

## VARIASI GENETIK IKAN KERAPU (*Epinephelus* sp) Di TPI GABION MEDAN BELAWAN BERDASARKAN DNA MITOKONDRIA

Barratun Nisa Hasra<sup>1\*</sup>, Zahratul Idami<sup>2</sup>, Kartika Manalu<sup>3</sup>

Jurusan Biologi, FST, Universitas Islam Negeri Sumatera Utara, Indonesia

Corresponding author: [barrahsr07@gmail.com](mailto:barrahsr07@gmail.com)

### Abstract

**Background:** Genetic variation can share data on genetic diversity in fish populations. mtDNA is used to determine the kinship between grouper fish originating from TPI Gabion Medan Belawan. This study aims to obtain the latest genetic variations found in grouper populations (*Epinephelus* sp.), analyze for the kinship relationship between grouper populations (*Epinephelus* sp.), determine for the kinship relationship between grouper fish from TPI Gabion Medan Belawan and grouper fish that already exist in NCBI.

**Methods:** This study used experimental methods.

**Results:** The results of research on species of the genus *Epinephelus* namely *Epinephelus fuscoguttatus*, *Epinephelus sexfasciatus*, and *Epinephelus areolatus* obtained by processing the sequencing data by analyzing nucleotide characters using the Mega 11 application. All three samples have low GC Content, it is said that all three samples have primitive properties. All three samples have the same genetic distance because they have a genetic distance value (Pairwise distance) below 3%.

**Conclusion:** Reconstruction of phylogenetic trees shows that grouper kinship (phylogenetics) originating from TPI Gabion Medan Belawan with grouper fish that already exist in NCBI have close kinship and common ancestor.

**Kata kunci:** *Epinephelus* sp., Genetic Variation, mtDNA

### Abstrak

**Latar Belakang:** Variasi genetik bisa membagikan data tentang keragaman genetik dalam populasi ikan. mtDNA digunakan untuk mengetahui hubungan kekerabatan antara ikan kerapu yang berasal dari TPI Gabion Medan Belawan. Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan variasi genetik terbaru yang terdapat pada populasi ikan kerapu (*Epinephelus* sp.), untuk menganalisis hubungan kekerabatan antara populasi ikan kerapu (*Epinephelus* sp.), untuk mengetahui hubungan kekerabatan antara ikan kerapu dari TPI Gabion Medan Belawan dengan ikan kerapu yang telah ada di NCBI.

**Metode:** Penelitian ini menggunakan metode eksperimen.

**Hasil:** Hasil penelitian spesies dari genus *Epinephelus* yaitu *Epinephelus fuscoguttatus*, *Epinephelus sexfasciatus*, dan *Epinephelus areolatus* yang didapatkan dari mengolah data hasil sekuensing dengan menganalisis karakter nukleotida menggunakan aplikasi Mega 11. Ketiga sampel memiliki GC Content yang rendah dikatakan bahwa ketiga sampel tersebut memiliki sifat primitif. Ketiga sampel memiliki jarak genetik yang sama dikarenakan memiliki nilai jarak genetik (*Pairwise distance*) dibawah 3%.

**Kesimpulan:** Rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan (*filogenetik*) ikan kerapu yang berasal dari TPI Gabion Medan Belawan dengan ikan kerapu yang telah ada di NCBI memiliki hubungan kekerabatan yang dekat serta nenek moyang yang sama.

**Keywords:** *Epinephelus* sp, mtDNA, Variasi Genetik

## PENDAHULUAN

Variasi genetik dapat berdampak pada karakteristik fisik ikan kerapu, seperti ukuran tubuh, bentuk kepala, dan warna kulit. Selain itu, variasi genetik juga dapat memengaruhi pertumbuhan dan tingkat mempertahankan hidup ikan kerapu di alam liar maupun dalam budidaya. Ketepatan atau keakuratan identifikasi spesies ikan kerapu sangat dibutuhkan sebagai pengetahuan dasar, sehingga pendekatan molekuler diperlukan untuk melengkapi pendekatan morfologi. Ikan kerapu dapat dikenali dengan bentuk operculumnya, bentuk dan warnanya serta merupakan alat yang berguna untuk mengenali morfologi ikan kerapu. Secara morfologi, ikan kerapu masih sangat sulit untuk diklasifikasikan antar spesies. Oleh karena itu, dibutuhkan pendekatan molekuler untuk melihat variasi genetik pada ikan kerapu serta untuk bisa membedakan antar spesies (Kusuma et al., 2021). DNA mitokondria memiliki sifat yang unik dan dapat digunakan untuk mengetahui hubungan kekerabatan antara individu maupun populasi ikan. Dengan mempelajari variasi genetik pada DNA mitokondria, dapat memberikan informasi tentang keragaman genetik dalam populasi ikan kerapu (*Epinephelus* sp.). Variasi genetik ikan dapat ditentukan berdasarkan ciri morfologi dan genotipe (Sembiring et al., 2013).

Ini adalah cara mudah dan efektif untuk mengidentifikasi berbagai hewan, salah satunya adalah dengan DNA. Kemajuan terkini dalam analisis genetik berbasis DNA adalah penggunaan mtDNA, yang dapat diinterpretasikan pada banyak spesies dan memiliki berbagai tujuan. Oleh karena itu, penelitian mengenai variasi genetik ikan kerapu (*Epinephelus* sp.) berdasarkan DNA mitokondria merupakan sebuah studi yang penting untuk meningkatkan pemahaman tentang keragaman genetik ikan kerapu (Wiradateti et al., 2016). Penelitian yang telah dilakukan bertujuan untuk mendapatkan variasi terbaru yang terdapat pada populasi ikan kerapu dan untuk menganalisis hubungan kekerabatan antar spesies serta hubungan kekerabatan yang telah ada di NCBI.

## MATERI DAN METODE

### Waktu dan Tempat

Sampel dikoleksi dari TPI Gabion Medan Belawan, Sumatera Utara. Pengerjaan proses DNA mitokondria dilaksanakan di Laboratorium Biologi Universitas Negeri Medan. Pembuatan hasil amplifikasi PCR menggunakan jasa PT. Genetik Science Indonesia yang bekerjasama dengan 1<sup>st</sup> Base Malaysia.



Gambar 1. Lokasi Pengambilan Sampel

### Alat dan Bahan

Alat yang digunakan antara lain gunting, spidol atau penanda permanen, kamera digital, labu erlenmeyer 100 ml, gelas kimia 500 ml, mesin PCR (*Polymerase Chain Reaction*) gradient (*Eppendorf*), timbangan analitik, gelas ukur 100 ml, freezer, mini horizontal elektroforesis HU10 (*BIORAD*), vortex (*Biosan Multi-Vortex V-32*), mikro pipet (volume 10, 20, 100, dan 1000  $\mu$ l), ice box, sentrifuge (*eppendorf*), mortal dan alu, alat gel documentation (*BIOSTEP*), hot plate (*Benchmark*), GPS (*Globul Position System*). Bahan yang digunakan dalam penelitian variasi genetik pada ikan kerapu berdasarkan DNA mitokondria, diantaranya sampel ikan.

kerapu bagian sirip berenang, ice gel, primer FishF1 (*Forward*) dan FishR1 (*Reverse*), larutan TBE (*TrisBoratEDTA*), aluminium foil, alkohol 70% dan tissue, tube (*Eppendorf*) 1,5 ml, tube PCR 0,2 ml, tip mikro pipet (putih, kuning, dan biru), DNA leader 1 kb, gloves dan masker, kit isolasi DNA (*favorgen*), DNA gel stain dan loading dye, kertas parafilm, kit mix PCR with dye,

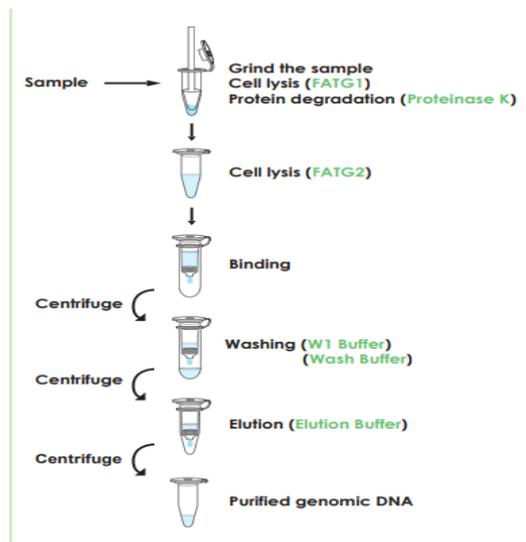
aquabides (ddH<sub>2</sub>O) dan aquadest, etanol PA 90%, serbuk agarose.

Tabel 1. Data Primer

Identifikasi Primer	Sequence (5'-3')	Referensi
Primer forward FishF1	5'-TCAACCAAC CACAAAGACA T-3'	(Azwardi et al., 2020)
Primer reverse FishR1	5'- TAGACTTCTG GGTGGCCAAA- 3'	(Azwardi et al., 2020)

### Ekstraksi DNA

Tujuan dari ekstraksi DNA pada ikan adalah untuk mendapatkan DNA murni dari jaringan ikan (Hutami et al., 2017). Tubuh ikan yang digunakan untuk ekstraksi adalah sirip ekor atau caudal yang merupakan bagian tubuh yang paling aktif bergerak (Perikanan et al., 2020). Bagian tubuh ikan yang diambil adalah bagian sirip dengan berat ± 50 mg dihaluskan dan dimasukkan kedalam tube 1,5 ml. Tambahkan FATG1 Buffer sebanyak 200 µl dan Proteinase K 20 µl lalu di vortex. Diinkubasi selama 1-3 jam dengan suhu 60°C, setelah itu tambahkan FATG2 sebanyak 200 µl dan etanol 96% sebanyak 200 µl. kemudian tambahkan W1 sebanyak 400 µl disentrifus selama 1 menit, tambahkan Wash Buffer dan elution buffer sebanyak 50 ml. Hasil akhir DNA genomic berupa cairan bening.



Gambar 2. Alur Tahapan Isolasi DNA Tissue Genomic DNA Extraction Mini Kit (Favorgen)

### PCR (Polymerase Chain Reaction)

PCR mengamplifikasi fragmen DNA secara in vitro dengan menggunakan enzim polymerase dan dua pasang primer yang spesifik untuk fragmen DNA yang ingin diperbanyak (Putri et al., 2017). Pada tahapan ini diperlukan beberapa campuran larutan berupa 1,25 µl primer forward dan reverse, 1 µl Template DNA, 9 µl aquabides (ddH<sub>2</sub>O), dan 12,5 µl KIT PCR. Produk PCR kemudian dianalisis melalui elektroforesis menggunakan gel agarosa 0,8 gr, buffer TBE dengan tegangan 100 volt selama 45 menit. Dilakukan pewarnaan DNA dengan *Etidium Bromida* dan dilihat menggunakan UV transluminator.

Tabel 2. Tahapan Amplifikasi DNA

Tahapan	Suhu (°C)	Waktu	Siklus	
Pemanasan Awal	94	30 s	1	
Denaturasi	94	30 s	38	
Anneling	Fish F1 Fish R1	50		1 menit
Extention	72	1 menit		
Final Extention	72	7 menit	1	

### Sekuensing DNA

Proses pengurutan basa nitrogen (adenine, guanine, sitosin, dan timin) dikenal

sebagai pengurutan DNA. Teknik ini memerlukan primer khusus untuk reaksi pengurutan dan menggunakan cetakan DNA (Sjafaraenan et al., 2018). Proses sekuensing pada penelitian ini dilaksanakan dengan menggunakan jasa perusahaan genetika, yaitu 1<sup>st</sup> BASE Malaysia. Produk amplifikasi DNA dari *Epinephelus* sp. digunakan sebagai sampel dalam reaksi pengurutan atau sekuensing.

## ANALISIS DATA

Hasil sekuens dari ikan kerapu (*Epinephelus* sp) dapat dianalisis menggunakan perangkat lunak *Molecular Evolutionary Genetics Analysis* (MEGA) untuk menyelaraskan data dari hasil sekuensing forward dan reverse. Program *Basic Local Alignment Search Tool-nucleotide* (BLASTn) di website *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) digunakan untuk memverifikasi hasil sekuens dan mengidentifikasi setiap jenis yang berbeda menggunakan sekuens standart dari GeneBank (Afifah et al., 2021). MEGA 11 digunakan untuk memproses variasi genetik dan rekonstruksi pohon filogenik dengan *Neighborhood-joining*, untuk mengukur jarak genetik menggunakan metode *Pairwise Distance*, dan untuk menentukan tingkat homologi dari urutan basa DNA yang dianalisis menggunakan metode penjajaran (*alignment*) yang dilakukan dengan perangkat lunak *CrustalW*.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Variasi Genetik Ikan Kerapu (*Epinephelus* sp.)

Menurut KKP (2017) Indonesia adalah produsen ikan kerapu terkemuka di dunia, dengan produksi groupset sebesar 8.112 ton pada tahun 2011 dan terus meningkat lebih dari lima kali lipat menjadi 46.504 ton pada tahun 2017. Di Medan Belawan sendiri ikan kerapu mengalami peningkatan di tahun 2021 dengan nilai produksinya mencapai 728.542.056 (Kamal et al., 2019). Analisis molekuler sekuens mtDNA menggunakan MEGA 11. Penelusuran NCBI dilakukan untuk mendapatkan *sekuens* beberapa spesies dari genus *Epinephelus*. Hasil

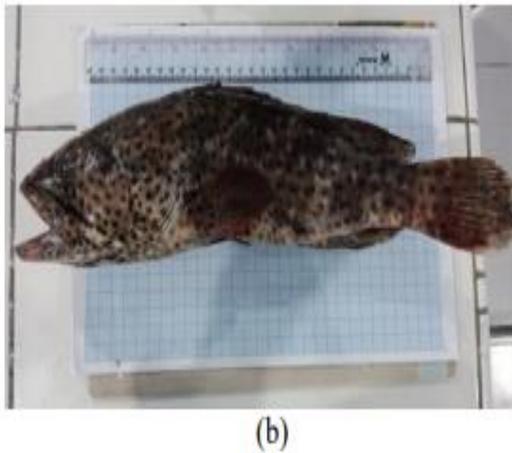
*sekuens* yang didapatkan disejajarkan (*alignment*) dengan hasil sekuensing sampel penelitian menggunakan kode KM1 (*Epinephelus fuscoguttatus*), KM2 (*Epinephelus sexfasciatus*), KM3 (*Epinephelus areolatus*) yang dianalisis menggunakan *Crustal W* kemudian dibandingkan dengan sekuens yang ada di GeneBank melalui program BLAST untuk mengetahui apakah didapatkan hasil sekuens consensus beberapa jenis *Epinephelus*. Hasil sekuensing didapatkan panjang DNA untuk ketiga sampel memiliki panjang DNA 616 bp.

### Identifikasi Morfologi

Identifikasi ikan kerapu menggunakan bantuan dari [www.fishbase](http://www.fishbase) dan juga pengamatan langsung melalui ciri – ciri yang terdapat dari referensi jurnal sebelumnya. Didapatkan dari hasil menggunakan [www.fishbase](http://www.fishbase) dan pengamatan langsung tidak ditemukan banyak perbedaan. Maka dari itu kedua sampel jika dilihat dari tampilan luar memiliki beberapa kemiripan dari segi warna, corak, dan bentuk ekor. Berikut hasil presentase kesamaan sampel ikan kerapu yang difoto dengan data yang sudah ada di [www.fishbase](http://www.fishbase).

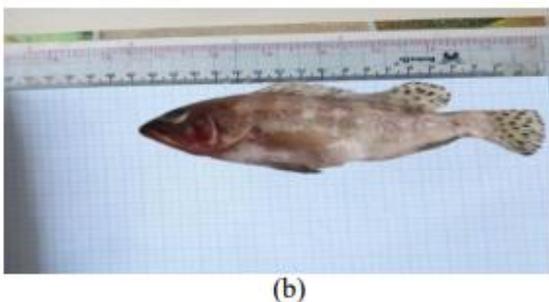
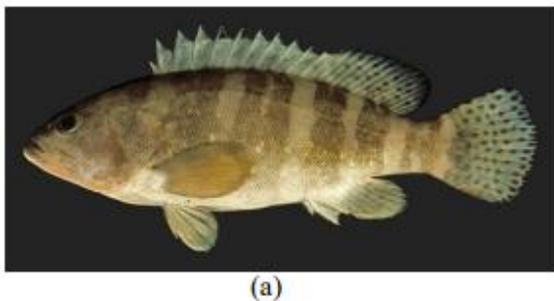


(a)



**Gambar 3.** Presentase kemiripan sampel *Epinephelus fuscoguttatus* dengan data dari fishbase. (a) fishbase, (b) sampel

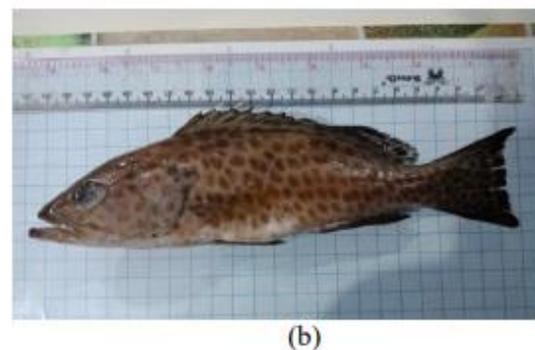
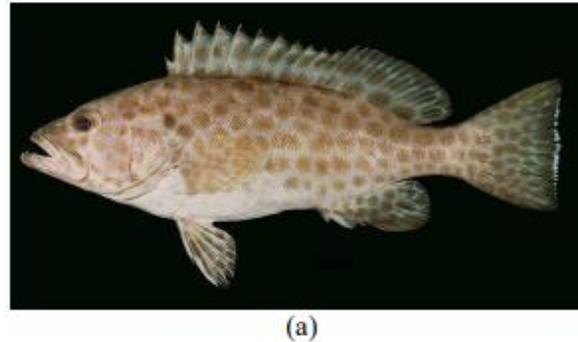
*Epinephelus fuscoguttatus* atau kerapu macan hidup diterumbu karang dan pada kedalaman 0-60 m, mempunyai kepala yang kuat, 11 duri pada sirip punggung, sirip ekor yang membulat, 52-58 sisik lateral, berwarna marmer agak coklat seperti kuning dengan garis 5 baris tidak teratur seperti patahan bunga, kepalanya ditutupi bintik-bintik coklat tua dan berukuran mencapai 100 cm (Buku Market Fishes Indonesia).



**Gambar 4.** Presentase kemiripan sampel *Epinephelus sexfasciatus* dengan data dari fishbase. (a) fishbase, (b) sampel.

*Epinephelus sexfasciatus* atau barang putih hidup di dasar berlumpur dan berpasir dengan kedalaman 10-80m, memiliki duri sirip punggung berjumlah 11,

sirip ekor memiliki bentuk bulat yang mempunyai 5 baris berwarna coklat tua pada badannya yang dipisahkan oleh garis pucat sempit, sirip ekor mempunyai bintik-bintik hitam, badannya tidak memiliki bercak hitam dan panjangnya mencapai 28cm (Buku Market Fishes Indonesia).



**Gambar 5.** Presentase kemiripan sampel *Epinephelus areolatus* dengan data dari fishbase. (a) fishbase, (b) sampel

*Epinephelus areolatus* atau ikan kerapu ekor putih memiliki sirip punggung 11 duri dan 15-17 jari lunak, sirip ekornya berbentuk tegak lurus, sisik lateralnya berjumlah 47 – 52, seluruh tubuhnya ditutupi bintik – bintik kuning kecoklatan yang tersusun rapat (sama dengan ukuran pupil mata), sirip ekor berintik - bintik. Ukurannya bisa sampai 40 cm dan hidup di dekat terumbu karang dengan kedalaman ± 200 m (Buku Market Fishes Indonesia).

### Sekuens DNA

Sekuens yang didapatkan dilakukan pembacaan dan kemudian hasilnya digunakan untuk referensi dalam pembentukan Barcode DNA, variasi genetik, dan analisis filogenetik pada ikan kerapu. Hasil dari tahap sekuensing sampel ikan kerapu dikirimkan dalam bentuk file format .Ab1 yang berisi kromatogram dalam bentuk

grafik elektrofetrogram yang mewakili seluruh nukleotida hasil pembacaan lab 1<sup>st</sup> base Malaysia. Hasil sekuens DNA yang baik akan terlihat grafik tinggi yang tidak saling tumpang tindih pada pembacaan (*peak*).

**Tabel 3.** Urutan nukleotida DNA Ikan Kerapu (*Epinephelus* sp.)

Sampel	Urutan Sekuens
KM1	CTACTAGACCTATAATGTAATTGTTACAGCCCTCGAATAAATAA TATGATCCGTAGAAACTATTTTACTGCAACTTTATCAATTAA
KM2	GTGCGATGACTGACTTGTACCCCTTATAATCCCCGATACACT CAAAATAGAGCTTTAGAAGCCTTATTTTATTACATCTGCCACCT
KM3	TGGCGACATCTATAAAAACACAGCACACGCTTCGTAATAATTT TCTTTATAGTATGATTGGTGGAAACTGACTTGTGCTAGCCGGAA
KU722932.1	TTCTCCATCCTTCTGCTCTTCTCGCTTCTTCTGGAGTAGAAG CCGGTCCCGTACTGGTTGAACGGTTTACCCACTTAGCTGGAA
OQ387278.1	ATGAAACTGACTTGTACCCCTTATAATTGGTCCCCGATATAG CATTCCCCGAATAAATAATAGACTTCTGACTTCTCCCTCCC
KU722919.1	TCCACCATCCTTCTGCTCTTCTAGCCTCTCTGGAGTAGAA GCTGGTCTGGGACTGGCTGAACAGTATACCCCTCATAAAACC
ON684266.1	GAATAGTAGGAACAGCATTAAAGCCTTAAATTCGAGCAGAACT CATAGCTCACGGGGGCTTCGGTAGACCTAACAACTTTTCA

### Hubungan Kekerabatan Antara Populasi Ikan Kerapu (*Epinephelus* sp.) di TPI Gabion

Hasil analisis hubungan kekerabatan dapat dilihat dari jarak genetiknya. Jarak genetik yang lebih dari 3.0% menunjukkan bahwa spesies yang dibandingkan merupakan jenis spesies yang sangat berbeda dan bukan termasuk kedalam takson yang diamati. Hasil jarak genetik digunakan untuk mengetahui pohon filogenetik (Fatmarischa et al., 2014). Hasil perhitungan pada seluruh spesies berkisar antara 0.00 sampai 1.35. Nilai *pairwise distance* ini menunjukkan bahwa seluruh sampel dengan yang ada di NCBI mirip dan memiliki jarak genetik. Hasil perhitungan *pairwise distance* dari ketiga sampel yang berasal dari Medan Belawan didapatkan hubungan kekerabatan dan jarak genetik yang tidak begitu jauh. Sampel KM1 memiliki hubungan kekerabatan dan jarak genetik yang dekat dengan sampel KM2 dengan nilai 0,61, sedangkan jarak genetik KM1 dengan KM3 memiliki nilai 0,79. Hal tersebut dapat dilihat dari pohon filogenetik.

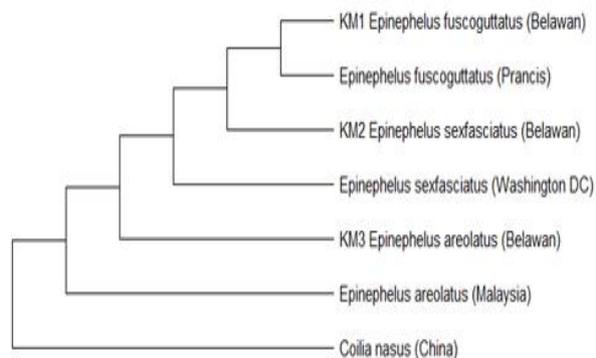
**Tabel 4.** Koefisien similaritas (*Pairwise Distance*)

	1	2	3	4	5
KM1 <i>Epinephelus fuscoguttatus</i> (Belawan)					
<i>Epinephelus fuscoguttatus</i> (Prancis)	0.00				
KM2 <i>Epinephelus sexfasciatus</i> (Belawan)	0.61	0.73			
<i>Epinephelus sexfasciatus</i> (Washington, DC)	0.61	0.73	0.01		
KM3 <i>Epinephelus areolatus</i> (Belawan)	0.79	1.35	0.70	0.64	
<i>Epinephelus areolatus</i> (Malaysia)	0.61	0.79	0.54	0.50	0.00

### Hubungan Kekerabatan Ikan Kerapu (*Epinephelus* sp.) di TPI Gabion dengan NCBI

Analisis hubungan kekerabatan bermaksud untuk menjelaskan hubungan kekerabatan dan juga keanekaragaman menggunakan diagram yang menyerupai pohon untuk menggambarkan silsilah sistematikanya (Widyatmoko et al., 2013). Berdasarkan apa yang telah didapatkan mengenai studi filogenetik, analisis yang dilakukan menggunakan penanda molekuler untuk menganalisis hubungan genetik pada organisme dengan memilih model *kimura-2-parameter* sebagai model dalam pembuatan pohon filogenetik (Tambuwun et al., 2017). Pohon filogenetik dibentuk berdasarkan *alignment* (pensejajaran) yang telah dilakukan pada seluruh spesies ikan kerapu. Kekkerabatan beberapa spesies ikan kerapu dapat dilihat pada pohon filogenetik yang telah dibentuk. Dari hasil analisis hubungan kekerabatan menunjukkan garis panjang cabang. Panjang suatu cabang yang terbentuk menunjukkan perbedaan basa nukleotida. Semakin panjang cabang yang terbentuk menunjukkan perbedaan basa DNA yang lebih besar (Devy et al., 2021). Sampel spesies *Epinephelus fuscoguttatus*, *Epinephelus sexfasticus*, dan *Epinephelus areolatus* ternyata memiliki hubungan kekerabatan yang dekat. Hal ini

menunjukkan bahwa ketiga spesies yang berasal dari Medan Belawan berasal dari nenek moyang yang sama, atau lingkungan yang sama. Pada gambar pohon filogenetik tersebut menunjukkan bahwa pada pohon membentuk suatu klad yang berjumlah 6 klad (kelompok).



**Gambar 6.** Pohon filogenetik ikan kerapu dengan kekerabatan beserta out grup erdasarkan n gen COI direkonstruksi dengan metode *Neighbor-Joining* model *Kimura-2-Parameter*

## SIMPULAN

Dari penelitian telah dilakukan maka dapat disimpulkan bahwa ikan kerapu yang diperoleh di TPI Gabion terdapat memiliki panjang urutan nukleotida sepanjang 616bp serta memiliki variasi dan nilai presentase AT Content (57,82%), GC Content (42.15%) untuk sampel *Epinephelus fuscoguttatus*, AT Content (53.14%), GC Content (46.83%) untuk sampel *Epinephelus sexfasticus*, AT Content (52.65%), GC Content (47.32%) untuk sampel *Epinephelus areolatus*. Antara populasi ikan kerapu yang diperoleh di TPI Gabion memiliki hubungan kekerabatan dengan jarak genetik yang tidak begitu jauh. Sampel KM1 memiliki hubungan kekerabatan dan jarak genetik yang dekat dengan sampel KM2 dengan nilai 0,61, sedangkan jarak genetik KM1 dengan KM3 memiliki nilai 0,79. Hal tersebut dapat dilihat dari pohon filogenetik. Pada gambar pohon filogenetik menunjukkan bahwa pohon membentuk klad yang berjumlah 6 klad. Spesies sampel yang diamati dengan penanda KM1, KM2, dan KM3 membentuk klad sendiri dan memiliki hubungan kekerabatan yang tidak jauh dengan spesies yang lainnya. KM1 memiliki kekerabatan yang dekat dengan spesies yang sama yang berasal dari Prancis dan membentuk satu klad.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada keluarga terutama babah dan umi, kakak dan adik penulis, dosen pembimbing yaitu ibu Zahratul Idami, M.Sc dan ibu Kartika Manalu, M.Pd serta dosen Fakultas Sains dan Teknologi Prodi Biologi, serta teman – teman semua dan seluruh pihak yang sudah membantu penulis untuk bisa menyelesaikan artikel ilmiah ini.

## DAFTAR PUSTAKA

- Afifah, I., Solihin, D. D., & Sunkar, A. (2021). Karakteristik Molekuler Kelelawar (*Microchiroptera*), berdasarkan DNA Mitokondria (Gen COI) di Gua Sukabumi dan Sentul Jawa Barat. *Al-Kauniah: Jurnal Biologi*, 14(1), 20–28.
- Devy, S., Astarini, I. A., Putra, I. N. G., Sembiring, A., Yusmalinda, L. A., Malik, M. D. Al, & Pertiwi, N. P. D. (2021). Keragaman Genetik Ikan Tongkol Abu-Abu (*Thunnus tonggol*) yang Didaratkan di Pasar Ikan Sagulung, Batam, Kepulauan Riau Berdasarkan DNA Mitokondria. *Journal of Marine and Aquatic Sciences*, 7(2), 176.
- Fatmarischa, N., Sutopo, & Johari, S. (2014). Genetic Distance and Discriminant Variables on Male and Female of Muscovy duck by Morphometric Analysis. *Jurnal Peternakan Indonesia*, 16(1), 33–39.
- Hutami, R., Idzni, N., Ranasasmita, R., & Suprayatmi, M. (2017). DNA Extraction Method For Molecular Detection Gel for Electrophoresis Materials Result. *Jurnal Pertanian*, 8(2), 106–112.
- Kamal, M. M., Hakim, A. A., Butet, N. A., Fitrianiingsih, Y., & Astuti, R. (2019). Autentikasi Spesies Ikan Kerapu Berdasarkan Marka Gen Mt-Coi Dari Perairan Peukan Bada, Aceh. *Jurnal Biologi Tropis*, 19(2), 116–123.
- Kusuma, A. B., Tapilatu, R. F., & Sonya, T. (2021). Identifikasi Morfologi Ikan Kerapu (*Serranidae: Epinephelinae*) . 6(1), 37–46.
- Aznardi, S., & Madduppa, H. (2020). Identifikasi Ikan Kerapu (*Epinephelus* Sp) Di Pasar Ikan Tradisional Muara Angke Jakarta Utara Dengan

- Menggunakan Metode Morfologi Dan Dna Barcoding Identification of Grouper (*Epinephelus* Sp) At Muara Angke Traditional Fish Market in North Jakarta Using Mo. *E Journal Unri*, 48, 1–6.
- Sembiring, S. B. M., Tridjoko, T., & Haryanti, H. (2013). Genetic Variation Of Humpback Grouper (*Cromileptes altivelis*) On F1 And F3 Generations. *Jurnal Ilmu Dan Teknologi Kelautan Tropis*, 5(1),
- Sjafaraenan, S., Lolodatu, H., Johannes, E., Agus, R., & Sabran, A. (2018). Profil Dna Gen Follicle Stimulating Hormone Reseptor (Fshr) Pada Wanita Akne Dengan Teknik Pcr Dan Sekuensing Dna. *Bioma : Jurnal Biologi Makassar*, 3(1), 1–11.
- Putri, R. M., Kedokteran, F., Ilmu, D. A. N., & Farmasi, P. S. (2017). *UIN* Syarif Hidayatullah Jakarta Uji Spesifisitas Primer 12s DNA Mitokondria Kambing (*Capra hircus*) Menggunakan Real-Time Polymerase Chain Uji Spesifisitas Primer 12s DNA Mitokondria Kambing (*Capra hircus*) Reaction.
- Tambuwun, J., Kolondam, B. J., & Tallei, T. E. (2017). Variasi Gen matK dan Filogenetik Tumbuhan Kantong Semar (*Nepenthes* sp.) dari Gunung Mahawu dan Gunung Sopotan di Sulawesi Utara (*The Variation of matK Gene and the Phylogeny of Nepenthes sp. Obtained from Mount Mahawu and Mount Sopotan in North Sulawesi*). *Jurnal Bios Logos*, 7(1), 1–8.
- Widyatmoko, A., Rimbawanto, A., & Razaq Chasani, A. (2013). Hubungan Kekerbatan Antar Populasi Jati (*Tectona Grandis*, Linn.F.) Berdasarkan Penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*, 7(3), 151–166.
- Wirdateti, Indriana, E., & Handayani. (2016). Analisis Sekuen DNA Mitokondria Cytochrome Oxidase I (COI) mtDNA Pada Kukang Indonesia (*Nycticebus* spp) sebagai Penanda Guna Pengembangan Identifikasi Spesies. *Jurnal Biologi Indonesia*, 12(1), 119–128.