

**Kode Talenta/Kode Fakultas : 05/ 03**

Menyasar SDGs No: 14 (melestarikan dan memanfaatkan secara berkelanjutan sumber daya kelautan dan samudera)

**LAPORAN AKHIR  
PENELITIAN TALENTA USU  
SKEMA TERAPAN**



**Identifikasi DNA Barcoding Ikan Hiu dan Pari Menggunakan  
Mitokondria COI Sebagai Upaya Status Konservasi di Perairan Selat  
Malaka Wilayah Pengelolaan Perikanan (WPP) 571**

**TIM PENGUSUL**

Ketua	: VINDY RILANI MANURUNG, S.Pi, M.P	NIDN: 0031129005
Anggota	: JULIA SYAHRIANI HASIBUAN, S.Pi, M.Si	NIDN: 0026079302
Anggota	: DESRITA, S.Pi., M.Si	NIDN: 0012128303

**FAKULTAS PERTANIAN  
UNIVERSITAS SUMATERA UTARA  
NOVEMBER 2022**

HALAMAN PENGESAHAN LAPORAN KEMAJUAN PENELITIAN TALENTA USU  
SKEMA PENELITIAN TERAPAN 2022

1. Judul Penelitian : Identifikasi DNA Barcoding Ikan Hiu dan Pari Menggunakan Mitokondria COI Sebagai Upaya Status Konservasi di Perairan Selat Malaka Wilayah Pengelolaan Perikanan (WPP) 571
2. Pelaksana
- a. Nama Lengkap : Vindy Rilani Manurung, S.Pi., M.P
  - b. NIDN/NIDK/NIP : 0031129005
  - c. Jabatan Fungsional : Asisten Ahli
  - d. Fakultas/ Unit : Pertanian/ Manajemen Sumberdaya Perairan
  - e. Alamat surel (*e-mail*) : vindyirilani.m@usu.ac.id
3. Anggota Tim Pelaksana
- a. Anggota (1)
  - b. Nama Lengkap : Julia Syahriani Hasibuan, S.Pi., M.Si
  - c. NIDN : 0026079302
  - d. Jabatan Fungsional : Asisten Ahli
  - e. Fakultas/ Unit : Pertanian/ Manajemen Sumberdaya Perairan
3. Anggota (2)
- a. Nama Lengkap : Desrita, S.Pi., M.Si
  - b. NIDN : 0012128303
  - c. Program Studi/Fakultas : Manajemen Sumberdaya Perairan/ Pertanian
  - d. Jabatan Fungsional : Lektor
  - e. Fakultas/ Unit : Pertanian/ Manajemen Sumberdaya Perairan
4. Mitra
- a. Nama Mitra :-
  - b. Alamat Mitra :-
  - c. Jumlah Mahasiswa Terlibat : 4 orang
5. Biaya Penelitian : Rp. 35.500.000,00

Medan, 29 November 2022

Mengetahui,  
Lembaga Penelitian USU  
Sekretaris,

Ketua Peneliti,



Prof.Dr. Robert Sibarani MS.  
NIP. 196402121987031004

Vindy Rilani Manurung, S.Pi., M.P  
NIP. 199012312020012001

## DAFTAR ISI

	Halaman
<b>BAB 1. PENDAHULUAN</b>	
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Permasalahan	1
1.3 Tujuan Khusus	2
1.4 Urgensi Penelitian	2
1.5 Target Luaran Penelitian	
<b>BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA</b>	
2.1 Karakteristik Ikan Hiu dan Pari di Perairan Selat Malaka	4
2.2 Upaya pelestarian dan konservasi hiu pari di Indonesia	4
2.3 Analisis DNA Barcoding	5
<b>BAB 3. METODE PENELITIAN</b>	
3.1 Waktu dan Lokasi Penelitian	7
3.2 Bahan dan Alat	7
3.3 Prosedur Penelitian	8
3.3.1 Pengumpulan Data	8
3.4 Analisis Data	9
3.4.1 Analisis Ikan	9
3.4.2 Identifikasi Genetik	11
<b>BAB 4. HASIL DAN PEMBAHASAN</b>	
4.1 Protokol Laboratorium	12
4.2 Hasil	13
<b>BAB 5 RENCANA TAHAPAN BERIKUTNYA</b>	18
<b>DAFTAR PUSTAKA</b>	
<b>LAMPIRAN</b>	

## DAFTAR GAMBAR

	Halaman
Gambar 1 Ikan hiu dan pari	4
Gambar 2 Road Map Penelitian	6
Gambar 3 Peta lokasi penelitian	7

## DAFTAR TABEL

	Halaman
Tabel 1 Luaran Penelitian	3
Tabel 2 Susunan Organisasi Tim Pengusul dan Pembagian Tugas	8

## RINGKASAN

Strategi pengelolaan sumber daya hiu dan pari tahun 2021-2025, yakni melalui pelatihan identifikasi spesies ikan hiu dan pari yang lebih tepat dan akurat; pendaratan hasil tangkapan hiu dan pari harus utuh guna mempermudah identifikasi dan pencatatan ikan hiu Apendiks II CITES; penyediaan alternatif pekerjaan lainnya bagi nelayan penangkap hiu dan pari di perairan Selat Malaka. Konservasi sumber daya ikan sudah dirumuskan oleh pemerintah, tetapi tingkat penerapannya di masyarakat nelayan harus diperhatikan. Keterlibatan nelayan dalam penerapan konservasi sumber daya ikan sangat penting karena mereka adalah pihak yang paling sering berhubungan dengan laut, diharapkan nantinya dapat mengambil keputusan yang akan menentukan dan berpengaruh pada kesejahteraan hidup mereka. Oleh karena itu perlu dilakukan penelitian identifikasi DNA barcoding ikan hiu dan pari menggunakan mitokondria CO1 sebagai upaya status konservasi di perairan Selat Malaka wilayah pengelolaan perikanan (WPP) 571. Menanggapi berbagai isu, status penangkapan berlebihan (*overfishing*) ikan hiu dan pari periode reproduksinya relatif lama, pertumbuhan lambat, kematangan seksual lama dan fekunditas rendah. Tahapan metode penelitian dengan mengumpulkan data statistik perikanan tangkap hiu dan pari di perairan Selat Malaka yaitu data produksi dan upaya penangkapan, selanjutnya pengambilan sampel jaringan atau sirip ikan diambil dengan ketebalan 0,01-0,5 cm<sup>3</sup> lalu diawetkan dengan etanol 98% lalu sampel DNA barcoding dianalisis di Laboratorium Biologi Molekuler FMIPA Universitas Brawijaya Malang. Tahap berikutnya analisis data ikan yaitu jenis kelamin, hubungan panjang bobot, faktor kondisi, mortalitas dan laju eksploitasi selanjutnya tahap analisis identifikasi genetik yaitu ekstraksi DNA, PCR, Sekuensing dan filogenetik metode maximum-likelihood dengan bantuan software MEGA X. Adapun target luaran wajib hasil penelitian ini adalah jurnal internasional bereputasi Biodiversitas Quartil 3 dan luaran tambahan artikel di prosiding internasional terindeks bereputasi yaitu International Conference on Agriculture, Environment And Food Security (AEFS) yang diadakan oleh Fakultas Pertanian USU.

## **PRAKATA**

Segala Puji dan Syukur kami ucapkan kepada Allah SWT yang telah memberikan kesempatan kepada kami untuk dapat menyelesaikan Penelitian TALENTA dengan skema Terapan 2022 sebagai salah bentuk pelaksanaan dan keterlibatan untuk Tridharma Perguruan Tinggi. Penelitian ini berjudul Identifikasi DNA Barcoding Ikan Hiu dan Pari Menggunakan Mitokondria COI Sebagai Upaya Status Konservasi di Perairan Selat Malaka Wilayah Pengelolaan Perikanan (WPP) 571 telah dilaksanakan berkat dukungan dari berbagai pihak. Oleh karena itu, dalam kesempatan ini perkenankan kami menyampaikan rasa terima kasih kepada:

1. Rektor Universitas Sumatera Utara
2. Ketua Lembaga Penelitian Universitas Sumatera Utara
3. Dekan Fakultas Pertanian Universitas Sumatera Utara

Tujuan dari pembuatan laporan ini adalah memberikan gambaran mengenai pelaksanaan kegiatan, serta sebagai bentuk pertanggungjawaban penulis kepada pihak-pihak terkait dalam pelaksanaan kegiatan penelitian bahwa kegiatan penelitian ini telah dilaksanakan.

Semoga Laporan ini dapat bermanfaat bagi semua pihak. Penulis menyadari bahwa masih banyak kekurangan pada laporan ini, baik dari segi materi maupun penyajiannya.

Medan, 30 November 2022

Tim Peneliti

## BAB 1. PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Pengelolaan hiu di Indonesia membutuhkan penyiapan regulasi berupa dukungan data dan informasi yang akurat sehingga dapat disusun kebijakan yang didasarkan informasi ilmiah yang dapat dipertanggung jawabkan. Beberapa jenis hiu masuk kedalam daftar Apendiks II CITES dimana perdagangan internasional jenis hiu mengikuti ketentuan CITES. Strategi pengelolaan sumber daya hiu dan pari tahun 2021-2025, yakni melalui pelatihan identifikasi spesies ikan hiu dan pari yang lebih tepat dan akurat; pendaratan hasil tangkapan hiu dan pari harus utuh guna mempermudah identifikasi dan pencatatan ikan hiu Apendiks II CITES; penyediaan alternatif pekerjaan lainnya bagi nelayan penangkap hiu dan pari di perairan Samudera Hindia. Untuk dapat melaksanakan ketentuan tersebut maka diperlukan pendataan yang lebih rinci ke level spesies maka diperlukan penelitian ilmiah identifikasi tingkat DNA barcoding agar dapat membedakan spesies tingkat genetik. Beberapa spesies Elasmobranch diketahui hidup di habitat tertentu dan wilayah terbatas, namun ada pula yang tersebar luas dan mendiami berbagai tipe habitat, diantaranya terdapat di perairan Samudera Hindia dan Selat Malaka.

Disamping itu identifikasi morfologi hiu dan pari sulit dilakukan karena memiliki kemiripan karakteristiknya, sehingga dalam beberapa tahun ini teknik molekuler DNA Barcoding dapat dijadikan acuan identifikasi suatu spesies, kemampuan DNA Barcoding yaitu identifikasi spesies pada degenarasi kode genetik mitokondria (mtDNA). Berdasarkan identifikasi morfologi ikan pari pada penelitian sebelumnya berjumlah 5 spesies diantaranya *Neotrygon kuhlii*, *Brevitrygon heterura*, *Aetoplatea zonura*, *Maculabatis macrura* dan *Rhynchobatus australiae* (Manurung *et al.*, 2022). sedangkan di Tanjung Tiram Selat Malaka terdiri dari 8 spesies diantaranya 2 spesies hiu *Carcharhinus melanopterus* dan *Carcharhinus amblyrhyncoide*, selanjutnya 6 spesies pari yaitu *Telatrygon* biasa, *Hemitrygon akajei*, *Taeniura lymma*, *Neotrygon kuhlii*, *Gymnura japonica* dan *Maculabatis gerrardi* (Fadhilah *et al.*, 2019). Penelitian Sudibyo, *et al* (2020) identifikasi ikan pari menggunakan metode mitokondria CO1 di Kabupaten Deli Serdang dan Kota Medan didapatkan 9 spesies yaitu *Maculabatis gerrardi*, *Gymnura poecilura*, *Dasyatis zugei*, *Brevitrygon heterura*, *Neotrygon kuhlii*, *Hemitrygon bennettii*, *Rhinobatos jimbaranensis*, *Rhinoptera javanica*, dan *Taeniura lymma*.

Konservasi sumber daya ikan sudah dirumuskan oleh pemerintah, tetapi tingkat penerapannya di masyarakat nelayan harus diperhatikan. Keterlibatan nelayan dalam penerapan konservasi sumber daya ikan sangat penting karena mereka adalah pihak yang paling sering berhubungan dengan laut, diharapkan nantinya dapat mengambil keputusan yang akan menentukan dan berpengaruh pada kesejahteraan hidup mereka. Oleh karena itu perlu dilakukan penelitian identifikasi DNA barcoding ikan hiu dan pari menggunakan mitokondria CO1 sebagai upaya status konservasi di perairan Selat Malaka wilayah pengelolaan perikanan (WPP) 571..



## 1.2 Rumusan Masalah

Menanggapi berbagai isu, status penangkapan berlebihan (*overfishing*) ikan hiu dan pari periode reproduksinya relatif lama, pertumbuhan lambat, kematangan seksual lama dan fekunditas rendah (Stobutzki *et al.*, 2002) dibutuhkan solusi pengelolaan perikanan hiu dan pari. Identifikasi adalah solusi untuk mengumpulkan data biologis dari spesimen. Metode identifikasi berbasis DNA adalah metode yang digunakan urutan fragmen DNA standar untuk mengidentifikasi spesies kepentingan organisme (Hebert *et al.* 2003). Genom mitokondria mengumpulkan persentase yang tinggi dari mutasi netral yang dapat membantu dalam spesies identifikasi (Siddappa *et al.* 2013). Adapun peranan pemerintah dan partisipasi masyarakat diperlukan guna mewujudkannya. Oleh karena itu diperlukan kajian mengenai identifikasi DNA barcoding ikan hiu dan pari menggunakan mitokondria CO1 sebagai upaya status konservasi di perairan Selat Malaka wilayah pengelolaan perikanan (WPP) 571

## 1.3 Tujuan Khusus

Adapun tujuan khusus penelitian ini adalah:

1. Mengetahui status konservasi perikanan hiu dan pari yang akan merujuk pada kebijakan pengelolaan di perairan Selat Malaka wilayah pengelolaan perikanan (WPP) 571
2. Mengidentifikasi spesies ikan hiu dan pari melalui morfologi dan identifikasi DNA barcoding di perairan Selat Malaka wilayah pengelolaan perikanan (WPP) 571

## 1.4 Urgensi Penelitian

Alasan urgensi penelitian ini adalah prinsip pengelolaan sumberdaya perikanan hiu dan pari di perairan Sibolga perlu di kelola dengan baik, sebagai langkah awal yaitu identifikasi genetik spesies hiu dan pari sebagai konfirmasi genetik dalam upaya status konservasi. Selanjutnya mencegah punahnya beberapa spesies di laut, maka diperlukan upaya konservasi sumber daya laut dalam rangka mengelola interaksi antargen, spesies, dan ekosistem sehingga diperoleh keuntungan maksimum, sambil memelihara potensinya dalam memenuhi kebutuhan masyarakat pesisir di masa sekarang dan yang akan datang dan juga dapat menciptakan usaha pelestarian yang berkelanjutan dalam pengelolaan status konservasi hiu dan pari di perairan Sibolga wilayah pengelolaan perikanan (WPP) 572 Samudera Hindia, dalam kegiatan ini sejalan dengan prioritas Sustainability Development Goals (SDGs) nomor 14 yaitu melestarikan dan memanfaatkan secara berkelanjutan sumber daya kelautan dan samudera untuk pembangunan.

### 1.5 Target Luaran Penelitian

Hasil luaran wajib penelitian disajikan pada Tabel 1.

**Tabel. Luaran Penelitian**

No	Jenis luaran*	Nama Jurnal, Nama Konferensi/Jenis KI/ nama Produk, TTG, Model, karya seni/ Judul Buku Ajar
	<b>Luaran Wajib</b>	
1	Jurnal Internasional Bereputasi	Biodiversitas
	<b>Luaran Tambahan</b>	-
1	Artikel di prosiding internasional terindeks bereputasi	ICONART

## BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA

### 1.1 Karakteristik Ikan Hiu dan Pari di Perairan Selat Malaka

Spesies elasmobranch diketahui hidup di habitat tertentu dan wilayah terbatas, namun ada pula yang tersebar luas dan mendiami berbagai tipe habitat (Fahmi, 2012). Secara umum terdapat 10 tipe habitat hiu (Camhi *et al.*, 1998). Beberapa tipe diantaranya terdapat di perairan Laut Jawa yaitu di perairan payau dan di sekitar muara sungai, serta perairan dangkal sampai daerah pasang surut hingga kedalaman 200 m. Di Selat Malaka dan Samudera Hindia, perairan dengan tipe habitat tersebut merupakan daerah penangkapan ikan. Sebagian besar dari nelayan menggunakan jaring dengan mesh size relatif kecil sehingga berpeluang besar menangkap juvenil atau anakan hiu yang hidup di perairan tersebut. Ikan hiu dan pari tergolong ikan yang sifat biologi ikan hiu dan pari tergolong berumur panjang, periode reproduksi yang relatif lama, pertumbuhan lambat, kematangan seksual lama dan fekunditas rendah (Stobutzki *et al.*, 2002). Sehingga mengakibatkan kelompok ikan ini rentan terhadap eksploitasi berlebihan di habitat alam. Oleh karena itu hiu dan pari menjadi perhatian dunia yang peduli terhadap keberlangsungan sumber daya ikan hiu dan pari dimasa mendatang. Berdasarkan penelitian Fadhilah *et al.* (2019) ditemukan sebanyak 323 individu hiu dan pari yang terdiri dari 8 spesies hasil tangkapan ini berasal dari perairan Selat Malaka. Hal ini menjadi acuan bahwa adanya perbedaan karakter morfologi dan DNA pada kedua perairan yaitu Samudera Hindia dan Selat Malaka, karena berasal dari perairan yang sama. Hasil tangkapan ikan hiu dan pari disajikan pada Gambar 1.



**Gambar 1. Ikan Hiu dan Pari**

### 1.2 Upaya pelestarian dan konservasi hiu pari di Indonesia

Menurunnya populasi hiu menjadi ancaman besar bagi keseimbangan ekosistem perairan di Indonesia. Siklus hidup yang panjang dan kemampuan reproduksi yang rendah membuat kemampuan pulih populasi hiu juga rendah. Hal ini berakibat pada mudahnya terjadi overeksploitasi yang menyebabkan populasi hiu menurun secara

signifikan. Upaya perlindungan populasi hiu dilakukan baik berupa pembentukan regulasi mengenai perikanan hiu dan upaya konservasi hiu. Menurut Kementerian Kelautan dan Perikanan RI (2015).

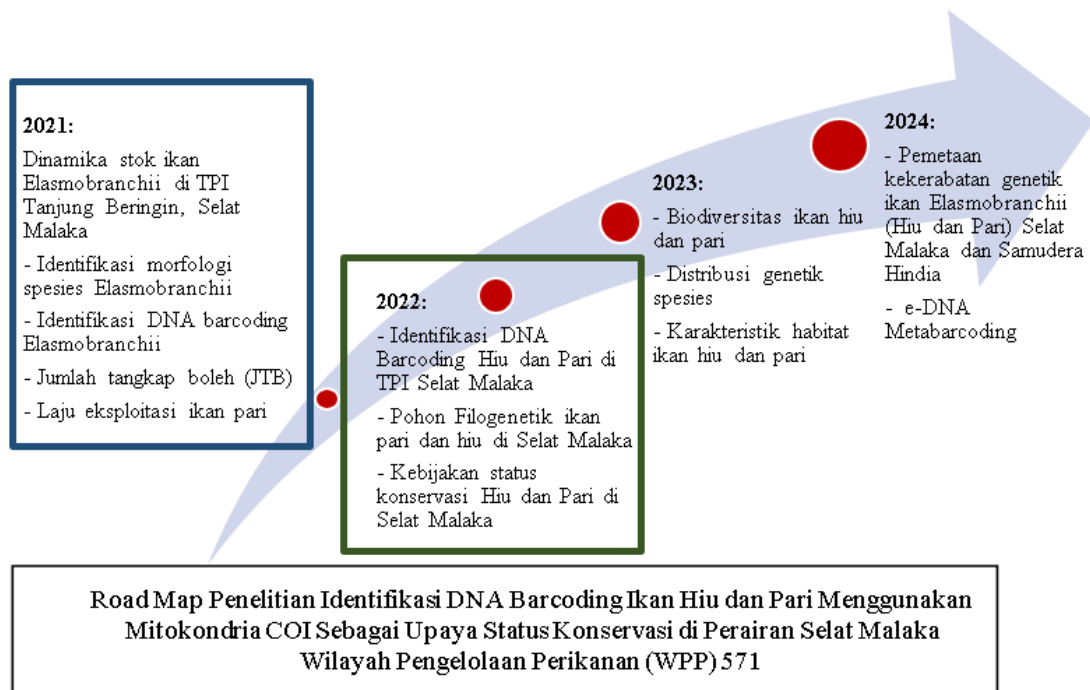
Banyaknya regulasi internasional yang diterapkan dan regulasi nasional yang sudah ditetapkan, mengindikasikan bahwa pemerintah Indonesia sudah berupaya dalam perlindungan populasi hiu nasional. Namun implementasi regulasi tersebut kurang efektif karena beberapa kendala, yaitu rendahnya tingkat pengawasan di lapangan akibat kurangnya daya dukung dan kelengkapan infrastruktur, kurangnya penghargaan terhadap penegakan hukum, dan kurangnya sosialisasi kepada nelayan.

Selain melalui pendekatan hukum, upaya perlindungan hiu juga dilakukan melalui aksi konservasi. Upaya konservasi hiu di Indonesia sudah dirumuskan dalam NPOA (National Plan of Action) untuk Konservasi dan Pengelolaan Hiu dan Pari tahun 2016-2020. Sejalan dengan pemerintah, lembaga non-pemerintah seperti WWF (World Wildlife Fund) juga turut serta dalam upaya konservasi hiu nasional. Peta wilayah konservasi hiu berdasarkan WWF meliputi daerah DKI Jakarta, Indramayu, Tegal, Banyuwangi dan Lamongan, Flores Timur dan Manggarai Barat, serta Wakatobi. Upaya konservasi ini harus didukung dengan strategi-strategi penguatan berupa penegakan regulasi perikanan hiu, penguatan data dan informasi perikanan hiu, penguatan langkah-langkah penguatan, peningkatan kapasitas SDM, penyadartahuan tentang hiu kepada masyarakat, dan pengembangan penelitian hiu.

## **1.2 Analisis DNA Barcoding**

Penggunaan pendekatan genetik dan molekuler sebagai perangkat untuk investigasi dan inventarisasi keragaman genetik dan status populasi”, sehingga metode molekuler penting digunakan sebagai langkah untuk mengidentifikasi ikan pari dan hiu. Metode ekstraksi yang digunakan mengikuti metode DNA Barcoding adalah KIT Tissue yang terdiri dari tahap lysis, binding, washing dan elution selanjutnya proses amplifikasi DNA menggunakan metode Polymerase Chain Reaction (PCR), yang merupakan suatu teknik perbanyakan (replikasi) DNA secara enzimatik, kemudian dilanjutkan dengan elektroforesis merupakan teknik pemisahan komponen atau molekul bermuatan berdasarkan perbedaan tingkat migrasinya dalam sebuah medan listrik. (Hidawati *et al.*, 2020). Tujuannya untuk mengetahui kualitas DNA dalam produk PCR. Fragmen DNA dengan panjang yang berbeda divisualisasikan menggunakan pewarna fluorescent spesifik untuk DNA, seperti bromida etidium. Jenis gel yang digunakan adalah agarosa yang dapat menunjukkan band atau ukuran fragmen pasangan basa yang dapat dilihat dengan sinar ultraviolet (Hidawati *et al.*, 2020). Pengurusan sekuensing DNA menggunakan software MEGA7 (Molecular Evolutionary Genetic Analysis), yang meliputi; proses trimming, reverse compliment dan alignment (Tamura *et al.*, 2011). Identifikasi sampel menggunakan Basic Local Assignment Search Tool (BLAST) satu atau lebih urutan data sekuensing dicocokkan dengan data yang tersedia pada GeneBank di NCBI diunduh dari GenBank database urutan untuk analisis filogenetik (Maduppa *et al.*, 2016). Filogeni merupakan gambaran klasifikasi yang menunjukkan hubungan kekerabatan suatu spesies dengan nenek moyang dan hubungan evolusioner antara organisme. Istilah Filogeni berasal dari bahasa Yunani yaitu Phylon berarti suku atau ras, dan Genesis berarti asal atau sumber

(Patwardhan et al., 2014) *Road map state the art* penelitian disajikan pada Gambar 2.

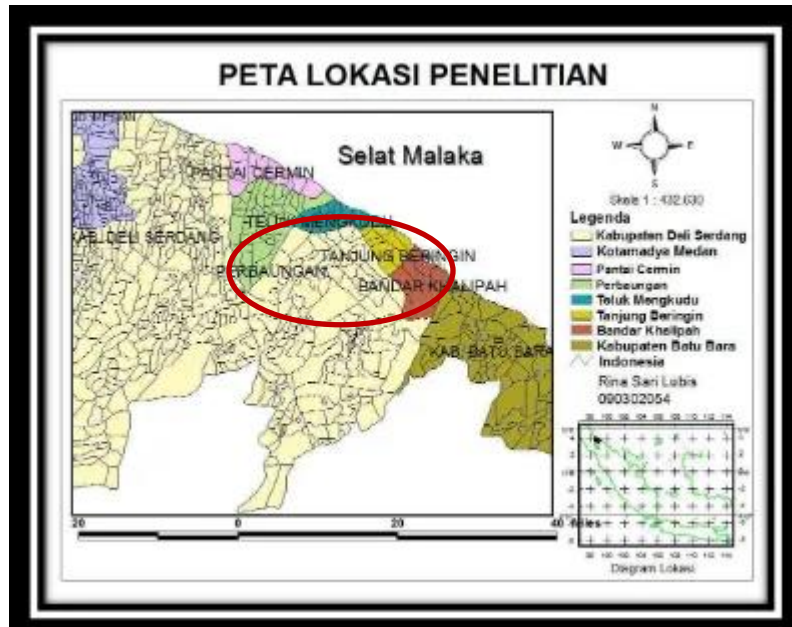


**Gambar 2. Road map Penelitian**

## BAB 3. METODE PENELITIAN

### 3.1. Waktu dan Lokasi Penelitian

Rencana penelitian akan dimulai bulan Agustus 2022 di Tempat Pelelangan Ikan Perairan Selat Malaka. Analisis sampel identifikasi DNA barcoding di Laboratorium Generasi Biologi. Adapun lokasi penelitian disajikan pada Gambar 3.



Gambar 3. Peta lokasi penelitian (sumber: Google)

### 3.2. Bahan dan Alat

Bahan yang digunakan saat penelitian adalah sampel jaringan atau sirip ikan pari dan hiu DNA shield dan etanol 98% digunakan untuk mengawetkan sampel lalu sampel akan dianalisis di Laboratorium Generasi Biologi

Alat yang digunakan berupa 1 set alat bedah, cool box untuk tempat mengumpulkan sampel ikan dan cyrotube untuk tempat sampel yang akan dianalisis.

### 3.3 Prosedur Penelitian

#### 3.3.1 Pengumpulan Data

Pengumpulan data dilakukan dengan metode pengamatan langsung di lapangan atau observasi. Jenis data yang dikumpulkan terdiri dari data primer dan sekunder. Data primer diperoleh secara langsung melalui sampel jaringan ikan hiu dan pari, sedangkan data sekunder yaitu data produksi dan upaya hasil tangkapan ikan hiu dan pari diperoleh dari laporan data statistik perikanan tangkap Dinas Kelautan Perikanan Sibolga. Data ikan yang dikumpulkan antara lain sampel jaringan atau sirip ikan yang akan di ambil dengan ketebalan 0,01-0,5 cm<sup>3</sup> lalu diawetkan dengan etanol 98%. Sementara itu sampel jaringan atau sirip ikan akan dianalisis di Laboratorium. Tabel uraian tugas anggota dapat dilihat pada tabel 2.

### 3.4 Analisis Data

#### 3.4.1 Analisis Ikan

##### Rasio Kelamin

Rasio kelamin merupakan perbandingan antara jenis kelamin ikan yang ada diperairan. Pada statistika, konsep rasio adalah proporsi populasi tertentu terhadap total populasi dengan rumus rasio kelamin ialah [5] :

$$p = \frac{A}{B} \times 100\%$$

Keterangan :

p = Rasio Kelamin (%)

A = Jumlah ikan jantan / betina.

B = Total individu ikan jantan dan betina (ekor).

Selanjutnya untuk menguji keseimbangan rasio kelamin digunakan rumus sebagai berikut [6]:

$$X^2 = \sum_{i=1}^n \frac{(oi-ei)^2}{ei}$$

Keterangan :

X<sup>2</sup> = Chi Square (nilai peubah acak X<sup>2</sup> yang sebaran penarikan contohnya mendekati Chi kuadrat).

O<sub>i</sub> = Frekuensi ikan jantan atau betina k – i yang diamati.

E<sub>i</sub> = Jumlah frekuensi harapan dari ikan jantan dan ikan betina.

##### Hubungan Panjang Bobot

Bobot dapat dianggap sebagai suatu fungsi dari panjang. Hubungan panjang dan bobot dapat diketahui dengan rumus [7]:

$$W = a L^b$$

Keterangan:

W = Bobot (gram)

L = Panjang (mm)

a dan b = Konstanta

Pola pertumbuhan ditentukan dari nilai konstanta b (*slope*) yang diperoleh dari perhitungan panjang dan bobot melalui hipotesis sebagai berikut:

- H0 : nilai  $b=3$ , pola pertumbuhan bersifat isometrik  
 H1 : nilai  $b \neq 3$ , pola pertumbuhan bersifat allometrik, yaitu:  
 a) bila nilai  $b > 3$ , allometrik positif  
 b) bila nilai  $b < 3$ , allometrik negatif

Untuk mengkaji dalam penentuan nilai  $b$  maka dilakukan uji T, dimana terdapat usaha untuk melakukan penolakan atau penerimaan hipotesis yang dibuat. Setelah itu, nilai thitung dibandingkan dengan nilai ttabel sehingga keputusan yang dapat diambil adalah sebagai berikut:

Thitung > Ttabel, maka tolak H0  
 Thitung < Ttabel, maka gagal tolak H0

### Faktor Kondisi

Faktor kondisi ditentukan dengan rumus:

$$FK = \frac{W}{aL^b}$$

Keterangan:

- FK = Faktor kondisi  
 L = Panjang total ikan (mm)  
 W = Bobot ikan (gram)  
 a dan b = Konstanta

### Mortalitas dan Laju Eksploitasi

Laju mortalitas total (Z) diduga dengan menggunakan metode Jones dan Van Zalinge yang dikemas dalam program FISAT II. Laju mortalitas alami (M) diduga dengan menggunakan rumus sebagai berikut [8] :

$$\text{Log } M = -0.0066 - 0.279 * \text{Log}(L_{\infty}) + 0.6543 * \text{Log}(K) + 0.4634 * \text{Log}(T)$$

Keterangan :

- M = Mortalitas alami  
 $L_{\infty}$  = Panjang asimtotik pada persamaan pertumbuhan Von Bertalanffy  
 K = Koefisien pertumbuhan pada persamaan pertumbuhan Von Bertalanffy  
 T = Rata-rata suhu permukaan air ( $^{\circ}\text{C}$ )

Laju mortalitas penangkapan (F) dapat ditentukan dengan menggunakan rumus sebagai berikut:

$$4 \quad F = Z - M$$

Laju mortalitas total (Z) diduga dengan menggunakan metode Jones dan Van Zalinge yang dikemas dalam program FISAT II. Laju eksploitasi (E) ditentukan dengan membandingkan mortalitas penangkapan (F) terhadap mortalitas total (Z) [9]:

$$E = \frac{F}{F + M} = \frac{F}{Z}$$

Laju mortalitas penangkapan (F) atau laju eksploitasi optimum adalah sebagai berikut [8]:

$$F_{\text{optimum}} = M \text{ dan } E_{\text{optimum}} = 0,5$$



Nilai Eksploitasi optimum adalah 0,5. Sehingga jika nilai eksploitasi lebih dari 0,5 maka dapat dikatakan indikasi dari kondisi lebih tangkap terutama akibat penangkapan.

### **3.4.2 Identifikasi Genetik**

Analisis molekuler dengan tahapan ekstraksi DNA, Polymerase Chain Reaction (PCR) dan Sekuensing DNA.

#### **a. Ekstraksi DNA, PCR dan Sekuensing**

Ekstraksi DNA menggunakan Kit dengan merek dagang Dneasy® Blood & Tissue Kit (QIAGEN, Jerman). Bahan untuk ekstraksi DNA diambil bagian batang sirip ekor yang disimpan dicyrotube, prosedur acuan dari Ashida *et al* (1996) sebagai berikut:

1. Jaringan sampel dibagian ekor diambil sebesar 0,01-0,5 cm<sup>3</sup> diprevarasi dan dimasukkan kedalam cyrotube yang berisi DNA shield, lalu di ekstraksi
2. Selanjutnya di tambahkan 0,8 mg proteinase K
3. Campuran diinkubasi pada temperatur 37<sup>0</sup>C selama 8 jam
4. Setelah proses inkubasi, campuran kemudian diekstraksi dengan phenol-chloroform (1:1)
5. Setelah proses ekstraksi selesai, DNA diendapkan dengan volume etanol dalam 0,3 M NaCl dan dilarutkan kembali dalam TE buffer (10 mM Tris-HCL, pH 8,0; 1 mM EDTA).
6. Sebagian daerah mt DNA menggunakan region Mitokondria COI dengan panjang aplikon sekitar 655 pasang basa. Kemudian di amplifikasi melalui PCR (*polymerasec chain reaction*) menggunakan primer (Ward *et al*, 2005)
7. Hasil PCR divisualisaikan dengan 1,2% agarose gel dan fragmen DNA hasil amplikasi dicek dengan menggunakan marker DNA Hind II. Hasil yang paling baik dilanjutkan untuk proses sekuensing.
8. Sekuensing dilakukan dari hasil produk PCR yang telah dipurifikasi mengikuti kit (QIAGEN, Jerman), kemudian dilanjutkan lagi dengan sekuensing dengan mengikuti protokol Sanger Sequencing (Single Sequence).

#### **b. Analisis Sekuen**

Hasil sekuensing diedit dan diselaraskan dengan menggunakan program MEGA X selanjutnya Identifikasi sampel dilakukan dengan metode BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), kegunaannya yakni sebagai alat untuk mencari penjajaran lokal dasar yang dapat melaporkan nama ilmiah spesies organisme (*organism report*). Pohon filogenetik tadi direkonstruksi menggunakan model parameter Kimura-2 (Kimura, 1980) dengan 1000 nilai bootstrap.

**c. Analisis Filogenetik**

Hasil sekuensing dari individu *Elasmobranchii* dibandingkan dengan semua sekuen yang berasal dari genBank ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)). Rekontruksi filogenetik dilakukan dengan menggunakan metode maximum-likelihood dengan bantuan software MEGA X (Tamura *et al.*, 2011)

## BAB 4. HASIL DAN PEMBAHASAN

### 4.1 Protokol Laboratorium

Jumlah sampel selama penelitian sebanyak 7, diantaranya 3 sampel ikan hiu dan 4 sampel ikan pari. Pada metode DNA Barcoding, sekuen pendek DNA dari gen tertentu akan diamplifikasi atau diperbanyak dengan metode PCR (Polymerase Chain Reaction). Kemudian, hasil sekuen akan dibandingkan dengan database untuk melihat kesamaan urutan sekuen sekaligus mengidentifikasi organisme atau spesies. Pada intinya, susunan DNA yang unik pada setiap organisme atau taxa, digunakan sebagai penanda spesifik atau “Barcode” untuk menentukan jenis organisme.

Nama Sampel	<b>LH1, LH2, LP1, LP2, TP1, TP2, TH1</b>
Kit Ekstraksi	NextPrep Extraction Kit
PCR Master Mix	Master Mix Nexpro
Sequencing Services	1stBASE Laboratories Sdn Bhd

Analisis DNA Barcoding memerlukan penanda genetik atau marker yang sesuai dengan taxa yang akan diidentifikasi. Penanda genetik yang dipilih umumnya adalah gen yang bersifat variable (gen yang susunan DNA nya cenderung berubah-ubah melalui mutasi) untuk bisa membedakan satu organisme dengan organisme lainnya. Jika penanda genetik yang dipilih adalah lokus dari gen yang conserved atau jarang berubah, maka kemungkinan akan sulit mengidentifikasi atau membedakan spesies satu dengan spesies lainnya. Penanda genetik yang conserved umumnya adalah gen yang mengkode protein (protein coding), karena perubahan atau mutasi pada susunan DNA nya menyebabkan perubahan susunan protein yang dapat mengakibatkan perubahan regulasi protein pada tubuh yang kadang bersifat letal. Sebagai contoh, gen 16S rRNA. Penanda genetik ini merupakan gen yang conserved untuk mengidentifikasi eukaryote secara umum tetapi cukup variable bagi mikrobia. COI (cytochrome c oxidase subunit 1) merupakan penanda genetik yang cukup baik digunakan pada eukaryote, sedangkan untuk mikrobia adalah 16S rRNA (Hebert., et al. 2003a; Hebert., et al. 2003b; Bucklin., et al. 2011). Pada beberapa taxa, misalnya coral, penanda genetik terbaik adalah ITS (Internal Transcribe Spacer) dan untuk tumbuhan, DNA yang umumnya digunakan adalah DNA chloroplast (Lucas., et al. 2012; Nguyen., et al. 2015). Untuk itu, sebelum memulai penelitian menggunakan DNA Barcoding, salah satu hal pertama yang harus ditentukan adalah penanda genetik atau marker yang akan digunakan.

## 4.2 Hasil

### 1. Elektroforesis Hasil PCR

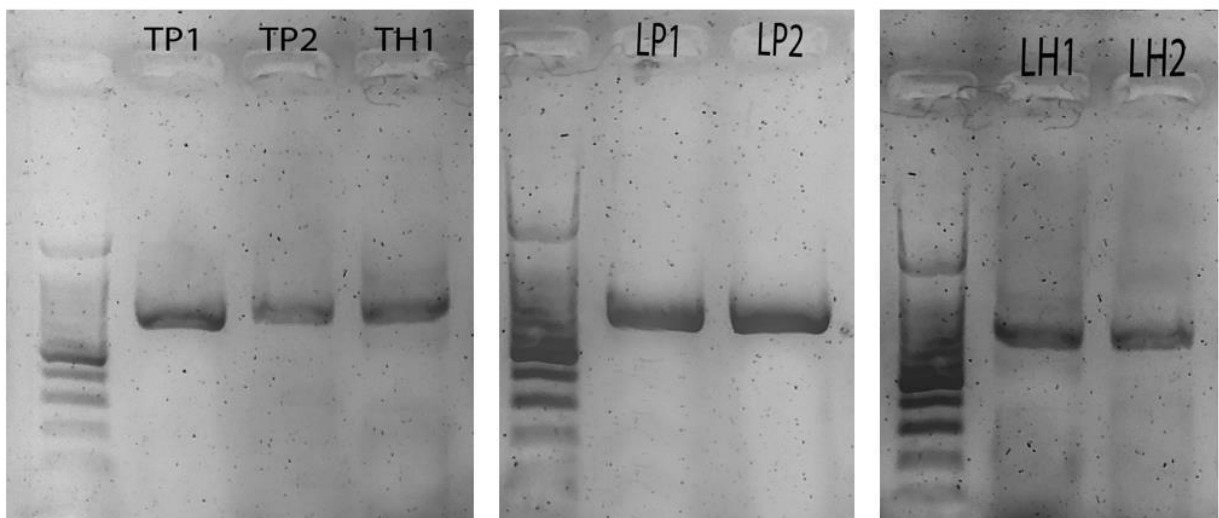
#### PCR

PCR sebanyak 35 siklus untuk kedua primer dengan setting berikut:

Pre-denaturasi	Denaturasi	Annealing	Elongasi	Post-elongasi	End
95 °C	95 °C	50 °C	72 °C	72 °C	4 °C
2 menit	30 detik	30 detik	120 detik	7 menit	∞

#### Elektroforesis

- Untuk membuat gel agarose 1.5%, masukkan 45 mg agarose dan 30 ml TBE buffer 1x kemudian panaskan pada hotplate stirrer hingga larutan berwarna bening
- Diamkan pada suhu ruang hingga hangat (gelas bisa dipegang dengan tangan) kemudian masukkan 4 uL DNA dye
- Tuang pada cetakan gel dan pastikan tidak ada gelembung dan kotoran kemudian pasang comb atau cetakan campuran pada gel
- Diamkan hingga mengeras
- Masukkan DNA marker/ladder pada sumuran pertama
- Masukkan sampel hasil PCR ke masing-masing sumuran pada gel
- Jalankan elektroforesis pada tegangan 100 v selama 40 menit
- Jika sudah selesai, visualisasi hasil elektroforesis dengan UV transilluminator dan didokumentasikan menggunakan kamera, dapat dilihat pada Gambar 4.



**Gambar 4. Elektroforesis hasil PCR**

**Hasil Sequencing**

No		Sequens
1.	LH1	>1st_BASE_4630224_A_LC01490 CTGATGTTGATGCTACAGCACTGAAGAAAGATCACATCTGGGACTCCTGATAAGCTC TCTGCAAATCAATGGTAATCTTGTTCCCTTGCTGGGGTGATTTTTTGTGCACCCTG TAATTTTACCTATCATAATTGGAGGCTTTGGAACTGGCTCGTCCCCCTAATAATCG GTGCCCCAAATATAGCCTTCCCGAATTAATAACATAAGTTTCTGACTTCTACCCC CATCCTTACTCCTACTTTTGGCCTCTGCTGGAATTGAGGCAGGAGCTGGAACAGGAT GAACTGTCTACCCCCACTAGCTGGTAACCTAGCACATGCCGGAGCTTCAGTAGACC TGGCAATCTTCTCACTGCACCTAGCCGGTGTCTCTTCTATCCTGGCCTCCATTAATT TTATCACCACAATTATCAACATAAAACCACCAGCAATCTCACAATATCAAACACCTC TCTTTGTCTGATCAATCCTCATTACAGCTGTACTTCTTACTATCCCTCCCTGTCT TAGCAGCAGGCATTACAATACTTCTCACAGACCGTAACCTCAACACAACCTTCTTTG ACCCTGCAGGAGGAGGTGACCCAATTCTTTACCAACACCTCTTCTGATTTTTTGGTC ACCTGGAAAGTTTAAA
2.	LH2	>1st_BASE_4630225_B_LC01490 AGGAGAGGCTGATGTGGATACGACCTGCAGGNAAGAAAGATCACATCTGGGACTCC TGATGAGCTCTCTGTAACCAATGGTAATCTTGTTTCATTGCTGGGGTGATTTTTTG GTCACCCCGTAAATTTAACTNNCATATATTCAAGCGGGGGATTTCAGGATGTTGCCG CTAATATCCCTGCATAGAATTTATNNTTACCCTGAATTTAAACTTCACTTACTGA CTTCCACTCCCTTCTTACTACTAATGCTGGCCGCTGCTGGAATTGATGCATGACCC GGAACAGGATGAACTGTCTACCCCCACTAGCTGGTAACCTAGCACATGCCGGAGCT TCAGTAGACCTGGCAATCTTCTCACTGCACCTAGCCGGTGTCTTCTATCCTGGCC TCCATTAATTTTATCACCACAATTATCAACATAAAACCACCAGCAATCTCACAATAT CAAACACCTCTCTTTGTCTGATCAATCCTCATTACAGCTGTACTTCTTACTATCC CTCCCTGTCTTAGCAGCAGGCATTACAATACTTCTCACAGACCGTAACCTCAACACA ACCTTCTTTGACCCTGCAGGAGGAGGTGACCCAATTCTTTACCAACACCTCTTCTGA TTTTTTGGTCACCTGGAAGTTTAAA

3.	LP1	<p>&gt;1st_BASE_4630226_C_LC01490  CCAGTTNGATCCTAAAAGGACTTGATTAATAAATGAAAGAGGATGCTGATGTTGATGCTA  CAGCAGTGAAGAAAGATCACATCTGTGACTCCTGTTNGAGCTCTCTGTAAGTGAATGG  TAATCTTGTTTATTGTTTGGGGTGATTTTTTGGTCACCCTGTAAGTTTANNNCTAGTN  CTTAATTGGTGGATTTGGAAATTGACTAGTACCCCTGATAATCGGCGCAGCTGACATA  GCTTCCCTCTAATAACAATATAAGCTTCTGATTACTTCCCCCTTATTCTTATTAC  TCTTAGCCTCTGCTGGAGTCGAAGCTGGGGCAGAGAACAGGATGAAGTGTCTACCCA  CCTTAGCAGTGACATGTTATGCTGCATGAGTGGNGCCATCAGCTCGACCGTAACT  AGTCGTTCTCCCTACACTGGGCAGGAATCTCATCAATTTTAGCCTCTATTAATTTTCA  CCACAAGTGCATTAATATAAAACCACCAGCAATTTCTGCAATATCAAACCCCTTTAT  TTGTTTGATCCATCCTGTAAGTACTATTCTTCTACTACTTTTATTACCTGTCTTACC  ACCCGGCATTACAATGTTTCTTACAGACCCGAAACTTAAATACTCCTTTCTTTGATCC  ATGCAGGAGGAGGAGATCTCTATTACTATATACTGCACGCTATCTCTAGATTTTTTT  AGGTCACCCTGAAAAATTATAACAGATTTCTTTGNGTCACCCTCGAAATTTCTAGCTA  TCTCCTATANAACCTCCCTTCTAAGTCTGGCTGGATCCCTGGCAAAATCCCTGGCAT  TTCCCACTGAAGTCTGGGGTCCCTTTGTTTTATCCCTCCCACTTTCTTTCTTTCTCA  GGCATTGGACATCCTGTGGCTTTTAAATTTCTGTCTGGGGCCCTAAAGGCTTCTCA  AACTTTCCCTCCAAGAAACCCTTTTGGGCTTTCTTCTCCTCCACATTTTTTAAAGAA  CCTGCCGTTAAAAGAATAAACTTTTAAATCCACTTTGGTCTGGATTTTTTTGGGTCCA  CCCCTGGAAGTTTTTAAAA</p>
4.	LP2	<p>&gt;1st_BASE_4630227_D_LC01490  TACTATCTTAGGATGCTGAGCGGGAGAAAGTGGGACACTGGCCTTAACCCGCTAATCC  GGAATGAACTAAGTCTACTGGGGGGCTGCTAAGTGACCAGCAACTTAATGGTGTCT  TGTTACTGGCCTGGGGTGATTTTTGATCTTCCCATAGTTATACCAATTATGATCGGC  GGGTTCGAAACTGGCTGGTCCCCCTAATAATTGGCGCCCCAGACATGGCCTTCCCAC  GAATGAATAACATAAGCTTCTGGCTTCTCCTCCCTCCTTCTTTTATTAGCCTC  AGCAGGAGTAGAAGCCGGAGCCGGGACAGGTTGAACCGTCTACCCCCACTAGCAGGG  AACTTAGCACACGCCGGGCATCGGTTGACCTGACTATCTTTCCCTCCACCTAGCAG  GGGTCTCCTCAATTCTAGCATCAATTAATTTTATCACCCTATTATTAACATGAAGCC  CCCAGCGATCTCCAATATCAAACCCCTCTTTTCTGTCTGATCCATCCTCATCACCACC  ATCCTTCTCCTACTATCCCTCCCCGTCTTAGCAGCAGGTATCACGATACTTCTTACAG  ACCGGAACCTCAACACAACCTTTCTTGCACCCTGCAGGGGGCGGCGATCCTATCCTCTA  TCAACACCTCTTCTGATTTTTTGGTCACCTGAAAGTTTAA</p>
5.	TP1	<p>&gt;1st_BASE_4630228_E_LC01490  GTAAGTGGTGTAAATACGCCCGCACGGAAAGATNCTTAATCTTTGGGNCGACTGATAAG  TTCTGATTAATCAATGATGAGATTGTTACTGGCTTGGGGTTCTTGTAAATCGGCCTT  ATGGTACTACCTATTATAATTGGGGCTTGGGAAACTGGCTTGTCCCTTAGATAAAT  CCCGTCGCCCCAAACATAGCCTCTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTCTGACTTCTA  CCCCATCCTTTCTCTACTTTTGGCTCTGCTGGAGTTGAAGCAGGAGCTGGAACAG  GTTGAAGTGTCTATCCCCACTAGCTGGTAATCTAGCTCATGCCGGAGCTTCACTAGA  CCTAGCAATCTTCTCACTACACCTAGCCGGTGTCTCCTCTATCCTAGCCTCCATTAAT  TTTATTACCACAATTATTAATATAAAACCACCAGCAATCTACAATATCAAACACCTC  TCTTTGTCTGATCAATCCTTATTACAGCCGTAATCTCTTACTATCCCTCCCTGTCTT  AGCAGCAGGCATTACAATACTTCTCACAGACCCTAACCTCAACACAACCTTTTGGAC  CCTGCAGGAGGGGGCGACCAATTTTACCAACATCTTCTGATTTTTTGGTCACC  CTGGAAGTTTAA</p>

6.	TP2	<p>&gt;1st_BASE_4630229_F_LC01490  AATGATACAGATGCTGATGTTGATACTACAACAGTGAAGAAAGATCACTTCTGTGACT  CCTGTTGAGCTCTCTGTAACAGAATGGTAATCTTGTTTCATTGTTTGGGGTGATTTTTT  GGTCACCCTGAAGTTTAAACGTGCAAATACGTGACAAGAATATGACGGGATGCAGGGG  TTTTCTATTTTCCAGATCTATTAACGCCCCATTGGCTTAGCTGGTTGTGGCATGG  CAACAAGTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAAGTTTAAATATGGAGGGCGGCGGGCCAAAC  TTTGGTTGGACGTTTTACGCGCCACTTTCGACAACCTACAGCCCTCCGAGTACTGGGT  TATTCGTCTTTGCCATTACATAATGGGGATCAGCTCCATCATGGGAGCCATTAATGT  GATTGTTACCATTATGAATATGCGCGCCCCTGGTATGACGTATATGAAAATGCCCTTA  TTCGTGTGGACTTGGTTGATTACTGCGTTTTTACTGATTGCGGTAATGCCCGTACTTG  CTGGGGCTGTGACTATGGTGTGACTGATAAATACTTTGGCACCAGCTTTTTTGATGC  CGCAGGTGGTGGCGATCCACTGATGTTCCAACATATCTTTGATTTTTTGGTCACCCT  GAAGTTTA</p>
7.	TH1	<p>&gt;1st_BASE_4630230_G_LC01490  TATCTNCNGTCTGAGCAAGGAATAGTAGGTNCTGCTCTTAGCCTCTAAATTCGTGCT  GAACTAAGTCAACCGGGTCCCTGCTAAGTGATGACCAGATTTATGATGTAATCGTAA  CAGCTCATGCTTGATTAATAATCTTCTTTATGGTAATGCCTGTAATAATTGGTGGATT  TGGAAATTGACTAGTACCCTGATAATCGGCGCACCTGATATAGCTTTTCCCTCGAATA  AACAAATAAGCTTTTGATTACTTCCCCCTTCATTCTTATTACTCTTAGCCTCTGCAG  GAGTTGAAGCTGGGGCAGGAACAGGCTGAACTGTCTACCCACCTTTAGCAGGTAATTT  AGCACATGCAGGAGCATCAGTTGATCTAACTATTTTCTCCCTACACTTAGCAGGAATC  TCATCAATTTTAGCCTCTATTAATTTTATCACAACATCATTAAATATAAAAACCACCAG  CAATTTCTCAATATCAAACACCTCTATTTGTTTGTATCCATCCTTGTAACACTACTATTCT  TCTACTACTTTTATTACCTGTTTTAGCAGCAGGCATTACAATGTTACTTACAGACCGA  AACTTAAATACAACATTCTTTGATCCAGCAGGAGGAGCGGATCCTATTCTATATCAAC  ACCTATTCTGATTTTTTGGTCACCCTGAAAGTTTAAAA</p>

## RENCANA TAHAPAN BERIKUTNYA

Adapun rencana tahapan dari penelitian ini sebagai berikut:

No	Tahapan	Keterangan
1	Analisis Hubungan Panjang Bobot Ikan	Hasil hubungan Panjang bobot ikan
2	Hasil Blast Identifikasi	Hasil Blast dari NCBI
3	Analisis data sekuen Mega 11	Olah data software Mega 11
4	Pohon Filogenetik	Olah data software Mega 11
5	Publikasi Jurnal Q3	Biodiversitas
6	Publikasi Prosiding Scopus	Iconart

### NCBI dan Blast

Langkah pertama setelah mendapatkan sekuen yang telah di edit adalah membandingkan sekuen tersebut dengan database untuk menentukan jenisnya. Database yang umumnya digunakan adalah NCBI (The National Center for Biotechnology Information; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>). NCBI menyediakan database yang dapat diakses oleh publik dan mempunyai sebuah program yang disebut BLAST (Basic Local Alignment Search Tool; <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). BLAST dikembangkan untuk menganalisa kesamaan antara sekuen-sekuen DNA. Program ini membandingkan sekuen nukleotida atau sekuen protein dengan sekuen yang tersedia di database dan mengkalkulasi signifikansinya secara statistik.



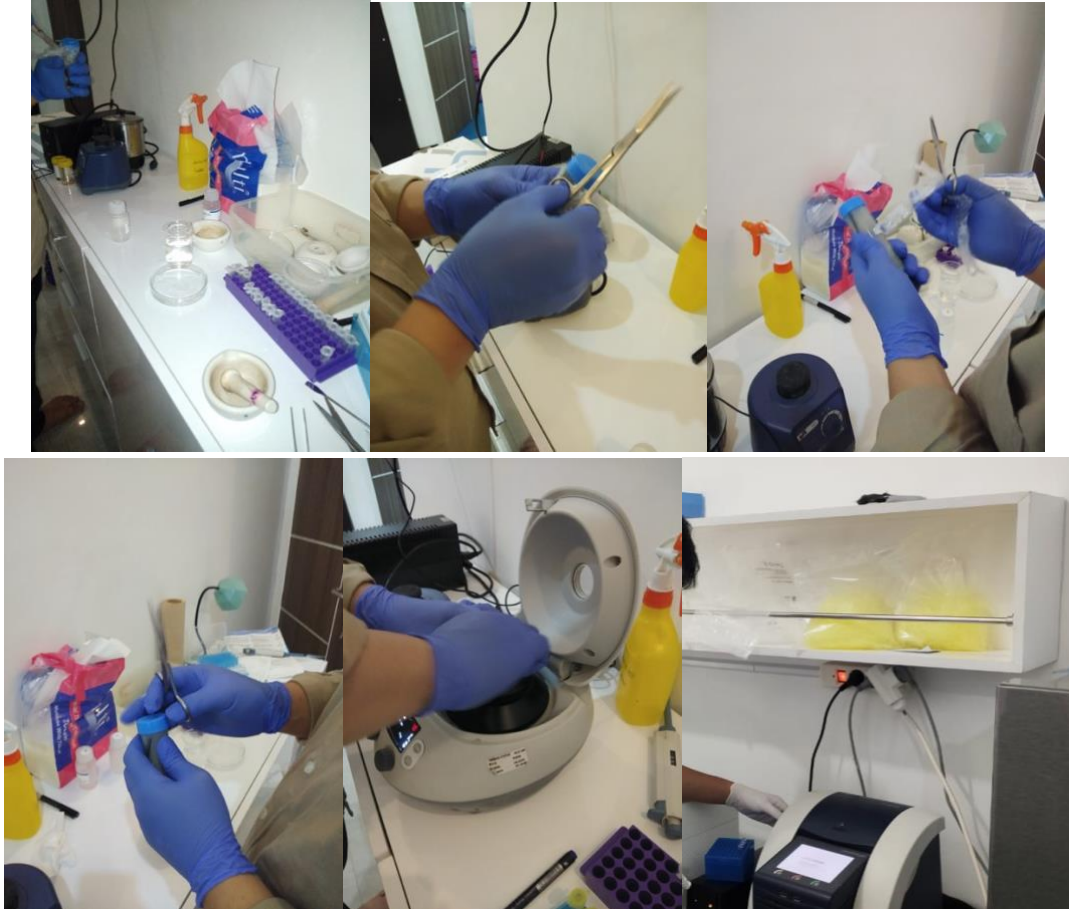
## DAFTAR PUSTAKA

- Abubakar, S., Boer, M dan Sulistiono. 2015. Aspek Biologi Reproduksi Ikan Pari Totol (*Neotrygon Kuhlii*) Di Perairan Selat Sunda. Jurnal Teknologi Perikanan dan Kelautan. 6 (2):129-138.
- Ashida, T., T. Kobayashi, K. Saitoh dan I. Nakayama. 1996. Tissue Preservation and Total DNA Extraction From Fish Stored at Ambient Temperatur Using Buffer Containing High Concentration of Urea. Fisheries Science. 62 (5). 727-730.
- Beattie A, Sumaila UR, Christensen V, Pauly D. 2002. A model for the bioeconomic evaluation of marine protected area size and placement in the North Sea. Natural Resource Modelling 15: 42 – 51.
- Bucklin A, Steinke D, Blanco-bercial L (2011) DNA Barcoding of Marine Metazoa. Annu Rev Mar Sci 3:471–508
- Camhi, M., Fowler, S., Musick, J., Bräutigam, A., dan Fordham, S. (1998) Sharks and Their Relatives: Ecology and Conservation. IUCN/SSC Shark Specialist Group. IUCN, Gland, Switzerland and Cambridge, UK, 39 pp.
- Fadhilah, A., Susetya, I.E dan Simeon, B.M. 2018. *Elasmobranch* catch composition of North Sumatera Fishers. IOP Conf. Ser.:Earth and Environ.Sci.260 (2019) 012109.
- Fahmi dan Dharmadi. 2013. Pengenalan Jenis-jenis hiu di Indonesia. Direktorat Konservasi Kawasan dan Jenis Ikan, Kementrian Kelautan dan Perikanan. 63 hal.
- Fahmi dan Dharmadi. 2014. First confirmed record of the white shark *Carcharodon carcharias* (*Lamniformes: Lamnidae*) from Indonesia. Marine Biodiversity Records, Vol.7, e53:1-3.
- Fahmi and W.T White. 2015. First record of the basking shark *Cetorhinus maximus* (*Lamniformes: Cetorhinidae*) in Indonesia. Marine Biodiversity Records, Vol. 8, e18:1-3
- Gerke, S. dan H. D. Evers. 2009. Perkembangan Wilayah Selat Malaka. Cenpris Working Paper. Universiti Sains Malaysia. Malaysia.
- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L., dan deWaard, J.R. 2003. Biological identifications through DNA barcodes, Proc, R.Soc.B 270: 313-321.
- Hendrik. 2013. Peranan Tempat Pelelangan Ikan (TPI) Dalam Pemasaran Ikan Hasil Tangkapan Nelayan di Pangkalan Pendaratan Ikan (PPI) Kec. Tanjung Beringin Kab. Serdang Bedagai Provinsi Sumatera Utara. Jurnal Berkala Perikanan Terubuk. Vol. 41 (1) 102-108.

- Hidawati, R., Supratman, O., Syarif, A.F dan Aisyah, S. 2020. DNA Barcoding Dan Status Konservasi Ikan Hiu (*Hemiscylliidae* Dan *Charcharhinidae*) Yang Didaratkan Di Ppn Sungailiat Bangka. *Journal of Fisheries and Marine Research* Vol. 4 (3) 316-323.
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, Jeremy R, B PRSL (2003a) Biological identifications through DNA barcodes. *Proc R Soc B Biol Sci* 270:313–321.
- Hebert PDN, Ratnasingham S, Waard JR De, B PRSL, Jeremy R (2003b) Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proc R Soc B Biol Sci* 270
- [IUCN] International Union for Conservation of Nature .2021. IUCN Red List of Threatened Species. <http://www.iucnredlist.org/>. Diakses 03 Maret 2021 pukul 23.20 WIB .
- Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 16:111-120.
- Kyle, C.J., C. C. Wilson. 2007. Mitochondrial DNA identification of game and harvested freshwater fish species. *Forensic Science Internasional.* 166(1):68-76.
- Lucas C, Thangaradjou T, Papenbrock J (2012) Development of a DNA barcoding system for seagrasses: Successful but not simple. *PLoS ONE* 7(1): e29987
- Maduppa, H., Ayuningtyas, R.U., Subhan. B, Arafat., dan Prehadi. 2016. Exploited but unevaluated: DNA Barcoding reveals skates and stingrays (*Chordata, Chondrichthyes*) species landed in the Indonesian fish market. *Jurnal Ilmu Kelautan.* Vol 21(1) 29-36.
- Manurung, V.R., Nasution, S.F.P., Nababan, M., Desrita, dan Hasibuan, J.S., 2022. Identification of stingrays species and exploitation rate of blue-spotted maskray (*Neotrygon kuhlii*) landed at TPI tanjung beringin, Serdang Bedagai Regency, North Sumatera Province. *Prosiding. IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science* (2022) 012114.
- Munandi, A. 2006. Analisis Sekresi Untuk Tujuan Pengumpulan Ikan Hiu Dalam Penangkapan Ikan. Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- Nguyen XV, Höfler S, Glasenapp Y, Thangaradjou T, Lucas C, Papenbrock J (2015) New insights into DNA barcoding of seagrasses. *Syst Biodivers* 13(5):496-508
- Patwardhan, A., Ray, Samit dan Roy, A. 2014. Molecular Markers in Phylogenetic Studies-A Review. *J Phylogen Evolution Biol.* Vol 2 (2) 1-9.
- Puckridge M, Last PR, White WT, Andreakis N. 2013. Phylogeography of the IndoWest Pacific maskrays (*Dasyatidae, Neotrygon*): A complex example of chondrichthyan radiation in the Cenozoic. *Jurnal Ecology.* 3:21–32.
- Santoso, D. 2016. Potensi Lestari dan Status Pemanfaatan Ikan Kakap Merah dan Ikan Kerapu Di Selat Alas Propinsi Nusa Tenggara Barat. *Jurnal Biologi Tropis.* Volume 16 (1):15-23.
- Sentosa, A.A dan Haryadi, J. 2018. Laju Penangkapan *Elasmobranchii* Oleh Nelayan Tanjung Luar Pada Berbagai Alat Tangkap.
- Sparre, P. dan S. C. Venema. 1998. Introduction to Tropical Fish Stock Assessment. *FAO Fisheries Tehnical Paper.* Roma.

- Stobutzki, I. C., M. J. Miller, D. S. Heales & D. T. Brewer. 2002. Sustainability of *Elasmobranchs* caught as bycatch in a tropical prawn (shrimp) trawl fishery. *Fishery Bulletin*, 100(4), 800–821.
- Raharjo, P. 2009. Hiu dan Pari Indonesia. Balai Riset Kelautan dan Perikanan, Jakarta.
- Tamura, K., D. Peterson, G. Stecher, M. Nei dan S. Kumar. 2011. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Mol Biol. Evol.* 28: 2731-2739.
- Utami. M. N. S, S. Redjeki dan N. T. SPJ. 2014. Studi Biologi Ikan Pari (*Dasyatis* sp) di TPI Agung Rembang. Universitas Diponegoro, Semarang. Vol. 2 (3) : 79-85.
- Wijayanti, F., Abrari, M.P dan Fitriana, N. 2018. Keanekaragaman Spesies Dan Status Konservasi Ikan Pari Di Tempat Pelelangan Ikan Muara Angke Jakarta Utara. *Jurnal Biodjati*. 3 (1):23-35.

## LAMPIRAN



Preparasi Sampel DNA Barcoding



Dokumentasi Kegiatan Penelitian



Hasil Identifikasi Ikan Pari



Identifikasi morfologi ikan hiu