



## Keragaman genetik ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) di wilayah perairan Indonesia

### Genetic diversity of lemuru fish (*Sardinella lemuru*) in Indonesia waters

I Gusti Ayu Diah Hendiari<sup>a,\*</sup>, Aida Sartimbul<sup>b</sup>, I Wayan Arthana<sup>a</sup> dan Gde Raka Angga Kartika<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Kelautan dan Perikanan, Universitas Udayana, Bali, Indonesia

<sup>b</sup> Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Brawijaya, Jawa Timur, Indonesia

#### Abstrak

Ikan Lemuru (*Sardinella lemuru*) merupakan komoditas perikanan pelagis yang sangat bernilai ekonomis dikalangan masyarakat Indonesia. Ikan Lemuru memiliki kelebihan yaitu keberadaannya yang berlimpah di perairan lau Indonesia, harganya yang sangat murah serta kandungan omega-3 yang sangat baik untuk tubuh. Kebutuhan akan ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) yang tinggi menyebabkan tingginya angka penangkapan komoditas ini di perairan, sehingga dapat menyebabkan resiko penurunan jumlah populasi dialam. Pengelolaan yang tepat pada komoditas ini tentunya diperlukan akan dapat meminimalisir resiko yang dapat terjadi. Pengelolaan akan dapat terlaksana dengan tepat apabila berdasarkan atas data informasi yang memadai, salah satunya adalah informasi mengenai keragaman genetiknya. Kajian ini mengumpulkan pustaka dari penelitian terdahulu mengenai keragaman genetik ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) di Wilayah Perairan Indonesia untuk dapat memberikan gambaran mengenai keragaman Ikan Lemuru dari segi genetiknya. Nilai keragaman genetik dilihat dari nilai keragaman haplotipe (Hd) karena keduanya memiliki kolerasi yang positif untuk menggambarkan keragaman genetik dari suatu komoditas. Hasil kajian memperlihatkan nilai keragaman genetik ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) di Wilayah Perairan Indonesia memiliki nilai yang termasuk kategori tinggi. Hasil ini menggambarkan bahwa ditengah tingginya kegiatan penangkapan, ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) secara genetik masih memiliki keragaman yang tinggi sehingga dimungkinkan komoditas Ikan Lemuru memiliki adaptasi yang tinggi terhadap kondisi lingkungan.

**Kata kunci:** *Sardinella lemuru*, keragaman genetik, keragaman haplotipe

#### Abstract

*Sardinella lemuru* is pelagic commodities that has economic values for the Indonesian. *S. lemuru* has some major advantages, such as abundant population on Indonesian marine, low price, and has omega-3 for the human body. The high demands of lemuru fish cause a high rate of cached, that can cause the risk of population degradation. Proper management of these commodities are needed to decrease the risk impact, that can be done rightly based on the equal value of information, and one of them is genetic diversity. This research compiles the recent researches about the genetic diversity of *Sardinella lemuru* in Indonesia waters to get the explanation about lemuru fish diversity. The value of genetic diversity observed is based on the diversity value of Haplotype (Hd), because these two values have a positive correlation to make a whole representation from a commodity. The results of this review show that the genetic diversity of lemuru fish on Indonesian marine territorial has the high-value category. These results explain that in the high activities of fishing, lemuru fish genetically still have a high diversity that leads to the conclusion lemuru fish commodities has a high-level ability to adapt from environmental conditions.

**Keywords:** *Sardinella lemuru*; genetic diversity; haplotype diversity

\* Korespondensi: Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Kelautan dan Perikanan, Universitas Udayana, Bukit Jimbaran, Bali, Indonesia. Tel: +62.8993311227  
e-mail: diahhendiari@gmail.com  
doi: <https://doi.org/10.29103/aa.v7i1.2405>

## 1. Pendahuluan

Negara Kesatuan Republik Indonesia merupakan negara yang memiliki bentuk geografis berupa kepulauan. Kepulauan Indonesia membentang dari 6° LS sampai 11° LS dan 92° hingga 142° BT dengan pulau yang tersebar sebanyak 17.504 pulau, dan garis pantai sepanjang 95.161 km. Posisi geografis kepulauan ini menyebabkan Indonesia memiliki potensi sumberdaya perairan yang sangat tinggi, khususnya pada perairan lautnya. Potensi sumberdaya perairan laut Indonesia tertinggi salah satunya ialah potensi sumberdaya perikanan pelagis kecil (3,6 juta ton) (Lasabuda, 2013).

Ketersediaan ikan pelagis kecil yang berlimpah di perairan Indonesia, menjadikannya sebagai salah satu komoditas yang sangat bernilai ekonomis. Potensi perikanan pelagis kecil ini sendiri tercatat pada tahun 2011 sebesar 380.000 ton per tahun di wilayah pengelolaan perikanan 712. Beberapa jenis ikan pelagis kecil yang memiliki nilai ekonomis di Indonesia ialah ikan kembung (*Rastrelliger sp.*), Ikan Layang (*Decapterus spp.*), ikan selar (*Selaroides sp.*), ikan teri (*Stolephorus spp.*), dan ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) ([KKP] Kementerian Kelautan Perikanan, 2011).

Ikan lemuru (*S. lemuru*) merupakan salah satu komoditas perikanan pelagis kecil yang sangat digemari oleh masyarakat Indonesia. Ikan lemuru (*S. lemuru*) dengan nama lokal ikan kucing ini memiliki keunikan dari jenis *sardinella* lainnya karena terdapat warna biru kehijauan pada punggungnya dan warna keperakan di bagian perutnya (Sartimbul et al., 2018). Ikan lemuru (*S. lemuru*) sangat digemari masyarakat Indonesia karena memiliki beberapa keunggulan yaitu harganya yang sangat murah, mudah ditangkap oleh nelayan, serta kandungan nutrisinya yang sangat tinggi salah satunya omega 3 (Arifan & Wikanta, 2011).

Permintaan yang tinggi akan komoditas Ikan lemuru (*S. lemuru*) di Indonesia menyebabkan penangkapan ikan ini terus gencar dilakukan oleh nelayan di Indonesia. Kondisi ini dapat menyebabkan penurunan jumlah populasinya di alam. Tahun 1998, Ikan lemuru (*S. lemuru*) memberikan kontribusi sangat tinggi yakni sebesar 98% terhadap total hasil tangkapan armada pukat cincin di Selat Bali. Tahun-tahun berikutnya jumlah produksi Ikan lemuru (*S. lemuru*) sangat berfluktuasi atau tidak stabil. Nilai produksi Ikan lemuru (*S. lemuru*) terus mengalami peningkatan hingga dari tahun 2005 (15.214, 86 ton) hingga tahun 2007 (53.155,01 ton). Penurunan kemudian terjadi sangat drastis pada Tahun 2008 (25 ribu ton), dan sempat meningkat di Tahun 2009 (42 ribu ton), namun kembali mengalami penurunan pada Tahun 2010 (38 ribu ton) (Himelda et al., 2011).

Hasil penangkapan Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang berfluktuasi serta cenderung menurun ini menyebabkan diperlukannya pengelolaan yang tepat pada komoditas ini. Pengelolaan yang tepat dapat terjadi apabila terdapat banyak informasi mengenai komoditas tersebut. Kurangnya informasi mengenai stok dapat menyebabkan kegagalan dalam pengelolaan dan penangkapan yang tidak berkelanjutan (Saeidi et al., 2014). Salah satu informasi yang dapat digunakan untuk pengelolaan komoditas perikanan adalah mengenai keragaman genetiknya. Saat ini penelitian keragaman genetik sudah mulai gencar dilakukan di beberapa komoditas karena dapat memberikan gambaran mengenai hubungan kekerabatan dan varian genetik suatu individu hingga tingkat spesies bahkan subspecies atau varietas (Irmawati, 2016; Noviasri, 2016; Zamroni, 2012).

Informasi keragaman genetik Ikan lemuru (*S. lemuru*) di Indonesia sendiri sudah dieksplorasi meskipun belum banyak dilakukan. Kajian ini akan merangkum keragaman genetik Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang telah dilakukan sebelumnya di Perairan

Indonesia. Rangkuman mengenai keragaman genetik Ikan lemuru (*S. lemuru*) nantinya dapat memberikan gambaran bagaimana kondisi keragaman genetik Ikan lemuru di Perairan Indonesia, sehingga dapat dijadikan informasi tambahan dalam pengelolaan sumberdaya perikanan Ikan lemuru (*S. lemuru*) di Indonesia.

## 2. Metode

Metode yang digunakan dalam kajian ini adalah penelusuran beberapa pustaka mengenai sumberdaya Ikan lemuru (*S. lemuru*) dan keragaman genetiknya. Pustaka didapatkan dari berbagai kajian baik berupa skripsi maupun jurnal yang telah dipublikasi. Pustaka-pustaka tersebut kemudian dirangkum untuk mendapatkan kesimpulan mengenai kondisi keragaman genetik Ikan lemuru (*S. lemuru*) di Perairan Indonesia.

## 3. Ikan lemuru (*Sardinella lemuru*)

Ikan lemuru (*S. lemuru*) merupakan salah satu komoditas perikanan pelagis kecil yang tersebar hampir diseluruh wilayah Indonesia. Ikan lemuru (*S. lemuru*) sangat digandrungi oleh masyarakat karena harganya yang murah serta kandungan nutrisinya yang dibutuhkan oleh tubuh. Ikan lemuru (*S. lemuru*) memiliki kandungan protein yang cukup tinggi berkisar antara 17,8-20% serta mengandung asam lemak essential khususnya omega-3 yang berguna bagi tubuh (Arifan dan Deddy Kurniawan Wikanta, 2011). Kandungan nutrisi yang banyak serta harga yang murah ini menyebabkan kebutuhan akan Ikan lemuru (*S. lemuru*) terus meningkat. Sistematika Ikan lemuru (*S. lemuru*) adalah sebagai berikut:

Kingdom : Animalia  
 Filum : Chordata  
 Kelas : Pisces  
 Sub Kelas : Teleostei  
 Ordo : Malacopterygii  
 Famili : Clupeidae  
 Sub Famili : Clupeinae  
 Genus : *Sardinella*  
 Spesies : *Sardinella lemuru* Bleeker (Saainin, 1984)



Gambar 1. *Sardinella lemuru* (Sartimbul et al., 2018)

### 3.1. Daerah persebaran dan penangkapan ikan lemuru

Ikan lemuru (*S. lemuru*) merupakan ikan pelagis kecil yang sering ditemukan pada daerah tropis antara 38°N- 33°S, 97°E - 134°E. Kelompok famili *Clupeidae* ini mediami perairan dengan kedalaman antara 15-100m dimana masih dapat ditembus sinar matahari. Hal tersebut dikarenakan Ikan lemuru (*S. lemuru*) merupakan pemakan plankton sehingga keberadaannya tidak jauh dengan permukaan perairan (Pertami et al., 2016).

Daerah persebaran Ikan lemuru (*S. lemuru*) sangatlah luas meliputi sebelah timur Samudera Hindia diantaranya perairan Phuket, Thailand, Indonesia, sampai di perairan

Australia bagian barat dan Samudera Pasifik termasuk didalamnya Piliphina, Hongkong, Taiwan bagian Selatan, dan Jepang (Gambar 2). Daerah sebaran yang luas ini dipengaruhi oleh sifat Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang senang beruaya Persebaran Ikan lemuru (*S. lemuru*) sangat berhubungan dengan area *fishing gorup*. Daerah fishing ground Ikan lemuru (*S. lemuru*) di Indonesia sendiri dominan berada pada perairan sekitar Selat Bali dimana dari tahun 2005-2014 produksi rata-rata mencapai angka 64.961 ton.

Daerah Paparan Jawa yang menjadi daerah fishing ground meliputi Perairan Jawa Klosot, Sembulungan, Wringinan, Tanjung Anggrek, Karang Ente, serta Grajagan (Selatan Jawa), sedangkan untuk Paparan Bali meliputi Perairan Pulukan, Seseh, dan Jimbaran (Himelda et al., 2011). Pemanfaatan Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang tinggi di perairan Selat Bali terjadi karena area ini merupakan area yang sangat cocok untuk kehidupan populasi Ikan lemuru (*S. lemuru*) karena kaya akan sumber makanan serta kondisi perairan yang dipengaruhi oleh arus ARLINDO (Kartika et al., 2017). Selain itu eksplorasi yang tinggi pada komoditas Ikan lemuru (*S. lemuru*) pada Selat Bali dapat terjadi karena tingginya jumlah penduduk di Pulau Jawa dimana sangat dekat dengan Selat Bali. Penangkapan Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang terjadi di Selat Bali dan sekitarnya akan memudahkan pemasaran karena jumlah penduduk yang tinggi sehingga tidak perlu dilakukan pengiriman yang jauh.



Gambar 2. Persebaran Ikan lemuru (*S. Lemuru*) (Froese & Pauly 2015)

### 3.2. Ukuran tubuh Ikan lemuru (*S. lemuru*)

Ikan lemuru (*S. lemuru*) memiliki bentuk tubuh langsing panjang dengan perut agak membulat dan ekor yang bercagak. Ikan lemuru (*S. lemuru*) memiliki ciri khas yaitu warna biru kehijauan pada bagian punggungnya dan keperakan pada bagian perutnya (Sartimbul et al., 2018). Ikan lemuru (*S. lemuru*) memiliki karakteristik yang unik karena penyebutan yang berbeda tiap ukurannya. Ikan lemuru (*S. lemuru*) di wilayah Selat Bali dibagi menjadi 4 golongan ukuran yaitu sempenit, protolan, lemuru, dan lemuru kucing. Golongan sempenit adalah Ikan lemuru dengan ukuran tidak lebih dari 12,5 cm, golongan protolan berukuran antara 13-15 cm, lalu untuk golongan lemuru berukuran 15-18 cm, dan paling besar yaitu lemuru kucing mulai dari 18 hingga 20 cm (Himelda et al., 2012; Pertami et al., 2016).

Rata-rata Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang ditangkap di Selat Bali berukuran 13,3 cm. Ukuran tangkapan rata-rata ikan lemuru lebih kecil dari ukuran pertama matang gonad. Tahun 2012 Ikan lemuru (*S. lemuru*) betina matang gonad pertama rata-rata pada saat berukuran 18,9 cm sedangkan pada jantan

pada ukuran 17,78 cm (Wudji et al., 2012). Ukuran pertama kali matang gonad ini telah mengalami penurunan menjadi berukuran 16,8 cm pada tahun 2015. Hal ini dapat terjadi karena Ikan lemuru melakukan adaptasi agar dapat mempertahankan kelestarian populasinya dari penangkapan terus-menerus (Wujdi & Wudianto, 2015).

### 3.3. Kebiasaan makan ikan lemuru (*S. lemuru*)

Ikan lemuru (*S. lemuru*) tergolong ikan pelagis kecil dalam famili *Clupeidae*, pemakan penyaring atau *filter feeder* dengan makanan utama berupa fitoplankton dan zooplankton. Makanan utama Ikan lemuru (*S. lemuru*) berubah sesuai dengan kelompok ukurannya. Ukuran ikan sempenit lebih banyak ditemukan jenis *Trichodesmium* (*Cyanophyceae*), kemudian berkurang seiring bertambahnya ukuran. Pada saat protolan dominasi plankton yang ditemukan di lambung yaitu *Fragillaria*, kemudian *Amphora* saat lemuru, dan *Nitzschia* saat lemuru kucing (Pertami et al., 2019). Jenis makanan Ikan lemuru (*S. lemuru*) akan mempengaruhi kandungan omega-3 pada tubuhnya. Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang lebih dominan memakan fitoplankton akan memiliki kandungan asam lemak omega-3 yang lebih tinggi daripada Ikan lemuru (*S. lemuru*) dengan dominan makanan zooplankton (Khasanah et al., 2018).

## 4. Keragaman genetik

Keragaman genetik merupakan ukuran terhadap besarnya variabilitas genetik dalam suatu populasi (Martinez, Janna R. Willoughby and Mark R. Christie, 2018). Dekade ini ilmu pengetahuan dan teknologi semakin berkembang pesat, termasuk dalam kegiatan analisis keanekaragaman hayati. Data genetik saat ini menjadi sangat populer dikalangan ilmuan untuk menganalisis keanekaragaman suatu spesies karena memiliki kelebihan sangat rinci hingga ketinggian spesies dan subspecies (Irmawati, 2016). Data genetik memiliki banyak fungsi diantaranya mengestimasi keanekaragaman spesies dan keragaman genetik (Takahara et al., 2012; Kelly et al., 2014), memberikan gambaran aliran gen ((Blum et al., 2012), perkawinan sedarah, mengetahui terjadinya kesalahan gen (vander Wal et al., 2013), mengetahui ukuran populasi efektif, struktur populasi dan masih banyak lagi (Scribner et al., 2016). Spesies *cryptic* merupakan salah satu contoh dimana data genetik menjadi sangat penting untuk mengetahui dengan pasti taksonomi spesies tersebut (Scribner et al., 2016). Data genetik juga dapat memberikan gambaran daerah penyebaran suatu spesies sehingga dapat dijadikan dasar keputusan daerah konservasi (Freeland et al., 2011; Funk et al., 2012).

Variabilitas genetik memiliki dua komponen utama: (1) berbasis genotipe, artinya jumlah klon atau genotipe yang berbeda, dan (2) berbasis genom, yang berarti jumlah polimorfisme genetik dan / atau kesamaan genomik di antara individu-individu dalam suatu populasi (Reusch et al., 2005; Arnaud-Haond et al., 2012). Keanekaragaman genetik suatu spesies umumnya diukur dalam hal keragaman alelik (jumlah rata-rata alel per lokus), keanekaragaman gen (heterozigositas di seluruh lokus), atau perbedaan nukleotida (Frankham et al., 2014; Martinez et al., 2018). Suatu kelompok populasi dapat diketahui berbeda secara genetik melalui perubahan frekuensi alel meliputi aliran gen, ukuran populasi lokal dan tingkat mutasinya. Perbedaan genetik antar populasi dapat dipengaruhi

oleh jarak maupun kondisi perairan salah satunya ialah arus (Borsa et al., 2012). Estimasi keragaman genetik ini dapat digunakan tanda untuk menilai bagaimana kondisi lingkungannya dan gangguan yang terjadi (Kovach et al., 2015)

Populasi besar cenderung memiliki lebih banyak keragaman genetik daripada populasi kecil, populasi yang lebih stabil lebih banyak daripada populasi yang berfluktuasi liar, dan populasi di pusat rentang geografis suatu spesies sering memiliki lebih banyak keanekaragaman genetik daripada populasi di pinggiran. Variasi tersebut dapat memiliki berbagai pengaruh tingkat populasi, termasuk pada produktivitas / biomassa, komponen kebugaran, perilaku, dan respons terhadap gangguan, serta pengaruh pada keanekaragaman spesies dan ekosistem proses (Hughes et al., 2008; Markert et al., 2010; Scribner et al., 2016).

Keragaman genetik saat ini menjadi perhatian peneliti sebagai bagian penting dari ekologi. Keragaman genetik menjadi penting secara ekologis yaitu karena keragaman genetik suatu spesies berkorelasi dengan keragaman spesies sehingga dapat memperlihatkan sebab akibat antara perubahan pada sumberdaya hayati dan kondisi lingkungan (Allendorf et al., 2010; Blum et al., 2012). Singkatnya dapat dikatakan keragaman genetik sama pentingnya dengan keragaman spesies karena dapat meningkatkan fungsi ekosistem (Avolio et al., 2012). Alasan tersebut menyebabkan terus berkembangnya ketersediaan teknologi dan metode sequencing DNA sebagai dasar analisis keragaman genetik (Narum et al., 2013).

Keragaman genetik diukur menggunakan penanda atau biasa disebut marker. Penanda atau marker adalah sesuatu yang digunakan untuk mengidentifikasi, memprediksi, atau mengarakteristikkan. Penanda yang digunakan untuk mengidentifikasi keragaman genetik yaitu penanda pada tingkat DNA yang disebut penanda molekuler. Penanda molekuler ini berperan dalam memberikan informasi mengenai posisi gen tertentu atau pewarisan karakter tertentu. Penanda molekuler dibagi menjadi dua tipe, tipe I yaitu penanda yang diketahui jenis dan fungsinya sedangkan tipe II yaitu penanda yang tidak diketahui. Penanda tipe I masih sangat jarang digunakan karena dianggap tidak sesuai untuk studi genetik pada ikan namun akhir-akhir ini mulai dilirik untuk mempelajari studi populasi lingkungan terbuka dan budidaya. Berbeda dengan penanda molekuler tipe I, penanda molekuler tipe II sudah lebih banyak di explore. Tipe II dari penanda molekuler (RAPD, AFLP, *microsatellites*) dianggap bukan pengkodean. Penanda semacam itu digunakan dalam studi genetika populasi yang bertujuan untuk mengarakterisasi keanekaragaman genetik. Penanda DNA tipe II terbukti berguna dalam mengidentifikasi spesies, populasi dan subpopulasi, tetapi juga dalam mengidentifikasi hibrida antarspesifik. Klasifikasi penanda kedua adalah yang berkaitan dengan posisi mereka di dalam sel. Jadi kita dapat membedakan antara penanda nuklir dan mitokondria DNA (mtDNA), tergantung pada lokalisasi mereka dalam genom nuklir atau mitokondria (Dudu et al., 2015).

## 5. Keragaman genetik ikan lemuru (*S. lemuru*) di Perairan Indonesia

Ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) atau dikenal dengan nama ikan kucing merupakan kelompok ikan pelagis kecil yang tersebar pada perairan tropis wilayah Indo-Pasifik mulai dari Samudra Hindia bagian timur, Pantai Selatan Jawa Timur-Bali (Indonesia), Australia bagian barat, hingga ke wilayah Samudra Pasifik bagian barat. Persebaran Ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) di Indonesia sendiri hampir diseluruh Area Pengelolaan Perikanan (FMA), namun yang sangat dominan ialah berada

pada FMA 573. FMA 573 mencakup pada perairan Samudera Hindia, Jawa Selatan sampai ke Laut Timur Barat. FMA 573 merupakan area yang paling banyak menyumbangkan hasil tangkapan Ikan lemuru yaitu sebesar 91.53%.

Area kedua penyumbang nilai produksi Ikan lemuru (*S. lemuru*) tertinggi di Indonesia ialah FMA 712 atau Laut Jawa. FMA 712 menyumbang tangkapan Ikan lemuru (*S. lemuru*) sebesar 5.7% (KKP-RI, 2016). Perairan pada area FMA 573 dan 712 menyumbangkan hasil tangkapan Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang sangat tinggi dikarenakan area ini merupakan area yang sangat cocok untuk kehidupan populasi Ikan lemuru (*S. lemuru*) karena kaya akan sumber makanan (Kartika et al., 2017). Perairan FMA 573 dan 712 atau biasa disebut area Selat Bali dilalui oleh ARLINDO (arus lintas Indonesia) dimana terdapat massa air yang terbawa dari Samudera Pasifik menuju Samudera Hindia. Arus lintas Indonesia ini menyebabkan terbentuknya pola arus laut di wilayah Perairan Indonesia. Arus inilah yang menyebabkan lingkungan Selat Bali kaya akan nutrisi dan plankton sebagai sumber kehidupan dari Ikan lemuru (*S. lemuru*) (Kartika., 2017; Abida et al., 2015). Selain itu permintaan akan komoditas ini sangat besar pada wilayah padat penduduk yaitu Pulau Jawa sehingga penangkapan komoditas ini berfokus pada perairan sekitar Pulau Jawa.

Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang lebih dominan terekplorasi pada area 573 dan 712 menyebabkan informasi yang banyak terkumpul mengenai komoditas ini pun hanya berfokus pada area tersebut. Kondisi yang sama ditemukan pada data keragaman genetik Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang lebih banyak dilakukan di area tersebut. Penelitian keragaman genetik yang tercatat pada komoditas ini lebih banyak berada pada wilayah Selat Bali, Selat Madura, sampai perairan bagian Selatan Jawa (Tabel 1) (Ikhsani, 2017; Lestari, 2017; Listiyaningsih, 2017; Noviasri, 2016; Pedrosa-Gerasmio et al., 2015).

**Tabel 1**  
Keragaman genetik Ikan lemuru (*S. Lemuru*) di Indonesia.

No	Sumber	Lokasi	Lokus	Hd
1	Lestari (2017)	Probolinggo	Control	1
		Puger	region	1
2	Listiyaningsih (2017)	Probolinggo	Control	1
		Puger	region	1
3.	Ikhsani (2017)	Prigi		0.97
		Malang selatan	Control	0.97
		Puger	region	0.97
4.	Noviasri (2016)	Pantai Mayangan		0.0
		Muncar	CO I	0.7
		Prigi		0.7
5.	Pedrosa-Gerasmio et al. (2016)	Maluku	Control region	0.99

Penelitian mengenai keragaman genetik Ikan lemuru (*S. lemuru*) di wilayah perairan Indonesia dilakukan dengan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) untuk melipat gandakan fragmen DNA yang dijadikan target untuk penanda pada proses analisis. Metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) yang digunakan ialah kelompok pertama yaitu proses PCR yang telah diketahui target fragmen penanda DNA yang diinginkan. Fragmen target yang diinginkan ialah berupa lokus yang terdapat di daerah mitokondria DNA.

Daerah mitokondria DNA memiliki keunggulan tersendiri dalam proses analisis keragaman genetik yaitu jumlahnya yang sangat banyak dalam tiap sel dibandingkan dengan DNA inti. Keunggulan lainnya ialah mutasi gen yang terjadi pada DNA mitokondria jauh lebih tinggi dibandingkan pada DNA inti yaitu kurang lebih 10-17 kali. Keunggulan tersebut menyebabkan DNA mitokondria lebih diminati dalam proses analisis identifikasi molekuler, keragaman genetik, dan

analisis struktur populasi suatu spesies (Marwayana & Nurrahman, 2015).

Hasil sequencing DNA mitokondria yang telah di PCR selanjutnya diolah untuk didapatkan nilai keragaman haplotipenya (Hd). Haplotipe (Hd) merupakan sekumpulan alel dalam suatu organisme yang diwariskan oleh induknya dan dapat diturunkan kepada keturunannya (Rusnita, 2015). Nilai keragaman genetik inilah yang digunakan untuk menggambarkan keragaman genetik dari komoditas ikan (Akbar et al., 2014; Fakhri et al., 2015; Akbar & Labenua, 2018; Chandrasekar et al., 2019). Beberapa penelitian yang telah dilakukan dalam menganalisis keragaman genetik Ikan lemuru (*S. lemuru*) di Indonesia disajikan dalam tabel 1.

Penelitian Ikan lemuru (*S. lemuru*) di Indonesia sebagian besar atau bahkan hampir seluruhnya menggunakan metode perhitungan jumlah haplotipe pada mtDNA lokus gen penyandi Control Region (D-loop) dan Cytochrome Oxidase Sub Unit I (COI) (Ikhsani, 2017; Lestari, 2017; Listiyaningsih, 2017; Noviasri, 2016; Pedrosa-Gerasmio et al., 2015). Keragaman genetik Ikan lemuru (*S. lemuru*) di Indonesia (Tabel 1) memperlihatkan nilai yang seragam berdasarkan lokus gen penyandi control region, yaitu diatas 0.97. Nilai keragaman haplotipe berdasarkan gen penyandi control region ini termasuk kategori nilai yang tinggi karena lebih dari 0.8 (Tabel 2) (Akbar & Labenua, 2018).

**Tabel 2**  
Kategori keragaman genetik.

Kategori	Rentang nilai	Sumber
Tinggi	0.8 - 1.0	
Sedang	0.5 - 0.7	Nei (1987)
Rendah	0.1 - 0.4	

**Tabel 3**  
Keragaman genetik spesies lainnya.

Jenis Ikan	Lokasi	Lokus	Nilai Hd	Sumber
<i>Sardinella longiceps</i>	India	Control region	0.9933	Sukumaran et al. (2016)
		COI	0.8257	
<i>Sardinella albella</i>	Sea of Oman (Jask), strait of Hormoz (Qeshm) and the Persian Gulf (Lengeh) - Iran	Control region	0.9472	Rahimi et al. (2016)
<i>Sardinella gibbosa</i>	Phu Quoc, Khanh Hoa, Da Nang dan Cat Ba - Vietnam	Control region	0.804	Binh et al. (2014)
<i>Thunnus albacares</i>	Pendaratan Ikan (PPI) dan Pelabuhan Perikanan Nusantara (PPN) Maluku Utara – Indonesia	Control region	0.990	Akbar et al. (2014)
<i>Pangasianodon hypophthalmus</i>	Mun River - Thailand;	Cyt B	0.5376	Phadphon et al. (2019)
		Control region	0.807	
<i>Pangasianodon gigas</i>	Tempat budidaya di Thailand	CytB	0	Phadphon et al. (2019)
		Control region	0.6729	
<i>Siganus fuscescens</i>	Kepulauan Seribu Indonesia	COI	0.35527	Bramandito et al. (2018)
<i>Arabibarbus grypus</i>	Euphrates and Tigris Rivers- Turkey, Syria, Iraq, Iran, Kuwait	Cyt B	0.3105	Parmaksız dan Seker (2018)
<i>Stephanolepis cirrhifer</i>	Jeju Yeosu Geoje Pohang Uljin - Korea	Cyt B	0.5172	Yoon et al. (2011)

Hasil yang sedikit berbeda terlihat dari keragaman haplotipe Ikan lemuru (*S. lemuru*) berdasarkan gen penyandi COI. Nilai yang sangat rendah ditemukan pada perairan Pantai Mayangan yang terletak di Selat Madura (FMA 712) ditemukan nilai haplotipe yang sangat rendah yaitu 0.0, hal tersebut dapat terjadi karena sampel yang digunakan sangat sedikit yaitu 5 ekor. Faktor perbedaan jenis lokus gen penyandi juga menjadikan hasil keragaman haplotipe yang didapatkan berbeda. Lokus control region diakui memiliki keunggulan tingkat polimorfisme tinggi serta laju mutasi yang lebih cepat dibandingkan dengan ruas lokus lainnya, sehingga menyebabkan urutan nukleotida *control region* sangat bervariasi antar individu dan sangat tepat digunakan dalam menganalisis keragaman genetik dan struktur populasi (Nicholls & Minczuk, 2014; Pertiwi et al., 2014; Pertiwi, 2015).

Nilai seluruh keragaman genetik Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang ditemukan bila dirata-ratakan didapatkan nilai keragaman haplotipe (Hd) sebesar 0.845. Nilai keragaman haplotipe (Hd) tersebut termasuk kedalam kategori tinggi (Tabel 2) karena berada pada rentang nilai 0.8-1.0. Tingginya keragaman

haplotipe Ikan lemuru (*S. lemuru*) di Indonesia ini menunjukkan tingginya keragaman genetik dari komoditas ikan ini. Hal ini diperkuat oleh temuan Akbar et al., (2014) yang menemukan nilai keragaman haplotipe (Hd) yang tinggi pulau pada komoditas Ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) di Laut Maluku. Dalam temuan tersebut dijelaskan bahwa semakin tinggi keragaman tipe komposit haplotipe atau keragaman haplotipenya (Hd) maka tingkat keragaman genetik pada suatu populasi akan semakin tinggi pula dan begitu juga sebaliknya, apabila keragaman tipe komposit haplotipe suatu populasi rendah maka rendah pula tingkat keragaman genetik populasi tersebut.

Tingginya keragaman genetik Ikan lemuru (*S. lemuru*) ini dikarenakan Ikan lemuru (*S. lemuru*) termasuk kedalam kelompok ikan *clupeidae* yang senang beruaya. Kelompok *family clupeidae* memiliki sifat ini yang senang beruaya untuk mencari sumber makanan dan kondisi lingkungan yang optimal untuk memijah (Himelda et al., 2011). Kegiatan ruaya yang dilakukan oleh Ikan lemuru (*S. lemuru*) inilah yang dapat memungkinkan terjadinya perkawinan silang dan percampuran gen antar populasi sehingga akan terjadi komposit haplotipe yang beragam. Berbagai jenis ikan *clupeidae* lainnya juga ditemukan memiliki keragaman haplotipe yang tinggi pula seperti halnya yang ditemukan pada Ikan lemuru (*S. lemuru*) (tabel 3).

Perbandingan nilai keragaman genetik antara Ikan lemuru (*S. lemuru*) dengan jenis lainnya (Tabel 3.) terlihat bahwa keragaman genetik sangat dipengaruhi oleh habitat dari komoditas itu sendiri. Spesies dengan habitat yang lebih luas memiliki nilai keragaman genetik yang lebih tinggi dibandingkan dengan spesies dengan habitat yang sempit (Akbar & Labenua, 2018). *Pangasianodon gigas* dan *Pangasianodon*

*hypophthalmus* merupakan salah satu contohnya. Kedua spesies dari genus yang sama ini memiliki keragaman genetik yang sangat berbeda dikarenakan sampel *P. gigas* yang digunakan ialah yang berasal dari pembudidayaan, sedangkan *P. hypophthalmus* yang ditemukan di sungai memiliki keragaman genetik yang lebih tinggi.

Spesies *Siganus fuscescens* memiliki habitat pada terumbu karang dan *coastal area* (Hsu et al., 2011). Komoditas dengan habitat terumbu karang ataupun *coastal area* tidak memiliki sifat ruaya yang jauh atau bersifat regional. Karakteristik dari Spesies *Siganus fuscescens* inilah yang dapatkan nilai keragaman genetik dari spesies ini rendah, karena tidak adanya percampuran yang tinggi dengan populasi lainnya (Toha, 2016). Faktor lainnya yang mempengaruhi hasil analisis keragaman genetik ialah lokus yang digunakan. Analisis dengan menggunakan lokus *control region* terlihat lebih tinggi memberikan hasil pada nilai keragaman haplotipe pada spesies jenis ikan lainnya seperti halnya yang terjadi pada Ikan lemuru (*S. lemuru*) (Tabel 3.).



Nilai keragaman genetik yang tinggi ini memberikan gambaran bahwa temuan sebelumnya mengenai menurunnya stock Ikan lemuru (*S. lemuru*) ini sedikit berbeda dengan analisis metode lainnya yang menemukan bahwa stock Ikan lemuru (*S. lemuru*) di alam semakin kecil. Temuan tersebut diantaranya ialah menurunnya stock Ikan lemuru (*S. lemuru*) di Perairan Selat Bali akibat dari telah mengalami overeksploitasi sehingga jumlahnya semakin berkurang tiap tahunnya. Ukuran Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang tertangkap semakin kecil juga mengindikasikan bahwa Ikan lemuru di alam semakin sedikit sehingga stock yang banyak tersisa di alam adalah yang berukuran kecil (Wujdi & Wudianto, 2015).

Perbedaan nilai keragaman genetik yang tinggi dan stok fisik di alam yang menurun memberikan gambaran bahwa Ikan lemuru (*S. lemuru*) dapat dikatakan memiliki kemampuan adaptasi yang sangat tinggi terhadap kondisi lingkungan dalam hal ini penangkapan. Ikan lemuru (*S. lemuru*) dapat menyesuaikan diri untuk dapat mempertahankan populasinya, salah satunya ialah dengan mempercepat umur pertama matang gonad. Tahun 2012 Ikan lemuru (*S. lemuru*) betina matang gonad pertama rata-rata pada saat berukuran 18,9 cm sedangkan pada jantan pada ukuran 17,78 cm (Wudji et al., 2012). Ukuran pertama kali matang gonad ini telah mengalami penurunan menjadi berukuran 16,8 cm pada tahun 2015. Hal ini dapat terjadi karena Ikan lemuru melakukan adaptasi agar dapat mempertahankan kelestarian populasinya dari penangkapan terus-menerus (Wujdi & Wudianto, 2015). Hal tersebut sangat masuk akal karena meskipun dengan angka tangkapan yang tinggi setiap hari, bulan dan tahunnya, keberadaan ikan lemuru masih dapat ditemukan terus menerus meskipun terdapat perubahan berupa menurunnya ukuran tangkapan.

Nilai keragaman genetik yang tinggi pada suatu populasi dapat terjadi karena dua hal. Hal pertama yaitu kondisi ukuran serta jumlah populasi yang masih besar diperaian baik di perairan samudera maupun di perairan lokal. Hal kedua yaitu karena kemampuan migrasi yang tinggi dari spesies tersebut. Ikan lemuru (*S. lemuru*) termasuk ikan yang memiliki kemampuan migrasi yang cukup tinggi. Ikan lemuru bermigrasi untuk mencari kondisi lingkungan yang sesuai salah satunya adalah ketersediaan makanan (Madhavi & Lakshmi, 2012). Selat Bali merupakan salah satu jalur arlindo yang menyebabkan perairan ini kaya akan nutrisi yang penting bagi kehidupan fitoplankton makanan utama Ikan lemuru (Kartika et al., 2017).

Populasi dengan keragaman genetik yang tinggi sangat memungkinkan untuk memiliki kemampuan adaptasi yang tinggi pada suatu kondisi lingkungan. Hal tersebut dikarenakan semakin beragamnya genetik didalam suatu individu maka setiap gen tersebut akan memiliki respon yang berbeda-beda terhadap kondisi lingkungan (Akbar et al., 2014). Sifat dari ikan lemuru yang dapat beradaptasi dengan kondisi lingkungan memberikan angin segar bahwa ikan ini dapat survive ditengah maraknya penangkapan, namun pengelolaan mengenai ekplorasi ikan ini harus terus digalakkan agar tidak terjadi penurunan stock yang sangat tinggi hingga kehabisan stock yang menyebabkan tidak mampunya Ikan lemuru melakukan proses adaptasinya kembali.

## 6. Kesimpulan

Nilai keragaman genetik Ikan lemuru (*S. lemuru*) di Perairan Indonesia rata-rata sebesar Hd 0.845. Berdasarkan nilai tersebut keragaman genetik Ikan lemuru (*S. lemuru*) yang terdapat di Perairan Indonesia tergolong kategori tinggi dimana mengartikan komoditas Ikan lemuru (*S. lemuru*) di Wilayah Perairan Indonesia memiliki kemampuan adaptasi yang tinggi terhadap kondisi lingkungan.

## Ucapan penghargaan

Penelitian ini merupakan rangkaian dari proyek besar yang didanai oleh organisasi penelitian *Marine Resource Explore Management* (MEXMA). Penulis mengucapkan terimakasih kepada MEXMA serta ibu Aida Sartimbul secara khusus karena telah memberikan dukungan baik berupa materil dan moral sehingga penelitian dapat berjalan dengan sangat lancar. Ucapkan terimakasih pula tak lupa ditujukan kepada Bapak I Wayan Arthana dan Bapak Gde Raka Angga Kartika karena telah membimbing dalam setiap kegiatan penelitian.

## Bibliografi

- Abida, Fadlan, R., Pranowo, W.S., Pratomo, Y., Kisanarti, E. A., 2015. Identifikasi komponen harmonik di Selat Lombok berdasarkan data arus time series. *Jurnal Depik* 4(1): 24-32.
- Akbar, N., Zamani, N.P., Madduppa, H.H., 2014. Keragaman genetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) dari dua populasi di Laut Maluku. *Depik Jurnal*, 3(1): 65–73.
- Akbar, N., & Labenua, R., 2018. Keragaman genetik Ikan Cakalang (*Katsuwonus pelamis*) di Perairan Laut Maluku Utara. *Depik Jurnal*, 7(2): 164–176.
- Allendorf, F. W., Hohenlohe, P. A., Luikart, G., 2010. *Genomics and the future of conservation genetics*. *Nature Reviews Genetics*, 11(10): 697–709.
- Arifan, F., & Wikanta, D.K., 2011. Optimasi produksi Ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) tinggi asam lemak omega-3 dengan proses fermentasi oleh bakteri asam laktat. *Prosiding Seminar Nasional Sains dan Teknologi, Fakultas Teknik, Universitas Wahid Hasyim Semarang*, 15, B15–B20.
- Arnaud-Haond, S., Duarte, C. M., Diaz-Almela, E., Marbà, N., Sintes, T., & Serrão, E. A., 2012. Implications of Extreme Life Span in Clonal Organisms: Millenary Clones in Meadows of the Threatened Seagrass *Posidonia oceanica*. *PLoS ONE*, 7(2): 1–10.
- Avolio, M. L., Beaulieu, J. M., Lo, E. Y. Y., & Smith, M. D., 2012. Measuring genetic diversity in ecological studies. *Plant Ecology*, 213(7): 1105–1115.
- Binh, D. T., Chau, N.T.B., Ly, B.K., 2014. Struktur Ikan Tuna *Sardinella gibosa* Bleeker, 1849 (Clupeiformes: Clupeidae) di Wilayah Perairan Vietnam. *Majalah Biologis*, 36(1): 180–188.
- Blum, M. J., Bagley, M.J., Walters, D.M., Jackson, S.A., Daniel, F.B., Chaloud, D.J., Cade, B.S., 2012. Genetic diversity and species diversity of stream fishes covary across a land-use gradient. *Oecologia*, 168(1): 83–95.
- Borsa, P., Arlyza, I.S., Laporte, M., Berrebi, P., 2012. Population genetic structure of blue-spotted maskray *Neotrygon kuhlii* and two other Indo-West Pacific stingray species (*Myliobatiformes: Dasyatidae*), inferred from size-polymorphic intron markers. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 438: 32–40.

- Bramandito, A., Subhan, B., Prariono, T., Anggraini, N.P., Januar, H.I., Madduppa, H.H., 2018. Genetic diversity and population structure of *Siganus fuscescens* across urban reefs of Seribu Islands, Northern of Jakarta, Indonesia. *Biodiversitas*, 19(6): 1993-2002.
- Chandrasekar, S., Sivakumar, R., Mathialagan, R., Subburaj, J., Thangaraj, M., 2019. Population genetic structure of *Etroplus suratensis* Bloch, 1790 in South India. *Journal of Asia-Pacific Biodiversity*, 12(3): 376–381.
- Dudu, A., Georgescu, S.E., Costache, M., 2015. Evaluation of genetic diversity in fish using molecular markers. *Molecular Approaches to Genetic Diversity* (pp. 165–193).
- Fakhri, F., Narayani, I., Mahardika, I.G.N.K., 2015. Keragaman genetik Ikan Cakalang (*Katsuwonus pelamis*) dari Kabupaten Jembrana dan Karangasem. *Jurnal Biologi*, 19(1): 11–14.
- Frankham, R., Bradshaw, C. J. A., Brook, B. W., 2014. Genetics in conservation management: Revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biological Conservation*, 170: 56–63.
- Freeland, J. R., Kirk, H., Petersen, S., 2011. *Molecular ecology*. John Wiley Sons, Ltd.
- Froese, R., Pauly D., (Editors), 2015. *Fish base. World Wide Web electronic publication*.
- Funk, W. C., McKay, J.K., Hohenlohe, P.A., Allendorf, F.W., 2012. Harnessing genomics for delineating conservation units. *Trends in Ecology and Evolution*, 27(9): 489–496.
- Himelda, Wiyono, E.S., Purbayanto, A., Mustaruddin, 2011. Analisis sumberdaya perikanan lemuru (*Sardinella lemuru* Bleeker 1853) di Selat Bali. *Marine Fisheries*, 2(2): 165–176.
- Himelda, Wiyono, E.S., Purbayanto, A., Mustaruddin, 2012. Seleksi jenis alat tangkap dan teknologi yang tepat dalam pemanfaatan sumberdaya lemuru di Selat Bali. *BULETIN PSP*, 20(1): 89–102.
- Hughes, A. R., Inouye, B. D., Johnson, M. T. J., Underwood, N., Vellend, M., 2008. Ecological consequences of genetic diversity. *Ecology Letters*, 11(6): 609–623.
- Hsu, T.H., Adiputra, Y.T., Burrige, C.P., Gwo, J.C., 2011. Two spinefoot colour morphs: mottled spinefoot *Siganus fuscescens* and white-spotted spinefoot *Siganus canaliculatus* are synonyms. *Journal of Fish Biology* 79: 1350–1355.
- Ikhani, S. N., 2017. Analisis keragaman genetik Ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) di Fishing Ground Perairan Selatan Jawa Timur berdasarkan Sekuen *D-Loop* DNA mitokondria. [Thesis] Universitas Brawijaya.
- Irmawati, 2016. Genetika populasi ikan. Andi offset.
- Kartika, G. R. A., Sartimbul, A., Widodo, W., 2017. Varian genetik *Sardinella lemuru* di Perairan Selat Bali. *Jurnal Kelautan: Indonesian Journal of Marine Science and Technology*, 10(1): 21–28.
- Kelly, R. P., Port, J.A., Yamahara, K.M., Crowder, L.B., 2014. Using environmental DNA to census marine fishes in a large mesocosm. *PLoS ONE*, 9(1): 1–11.
- Khasanah, R. I., Sartimbul, A., Herawati, Y., 2018. Komposisi isi lambung ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) di perairan Selat Bali. *Prosiding Seminar Nasional Ikan Ke 8*, 315–321.
- [KKP] Kementerian Kelautan Perikanan., 2011. Keputusan Menteri Kelautan Perikanan Nomor 45 Tahun 2011 tentang Estimasi Potensi Sumber Daya Ikan di Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia. Jakarta (ID): KKP.
- [KKP] Kementerian Kelautan Perikanan., 2016. Keputusan Menteri Kelautan dan Perikanan Republik Indonesia Nomor 68/KepMen-KP/2016 Tentang Rencana Pengelolaan Perikanan Ikan lemuru di Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia [Decree of the Minister of Marine Affairs and Fisheries of the Republic of Indonesia No. 68/KepMen-KP/2016 pertaining to the Fisheries Management Plan for Lemuru Fishery in the Fisheries Management Areas of the Republic of Indonesia]. 55 pp.
- Kovach, R. P., Muhlfeld, C. C., Wade, A. A., Hand, B. K., Whited, D. C., DeHaan, P. W., Al-Chokhachy, R., Luikart, G., 2015. Genetic diversity is related to climatic variation and vulnerability in threatened bull trout. *Global Change Biology*, 21(7): 2510–2524.
- Lasabuda, 2013. Pembangunan wilayah pesisir dan lautan dalam perspektif negara kepulauan republik indonesia. *Jurnal Ilmiah Platax*, 1 (2): 92-101.
- Lestari, 2017. Keragaman genetik pada Ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) berdasarkan keragaman basa *Control Region (D-Loop)* di Perairan Probolinggo dan Puger. [Thesis]. Universitas Brawijaya.
- Listiyaningsih, D., 2017. Keragaman genetik Ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) Di fishing ground Perairan Probolinggo dan Prigi menggunakan sekuen *Mtdna Control Region*. [Thesis]. Universitas Brawijaya.
- Madhavi, R., Lakshmi, T.T., 2012. Community ecology of the metazoan parasites of the Indian mackerel *Rastrelliger kanagurta* (Scombridae) from the coast of Visakhapatnam, Bay of Bengal. *Journal of Parasitic Diseases*, 36(2): 165–170.
- Markert, J. A., Champlin, D.M., Gobell, R.G., Grear, J.S., Kuhn, A., McGreevy, T.J., Roth, A., Bagley, M.J., Nacci, D.E., 2010. Population genetic diversity and fitness in multiple environments. *BMC Evolutionary Biology*, 10(205): 1–13.
- Martinez, A. S., Willoughby, J.R., Christie, M.R., 2018. Genetic diversity in fishes is influenced by habitat type and life-history variation. *Ecology and Evolution*, 1–10.
- Marwayana, Nurrahman, O., 2015. Ekstraksi asam deoksiribonukleat (DNA) dari sampel jaringan otot. *Oseana*, XL (2): 1-9.

- Narum, S.R., Buerkle, C.A., Davey, J.W., Miller, M.R., Hohenlohe, P.A., 2013. Genotyping-by-sequencing in ecological and conservation genomics. *Molecular Ecology*, 22(11): 2841–2847.
- Nei, M., 1987. *Molecular Evolution Genetic*. Columbia University Press.
- Nicholls, T.J., Minczuk, M., 2014. In D-loop: 40years of mitochondrial 7S DNA. *Experimental Gerontology*, 56: 175–181.
- Noviasri, A.D., 2016. Analisis struktur populasi Ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) dari Perairan Jawa Timur menggunakan teknik DNA sequencing. [Skripsi]. Universitas Brawijaya.
- Parmaksız, A., Şeker, O., 2018. Genetic diversity of the endemic species Shabbout (*Arabibarbus grypus* (Heckel, 1843) based on partial cytochrome b sequences of mitochondrial DNA, *Aquatic Research* 1(3): 103-109.
- Pedrosa-Gerasmio, I.R., Agmata, A.B., Santos, M.D., 2015. Genetic diversity, population genetic structure, and demographic history of *Auxis thazard* (Perciformes), *Selar crumenophthalmus* (Perciformes), *Rastrelliger kanagurta* (Perciformes) and *Sardinella lemuru* (Clupeiformes) in Sulu-Celebes Sea inferred by mitochondrial DNA sequences. *Fisheries Research*, 162: 64–74.
- Pertami, N. D., Rahardjo, M.F., Damar, A., Nurjaya, I.W., 2019. Food and feeding habit of Bali *Sardinella*, *Sardinella lemuru* Bleeker, 1853 in Bali Strait waters. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 19(1): 143–155.
- Pertami, N. D., Rahardjo, M.F., Tampubolon, P.A.R.P., 2016. Perikanan lemuru, *Sardinella lemuru* Bleeker 1853 di Selat Bali: status, permasalahan dan pengelolaan. *Prosiding Seminar Nasional Ikan Ke-9*, 483–495.
- Pertiwi, N.P.D., 2015. Identifikasi Ikan Karang Famili Pseudochromidae (Dotyback) di kawasan Coral Triangle. [Thesis]. Universitas Udayana.
- Pertiwi, N.P.D., Sembiring, A., Mahardini, A., Cahyani, N.K.D., Anggoro, A.W., Nugraha, B., Sulistyansih, R.K., Jatmiko, I., Mahardika, I.G.N.K., 2014. Struktur populasi Tuna Mata Besar (*Thunnus obesus*) di Kepulauan Indo-Malaya: analisis *Control Region*, DNA Mitokondria. *Biodiversitas Indonesia (Bionesia)*. Simposium Nasional Pengelolaan Perikanan Tuna Berkelanjutan, 438–446.
- Phadphon, P., Amontailak, T., Kotchantuek, N., Srithawong, S., Kutanan, W., Suwannapoom, C., 2019. Genetic diversity of the endangered Mekong Giant Catfish, Striped Catfish, and their hybrids from thailand. *Tropical Conservation Science* 12: 1–9.
- Rahimi P., Gilkoliae, R.S., Mostafavi, G.P., Sh, J., Rahnema, M., 2016. Population genetic structure of the white sardine, *Sardinella albella*, in the Persian Gulf and Sea of Oman by analysis of mitochondrial control region. *Iranian Journal of Fisheries Sciences*, 15(3): 995–1008.
- Reusch, T. B. H., Ehlers, A., Hämmerli, A., Worm, B. 2005. Ecosystem recovery after climatic extremes enhanced by genotypic diversity. *PNAS*, 102(8): 2826–2831.
- Rusnita, D., 2015. SNPs analysis as a tool in molecular genetics *diagnostics. MKA*, 38(1): 49-56.
- Saanin, H., 1984. *Taksonomi dan Kunci Identifikasi Ikan*. Binacipta.
- Saeidi, Z., Gilkoliae, S.R, Soltani, M., Laloei, F., 2014. Population genetic studies of *Liza aurata* using D-Loop sequencing in the southeast and southwest coasts of the Caspian Sea. *Iranian Journal of Fisheries Sciences*, 13(1): 216–227.
- Sartimbul, A., Rohadi E., Ikhsani, S.N., Listiyaningsih, D., 2018. Morphometric and meristic variations among five populations of *Sardinella lemuru* Bleeker, 1853 from waters of Bali Strait, northern and southern-east Java and their relation to the environment 1,2. *AACL Bioflux*, 11(3): 744–752.
- Scribner, K. T., Lowe, W.H., Landguth, L., Luikart, G., Infante, D.M., Whelan, G.E., Muhlfeld, C.C., 2016. Applications de données génétiques pour améliorer la gestion et la conservation des poissons de rivière et de leurs habitats. *Fisheries*, 41(4): 174–188.
- Sukumaran, S., Sebastian, W., Gopalakrishnan, A., 2016. Population genetic structure of Indian oil sardine, *Sardinella longiceps* along Indian coast. *Gene*, 576(1): 372–378.
- Takahara, T., Minamoto, T., Yamanaka, H., Doi, H., Kawabata, Z., 2012. Estimation of fish biomass using environmental DNA. *PLoS ONE*, 7(4): 1–8.
- Toha, A.H., Widodo, N., Subhan, B., Himawan, M.R., Tania, C., Noor, B.N., Stewart, B.S., Madduppa, H.H., 2016. Close genetic relatedness of whale sharks, *hincodon typus* in the Indo-Pacific region. *AACL Bioflux*, 9(3): 458-465.
- vander Wal, E., Garant, D., Festa-Bianchet, M., Pelletier, F., 2013. Evolutionary rescue in vertebrates: Evidence, applications and uncertainty. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 368(1610): 1–9.
- Wudji, A., Suwarso, Wudianto, 2012. Hubungan panjang bobot, faktor kondisi dan struktur ukuran Ikan lemuru (*Sardinella Lemuru* Bleeker 1853) di Perairan Selat Bali. *Bawal*, 4(2): 83–89.
- Wujdi, A., Wudianto, 2015. Status Stok sumberdaya Ikan lemuru (*Sardinella lemuru* Bleeker, 1853) di Perairan Selat Bali. *J.Lit. Perikanan. Ind*, 21(4): 253–260.
- Yoon, M.G., Jung, J.Y., Nam, Y.K., Kim, D.S., 2011. Genetic diversity of Thread-sail Filefish *Stephanolepis cirrhifer* populations in Korean Coastal Waters inferred from mitochondrial DNA sequence analysis. *Fish Aquat Sci* 14(1): 16-21.



Zamroni, A., 2012. Struktur genetika populasi Ikan Malalugis (*Decapterus macarellus*) di Perairan Pulau Sulawesi berdasarkan MT-Dna marker. [Thesis]. Institut Pertanian Bogor.