



IDENTIFIKASI DAN ANALISIS FILOGENETIK IKAN EKONOMIS PENTING *Oreochromis* sp. DENGAN PENDEKATAN DNA BARCODING

Reny Sianturi¹, Muhammad Dailami², dan Dandi Saleky^{3*}

^{1&3}Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Pertanian,
Universitas Musamus, Indonesia

²Program Studi Budidaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan,
Universitas Brawijaya, Indonesia

*E-Mail : dandi@unmus.ac.id

DOI : <https://doi.org/10.33394/bioscientist.v9i2.4027>

Submit: 15-08-2021; Revised: 08-09-2021; Accepted: 24-09-2021; Published: 30-12-2021

ABSTRAK: Identifikasi spesies menjadi salah satu faktor yang paling mendasar dan penting dalam pengelolaan perikanan. Ikan *Oreochromis* sp., seperti Ikan Mujair (*Oreochromis mosambicus*) dan Ikan Nila (*Oreochromis niloticus*) adalah jenis ikan introduksi yang berasal dari luar Merauke yang kini merupakan ikan yang dominan dan umum ditemukan di perairan daratan Merauke. Tujuan penelitian ini adalah mengidentifikasi jenis ikan ekonomis penting *Oreochromis* sp. yang didaratkan di Pasar Tradisional Merauke dengan pendekatan DNA *Barcoding*. Amplifikasi DNA dengan gen COI menghasilkan panjang sekuen DNA 655 bp dengan hasil identifikasi adalah Ikan Nila (*Oreochromis niloticus*). Berdasarkan data pohon filogenetik dan jarak genetik, sekuen DNA sampel membentuk *clade* yang sama dengan sekuen *Oreochromis niloticus* dari *GeneBank* dengan jarak genetik 0% dan diperkirakan spesies tersebut berasal dari tetua yang sama. Identifikasi dengan DNA *Barcoding* memudahkan dalam identifikasi spesies secara cepat dan akurat.

Kata Kunci: DNA *Barcoding*, Filogenetik, Gen COI, Jarak Genetik, *Oreochromis niloticus*.

ABSTRACT: Species identification is one of the most basic and important factors in fisheries management. *Oreochromis* sp., such as tilapia (*Oreochromis mosambicus*) and tilapia (*Oreochromis niloticus*) are introduced species of fish originating from outside Merauke which are now the dominant fish and are commonly found in inland waters of Merauke. The purpose of this study was to identify the economically important fish species *Oreochromis* sp. which landed at Merauke Traditional Market with DNA *Barcoding* approach. DNA amplification with the COI gene resulted in a DNA sequence length of 655 bp with the identification result being Tilapia (*Oreochromis niloticus*). Based on the phylogenetic tree data and genetic distance, the DNA sequences of the samples formed the same *clade* as the *Oreochromis niloticus* sequences from *GeneBank* with 0% genetic distance and it was estimated that these species came from the same parents. Identification with DNA *Barcoding* makes it easy to identify species quickly and accurately.

Keywords: DNA *Barcoding*, Phylogenetic, COI Gene, Genetic Distance, *Oreochromis niloticus*.



Bioscientist : Jurnal Ilmiah Biologi is Licensed Under a CC BY-SA [Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/).

PENDAHULUAN

Ikan *Oreochromis* sp. merupakan komoditas perikanan ekonomis penting dan banyak dibudidayakan di perairan air tawar dengan berbagai sistem budidaya dari skala tradisional sampai skala intensif (Satia *et al.*, 2011; Gunadi *et al.*,





2016). Distribusi alami dan sumber daya genetik global *Oreochromis* sp. pada awalnya berasal dari Afrika, yang kemudian pusat pemanfaatan budidaya *Oreochromis* sp. terutama di Asia (Eknath & Hulata, 2009; Dailami *et al.*, 2021b). Pemanfaatan perikanan secara lestari sangat diperlukan, untuk dapat memastikan pemanfaatan sumber daya perikanan yang ada bisa terus dimanfaatkan dan juga dapat memulihkan stok perikanan yang telah rusak (Dailami *et al.*, 2021a). Berkembangnya kegiatan perikanan membuat semakin banyak produk perikanan yang dipasarkan, dan kesalahan pelabelan terhadap produk-produk tersebut menjadi sangat mungkin terjadi (Wong *et al.*, 2011).

Ikan Nila (*Oreochromis niloticus*) dan Ikan Mujair (*Oreochromis mosambicus*) sangat melimpah di perairan daratan Merauke dan menjadi salah satu spesies ikan ekonomis penting (Wardani *et al.*, 2017; Saleky *et al.*, 2021). Kedua spesies tersebut memiliki bentuk morfologi yang sangat mirip, kemiripan morfologi terjadi karena kedua jenis tersebut genus yang sama yaitu genus *Oreochromis*. Kemiripan morfologi tersebut dapat mengakibatkan terjadinya kesalahan identifikasi spesies (Khayra *et al.*, 2016; Cahyono *et al.*, 2018). Kesalahan identifikasi spesies cukup umum terjadi akibat dari bentuk morfologi ikan yang mirip (*cryptic species*) (Khedkar *et al.*, 2014; Saleky & Merly, 2021).

Identifikasi sangat penting dilakukan dalam kegiatan konservasi dan pengelolaan populasi maupun spesies ekonomis penting (Shen *et al.*, 2013; Thu *et al.*, 2019). Identifikasi suatu spesies dalam bidang biologi, biologi konservasi, maupun ekologi harus mudah dan efisien (Mitchell *et al.*, 2019). Identifikasi spesies ikan menjadi hal yang paling mendasar, karena di banyak wilayah terdapat spesies ikan yang berbeda dipasarkan secara bersama (Keskin & Atar, 2013). Identifikasi morfologi dari telur dan larva ikan sangat sulit dilakukan dan dapat mengalami kesalahan identifikasi, untuk itu diperlukan identifikasi melalui DNA *Barcoding* yang cepat, akurat, dan efisien (Shen *et al.*, 2016). Penanda molekuler dengan gen COI sangat baik dalam membedakan spesies dan populasi. DNA *Barcoding* telah banyak dipakai untuk studi keragaman genetik dan klasifikasi spesies yang ditandai oleh kesamaan morfologis (Prehadi *et al.*, 2015).

Identifikasi dengan DNA *Barcoding* dapat dilakukan dalam mengidentifikasi spesies dengan tingkat akurasi yang tinggi, dan dapat menjawab tantangan dalam identifikasi secara cepat dan akurat, tetapi hal tersebut juga bergantung pada *database* yang baik dan lengkap (Bingpeng *et al.*, 2018; Saleky & Dailami, 2021). DNA *Barcoding* digunakan dalam mengungkap kesalahan pelabelan jenis ikan pada beberapa *supermarket* di Qatar (Chen *et al.*, 2019), hal yang sama juga terjadi di Vietnam (Ha *et al.*, 2018). Identifikasi melalui DNA *Barcoding* makanan laut juga dilakukan di Brasil Selatan (Carvalho *et al.*, 2015). DNA *Barcoding* juga dapat mengidentifikasi hasil olahan ikan dalam suatu produk, karena bentuk morfologi ikan berubah setelah diproses menjadi produk jadi (Ha *et al.*, 2018). DNA *Barcoding* juga digunakan untuk mendeteksi penjualan makanan yang salah, termasuk di dalamnya penjualan spesies ikan komersial (Ardura *et al.*, 2010).

Wilayah daratan Merauke termasuk bagian kawasan dataran rendah *Trans-Fly* (*Trans-Fly Coastal Lowlands*) yang kaya akan berbagai jenis biota air

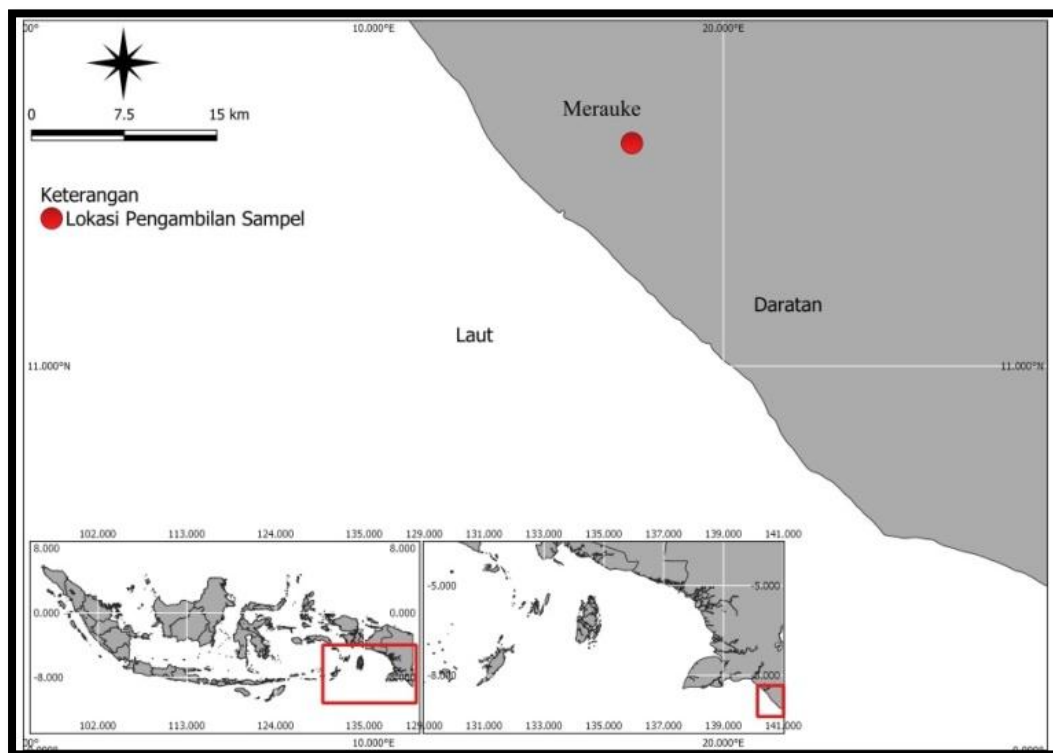


tawar termasuk ikan (Binur, 2017). Ikan *Oreochromis* sp. baik Ikan Mujair (*O. mossambicus*) dan Ikan Nila (*O. niloticus*) adalah jenis ikan introduksi yang berasal dari luar Merauke yang kini merupakan ikan yang dominan dan umum ditemukan di perairan daratan Merauke (Wardani *et al.*, 2017). Ikan *Oreochromis* sp. Yang secara luas dijual di Pasar Tradisional Merauke oleh masyarakat umum diidentifikasi dengan jenis Ikan Mujair (*O. mossambicus*), tetapi bisa saja spesies tersebut bukanlah Ikan Mujair (*O. mossambicus*) tetapi Ikan Nila (*O. niloticus*). Identifikasi molekuler ikan *Oreochromis* sp. belum pernah dilakukan di perairan daratan Merauke, data yang dihasilkan bermanfaat sebagai identifikasi yang efisien untuk pemantauan, konservasi, dan pengelolaan perikanan (Gaspari *et al.*, 2013; Keskin & Atar, 2013).

METODE

Lokasi Pengambilan Sampel

Sampel jaringan ikan dikoleksi secara bebas dari dua pasar tradisional yang berada di Kota Merauke, yaitu: Pasar Wamanggu dan Pasar Mopah Baru. Sampel yang dikoleksi adalah sampel yang oleh masyarakat diidentifikasi sebagai jenis Ikan Mujair (*O. mossambicus*). Sampel ikan *Oreochromis* sp. diidentifikasi menggunakan *fishbase* (www.fishbase.org). Jaringan *tissue* dari sirip ikan yang didapatkan kemudian disimpan dalam botol sampel berisi Ethanol 96%. Analisis molekuler untuk mendapatkan fragmen DNA dilakukan di Laboratorium Biodiversitas Indonesia (BIONESIA) Bali.



Gambar 1. Lokasi Pengambilan Sampel Ikan Ekonomis Penting *Oreochromis* sp.



Analisis Molekuler

Analisis molekuler dilakukan untuk mendapatkan sekuen DNA ikan *Oreochromis* sp. Primer yang digunakan dalam penelitian ini menggunakan 2 primer universal yang dipakai dalam identifikasi ikan dengan gen COI, yaitu: primer *forward FISH-BCL* : 5'-TCAACCAACCACAAAGACA-3', dan primer *reverse FISH-BCH* : 5' TAGACTTCTGGGTGGCCAA-3' (Ward *et al.*, 2005). Kedua primer tersebut secara luas telah digunakan untuk identifikasi spesies ikan dengan gen COI. Protokol PCR disesuaikan dengan yang digunakan pada Laboratorium Biodiversitas Indonesia (BIONESIA) Bali. Reaksi PCR menggunakan volume 25 µl dengan jumlah *template* DNA 1 - 4 µl dan terdiri dari 12,5 µl *GO TAG GREEN MASTER MIX*, 7 µl ddH₂O dan 1,25 µl *forward and reverse* primer. Profil PCR meliputi denaturasi awal 94°C selama 15 detik, denaturasi 94°C selama 30 detik, *annealing* pada 50°C selama 30 detik, *extention* pada 72°C selama 45 detik, dan final *extention* pada 72°C selama 10 menit. Semua proses tersebut dilakukan dengan pengulangan sebanyak 40 siklus. Hasil PCR positif kemudian dikirim ke lembaga sekuensing 1st BASE Malaysia.

Analisis Data

Hasil sekuensing yang diperoleh dari perusahaan jasa sekuensing, kemudian diedit menggunakan model model ClustalW (1.6) (Tamura *et al.*, 2013) dengan menggunakan program Mega 6 (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*). Data yang telah diedit kemudian dicocokkan dengan data genetik pada *GeneBank* di NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) dengan menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*). Data genetik didownload dari *GeneBank* (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), dan dijadikan sebagai pembanding *Oreochromis* sp. asal Merauke dan *Oreochromis* sp. dari daerah lain. Perhitungan jarak genetik (D) antar spesies dihitung dan juga merekonstruksi pohon filogenetik dengan menggunakan aplikasi Mega 6 (Tamura *et al.*, 2013). Rekonstruksi pohon filogenetik *Oreochromis* sp. menggunakan metode *Neighbour-Joining* (NJ) dengan model Kimura 2-parameter, nilai *bootstrap* 1000x.

Tabel 1. Data Sequen yang Digunakan dalam Analisis Filogenetik Termasuk Lokasi, ACC. Number dan Sumber.

No.	Spesies	Lokasi	ACC. Number	Sumber
1	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189957	Kano <i>et al.</i> , (2016)
2	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189956	Kano <i>et al.</i> , (2016)
3	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189955	Kano <i>et al.</i> , (2016)
4	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189954	Kano <i>et al.</i> , (2016)
5	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189953	Kano <i>et al.</i> , (2016)
6	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189952	Kano <i>et al.</i> , (2016)
7	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189951	Kano <i>et al.</i> , (2016)
8	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189950	Kano <i>et al.</i> , (2016)
9	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189949	Kano <i>et al.</i> , (2016)
10	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189948	Kano <i>et al.</i> , (2016)
11	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189946	Kano <i>et al.</i> , (2016)
12	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189945	Kano <i>et al.</i> , (2016)
13	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189944	Kano <i>et al.</i> , (2016)
14	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189943	Kano <i>et al.</i> , (2016)

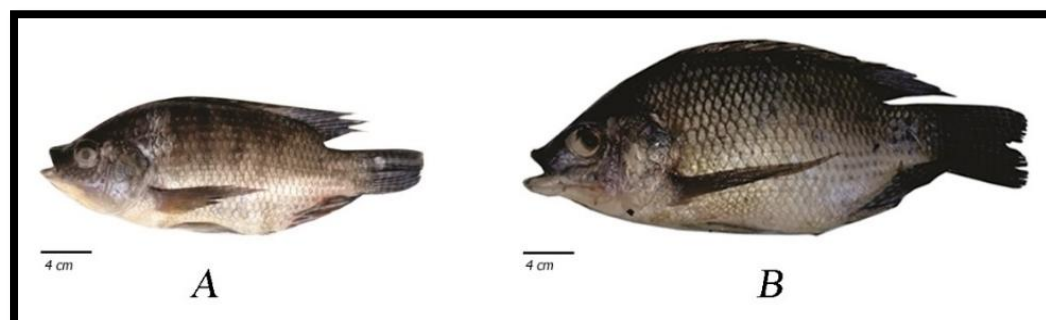


15	<i>O. niloticus</i>	Myanmar	LC189943	Kano <i>et al.</i> , (2016)
16	<i>O. mossambicus</i>	China	MH515239	Unpublish
17	<i>O. mossambicus</i>	India	JX173758	Unpublish
18	<i>O. karongae</i>	Tanzania	KM438530	Syaifudin <i>et al.</i> , (2019)
19	<i>O. urolepis</i>	Kolombia	KY454449	Unpublish
20	<i>O. aureus</i>	Filipina	KU565852	Ordoñez <i>et al.</i> , (2017)

HASIL DAN PEMBAHASAN

Identifikasi Spesies Ikan *Oreochromis* sp. Berdasarkan Pengamatan Morfologi

Perairan daratan Merauke kaya akan sumberdaya ikan, termasuk jenis ikan *Oreochromis* sp. yang merupakan ikan introduksi di perairan daratan Merauke. Ikan *Oreochromis* sp. (Gambar 2) yang dikoleksi dari pasar tradisional Wamanggu (A) dan Pasar Mopah Baru (B) oleh masyarakat umum di Kota Merauke, diidentifikasi dengan jenis Ikan Mujair (*O. mosambicus*). Berdasarkan karakter morfologi yang diamati, *Oreochromis* sp. yang dijual dan dikoleksi dari pasar tradisional di Kota Merauke diidentifikasi sebagai jenis Ikan Nila (*O. niloticus*). Ikan *Oreochromis* sp. yang umum dijual memiliki ukuran yang relatif besar. Sampel yang dikoleksi memiliki ukuran panjang total 30 cm dan 40 cm. Ikan Nila (*O. niloticus*) umumnya memiliki ukuran tubuh yang lebih panjang dari Ikan Mujair (Khayra *et al.*, 2016).



Gambar 2. Morfologi *Oreochromis* sp. yang Dikoleksi dari Dua Pasar Tradisional di Merauke: A (Pasar Wamanggu) dan B (Pasar Mopah Baru).

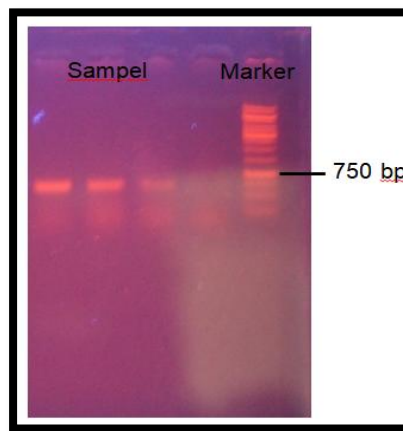
Hasil identifikasi secara morfologi dan genetik dapat memiliki hasil yang berbeda, perbedaan itu dapat terjadi sebagai akibat dari adanya kemiripan morfologi (Jefri *et al.*, 2015). Ikan Nila (*O. niloticus*) dan Ikan Mujair (*O. mosambicus*) hidup pada habitat yang sama, sehingga dimungkinkan terjadinya *Inbreeding* (perkawinan sekerabat). Terjadinya *Inbreeding* dapat menyebabkan kedua spesies tersebut menjadi mirip. Analisis morfometrik yang dilakukan oleh Khayra *et al.*, (2016) dan Cahyono *et al.*, (2018), mengelompokkan kedua jenis ikan tersebut ke dalam kelompok yang sama, karena kedua jenis tersebut memiliki kemiripan morfologi. Kemiripan yang tinggi antara Ikan Nila dan Ikan Mujair ini disebabkan secara taksonomi masing-masing kelompok tersebut berada pada family dan genus yang sama, yaitu *Cichlidae* dan *Oreochromis* (Khayra *et al.*, 2016). Hubungan panjang-bobot Ikan Nila (*O. niloticus*) yang umum ditemukan

di Perairan Merauke adalah bersifat allometrik negatif ($b \neq 3$), yang artinya pertambahan panjang lebih besar daripada pertambahan bobot (Setiawati & Pangaribuan, 2017).

Secara morfologi, identifikasi kedua jenis ikan tersebut cukup sulit dan kemungkinan kesalahan identifikasi sangat mungkin terjadi, padahal identifikasi spesies ikan menjadi faktor penting dalam pengelolaan perikanan (Keskin & Atar, 2013). Kemiripan morfologi (*cryptic*) banyak ditemukan pada berbagai spesies, untuk itulah identifikasi molekuler dan identifikasi konvensional dapat dilakukan bersama dalam mengungkap keanekaragaman spesies secara cepat dan akurat (Vrijenhoek, 2009).

Karakter Molekuler

DNA *Barcoding* dilakukan dengan menggunakan bagian kecil DNA mitokondria yang berfungsi sebagai kode batang dalam suatu gen, gen yang umum digunakan dalam *Barcoding* adalah gen COI (Imtiaz *et al.*, 2017). Analisis DNA Mitokondria dengan menggunakan gen COI berhasil mengidentifikasi 2 sampel yang dikoleksi. Panjang sekuen DNA *Oreochromis* sp. dengan menggunakan primer *FISH-BCL* dan *FISH-BCH* sepanjang 655 bp. Hasil amplifikasi DNA dengan gen COI memiliki ukuran panjang yang sama juga ditemukan pada berbagai spesies, seperti: Gastropoda (Leatemia *et al.*, 2018; Saleky *et al.*, 2016), berbagai jenis ikan (Keskin & Atar, 2013), Ikan Nila (Shirak *et al.*, 2009; Loh *et al.*, 2014), dan spesies lainnya.



Gambar 3. Hasil Amplifikasi Gen COI *Oreochromis* sp. Asal Merauke.

Hasil identifikasi dengan BLAST di *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) memperlihatkan bahwa, kedua sampel yang dikoleksi adalah jenis Ikan Nila (*O. niloticus*) dengan tingkat kemiripan sebesar 100% (Tabel 2). Hasil tersebut memperlihatkan sampel yang dikoleksi adalah jenis Ikan Nila (*O. niloticus*) dan bukan Ikan Mujair (*O. mossambicus*). DNA *Barcoding* yang dilakukan tidak hanya mampu mengidentifikasi spesies utuh, tetapi juga mampu mengidentifikasi spesies dalam berbagai bentuk, seperti: telur, larva, *fillet*, dan sirip (Saleky *et al.*, 2016). Identifikasi spesies sangat penting dan diperlukan dalam pengelolaan perikanan dan konservasi (Shen *et al.*, 2016). Penggunaan



penanda genetik dalam identifikasi spesies komersil sangat berguna dalam pengenalan spesies target sebenarnya dan juga dalam konservasi spesies (Ardura *et al.*, 2010).

Tabel 2. Hasil Identifikasi Spesies Menggunakan BLAST di National Center for Biotechnology Information (NCBI).

Spesimen	Query Cover (%)	Identity (%)	Spesies
Merauke 01	100	100	<i>O. niloticus</i>
Merauke 02	100	100	<i>O. niloticus</i>

Terdapat 4 basa nitrogen yang menyusun DNA, yaitu: 1) *Thymine* (T); 2) *Cytosine* (C); 3) *Adenine* (A); dan 4) *Guanine* (G). Nukleotida G dengan C dihubungkan oleh 3 ikatan *hydrogen*, sehingga memiliki ikatan yang lebih kuat dibandingkan dengan pasangan A dan T yang hanya dihubungkan dengan 2 ikatan *hydrogen* (Dailami *et al.*, 2021c). Rata-rata komposisi nukleotida (Tabel 3) dari kedua sampel yang dianalisis, yaitu: *Thymine* berjumlah 28,9%, *Cytosine* 29,5%, *Adenine* 24,4%, dan *Guanine* 17,3%.

Tabel 3. Rata-rata Komposisi Nukleotida Ikan Nila (*O. niloticus*) Asal Merauke.

Spesies	T(U)	C	A	G	Total
Merauke 01	28.9	29.5	24.4	17.3	655
Merauke 02	28.9	29.5	24.4	17.3	655
Average	28.9	29.5	24.4	17.3	655

Nilai kandungan basa nukleotida *Cytosine* merupakan yang terbanyak mencapai 29,5%. Kandungan *Thymine* dan *Adenine* lebih banyak sebesar 54,3%, sedangkan kandungan *Cytosine* dan *Guanine* sebesar 46,8%. Rendahnya kandungan *Cytosine* dan *Guanine* menyebabkan denaturasi DNA semakin mudah terjadi (Assal & Lin, 2020).

Jarak Genetik

Analisis hubungan kekerabatan antar spesies dapat dilihat dari jarak genetik di antara masing-masing individu (Yuliani *et al.*, 2017). Jarak genetik antar individu pada spesies *O. niloticus* adalah 0%. Analisis jarak genetik Ikan Nila (*O. niloticus*) asal Merauke maupun Ikan Nila yang berasal dari daerah lain juga memiliki jarak genetik yang sangat rendah sebesar 0%. Jarak genetik antara Ikan Nila dan Ikan Mujair cukup besar yaitu 5,7%. Hasil ini semakin memperkuat hasil identifikasi bahwa spesies tersebut bukanlah Ikan Mujair (*O. mossambicus*), melainkan Ikan Nila (*O. niloticus*).

Tabel 4. Jarak Genetik Antara *O. niloticus* Asal Merauke dengan Beberapa Sekuen yang Diambil dari GeneBank.

No.	Spesies	1	2	3	4	5
1	<i>O. niloticus</i> (Merauke 01)	-	*	*	*	*
2	<i>O. niloticus</i> (LC189957)	0.000	-	*	*	*
3	<i>O. mossambicus</i> (MH515239)	0.057	0.057	-	*	*
4	<i>O. karongae</i> (KM438530)	0.020	0.020	0.059	-	*
5	<i>O. urolepis</i> (KY454449)	0.042	0.042	0.064	0.036	-
6	<i>O. aureus</i> (KU565852)	0.073	0.073	0.081	0.086	0.073

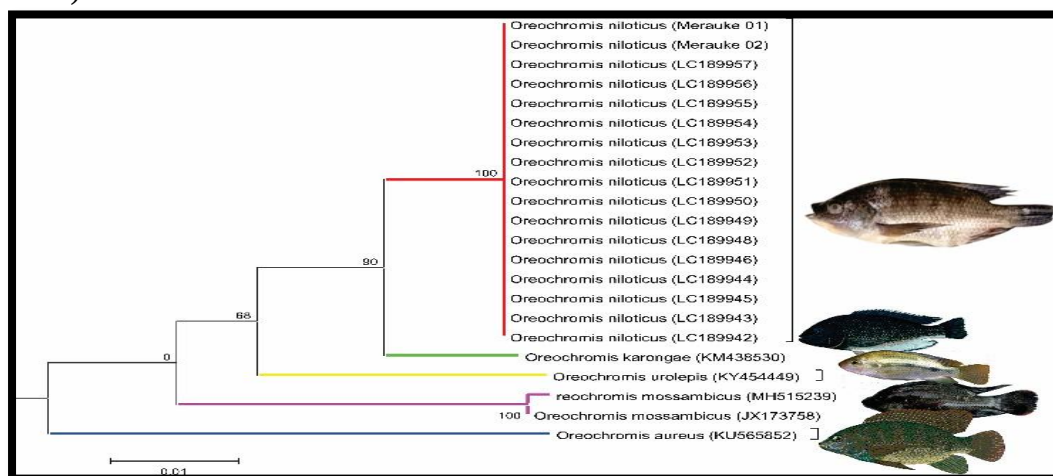


Analisis hubungan kekerabatan dapat dilihat dari jarak genetik di antara masing-masing individu (Yuliani *et al.*, 2017). Jarak genetik antar individu pada spesies *O. niloticus* adalah 0%. Analisis jarak genetik Ikan Nila (*O. niloticus*) asal Merauke maupun Ikan Nila yang berasal dari daerah lain memiliki jarak genetik yang sangat rendah sebesar 0%. Kesamaan morfologi antara Ikan Nila dan Ikan Mujair memiliki jarak genetik yang cukup besar yaitu 5,3% dan 5,5%. Variasi genetik dalam spesies yang sama biasanya kurang dari 2,0%, dan dalam banyak kasus kurang dari 1,0% (Shen *et al.*, 2013). Jarak genetik Ikan Nila asal Merauke relatif kecil dibandingkan dengan Ikan Nila dari daerah lain, hal ini dikarenakan Ikan Nila tersebut berasal dari tetua yang sama (Astuti, 2017). Selain memiliki jarak genetik yang rendah, kedua sampel memiliki *haplotype* yang sama. Tinggi rendahnya *haplotype* sangat berpengaruh dalam kemampuan spesies untuk beradaptasi terhadap kondisi lingkungan dan juga penangkapan (Akbar *et al.*, 2014; Sjöqvist & Kremp, 2016).

Pohon Filogenetik

Analisis filogenetik dilakukan untuk dapat melihat kekerabatan di antara spesies *Oreochromis* sp. Analisis filogenetik dilakukan untuk merekonstruksi 22 sekuen DNA *Oreochromis* sp. yang terdiri dari 2 sekuen DNA *Oreochromis niloticus* asal Merauke ditambah 20 sekuen DNA *Oreochromis* sp. yang diambil dari *GeneBank*. Analisis filogenetik menggunakan metode *Neighbor-Joining* dengan Kimura 2-parameter model diperoleh seluruh sampel yang dianalisis terpisah antar spesies (Gambar 4). Pohon filogenetik pengelompokkan antar spesies berdasarkan kedekatan jarak genetik dengan nilai *bootstrap* 68 - 100%.

Pohon filogenetik memperlihatkan pengelompokkan antar spesies berdasarkan kedekatan jarak genetik dan sesuai dengan klasifikasi taksonominya, dengan nilai *bootstrap* 68 - 100%. Ikan Nila (*O. niloticus*) asal Merauke membentuk *clade* yang sama dengan Ikan Nila (*O. niloticus*) asal Myanmar dengan nilai *bootstrap* 100%. Nilai *bootstrap* yang tinggi menentukan kestabilan pembentukan pohon yang terbentuk. Semakin tinggi nilai *bootstrap*, maka semakin baik pengelompokkan dan percabangan yang terbentuk (Saleky *et al.*, 2020).



Gambar 4. Pohon Filogenetik *Oreochromis* sp. Menggunakan Metode *Neighbor-Joining* (NJ) dengan Model Kimura 2-Parameter, *Bootstrap* 1000x.



Rekonstruksi pohon filogenetik dengan metode *Neighbor-Joining* dilakukan untuk mendapatkan estimasi terbaik dari panjang cabang yang paling dekat, merefleksikan jarak yang nyata di antara DNA yang dianalisis (Suriana *et al.*, 2019). Pengelompokan spesies berdasarkan pohon filogenetik (Gambar 4) juga menjelaskan bahwa, pengulangan 1000 kali *bootstrap* memberikan hasil 100% sampel ikan *Oreochromis* sp. yang dianalisis tersebut dikelompokkan ke dalam kelompok *Oreochromis niloticus*.

SIMPULAN

Sampel ikan yang dikoleksi dari pasar tradisional di Kota Merauke adalah jenis Ikan Nila (*O. niloticus*). Hasil tersebut didukung oleh nilai jarak genetik keseluruhan spesies *O. niloticus* sebesar 0,0%. Rekonstruksi filogenetik yang memperlihatkan spesies *O. niloticus* membentuk *clade* tersendiri dan terpisah dari spesies *Oreochromis* sp. lainnya. Identifikasi dengan DNA *Barcoding* memudahkan identifikasi secara cepat dan akurat.

SARAN

Perlu dilakukan penelitian lebih lanjut tentang spesies ikan yang lain, untuk menambah khazanah ilmu pengetahuan.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis menyampaikan terima kasih kepada DRPM Pendidikan Tinggi, yang telah memberikan dana melalui Skema Penelitian Dosen Pemula (PDP) tahun 2020, sehingga penelitian ini bisa dilaksanakan.

DAFTAR RUJUKAN

- Akbar, N., Zamani, N.P., dan Madduppa, H.H. (2014). Keragaman Genetik Ikan Tuna Sirip Kuning (*Thunnus albacares*) dari Dua Populasi di Laut Maluku, Indonesia. *Depik : Jurnal Ilmu-ilmu Perairan, Pesisir, dan Perikanan*, 3(1), 65-73.
- Assal, N., and Lin, M. (2020). PCR Procedures to Amplify GC-Rich DNA Sequences of *Mycobacterium bovis*. *bioRxiv*, 1-21.
- Astuti, D. (2017). Struktur Genetik Populasi Burung Betet Jawa (*Psittacula alexandri*) Berdasarkan Sekuen DNA Mitokondria Gen ND2. *Jurnal Biologi Indonesia*, 13(1), 117-124.
- Bingpeng, X., Heshan, L., Zhilan, Z., Chunguang, W., Yanguo, W., and Jianjun, W. (2018). DNA Barcoding for Identification of Fish Species in the Taiwan Strait. *PLoS ONE*, 13(6), 1-13.
- Binur, R. (2017). Komposisi Jenis Ikan Air Tawar di Daerah Lahan Basah Kaliki, Merauke Papua [Freshwater Fishes Composition at Wetland of Kaliki, Merauke Papua]. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 10(2), 165-178.
- Cahyono, R.N., Budiharjo, A., dan Sugiyarto. (2018). Keragaman dan Pengelompokan Ikan Berdasarkan Karakter Morfologi di Ekosistem Bendungan Colo Sukoharjo Jawa Tengah. *Depik : Jurnal Ilmu-ilmu Perairan, Pesisir, dan Perikanan*, 7(1), 9-21.





- Carvalho, D.C., Palhares, R.M., Drummond, M.G., and Frigo, T.B. (2015). DNA Barcoding Identification of Commercialized Seafood in South Brazil: A Governmental Regulatory Forensic Program. *Food Control*, 50, 784-788.
- Chen, K.C., Zakaria, D., Altarawneh, H., Andrews, G.N., Ganesan, G.S., John, K.M., Khan, S., and Ladumor, H. (2019). DNA Barcoding of Fish Species Reveals Low Rate of Package Mislabeling in Qatar. *Genome*, 62(2), 69-76.
- Dailami, M., Rahmawati, A., Saleky, D., and Toha, A.H.A. (2021a). DNA Barcoding of Tilapia Fish from Merauke, Papua and Malang, East Java-Indonesia. *AACL Bioflux*, 14(2), 849-858.
- _____. (2021b). *Ikan Nila*. Malang: Brainy Bee.
- Dailami, M., Widyawati, Y., Toha, A.H.A. (2021c). Identifikasi Genetik Ikan Teri dari Teluk Cenderawasih dengan Pendekatan DNA Barcoding. *Musamus Fisheries and Marine Journal*, 3(2), 154-166.
- Gaspari, S., Holcer, D., Mackelworth, P., Fortuna, C., Frantzis, A., Genov, T., Vighi, M., Natali, C., Rako, N., Banchi, E., Chelazzi, G., and Ciofi, C. (2015). Population Genetic Structure of Common Bottlenose Dolphins (*Tursiops truncatus*) in the Adriatic Sea and Contiguous Regions: Implications for International Conservation. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 25(2), 212-222.
- Gunadi, B., Robisalmi, A., dan Setyawan, P. (2016). Performa Pertumbuhan dan Estimasi Nilai Heterosis Juvenil Ikan Nila (*Oreochromis niloticus*), Ikan Nila Biru (*Oreochromis aureus*) dan Persilangannya yang Dipelihara di Kolam Air Tawar. In *Prosiding Forum Inovasi Teknologi Akuakultur 2016* (pp. 571-577). Surabaya, Indonesia: Balai Riset Perikanan Budidaya Air Payau dan Penyuluhan Perikanan.
- Ha, T.T.T., Huong, N.T., Hung, N.P., and Guiguen, Y. (2018). Species Identification Using DNA Barcoding on Processed Panga Catfish Products in Vietnam Revealed Important Mislabeling. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 18(3), 457-462.
- Imtiaz, A., Nor, S.A.M., dan Naim, D.M. (2017). Review: Progress and Potential of DNA Barcoding for Species Identification of Fish Species. *Biodiversitas : Journal of Biological Diversity*, 18(4), 1394-1405.
- Jefri, E., Zamani, N.P., Subhan, B., dan Madduppa, H.H. (2015). Molecular Phylogeny Inferred from Mitochondrial DNA of the Grouper *Epinephelus* spp. in Indonesia Collected from Local Fish Market. *Biodiversitas : Journal of Biological Diversity*, 16(2), 254-263.
- Kano, Y., Musikasinthorn, P., Iwata, A., Tun, S., Yun, L.K.C., Win, S.S., Matsui, S., Tabata, R., Yamasaki, T., and Watanabe, K. (2016). A Dataset of Fishes in and Around Inle Lake, an Ancient Lake of Myanmar, with DNA Barcoding, Photo Images and CT/3D Models. *Biodiversity Data Journal*, 4(1), 1-10.
- Keskin, E., and Atar, H.H. (2013). DNA Barcoding Commercially Important Fish Species of Turkey. *Molecular Ecology Resources*, 13(5), 788-797.
- Khayra, A., Muchlisin, Z.A., dan Sarong, M.A. (2016). Morfometrik Lima Spesies Ikan yang Dominan Tertangkap di Danau Aneuk Laot, Kota





- Sabang. *Depik : Jurnal Ilmu-ilmu Perairan, Pesisir, dan Perikanan*, 5(2), 57-66.
- Khedkar, G.D., Jamdade, R., Naik, S., David, L., and Haymer, D. (2014). DNA Barcodes for the Fishes of the Narmada, One of India's Longest Rivers. *PLoS ONE*, 9(7), 1-10.
- Leatemia, S.P.O., Manumpil, A.W., Saleky, D., dan Dailami, M. (2018). DNA Barcode dan Molekuler Filogeni *Turbo* sp. di Perairan Manokwari Papua Barat. In *Prosiding Seminar Nasional MIPA UNIPA* (pp. 103-114). Papua Barat, Indonesia: Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Papua.
- Loh, W.K.W., Bond, P., Ashton, K.J., Roberts, D.T., and Tibbetts, I.R. (2014). DNA Barcoding of Freshwater Fishes and the Development of a Quantitative qPCR Assay for the Species-specific Detection and Quantification of Fish Larvae from Plankton Samples. *Journal of Fish Biology*, 85(2), 307-328.
- Mitchell, A., Rothbart, A., Frankham, G., Johnson, R.N., and Neaves, L.E. (2019). Could do Better! A High School Market Survey of Fish Labelling in Sydney, Australia, Using DNA Barcodes. *PeerJ*, 7(e7138), 1-20.
- Ordoñez, J.F.F., Ventolero, M.F.H., and Santos, M.D. (2017). Maternal Mismatches in Farmed Tilapia Strains (*Oreochromis* spp.) in the Philippines as Revealed by Mitochondrial COI Gene. *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 28(4), 526-535.
- Prehadi, Sembiring, A., Kurniasih, E.M., Rahmad, Arafat, D., Subhan, B., dan Madduppa, H.H. (2015). DNA Barcoding and Phylogenetic Reconstruction of Shark Species Landed in Muncar Fisheries Landing Site in Comparison with Southern Java Fishing Port. *Biodiversitas : Journal of Biological Diversity*, 16(1), 55-61.
- Saleky, D., dan Dailami, M. (2021). Konservasi Genetik Ikan Kakap Putih (*Latescalcarifer*, Bloch, 1790) Melalui Pendekatan DNA Barcoding dan Analisis Filogenetik di Sungai Kumbe Merauke Papua. *Jurnal Kelautan Tropis*, 24(2), 141-150.
- Saleky, D., Leatemia, S.P.O., Pattiasina, T.F., Isma, Pangaribuan, R.D., Welliken, M.A., Melmambessy, E.H.P., dan Dailami, M. (2020). Analisis Pola Pertumbuhan dan Pendekatan DNA Barcoding untuk Identifikasi *Turbostenogyrus* P. Fischer, 1873 (Mollusca: Gastropoda). *Biotropika : Journal of Tropical Biology*, 8(2), 79-86.
- Saleky, D., dan 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., Setyobudiandi, I., Toha, A.H.A., Takdir, M., dan Madduppa, H.H. (2016). Length-Weight Relationship and Population Genetic of Two Marine Gastropods Species (Turbinidae: *Turbo sparverius* and *Turbo bruneus*) in the Bird Seascape Papua, Indonesia. *Biodiversitas : Journal of Biological Diversity*, 17(1), 208-217.





- Saleky, D., Sianturi, R., Dailami, M., dan Kusumah, A.B. (2021). Kajian Molekuler Ikan *Oreochromis* spp. dari Perairan Daratan Merauke-Papua, Berdasarkan DNA Mitokondria Fragmen Gen Sitokrom Oksidase Subunit I. *Jurnal Perikanan*, 23(1), 37-43.
- Satia, Y., Octorina, P., dan Yulfiperius. (2011). Kebiasaan Makanan Ikan Nila (*Oreochromis niloticus*) di Danau Bekas Galian pasir Gekbrong Cianjur – Jawa Barat. *Jurnal Agroqua*, 9(1), 1-5.
- Setiawati, S.D., dan Pangaribuan, R.D. (2017). Studi Makanan dan Pertumbuhan Ikan Nila (*Oreochromis niloticus*) di Rawa Biru Distrik Sota Kabupaten Merauke. *Fisherina : Jurnal Penelitian Budidaya Perairan*, 1(1), 1-10.
- Shen, Y., Guan, L., Wang, D., and Gan, X. (2016). DNA Barcoding and Evaluation of Genetic Diversity in Cyprinidae Fish in the Midstream of the Yangtze River. *Ecology and Evolution*, 6(9), 2702-2713.
- Shen, Y., Chen, X., and Murphy, R.W. (2013). Assessing DNA Barcoding as a Tool for Species Identification and Data Quality Control. *PLoS ONE*, 8(2), 1-5.
- Sjöqvist, C.O., and Kremp, A. (2016). Genetic Diversity Affects Ecological Performance and Stress Response of Marine Diatom Populations. *ISME Journal*, 10(11), 2755-2766.
- Suriana, Marwansyah, dan Amirullah. (2019). Karakteristik Segmen Gen Sitokrom C Oksidase Subunit I (COI) Ngeat *Plusia chalcites* (Lepidoptera: Noctuidae). *BioWallacea : Jurnal Penelitian Biologi (Journal of Biological Research)*, 6(2), 985-994.
- Syaifudin, M., Bekaert, M., Taggart, J.B., Bartie, K.L., Wehner, S., Palaikostas, C., Khan, M.G.Q., Selly, S.L.C., Hulata, G., D'Cotta, H., Baroiller, J.F., McAndrew, B.J., and Penman, D.J. (2019). Species-Specific Marker Discovery in Tilapia. *Scientific Reports*, 9(1), 1-11.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., and Kumar, S. (2013). MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30(12), 2725-2729.
- Thu, P.T., Huang, W.C., Chou, T.K., van Quan, N., van Chien, P., Li, F., Shao, K.T., and Liao, T.Y. (2019). DNA Barcoding of Coastal Ray-Finned Fishes in Vietnam. *PLoS ONE*, 14(9), 1-13.
- Ward, R.D., Zemlak, T.S., Innes, B.H., Last, P.R., and Hebert, P.D.N. (2005). DNA Barcoding Australia's Fish Species. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 360(1462), 1847-1857.
- Wardani, Y., Mote, N., dan Merly, S.L. (2017). Aspek Reproduksi Ikan Nila (*Oreochromis niloticus*) di Rawa Biru Distrik Sota Kabupaten Merauke. *Fisherina : Jurnal Penelitian Budidaya Perairan*, 1(1), 1-10.
- Wong, L.L., Peatman, E., Lu, J., Kucuktas, H., He, S., Zhou, C., Na-nakorn, U., and Liu, Z. (2011). DNA Barcoding of Catfish: Species Authentication and Phylogenetic Assessment. *PLoS ONE*, 6(3), 1-7.
- Yuliani, Y., Yuniaty, A., dan Susanto, A.H. (2017). Variasi Sekuens DNA yang Diamplifikasi Menggunakan Primer Atpb-Rbcl pada Beberapa Kultivar Kacang Tanah. *Scripta Biologica*, 4(1), 11-14.

