

Kajian Molekuler Ikan *Oreochromis* spp. dari Perairan Daratan Merauke-Papua, Berdasarkan DNA Mitokondria Fragmen Gen Sitokrom Oksidase Subunit I

Molecular Study of *Oreochromis* spp. from Merauke Waterland-Papua, based on mitochondrial DNA Cytochrome Oxidase Subunit I Fragment Gene

Dandi Saleky*¹, Reny Sianturi¹, Muhammad Dailami² & Aradea Bujana Kusuma³

¹Departemen Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Pertanian, Universitas Musamus Merauke, Merauke, Papua, Indonesia

²Program Studi Akuakultur, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Brawijaya, Malang, Jawa Timur, Indonesia

³Departemen Ilmu Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Papua, Manokwari, Papua Barat, Indonesia

*Penulis korespondensi, email: dandi@unmus.ac.id

Tanggal Submisi: 02 November 2020; Tanggal Revisi: 28 April 2021; Tanggal Penerimaan: 05 Mei 2021

ABSTRAK Pemanfaatan perikanan secara lestari sangat diperlukan agar sumberdaya perikanan yang ada saat ini bisa terus dimanfaatkan dan juga dalam rangka pemulihan stok perikanan yang telah rusak. Ikan nila (*Oreochromis niloticus*) dan ikan mujair (*Oreochromis mossambicus*) secara luas telah dikenal sebagai salah satu spesies ikan air tawar yang penting dalam perikanan budidaya. Penelitian ini dilakukan dengan tujuan identifikasi spesies ikan *Oreochromis* spp. dari perairan daratan Merauke dengan menggunakan marka gen COI. Amplifikasi DNA dengan gen COI menghasilkan panjang sekuen DNA 656 bp dengan hasil identifikasi adalah *O. niloticus* dan *O. mossambicus* dengan tingkat kemiripan 100 % pada masing-masing spesies. Berdasarkan analisis filogenetik dan jarak genetik, sekuen DNA yang dianalisis membentuk clade sesuai dengan hasil indentifikasi dengan jarak genetik 0,000 - 0,002 pada ikan nila dan 0,000 pada ikan mujair. Analisis keragaman genetik ditemukan hanya 1 haplotype dari kedua jenis ikan tersebut. DNA barcode dan filogenetik dapat digunakan dalam mengidentifikasi spesies dalam pengelolaan dan konservasi.

Kata kunci: Filogenetik; Gen COI; jarak genetik; *O. niloticus*; *O. mossambicus*

ABSTRACT Sustainable fisheries are needed for long-term usage and restocking of fisheries resources. Nile tilapia (*O. niloticus*) and Mujair (*O. mossambicus*) are widely known as an essential freshwater fish in aquaculture. This research aims to analyze the diversity, identification, and species confirmation of Nile Tilapia and Mujair from Merauke Waterland based on the COI gene. DNA amplification of the COI gene resulted in 656 base pairs of sequence DNA that are identical (100%) with the sequences of *O. niloticus* and *O. mossambicus* from GenBank. The phylogenetic and genetic distance analysis shows that the samples are grouped into two clades following the identification result, with genetic distance vary from 0.000 to 0.002 for *O. niloticus* clade and 0.000 for *O. mossambicus* clade. All samples are grouped into one haplotype, for each species. DNA barcoding and phylogenetic analyses are suitable for genetic identification methods for species conservation and management.

Keywords: Phylogenetic; COI gene; genetic distance; *O. niloticus*; *O. mossambicus*

PENDAHULUAN

Pemanfaatan perikanan secara lestari sangat diperlukan agar sumberdaya perikanan yang ada saat ini bisa terus dimanfaatkan dan juga dalam rangka pemulihan stok perikanan yang telah rusak (Ward, 2000; Garcia & Rosenberg, 2010). Pengelolaan dan konservasi suatu spesies memerlukan berbagai informasi seperti informasi ekologi, morfologi dan juga informasi genetik dan taksonomi (Nuryanto & Solihin, 2006; Panprommin et al., 2019). Perubahan kondisi lingkungan serta laju pemanfaatan sumberdaya yang berlebih dapat menyebabkan perubahan komposisi spesies serta penurunan keragaman genetik pada suatu populasi (Kusuma et al., 2016) termasuk populasi ikan *Oreochromis* spp.

Ikan *Oreochromis* spp. sangat melimpah di perairan daratan Merauke, oleh masyarakat umum di kota Merauke ikan *Oreochromis* spp. tersebut diidentifikasi dengan jenis ikan mujair. Ikan *Oreochromis* spp. sangat digemari oleh masyarakat sebagai sumber protein selain harganya

yang relatif terjangkau tetapi juga jumlahnya sangat melimpah di alam. Ikan nila (*Oreochromis niloticus*) dan ikan mujair (*Oreochromis mossambicus*) secara luas telah dikenal sebagai salah satu spesies ikan air tawar yang penting dalam perikanan budidaya (Gunadi et al., 2016; Ordoñez et al., 2017). Ikan tersebut menjadi komoditas penting karena memiliki toleransi yang tinggi terhadap kondisi lingkungan dengan tingkat pertumbuhan yang cepat (Nakkina, 2016; Yustysi et al., 2016). Selain itu ikan tersebut juga mudah untuk dipijahkan (Pantow et al., 2017). Ikan nila dan ikan mujair merupakan ikan invasive di berbagai wilayah perairan daratan dan percampuran genetik sering terjadi antara keduanya yang menyebabkan terjadinya penurunan keragaman genetik akibat terjadinya hibridisasi (Firmat et al., 2013; Hänfling, 2007). Semakin tingginya ancaman terhadap populasi membuat penurunan keanekaragaman genetik diperkirakan menurun lebih cepat dibandingkan dengan keanekaragaman spesies, dan secara global distribusi keragaman genetik kurang terdokumentasikan dengan

baik (Manel *et al.*, 2020).

Penurunan keanekaragaman genetik ikan air tawar dapat disebabkan beberapa faktor seperti invasive spesies (Wargasmita, 2005), hibridisasi (Firmat *et al.*, 2013), degradasi habitat dan pencemaran lingkungan (Shechonge *et al.*, 2018). Penurunan kualitas lingkungan dan parasit juga turut memengaruhi keanekaragaman genetik (Arini *et al.*, 2018). Data genetik dapat memberikan kontribusi penting dalam pemahaman konektivitas populasi, strategi konservasi dan pengelolaan, termasuk di dalamnya penentuan daerah konservasi (Díaz-Ferguson *et al.*, 2010). Analisis kekerabatan, sejarah evolusi maupun dinamika evolusi dapat dipelajari melalui rekonstruksi filogenetik (Sohpal, 2013; Rumanta *et al.*, 2020). Pendekatan filogenetik molekuler telah banyak dilakukan dalam mengidentifikasi spesies ikan (Jefri *et al.*, 2015; Saleky *et al.*, 2020; Dailami *et al.*, 2021). Filogenetik molekuler dengan DNA mitokondria dapat membedakan dan mengidentifikasi spesies yang secara morfologi sulit dilakukan (Hebert *et al.*, 2003).

Analisis jarak dan variasi genetik sangat penting dilakukan dalam menganalisis diferensiasi gen antar populasi guna mendukung kegiatan konservasi dan perbaikan stok perikanan di alam (Doğan & Doğan, 2016; Kibria *et al.*, 2014). Keragaman genetik populasi juga dapat digunakan sebagai acuan dalam menentukan sumber varian baru dalam program pemuliaan ikan (Arifin & Kurniasih, 2016; Ordoñez *et al.*, 2017). Variasi genetik suatu populasi dapat dipertahankan atau ditingkatkan dengan melakukan introduksi varian genetik baru dari populasi dengan variasi genetik yang lebih beragam (Hänfling, 2007). Keragaman genetik spesies air tawar sangat bervariasi terutama pada daerah aliran sungai dan kemiringan sungai menjadi salah satu faktor pembatas keragaman genetik pada daerah aliran sungai (Manel *et al.*, 2020).

Gen mitokondria sitokrom c oksidase 1 (COI) menjadi pendekatan molekuler yang umum digunakan secara luas dalam identifikasi spesies (Sun *et al.*, 2016; Ward, 2000; Zemlak *et al.*, 2009). Selain itu, gen COI telah banyak digunakan dalam berbagai studi keragaman genetik dan klasifikasi spesies (Hebert *et al.*, 2003), rekonstruksi filogenetik (Leatemia *et al.*, 2018), konektivitas genetik regional dalam kegiatan konservasi dan pengelolaan organisme (Díaz-Ferguson *et al.*, 2010).

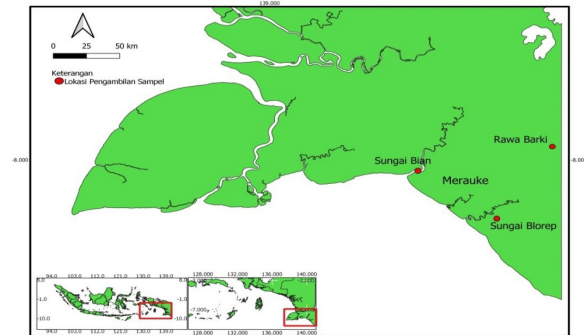
Melimpahnya sumberdaya ikan *Oreochromis* spp. di alam membuat identifikasi molekuler menjadi sangat penting untuk dilakukan (Layton *et al.*, 2014) karena identifikasi dengan pendekatan DNA *barcoding* dapat membedakan spesies secara cepat dan akurat (Saleky *et al.*, 2020). Belum adanya studi tentang DNA *barcoding* dan keragaman genetik ikan *Oreochromis* spp. di perairan daratan Merauke, membuat penelitian ini sangat penting untuk dilakukan dalam rangka pengelolaan perikanan secara berkelanjutan dan kegiatan konservasi ekosistem (Ward *et al.*, 2005).

BAHAN DAN METODE

Lokasi dan waktu pengambilan sampel

Sebanyak 11 sampel ikan *Oreochromis* sp. dikoleksi dari 3 lokasi perairan daratan di Merauke yaitu Rawa Barki, Sungai Bian dan Sungai Bloremp Merauke (Gambar 1).

Identifikasi morfologi ikan dilakukan dengan menggunakan *fishbase* (www.fishbase.org). Jaringan sirip yang didapatkan kemudian disimpan dalam botol sampel berisi ethanol 96 %. Sampel jaringan sirip yang telah diperoleh kemudian dikirim ke Laboratorium Biodiversitas Indonesia (BIONESIA) Bali untuk dilakukan analisis molekuler agar dapat diperoleh fragmen gen COI.



Gambar 1. Peta lokasi pengambilan sampel (titik-titik merah merupakan lokasi pengambilan sampel).

Analisis molekuler

Ekstraksi DNA menggunakan sampel jaringan sirip ikan dengan menggunakan *chelex* 10% (Walsh *et al.*, 2018). Keberhasilan ekstraksi DNA tidak dihitung secara kuantitatif tetapi secara kualitatif yang mana hasil ekstraksi DNA genom terlebih dahulu dielektroforesis, indikator keberhasilan dilihat dengan munculnya pita DNA pada hasil elektroforesis. Reaksi PCR menggunakan volume 25 μ l dengan jumlah template DNA 1-4 μ l. Primer yang digunakan dalam penelitian ini menggunakan 2 primer yaitu primer forward FISH-BCH: 5'-TCAACCAACCACAAAGACA-3', dan primer FISH-BCL reverse: 5' TAGACTTCTGGGTGGCCAA-3' (Ward *et al.*, 2005). Profil PCR meliputi denaturasi awal 94°C selama 15 detik, denaturasi 94°C selama 30 detik, *annealing* pada 50°C selama 30 detik dan *extension* pada 72°C selama 45 detik dan *final extension* pada 72°C selama 10 menit, semua proses tersebut dilakukan dengan pengulangan sebanyak 40 siklus. Hasil PCR kemudian dielektroforesis untuk memvisualisasikan hasil amplifikasi fragmen gen COI. Proses ini dilakukan dengan menggunakan gel agarosa 1% (b/v), yaitu dengan mencampurkan 0,5 gram agarosa dalam 45 mL SB-Buffer. Hasil PCR positif kemudian dikirim ke lembaga sekuensing 1st (Malaysia) untuk mendapatkan urutan pasang basa DNA.

Analisis data

Hasil sekuensing DNA yang diperoleh kemudian diedit menggunakan model ClustalW (1.6) (Kumar *et al.*, 2016) dengan menggunakan program MEGA 7 (*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*). Perhitungan jarak genetik (D) antar spesies dihitung dan juga merekonstruksi pohon filogenetik dengan menggunakan aplikasi Mega 7 (Kumar *et al.*, 2016) dengan metode Neighbour-Joining (NJ) dengan model Kimura 2-parameter, nilai *bootstrap* 1000x. Spesies *O. aureus* digunakan sebagai *out* grup dalam analisis filogenetik. Analisis sebaran haplotipe dengan menggunakan *Software* DNAsp 5.0 (Rozas *et al.*, 2003). Analisis filogenetik

filogenetik dilakukan dengan menggunakan sekuen DNA ikan *Oreochromis* spp. hasil penelitian ini ditambah dengan sekuen COI *Oreochromis* spp. yang didownload dari genbank sebagai pembandingan (Tabel 1).

mujair (*O. mossambicus*) melainkan juga terdapat jenis ikan nila (*O. niloticus*). Kedua jenis ikan hidup pada habitat sama yang dapat mengakibatkan terjadinya hibridisasi (percampuran genetik) antar kedua spesies tersebut.

Tabel 1. Sekuen DNA *Oreochromis* spp. yang digunakan dalam rekonstruksi filogenetik termasuk lokasi, nomor akses dari *National Center for Biotechnology Information* (NCBI).

No	Spesies	Lokasi	Acc. Number	Sumber
1	<i>O. mossambicus</i>	Tasikmalaya	KU692685	Dahrudin et al. (2017)
2	<i>O. mossambicus</i>	Lumajang	KU692683	Dahrudin et al. (2017)
3	<i>O. mossambicus</i>	Lumajang	KU692693	Dahrudin et al. (2017)
4	<i>O. mossambicus</i>	Bali	KU692691	Dahrudin et al. (2017)
5	<i>O. mossambicus</i>	Bali	KU692692	Dahrudin et al. (2017)
6	<i>O. mossambicus</i>	Bali	KU692689	Dahrudin et al. (2017)
7	<i>O. mossambicus</i>	Bali	KU692688	Dahrudin et al. (2017)
8	<i>O. mossambicus</i>	Ambarawa	KU692684	Dahrudin et al. (2017)
9	<i>O. mossambicus</i>	Indonesia	KU692686	Dahrudin et al. (2017)
10	<i>O. mossambicus</i>	Ambarawa	KU692687	Dahrudin et al. (2017)
11	<i>O. niloticus</i>	Indonesia	HM345941	Muchlisin et al. (2013)
12	<i>O. niloticus</i>	Indonesia	HM345942	Muchlisin et al. (2013)
13	<i>O. niloticus</i>	Indonesia	KU692694	Dahrudin et al. (2017)
14	<i>O. niloticus</i>	Indonesia	KP856792	Abdullah & Rehbein, (2017)
15	<i>O. aureus</i>	Filipina	KU565852	Ordoñez et al. (2017)

HASIL DAN PEMBAHASAN

Karakter molekuler

Sebanyak 11 sampel ikan *Oreochromis* spp. dikoleksi dari 3 lokasi di perairan daratan Merauke yaitu Rawa Barki, Sungai Bian dan Sungai Blorep. Berdasarkan karakter morfologi, tidak dapat diidentifikasi sampai pada tingkatan spesies tetapi sampai pada tingkatan genus. Hal tersebut akibat miripnya morfologi dari ikan *Oreochromis* spp. yang dikoleksi. Keseluruhan sampel tersebut secara umum disebut dengan ikan mujair oleh masyarakat umum di Kota Merauke. Ikan-ikan tersebut memiliki ukuran tubuh yang cukup besar dengan ukuran 20-40 cm. Berdasarkan hasil identifikasi dengan marka gen COI, diketahui di perairan daratan Merauke terdiri atas 2 jenis anggota genus *Oreochromis* spp. yaitu ikan nila (*Oreochromis niloticus*) dan ikan mujair (*Oreochromis mossambicus*).

Berdasarkan hasil identifikasi menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) pada *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) adalah ikan nila (*O. niloticus*), dan ikan mujair (*O. mossambicus*) dengan tingkat kemiripan 100% (Tabel 2). Hasil ini membuktikan bahwa ikan *Oreochromis* spp. yang hidup dan melimpah di perairan daratan Merauke bukan hanya jenis ikan

(Firmat et al., 2013).

Kesalahan identifikasi wajar terjadi akibat adanya kesamaan morfologi yang disebabkan oleh fenomena *cryptic species* maupun *siblings species* (Purnamasari et al., 2016). Berdasarkan karakter morfologi kedua jenis tersebut memiliki morfologi yang sangat mirip (Khayra et al., 2016). Umumnya ikan diidentifikasi dengan pendekatan morfologi tetapi dalam banyak kasus banyak spesies yang mirip tidak dapat diidentifikasi pada tahapan perkembangan tertentu sehingga dibutuhkan identifikasi dengan pendekatan DNA *barcoding* (Jefri et al., 2015).

Variasi genetik menjadi kunci penting pada suatu populasi dalam bertahan pada lingkungannya (Kusuma et al., 2016). Variasi genetik menjadi elemen penting dalam kegiatan konservasi (Kenchington, 2010). Analisis keragaman genetik ditemukan 1 haplotipe baik pada ikan nila (*O. niloticus*) ataupun pada ikan mujair (*O. mossambicus*) (Tabel 3).

Haplotipe ikan nila (*O. niloticus*) dan mujair (*O. mossambicus*) masing - masing terdiri atas 1 haplotipe yang menunjukkan garis keturunan haplotipe yang sama antara perairan Merauke dan beberapa wilayah di Indonesia. Haplotipe yang identik tersebut terjadi karena tidak adanya mutasi



Gambar 2. Morfologi *Oreochromis* spp. yang dikoleksi dari Rawa Barki (A), Sungai Bian (B) dan Sungai Blorep (C).

Tabel 2. Hasil identifikasi spesies menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) di *National Center for Biotechnology Information* (NCBI).

No	Sampel Id	Spesies	Lokasi	Hasil Blast (%)
1	Rawa Barki 1	<i>O. mossambicus</i>	Rawa Barki, Merauke	100
2	Rawa Barki 2	<i>O. niloticus</i>	Rawa Barki, Merauke	100
3	Rawa Barki 3	<i>O. niloticus</i>	Rawa Barki, Merauke	100
4	Rawa Barki 4	<i>O. niloticus</i>	Rawa Barki, Merauke	100
5	Sungai Bian 1	<i>O. niloticus</i>	Sungai Bian, Merauke	100
6	Sungai Bian 2	<i>O. mossambicus</i>	Sungai Bian, Merauke	100
7	Sungai Bian 3	<i>O. niloticus</i>	Sungai Bian, Merauke	100
8	Sungai Bian 4	<i>O. niloticus</i>	Sungai Bian, Merauke	100
9	Blorep 1	<i>O. mossambicus</i>	Blorep, Merauke	100
10	Blorep 2	<i>O. niloticus</i>	Blorep, Merauke	100
11	Blorep 3	<i>O. mossambicus</i>	Blorep, Merauke	100

Tabel 3. Sebaran haplotipe ikan mujair (*O. mossambicus*) dan ikan nila (*O. niloticus*) di perairan daratan Merauke.

Haplotipe/ <i>O. mossambicus</i>	Lokasi Pengambilan Sampel			Total haplotipe
	Rawa Barki	Sungai Bian	Blorep	
H1	1	1	1	1

Haplotipe/ <i>O. niloticus</i>	Lokasi Pengambilan Sampel			Total haplotipe
	Rawa Barki	Sungai Bian	Blorep	
H1	1	1	1	1

yang terjadi pada ikan mujair (*O. mossambicus*) ataupun ikan nila (*O. niloticus*) yang tersebar pada perairan daratan Merauke. Haplotipe ikan nila asal Merauke dan beberapa wilayah di Indonesia terdiri atas 3 haplotipe, sebaliknya pada ikan mujair hanya terdapat 1 haplotipe. Kesamaan haplotipe *Oreochromis* spp. asal Merauke dengan daerah lainnya terjadi karena jenis tersebut merupakan satu garis keturunan yang sama yang mana jenis tersebut bersifat invasive yang kemudian menjadi komoditas penting dalam bidang perikanan khususnya pada perairan daratan di Kota Merauke dan berbagai wilayah lainnya.

Kesamaan haplotipe ikan nila (*O. niloticus*) dan ikan mujair (*O. mossambicus*) asal perairan Merauke dengan berbagai wilayah lainnya memungkinkan individu-individu pada kedua spesies tersebut tidak memiliki perbedaan spesifik dari komposisi asam amino maupun jajaran sekuen DNA. Hasil analisis haplotipe ini dapat digunakan dalam mengurangi tekanan pada populasi alami melalui proses domestikasi dan peningkatan produksi melalui pemuliaan selektif dengan cara mengambil sumber genetik baru dari populasi yang memiliki variasi genetik yang berbeda dengan populasi asal (Wibowo *et al.*, 2010).

Jarak genetik

Jarak genetik digunakan untuk melihat kedekatan hubungan genetik antar individu suatu spesies dengan individu dan spesies lainnya (Suriana *et al.*, 2019). Analisis jarak genetik sangat berkaitan dengan rekonstruksi pohon filogenetik yang terbentuk. Jarak genetik (Tabel 4) antara ikan nila (*O. niloticus*) dan mujair (*O. mossambicus*) sebesar 0,054, sedangkan jarak genetik terjauh antara ikan nila (*O. niloticus*) dengan ikan *Oreochromis aureus* sebesar 0,077.

Spesies yang memiliki nilai jarak genetik yang rendah mengindikasikan bahwa spesies tersebut memiliki hubungan kekerabatan yang semakin dekat. Sebaliknya, semakin besar nilai jarak genetik mengindikasikan hubungan kekerabatan yang semakin jauh. Ikan nila (*O. niloticus*) dan ikan mujair (*O. mossambicus*) memiliki jarak genetik yang cukup tinggi, tetapi secara morfologi kedua spesies tersebut memiliki kemiripan morfologi. Kemiripan morfologi ini dapat terjadi karena terjadinya hibridisasi (percampuran genetik) akibat kedua spesies tersebut hidup secara bersama di alam (Arifin & Kurniasih, 2016; Gabaldón *et al.*, 2013).

Tabel 4. Jarak genetik *Oreochromis* spp.

No	Spesies	1	2
1	<i>Oreochromis mossambicus</i>	*	*
2	<i>Oreochromis niloticus</i>	0,054	*
3	<i>Oreochromis aureus</i>	0,073	0,077

Rekonstruksi pohon filogenetik

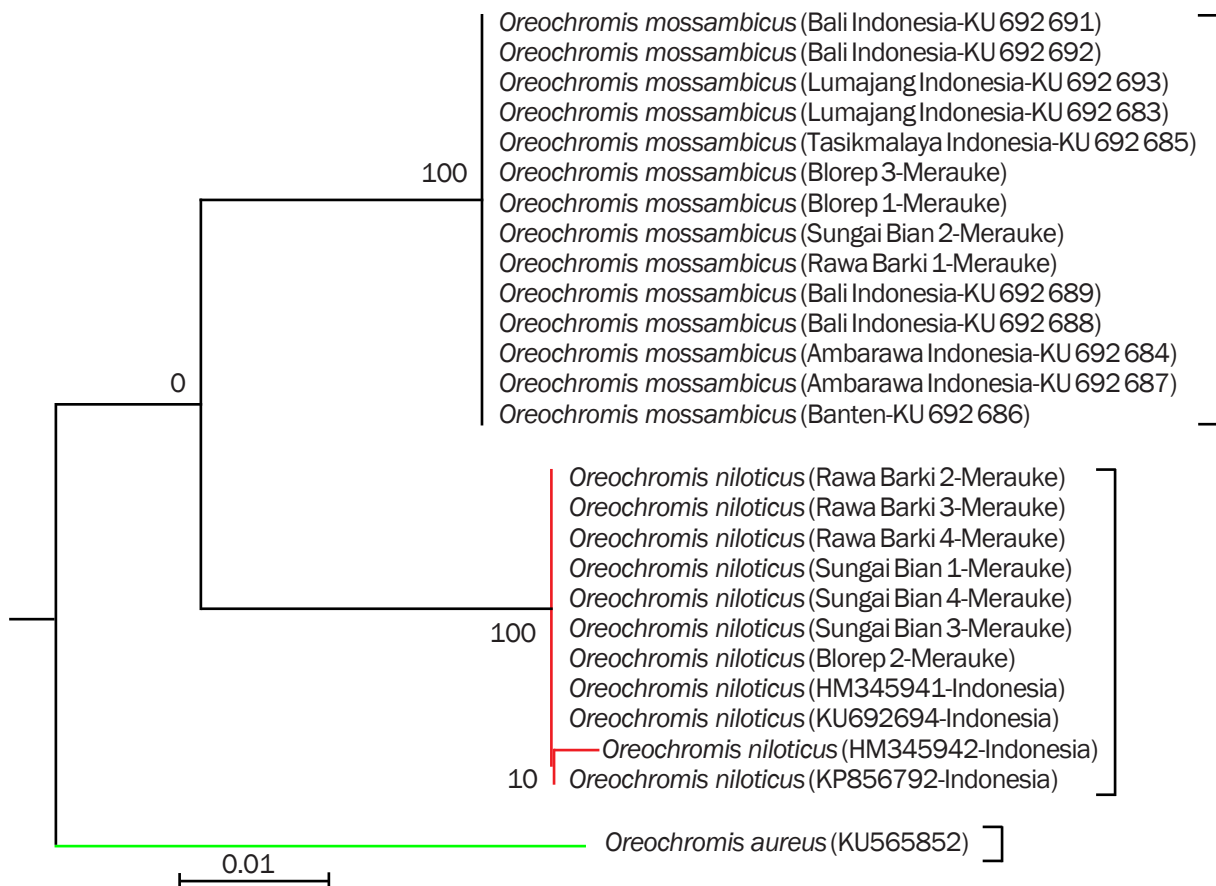
Pendekatan filogenetik molekuler dapat digunakan untuk membedakan dan mengidentifikasi spesimen yang sulit diidentifikasi (Jefri et al., 2015). Rekonstruksi pohon filogenetik molekuler memanfaatkan data biomolekuler struktural atau fungsional yang dapat digunakan untuk konstruksi pohon filogenetik (Pardi et al., 2016; Rumanta et al., 2020). Rekonstruksi filogenetik dalam penelitian ini terdiri dari 26 sekuen COI *Oreochromis* spp. menggunakan metode *Neighbor-Joining* (NJ) dengan model Kimura 2-parameter, *bootstrap* 1000x (Gambar 3).

Rekonstruksi filogenetik memperlihatkan keseluruhan sekuen terpisah berdasarkan jenis dan kemiripan sekuen. Pohon filogenetik yang terbentuk terbagi atas 3 *clade* yaitu *clade Oreochromis niloticus*, *clade Oreochromis mossambicus* dan *clade Oreochromis aureus*. Percampuran tersebut juga didukung oleh nilai jarak genetik keseluruhan ikan nila yang berkisar 0,000 – 0,0002. percampuran yang sama juga terjadi pada sekuen ikan mujair yang dianalisis, percampuran tersebut didukung oleh nilai jarak genetik 0,000 pada semua sekuen DNA ikan mujair dengan 1 haplotipe yang identik. Hasil analisis tersebut memperlihatkan bahwa ikan mujair yang berasal dari perairan daratan Merauke memiliki garis keturan yang sama dengan ikan mujair yang berasal dari daerah lainnya. Rekonstruksi filogenetik juga berhasil membedakan antar spesies ikan nila dan ikan mujair yang sulit dilakukan melalui kajian morfologi.

Ikan *Oreochromis* spp. termasuk ikan invasive yang sangat melimpah di alam dan mengganggu keberadaan ikan endemik di perairan daratan Merauke. Hasil analisis juga memperlihatkan keanekaragaman genetik Ikan *Oreochromis* spp. sangat rendah di alam, hal tersebut membuat keberadaan populasinya menjadi terancam. Didukung pula dengan status konservasi ikan mujair (*O. mossambicus*) di *The International Union for Conservation of Nature* (IUCN) (<https://www.iucnredlist.org/>) pada habitat asalnya di Afrika berada dalam kategori *vulnerable* yang berarti spesies tersebut menghadapi risiko kepunahan di alam liar di waktu yang akan datang. Berbeda dengan ikan mujair (*O. mossambicus*) status konservasi ikan nila (*O. niloticus*) pada habitat asalnya di Afrika termasuk dalam kategori *least concern* yang berarti beresiko rendah atau masih dianggap aman di habitat asalnya. Walaupun terancam di habitat asalnya, ikan mujair (*O. mossambicus*) termasuk ikan predator di perairan Merauke. Kehadiran ikan *Oreochromis* spp. di perairan daratan Merauke menyebabkan berkurangnya jumlah ikan endemik di Merauke seperti ikan pelangi (*Melanotaenia* sp.) dan *Oxyeleotris fimbriata* yang memiliki ukuran tubuh yang lebih kecil.

KESIMPULAN

Analisis DNA *barcoding* dapat mengidentifikasi 2 spesies anggota genus *Oreochromis* yang hidup di perairan daratan Merauke yaitu ikan nila (*Oreochromis niloticus*) dan ikan mujair (*Oreochromis mossambicus*). Analisis



Gambar 3. Rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan metode *Neighbor-Joining* (NJ) dengan model Kimura 2-parameter, *bootstrap* 1000x.

filogenetik dan keragaman genetik seluruh sampel yang dianalisis memiliki 1 haplotipe dengan jarak genetik 0,000 - 0,0032 pada ikan nila sedangkan pada ikan mujair seluruh sampel memiliki jarak genetik 0,000. DNA barcode dapat digunakan dalam mengidentifikasi dan konfirmasi spesies dalam pengelolaan dan konservasi spesies.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdullah, A & H. Rehbein. 2017. DNA barcoding for the species identification of commercially important fishery products in Indonesian markets. *International Journal of Food Science and Technology*, 52 (1): 266-274. <https://doi.org/10.1111/ijfs.13278>.
- Arifin, O.Z & T. Kurniasih. 2016. Variasi genetik tiga populasi ikan nila (*Oreochromis niloticus*) berdasarkan polimorfisme mt-DNA. *Jurnal Riset Akuakultur*. 2 (1): 67. <https://doi.org/10.15578/jra.2.1.2007.67-75>.
- Dahrudin, H., A. Hutama, F. Busson, S. Sauri, R. Hanner, P. Keith, R. Hadiaty & N. Hubert. 2017. Revisiting the ichthyodiversity of Java and Bali through DNA barcodes: taxonomic coverage, identification accuracy, cryptic diversity and identification of exotic species. *Molecular Ecology Resources*. 17 (2): 288-299. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12528>.
- Dailami, M., Y. Widyawati & A.H.A. Toha. 2021. Identifikasi genetik ikan teri dari Teluk Cenderawasih dengan pendekatan DNA Barcoding. *Musamus Fisheries and Marine Journal*. 3 (2): 154-166. <https://doi.org/10.35724/mfmj.v3i2.3521>.
- Díaz-Ferguson, E., R. Haney, J. Wares & B. Silliman. 2010. Population genetics of a trochid gastropod broadens picture of caribbean sea connectivity. *PLoS ONE*, 5 (9): 1-8. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0012675>.
- Doğan, İ & N. Doğan. 2016. Genetic distance measures: Review. *Turkiye Klinikleri Journal of Biostatistics*. 8(1):87-93. <https://doi.org/10.5336/biostatic.2015-49517>.
- Firmat, C., Alibert, P., Losseau, M., Baroiller, J. F., & Schliewen, U. K. 2013. Successive invasion-mediated interspecific hybridizations and population structure in the endangered cichlid *Oreochromis mossambicus*. *PLoS ONE*. 8 (5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0063880>.
- Gabaldón, C., J. Montero-Pau, M. Serra & M.J. Carmona. 2013. Morphological similarity and ecological overlap in two rotifer species. *PLoS ONE*. 8 (2): 23-25. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057087>.
- Garcia, S.M & A.A. Rosenberg. 2010. Food security and marine capture fisheries: Characteristics, trends, drivers and future perspectives. In *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. 365 (1554): 2869-2880. Royal Society. <https://doi.org/10.1098/rstb.2010.0171>.
- Gunadi, B., A. Robisalmi & P. Setyawan. 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. *Prosiding Forum Inovasi Teknologi Akuakultur*. 571-577.
- Hänfling, B. 2007. Understanding the establishment success of non-indigenous fishes: Lessons from population genetics. *Journal of Fish Biology*. 71 (SUPPL. D), 115-135. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2007.01685.x>.
- Hebert, P., A. Cywinska, S. Ball & J. deWaard. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc R Soc Lond B Biol Sci*, 270.
- Hebert, P.D.N., A. Cywinska, S.L. Ball & J.R. DeWaard. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 270 (1512): 313-321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>.
- Jefri, E., N.P. Zamani, B. Subhan & 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>.
- Kenchington, E.L. 2010. The effects of fishing on species and genetic diversity. *Responsible Fisheries in the Marine Ecosystem*. 235-253. <https://doi.org/10.1079/9780851996332.0235>.
- Khayra, A., Z.A. Muchlisin & M.A. Sarong. 2016. Morfometrik lima spesies ikan yang dominan tertangkap di Danau Aneuk Laot, Kota Sabang. *DEPIK Jurnal Ilmu-Ilmu*. 5 (2): 57-66. <http://jurnal.unsyiah.ac.id/depik/article/view/4907>.
- Kibria, Md.G., Sweety, A.J, Md. S. Islam & Md.S. Alam. 2016. Population genetic structure of the Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) revealed by microsatellite DNA marker analysis. *J. Aqua Trop*. 29 (1-2): 9-19.
- Kumar, S., G. Stecher & K. Tamura. 2016. MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*. 33 (7): 1870-1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>.
- Kumar, S.V. 2013. Computational analysis of distance and character based phylogenetic tree for capsid proteins of human herpes virus. *Journal of Data Mining in Genomics & Proteomics*. 4 (02). <https://doi.org/10.4172/2153-0602.1000128>.
- Kusuma, A.B., D.G. Bengen, H.H. Madduppa, B. Subhan & D. Arafat. 2016. Keanekaragaman genetik karang lunak *Sarcophyton trocheliophorum* pada populasi laut Jawa, Nusa Tenggara dan Sulawesi. *Jurnal Enggano*. 1 (1): 89-96. <https://doi.org/10.31186/jenggano.1.1.89-96>.
- Layton, K.K.S., A.L. Martel & P.D. Hebert. 2014. Patterns of DNA barcode variation in Canadian marine molluscs. *PLoS ONE*. 9 (4), e95003. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0095003>.
- Leatemia, S.P., A.W. Manumpil, D. Saleky & M. Dailami. 2018. DNA barcode dan molekuler filogeni *Turbo* sp. di perairan Manokwari Papua Barat. *Prosiding Seminar Nasional MIPA UNIPA*. 3 (1): 103-114. <https://prosiding.fmipa.unipa.ac.id/index.php/SNMIPAUNIPA/article/view/12>.
- Manel, S., P.E. Guerin, D. Mouillot, S. Blanchet, L. Velez, C. Albouy & L. Pellissier. 2020. Global determinants

- of freshwater and marine fish genetic diversity. *Nature Communications*. 11 (1): 1-9. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-14409-7>.
- Muchlisin, Z.A., Z. Thomy, N. Fadli, M.A. Sarong & M.N.S. Azizah. 2013. DNA barcoding of freshwater fishes from Lake Laut Tawar, Aceh Province, Indonesia. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*. 43 (1): 21-29. <https://doi.org/10.3750/AIP2013.43.1.04>.
- Nakkina, M. 2016. Study of growth rate in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Journal of Aquaculture Research & Development*. 7 (8): 8-11. <https://doi.org/10.4172/2155-9546.1000440>.
- Nuryanto, A & D.D. Solihin. 2006. Variasi sekuens gen mitokondrial sitokrom C Oksidase I (COI) dari siput lola (*Trochus niloticus*). *Biosfera*. 23 (1): 31-37.
- Ordoñez, J.F.F., M.F.H. Ventolero & M.D. Santos. 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. <https://doi.org/10.3109/24701394.2016.1149824>.
- Panprommin, D., K. Soontornpravit, S. Tuncharoen, S. Pithakpol & J. Keereelang. 2019. DNA barcodes for the identification of species diversity in fish from Kwan Phayao, Thailand. *Journal of Asia-Pacific Biodiversity*. 12 (3): 382-389. <https://doi.org/10.1016/j.japb.2019.05.003>.
- Pantow, J.G.L., S. Suhaeni & M. Wasak. 2017. Analisis usaha budidaya ikan nila pada CV Tiga Mas di Desa Talawaan Kecamatan Talawaan Kabupaten Minahasa Utara. *Akulturasl (Jurnal Ilmiah Agrobisnis Perikanan)*. 5 (9). <https://doi.org/10.35800/akulturasl.5.9.2017.16979>.
- Pardi, F., O.Gascuel, F. Pardi & O. Gascuel. 2016. Distance-based methods in phylogenetics To cite this version : *Encyclopedia of Evolutionary Biology*. 458-465..
- Purnamasari, L., A. Farajallah & D. Wowor. 2016. Application of DNA barcode in determination of shrimp species of fresh water from the Province of Jambi. *Biocencetta*. 2 (1): 50-59.
- Rumanta, M., R.M. Kunda, S.D. Volkandari, I. Indriawati & P. Kakisina. 2020. Genetic characterization and phylogenetic study of Lakor goat from Southwest Maluku regency based on mitochondrial COI gene. *Veterinary World*. 13 (6): 1209-1220. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2020.1209-1220>.
- Saleky, D., S.P.O. Leatemia, T.F. Pattiasina, I. Isma, R.D. Pangaribuan, M.A. Welliken, E.H.P. Melmambessy & M. Dailami. 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>.
- Sun, S., Q. Li, L. Kong, H. Yu, X. Zheng, R. Yu, L. Dai, Y. Sun, J. Chen, J. Liu, L. Ni, Y. Feng, Z. Yu, S. Zou & J. Lin. 2016. DNA barcoding reveal patterns of species diversity among northwestern Pacific molluscs. *Scientific Reports*, 6(August), 1-17. <https://doi.org/10.1038/srep33367>.
- Suriana, S., M. Marwansyah & A. Amirullah, A. 2019. Karakteristik segmen gen sitokrom C oksidase subunit I (COI) ngengat *Plusia chalcites* (Lepidoptera: Noctuidae). *BioWallacea : Jurnal Penelitian Biologi (Journal of Biological Research)*. 6 (2): 985. <https://doi.org/10.33772/biowallacea.v6i2.8824>.
- Walsh, P.S., D.A. Metzger & R. Higuchi. 2018. Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques*. 54 (3): 506-513. <https://doi.org/10.2144/000114018>.
- Ward, R.D. 2000. Genetics in fisheries management. *Hydrobiologia*. 420 (1): 191-201. <https://doi.org/10.1023/A:1003928327503>.
- Ward, R., T. Zemlak, B. Innes, P. Last & P. Hebert. 2005. DNA barcoding Australia & apos. *Philos Trans R Soc Lond B*, 360.
- Wargasasmita, S. 2005. Ancaman invasi ikan asing terhadap keanekaragaman ikan asli. *Jurnal Iktiologi Indonesia*. 5 (1): 510.
- Wibowo, A., R. Affandi, K. Soewardi & S. Sudarto. 2010. Genetic differentiation of the kampar river's giant featherback (*Chitala Lopis* Bleeker 1851) Base on mitochondrial DNA analysis. *Ind.Fish Res.J.* 16 (2): 49-58.
- Yustysi, D.P., F. Basuki, T. Susilowati & T. Yuniarti. 2016. Analisis karakter reproduksi dan performa benih hibrid ikan nila pandu f6 dengan ikan nila nilasa (*Oreochromis niloticus*). *Indonesian Journal of Fisheries Science and Technology*. 12 (1): 19-23.
- Zemlak, T.S., R.D. Ward, A.D. Connell, B.H. Holmes & P.D.N. Hebert. 2009. DNA barcoding reveals overlooked marine fishes. *Molecular Ecology Resources*. 9 (SUPPL. 1), 237-242. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02649>.