

PERBANDINGAN HASIL METODE IDENTIFIKASI SPESIES : MORFOLOGI DAN MOLEKULER PADA IKAN JULUNG-JULUNG DI TPI (TEMPAT PELELANGAN IKAN) MUARA ANGKE, DKI JAKARTA

COMPARISON OF THE RESULTS OF SPECIES IDENTIFICATION METHOD: MORPHOLOGY AND MOLECULARS IN JULUNG-JULUNG FISH AT MUARA ANGKE, DKI JAKARTA

Audina Putri^{1*}, Hawis Madduppa^{1,2}

¹Program Studi Ilmu Kelautan, Sekolah Pascasarjana Institut Pertanian Bogor

²Departemen Ilmu dan Teknologi Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Pascasarjana Institut Pertanian Bogor

*Corresponding author e-mail: putriaudina@apps.ipb.ac.id

Submitted: 18 May 2020 / Revised: 10 December 2020 / Accepted: 14 December 2020

<http://doi.org/10.21107/jk.v13i3.7303>

ABSTRACT

The Congaturi halfbeak (*Hyporhamphus limbatus*), also known as the Valenciennes halfbeak, is an important economic fish in the fisheries sector of Indonesia, with a high level of diversity. The high diversity creates difficulties in the identification process for each species. The identification of species can be based on morphological and molecular methods. Therefore, this study aimed to compare the results of the morphological and molecular identification methods using a sample of *H. limbatus*. Morphological identification was carried out using morphometric techniques and for molecular identification following DNA Barcoding protocol. The results showed both morphological and molecular methods indicate that the sample was identified as *Hyporhamphus limbatus*. The morphology of the *Hyporhamphus limbatus* has an elongated body shape with a silvery color filled with scales all over his body except on the head. The lower jaw is taper in shape longer than the upper jaw and has an immarginate tail. While for the DNA Barcoding results show high similarity (97%) and percentage of query coverage (98%) to identify *Hyporhamphus limbatus*.

Keyword: morphological, molecular, garfish

ABSTRAK

Ikan julung-julung (*Hyporhamphus limbatus*) merupakan ikan ekonomis penting di sektor perikanan Indonesia yang memiliki tingkat keragaman yang tinggi. Tingginya keragaman menyebabkan kesulitan dalam proses identifikasi dari setiap spesies. Metode yang dapat digunakan untuk identifikasi spesies adalah metode morfologi dan molekuler. Penelitian ini bertujuan untuk membandingkan hasil dari metode identifikasi morfologi dan molekuler dengan menggunakan sampel ikan julung-julung. Identifikasi morfologi dilakukan menggunakan teknik morfometrik sedangkan untuk molekuler diaplikasikan dengan DNA Barcoding. Hasil identifikasi dengan metode morfologi dan molekuler menunjukkan hasil yang sama yaitu *Hyporhamphus limbatus*. Berdasarkan hasil identifikasi morfologi *Hyporhamphus limbatus* memiliki bentuk tubuh yang memanjang dengan warna perak dengan sisik di seluruh tubuhnya kecuali pada bagian kepala. Rahang bawahnya berbentuk lancip dengan ukuran lebih panjang dibandingkan dengan rahang atas serta memiliki ekor imarginate. Hasil molekuler (DNA Barcoding) menunjukkan bahwa *Hyporhamphus limbatus* memiliki nilai yang tinggi untuk tingkat kemiripan (97%) dan Query Cover (98%).

Kata kunci: morfologi, molekuler, ikan julung-julung

PENDAHULUAN

Tempat Pelelangan Ikan (TPI) Muara Angke merupakan tempat pelelangan ikan terbesar yang terletak di pusat Kota Jakarta. Letaknya

yang berada di tengah kota menjadikan tempat ini sangat strategis. Tingginya potensi perikanan yang dimiliki menjadikan Muara Angke sebagai pusat pelabuhan perikanan di Jakarta sejak tahun 1977 (Nadia, 2016). TPI

yang beroperasi di malam hari ini banyak mendaratkan jenis ikan dari berbagai wilayah di sekitar Jakarta. Salah satu ikan yang mudah ditemui di kawasan ini adalah ikan julung-julung. Ikan julung-julung hidup secara bergerombol dalam skala besar dengan panjang tubuh mencapai 45 cm, namun pada umumnya ditemukan dalam ukuran 30 cm (Genisa, 1999). Ikan ekonomis penting ini memiliki ciri utama yaitu rahang bawah yang lebih panjang dibandingkan dengan rahang atasnya (Bafagih *et al.*, 2018). Ikan ini mampu hidup di segala jenis perairan, seperti perairan laut, payau, hingga tawar (Fadhil *et al.*, 2016) dan terdistribusi secara merata di perairan Indonesia seperti Pulau Sumatera, Kalimantan, Jawa, Sulawesi, Bangka-Belitung dan Kepulauan Indonesia lainnya serta di sungai-sungai di Semenanjung Malaysia dan sungai-sungai di Siam (Samuel, 2010).

Secara taksonomi ikan julung-julung merupakan famili Hemiramphidae, dimana terdapat 12 genus didalam famili tersebut antara lain: *Arrhampus*, *Chriodorus*, *Euleptorhamphus*, *hemiramphus*, *Hyporhamphus*, *Melapedalion*, *Rhynchorhamphus*, *Dermogenys*, *Hemirhamphodon*, *Nomorhamphus*, *Tondanichthys*, dan *Zenarchopterus* (FAO, 2019). Hal tersebut menandakan bahwa ikan ini memiliki tingkat keragaman yang tinggi sehingga sulit untuk melakukan identifikasi tiap spesies.

Identifikasi spesies bisa dilakukan dengan metode morfologi dan molekuler. Morfologi ikan merupakan ilmu pengetahuan mengenai bentuk tubuh dan susunan ikan. Salah satu teknik yang kerap dijadikan acuan dalam identifikasi morfologi ikan adalah morfometrik. Morfometrik merupakan teknik dalam identifikasi ikan dengan melakukan perhitungan bentuk tubuh secara umum yang bertujuan untuk mengetahui keanekaragaman subyek (Fadhil *et al.*, 2016). *Landmark* perhitungan morfometrik merupakan hasil ekspresi genotip suatu spesies yang diamati (Roesma *et al.*, 2019). Identifikasi molekuler identik dengan pengaplikasian DNA *Barcoding*, yaitu teknik identifikasi yang mengacu pada susunan basa nukleotida yang dimiliki suatu spesies (Hajibabaei *et al.*, 2006 dalam Triandizal *et al.*, 2018).

DNA *Barcoding* merupakan teknik baru untuk mengidentifikasi spesies dibandingkan dengan morfometrik. Meskipun demikian sudah banyak penelitian yang menggunakan teknik DNA *Barcoding* untuk mengidentifikasi

spesies, antara lain penelitian Utami *et al.*, (2018) yang membahas tentang kelimpahan serta persebaran *Terpios hoshinota* di wilayah Bengkulu dan Kepulauan Seribu; Anzani *et al.*, (2019), yang berfokus pada identifikasi molekuler pada *Didemnum* sp. di Perairan Raja Ampat; dan riset Madduppa *et al.*, (2016) yang mengungkapkan eksploitasi *Skate* dan *Stingrays* (Chordata dan Chondrichthyes) di pasar ikan Indonesia. Kelebihan dari teknik ini yaitu mampu mengidentifikasi spesies meskipun sampel yang digunakan tidak dalam keadaan utuh (terdapat bagian tubuh yang hilang) (Prehadi *et al.*, 2015), karena dalam pengerjaannya hanya membutuhkan jaringan tubuh sampel (Sembiring *et al.*, 2015)

Penelitian molekuler pada ikan julung-julung sendiri telah dilaporkan Achmad *et al.* (2019) di perairan laut, Maluku Utara. Namun laporan pada perairan laut Jawa, belum ditemukan. Penelitian ini bertujuan untuk membandingkan hasil identifikasi ikan julung-julung menggunakan metode morfologi dan molekuler

MATERI DAN METODE

Waktu dan Lokasi Penelitian

Penelitian dilaksanakan pada bulan Oktober tahun 2019. Pengambilan, pengamatan, dan pengukuran sampel dilakukan di Tempat Pelelangan Ikan (TPI) Muara Angke sedangkan analisa morfometrik dan molekuler dilakukan di Laboratorium Biodiversitas dan Biosistemika Kelautan IPB University.

Pengambilan dan Identifikasi Sampel

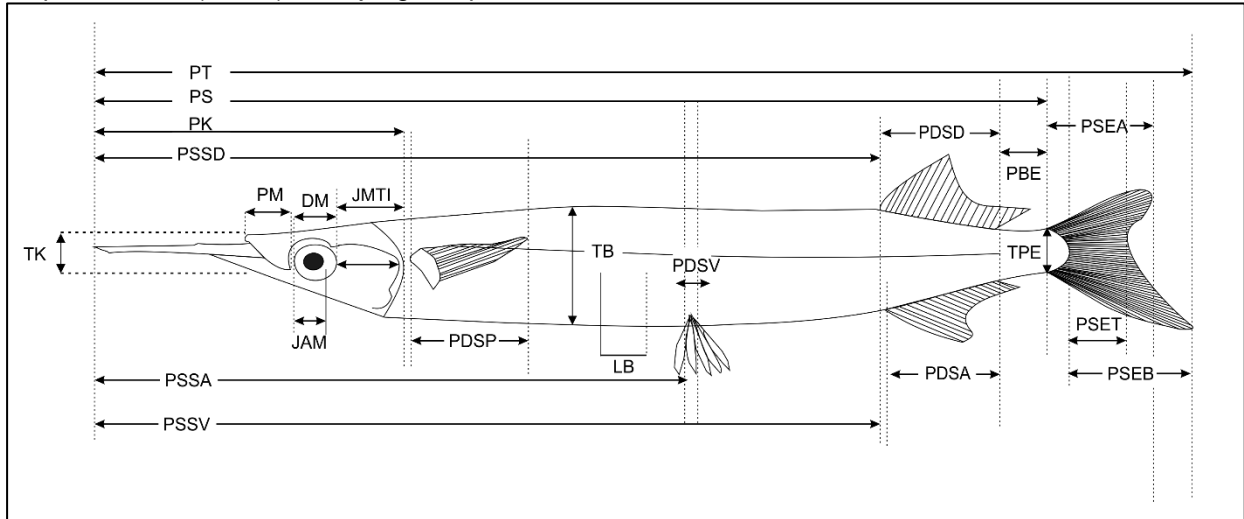
Sampel berupa ikan julung-julung diambil sebanyak 30 ekor dengan menggunakan metode *random sampling*. Selanjutnya dilakukan identifikasi terhadap sampel menggunakan metode morfologi dan molekuler. Sampel sirip diambil dari sirip ikan dan disimpan di dalam botol yang berisi ethanol 96% untuk keperluan DNA *barcoding*.

Karakterisasi Morfologi

Pengamatan dan pengukuran dengan menggunakan teknik morfometrik. Pengukuran sampel menggunakan jangka sorong sebagai alat bantu ukur dan timbangan digital sebagai alat bantu pengukuran bobot. Menurut Myers (2013), *landmark* (karakter) pengukuran morfometrik ikan meliputi Panjang Total (PT), Panjang Standart (PS), Panjang Kepala (PK), Panjang Sebelum Sirip Dorsal (PSSD), Panjang Sebelum Sirip Ventral (PSSV), Panjang Sebelum Sirip Anus (PSSA), Tinggi

Kepala (TK), Tinggi Badan (TB), Tinggi Pangkal Ekor (TPE), Tinggi Batang Ekor (TBE), Panjang Dasar Sirip Dorsal (PDS), Panjang Dasar Sirip Anus (PDSA), Panjang Dasar Sirip Ventral (PDSV), Panjang Dasar Sirip Pektoral (PDSP), Panjang Sirip Ekor

bagian Atas (PSEA), Panjang Sirip Ekor bagian Tengah (PSET), Panjang Sirip Ekor bagian Bawah (PSEB), Panjang Moncong (PM), Diameter Mata (DM), Jarak Mata ke Tutup Insang (JMTI), Jarak Antara Dua Mata (JAM), dan Lebar Badan (LB) (**Gambar 1**).



Gambar 1. Titik pengamatan morfometrik Ikan Julung-Julung (*Hyporhamphus limbatus*). Sketsa dibuat menggunakan drawing pad berdasarkan penampakan morfologi.

Karakterisasi Molekuler

Metode molekuler dilakukan dengan menggunakan teknik DNA *Barcoding*. Tahapan yang dilakukan dalam teknik DNA *Barcoding* antara lain: ekstraksi DNA, PCR (*Polymerase Chain Reaction*), visualisasi DNA dengan elektroforesis, dan *sequencing* DNA. Jaringan otot sampel yang sudah dipreservasi dengan menggunakan alkohol 96% dijadikan sebagai bahan ekstraksi DNA. Ekstraksi DNA dilakukan untuk memisahkan DNA yang tersimpan pada sampel (Fahmi *et al.*, 2020). Tahapan ekstraksi DNA dilakukan sesuai petunjuk yang tertera pada gSYNC™ DNA Extraction Kit. Langkah berikutnya adalah teknik PCR yang bertujuan untuk memperbanyak DNA target (Gen mitokondria sitokrom c oksidase subunit I) dengan menggunakan primer FishF1 (5'-TCAACCAACCAAGACATTGGCAC-3); FishR1 (5'-TAGACTCTGGGTGGCCAAAGAATCA-3) (Ward *et al.*, 2015). PCR memiliki tiga tahapan antara lain, denaturasi (94°C, 30 detik); anelling (50°C, 1 menit); ekstensi (72°C, 1 min), dan ekstensi akhir di 72°C selama 7 menit. Hasil dari PCR kemudian disimpan dalam lemari pendingin bersuhu 4°C. Langkah selanjutnya adalah visualisasi hasil PCR melalui teknik elektroforesis (120 V, 20 menit) dengan menggunakan media agarose 1%.

Hasil PCR dikirim ke layanan DNA *sequencing* Singapura untuk memperoleh sekuens DNA.

Analisis Data

Metode Morfologi

Analisis morfologi sampel dilakukan dengan menggunakan (Collette, 1974; Collette *et al.*, 1986). Pengukuran morfomerik yang didapat kemudian dilanjutkan dengan perhitungan hubungan panjang berat tubuh ikan. Menurut Fuadi *et al.*, (2016) hubungan panjang berat bisa dapat diketahui menggunakan persamaan *Linear Allometric Model* (LAM). Adapun persamaan LAM yaitu:

$$W = (aL^b) \dots \dots \dots (1)$$

- W = berat ikan (gram)
- L = panjang ikan (cm)
- a = intercept regresi linear
- b = koefisien regresi

Nilai b yang didapat menggambarkan pola pertumbuhan ikan. Nilai b=3 menggambarkan terjadi pola pertumbuhan *isometric*, yaitu pertambahan berat berbanding lurus dengan panjang tubuh ikan), nilai b kurang ataupun lebih menggambarkan pola pertumbuhan *allometric*. *Allometric* positif (pertambahan berat lebih cepat dibandingkan dengan pertambahan panjang) terjadi jika nilai b lebih dari 3, dan *allometric* negatif (pertambahan panjang lebih cepat dibandingkan dengan

pertambahan berat) terjadi jika nilai b kurang dari 3.

Metode Molekuler. Hasil *sequencing* yang diperoleh dilakukan pengeditan dengan software MEGA 6.0 kemudian dilanjutkan dengan mengidentifikasinya menggunakan BLAST (*Basic Local Alligment Search Tool*). Hasil BLAST tersebut kemudian dicocokkan dengan persamaan urutan basa pada *GeneBank* melalui situs NCBI. Hasil tersebut merupakan urutan refrensi dari urutan *Gene-Bank* database dengan maksimum kemiripan tertinggi (Madduppa *et al.*, 2017)

HASIL DAN PEMBAHASAN

Morfologi

Hasil identifikasi morfologi menunjukkan bahwa 30 ekor ikan julung-julung yang didapatkan dari TPI Muara Angke memiliki bentuk tubuh yang memanjang dengan warna perak. Tubuhnya dipenuhi sisik kecuali pada bagian kepala. Rahang bawahnya berbentuk lancip dengan ukuran lebih panjang dibandingkan dengan rahang atas serta memiliki ekor *imarginate* (**Gambar 2**).



Gambar 2. Penampakan melintang karakteristik morfologi ikan *Hyporhamphus limbatus*

Kisaran perhitungan morfometrik berdasarkan Myers (2013) pada ikan julung-julung memiliki nilai yang beragam. Keragaman tersebut

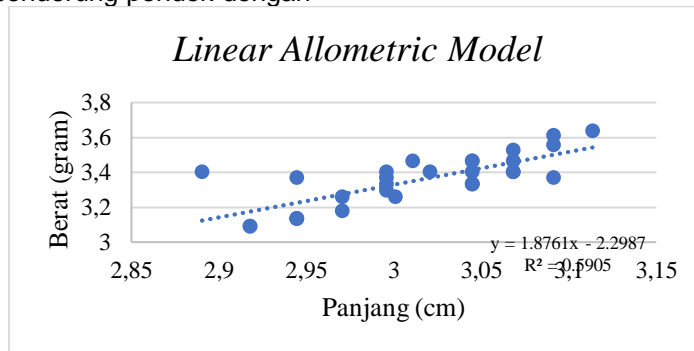
ditunjukkan dengan nilai simpangan baku yang diperoleh (**Tabel 1**)

Tabel 1. Hasil Morfometrik

NO	Krakteristik Morfometrik	Kisaran (cm)	Rata-Rata (cm)	Simpangan Baku (SD)
1.	PT	18-22,50	20,33	1,19
2.	PS	15-19	17	1,13
3.	PK	4-6,10	5,13	0,64
4.	TK	1-2,90	1,75	0,5
5.	TB	1,70-2,50	2	0
6.	TPE	0,70-1,20	1	0
7.	PM	2-3,80	2,83	0,41
8.	DM	0,70-1	1	0
9.	JAM	0,80-1	1	0
10.	LB	1,10-1,60	1,34	0,11
11.	BERAT	22-38	28,9	4,17
12.	PSSD	12,50-16,50	14,31	0,75
13.	PSSV	9-12,50	10,38	0,65
14.	PSSA	13-17,50	14,64	1,36
15.	PDSD	1,90-3,50	2,44	0,53
16.	PDSA	1,50-3	2,11	0,33
17.	PDSV	0,90-1,50	1	0
18.	PDSP	1,70-2,50	2	0
19.	PBE	0,70-1,30	1	0
20.	PSEA	1,60-2,70	2	0
21.	PSET	0,80-1,80	1	0
22.	PSEB	2,50-3,80	3	0
23.	JMTI	1-1,70	1	0,23

Pengamatan morfologi dan perhitungan morfometrik tersebut diketahui bahwa sampel tergolong dalam Famili *Hemiramphidae*, Genus *Hyporhamphus* dengan nama spesies *Hyporhamphus limbatus*. Menurut Collette (1974) *Hyporhamphus limbatus* merupakan ikan dengan sirip pektoral relatif pendek; tidak memiliki duri di semua siripnya; ukuran sisiknya cukup besar dan berbentuk sikloid; warnanya hijau atau biru di bagian belakang tubuhnya dan putih keperakan di samping; rahang bawahnya memiliki panjang melebihi panjang kepalanya dan rahang atasnya berukuran lebih pendek yaitu sekitar 0,6-0,8 kali rahang bawah. *Hyporhamphus limbatus* memiliki sirip dorsal sebanyak 13 hingga 16 (biasanya hanya 13 atau 14); sirip anal sebanyak 13 hingga 16 (biasanya 14 atau 15); sirip perktoral yang cenderung pendek dengan

jumlah 10 hingga 12; ekornya berbentuk *emarginate* dan tidak kuat (Collette, 1978), dengan panjang total 35 cm dan panjang standart 13 cm (Collete, 1984). Hasil perhitungan menggunakan rumus LAM didapatkan hasil yaitu nilai a sebesar 1,8761, b sebesar -2,2987, dan R² sebesar 0,5905 (**Gambar 3**). Hal tersebut menunjukkan jika sampel memiliki pola pertumbuhan *allometric* negatif yang artinya pertumbuhan panjang sampel lebih cepat dibandingkan dengan penambahan bobot tubuhnya (Muttuqin *et al.*, 2016). Nilai koefisien determinasi (0,5905) menunjukkan bahwa 59,05% berat tubuh terjadi akibat faktor penambahan panjang tubuh ikan, sedangkan 40,95% lainnya dipengaruhi oleh umur dan faktor lingkungan (Fuadi *et al.*, 2016).



Gambar 3. Grafik Linear Allometric Model Ikan *Hyporhamphus limbatus*

Molekuler

Hasil *sequencing* menunjukkan bahwa panjang DNA ikan *Hyporhamphus limbatus* 674bp dengan komposisi nukleotida yaitu

Timin berjumlah 199 (29,53%), Cytosin berjumlah 194 (28,78%), Adenin berjumlah 154 (22,85%), dan Guanin berjumlah 127 (18,84 %) (**Gambar 4**).

```
TTAGAATTTGGTGCTTGAGCCGGAATAGTAGGCACTGCTCTAAGCCTCCTGAT
TCGGGCTGAACTAAGCCAGCCGGCTCTCTCCTAGGAGACGACCAGATTTAT
AATGTTATTGTTACAGCACACGCCTTTGTAATAATTTCTTTATAGTAATACCA
ATTATGATCGGTGGTTTCGGCAACTGACTCATCCCTCTAATGATCGGGGCCCC
TGACATGGCATTCCCTCGTATGAATAATATGAGCTTCTGACTCCTTCCTCCTTC
CTTCTACTCCTGTTAGCCTCCTCCGGAGTTGAAGCAGGTGCAGGAACCTGGGT
GAACAGTCTACCCGCTCTTGCCGGCAACCTTGCCACGCGGGGGCATCTGTT
GATCTAACAATCTTCTCCCTCCATCTAGCAGGGGTTTCTCAATTCTTGGGGC
CATTAAATTTATTACCACGATTATTAACATGAAACCTCCAGCAATTTCTCAAT
ATCAAACACCACTATTTGTTTGAGCAGTACTGATCACCGCCGTCCTCCTCCTT
CTCTCCCTGCCTGTTCTAGCGGCTGGAATTACCATGCTTCTTACAGACCGAAA
CCTAAACACCACTTTTTCGACCCTGCTGGAGGAGGAGACCCCATTTCTTACC
AACACCTATTCTGATTCTTTGGCCACCAGAAAAGTC
```

Gambar 4. Hasil Sequencing Gen COI pada sampel

Berdasarkan hasil BLAST sampel yang telah dibandingkan dengan database *Gene Bank* NCBI menunjukkan bahwa spesies dengan tingkat kemiripan tertinggi adalah *Hyporhamphus limbatus* dengan nilai *Max Score* dan *Total Score* sebesar 1122, *Query*

Cover 98 %, *E value* 0,0, *Per Ident* 97,14% (**Tabel 2**). Menurut Triandizal *et al.*, (2018) spesies dikatakan mirip jika memiliki nilai *Max Score* dan *Total Score* yang sama serta nilai *Query Coverage* mendekati 100%, *Evalue* mendekati 0, dan *Ident* mendekati 100%.

Tabel 2. Hasil identifikasi molecular berdasarkan fasilitas *BLAST* pada NCBI *GeneBank*

Deskripsi	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Kemiripan	Akses NCBI
<i>Hyporhampus limbatus</i> mitochondrion complete genome	1122	1122	98%	0,0	97,14%	NC_042260.1
<i>Hyporhampus limbatus</i> voucher MBCSC z711267 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene.partial.cds : mitochondrial	1098	1098	95%	0,0	97,36%	EU595147.1
<i>Hyporhampus limbatus</i> voucher MBCSC ZCI07389 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene.partial.cds : mitochondrial	1092	1092	95%	0,0	97,21%	FJ237993.1
<i>Hyporhampus limbatus</i> voucher MBCSC Z711262 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene.partial.cds : mitochondrial	1086	1086	95%	0,0	97,05%	EU595152.1

Hasil identifikasi morfologi dan molekuler menunjukkan hasil bahwa ikan julung-julung yang diperoleh di TPI Muara Angke adalah spesies *Hyporhampus limbatus*. Pada dasarnya kedua metode tersebut merupakan serangkaian tahapan dalam mengidentifikasi suatu spesies. Metode morfologi merupakan tahapan awal identifikasi spesies melalui pengamatan, sedangkan identifikasi molekuler merupakan tahapan yang digunakan terkait ketepatan mengidentifikasi dan mendukung hasil identifikasi morfologi (Hebert *et al.*, 2003). Identifikasi organisme sampai pada tingkat spesies terkadang sulit dilakukan dengan menggunakan metode morfologi sehingga dibutuhkan identifikasi tambahan berupa molekuler (DNA *Barcoding*) (Achmad *et al.*, 2019)

DNA *Barcoding* memberikan hasil identifikasi yang cepat (Irawan *et al.*, 2016) dan akurat dikarenakan sifat DNA yang konstan dibandingkan dengan morfologi (Hidayat *et al.*, 2008). Menurut Rohimah *et al.*, (2018) mengatakan jika identifikasi molekuler dengan DNA *Barcoding* merupakan salah satu metode alternatif dalam identifikasi spesies jika terdapat kurangnya referensi mengenai morfologi spesies tersebut. Bingpeng *et al.*, (2018) juga menambahkan jika identifikasi molekuler merupakan metode identifikasi dengan tingkat efisiensi tertinggi.

KESIMPULAN DAN SARAN

Identifikasi morfologi dan molekuler menunjukkan bahwa sampel yang didapat dari TPI Muara Angke adalah *Hyporhampus limbatus*. Kedua metode identifikasi tersebut merupakan serangkaian tahapan dalam mengidentifikasi suatu organisme. Morfologi

adalah tahapan awal dalam mengidentifikasi suatu organisme melalui pengamatan. Hasil identifikasi morfologi kemudian dikuatkan menggunakan identifikasi molekuler (DNA *Barcoding*) yang memiliki tingkat keakuratan yang tinggi.

UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada seluruh tim asisten mata kuliah Biodiversitas Laut Institut Pertanian Bogor yang telah membantu serta memeberikan pengarahan dalam penulisan artikel ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Achmad, M.J., Djamhur, M., Fabanyo, M.A., Akbar, N. (2019). Aplikasi DNA *Barcoding* Ikan Julung-julung (*Hemirhampus* sp.) di Perairan Laut Maluku Utara. *Jurnal Iktologi Indonesia*, 19(3), 463-473
- Anzani, L., Madduppa, H., Nurjaya, I.W., Dias, P. J. (2019). Short Communication: Moleculer Identification of White Sea Squirt *Didemnum* sp. (Tunicata, Ascidiacea) Colonies Growing Over Corals in Raja Ampat Island, Indonesia. *Jurnal Biodiversitas*, 20(3), 636-642
- Bafagih, A., Hamzah, S., Tangke, U. (2018). Sebaran Konsentrasi Klorofil-a Hubungannya dengan Hasil Tangkapan Ikan Julung di Perairan Ternate. *Jurnal Akuakultur, Pesisir dan Pulau-Pulau Kecil*, 2(1), 1-4
- Bingpeng, X., Heshan, L., Zhilan, Z., Chunguang, W., Yanguo, W., Jianjun, W. (2018). *DNA Barcoding for Identification of Fish Species in the Taiwan Strait*. Third Institute of

- Oceanography State Oceanic Administration, Xiamen, Fujian, China
- Collette, B. B. (1974). The garfishes (Hemiramphidae) of Australia and New Zealand. *Rec Aust Mus*, 29, 11-105.
- Collette, B. B., & Su, J. (1986). The halfbeaks (Pisces, Beloniformes, Hemiramphidae) of the Far East. *Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia*, 138(1), 250-302.
- Collette, B.B. (1978). Hemiramphidae. In W. Fischer (ed.) FAO species identification sheets for fishery purposes. Western Central Atlantic (Fishing Area 31), Volume 2. FAO, Rome
- Fadhil, R., Muchlisin, Z. A., & Sari, W. (2016). Hubungan panjang-berat dan morfometrik ikan julungjulung (*Zenarchopterus dispar*) dari perairan pantai utara Aceh. *Jurnal Ilmiah Mahasiswa Kelautan Perikanan Unsyiah*, 1(1), 146-159
- Genisa, A. S. (1999). Pengenalan jenis-jenis ikan laut ekonomi penting di Indonesia. *Jurnal Oseana*, 24(1), 17-38.
- Hebert, P. D., Ratnasingham, S., & De Waard, J. R. (2003). Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(suppl_1), S96-S99.
- Hidayat, T. and Pancoro, A. (2008). Kajian Filogenetik Molekuler dan Peranannya dalam Menyediakan Informasi Dasar untuk Meningkatkan Kualitas Sumber Genetik Angrek. *Jurnal Agro Biogen*, 4 (1), 35- 40.
- Irawan, P. D., Tallei, T. E., & Kolondam, B. J. (2016). Analisis sekuens dan filogenetik beberapa tumbuhan *Syzygium* (Myrtaceae) di Sulawesi Utara berdasarkan gen matK. *Jurnal Ilmiah Sains*, 16(2), 43-50.
- KKBI Online. (2019). Diakses pada tanggal 30 Desember 2019 pukul 07.00 WIB. www.kbbionline.com
- Kusumah, R. V., Kusri, E., Fahmi, M. R. (2016). Biologi, Potensi, Dan Upaya Budi Daya Julung-Julung *Zenarchoptera* sebagai Ikan Hias Asli Indonesia. *Prosiding Seminar Nasional Ikan ke 8*, 303
- Madduppa, H., Ayuningtyas, R.U., Subhan, B., Arafat, D., Prehadi. (2016). Exploited but Unevaluated: DNA Barcoding Reveals Skate and Stingrays (*Chordata, Chondrichthyes*) Species Landed in The Indonesian Fish Market. *Jurnal Ilmu Kelautan*, 21(2), 77-84
- Madduppa, H., Subhan, B., Anggraini, N. P., Fadillah, R., & Tarman, K. (2017). DNA barcoding reveals vulnerable and not evaluated species of sea cucumbers (Holothuroidea and Stichopodidae) from Kepulauan Seribu reefs, Indonesia. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 18(3), 893-898.
- Muttaqin, Z., Dewiyanti, I., Aliza, D. (2016). Kajian Hubungan Berat dan Faktor Kondisi Ikan Nila (*Oreochromis niloticus*) dan Ikan Belanak (*Mugil cephalus*) yang Tertangkap Di Sungai Matang Guru, Kecamatan Madat, Kabupaten Aceh Timur. *Jurnal Ilmiah Mahasiswa Kelautan dan Perikanan Unsyiah*, 1(3), 397-403
- Myers, P., R, Espinosa. (2013). http://animaldiversity.ummz.umich.edu/collections/contributors/Grzimek_fish/Clupeiformes/Chirocentrus_dorab/. Diakses: 06 Desember 2019
- Nadia, R. N. (2016). Buruh Angkut dan Keluarga Nelayan di Pelabuhan Muara Angke. *Lembaran Sejarah*, 12(1), 44-58.
- Prehadi, P., Sembiring, A., Kurniasih, E. M., Rahmad, R., Arafat, D., Subhan, B., & 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).
- Rohimah, S., Mukarramah, L., Sindiya, V., Veren Yuliana, S., Gita Ayu, K., & Su'udi, M. (2018). Eksplorasi Jenis dan Potensi DNA Barcode Angrek *Thrixspernum* Secara In Silico. *Jurnal Biodjati*, 3(2), 148-156.
- Sembiring, A., Pertiwi, N. P. D., Mahardini, A., Wulandari, R., Kurniasih, E. M., Kuncoro, A. W., & Carpenter, K. E. (2015). DNA barcoding reveals targeted fisheries for endangered sharks in Indonesia. *Fisheries Research*, 164, 130-134.
- Suryawan, I G., Mahrus, K. (2016). Studi Karakteristik Morfometrik Ikan Julung-Julung (*Hemiramphus Archipelagicus*) Di Daerah Intertidal Teluk Ekas. *Jurnal Biologi Tropis*, 16(2), 37-42
- Triandiza, T., Madduppa H. (2018). Aplikasi Analisa Morfologi Dan Dna Barcoding Pada Penentuan Jenis Kepiting Porcelain (*Pisidia* Sp.) Yang Berasal Dari Pulau Tunda, Banten. *Jurnal Sumberdaya Akuatik Indopasifik*, 2(2)
- Utami, R. T., Zamani, N. P., & Madduppa, H. H. (2018). Molecular identification,

- abundance and distribution of the coral-killing sponge *Terpios hoshinota* in Bengkulu and Seribu Islands, Indonesia. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 19(6), 2238-2246.
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., & Hebert, P. D. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1847-1857.
- Zuhdi, M. F., & Madduppa, H. (2020). Identifikasi *Caesio cuning* berdasarkan Karakterisasi Morfometrik dan DNA Barcoding yang didaratkan di Pasar Ikan Muara Baru, Jakarta. *Jurnal Kelautan Tropis*, 23(2), 199-206.