

Identifikasi Spesies Ikan *Lutjanus* yang Didaratkan di PPI Kedonganan Berdasarkan Karakter Morfologi, Morfometri dan DNA *Barcoding*

Kadek Desika Natalia^{1*}, Ni Putu Dian Pertiwi^{1,2}

¹ Jurusan Biologi dan Perikanan Kelautan, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Pendidikan Ganesha, Singaraja, Bali-Indonesia

² Yayasan Biodiversitas Indonesia (Bionesia), Denpasar, Bali- Indonesia

*Corresponding author email: desika.natalia@undiksha.ac.id

Abstrak

Identifikasi spesies sangat penting untuk inventarisasi ikan dengan nilai ekonomis tinggi di Indonesia. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi spesies ikan *Lutjanus* di Kedonganan, Bali, menggunakan metode morfologi, morfometri, dan DNA *barcoding* dengan marka *control region* mitokondria (mtDNA). Sampel dianalisis melalui pengamatan morfologi secara visual, pengukuran 23 karakter morfometri, serta sekuensing DNA yang diikuti dengan analisis filogenetik. Hasil pengamatan morfologi menunjukkan ciri-ciri spesifik seperti tubuh berwarna kuning terang dengan lima garis biru keabu-abuan, yang mengidentifikasi spesimen sebagai *Lutjanus quinquelineatus*. Hasil identifikasi dengan DNA *barcoding* menunjukkan sampel yang dikoleksi sebagai spesies *Lutjanus quinquelineatus* dengan tingkat kemiripan sebesar 97,67%. Jarak genetik intraspesifik menunjukkan nilai sebesar 2,37%. Kombinasi data morfologi, morfometri, dan molekuler mengonfirmasi identifikasi spesimen secara akurat. Oleh karena itu, penelitian ini diharapkan dapat menambah informasi genetik tentang keanekaragaman spesies ikan *Lutjanus* yang terdapat di Indonesia, yang tercatat dalam *database* genetik secara keseluruhan.

Kata kunci: Bali, identifikasi, ikan *Lutjanus*, keanekaragaman

Abstract

Species identification is crucial for the inventory of economically valuable fish in Indonesia. The purpose of this study is to identify Lutjanus fish species in Kedonganan, Bali, using morphological, morphometric, and DNA barcoding methods with mitochondrial control region (mtDNA) markers. Samples were analyzed through visual morphological observation, measurement of 23 morphometric characters, and DNA sequencing followed by phylogenetic analysis. The morphological observations revealed specific characteristics such as a bright yellow body with five bluish-gray stripes, identifying the specimen as Lutjanus quinquelineatus. The result of DNA barcoding identification indicated that the collected sample is Lutjanus quinquelineatus with a similarity level of 97.67%. Intraspecific genetic distance showed a value of 2.37%. The combination of morphological, morphometric, and molecular data accurately confirmed the specimen's identification. Therefore, this research is anticipated to yield genetic data information regarding the diversity of Lutjanus fish species present in Indonesia, which will be recorded in the overall genetic database..

Keywords: Bali, identification, *Lutjanus* fish, diversity

1. PENDAHULUAN

Jenis ikan yang ada di Indonesia memiliki keanekaragaman yang sangat tinggi, khususnya di wilayah Segitiga Karang, dengan lebih dari 500 spesies ikan yang telah tercatat di area tersebut (Hoeksema, 2007; Putra *et al.*, 2022). Menurut Peristiwadi (2006), dari keseluruhan jenis ikan yang ada di Indonesia, 51% merupakan ikan laut, 48% adalah ikan air tawar, dan 1% terdiri atas ikan air payau. Sebagai salah satu dari enam negara yang termasuk dalam wilayah Segitiga Karang, Indonesia memiliki penduduk yang sebagian besar tinggal di kawasan pesisir, di mana masyarakatnya sangat bergantung pada perikanan dan sumber daya laut. Perairan Selat Bali adalah salah satu kawasan yang mempunyai potensi sumber daya kelautan yang tinggi khususnya dari sektor perikanan. Perikanan di Bali, khususnya yang berada di sekitar PPI Kedonganan, merupakan lokasi penting untuk pendaratan hasil tangkapan laut yang beragam. Ikan-ikan yang umumnya ditangkap sebagian besar merupakan ikan demersal atau ikan karang seperti ikan kakap (*Lutjanus sp*), ikan kembung (*Rastrelliger spp.*), ikan layang (*Decapterus spp.*), dan ikan tongkol (*Euthynnus affinis*) dan sebagainya (Ayu pratiwi *et al.*, 2020).

Ikan kakap (*Lutjanus sp.*) dari famili Lutjanidae salah satu genus ikan yang penting untuk perdagangan perikanan Indonesia karena nilainya yang tinggi. Ikan *Lutjanus* memiliki habitat alami yang meliputi terumbu karang, muara, dan perairan dangkal yang kaya akan vegetasi laut. Dalam ekosistem, ikan ini berperan penting sebagai predator dan merupakan bagian penting dari rantai makanan. Namun, aktivitas penangkapan yang berlebihan telah menyebabkan penurunan populasi beberapa spesies *Lutjanus*. Ikan ini seringkali ditangkap sebelum mencapai tahap pemijahan, yang dapat berdampak negatif terhadap kelestarian populasinya (Wahyuningsih *et al.*, 2013; Suyatna *et al.*, 2023). Disamping itu, data mengenai spesies ikan kakap di Indonesia, termasuk Bali, masih kurang memadai. Meskipun produksi ikan kakap di Indonesia mencapai 73,8 ribu ton pada tahun 2022, data rinci mengenai populasi ikan kakap di Bali masih belum tersedia (Kementerian Kelautan dan Perikanan, 2022). Selain itu, untuk membedakan spesies ikan yang ditemukan sering kali sulit dilakukan, terutama ketika dibandingkan antar spesies yang berada dalam klasifikasi yang sama. Kesulitan dalam membedakan spesies ikan seringkali menghambat proses inventarisasi spesies secara efektif.

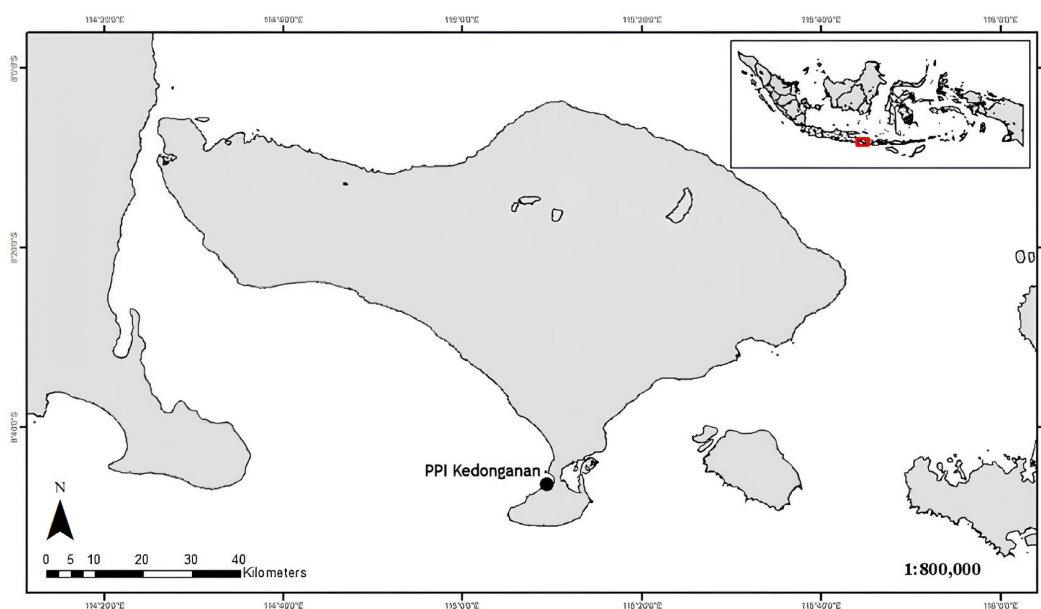
Identifikasi spesies ikan *Lutjanus* di Indonesia telah banyak dilakukan, terutama melalui karakter morfologi (Erima *et al.*, 2024), dan karakter morfometrik (Irmawati *et al.*, 2020). Identifikasi dengan karakter ini berfokus pada karakteristik fisik seperti bentuk tubuh, ukuran, dan warna. Metode morfologi mengutamakan analisis terhadap bentuk dan struktur tubuh ikan, sementara morfometri adalah teknik identifikasi yang melibatkan pengukuran keseluruhan bentuk tubuh untuk menentukan tingkat keanekaragaman dalam suatu subjek (Fadhil *et al.*, 2016; Aisyah *et al.*, 2022). Meskipun telah dilakukan upaya untuk mengidentifikasi spesies dan mengumpulkan data, hasil

penelitian menunjukkan bahwa spesies ikan kakap di Indonesia belum sepenuhnya terinventarisasi dengan baik. Terdapat berbagai kendala dalam proses identifikasi spesies tersebut, terutama yang berkaitan dengan metode morfologi dan morfometri. Metode identifikasi berbasis morfologi dan morfometri memiliki beberapa keterbatasan, terutama dalam membedakan spesies yang memiliki kesamaan karakteristik fisik. Proses identifikasi terhadap karakter morfologi sering kali menjadi sulit, khususnya untuk ikan yang sudah diambil dan disimpan dalam jangka waktu yang lama, sehingga ini dapat menghambat proses inventaris data dan identifikasi spesies secara efektif (Pertiwi, 2022). Keterbatasan ini dapat menyebabkan kesalahan identifikasi, terutama untuk spesies kriptik yang memiliki kesamaan morfologi namun berbeda secara genetik. Oleh karena itu, dalam perkembangannya, identifikasi spesies juga dilakukan dengan metode analisis molekuler (Allen *et al.*, 2022), salah satunya menggunakan metode DNA *barcoding*. DNA *barcoding* merupakan analisis molekuler yang digunakan untuk mengidentifikasi spesies berdasarkan fragmen DNA pendek dalam suatu locus genetik tertentu (Martiansyah, 2021). Analisis DNA molekuler dengan menggunakan DNA *barcoding* juga dilakukan dengan konstruksi pohon filogenetik. Filogenetik adalah metode yang digunakan untuk mengevaluasi hubungan kekerabatan antar organisme (Leatemia *et al.*, 2018; Astarini *et al.*, 2021).

Studi identifikasi spesies ikan menggunakan analisis molekuler telah banyak dilakukan di Indonesia, antara lain identifikasi ikan kakap merah dengan *cytB* (Saetang *et al.*, 2022), identifikasi ikan famili Lutjanidae di Filipina (Bemis *et al.*, 2023), serta analisis filogenetik dan distribusi genetik *Lutjanus gibbus* di Indonesia (Limmon *et al.*, 2024). Meskipun telah ada banyak penelitian yang menggunakan metode morfologi, morfometrik dan molekuler, tetapi data untuk spesies-spesies ikan *Lutjanus* yang ada di Indonesia masih sangat terbatas, data molekuler yang ada belum sepenuhnya merepresentasikan spesies yang tepat. Selain itu, informasi mengenai keseluruhan genom dan data yang tersimpan dalam repositori genetik dari spesies ikan *Lutjanus* di Indonesia juga masih terbatas. Oleh karena itu, identifikasi spesies ikan *Lutjanus* di Kedonganan, Kabupaten Badung, Bali menggunakan metode morfologi, morfometrik dan DNA *barcoding* dengan lokus *control region* mitokondria (mtDNA) penting dilakukan untuk membedakan spesies secara akurat dengan memanfaatkan karakteristik morfologis dan morfometrik yang dapat diukur serta analisis genetik untuk mengkonfirmasi identitas spesies. Penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi signifikan dalam penyusunan *database* spesies ikan kakap di Indonesia, serta memberikan solusi terhadap permasalahan identifikasi spesies dengan pendekatan yang lebih akurat.

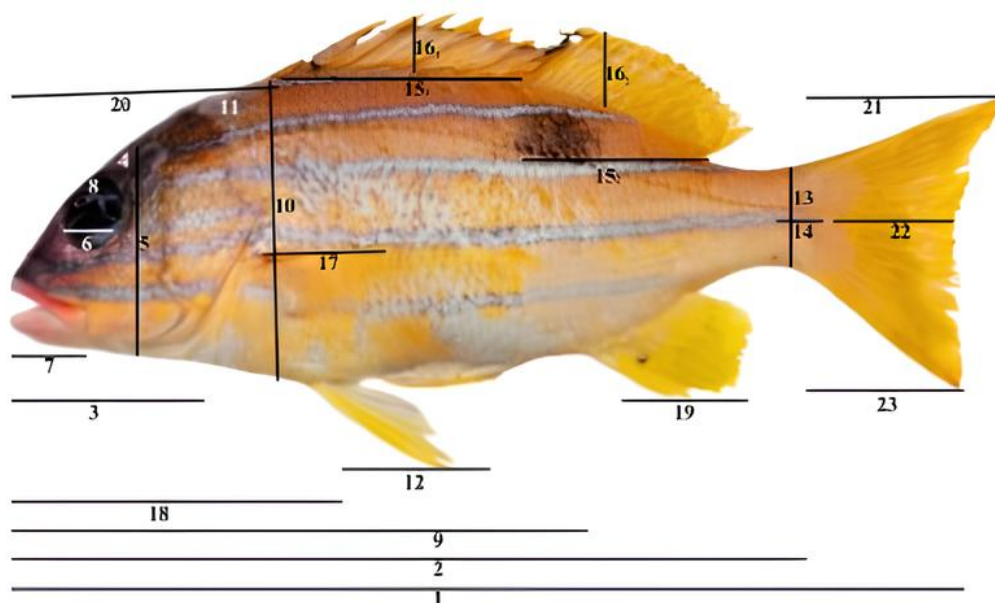
2. METODE

Sampel pada penelitian ini dikoleksi dari PPI kedonganan di wilayah Kabupaten Badung, Bali (Gambar 1). Sampel difoto dan dikoleksi dalam bentuk ikan utuh. Identifikasi sampel dilakukan dengan metode morfologi, morfometri dan molekuler. Identifikasi karakter morfologi mengacu pada jurnal *Identification of Fishes of the World* (Joseph S. Nelson, 2006) dan buku *Morfologi Ikan: Teori dan Aplikasi* (M. Nazir, 2022). Identifikasi morfologi menjelaskan mengenai bentuk dan struktur tubuh dan dipaparkan secara deskriptif. Pengukuran morfometri dilakukan untuk menilai variasi bentuk tubuh secara kuantitatif. Metode ini mengacu pada jurnal *The Role of Morphometrics in Fish Population Assessments* (Myers *et al.*, 2013).



Gambar 1. Peta lokasi sampling. Titik hitam menunjukkan lokasi pengambilan sampel di PPI Kedonganan, Kabupaten Badung, Bali.

Identifikasi morfometrik dilakukan dengan mengukur 23 karakter morfometri sesuai penelitian Myers *et al.*, (2013). Pengukuran morfometri menggunakan pengukuran secara manual. Pengukuran yang dilakukan yaitu meliputi: 1) Panjang Total (PT); 2) Panjang Standar (PS); 3) Panjang Kepala (PK); 4) Lebar Kepala (LK); 5) Tinggi Kepala (TK); 6) Diameter Mata (DM); 7) Panjang Moncong (PM); 8) Jarak Antar Mata (JAM); 9) Panjang Sebelum Sirip Anal (PSSA); 10) Tinggi Badan (TB); 11) Lebar Badan (LB); 12) Panjang Dasar Sirip Ventral (PDSV); 13) Tinggi Pangkal Ekor (TPE); 14) Panjang Pangkal Ekor (PPE); 15) Panjang Dasar Sirip Dorsal (PDSD); 16) Tinggi Sirip Dorsal (TSD); 17) Panjang Dasar Sirip Pektoral (PDSP); 18) Panjang Sebelum Sirip Ventral (PSSV); 19) Panjang Dasar Sirip Anal (PDSA); 20) Panjang Sebelum Sirip Dorsal (PSSD); 21) Panjang Sirip Ekor Atas (PSEA); 22) Panjang Sirip Ekor Bagian Tengah (PSET); 23) Panjang Sirip Ekor Bagian Bawah (PSEB).



Gambar 2. Pengamatan Morfometrik Ikan

Analisis DNA molekuler dilakukan mengikuti prosedur uji DNA menurut (pertiwi, 2022). Bagian sirip pektoral kanan ikan diambil sebagai voucher, dimasukkan ke dalam tabung, dan dipreservasi menggunakan etanol 96%. Setelah itu, spesimen diberikan Field ID dan Lab ID untuk identifikasi selanjutnya. Proses ekstraksi DNA dilakukan dengan larutan chelex 10% (Walsh *et al.*, 1991). Sampel jaringan diambil sebanyak ± 2 mm untuk digunakan dalam proses ekstraksi DNA. DNA yang diekstraksi digunakan sebagai *template* untuk proses amplifikasi DNA di wilayah *control region* mitokondria (mtDNA). Amplifikasi dilakukan dengan menggunakan metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*) dengan primer *forward* CRK (5'-AGC TCA GCG CCA GAG CGC CGG TCT TGT AAA-3') dan primer *reverse* CRE (5' CCT GAA GTA GGA ACC AGA TG-3') (Lee *et al.*, 1995). Amplifikasi dilakukan dengan parameter berikut: *pre-denaturasi* 94°C selama 10 detik, dilanjutkan dengan *denaturasi* 94°C selama 15 detik, *annealing* 50°C selama 30 detik, *extensiton* 72°C selama 45 detik yang diulang sebanyak 38 siklus dan diakhiri dengan *post-extension* pada 72°C selama 5 menit. DNA yang telah diamplifikasi divisualisasikan dengan elektroforesis pada gel agarosa 1%. Setelah diamplifikasi, produk dikirim ke fasilitas pengurutan DNA untuk mendapatkan urutan nukleotida (*sequence*). *Sequencing* DNA dilakukan dengan menggunakan teknik sanger *sequencing* (*big dye chain termination*).

Analisis sekuen DNA dilakukan dengan menggunakan perangkat MEGAXI dan disejajarkan dengan CLUSTALW (Kumar *et al.*, 2018). Kemudian sekuens dibandingkan dengan *database* Genbank menggunakan program BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>). Sekuen Genbank dengan *accession no.* JN208475 (*Lutjanus quinquelineatus*), JN208476 (*Lutjanus quinquelineatus*), GU123970 (*Lutjanus kasmira*) dan *outgrup* KF920529

(*Etelis coruscans*) digunakan sebagai pembanding dalam konstruksi pohon filogenetik. Analisis filogenetik dilakukan dengan menggunakan metode *Neighbor Joining* dengan model Kimura 2-parameter dan bootstrap 1000 pengulangan. Jarak genetik antara sekuen sampel dengan data pembanding dihitung menggunakan metode *p-distance* pada MEGAXI.

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

Berdasarkan hasil pengamatan, sampel memiliki ciri-ciri morfologi tubuh yaitu sirip punggung lunak, bagian kepala dorsal melengkung tajam, tubuh dan sirip berwarna kuning terang, terdapat bercak hitam bundar berada di bawah sirip punggung dorsal dan memiliki 5 garis biru keabuan memanjang di bagian samping (Gambar 3). Dari hasil pengamatan morfologi menunjukkan sampel memiliki karakteristik yang sama dengan genus *Lutjanus*, spesies *Lutjanus quinquelineatus*. Sampel dinyatakan sebagai spesies *Lutjanus quinquelineatus* karena memiliki perbedaan dengan spesies *Lutjanus* lainnya yaitu memiliki karakteristik spesifik 5 garis biru keabu-abuan memanjang di bagian samping tubuhnya. Hasil pengamatan karakter morfologi ini sesuai dengan hasil penelitian (Swain *et al.*, 2022) mengenai identifikasi spesies *Lutjanus quinquelineatus* dan spesies ikan lainnya.



Gambar 3. Bagian samping ikan dengan 5 garis biru keabuan.

Pengukuran 23 karakter morfometri terdapat pada (Gambar 2). Hasil pengukuran morfometri (Tabel 1). Hasil pengukuran ikan secara manual menunjukkan panjang total 15.5 cm dan panjang standar 13 cm. Dari 23 karakter yang diukur, hanya disebutkan dua karakter pengukuran karena dianggap paling relevan dalam menentukan ukuran dan pertumbuhan ikan secara umum (Herawati *et al.*, 2021). Penggunaan metode pengukuran morfometrik ini dilakukan untuk memastikan akurasi dan validitas data morfometri yang dihasilkan, sehingga dapat mendukung identifikasi ikan lebih akurat.

Berdasarkan referensi, hasil morfometrik yang terukur sesuai dengan identifikasi morfologi *Lutjanus quinquelineatus*. Ciri khas morfologi seperti tubuh kuning terang, bercak hitam di bawah sirip punggung, dan lima garis biru keabuan di tubuh samping adalah tanda morfologis yang konsisten digunakan untuk mengidentifikasi spesies ini (Rimmer & Allen, 1998). Menurut Swain *et al* (2022), keseluruhan karakter morfometrik sampel sudah sesuai pengukuran morfometri *Lutjanus quinquelineatus*. Karakter morfometrik pada spesimen dewasa menunjukkan panjang total 30 cm dan panjang standar 25 cm. Namun pada sampel panjang total 15,4 cm dan panjang standar 13 cm ini menunjukkan individu yang masih muda atau dalam tahap pertumbuhan awal. Selain itu, karakter morfometrik tambahan, seperti panjang duri, sirip dorsal, dan sirip anal, panjang dasar sirip dorsal dan karakteristik morfometrik lainnya secara keseluruhan sudah sesuai. Dengan demikian kombinasi antara ciri-ciri morfologi dan data morfometrik memberikan konfirmasi kuat bahwa ikan yang dianalisis adalah *Lutjanus quinquelineatus*, sesuai dengan referensi ilmiah yang ada. Pengukuran morfometrik secara manual terdapat pada Tabel 1.

Tabel 1. Pengukuran morfometri secara manual

No	Karakteristik	Kode	Pengukuran Manual (cm)
1.	Panjang total	PT	15.5
2.	Panjang standar	PS	15.5
3.	Panjang kepala	PK	4.5
4.	Lebar kepala	LK	2.5
5.	Tinggi kepala	TK	4
6.	Diameter mata	DM	1.3
7.	Panjang moncong	PM	2
8.	Jarak antar mata	JAM	1.2
9.	Panjang sebelum sirip anal	PSSA	9.5
10.	Tinggi badan	TB	5.5
11.	Lebar badan	LB	2
12.	Panjang dasar sirip ventral	PDSV	3
13.	Tinggi pangkal ekor	TPE	1.9
14.	Panjang pangkal ekor	PPE	1.5
15.	Panjang dasar sirip dorsal	PDSD	7.5
16.	Tinggi sirip dorsal	TSD	1.8
17.	Panjang dasar sirip pektoral	PDSP	4
18.	Panjang sebelum sirip ventral	PSSV	5
19.	Panjang dasar sirip anal	PDSA	2
20.	Panjang sebelum sirip dorsal	PSSD	5
21.	Panjang sirip ekor atas	PSEA	4
22.	Panjang sirip ekor bagian tengah	PSET	2
23.	Panjang sirip ekor bagian bawah	PSEB	4

Hasil sekuensing terhadap lokus *control region* mtDNA pada sampel menunjukkan urutan DNA dengan panjang 496bp (base pair). Panjang ini sesuai dengan hasil dari penelitian sebelumnya terhadap ikan Longtail Tuna (*Thunnus tonggol*) yang dilakukan oleh Ningsih *et al* (2021) menggunakan primer dan lokus *control region*.

Spesies diidentifikasi dengan menggunakan metode BLAST dan pohon filogenetik. Analisis menggunakan BLAST dilakukan dengan membandingkan nilai tingkat kemiripan antara sekuen sampel dengan sekuen dalam *database*. Nilai hasil BLAST yang digunakan sebagai pedoman persamaan adalah nilai *max score*, *Query cover* dan *percent identity*. Hasil analisis BLAST ditunjukkan seperti pada Tabel 2.

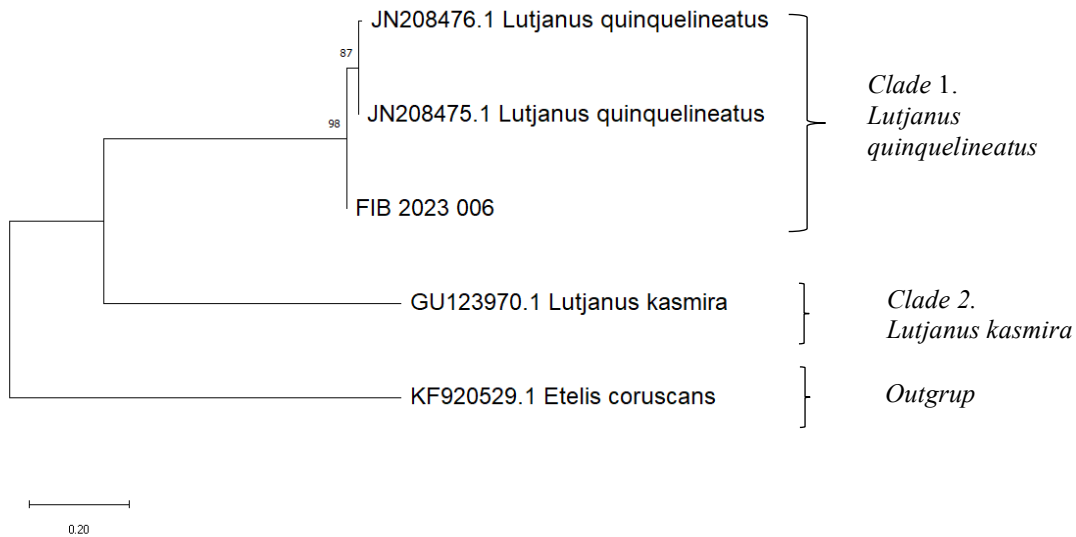
Tabel 2. Hasil analisis BLAST pada Gen *Control Region*

NO	Hasil Identifikasi	Accession No. Genbank	Total Score	Persentase kesamaan (% ident)	Query cover (%)
1.	<i>Lutjanus quinquelineatus</i>	JN208475.1	739	97.67	92
2.	<i>Lutjanus quinquelineatus</i>	JN208476.1	728	97.22	92
3.	<i>Lutjanus kasmira</i>	GU123970.1	556	90.76	89
4.	<i>Etelis coruscans</i>	KF920529	-	-	-

Hasil BLAST menunjukkan bahwa tidak ada nilai *query cover* yang mencapai 100% karena kemungkinan variasi genetik atau sedikit perbedaan dalam urutan sekuen yang dianalisis dengan basis data referensi. Dari hasil identifikasi menunjukkan bahwa spesies yang hubungannya paling dekat dengan sampel adalah *Lutjanus quinquelineatus* dengan nilaiutupan tertinggi persentase (*Query Cover*) 92% dan persentase kesamaan (% *identity*) yang menunjukkan nilai 97.67%. Persentase kesamaan (% *identity*) mengindikasikan jumlah nukleotida yang identik antara sampel dengan sekuen pembanding, sedangkan *query cover* menunjukkan seberapa banyak panjang nukleotida yang serupa antara sampel dengan sekuen pembanding (Newell *et al.*, 2013;Pertiwi, 2022). Oleh karena itu, data sekuen nukleotida pada sampel penelitian ini dapat dinyatakan memiliki tingkat kemiripan dengan data nukleotida GenBank, sehingga dapat dianggap sebagai spesies yang sama dengan sekuen pembanding. Hal ini sejalan dengan penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Agustina *et al.* (2021), terhadap ikan *Lutjanus malabaricus* yang menunjukkan bahwa nilai % *identity* sebesar 96.5% sampai 98.0% menggambarkan 1 spesies yang sama. Selain itu, penelitian oleh Saleky dan Dailami (2021) juga menunjukkan hasil serupa pada ikan kakap putih, di mana nilai kesamaan % *identity* berkisar antara 95% sampai 97%, menggambarkan bahwa spesies tersebut termasuk dalam kategori yang sama.

Identifikasi dari hasil BLAST dapat diperkuat dengan analisis filogenetik. Pohon filogenetik dibuat menggunakan 1 data sekuens dan data pembanding dari sekuens hasil BLAST dalam analisis filogenetik, yaitu: *Lutjanus quinquelineatus* (JN208475, JN208476), *Lutjanus Kasmira* (GU123970) dan data *outgroup* yang diunduh dari data genbank yaitu *Etelis coruscans* (KF920529). Pemilihan spesies - spesies ini didasarkan pada hasil analisis BLAST yang menunjukkan hubungan filogenetik dan kesamaan genetik di antara spesies-spesies tersebut. *Lutjanus quinquelineatus* adalah spesies target utama, sedangkan *Lutjanus kasmira* dipilih sebagai spesies yang relevan dalam genus yang sama. Pemilihan *outgroup* dari famili yang sama, yaitu *Etelis coruscans* berfungsi sebagai

pembandingan untuk menentukan evolusi dan hubungan filogenetik yang lebih luas. Hasil analisis menggunakan BLAST menunjukkan bahwa hanya *L. quinquelineatus* yang muncul sebagai hasil terdekat dengan *query cover* dan *% identity*. Sementara itu, spesies *Lutjanus* lainnya menunjukkan persentase identitas yang jauh lebih rendah.



Gambar 4. Hasil analisis pohon filogenetik dengan metode *Neighbor-Joining* dan model *Kimura 2-parameter*, serta bootstrap 1000 pengulangan.

Hasil analisis pohon filogenetik menunjukkan bahwa sampel ikan termasuk ke dalam spesies *Lutjanus quinquelineatus* dengan nilai bootstrap sebesar 87-98. Spesies ini berkerabat dekat dengan *Lutjanus quinquelineatus* dengan *accession* JN208475.1 dan JN208476.1 karena berada dalam satu cabang pohon filogenetik. Selain itu, ini juga didukung dengan jarak *genetic distance* yang dekat yaitu 0,02376 antara sampel penelitian dengan *Lutjanus quinquelineatus*. Jarak genetik dengan spesies yang berbeda yaitu yaitu *L. kasmira* menunjukkan nilai 1.11106. Sedangkan jarak genetik antara sampel dengan outgroup (*Etelis coruscans*) menunjukkan nilai sebesar 1,42194 (Tabel 3). Oleh karena itu, jarak genetik sebesar 0,02376 menunjukkan bahwa sampel pada penelitian dapat diidentifikasi sebagai spesies yang sama dengan *L. quinquelineatus*. Menurut, Nei, M., & Kumar, S. (2000) bahwa jarak genetik yang rendah, seperti di bawah 5%, menunjukkan hubungan dekat antar spesies atau individu dalam satu *clade*.

Tabel 3. Hasil jarak genetik gen *control region* sampel ikan

		1	2	3	4	5
1	FIB_2023_006					
2	JN208475.1 <i>Lutjanus quinquelineatus</i>	0.02376				
3	JN208476.1 <i>Lutjanus quinquelineatus</i>	0.02846	0.00937			
4	GU123970.1 <i>Lutjanus kasmira</i>	1.11106	1.10672	1.08248		
5	KF920529 <i>Eteliscoruscans</i> sp.	1.42194	1.47734	1.52434	1.56557	

Hasil analisis filogenetik ini sejalan dengan hasil identifikasi spesies yang diperoleh melalui analisis BLAST. Oleh karena itu, dapat disimpulkan bahwa ikan kakap yang dikoleksi dari PPI kedonganan di kawasan Kabupaten Badung, Bali adalah *Lutjanus quinquelineatus*.

4. SIMPULAN

Penelitian ini mengidentifikasi ikan yang dikumpulkan dari PPI Kedonganan, Kabupaten Badung, Bali, sebagai spesies *Lutjanus quinquelineatus*, yang dikenal dengan nama lokal ikan kakap. Hasil penelitian menunjukkan bahwa kombinasi metode morfologi, morfometri, dan molekuler secara efektif mendukung identifikasi spesies ikan dengan akurasi tinggi. Pengukuran morfometri manual sesuai dengan referensi yang ada. Analisis sekuensing DNA menghasilkan panjang urutan 496 bp, dengan analisis BLAST menunjukkan kesamaan genetik sebesar 97,67%. Analisis filogenetik mendukung identifikasi spesimen ini sebagai *Lutjanus quinquelineatus*, ditunjukkan oleh nilai jarak genetik sebesar 0,02376 yang menunjukkan hubungan dekat. Data sekuen dari penelitian ini diharapkan dapat dijadikan sebagai tambahan dalam basis data yang akan digunakan sebagai referensi dalam identifikasi spesies melalui metode morfologi, morfometrik, dan molekuler.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini didanai oleh DIPA BLU Universitas Pendidikan Ganesha Nomor: SP DIPA-023.17.2.677530/2022 Revisi II tanggal 14 April 2023. Sesuai dengan kontrak penelitian Nomor: 875/UN48.16/LT/2023. Penulis mengucapkan terimakasih kepada Andrianus Sembiring, Ni Luh Astria Yusmalinda, Luh Putu Candra Apriliani, dan Ni Komang Rossa Sri Savitri selaku *staff* Laboratorium Biodiversitas Indonesia yang telah membantu dalam penyelesaian analisis laboratorium pada penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Agustina, R., Nugroho, A., & Setyowati, E. (2021). Analisis genetik ikan kakap merah (*Lutjanus malabaricus*) menggunakan metode DNA barcoding di Perairan Sulawesi. *Jurnal Perikanan Universitas Tadulako*, 10(2), 112–120.
- Aisyah, S., Syarif, A. F., & Indrawati, A. (2022). Identifikasi ikan selangat berdasarkan karakter morfologi dan molekuler di perairan Kabupaten Bangka Selatan. *Indonesian Journal of Fisheries Science and Technology*, 18(2), 67–72. Tersedia pada: <http://ejournal.undip.ac.id/index.php/saintek>.
- Allen, G., Erdmann, M. V., & Pertiwi, N. P. D. (2022). Description of three new species of damselfish belonging to the *Pomacentrus philippinus* group (Pomacentridae) from Melanesia and the eastern and central Indian Ocean. *Aqua, International Journal of Ichthyology*, 28(February), 1–28.
- Astarini, I. A., Kurniasih, E. M., & Dewi, R. (2021). Genetic diversity and phylogenetic of longtail tuna (*Thunnus tonggol*) landed in Pabean Fish Market, Surabaya. *Musamus Fisheries and Marine Journal*, 3(2), 107–115. DOI: <https://doi.org/10.35724/mfmj.v3i2.3375>
- Ayu Pratiwi, M., Ernawati, N. M., & Putri Wijayanti, N. P. (2020). Penilaian status sumberdaya ikan hasil tangkapan dominan yang didaratkan di PPI Kedonganan dengan pendekatan multi-criteria analysis (MCA). *Journal of Marine and Aquatic Sciences*, 6(2), 152. DOI: <https://doi.org/10.24843/jmas.2020.v06.i02.p1>
- Bemis, K. E., Girard, M. G., Santos, M. D., Carpenter, K. E., Deeds, J. R., Pitassy, D. E., Flores, N. A. L., Hunter, E. S., Driskell, A. C., Macdonald, K. S., Weigt, L. A., & Williams, J. T. (2023). Biodiversity of Philippine marine fishes: A DNA barcode reference library based on voucher specimens. *Scientific Data*, 10(1), 1–10. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41597-023-02306-9>
- Dahuri, M., Pramudita, J., & Raharjo, S. (2020). Identifikasi spesies ikan kakap menggunakan metode DNA barcoding di perairan Indonesia. *Jurnal Biologi dan Lingkungan*, 12(1), 45–54.
- Erima, D., Bahri, S., & Rizal, M. (2024). Morphological and morphometric identification of snapper (Family *Lutjanidae*) that landed in the Pulau Balai Fishing Port, Aceh Singkil. *Arwana: Jurnal Ilmiah Program Studi Perairan*, 6(1), 38–46. DOI: <https://doi.org/10.51179/jipsbp.v6i1.2450>
- Froese, R., & Pauly, D. (Eds.). (2023). FishBase. *Lutjanus quinquelineatus*. Retrieved from www.fishbase.org.
- Herawati, T., Santoso, D., & Suminto, A. (2021). Karakteristik morfometrik dan pola pertumbuhan ikan keting (*Myxus nigriceps* Valenciennes, 1840) di hilir Sungai Cimanuk, Provinsi Jawa Barat. *Zoo Indonesia*, 30(1), 21–31. DOI: <https://doi.org/10.52508/zi.v30i1.4057>
- Irmawati, Tassakka, A. C. M. A. R. T., Nadiarti, Husain, A. A. A., Umar, M. T., Alimuddin, A., & Parawansa, B. S. (2020). Identifikasi stok ikan kakap putih (*Lates calcarifer* Bloch, 1790) menggunakan karakter morfometrik. *Jurnal IPTEKS PSP*, 7(13), 42–52.
- Kementerian Kelautan dan Perikanan. (2022). *Kelautan dan Perikanan dalam Angka 2022*. Pusat Data dan Informasi KKP. Tersedia pada: https://statistik.kkp.go.id/home.php?m=prod_ikan_prov.
- Limmon, G. V., Tetelepta, J. M. S., Pattikawa, J. A., Natan, J., Laimeheriwa, B. M., & Leatemia, B. M. (2024). Studi konektivitas *Lutjanus gibbus* pada daerah konservasi dan daerah penangkapan di wilayah pengelolaan perikanan negara Republik Indonesia (WPP-NRI) 714 dengan menggunakan DNA barcoding. *Triton: Jurnal Manajemen Sumberdaya Perairan*, 20(1), 16–27
- Nei, M., & Kumar, S. (2000). *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press.

- Ningsih, E. Y., Sulistiono, Nugroho, D., & Santoso, J. (2021). Identifikasi dan keragaman genetik *longtail tuna* (*Thunnus tonggol*) yang didaratkan di PPI Kedonganan dan PPP Muncar menggunakan marka D-loop mitokondria. *Journal of Marine and Aquatic Sciences*, 7(1), 94. DOI: <https://doi.org/10.24843/jmas.2021.v07.i01.p13>
- Pertiwi, N. P. D. (2022). Identifikasi spesies ikan pelagis yang dijual di pasar Kota Denpasar menggunakan marka control region mitokondria (mtDNA). *Jurnal Pendidikan Biologi Undiksha*, 9(1), 95–102.
- Putra, I. N. G., Faiqoh, E., & Wiratama, I. G. N. M. (2022). Status konservasi dan keanekaragaman jenis ikan yang diperdagangkan di pasar ikan tradisional di Bali. *Jurnal Kelautan Tropis*, 25(2), 149–155. DOI: <https://doi.org/10.14710/jkt.v25i2.13610>
- Rimmer, M. A., & Allen, G. R. (1998). *FAO Species Identification Guide for Fishery Purposes. The Living Marine Resources of the Western Central Pacific*. Vol. 4, Bony Fishes Part 2 (Mugilidae to Carangidae). FAO.
- Rohlf, F. J., & Marcus, L. F. (1993). A revolution in morphometrics. *Trends in Ecology & Evolution*, 8(4), 129–132. DOI: [https://doi.org/10.1016/0169-5347\(93\)90024-J](https://doi.org/10.1016/0169-5347(93)90024-J)
- Saetang, J., & Benjakul, S. (2022). Identification and differentiation of Asian seabass and mangrove red snapper fillets by CYTB sequence-based PCR analysis. *Journal of Food Measurement and Characterization*, 16(6), 4596–4601. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11694-022-01545-5>
- Saleky, D., & Dailami, M. (2021). Konservasi genetik ikan kakap putih (*Lates calcarifer*) 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>
- Soliman, F. M., El-Sayed, S. A., Khalil, M. T., & Mahmoud, H. M. (2018). Meristic and morphometric characteristics of five-lined snapper, *Lutjanus quinquelineatus* (Bloch, 1790) from the Red Sea, Egypt. *Egyptian Journal of Aquatic Biology and Fisheries*, 22(1), 41–48. DOI: <https://doi.org/10.21608/ejabf.2018.7723>
- Suyatna, M. B. B., Andriani, N., & Priyanto, D. (2023). Analisis hubungan otolith terhadap ukuran ikan dan pengamatan karakteristik morfometrik dan meristik ikan kakap genus *Lutjanus*. *Jurnal Pertanian Terpadu*, 11(1), 23–36.
- Swain, R., Kisku, S., Nayak, L., Mishra, S. S., & Patro, S. (2022). First record of four snapper fishes (*Perciformes: Lutjanidae*) from Odisha, East coast of India. *Records of the Zoological Survey of India*, 122(1), 43–49. DOI: <https://doi.org/10.26515/rzsi/v122/i1/2022/167436>
- Walsh, P. S., Metzger, D. A., & Higuchi, R. (1991). Chelex-100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques*, 10, 506–513.
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., & Hebert, P. D. N. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1847–1857. DOI: <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1716>