) termasuk dalam family Polynemidae yang tersebar luas di wilayah tropis dan subtropis dari Persia hingga Bangladesh, Asia Tenggara dan perairan Australia (Qu *et al.*, 2020; Hajisamae *et al.*, 2023). Ikan kuro (*Eleutheronema* sp.) menjadi salah satu ikan ekonomis penting di wilayah Asia Tenggara (Sritakon *et al.*, 2019; Soe *et al.*, 2023) termasuk pula di wilayah Merauke. Ikan kuro merupakan spesies hermafrodit protandrous yang mampu mengubah jenis kelamin dari jantan menjadi betina pada ukuran kurang lebih 40 cm atau pada umur sekitar 2 tahun (Shihab *et al.*, 2017, Lelono *et al.*, 2021).

Ikan kuro termasuk kelompok ikan demersal yang melimpah di perairan selatan Papua khususnya di wilayah Merauke. Selain daging, pemanfaatan ikan kuro juga pada gelembung renang yang dihasilkan. Gelembung ikan merupakan hasil

sampingan nelayan yang memiliki nilai jual tinggi yang dipasarkan dengan harga Rp. 300.000 – Rp. 1.500.000 per kg (Kusminta *et al.*, 2024). Pemanfaatan sumberdaya yang terus menerus dapat memengaruhi struktur populasi ikan kuro di perairan (Kholis *et al.*, 2018). Penurunan jumlah spesies di seluruh dunia telah menjadi subjek penelitian selama beberapa dekade terakhir, kondisi tersebut membuat Pendekatan genetik sangat penting dalam studi dan konservasi spesies yang terancam punah melalui pemahaman komprehensif tentang struktur populasi, sejarah demografi, keragaman genetik (Xiao *et al.*, 2023).

Tingkat keragaman genetik populasi memegang peranan penting dalam mendukung keberlanjutan hidup populasi (Hauser *et al.*, 2019). Identifikasi secara morfologi dapat menyebabkan terjadinya kesalahan sehingga dibutuhkan teknik identifikasi secara molekuler (DNA *barcoding*). DNA *barcoding* memiliki kelebihan dalam identifikasi spesies dan terbukti berhasil diberbagai organisme laut (Fietri *et al.*, 2020). DNA *barcoding* dilakukan untuk melengkapi identifikasi morfologi yang seringkali terkendala dalam hal identifikasi spesies yang berimplikasi pada pengelolaan sumber daya laut yang lebih akurat, khususnya dalam mendukung keberlanjutan dan kelestarian ekosistem laut. tudi filogenetik bermanfaat bagi pemuliaan genetik dan upaya konservasi plasma nutfah (Putra *et al.*, 2021). Data genetik sangat penting sebagai dasar pengelolaan dan konservasi perikanan yang berhubungan dengan konektivitas antar wilayah dan juga truktur populasi Ikan dan mendukung dalam konservasi spesies (Saleky & Dailami, 2022).

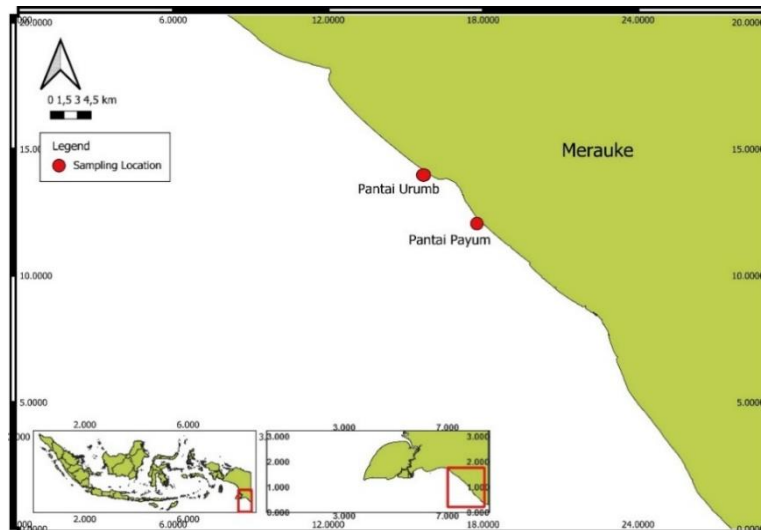
Kajian molekuler ikan kuro dibutuhkan untuk melengkapi berbagai kajian yang telah dilakukan sebelumnya seperti pertumbuhan dan mortalitas ikan kuro (*Eleutheronema tetradactylum*) (Kusmita *et al.*, 2024), Pertumbuhan ikan kuro (*Eleutheronema tetradactylum* Shaw, 1804) di Muara Sungai Kumbe Kabupaten Merauke (Gebze & Latupeirissa, 2017) dan pertumbuhan dan tingkat kematangan gonad ikan kuro (*Eleutheronema tetradactylum*) di daerah estuari pesisir pantai Kota Merauke (Sunarni & Maturbongs, 2018). Keanekaragaman hayati laut yang tinggi khususnya ikan kuro (*Eleutheronema tetradactylum*) di Perairan Selatan Papua dibutuhkan pengelolaan sumberdaya secara lestari sehingga sumberdaya perikanan tersebut dapat berkesinambungan dibutuhkan berbagai riset seperti biekologi, habitat dan kajian molekuler (Halisah *et al.*, 2024).

Berdasarkan uraian tersebut, maka diperlukan adanya kajian untuk menganalisis tingkat keragaman ikan kuro di perairan Pantai Urumb Distrik Semangga dan Pantai Payum Distrik Merauke. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi ikan kuro (*Eleutheronema* sp.) yang dikoleksi dari perairan pesisir Merauke.

METODE

Waktu dan Tempat

Koleksi sampel ikan kuro (*Eleutheronema* sp.) dilakukan di perairan Pantai Urumb Distrik Semangga dan Pantai Payum Distrik Merauke, Kabupaten Merauke (Gambar 1). Analisis molekuler dilakukan di Laboratorium Biodiversitas Indonesia (BIONESIA) Bali.



Gambar 1. Lokasi pengambilan sampel ikan kuro (*Eleutheronema* sp.)

Prosedur Penelitian

Identifikasi morfologi dilakukan untuk memastikan sampel ikan yang di koleksi merupakan ikan kuro menggunakan *tools* FishBase (<https://fishbase.se/search.php>). Kemudian dilanjutkan dengan pengambilan jaringan sirip untuk keperluan analisis molekuler, jaringan sirip yang didapatkan kemudian disimpan dalam botol sampel berisi alkohol 70 %.

Metode ekstraksi DNA yang digunakan adalah mengikuti protokol *Chelex* 10%. Hasil ekstraksi kemudian dianalisis ke tahapan selanjutnya yaitu PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Proses PCR menggunakan protokol laboratorium BIONESIA. Primer yang digunakan pada proses amplifikasi untuk sampel Ikan adalah FISH F1 (5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3') dan FISH R1 (5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA -3') (Ward *et al.*, 2005). Profil suhu dan waktu protokol PCR yang digunakan adalah sebagai berikut: *Initial* Denaturasi: 94 °C selama 3 menit, kemudian tahap Denaturasi: 94 °C selama 30 detik, *Annealing*: 50°C selama 30 detik, dan tahap *Extension* 72 °C selama 60 detik, Tahap Denaturasi sampai *Extension* dilakukan sebanyak 38 siklus, tahap terakhir yaitu *final extension*: 72 °C selama 2 menit.

Analisis Data

Hasil sampel yang telah dilakukan proses *sequencing* berupa data sequence (Ab1 file) kemudian dianalisis menggunakan komputer. Data sequence yang diperoleh kemudian diedit dan disejajarkan (*alignment*) menggunakan metode ClustalW pada program MEGA 11. Setiap susunan basa kemudian dicek secara manual dan dipastikan semua data yang dipakai memiliki kualitas yang baik. Data yang memiliki hasil sekuens yang buruk kemudian dilakukan proses PCR dan sekuensing ulang Kembali.

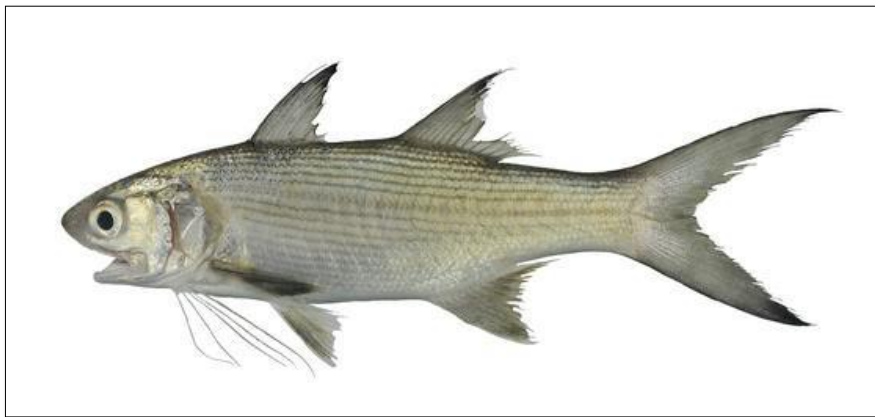
Data kemudian dicocokkan dengan database yang ada di bank data (Genbank NCBI) melalui metode *Basic Local Alignment Search Tools (BLAST)* yang ada pada website NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Setiap data kemudian dicatat tingkat kemiripan dan akurasi data. Selain melalui metode BLAST, data kemudian dianalisis menggunakan pohon kekerabatan (*phylogenetic tree*) untuk melihat hubungan kekerabatan antar sampel sekaligus mengkonfirmasi hasil BLAST dalam mengidentifikasi hingga level spesies. Pohon kekerabatan dibuat menggunakan metode *Neighbor-joining (NJ)* dengan replikasi *bootstrap* 1000 kali pada *software* MEGA 11 (Tamura *et al.*, 2021).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Karakter Molekuler

Total 2 sampel ikan kuro berhasil diamplifikasi menggunakan gen COI dengan primer FISH F1 dan FISH R1. Panjang sekuen DNA setelah dianalisis menggunakan *software* Mega XI adalah 675 bp (*baispairs*). Ukuran panjang *baispair* tersebut umumnya banyak ditemukan pada berbagai spesies yang menggunakan Gen COI seperti kelompok ikan air tawar (Ude *et al.*, 2020), ikan nila dan mujair (Dailami *et al.*, 2021; Sianturi *et al.*, 2021) dan gastropoda (Saleky *et al.*, 2020; Saleky & Merly, 2021).

Gen sitokrom oksidase 1 (CO1) yang digunakan dalam penelitian ini merupakan Gen yang umum digunakan untuk identifikasi spesies karena memiliki kecepatan dan akurasi dalam identifikasi spesies, Gen COI terdapat diseluruh spesies yang energi selnya dihasilkan dari mitokondria.



Gambar 2. Morfologi Ikan Kuro (*Eleutheronema tetradactylum*),

Ikan kuro terdiri dari delapan genus dan sekitar 38 spesies, jenis-jenisnya antara lain meliputi senangin (*Eleutheronema tetradactylum*), senohong (*Leptomelanosoma indicum*), sumbal (*Polydactylus plebeius*), dan masih banyak lagi (Xiao *et al.*, 2022). Banyaknya spesies ikan kuro menyebabkan tak jarang mengalami kesalahan indentifikasi jenis berdasarkan morfologi, sehingga dibutuhkan pula data genetik untuk konfirmasi spesies (Siriwut *et al.*, 2020). Selain untuk identifikasi spesies, pendekatan dengan DNA barcoding dilakukan dalam mendukung pengelolaan dan konservasi spesies. Penggunaan DNA barcoding penting dilakukan untuk mendukung identifikasi secara morfologi dan mampu membedakan organisme sampai tingkatan spesies (Wang *et al.*, 2024).

Tabel 1. Hasil identifikasi spesies menggunakan BLAST di National Center for Biotechnology Information (NCBI)

No	Sampel	Spesies	Kemiripan	Kode Akses	Coverage
1	Ikan kuro	<i>Eleutheronema tetradactylum</i>	99.54%	MW831014.1	96 %
2	Ikan kuro	<i>Eleutheronema tetradactylum</i>	99.85 %	KJ669563. 1	95%

Hasil identifikasi spesies menggunakan BLAST di *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) mengkonfirmasi bahwa kedua sampel yang dianalisis adalah spesies *Eleutheronema tetradactylum* dengan tingkat kemiripan 99.54 dan 99.85 %. Sedangkan Komposisi nukleotida dan komposisi rata-rata basa DNA yang ditemukan pada kedua sampel adalah *Thymine* (T) (29.04 %), *Cytosine* (C) (30.07 %), *Adenine* (A) (20.81 %), dan *Guanine* (G) (20.07 %). Basa GC menunjukkan persentase jumlah G (guanin) dan C (sitosin) pada suatu primer yang membuat untai

DNA yang lebih kuat dan stabil (Abdullah *et al.*, 2019). Hasil analisis memperlihatkan terjadi mutasi dari kedua sampel tersebut mengalami substitusi basa G → A pada urutan basa 173.

Tabel 2. Komposisi Nukleotida Fragmen Gen COI ikan kuro (*E. tetradactylum*)

Sampel	G (%)	C (%)	A (%)	T (%)	G+C (%)	A+T (%)	Panjang Basa
<i>E. tetradactylum</i> (Pantai Urumb Merauke)	20,15	30,07	20,74	29,04	50,22	49,78	675
<i>E. tetradactylum</i> (Pantai Payum Merauke)	20,00	30,07	20,89	29,04	50,07	49,93	675
Rerata	20,07	30,07	20,81	29,04	50,15	49,85	675

Substitusi basa DNA seperti itu umumnya tidak merubah karakter asam amino (Permadi *et al.*, 2022). Komposisi gen pada suatu spesies adalah faktor kunci yang menentukan sifat fenotif dan genotif spesies (Morihiro *et al.*, 2017). Kondisi lingkungan dan proses adaptasi spesies dapat mengakibatkan terjadinya perubahan struktur DNA (mutasi). Perubahan DNA pada suatu spesies secara alamiah dapat terjadi akibat mutasi DNA dan pertukaran informasi DNA antar spesies.

Tabel 3. Jarak genetik spesies *Eleutheronema tetradactylum*, *Polydactylus plebeius*, *Leptomelanosoma indicum*, *Lates calcarifer*, *Johnius rachycephalus*

No	Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	<i>Eleutheronema tetradactylum</i> (Pantai Payum, Merauke)	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
2	<i>Eleutheronema tetradactylum</i> (Pantai Urumb, Merauke)	0,001	*	*	*	*	*	*	*	*	*
3	<i>Eleutheronema tetradactylum</i> (FOAJ520-09 - Jawa Timur, Indonesia)	0,185	0,187	*	*	*	*	*	*	*	*
4	<i>Eleutheronema tetradactylum</i> (FOAN562 - Lombok, Indonesia)	0,182	0,184	0,000	*	*	*	*	*	*	*
5	<i>Eleutheronema tetradactylum</i> (FOAC212-05 - Australia, Queensland)	0,172	0,174	0,162	0,155	*	*	*	*	*	*
6	<i>Eleutheronema tetradactylum</i> (FMVIC374-08 - Vietnam)	0,185	0,187	0,000	0,000	0,162	*	*	*	*	*
7	<i>Eleutheronema tetradactylum</i> (ANGBF39362-19 - India)	0,192	0,195	0,007	0,007	0,164	0,007	*	*	*	*
8	<i>Polydactylus plebeius</i> (ABFJ244-07 - Yokohama, Jepang)	0,192	0,194	0,207	0,201	0,196	0,207	0,213	*	*	*
9	<i>Leptomelanosoma indicum</i> (ANGBF39395-19 - India)	0,194	0,197	0,210	0,206	0,185	0,210	0,222	0,202	*	*
10	<i>Lates calcarifer</i> (Merauke - Indonesia)	0,251	0,249	0,254	0,251	0,258	0,254	0,264	0,240	0,269	*
11	<i>Johnius rachycephalus</i> (BIFD569 - Jawa Tengah - Indonesia)	0,329	0,326	0,344	0,344	0,326	0,344	0,347	0,392	0,330	0,344

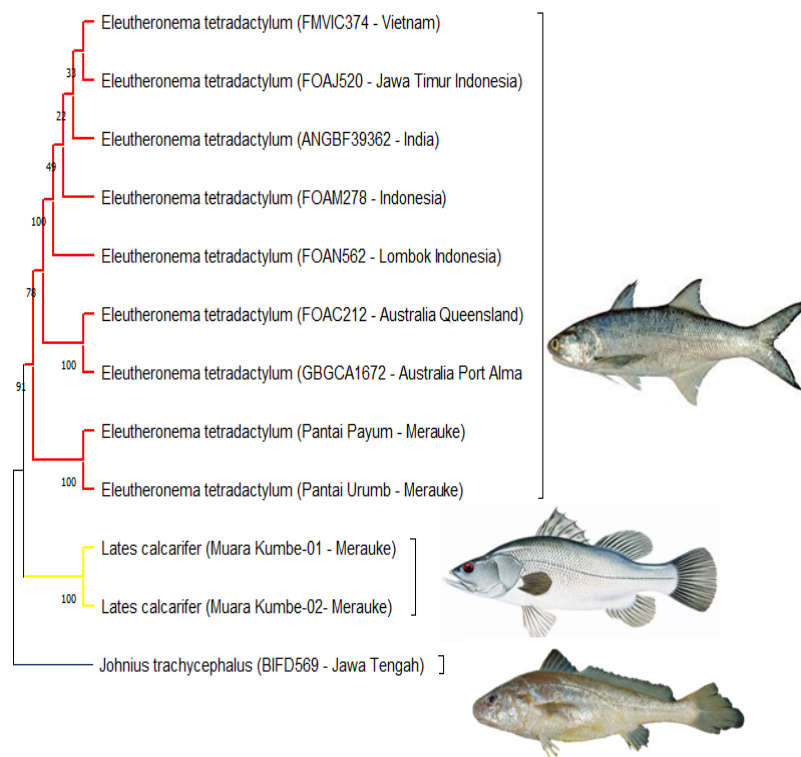
Data jarak genetik pada Tabel 3 memperlihatkan bahwa jarak genetik ikan kuro yang berasal Pantai Payum dan Pantai Urumb memiliki nilai jarak genetik yang rendah yaitu 0.001. Hasil tersebut terjadi karena jarak antar kedua penelitian yang dekat dan berada di Perairan yang sama. Sebaliknya perbandingan jarak genetik ikan kuro asal Merauke dengan daerah lainnya berkisar 0.172 – 0.195. Jarak genetik ikan kuro asal Merauke dengan ikan kuro asal Australia memiliki nilai yang relatif lebih rendah dibandingkan dengan nilai jarak genetik dengan ikan kuro yang berasal dari, Jawa Timur, Lombok, Vietnam dan India. Hal tersebut terjadi karena perairan Merauke dan Australia yang berada di bagian Selatan Papua yang mengakibatkan terjadinya *sharing* genetik antar kedua wilayah.

Tabel 4. Sekuen DNA spesies ikan yang digunakan dalam rekonstruksi filogenetik termasuk lokasi, nomor akses dari *National Center for Biotechnology Information* (NCBI)

No	Spesies	Lokasi	Acc No	Sumber
1	<i>Eleutheronema tetradactylum</i>	India	ANGBF39362-19	Unpublished
2	<i>Eleutheronema tetradactylum</i>	Vietnam	FMVIC374-08	Unpublished
3	<i>Eleutheronema tetradactylum</i>	Queensland, Australia	FOAC212-05	Ward et al, 2008
4	<i>Eleutheronema tetradactylum</i>	Jawa Timur, Indonesia	FOAJ520-09	Unpublished
5	<i>Eleutheronema tetradactylum</i>	Indonesia	FOAM278-10	Unpublished
6	<i>Eleutheronema tetradactylum</i>	Lombok, Indonesia	FOAN562-11	Unpublished
7	<i>Eleutheronema tetradactylum</i>	Port Alma, Australia	GBGCA1672-13	Horne et al., 2011
8	<i>Lates calcarifer</i>	Merauke, Indonesia	-	Saleky & Dailami, 2021
9	<i>Lates calcarifer</i>	Merauke, Indonesia	-	Saleky & Dailami, 2021
10	<i>Johnius trachycephalus</i>	Jawa Tengah, Indonesia	KJ669564-13	Horne et al., 2011

Analisis filogenetik suatu spesies dapat dilakukan pada karakter morfologi dan gen- gen yang berada di dalam dan di luar tubuh dengan sekuen DNA mitokondria (Twindiko *et al.*, 2013). Hubungan Kekerabatan antar spesies dapat terlihat dari hasil rekonstruksi filogenetik yang merupakan suatu metode yang dapat digunakan untuk mengetahui hubungan kekerabatan pada suatu taksa atau sekuens (Abdullah *et al.*, 2019).

Hasil rekontruksi filogenetik memperlihatkan ikan kuro (*E. tetradactylum*) asal Merauke membentuk *clade* tersendiri dan terpisah dari ikan kuro (*E. tetradactylum*) yang berasal dari daerah lain dengan nilai *bootstraps* yang tinggi. Pengujian validitas data genetic dalam merekontruksi filogenetik dilakukan dengan pendekatan analisis *bootstrap*, semakin tinggi nilai *bootstrap* maka percabangan pohon filogenetik yang terbentuk semakin kuat.



Gambar 3. Rekonstruksi pohon filogenetik ikan kuro (*Eleutheronema tetradactylum*)

Ikan kuro asal Merauke berada dalam 1 *clade* yang sama dan cabang yang sama dengan satu garis lurus yang artinya tidak ada perbedaan urutan nukleotida diantara kedua sampel tersebut. Hal tersebut juga terkonfirmasi dari analisis jarak genetik yang mana kedua sampel tersebut memiliki nilai jarak genetik yang rendah yaitu 0,001. Terjadinya substitusi basa pada urutan basa 173 dimana basa G menjadi A membentuk 2 haplotipe yang berbeda. Variasi haplotipe akan bertambah dengan bertambahnya jumlah sampel yang dianalisis. Variasi haplotype pada DNA mitokondria yang dianalisis dapat terjadi akibat dari proses adaptasi spesies terhadap faktor lingkungan dan terjadinya translokasi ke gen-gen inti (Sharma *et al.*, 2019), kondisi tersebut dapat berbeda antar spesies pada habitat yang berbeda.

Pohon filogenetik (Gambar 3) menunjukkan setiap sekuen DNA terpisah berdasarkan spesies dan juga terpisah berdasarkan nilai jarak genetik. Pohon filogenetik yang terbentuk juga menunjukkan adanya monofiletik pada seluruh sekuen ikan kuro yang berarti sekelompok taksa yang berasal dari nenek moyang yang sama.

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian, dapat disimpulkan bahwa (1) Hasil identifikasi dengan teknik DNA *barcoding* adalah spesies ikan kuro (*Eleutheronema tetradactylum*) dengan tingkat kemiripan 99.54% dan 99.85% (2) Rekonstruksi filogenetik, masing-masing spesies terpisah berdasarkan jenis dengan nilai *bootstrap* yang tinggi.

SARAN

Penulis merekomendasikan agar dilakukan penelitian lanjutan berupa pengkajian struktur populasi genetik ikan kuro (*Eleutheronema tetradactylum*) di Perairan Pesisir Papua Selatan.

Ucapan Terima Kasih

Peneliti mengucapkan terima kasih kepada Universitas Masumus yang telah mendanai penelitian ini melalui DIPA Internal Skim Penelitian Terapan tahun 2024.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdullah, A., Sativa, H. A., Nurhayati, T., & Nurilmala, M. (2019). DNA Barcoding Application for Seafood Label Traceability of Various Commercial Surimi-Based Products. *Jurnal Pengolahan Hasil Perikanan Indonesia*, 22(3), 508–519. <https://doi.org/10.17844/jphpi.v22i3.28950>.
- Dailami, M., Rahmawati, A., Saleky, D., & Toha, A. H. A. (2021). DNA barcoding of tilapia fish from Merauke, Papua and Malang, East Java-Indonesia. *AACL Bioflux*, 14(2), 849–858.
- Fietri, W. A., Razak, A., & Ahda, Y. (2020). Analisis Filogenetik Ikan Tuna (*Thunnus* spp) di Perairan Maluku Utara Menggunakan COI (Cytocrome Oxydase I). *Jurnal Biologi Makasar*, 5(1), 69–78.
- Hajisamae, S., Iqbal, T.H., Soe, K.Y., Wang, W., (2023). Phenotypic variation of protandrous hermaphrodite fish *Eleutheronema tetradactylum* (Shaw, 1804) from Thailand coastal waters, *Journal of Sea Research*, 196 (6), 1–12, <https://doi.org/10.1016/j.seares.2023.102448>
- Halisah, K. A. Z., Fitri, A., Irianto, S.N, Aulya, M., Sakti, B., Harmadi, P., Sukma, M, N. S., Cahyani, K. D. (2024). Identifikasi Spesies Ikan Laut Menggunakan Teknik DNA Barcoding. *Bioma: Berkala Ilmiah Biologi*, 26(1), 43–51.

- Horne, J.B., Momigliano, P., Welch, D.J., Newman, S.J. and van Herwerden, L. (2011). Limited ecological population connectivity suggests low demands on self-recruitment in a tropical inshore marine fish (*Eleutheronema tetradactylum*: Polynemidae). *Mol. Ecol*, 20 (11), 2291-2306.
- Gebze, A., Latupeirissa, I. (2017). Pertumbuhan ikan kuro (*Eleutheronema tetradactylum* Shaw, 1804) di muara Sungai Kumbe Kabupaten Merauke. *Agricola*, 1 (7), 129-135.
- Permadi, J., Rochvita, A., Anggraini, C.P.K., & Palimirmo, F.S., (2022). Filogenetik Ikan Ekstremofil Edible Populasi Magelang Menggunakan Gen Cytochrome Oxydase I. *Journal of Research and Technology*, 8(1). <https://doi.org/10.55732/jrt.v8i1.507>.
- Kholis, M. N., Wahju, R. I., Mustaruddin., & Jaliadi., (2018). Struktur Ukuran Dan Hubungan Panjang Berat Ikan Kurau Di Pulau Bengkalis. *ALBACORE Jurnal Penelitian Perikanan Laut*, 2(2), 197–208. <https://doi.org/10.29244/core.2.2.197-208>.
- Kusmita, R., Sunarni., & Saleky, D., (2024). Pertumbuhan dan mortalitas Ikan Kuro (*Eleutheronema tetradactylum*) yang didaratkan di pelabuhan perikanan nusantara Kabupaten Merauke. *Bioscientist: Jurnal Ilmiah Biologi*, 12(1), 305-316.
- Lelono, T. D., Tumulyadi, A., Sari, W. K., & Ismaningsih, I. S. (2021). Biological Aspects of Fourfinger Threadfin, *Eleutheronema tetradactylum* (Shaw, 1804) Caught in Lekok Waters, Pasuruan, East Java. *Journal of Environmental Engineering and Sustainable Technology*, 8(2), 21–27. <https://doi.org/10.21776/ub.jeest.2021.008.02.1>
- Morihito, R. V. S. ., Chungdinata, S. E., Nazareth, T. A., Pulukadang, M. I., Makalew, R. A. ., & Pinontoan, B. (2017). Identifikasi Perubahan Struktur DNA Terhadap Pembentukan Sel Kanker Menggunakan Dekomposisi Graf. *Jurnal Ilmiah Sains*, 17(2), 153. <https://doi.org/10.35799/jis.17.2.2017.17368>
- Qu, Z., W. Nong, Y. Yu, T. Baril, H.Y. Yip, A. Hayward., & J.H. Hui. (2020) Genome of the four-finger threadfin *Eleutheronema tetradactylum* (perciforms: Polynemidae). *BMC Genomics*, 2(1), 1-10.
- Saleky, D., Leatemia, Simon P.O Pattiasina, T. F., Isma, Rosa, P., Welliken, M. A., & Melmambessy, Edy H.P., & Dailami, M. (2020). Analisis pola pertumbuhan dan pendekatan dna barcoding untuk identifikasi *Turbo stenogyrus* P. Fischer, 1873 (Mollusca: Gastropoda). *Biotropika - Journal of Tropical Biology*, 8(2), 79–86. <https://doi.org/10.21776/ub.biotropika.2020.008.02.03>
- Saleky, D., & Merly, S. L. (2021). Pendekatan DNA Barcoding untuk Identifikasi *Cassidula angulifera* (Petit, 1841) (Moluska: Gastropoda). *Jurnal Sumberdaya Akuatik Indopasifik*, 5(1), 55–64.
- Saleky, D., & Dailami, M. (2021). Konservasi Genetik Ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) Melalui Pendekatan DNA Barcoding dan Analisis Filogenetik di Sungai Kumbe Merauke Papua. *Jurnal Kelautan Tropis*, 24(2), 141–150. <https://doi.org/10.14710/jkt.v24i2.10760>
- Sharma, N., Pasala, M. S., & Prakash, A. (2019). Mitochondrial DNA: Epigenetics and environment. *Environmental and molecular mutagenesis*, 60(8), 668-682.
- Shihab, I., A. Gopalakrishnan, N. Vineesh, M. Muktha, K.V. Akhilesh, P. Vijayagopal., (2017). Histological profiling of gonads depicting protandrous hermaphroditism in *Eleutheronema tetradactylum*. *J. Fish Biol.*, 90(6). 2402-2411.
- Sianturi, R., Dailami, M., & Saleky, D. (2021). Identifikasi dan Analisis Filogenetik Ikan Ekonomis Penting *Oreochromis* sp. dengan Pendekatan DNA Barcoding.

- Bioscientist : Jurnal Ilmiah Biologi*, 9(2), 465.
<https://doi.org/10.33394/bioscientist.v9i2.4027>
- Siriwut, W., Jeratthitikul, E., Panha, S., Chanabun, R., & Sutcharit, C. (2020). Molecular phylogeny and species delimitation of the freshwater prawn *Macrobrachium pilimanus* species group, with descriptions of three new species from Thailand. *PeerJ*, 8. <https://doi.org/10.7717/peerj.10137>
- Soe, K.K S. Pradit., & S. Hajisamae. (2021). Feeding habits and seasonal trophic guilds structuring fish community in the bay mouth region of a tropical estuarine habitat. *J. Fish Biol.*, 99(4), 1430-1445.
- Sritakon, T., R. Rungnapa Nooklum, S. Vibunpant, N. Niracha Songkaew., & T. Kongchai. (2019). Reproductive Biology of Fourfinger Threadfin (*Eleutheronema tetradactylum* (Shaw, 1804) in Nakhon Si Thammarat and Songkhla provinces. *Technical Paper No. 23*
- Sunarni., & Maturbongs, M.R., (2018). Pertumbuhan dan tingkat kematangan gonad ikan kuro (*Eleutheronema tetradactylum*) di daerah estuari pesisir pantai Kota Merauke. *Musamus Fisheries and Marine Journal*, 1(1), 15-23.
- Tamura K, Stecher G, and Kumar S (2021) MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38, 3022-3027.
- Twindikio, A. F. S., Wijayanti, D. P., & Ambariyanto. (2013). Genus *Pseudochromis* Dan *Pictichromis*. *Buletin Oseanografi Marini*, 2, 28–36.
- Ude, G. N., Igwe, D. O., Brown, C., Jackson, M., Bangura, A., Ozokonkwo-Alor, O., Iheahuru, O. C., Chosen, O., Okoro, M., Ene, C., Chieze, V., Unachukwu, M., Onyia, C., Acquaaah, G., Ogbonna, J., & Das, A. (2020). DNA barcoding for identification of fish species from freshwater in Enugu and Anambra States of Nigeria. *Conservation Genetics Resources*, 12(4), 643–658.
<https://doi.org/10.1007/s12686-020-01155-7>
- Wang, y., Ma, C, Song, x., Li, M., & Zhang H. (2024). Assessment of fish diversity in the East China Sea hairtail national aquatic germplasm resources conservation zone using DNA barcoding. *Global Ecology and Conservation*, 53 (2024).
<https://doi.org/10.1016/j.gecco.2024.e03013>
- Ward, R., Zemlak, T., Innes, B., Last, P., & Hebert, P. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philos Trans R Soc Lond B*, 360(1462), 1847-1857.
- Ward, R. D., Holmes, B. H., & Yearsley, G. K. (2008). DNA barcoding reveals a likely second species of Asian sea bass (barramundi) (*Lates calcarifer*). *Journal of Fish Biology*, 72(2), 458–463. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2007.01703.x>
- Xiao, J., Lyu, S., Iqbal, T. H., Hajisamae, S., Tsim, K. W. K., & Wang, W. X. (2022). Molecular phylogenetic and morphometric analysis of population structure and demography of endangered threadfin fish *Eleutheronema* from Indo-Pacific waters. *Scientific Reports*, 12(1), 1–11. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-07342-w>
- Xiao, J., Karl, W.K.T., Hajisamae, S., & Wang, W., (2023). Chromosome-level genome and population genomics provide novel insights into adaptive divergence in allopatric *Eleutheronema tetradactylum*, *International Journal of Biological Macromolecules*, 244, 125299, <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2023.125299>